

(19) 대한민국특허청(KR) (12) 공개특허공보(A)

(51) 。 Int. Cl. ⁷
C12N 1/21

(11) 공개번호 특2001 - 0112937
(43) 공개일자 2001년12월22일

(21) 출원번호 10 - 2001 - 7012877
(22) 출원일자 2001년10월09일
 번역문 제출일자 2001년10월09일
(86) 국제출원번호 PCT/US2000/09218
(86) 국제출원출원일자 2000년04월06일

(87) 국제공개번호 WO 2000/61724
(87) 국제공개일자 2000년10월19일

(81) 지정국

국내특허 : 아랍에미리트, 알바니아, 아르메니아, 오스트리아, 오스트레일리아, 아제르바이잔, 보스니아 - 헤르체고비나, 바베이도스, 불가리아, 브라질, 벨라루스, 캐나다, 스위스, 중국, 코스타리카, 쿠바, 체코, 독일, 덴마크, 도미니카연방, 에스토니아, 스페인, 핀란드, 영국, 그레나다, 그루지야, 가나, 감비아, 크로아티아, 헝가리, 인도네시아, 이스라엘, 인도, 아이슬란드, 일본, 케냐, 키르기즈, 북한, 대한민국, 카자흐스탄, 세인트루시아, 스리랑카, 라이베리아, 레소토, 리투아니아, 룩셈부르크, 라트비아, 모로코, 몰도바, 마다가스카르, 마케도니아, 몽고, 말라위, 멕시코, 노르웨이, 뉴질랜드, 폴란드, 포르투갈, 루마니아, 러시아, 수단, 스웨덴, 싱가포르, 슬로베니아, 슬로바키아, 시에라리온, 타지키스탄, 투르크메니스탄, 터키, 트리니다드토바고, 탄자니아, 우크라이나, 우간다, 우즈베키스탄, 베트남, 유고슬라비아, 남아프리카, 짐바브웨, 안티구아바부다, 알제리,
AP ARIPO특허: 가나, 감비아, 케냐, 레소토, 말라위, 수단, 시에라리온, 스와질랜드, 탄자니아, 우간다, 짐바브웨,
EA 유라시아특허: 아르메니아, 아제르바이잔, 벨라루스, 키르기즈, 카자흐스탄, 몰도바, 러시아, 타지키스탄, 투르크메니스탄,
EP 유럽특허: 오스트리아, 벨기에, 스위스, 사이프러스, 독일, 덴마크, 스페인, 핀란드, 프랑스, 영국, 그리스, 아일랜드, 이탈리아, 룩셈부르크, 모나코, 네덜란드, 포르투갈, 스웨덴,
OA OAPI특허: 부르키나파소, 베냉, 중앙아프리카, 콩고, 코트디부아르, 카메룬, 가봉, 기네, 기네비소, 말리, 모리타니, 니제르, 세네갈, 차드, 토고,

(30) 우선권주장 60/128,689 1999년04월09일 미국(US)
60/153,453 1999년09월10일 미국(US)

(71) 출원인 파마시아 앤드 업존 캄파니
로렌스 티. 마이젠헬더
미국 미시간주 칼라마주

(72) 발명자 로우어리,데이비드,이.
미국49024미시간주포티지우드랜드드라이브1207
폴러,트로이,이.
미국49014미시간주배틀크리크드림필드드라이브111
케네디,마이클,제이.
미국49024미시간주포티지퀸시애비뉴2364

(74) 대리인 주성민
 김영

심사청구 : 없음

(54) 항균성 백신 조성물

요약

그람 음성 세균의 독성 유전자를 찾아냄으로써, 이들 독성 유전자 및 그 산물을 표적으로 하는 신규 항균제를 확인하고 백신으로 유용한 신규 그람 음성 세균 돌연변이체를 제공할 수 있다.

색인어

그람 음성 세균, 독성 유전자, 항균제, 백신, 돌연변이

명세서

기술분야

본 발명은 일반적으로 파스테우렐라 멀토시다(*Pasteurella multocida*) 및 악티노바실러스 플레우로뉴모니아(*Actinobacillus pleuropneumoniae*) 세균의 독성을 담당하는 유전자의 확인에 관한 것으로, 이를 통해 백신으로 유용한 신규 독성약화 돌연변이 균주를 제조하고 독성 유전자 및 그의 산물을 표적으로 하는 신규 항균제를 확인할 수 있다.

배경기술

파스테우렐라(*Pasteurella*)과에는 광범위한 동물을 감염시키는 여러가지 중요한 병원균이 포함된다. 피. 멀토시다(*P. multocida*) 이외에, 이 과의 주요 구성원으로는 파스테우렐라 헤몰리티카(*Pasteurella haemolytica*), 악티노바실러스 플레우로뉴모니아(*Actinobacillus pleuropneumoniae*) 및 헤모필러스 솜너스(*Haemophilus somnus*)가 포함된다. 피. 멀토시다(*P. multocida*)는 다수의 야생 동물 및 가축의 정상 플로라(*flora*)에서 발견되는 그람 음성의 부동성 코코바실러스(*coccobacillus*) 균으로서, 세계적으로 다수의 동물 중에서 질병을 유발하는 것으로 알려져 있다[Biberstein, In M. Kilian, W. Frederickson, and E. L. Biberstein (ed.), *Haemophilus, Pasteurella, and Actinobacillus*. Academic Press, London, p. 61 - 73 (1981)]. 감염에 따른 질병 징후로는 패혈증, 기관지 폐렴, 비염 및 상처 감염이 포함된다(이 거명을 통해 본 명세서에 포함되는 문헌 [Shewen et al., In C. L. Gyles and C. O. Thoen (ed.), *Pathogenesis of Bacterial Infections in Animals*. Iowa State University Press, Ames, p. 216 - 225 (1993)] 참조).

피. 멀토시다(*P. multocida*)에 의한 감염은 일반적으로 스트레스 기간의 침입으로부터 기인하지만, 연무질 또는 접촉 노출에 의해 전염되거나 벼룩 또는 진드기를 매개로 전염될 수도 있다. 가금(家禽)의 경우, 피. 멀토시다(*P. multocida*)의 감염은 급성 내지 과급성 패혈증을 유발하며, 특히 가축수 과잉, 알 낳기, 털갈이 또는 심한 기후 변화와 관련된 스트레스 조건하에서 가축용 칠면조 및 야생 물새에서 일반적으로 나타난다. 소의 경우, 감염에 의해 유사한 출혈성 패혈증이 유발되고, 고열 및 우울증을 비롯한 증상이 나타나며, 일반적으로 그 후에 급사하게 된다. 이는 연무질 접촉을 통해 가장 잘 전염되지만, 심한 기후 변화 기간 동안 감염될 수도 있다. 토끼의 경우, 감염되면 반복적 화농성 비염을 유발하게 되고, 일반적으로 그 후에 결막염, 중이염, 부비강염, 피하 농양 및 만성 기관지 폐렴을 수반한다. 심하게 감염되는 경우, 토끼는 급성 섬유성 기관지 폐렴, 패혈증 또는 내독소 혈증으로 인하여 죽게된다. 질병은 일반적으로 스트레스 기간에 발병한다. 돼지의 경우, 일반적인 피. 멀토시다(*P. multocida*) 관련 질병으로는 위축성 비염 및 세균성 폐렴이 포함된다. 또한, 유사한 폐렴 증상이 개, 고양이, 염소 및 양에서 발견된다. 피. 멀토시다(*P. multocida*)는 통상 많은 동물의 구강 플로라에서 발견되며, 따라서 물리거나 긁힌 상처에 통상적으로 오염되는 세균이다.

피. 멀토시다(*P. multocida*) 군주는 일반적으로 협막 혈청균 및 체세포 혈청형에 의해 명명한다. 특징적인 열 - 안정성 항원의 발현에 의해 5가지 협막 혈청균(A, B, D, E 및 F)과 16가지 체세포 혈청형으로 구별한다. 대부분의 군주는 숙주 특이적이고, 하나 또는 둘 이상의 동물이 감염되는 경우는 거의 없다. 전통적인 전세포 사균은 통상 특정 혈청형에 대해서만 특이적으로 보호할 수 있기 때문에, 상이한 혈청형들이 존재하는 경우 백신 접종에 문제점이 유발된다. 그러나, 한 가지 혈청형으로 자연 감염되면 여러가지 혈청형에 대해 면역학적으로 보호될 수 있고[Shewen et al., In C. L. Gyles and C. O. Thoen (Ed.), Pathogenesis of Bacterial Infections in Animals. Iowa State University Press, Ames, p. 216 - 225 (1993)], 생체내에서 성장한 불활성화 세균을 이용하여 교차 보호(cross protection)가 촉진될 수 있음이 입증되었다[Rimler et al., Am J Vet Res. 42:2117 - 2121 (1981)]. 자발성 돌연변이 생균주인 피. 멀토시다(*P. multocida*) 군주 하나를 백신으로 사용했을 때 강력한 면역 반응이 나타났다[Davis, Poultry Digest. 20: 430 - 434 (1987), Schlink et al., Avian Dis. 31(1):13 - 21 (1987)]. 그러나, 이 독성약화 군주는 백신 접종자가 스트레스를 받으면 독성 상태로 되돌아가거나 이 군주에 의해 사망을 초래할 수 있음이 밝혀졌다[Davis, Poultry Digest. 20:430 - 434 (1987), Schlink et al., Avian Dis. 31(1):13 - 21 (1987)].

파스테우렐라(*Pasteurella*)과의 다른 구성원인 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*)는 돼지에 대한 엄격한 숙주 특이성을 나타내며, 고도의 전염성을 나타내는 돼지 흉막폐렴의 원인균이다. 감염은 일반적으로 집중적인 번식 조건에서 발생하며, 직접 전염 방식으로 발생한다고 믿어진다. 종종 이 질병은 치명적이며, 그 결과 양돈 산업에서 심각한 경제적 손실을 초래하게 된다. 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*)의 감염은 만성 또는 급성일 수 있으며, 이 감염은 섬유성 흉막염을 수반하는 출혈성 괴사성 기관지 폐렴이 특징이다. 현재까지, 세균의 독성은 혈청형 - 특이적 협막 폴리사카라이드, 리포폴리사카라이드 및 표면 단백질을 비롯한 구조 단백질, 및 세포외 세포용해성 독소에서 기인하였다. 이러한 독성 인자들이 정제되고 일부 경우에는 클로닝되었음에도 불구하고, 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*)의 감염에서 이러한 독성 인자들의 정확한 역할은 잘 모르는 실정이다.

협막 폴리사카라이드의 항원적 차이 및 세포외 독소의 생산에 기초하여, 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*)의 12가지 혈청형이 확인되었다. 혈청형 1, 5 및 7은 미국에서 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*)의 감염에 가장 연관성이 있으며, 유럽에서는 혈청형 1, 2, 5, 7 및 9가 우세하다. 혈액용해소(haemolysin) 속의 구성원이며 RTX 독소라 불리는 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*)의 중요한 세포외 독소가 3가지 이상 존재한다. RTX 독소는 대장균(*E. coli*), 프로테우스 불가리아(*Proteus vulgaris*) 및 파스테우렐라 헤몰리티카(*Pasteurella haemolytica*)를 비롯한 다수의 그람 음성 세균에 의해 생산되며, 이들 단백질은 일반적으로 구조적 특성 및 기능적 특성을 공유한다. 그러나, 다양한 혈청형으로부터 생성된 독소는 숙주 특이성, 표적 세포 및 생물학적 활성이 다르다.

에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*)의 주요 RTX 독소로는 Apx I, ApxII 및 ApxIII이 포함된다. Apx I 및 ApxII는 용혈 활성을 가지며, Apx I의 활성이 더 강력하다. ApxIII은 용혈 활성을 갖지는 않지만, 폐포 대식세포 및 호중구에 대한 세포독성이 있다. 대부분의 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*) 혈청형은 상기 3가지 독소 중 2가지를 생산한다. 예를 들어, 혈청형 1, 5, 9 및 11은 Apx I 및 ApxII를 발현하고, 혈청형 2, 3, 4, 6 및 8은 ApxII 및 ApxIII을 발현한다. 그러나, 혈청형 10은 단지 Apx I만을 생산하고, 혈청형 7 및 12는 단지 ApxII만을 발현한다. Apx I 과 ApxII를 모두 생산하는 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*) 혈청형이 이 세균 중 가장 독성이 강한 균주이다.

무작위적으로 돌연변이된 야생형 세균을 이용한 쥐과(murine) 모델 및 돼지 감염에서 Apx 독소가 독성 인자임이 입증되었다[Tascon et al., Mol. Microbiol. 14:207 - 216 (1994)]. 또한, AopA 외막 독성 단백질을 불활성화시키는 표적 돌연변이가 유발로 다른 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*) 돌연변이체를 생성하였다[Mulks and Buysee, Gene 165:61 - 66 (1995)].

백신 조성물을 제조하려는 시도에서, 전통적인 전세포 사균은 특정 혈청형에만 특이적인 보호를 제공했지만[MacInnes 및 Smart의 상기 문헌], 독성이 높은 한 혈청형으로 자연 감염되면 여러가지 혈청형에 대해 강력한 보호적 면역성을 촉진할 수 있음이 입증되었다[Nielsen, Nord Vet Med. 31:407 - 13 (1979), Nielsen, Nord Vet Med. 36:221 - 234 (1984), Nielsen, Can J Vet Res. 29:580 - 582 (1988), Nielsen, ACTA Vet Scand. 15:80 - 89 (1994)]. ApxII 독소의 불활성화 형태를 생산하는 특성화된 독성약화 생백신 군주가 돼지에서 교차 보호에 대한 잠재성을 나타내는[Prideaux et al., Infection & Immunity 67:1962 - 1966 (1999)] 한편, 다른 특성화되지 않은 독성약화 생돌연

변이체들도 또한 교차 보호에 대한 장래성을 나타냈다[Inzana et al., Infect Immun. 61:1682-6, (1993), Paltineanu et al., In International Pig Veterinary Society, 1992, p. 214, Utrera et al., In International Pig Veterinary Society, 1992, p. 213].

특성화되지 않고 자발 돌연변이된 세균 균주를 포함하는 백신 조성물과 관련된 문제점 때문에, 당업계에는 상동성 및 이종성의 피. 멀토시다(*P. multocida*) 및 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*) 혈청형에 대한 보호적 면역성을 안전하게 자극할 수 있는 독성약화 생세균 균주의 합리적인 제작이 요구되고 있다. 또한, 독성약화 세균 균주 및 세균의 독성 유전자를 찾아내어 항균제를 확인하는 방법의 개발을 촉진해야 한다는 요구도 존재한다.

< 발명의 개요 >

일반적으로, 본 발명은 독성약화 그람 음성 세균을 포함하는 백신 조성물을 제조하고 이용하기 위한 재료 및 방법을 제공한다. 한 측면에서, 본 발명의 백신 조성물은 당업계에 공지되어 있으며 이 거명을 통해 그 전문이 본 명세서에 포함되는 문헌 [Dewhirst et al., J. Bacteriol. 174:2002-2013 (1992)]에 부분적으로 기재되어 있는 파스테우렐라세아(*Pasteurellaceae*)과 세균 중에서 독성약화된 종을 포함한다. 상기 과의 종에는 에이. 악티노마이세탐코미탄스(*A. actinomycetemcomitans*), 에이. 캡슐라투스(*A. capsulatus*), 에이. 에쿨리(*A. equuli*), 에이. 리그니에레스이(*A. lignieresii*), 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*; 에이치. 플레우로뉴모니아(*H. pleuropneumoniae*)), 에이. 세미니스(*A. seminis*), 에이. 수이스(*A. suis*; 에이치. 수이스(*H. suis*)), 에이. 우레아(*A. ureae*; 피. 우레아(*p. ureae*)), 에이. 캡슐라투스(*A. capsulatus*), 비스가르드 탁손(*Bisgaard taxon*) 11, 에이치. 애깅티우스(*H. aegyptius*), 에이치. 아프로필러스(*H. aphrophilus*), 에이치. 아프로필러스(*H. aphrophilus*; 에이치. 파라인플루엔자(*H. parainfluenzae*)), 에이치. 두크레이(*H. ducreyi*), 에이치. 헤모글로빈오피러스(*H. haemoglobinophilus*), 에이치. 헤몰리티쿠스(*H. haemolyticus*), 에이치. 인플루엔자(*H. influenzae*), 에이치. 파라쿠니쿨러스(*H. paracuniculus*), 에이치. 파라갈리나룸(*H. paragallinarum*), 에이치. 파라헤몰리티쿠스(*H. parahaemolyticus*), 에이치. 파라인플루엔자(*H. parainfluenzae*; 에이치. 파라프로필러스(*H. paraphrophilus*)), 에이치. 파라프로헤몰리티쿠스(*H. paraphrohaemolyticus*), 에이치. 파라프로필러스(*H. paraphrophilus*), 에이치. 파라수이스(*H. parasuis*), 에이치. 파라수이스(*H. parasuis*) 5형, 에이치. 세그니스(*H. segnis*), 에이치. 쉴너스(*H. somnus*), 헤모필러스(*Haemophilus*) 소그룹, 헤모필러스(*Haemophilus*) 탁손 C, 피. 에어로젠스(*P. aerogenes*), 피. 아나티스(*P. anatis*), 피. 아비움(*P. avium*; 에이치. 아비움(*H. avium*)), 피. 카니스(*P. canis*), 피. 다그마티스(*P. dagmatis*), 피. 갈리나룸(*P. gallinarum*), 피. 헤몰리티카(*P. haemolytica*), 피. 트레할로시(*P. trehalosi*; 피. 헤몰리티카(*P. haemolytica*) 생체형 T), 피. 랑아(*P. langaa*), 피. 멀토시다(*P. multocida*), 피. 뉴모트로피카(*P. pneumotropica*), 피. 스토마티스(*P. stomatis*), 피. 볼란티움(*P. volantium*; 에이치. 파라인플루엔자(*H. panainfluenzae*)), 피. 볼란티움(*P. volantium*), 파스테우렐라(*Pasteurella*) 종 A, 파스테우렐라(*Pasteurella*) 종 B 및 헤모필러스 파라프로헤몰리티쿠스(*Haemophilus parahrohaemolyticus*)가 포함되지만, 이에 제한되지는 않는다. 바람직하게는, 백신 조성물이 독성약화된 파스테우렐라 헤몰리티카(*Pasteurella haemolytica*), 악티노바실러스 플레우로뉴모니아(*Actinobacillus pleuropneumoniae*), 헤모필러스 쉴너스(*Haemophilus somnus*) 또는 파스테우렐라 멀토시다(*Pasteurella multocida*) 세균을 포함한다. 가장 바람직한 실시양태에서, 본 발명의 백신 조성물은 독성약화된 파스테우렐라 멀토시다(*Pasteurella multocida*) 및 에이. 플레우로뉴모니아(*A. plueropneumoniae*) 세균 균주를 포함한다.

본 발명의 한 측면은 서열 1, 3, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 29, 31, 33, 37, 39, 41, 51, 53, 55, 57, 58, 60, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 163 및 164 중 어느 하나, 또는 그의 종 동족체로 표시되는 유전자 서열에 기능적 돌연변이를 함유하는 그람 음성 세균 생물체를 제공하며, 여기서 돌연변이는 코딩되는 유전자 산물(즉, 유전자에 의해 코딩되는 폴리펩티드)의 발현 및(또는) 생물학적 활성을 억제 또는 제거하고, 상기 기능적 돌연변이는 세균 균주의 독성을 약화시킨다. 당업계에서 이해되는 바와 같이, 종 동족체에는 실질적인 폴리뉴클레오티드 서열 상동성을 갖고 동일하거나 유사한 생물학적 기능 및(또는) 특징을 갖는, 2종 이상의 상이한 종에서 발견되는 유전자가 포함된다. 바람직하게는, 종 동족체인 폴리뉴클레오티드 서열들이 실시예에 기재되는 중간 정도의 엄격 조건하에서 혼성화되고, 동일하거나 유사한 생물학적 활성 및(또는) 특징을 가질 것이다. 또다른 측면에서, 종 동족체인 폴리뉴클레오티드들은 약 60%가 넘는 서열 상동성, 약 70%가 넘

는 서열 상동성, 약 80%가 넘는 서열 상동성, 약 90%가 넘는 서열 상동성 또는 약 95%가 넘는 서열 상동성을 공유할 것이다. 유전자 산물의 발현 및(또는) 생물학적 활성을 변화(즉, 증가 또는 감소)시키는 기능적 돌연변이로는 유전자 그 자체의 단백질 코딩 영역에서 삽입 또는 결실되는 것, 또는 유전자 발현의 조절을 담당하거나 이와 관련된 서열에서 삽입 또는 결실되는 것이 포함된다. 결실 돌연변이체에는 특정 유전자 서열의 전부 또는 일부가 결실된 것이 포함된다. 한 측면에서, 돌연변이의 결과 상기 유전자의 약 10% 이상, 약 20% 이상, 약 30% 이상, 약 40% 이상, 약 50% 이상, 약 60% 이상, 약 70% 이상, 약 80% 이상, 약 90% 이상, 약 95% 이상, 약 98% 이상 또는 약 99% 이상이 결실된다. 또다른 측면에서, 돌연변이의 결과 유전자에서 삽입이 발생하며, 여기서 삽입으로 인해 돌연변이 유전자에 의해 코딩되는 유전자 산물의 발현이 감소되고(거나) 돌연변이 유전자에 의해 코딩되는 불활성화 유전자 산물이 발현된다. 또한, 본 발명의 조성물, 바람직하게는 백신 조성물은 돌연변이화된 독성약화 그람 음성 세균 생물체를 포함하며, 임의로 적합한 면역보강제 및(또는) 제약상 허용되는 희석제 또는 담체를 포함할 수 있다. 변화된 균주가 백신 조성물에 효과적 이도록 하기 위해서는, 병원체로부터의 심각한 임상적 증상의 발병을 예방하기에 충분하도록 독성약화 효과가 커야 하지만, 또한 숙주에서 세균의 복제 및 생장을 억제하기에 충분하도록 독성약화 효과가 작아야 한다.

또한, 본 발명은 그람 음성 세균의 독성에 필요한 유전자 산물을 코딩하는 폴리뉴클레오티드를 제공한다. 본 발명의 폴리뉴클레오티드에는 상보성 DNA, 상보성 또는 안티센스 DNA를 비롯한 게놈 DNA, 및 전체적 또는 부분적으로 합성된 DNA와 같은 DNA; 센스 및 안티센스 가닥을 비롯한 RNA; 및 문헌 [Corey, TIBTECH 15:224-229 (1997)]에 기재된 바와 같은 펩티드 핵산이 포함된다. 본 발명의 독성 유전자 폴리뉴클레오티드에는 서열 1, 3, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 29, 31, 33, 37, 39, 41, 51, 53, 55, 57, 58, 60, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 163 및 164에 기재된 서열, 또는 그의 중 동족체; 서열 1, 3, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 29, 31, 33, 37, 39, 41, 51, 53, 55, 57, 58, 60, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 163 및 164의 폴리뉴클레오티드, 또는 그의 중 동족체에 의해 코딩되는 독성 유전자 산물을 코딩하는 폴리뉴클레오티드; 및 서열 1, 3, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 29, 31, 33, 37, 39, 41, 51, 53, 55, 57, 58, 60, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 163 및 164에 기재된 폴리뉴클레오티드 중 어느 하나, 또는 그의 중 동족체의 비코딩 가닥(또는 상보 가닥)에 중간 정도의 엄격 조건 내지 고도의 엄격 조건하에서 혼성화되는 폴리뉴클레오티드가 포함된다. 따라서, 본 발명은 서열 1, 3, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 29, 31, 33, 37, 39, 41, 51, 53, 55, 57, 58, 60, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 163 및 164에 기재된 파스테우렐라세아(Pasteurellaceae)로부터의 유전자 서열, 및 그의 자연 발생적(즉, 중 동족체) 변이체 및 인공적으로 유도된 변이체를 비롯한 다른 그람 음성 세균 생물체로부터의 관련 유전자 서열을 포함한다. 또한, 본 발명은 서열 1, 3, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 29, 31, 33, 37, 39, 41, 51, 53, 55, 57, 58, 60, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 163 및 164에 기재된 폴리뉴클레오티드 중 어느 하나, 및 그의 중 동족체로부터 추정된 폴리펩티드를 코딩하는 폴리뉴클레오티드를 포함한다. 본 발명의 폴리뉴클레오티드 서열에 대한 지식을 습득하면, 상기 폴리뉴클레오티드의 모든 단편을 쉽게 이용할 수 있다. 따라서, 본 발명은 본 발명에 따른 폴리뉴클레오티드의 단편을 제공한다.

또한, 본 발명은 본 발명의 폴리뉴클레오티드를 포함하는 발현 작제물을 포함한다. 본 발명의 폴리뉴클레오티드로 형질 전환, 형질감염 또는 전기천공된 숙주 세포도 본 발명에 포함된다. 본 발명은 본 발명의 폴리뉴클레오티드에 의해 코딩되는 유전자 산물의 발현을 허용, 바람직하게는 촉진하는 조건하에서 본 발명의 숙주 세포를 배양하는 단계, 및 숙주 세포 또는 그의 배지로부터 유전자 산물을 분리하는 단계를 포함하는, 상기 폴리뉴클레오티드에 의해 코딩되는 폴리펩티드의 생산 방법을 제공한다.

본 발명의 폴리뉴클레오티드를 찾아내면 코딩되는 폴리펩티드를 이용할 수 있게 된다. 본 발명의 폴리펩티드에는 전장 및 단편 단백질, 또는 말단이 잘린 단백질; 그의 변이체; 융합 또는 키메라 단백질; 및 야생형 폴리펩티드에 보존적 아미노산 치환이 도입된 것을 비롯한 유사체가 포함된다. 또한, 본 발명의 폴리펩티드를 특이적으로 인식하는 항체(모노클로날 및 폴리클로날 항체, 단일쇄 항체, 키메라 항체, 인간화 항체, 인간 항체, 및 상보성 결정 영역(CDR) - 이식 항체가 포함됨) 뿐만 아니라, 본 발명의 폴리펩티드를 특이적으로 인식하는 CDR 서열을 포함하는 화합물이 제공된다. 또한, 본 발명은 본 발명의 항체에 면역특이적인 항 - 유전자형 항체를 제공한다.

본 발명의 다른 측면에 따라, 그람 음성 세균의 독성 유전자 또는 유전자 산물을 변화시키는 신규 항균제를 찾아내는 방법이 제공된다. 본 발명의 방법은 서열 1, 3, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 29, 31, 33, 37, 39, 41, 51, 53, 55, 57, 58, 60, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 163 및 164 중 어느 하나에 기재된 서열, 또는 그의 중 동족체에 의해 코딩되는 독성 유전자 산물의 발현을 방해할 수 있는 잠재적 약제를 스크리닝하거나, 또는 서열 1, 3, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 29, 31, 33, 37, 39, 41, 51, 53, 55, 57, 58, 60, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 163 및 164 중 어느 하나에 기재된 DNA 서열, 그의 중 동족체, 또는 그의 상보 가닥에 의해 전체적 또는 부분적으로 코딩되는 세균 유전자 산물의 생물학적 기능을 방해할 수 있는 잠재적 약제를 스크리닝한 후, 그러한 스크리닝 분석에서 양성 결과를 나타내는 약제를 확인하는 것을 포함한다. 특히, 독성 유전자 산물의 발현을 방해하는 약제로는 독성 유전자 서열에 상보적인 안티센스 폴리뉴클레오티드 및 리보자임(ribozyme)이 포함된다. 또한, 본 발명은 올리고뉴클레오티드에 의해 유도되는 삼중 나선 형성을 이용하여 본 발명의 유전자 산물의 전사를 변화시키는 방법을 포함한다.

독성 유전자 산물의 기능을 방해하는 약제로는 독성 유전자 산물의 변이체, 독성 유전자 산물의 결합 파트너 및 그러한 결합 파트너의 변이체, 및 효소 억제제(산물이 효소인 경우)가 포함된다.

본원에 기재된 방법에 의해 확인된 신규 항균제가 제공되며, 또한 그람 음성 세균에 감염된 환자에게 세균의 존재를 감소시키기에 효과적인 양의 상기 신규 항균제를 투여하는 것을 포함하는 상기 환자의 치료 방법이 제공된다.

본 발명의 무수한 부가적 측면 및 이점은, 현재 준비된 그의 실시양태를 설명하는 하기 발명의 상세한 설명을 고려하면 당업자에게 분명해질 것이다.

발명의 상세한 설명

본원에 사용되는 "독성 유전자"는 그의 기능 또는 산물이 숙주 세포에서 세균의 성공적인 감염 및(또는) 유지에 필요한 유전자이다. 따라서, 독성 유전자 및(또는) 그에 의해 코딩되는 단백질은 숙주 생물체의 발병과 관련되어 있지만, 생장에 필수적인 것은 아니다.

본원에 사용되는 "시그너처 태그가 부착된 돌연변이 유발법(signature-tagged mutagenesis, STM)은 이 거명을 통해 본 명세서에 포함되는 국제 특허 공개 WO 96/17951호에 일반적으로 기재된 방법이며, 예를 들면 균혈증의 쥐과 모델에서 독성에 필요한 세균 유전자를 찾아내는 방법이 여기에 포함된다. 이 방법에서, 게놈에 무작위 돌연변이를 갖는 각 세균 균주는 트랜스포손(transposon) 통합을 이용하여 생성되고; 각각의 삽입 돌연변이는 돌연변이체가 서로 구별되게 하는 상이한 DNA 시그너처 태그를 지니고 있다. 이 태그는 중심 영역이 중합효소 연쇄 반응(PCR)에 의해 함께 증폭되게 하는 20 bp의 불변체 "암(arm)"에 인접한 40 bp의 가변성 중심 영역을 포함한다. 태그가 부착된 돌연변이 균주를 미세적정(microtiter) 접시에 모은 후, 혼합하여 감염 연구를 위한 "접종물 풀(inoculum pool)"을 생성한다. 접종 후 적합한 시간에, 세균을 동물로부터 단리한 후, 이를 모아서 "회수 풀(recovered pool)"을 생성한다. 회수 풀

에서의 태그 및 접종물 풀에서의 태그를 별도로 증폭하고 표지한 후, 접종물에서 돌연변이를 나타내는 모든 상이한 태그로 배열된 필터를 조사하는데 사용하였다. 독성이 약화된 돌연변이 군주는 감염된 동물로부터 회수할 수 없는 군주, 즉 태그로 조사했을 때 접종물 풀로부터는 혼성화 신호를 나타내지만 태그로 조사했을 때 회수 풀로부터는 혼성화 신호를 나타내지 않는 태그를 갖는 군주이다. 이 방법에 대한 변형으로, 화학발광법과 같은 비-방사선 검출법이 이용될 수 있다.

시그너처 태그가 부착된 돌연변이 유발법을 통해 한 동물에서 독성의 손실에 대해 다수의 삼입 돌연변이 군주를 동시에 스크리닝할 수 있다. 돌연변이 피. 멀토시다(*P. multocida*) 군주의 풀 19개를 스크리닝하여 독성이 감소된 60가지 이상의 군주를 찾아내었고, 이들 중 대부분은 이후에 개개 돌연변이체의 대략적인 LD₅₀ 을 측정함으로써 독성의 약화가 확인되었다. 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*) 돌연변이체의 스크리닝 결과, 35 종의 상이한 유전자에 돌연변이를 갖는 100가지 이상의 군주를 찾아내었다. 이들 중, 22 종의 유전자에 돌연변이가 유발된 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*)에서 상당한 독성약화 효과가 나타났다. 트랜스포손 삽입에 의해 붕괴된 오픈 리딩 프레임(open reading frame)의 뉴클레오티드 서열은 양쪽 가닥 모두의 서열분석에 의해 결정하였고, 코딩된 아미노산 서열을 추정하였다. 폴리뉴클레오티드와 아미노산 서열의 신규성은 이 서열들을 DNA 및 단백질 데이터베이스 서열과 비교함으로써 결정하였다.

세균의 독성 유전자, 구체적으로는 피. 멀토시다(*P. multocida*) 및 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*)의 독성 유전자는 독성이 감소된 생물체(즉, 독성약화 군주)를 제공하며, 이는 백신으로서 유용하다. 이러한 생물체에는 서열 1, 3, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 29, 31, 33, 37, 39, 41, 51, 53, 55, 57, 58, 60, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 163 및 164 중 어느 하나로 표시되는 유전자를 불활성화시키는 1가지 이상의 기능적 돌연변이를 함유하는 파스테우렐라세아(*Pasteurellaceae*) 돌연변이체가 포함된다. 당업자는 "기능적 돌연변이"가 본 발명 유전자의 단백질 코딩 영역에서 발생할 뿐만 아니라 독성 유전자 RNA의 전사를 변화시키는 조절 영역에서 발생할 수 있음을 알 것이다.

또한, 당업자는 본 발명의 독성약화 피. 멀토시다(*P. multocida*) 및 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*) 군주에 1가지 이상의 기능적 돌연변이를 가진 군주가 포함됨을 알 것이다. 1종 이상의 돌연변이는 상가적 또는 상승적 독성약화 효과를 초래할 수 있다. 다중 돌연변이는 디자인하여 만들어지거나, 또는 본래 단일 돌연변이를 도입하고자 의도된 돌연변이 유발시 결실 사건에 의해 우연히 발생할 수 있다. 다중 결실이 있는 독성약화 군주의 예에는 *cya* 및 *crp* 유전자가 기능적으로 결실된 살모넬라 티피무리움(*Salmonella typhimurium*) 군주가 있다. 이 돌연변이체 에스. 티피무리움(*S. typhimurium*) 군주는 생백신으로서의 잠재성을 나타냈다.

피. 멀토시다(*P. multocida*) 및 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*)에서 독성 유전자를 확인하면, 다른 병원성 종에서 유사한 유전자(즉, 종 동족체)에 관한 정보를 얻을 수 있다. 예를 들면, *aroA* 유전자의 확인 결과, 피. 헤몰리티카(*P. haemolytica*), 에어로모나스 히드로필라(*Aeromonas hydrophila*), 에어로모나스 살모니시다(*Aeromonas salmonicida*), 살모넬라 티피무리움(*Salmonella typhimurium*), 살모넬라 엔테리티디스(*Salmonella enteritidis*), 살모넬라 두블린(*Salmonella dublin*), 살모넬라 갈라네룸(*Salmonella gallanarum*), 보르델라 페르투스시스(*Bordetella pertussis*), 예르시니아 엔테리콜리티카(*Yersinia enterocolitica*), 네이세리아 고노로에아(*Neisseria gonorrhoeae*) 및 바실러스 안트라시스(*Bacillus anthracis*)를 비롯한 다수의 병원체에서 보존적 유전자를 확인할 수 있었다. 이들 중 다수의 종에서, *aroA* 유전자에 돌연변이를 포함하는 독성약화 세균 균주가 백신 제형에 효과적임이 증명되었다. 피. 멀토시다(*P. multocida*)에서 확인된 독성 유전자 서열을 이용하여, 유사하거나 상동성인 유전자가 다른 생물체, 구체적으로는 파스테우렐라(*Pasteurella*)과 뿐만 아니라 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*) 및 헤모필러스 솜너스(*Haemophilus somnus*)에서 확인되었다. 이와 유사하게, 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*)의 독성 유전자를 확인함으로써 다른 생물체에서 관련된 유전자를 확인할 수 있다. 피. 멀토시다(*P. multocida*) 및 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*)의 유전자를 프로브로 사용하는 써던(Southern) 혼성화함으로써, 다른 생물체에서 유래한 염색체 라이브러리에서 관련 유전자들을 확인할 수 있다. 다른 방법으로, PCR도 동등하게 종의 경계를 벗어나 유전자의 확인시 효과적이다. 또다른 방법으로, 예를 들어 피. 멀토시다(*P. multocida*) 돌연변이체와 다른 종으로부터 유래한 염색체 라이브러리와 상보성 실험을 동일하거나 관련된 독성을 갖는 유전자의 확인에 이용할 수 있다. 따라서, 관련 독성 유전자를 확인하면 또다른 백신 제형으로서 유용한 다른 생물체의 독성약화 균주를 제조할 수 있다. 다른 종[예를 들어, 피. 헤몰리티카(*P. haemolytica*), 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*) 및 에이치. 솜너스(*H. somnus*)]에 존재하는 것으로 입증된 피. 멀토시다(*P. multocida*) 유전자의 예로는 *exxB*, *atpG* 및 *pnp* 유전자가 포함된다.

STM을 이용하여 확인된 독성약화 피. 멀토시다(*P. multocida*) 균주는 오픈 리딩 프레임 또는 조절 DNA 서열에 트랜스포손 서열이 삽입되어 독성 유전자의 기능이 상실된 삽입 돌연변이체이다. 따라서, 한 측면에서, 본 발명의 독성약화 피. 멀토시다(*P. multocida*) 균주 및 기타 그람 음성 돌연변이체 세균 균주는 유전자에 삽입을 초래하는 하나 이상의 돌연변이를 포함할 수 있으며, 여기서 삽입은 돌연변이가 유전자에 의해 코딩되는 유전자 산물의 발현을 감소시키고(거나) 돌연변이가 유전자에 의해 코딩되는 불활성화 유전자 산물을 발현시키게 된다. 이러한 삽입 돌연변이는 여전히 세균의 독성에 필요한 유전 정보를 모두 함유하고 있으며, 삽입된 트랜스포손의 결실에 의해 병원성 상태로 되돌아갈 수도 있다. 따라서, 백신 제형의 제조에 있어서, 독성약화 균주로부터 수집된 정보를 이용하여 독성 유전자 서열이 일부, 대부분 또는 모두 제거됨으로써 세균이 독성 상태로 되돌아갈 가능성이 없는 결실 돌연변이체 균주를 생성하는 것이 바람직하다. 따라서, 본 발명의 독성약화 피. 멀토시다(*P. multocida*) 균주 및 기타 그람 음성 돌연변이체 세균 균주에는 독성 유전자의 약 10% 이상, 약 20% 이상, 약 30% 이상, 약 40% 이상, 약 50% 이상, 약 60% 이상, 약 70% 이상, 약 80% 이상, 약 90% 이상, 약 95% 이상, 약 98% 이상 또는 약 99% 이상이 결실된 돌연변이를 하나 이상 포함하는 균주들이 포함된다.

STM을 이용하여 확인된 독성약화 삽입 돌연변이체의 백신 특징은 동일한 유전자에 결실을 포함하는 세균의 특징과 동일하거나 유사할 것으로 기대된다. 그러나, 삽입 돌연변이가 인접하는 유전자 서열에 "극성" 효과를 발휘할 수 있으며, 그 결과 삽입 돌연변이체는 동일한 유전자 서열에 결실 돌연변이를 갖는 돌연변이체 균주와 구별되는 특징을 가질 수 있다. 결실 돌연변이체는 당업계에 잘 공지되고 통상적으로 수행되는 여러 기술을 이용하여 제작될 수 있다.

예를 들면, 많은 세균에서 유전자를 결실시키기 위해 통상적으로 사용되어 온, 부(副)선별가능한(counterselectable) 마커를 사용하는 전략이 이용될 수 있다. 예를 들어, 이 거명을 통해 본 명세서에 포함되는 문헌 [Reyrat et al., *Infection and Immunity* 66:4011 - 4017 (1998)]을 참조할 수 있다. 이 기술에서는 원하는 결실 부위의 양쪽에서 유래한 DNA 서열이 인접하도록 선별가능한 마커와 부선별가능한 마커를 코딩하는 플라스미드가 제작되는, 이중 선별 전략이 종종 사용된다. 선별가능한 마커는 플라스미드가 계놈의 적합한 위치에 적합한 방식으로 통합되었는지 선별하기 위해 사용된다. 부선별가능한 마커는 통합된 플라스미드가 자발적으로 제거된 매우 적은 비율의 세균을 선별하기 위해 사용된다. 따라서, 이들 세균의 분획은 다른 외래 DNA가 존재하지 않고 원하는 결실만을 함유하게 된다. 이 기술에서 중요한 점은 적합한 부선별가능 마커의 이용도이다.

또다른 기술에서, cre-lox시스템이 DNA의 부위 특이적 재조합을 위해 사용된다. 이 시스템은 세균의 cre리컴비나제 유전자에 의해 인식되는 34 염기쌍의 lox서열로 이루어져 있다. lox부위가 DNA에 적합한 방향으로 존재하면, lox부위에 인접한 DNA는 cre리컴비나제에 의해 절단될 것이고, 그 결과 남아있는 lox서열 1 복제본을 제외하고 모든 서열이 결실되게 된다. 표준 재조합 기술을 이용하여, 피. 멀토시다(*P. multocida*) 또는 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*)의 게놈에서 관심있는 표적 유전자를 결실시키고, 이를 lox부위에 인접한 선별가능 마커(예를 들어, 카나마이신 내성을 코딩하는 유전자)로 대체할 수 있다. cre리컴비나제의 일시적 발현(피. 멀토시다(*P. multocida*) 또는 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*))에서 작동하는 프로모터의 조절하에 cre 유전자를 함유하는 자살 플라스미드의 전기천공에 의한 발현)에 의해 lox에 인접한 마커가 효율적으로 제거되어야 한다. 이 과정은 원하는 결실 돌연변이 및 1 복제본의 lox서열을 함유하는 돌연변이를 만들어낼 것이다.

또다른 접근법에서, 피. 멀토시다(*P. multocida*) 또는 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*)의 게놈에서 원하는 결실 서열을 녹색 형광 단백질(GFP), β -갈락토시다제 또는 루시페라제와 같은 마커 유전자로 직접 대체하는 것이 가능하다. 이 기술에서, 원하는 결실 부위에 인접한 DNA 단편은 PCR에 의해 제조하여 피. 멀토시다(*P. multocida*) 또는 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*)에 적합한 자살(비복제) 벡터에 클로닝한다. 피. 멀토시다(*P. multocida*) 또는 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*)에서 활성을 나타내는 프로모터와 적합한 마커 유전자를 함유하는 발현 카세트는 인접 서열들 사이에 클로닝한다. 이 플라스미드를 야생형 피. 멀토시다(*P. multocida*) 또는 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*)에 도입한다. 마커 유전자를 혼입하여 발현하는 세균(빈도수가 매우 낮을 것임)을 분리하여 적합하게 재조합(즉, 야생형 유전자의 마커 유전자로의 대체)되었는지 여부를 조사한다.

이들 생물체의 감소된 독성 및 이들의 면역원성은 동물 환자에 투여함으로써 확인할 수 있다. 본 발명의 무독성 미생물을 단독으로 투여하는 것도 가능하지만, 1종 이상의 그러한 돌연변이체 미생물을 적합한 면역보강제 및 제약상 허용되는 희석제나 담체를 함유하는 백신 조성물로 투여하는 것이 바람직하다. 상기 담체는 본 발명의 무독성 미생물과 상용할 수 있어야 하고 면역화될 환자에 유해해서는 안된다는 점에서 "허용되는" 것이어야 한다. 통상적으로, 담체는 멸균되고 발열원이 제거된 물 또는 식염수이다. 면역화될 환자는 피. 멀토시다(*P. multocida*), 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*) 또는 기타 병원성 미생물로부터의 독성에 의해 유발되는 질병으로부터 보호를 요하는 환자이다.

본 발명의 백신이 인간 의학 및 수의학 분야에 유용하리라는 것은 분명할 것이다. 따라서, 면역화될 환자는 인간 또는 다른 동물, 예를 들어 소, 양, 돼지, 말, 염소 및 가금(예를 들어, 닭, 칠면조, 오리 및 거위)을 비롯한 농장 동물; 개 및 고양이와 같은 애완동물; 외국산 동물 및(또는) 동물원 동물; 및 생쥐, 쥐, 토끼, 모르모트 및 햄스터를 비롯한 실험실 동물일 수 있다.

또한, 본 발명은 피. 멀토시다(*P. multocida*) 또는 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*)의 독성에 필요한 폴리펩티드 및 상응하는 폴리뉴클레오티드를 제공한다. 본 발명은 자연 발생적 또는 인공 폴리뉴클레오티드 및 그의 폴리펩티드 산물을 포함한다. 자연 발생적 독성 산물로는 독특한 유전자 및 폴리펩티드 종 뿐만 아니라, 피. 멀토시다(*P. multocida*) 또는 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*) 이외의 균주에서 발현되는 종 동족체가 포함된다. 인공 독성 산물로는, 유사체 및 공유결합 변형을 포함하는 독성 산물과 같은 자연 발생적 산물의 변이체가 포함된다. 바람직한 실시양태에서, 본 발명은 서열 1, 3, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 29, 31, 33, 37, 39, 41, 51, 53, 55, 57, 58, 60, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 163 및 164에 기재된 서열 및 그의 종 동족체를 포함하는 독성 폴리뉴클레오티드, 및 상기 폴리뉴클레오티드에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 갖는 폴리펩티드를 제공한다.

본 발명은 세균의 독성 유전자 산물을 코딩하는, 피. 멀토시다(*P. multocida*) 또는 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*)의 정제 및 단리된 신규 폴리뉴클레오티드(예를 들어, 센스 및 상보성 안티센스 가닥의 DNA 서열 및 RNA 전사물)를 제공한다. 본 발명의 DNA 서열에는 게놈 서열 및 cDNA 서열 뿐만 아니라 전체적으로 또는 부분적으로 화학 합성된 DNA 서열이 포함된다. 본 발명의 게놈 DNA는 본 발명의 폴리펩티드에 대한 단백질 코딩 영역을 포함하며, 동일한 종의 다른 세균 균주에서 발견될 수 있는 변이체를 포함한다. 본원에 사용되고 당업계에서 이해되는 바와 같이, "합성된" 이란 폴리뉴클레오티드를 제조는 방법에 있어서, 효소에 의한 방법에 상반되는 순전히 화학적인 방법을 의미한다. 따라서, "전체적으로" 합성된 DNA 서열은 전적으로 화학적 수단에 의해 생성되며, "부분적으로" 합성된 DNA는 생성된 DNA의 일부분만이 화학적 수단에 의해 생성된 것을 포함한다. 피. 멀토시다(*P. multocida*)의 독성 유전자 산물을 코딩하는 바람직한 DNA 서열은 서열 1, 3, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 29, 31, 33, 37, 39, 41, 51, 53, 55, 57, 58, 60, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 163 및 164에 기재된 것, 및 그의 종 동족체이다. 독성 유전자 산물을 코딩하는 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*)의 바람직한 DNA 서열은 서열 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 163 및 164에 기재된 것, 및 그의 종 동족체이다. 당업자라면 본 발명의 바람직한 DNA가, 예를 들어 서열 1, 3, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 29, 31, 33, 37, 39, 41, 51, 53, 55, 57, 58, 60, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 163 및 164에 기재된 서열, 및 그의 종 동족체를 갖는 분자가 서열 1, 3, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 29, 31, 33, 37, 39, 41, 51, 53, 55, 57, 58, 60, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 163 및 164의 서열로부터 추론가능한 서열을 갖는 상보성 분자("비코딩 가닥" 또는 "상보 가닥")와 함께 DNA의 왓슨-크릭(Watson-Crick) 염기쌍 규칙에 따라 짝을 이루는 이중 가닥 분자를 포함한다는 것을 알 것이다. 또한, 바람직한 것은 서열 1, 3, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 29, 31, 33, 37, 39, 41, 51, 53, 55, 57, 58, 60, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 163 및 164에 기재된 폴리뉴클레오티드 중 어느 하나, 및 그의 종 동족체에 의해 코딩되는 유전자 산물을 코딩하는 폴리뉴클레오티드이다. 본 발명은 피. 멀토시다(*P. multocida*) 또는 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*) DNA의 종 동족체, 바람직하게는 세균성 동족체를 추가로 포함한다.

본 발명에 의해 제공되는 폴리뉴클레오티드 서열 정보를 이용하면, 써던 및(또는) 노던(Northern) 혼성화 및 중합효소 연쇄 반응(PCR)을 비롯한 공지의 기술에 의해 관련 세균 독성 분자를 코딩하는 폴리뉴클레오티드를 확인 및 단리할 수 있다. 관련 폴리뉴클레오티드의 예로는 서열 1, 3, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 29, 31, 33, 37, 39, 41, 51, 53, 55, 57, 58, 60, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 163 및 164에 기재된 어느 한 폴리뉴클레오티드, 및 그의 종 동족체에 의해 코딩되는 독성 유전자 산물에 상동성인 폴리펩티드, 및 본 발명의 독성 유전자 산물이 갖는 생물학적 및(또는) 물리적 특징을 하나 이상 공유하는 구조적으로 연관된 폴리펩티드를 코딩하는 폴리뉴클레오티드가 포함된다.

또한, 본 발명은 중간 정도의 엄격 조건 내지 고도의 엄격 조건하에서 서열 1, 3, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 29, 31, 33, 37, 39, 41, 51, 53, 55, 57, 58, 60, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 163 및 164에 기재된 어느 한 폴리뉴클레오티드, 및 그의 종 동족체의 비코딩 가닥 또는 상보 가닥에 혼성화되는, 세균 유전자 산물을 코딩하는 DNA 서열을 포함한다. 유전자 코드의 축퇴(degeneracy)가 없다면 상기 서열에 혼성화할, 독성 폴리펩티드를 코딩하는 DNA 서열도 본 발명에 포함된다. 고도의 엄격 조건의 예로는 65°C 내지 75°C에서 0.2X SSC/0.1% SDS를 포함하는 완충액으로 최종 세척하는 것이 포함되며, 중간 정도의 엄격 조건의 예로는 35°C 내지 45°C에서 2X SSC/0.1% SDS를 포함하는 완충액으로 최종 세척하는 것이 포

함된다. 당업자라면, 문헌 [Ausubel et al. (Eds.), *Protocols in Molecular Biology*, John Wiley & Sons (1994), pp. 6.0.3 내지 6.4.10]에 기재된 바와 같이 온도와 완충액 또는 염 농도를 변화시킴으로써 동등한 엄격도가 성취될 수 있음을 이해할 것이다. 혼성화 조건의 변화는 경험적으로 결정하거나, 또는 프로브의 길이 및 구아노신/시토신(GC) 염 기쌍 비율에 기초하여 정확하게 계산할 수 있다. 혼성화 조건은 문헌 [Sambrook et al., (Eds.), *Molecular Cloning : A Laboratory Manual*, Cold Spring Harbor Laboratory Press: Cold Spring Harbor, New York (1989), pp. 9.47 내지 9.51]에 기재된 바와 같이 계산할 수 있다.

또한, 독성 유전자 서열이 혼입된 플라스미드 및 바이러스 DNA 벡터와 같은 자가 복제성 재조합 발현 작제물이 본 발명에서 제공된다. 독성 폴리펩티드를 코딩하는 폴리뉴클레오티드가 내생성 또는 외생성 발현 조절 DNA 서열 및 전사 종결자에 작동 가능하게 연결된 발현 작제물이 또한 제공된다. 독성 유전자는 피. 멀토시다(*P. multocida*)의 게놈 DNA를 주형으로 사용하는 PCR에 의해 클로닝할 수 있다. 상기 유전자를 발현 벡터에 용이하게 삽입하기 위해, PCR에 의해 증폭된 유전자가 개시 코돈인 ATG의 앞쪽 5'에 제한효소 부위를 갖고 정지 코돈인 TAG, TGA 또는 TAA의 뒤쪽 3'에 제한효소 부위를 갖도록 PCR 프라이머를 선택한다. 바람직한 경우에는 문헌 [Grosjean and Fiers, *Gene*, 18:199 - 209 (1982) 및 Konigsberg and Godson, *Proc. Natl. Acad. Sci. (USA)*, 80:687 - 691 (1983)]에 기재된 대장균(*E. coli*) 코돈 선호도에 따라 아미노산의 변화없이 유전자의 코돈을 변화시킨다. 코돈 이용도를 최적화하면 대장균(*E. coli*)에서의 생산시 유전자 산물의 발현량이 증가될 수 있다. 유전자 산물이 대장균(*E. coli*) 또는 다른 세균의 원형질 주변이나 세포 배양용 배지에서 세포의 생산되도록 하려면, 유전자를 개시 코돈없이 클로닝하여 벡터 중의 신호 서열 뒤쪽에 놓이게 한다.

본 발명의 또다른 측면에 따라, 본 발명의 독성 폴리펩티드가 발현되도록 하는 방식으로 본 발명의 폴리뉴클레오티드 서열을 안정하게 또는 일시적으로 형질전환, 형질감염 또는 전기천공시킨 원핵 및 진핵 세포를 비롯한 숙주 세포가 제공된다. 본 발명의 발현 시스템에는 세균 시스템, 효모 시스템, 진균 시스템, 바이러스 시스템, 무척추동물 시스템 및 포유동물 시스템이 포함된다. 본 발명의 숙주 세포는 독성 유전자 산물에 특이적인 면역활성을 나타내는 항체의 개발을 위한 가치있는 면역원의 공급원이다. 본 발명의 숙주 세포는 독성 폴리펩티드의 거대 규모 생산에 매우 유용하며, 여기서 상기 숙주 세포를 적합한 배지에서 배양한 후, 면역친화성 정제 또는 당업계에 잘 공지되고 통상적으로 수행되는 여러가지 정제 기술에 의해 세포로부터 또는 세포를 배양한 배지로부터 원하는 폴리펩티드 산물을 분리한다. 대장균(*E. coli*), 기타 세균(피. 멀토시다(*P. multocida*), 바실러스(*Bacillus*) 및 에스. 아우레우스(*S. aureus*) 등), 효모(피치아 파스토리스(*Pichia pastoris*) 및 사카로마이세스 세레비시아(*Saccharomyces cerevisiae*) 등), 곤충 세포 또는 포유동물 세포(CHO 세포 등)와 같은 임의의 적합한 숙주 세포가 당업계에 공지된 적합한 벡터를 이용하는 유전자 산물의 발현에 사용될 수 있다. 단백질은 직접 생산되거나 펩티드 또는 폴리펩티드에 융합된 상태로 생산될 수 있으며, 세포내에서 생산되거나 세균 세포의 원형질 주변 공간으로의 분비 또는 세포 배양용 배지로의 분비에 의해 세포외에서 생산될 수 있다. 단백질의 분비는 신호 펩티드(또한 프리-서열로도 공지됨)를 필요로 하는데, 원핵생물 및 진핵생물로부터의 무수한 신호 서열이 재조합 단백질의 분비에 작용함이 알려져 있다. 단백질 분비 과정에서, 신호 펩티다제에 의해 신호 펩티드를 제거하여 성숙 단백질을 얻는다.

단백질 정제 과정을 간편하게 하기 위해, 유전자 코딩 서열의 5' 또는 3'에 정제 태그를 부착할 수 있다. 통상적으로 사용되는 정제 태그에는 히스티딘 잔기 6개의 스트레치(미국 특허 제5,284,933호 및 동 제5,310,663호), 문헌 [Schmidt and Skerra, *Protein Engineering*, 6:109 - 122 (1993)]에 기재된 스트렙타비딘 친화성 태그, FLAG 태그[Hopp et al., *Biotechnology*, 6:1205 - 1210 (1988)], 글루타티온 S-트랜스퍼라제[Smith and Johnson, *Gene*, 67:31 - 40 (1988)] 및 티오레독신[LaVallie et al., *Bio/Technology*, 11:187 - 193 (1993)]이 포함된다. 이들 펩티드 또는 폴리펩티드를 제거하기 위해, 단백질 분해성 절단 인식 부위를 융합 연결부에 삽입할 수 있다. 통상적으로 사용되는 프로테아제에는 인자 Xa, 트롬빈 및 엔테로키나아제가 있다.

또한, 본 발명은 본 발명의 폴리뉴클레오티드에 의해 코딩되는 피. 멀토시다(P. multocida) 및 에이. 플레우로뉴모니아(A. pleuropneumoniae)의 정제 및 단리된 독성 폴리펩티드를 제공한다. 현재 바람직한 폴리펩티드는 서열 1, 3, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 29, 31, 33, 37, 39, 41, 51, 53, 55, 57, 58, 60, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 163 및 164에 기재된 어느 한 폴리뉴클레오티드, 및 그의 종 동족체에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함한다. 본 발명은 a) 서열 1, 3, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 29, 31, 33, 37, 39, 41, 51, 53, 55, 57, 58, 60, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 163 및 164 중 어느 하나에 기재된 DNA 서열, 및 그의 종 동족체, b) 서열 1, 3, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 29, 31, 33, 37, 39, 41, 51, 53, 55, 57, 58, 60, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 163 및 164 중 어느 하나에 의해 코딩되는 피. 멀토시다(P. multocida) 및 에이. 플레우로뉴모니아(A. pleuropneumoniae)의 폴리펩티드를 코딩하는 DNA 분자, 및 그의 종 동족체, 및 c) 중간 정도의 엄격 조건하에서 (a) 또는 (b)의 DNA에 혼성화되는, 독성 유전자 산물을 코딩하는 DNA 분자로 이루어진 군으로부터 선택되는 DNA에 의해 코딩되는 독성 폴리펩티드를 포함한다.

또한, 본 발명은 본 발명의 바람직한 폴리펩티드에 약 99% 이상, 약 95% 이상, 약 90% 이상, 약 85% 이상, 약 80% 이상, 약 75% 이상, 약 70% 이상, 약 65% 이상, 약 60% 이상, 약 55% 이상 및 약 50% 이상의 동일성 및(또는) 상동성을 갖는 폴리펩티드, 즉 종 동족체 및 오르토로그(ortholog)를 포함한다. 본 발명의 바람직한 폴리펩티드에 대한 아미노산 서열 "동일성" 퍼센트는, 독성 유전자 산물의 서열과 후보 서열을 정렬하고, 필요한 경우에는 최대의 서열 동일성 퍼센트를 얻기 위해 갭을 도입한 후, 보존적 치환체는 동일한 서열의 일부로 고려하지 않은 상태에서, 독성 유전자 산물의 잔기와 동일한 후보 서열의 아미노산 잔기의 비율로서 본 명세서에 정의된다. 본 발명의 바람직한 폴리펩티드에 대한 아미노산 서열 "상동성" 퍼센트는, 독성 유전자 산물의 서열과 후보 서열을 정렬하고, 필요한 경우에는 최대의 서열 동일성 퍼센트를 얻기 위해 갭을 도입한 후, 어떤 보존적 치환체도 동일한 서열의 일부로 고려한 상태에서, 독성 유전자 산물의 잔기와 동일한 후보 서열의 아미노산 잔기의 비율로서 본 명세서에 정의된다. 보존적 치환은 표 A 및 B에 기재된 바와 같이 정의할 수 있다.

[표 A]

보존적 치환 I		
측해 특성		아미노산
지방족	비극성	G A P
		I L V
	극성 - 무전하	C S T M
		N Q
	극성 - 전하	D E
		K R
방향족		H F W Y
기타		N Q D E

본 발명의 폴리펩티드는 천연 세균 세포 공급원으로부터 단리하거나 화학적으로 합성할 수 있지만, 본 발명의 숙주 세포를 포함하는 제조법 절차에 의해 생산하는 것이 바람직하다. 본 발명의 독성 유전자는 전장 폴리펩티드, 생물학적 활성 단편, 또는 특이적인 생물학적 또는 면역학적 활성을 보유하는 그의 변이체일 수 있다. 변이체는 독성 폴리펩티드 유사체를 포함할 수 있으며, 여기서 하나 이상의 특이적(즉, 자연적으로 코딩됨) 아미노산이 결실 또는 대체되거나, 또는 하나 이상의 비특이적 아미노산이 (1) 독성 유전자 산물에 특이적인 1가지 이상의 생물학적 활성 또는 면역학적 특성의 손실없이, 또는 (2) 독성 유전자 산물의 특정 생물학적 활성을 특이적으로 무력화시키면서 첨가될 수 있다. 또한, 본 발명의 결실 변이체에는 생물학적 활성에 필수적이지 않은 폴리펩티드의 일부가 결손된 단편이 포함되며, 삽입 변이체

에는 야생형 폴리펩티드나 그의 단편이 다른 폴리펩티드에 융합된 융합 폴리펩티드가 포함된다.

독성 폴리펩티드의 변이체에는 본 발명의 폴리펩티드를 코딩하는 폴리뉴클레오티드의 변화에 의해 보존적 치환이 도입된 변이체들이 포함된다. 보존적 치환은 당업계에서 관련된 물리적 특징에 따라 아미노산을 분류하는 것으로 인식되며, 표 A에 기재된 바와 같이 정의될 수 있다(1997년 3월 13일에 공개된 WO 97/09433호의 10 페이지, 및 1996년 6월 9일 출원된 PCT/GB96/02197호 참조). 별법으로, 보존적 아미노산은 표 B에 기재된 바와 같이 문헌 [Lehninger, Biochemistry, Second Edition; Worth Publishers, Inc. NY:NY (1975), pp.71 - 77]에 정의된 대로 분류할 수 있다.

[표 B]

보존적 치환 II	
측쇄 특성	아미노산
비극성 (소수성)A. 지방족B. 방향족C. 황 - 함유D. 양면성	A L I V P F W M G
무전하 - 극성A. 히드록실B. 아마이드C. 설프히드릴D. 양면성	S T Y N Q C G
양전하성 (염기성)	K R H
음전하성 (산성)	D E

본 발명의 변이체 독성 산물은 성숙 독성 유전자 산물, 즉 리더 서열 또는 신호 서열이 제거된 것으로서 아미노 말단에 추가적인 잔기를 갖는 것을 포함한다. - 1번 위치에 추가적인 메티오닌 잔기가 있는 독성 유전자 산물은 본 발명에 포함되며, - 2번 및 - 1번에 추가적인 메티오닌과 리신 잔기가 있는 독성 산물도 본 발명에 포함된다. 이러한 형태의 변이체들은 세균성 세포형 내에서의 재조합 단백질 생산에 특히 유용하다. 또한, 본 발명의 변이체는 자연 발생적 단백질에서 발견되지 않는 아미노 말단 서열을 포함하는 변이체 뿐만 아니라 다른 단백질로부터 유래한 아미노 말단 서열이 도입된 유전자 산물을 포함한다.

또한, 본 발명은 특정 발현 시스템을 사용하여 추가적인 아미노산 잔기를 갖는 변이체 폴리펩티드를 포함한다. 예를 들어, 해당 폴리펩티드를 글루타티온 - S - 트랜스퍼라제(GST)와의 융합 단백질로 발현시키는 시판되는 벡터를 사용하면, 해당 폴리펩티드로부터 GST 부분의 절단 이후에 - 1번 위치에 추가적인 글리신 잔기가 있는 해당 폴리펩티드를 얻을 수 있다. 또한, 다른 벡터 시스템을 사용하는 발현으로부터 생성된 변이체도 포함된다.

또한, 본 발명에는 항체(예를 들어, 모노클로날 및 폴리클로날 항체, 단일쇄 항체, 키메라 항체, 인간화, 인간 및 CDR - 이식 항체로서 본 발명의 폴리펩티드를 특이적으로 인식하는 CDR 서열을 비롯한 화합물을 포함) 및 독성 유전자 산물 또는 그 단편에 특이적인 기타 결합 단백질이 포함된다. " ~에 특이적인" 이라는 용어는 본 발명 항체의 가변 영역이 배타적으로 독성 폴리펩티드를 인식하고 결합하는 (즉, 폴리펩티드 군들 간의 서열 동일성, 상동성 또는 유사성에도 불구하고 하나의 독성 폴리펩티드를 관련 독성 폴리펩티드들로부터 구별할 수 있는) 것 뿐만 아니라, 항체의 가변 영역 바깥쪽의 서열, 특히 항체 분자의 불변 영역과의 상호작용을 통해 다른 단백질(예를 들어, ELISA 기술에서의 에스 아우레우스(*S. aureus*) 단백질 A 또는 다른 항체)과 상호작용할 수 있는 것을 의미한다. 본 발명 항체의 결합 특이성을 측정하기 위한 스크리닝 분석법은 널리 공지되어 있으며 당업계에서 통상적으로 수행되는 것이다. 그러한 분석법에 대해서는 문헌 [Harlow et al., (Eds.) Antibodies A Laboratory Manual; Cold Spring Harbor Laboratory; Cold Spring Harbor, NY (1988), Chapter 6]을 참조한다. 또한, 상기 정의한 바와 같이, 단편이 유도된 본 발명의 독성 폴리펩티드에 가장 특이적인 항체라면, 상기 독성 폴리펩티드에서 유래된 단편을 인식하고 결합하는 항체도 본 발명에 포함된다.

또한, 본 발명에서 제공되는 DNA 및 아미노산 서열 정보도 독성 유전자와 그 코딩된 유전자 산물의 구조 및 기능에 대한 체계적 분석을 가능하도록 한다. 또한, 본 발명의 독성 유전자 산물을 코딩하는 폴리뉴클레오티드에 대한 지식을 습득하면, 본 발명의 독성 폴리펩티드 코딩 폴리뉴클레오티드를 인식하고 이에 혼성화되는 안티센스 폴리뉴클레오티드를

이용할 수 있다. 전장 및 단편 안티센스 폴리뉴클레오티드가 본 발명에서 제공된다. 당업자는 본 발명의 단편 안티센스 분자가 (i) 특정 RNA(본 발명의 독성 유전자를 코딩하는 DNA와 기타 공지된 분자를 코딩하는 DNA를 서열 비교함으로써 결정됨)를 특이적으로 인식하고 이에 혼성화되는 분자, 및 (ii) 독성 단백질 족의 변이체를 코딩하는 RNA를 인식하고 이에 혼성화되는 분자를 포함한다는 것을 이해할 것이다. 또한, 독성 단백질족의 다른 구성원을 코딩하는 RNA에 혼성화되는 안티센스 폴리뉴클레오티드는 상기 독성 단백질족의 특징적 서열이나 시그너처 서열을 확인하는 서열 비교를 통하여 확인할 수 있다.

또한, 본 발명은 리보자임을 사용하여 유전자 발현을 조절하는 방법을 포함한다. 이는 문헌 [Gibson and Shillitoe, *Mol. Biotech.* 7:125 - 137 (1997)]을 참조한다. 리보자임 기술은 (i) 표적 mRNA에 상보 RNA를 혼성화시키고 (ii) 혼성화된 mRNA를 상보 사슬에 고유한 뉴클레아제 활성을 통해 절단하는 것에 의한 서열 특이적 방식으로 mRNA의 번역을 억제하는데 사용될 수 있다. 리보자임은 경험적인 방법으로 확인될 수 있지만, 표적 mRNA에서의 결합 부위를 기초로 하여 특이적으로 고안하는 것이 보다 바람직하다[Branlage et al., *Trends in Biotech* 16:434 - 438 (1998)]. 리보자임을 표적 세포로 전달하는 것은 당업계에서 널리 공지되고 통상적으로 수행되는 외생성 또는 내생성 전달 중 어느 하나를 사용하여 수행할 수 있다. 외생성 전달법은 표적 리포솜의 사용 또는 직접적인 국부 주입을 포함할 수 있다. 내생성 전달법은 바이러스 벡터 및 비-바이러스 플라스미드의 사용을 포함한다.

독성 유전자 산물을 코딩하는 뉴클레오티드의 독특한 영역에 대한 상보적이라도 고안할 경우, 리보자임은 독성 유전자의 발현을 특이적으로 조절할 수 있다. 따라서, "특이적으로 조절한다"는 것은 본 발명의 리보자임이 단지 하나의 폴리뉴클레오티드만을 인식한다는 것을 의미한다. 마찬가지로, 리보자임이 단백질족의 전부 또는 일부의 발현을 조절하도록 고안할 수 있다. 이러한 형태의 리보자임은 상기 단백질족을 코딩하는 폴리뉴클레오티드의 전부 또는 일부에 보존된 폴리뉴클레오티드 서열을 인식하도록 고안한다.

또한, 본 발명은 올리고뉴클레오티드에 의해 유도되는 삼중 나선 형성을 이용하여 본 발명의 독성 유전자의 전사를 조절하는 방법을 포함한다. 이는 문헌 [Lavrovsky et al., *Biochem.Mol.Med.* 62:11 - 22 (1997)]을 참조한다. 삼중 나선 형성은 왓슨-크릭 모델에서 정의된 이중 나선 DNA의 주구(major groove)에 혼성화되는 서열 특이적 올리고뉴클레오티드를 이용하여 수행한다. 서열 특이적 올리고뉴클레오티드를 혼성화시키면 그 후에, 예를 들어 전사 인자 및 중합효소를 포함하는 DNA 결합 단백질의 활성을 조절할 수 있다. 혼성화에 바람직한 표적 서열은 독성 유전자 산물의 발현을 조절하는 전사 조절 영역을 포함한다. 또한, 삼중 나선 형성이 가능한 올리고뉴클레오티드는 표적 DNA 서열의 부위 특이적 공유 결합 변형에 유용하다. 공유 결합 변형에 유용한 올리고뉴클레오티드는 라브로브스키(Lavrovsky) 등의 상기 문헌에 기재된 다양한 DNA 손상 인자와 커플링될 수 있다.

피. 멀토시다(*P. multocida*) 및 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*)의 독성 유전자를 확인하면, 상기 유전자 및 유전자 산물을 항균제 확인 방법에 유용하게 사용할 수 있다. 그러한 방법은 서열 1, 3, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 29, 31, 33, 37, 39, 41, 51, 53, 55, 57, 58, 60, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118 및 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 163 및 164 중 어느 하나에 기재된 DNA 서열, 및 그의 종 동족체(즉, 서열 1, 3, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 29, 31, 33, 37, 39, 41, 51, 53, 55, 57, 58, 60, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118 및 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 163 및 164의 DNA 서열로 표시되는 유전자들이 독성 유전자 산물을 코딩하거나, 또는 서열 1, 3, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 29, 31, 33, 37, 39, 41, 51, 53, 55, 57, 58, 60, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118 및 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 163 및 164의 DNA 서열이 독성 유전자 산물을 코딩하는 유전자에 인접하거나, 독성 유전자 산물의 발현을 조절하는데 관여함)로 표시되는 독성 유전자 산물의 발현을 방해 수 있는 잠재적인 약제를 분석하는 것을 포함하거나, 또는 서열 1, 3, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 29, 31, 33, 37, 39, 41, 51, 53, 55, 57, 58, 60, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118 및 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 163 및 164 중 어느 하나에 기재된 DNA 서열, 그의 종 동족체, 또는 그의 상보 가닥에 의해 전체적 또는 부분적으로 코딩되는 세균 유전자 산물의 기능을 방해할 수 있는 능력을 갖는 잠재적 약제를 분석한 후, 그러한 분석에서 양성 결과를 나타내는 약제를 확인하는 것을 포함한다. 이러한 분석에 유용한 폴리뉴클레오티드 및 폴리펩티드에는 본 명세서에 개시된 유전자와 그 코딩된 폴리펩티드 뿐만 아니라 야생형 유전자 및 폴리펩티드와 실질적으로 동일한 활성이 있는 그의 변이체가 포함된다.

상기 기재된 방법에 의해 생산된 독성 유전자 산물은 억제제를 스크리닝하기 위한 고처리 분석에 사용된다. 스크리닝될 잠재적 약제의 공급원으로는 화합물 라이브러리, 스트렙토마이세테스(*Streptomyces*), 기타 세균 및 진균의 발효 배지, 및 식물과 기타 초목의 세포 추출물이 있다. 효소 활성이 알려져 있는 단백질에 대한 분석은 그 활성을 기초로 이루어지고, 다수의 잠재적 약제는 그 활성을 억제하는 능력에 대해 스크리닝한다. 다른 단백질이나 핵산에 결합하는 단백질에 있어서, 결합 분석은 그러한 결합 상호작용을 직접 측정하도록 이루어지고, 잠재적 약제는 그 결합 상호작용을 억제하는 능력에 대해 스크리닝한다.

당업계에 공지된 다양한 분석의 용도는 본 발명의 한 측면으로 포함된다. 공지된 유전자 산물과의 서열 유사성에 의해 독성 유전자 산물의 기능이 알려지거나 예상될 경우, 상기 유전자 산물의 기능 및(또는) 특징에 중점을 둔 효소적 또는 기타 유형의 생물학적 및(또는) 생화학적 분석으로 잠재적 억제제를 스크리닝할 수 있다. 다른 단백질이나 핵산과 상호작용하는 것으로 알려진 공지 유전자 산물과의 서열 유사성에 의해 상기 독성 유전자 산물이 알려지거나 예상될 경우, 상호작용의 억제제는 결합 분석에서 직접 스크리닝할 수 있다. 본 발명은 상기 독성 유전자 산물의 결합 억제제에 대한 스크리닝 및 확인을 위한 다수의 분석법을 포함한다. 한 실시예에서, 상기 독성 유전자 산물을 고정시키고, 추정 억제제 화합물의 존재 및 부재시 결합 파트너와의 상호작용을 평가한다. 다른 실시예에서, 상기 독성 유전자 산물과 그 결합 파트너 간의 상호작용은 추정 억제제 화합물의 존재 및 부재시의 용액 분석으로 평가한다. 이 두 분석에서, 상기 독성 유전자 산물과 그 결합 파트너 간의 결합을 감소시키는 화합물로서 억제제를 확인한다. 또한, 상기 유전자 산물의 결합 파트너가 단백질인 경우에 대한 다른 분석법도 본 발명에 포함된다. 예를 들어, 1995년 8월 3일 공개된 PCT 출원 WO 95/20652호에 기재된 바와 같이, 형질전환 또는 형질감염된 숙주 세포 내에서 양성 신호의 검출에 의해 단백질/단백질 상호작용의 억제제를 확인하는 디-하이브리드(di-hybrid) 분석법의 변형이 본 발명에 포함된다.

본 발명에 포함되는 후보 억제제에는 잠재적 억제제의 라이브러리로부터 선택된 화합물들이 포함된다. 소분자 조절인자를 확인하기 위한 다양한 라이브러리가 있으며, 여기에는 (1) 화합물 라이브러리, (2) 천연물 라이브러리, 및 (3) 무작위 펩티드, 올리고뉴클레오티드 또는 유기 분자의 조합 라이브러리가 포함된다. 화합물 라이브러리는 공지된 화합물 또는 천연물 스크리닝을 통해 "적중물질(hit)" 또는 "선도물질(lead)"로 확인된 화합물의 구조적 유사체로 이루어져 있다. 천연물 라이브러리는 (1) 토양, 식물 또는 해양 미생물로부터의 배양액 및 배양 추출물, 또는 (2) 식물 또는 해

양 생물의 추출물로 스크리닝하기 위한 혼합물을 생성하는데 사용하는 미생물, 동물, 식물 또는 해양 생물의 수집물이다. 천연물 라이브러리는 폴리케티드, 비리보솜계 펩티드 및 그의 (인공) 변이체를 포함한다. 이는 문헌 [Science 282:63-68 (1998)]을 참조한다. 조합 라이브러리는 다수의 펩티드, 올리고뉴클레오티드 또는 유기 화합물의 혼합물로서 이루어져 있다. 조합 라이브러리는 통상적인 자동화 합성법, PCR, 클로닝 또는 특허받은 합성법에 의해서 비교적 용이하게 제조할 수 있다. 특히 관심있는 것은 펩티드와 올리고뉴클레오티드의 조합 라이브러리이다. 또한, 관심있는 다른 라이브러리에는 펩티드, 단백질, 펩티드 모방체, 다중평행(multiparallel) 합성 수집물, 재조합체 및 폴리펩티드 라이브러리가 포함된다. 조합 화학 및 그로부터 생성된 라이브러리에 대해서는 문헌 [Myers, Curr. Opin. Biotechnol. 8:701-707 (1997)]을 참조한다. 본 명세서에 기재된 종류의 라이브러리를 사용하여 조절제를 확인함으로써 후보 "적중물질" (또는 "선도물질")을 변형하여 활성을 조절하도록 상기 "적중물질"의 능력을 최적화할 수 있다.

본 발명에 포함되는 다른 후보 억제제를 고안할 수 있으며, 여기에는 결합 파트너의 가용성 형태 뿐만 아니라 키메라 또는 융합 단백질로서의 결합 파트너가 포함된다. 본원에 사용되는 결합 파트너는 항체, 항체 단편, 및 상기 확인된 독성 유전자의 발현 산물에 면역특이적인 항체 도메인을 포함하는 변형된 화합물을 광범위하게 포함한다.

독성 유전자 산물에 대한 결합 파트너(즉, 리간드)가 알려져 있지 않은 경우에는 다른 분석법을 사용할 수 있으며, 여기에는 표적 단백질에 대한 시험 결합 파트너의 직접적인 결합을 측정함으로써 표적 단백질의 결합 파트너를 확인하는 분석법, 및 이온 분무 질량분석계/HPLC 방법 또는 기타 물리적 및 분석적 방법으로 친화성 한외여과를 통해 표적 단백질의 결합 파트너를 확인하는 분석법이 포함된다. 별법으로, 문헌 [Fields and Song, Nature, 340:245-246 (1989)] 및 [Fields and Sternglanz, Trends in Genetics, 10:286-292 (1994)]에 기재된 효모 투-하이브리드 시스템(two-hybrid system)을 사용하여 간접적으로 그러한 결합 상호작용을 측정하며, 상기 두 문헌 모두 이 거명을 통해 본 명세서에 포함된다. 투-하이브리드 시스템은 두 단백질 또는 폴리펩티드 간의 상호작용을 검출하기 위한 유전적 분석법이다. 투-하이브리드 시스템은 해당 공지 단백질에 결합하는 단백질을 확인하거나 결합에 중요한 도메인 또는 잔기를 알아내기 위해 사용할 수 있다. 이 방법을 다양하게 변형하여 DNA 결합 단백질을 코딩하는 유전자를 클로닝하고, 단백질에 결합하는 펩티드를 확인하며, 약물을 스크리닝하는 방법이 개발되었다. 투-하이브리드 시스템은 한 쌍의 결합 단백질이 전사 활성화 도메인을 리포터 유전자의 상류 활성화 서열(UAS)에 결합하는 DNA 결합 도메인 근처로 가져오도록 할 수 있으며, 일반적으로 효모에서 수행된다. 상기 분석법은 (1) 제1 단백질에 융합된 DNA 결합 도메인 및 (2) 제2 단백질에 융합된 활성화 도메인을 코딩하는 두개의 하이브리드 유전자 구조물을 필요로 한다. DNA 결합 도메인은 제1 하이브리드 단백질을 리포터 유전자의 UAS에 대한 표적이 되도록 하도록 하지만, 대부분의 단백질은 활성화 도메인이 결여되어 있기 때문에, 이 DNA 결합 하이브리드 단백질은 리포터 유전자의 전사를 활성화시키지 않는다. 활성화 도메인을 포함하는 제2 하이브리드 단백질은 UAS에 결합할 수 없기 때문에 그 자신만으로 리포터 유전자의 발현을 활성화시킬 수 없다. 그러나, 두 하이브리드 단백질이 존재하는 경우, 제1 단백질과 제2 단백질간의 비공유성 결합이 활성화 도메인을 UAS에 결합시켜 리포터 유전자의 전사를 활성화시킨다. 독성 유전자 산물(예를 들어, 제1 단백질)이 이미 다른 단백질 또는 핵산과 결합한다고 알려진 경우, 이 분석법은 결합을 방해하는 약제를 찾는 데 사용할 수 있다. 리포터 유전자의 발현은 상기 시스템에 각기 다른 시험 물질을 첨가하여 모니터링하며, 억제제가 존재하면 리포터 신호가 결여되는 결과를 나타낸다.

독성 유전자 산물의 기능이 알려져 있지 않고 이에 결합하는 리간드도 알려져 있지 않은 경우, 효모 투-하이브리드 분석법은 상기 유전자 산물에 결합하는 단백질을 찾아내는데도 사용될 수 있다. 제1 단백질(표적 단백질)에 결합하는 단백질을 찾아내는 분석에서, 서로 다른 제2 단백질을 코딩하는 다수의 하이브리드 유전자가 생성되어 상기 분석을 통해 스크리닝된다. 통상, 제2 단백질은 전체 cDNA 또는 게놈 DNA가 활성화 도메인에 연결된 플라스미드 집합체에 의해 코딩된다. 이 시스템은 다양한 종류의 단백질에 적용할 수 있으며, 제2 결합 단백질의 정체 및 기능을 알 필요는 없다. 이 시스템은 매우 감도가 좋아서 다른 방법에 의해 밝혀지지 않는 상호작용도 검출할 수 있으며, 심지어 일시적인 상호작용도 전사를 촉진함으로써 반복적으로 번역되어 리포터 단백질을 생성하는 안정한 mRNA를 생성할 수 있다.

표적 단백질에 결합하는 약제를 찾기 위해 다른 방법을 사용할 수도 있다. 이 거명을 통해 본 명세서에 포함되는 미국 특허 제5,585,277호에는 표적 단백질에 대한 시험 리간드의 직접 결합을 확인하는 그러한 스크리닝 방법 하나가 기재되어 있다. 이 방법은 일반적으로 단백질이 폴딩 상태와 비폴딩 상태의 혼합물이며 이 두 상태를 지속적으로 왕복한다는 원리에 근거한 것이다. 시험 리간드가 표적 단백질의 폴딩형에 결합한 경우(즉, 시험 리간드가 표적 단백질의 리간드인 경우), 리간드와 결합된 표적 단백질 분자는 폴딩 상태를 유지한다. 따라서, 표적 단백질에 결합하는 리간드의 존재시 리간드가 존재하지 않는 경우보다 폴딩 상태의 표적 단백질이 더 많이 존재하게 된다. 리간드와 표적 단백질의 결합 여부는 표적 단백질의 폴딩 상태와 비폴딩 상태를 구별하는 어떠한 방법에 의해서든 결정할 수 있다. 이 분석을 수행하기 위해 표적 단백질의 기능을 알 필요는 없다. 이 방법에 의해서 어떠한 약제라도 시험 리간드로서 평가할 수 있으며, 여기에는 금속, 폴리펩티드, 단백질, 지질, 다당류, 폴리뉴클레오티드 및 유기 소분자가 포함되지만 이에 제한되지는 않는다.

이 거명을 통해 본 명세서에 포함되는 문헌 [Wieboldt et al., Anal.Chem., 69:1683 - 1691 (1997)]에 표적 단백질에 대한 리간드를 확인하는 또다른 방법이 기재되어 있다. 이 기술을 이용하여, 약제 20 내지 30개의 조합 라이브러리의 표적 단백질에 대한 결합 여부를 용액 상태에서 한번에 스크리닝할 수 있다. 표적 단백질에 결합하는 약제는 원심분리성 한외여과에 의해서 다른 라이브러리 성분으로부터 분리한다. 필터 상에 잔존하는 특이적으로 선별된 분자는 이후에 표적 단백질로부터 유리되어 HPLC 및 공기식 전자분무(이온 분무) 이온화 질량 분석계로 분석된다. 이 방법으로 표적 단백질에 가장 높은 친화성을 갖는 라이브러리 성분을 선별할 수 있으며, 특히 소분자 라이브러리에 대해 유용하다.

피. 멀토시다(*P. multocida*) 감염의 생체내 생쥐 모델에서 최초 스크리닝에 의해 확인된 억제제/결합제의 독성에 대한 효과를 평가할 수 있다. 균혈증, 심내막염, 패혈성 관절염, 연부조직 농양 또는 폐렴의 모델을 이용할 수도 있다. 또한, 다른 동물의 사용을 포함하는 모델도 본 발명에 포함된다. 예를 들어, 추정 억제제/결합제 화합물을 다양한 양으로 투여하기 전 또는 투여한 후, 토끼를 야생형 피. 멀토시다(*P. multocida*) 균주로 감염시킬 수 있다. 추정 억제제/결합제 화합물 대신 식염수만을 투여한 대조군 동물은 상기 시험 동물의 유해성을 측정할 수 있는 표준이 된다. 다른 동물 모델로는 문헌 [Animal and Plant Health Inspection Service, USDA, 1994년 1월 1일판 § § 113.69 - 113.70], [Panciera and Corstvet, Am. J. Vet. Res. 45:2532 - 2537], [Ames et al., Can. J. Comp. Med. 49:395 - 400 (1984)] 및 [Mukkur, Infection and Immunity 18:583 - 585 (1977)]에 기재된 것들이 포함된다. 세균 독성을 방해하는 억제제/결합제는 감염을 예방하거나, 또는 일단 감염되면 그 결과를 역전시킬 수 있다.

당업계에 공지된 임의의 면역보강제를 백신 조성물에 사용할 수 있으며, 여기에는 프로인트(Freund)의 완전 면역보강제 및 프로인트의 불완전 면역보강제와 같은 오일 기재의 면역보강제, 미콜레이트 기재의 면역보강제(예를 들어, 트레할로스 디미콜레이트), 세균성 리포폴리사카라이드(LPS), 펩티도글리칸류(예를 들어, 뮤레인, 뮤코펩티드 또는 N-오파카(N-Opaca), 뮤라밀 디펩티드[MDP] 또는 MDP 유사체 등의 당단백질), 프로테오글리칸류(예를 들어, 클레브시엘라 뉴모니아(*Klebsiella pneumonia*)의 추출물), 스트렙토코커스 조제(예를 들어, OK432), 바이오스팀(상표명, Biostim; 예를 들어, 01K2), EP 제109 942호, EP 제180 564호 및 EP 제231 039호의 "이스콕스(Iscoms)", 수산화알루미늄, 사포닌, DEAE-덱스트란, 중성 오일(예를 들어, 미글리올), 식물성 오일(예를 들어, 아라키스 오일), 리포솜, 플루로닉(등록상표, Pluronic) 폴리올, 리비(Ribi) 면역보강제 시스템(예를 들어, GB-A-2 189 141호 참조), 또는 인터루킨, 특히 세포 매개성 면역 반응을 자극하는 것들이 포함된다. 미국 특허 제4,877,612호에는 악티노마이세탈레스(*Actinomycetales*)목 내의 세균 속인 아미콜라타(*Amiccolata*)의 추출물로 이루어진 다른 면역보강제가 기재되어 있다. 추가적으로, 특허받은 면역보강제 혼합물이 시판되고 있다. 사용되는 면역보강제는 부분적으로 수용 생물에 따라 달라질 것이다. 투여하는 면역보강제의 양은 동물의 종류 및 크기에 따라 달라질 것이다. 최적 투여량은 통상적인 방법에 의해 용이하게 결정될 수 있다.

임의로 백신 조성은 제약학적 비히클, 부형제 또는 매개체로서 작용하는, 백신 상용성이며 제약상 허용되는(즉, 살균 및 무독성) 액체, 반고체 또는 고체 희석제를 포함할 수 있다. 당업계에 공지된 어떠한 희석제라도 사용할 수 있다. 희석제의 예로는 폴리옥시에틸렌 소르비탄 모노라우레이트, 스테아르산 마그네슘, 메틸하이드록시벤조에이트, 프로필하이드

록시벤조에이트, 활석, 알긴산염, 전분, 락토스, 수크로스, 텍스트로스, 소르비톨, 만니톨, 아카시아 검, 인산 칼슘, 광유, 코코아 버터 및 테오브로마(theobroma) 오일이 포함되지만 이에 제한되지는 않는다.

백신 조성물은 전달이 용이한 형태로 포장할 수 있다. 이 조성물은 캡슐, 캐플릿(caplet), 새세이(sachet), 캐세이(cachet), 젤라틴, 종이, 또는 기타 용기에 넣을 수 있다. 이들 전달 형태는 수용 생물체로의 면역원성 조성물의 유입과 상용성인 경우 및, 특히 상기 면역원성 조성물이 단위 투여 형태로 전달되는 경우에 바람직하다. 이 투여 단위는, 예를 들어 정제, 캡슐제, 좌약 또는 캐세이로 포장될 수 있다.

백신 조성물은, 예를 들어 정맥내주사, 피부내주사, 근육내주사, 유방내주사, 복강내주사 또는 피하주사에 의해; 경구투여, 설하투여, 비강투여, 항문투여, 질투여를 비롯한 임의의 통상적인 방법에 의해 면역화될 환자에 도입시킬 수 있다. 치료는 단일 투여로 이루어지거나 일정 기간에 걸친 다수 투여로 이루어질 수 있다.

또한, 본 발명은 세균 감염 및(또는) 그 관련 증상을 예방하거나 경감시키는 백신 의약 제조에 있어서 본 발명의 독성약화 세균 균주의 용도를 포함한다. 또한, 본 발명은 세균 감염 및(또는) 그 관련 증상을 예방하거나 경감시키는 의약 제조에 있어서 본 발명의 억제제의 용도를 제공한다.

본 발명은 하기 실시예에 의해 예시된다. 실시예 1은 피. 멀토시다(*P. multocida*) 돌연변이체의 제작에 대해 기술하고 있다. 실시예 2는 피. 멀토시다(*P. multocida*) 돌연변이체의 스크리닝에 관한 것이다. 실시예 3은 피. 멀토시다(*P. multocida*) 돌연변이체의 독성을 측정하는 방법을 다루고 있다. 실시예 4는 피. 멀토시다(*P. multocida*) 독성 유전자의 클로닝에 대해 기술하고 있다. 실시예 5는 피. 멀토시다(*P. multocida*) 독성 유전자에 관련된 다른 종의 유전자들에 대한 확인을 다루고 있다. 실시예 6은 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*) 돌연변이체의 제작에 대해 기술하고 있다. 실시예 7은 독성약화 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*) 돌연변이체의 스크리닝을 다루고 있다. 실시예 8은 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*) 독성 유전자의 확인에 관한 것이다. 실시예 9는 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*) 돌연변이체 및 야생형 세균의 경쟁 감염을 기술하고 있다. 실시예 10은 확인된 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*) 유전자를 특성화하고 있다. 실시예 11은 야생형 세균 감염을 예방하기 위한 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*) 변종의 효능을 다루고 있다.

실시예

< 실시예 1 > : 태그 - 트랜스포손 피. 멀토시다(*P. multocida*) 돌연변이체 라이브러리의 제작

피. 멀토시다(*P. multocida*)에서 작용하며 랜덤한 것으로 이미 입증된[Lee et al., Vet Microbiol. 50:143 - 8 (1996)] 모 벡터 pLOF/Km [Herrero et al., J. Bacteriol. 172:6557 - 67 (1990)]에서 태그 - 트랜스포손 돌연변이체의 라이브러리를 제작하였다. 플라스미드 pLOF/Km은 자살 벡터인 pGP704를 변형하여 Tac 프로모터 조절하의 트랜스포자제(transposase) 유전자 및 카나마이신 내성을 코딩하는 미니 - Tn10 전위성 인자(transposable element)를 포함하도록 제작하였다. 하기와 같이 세미 - 랜덤 [NK]₃₅ 서열을 포함하는 서열 태그를 수용하도록 pLOK/Km을 변형하여 플라스미드 pTEF - 1을 제작하였다.

먼저 플라스미드 pLOF/Km을 변형하여 다중 클로닝 영역내의 유일한KpnI 제한 부위를 제거한 다음, 미니 - Tn10 영역 내에 새로운KpnI 부위를 도입하였다. 플라스미드를KpnI로 절단하고, 생성된 돌출 말단을 제조자가 제안하는 프로토콜에 따라 클레나우(Klenow) 중합효소로 채워넣었다. 본원에 설명된 제한효소 절단 및 라이게이션은 제조자가 제안하는 프로토콜(Gibco BRL, Gaithersburg, MD 및 Boehringer Mannheim, Indianapolis, IN)에 따라 수행하였다. 평할 말단 생성물을 셀프 - 라이게이션하여 pLOF/Km - KpnI로 명명되는 플라스미드를 생성시키고, 증폭을 위해 대장균(E. coli) DH5 α : λ pir내에 형질전환시켰다. 대장균 DH5 α : λ pir Φ 80dlacZ Δ M15, recA1, endA1, gyrA96, thi - 1, hsdR17(r_k⁻, m_k, supE44, relA1, deoR, Δ (lacZYA - argF)U169를 37°C에서 루리아 - 베르타니(Luria - Bertani, LB) 배지에서 증식시켰다. 퀴아젠, 인크(QIAGEN, Inc, Santa Clarita, CA)사로부터 구입한 퀴아젠 스피프랩(QIAGEN SpinPreps)을 사용하여 플라스미드를 제조하고, 미니 - Tn10 전위성 인자내의 소정의 유니크 부위를 자르는 SfiI로 절단하였다. 올리고뉴클레오티드 TEF1(서열 86)과 TEF3(서열 87)을 어닐링하여SfiI - KpnI - SfiI 어댑터를 제조하고, 생성된 이중 가닥 어댑터를SfiI 부위에 라이게이션하여 플라스미드 pTEF - 1을 생성시켰다. 올리고뉴클레오티드 TEF1 및 TEF3(및 본원에 기재된 모든 다른 올리고뉴클레오티드)은 제노시스 바이오테크놀로지(Genosys Biotechnologies, The Woodlands, TX)사에서 합성하였다.

TEF1 5' - AGGCCGGTACCGGCCGCCT (서열 86)

TEF3 5' - CGGCCGGTACCGGCCTAGG (서열 87)

pTEF - 1의KpnI 부위내로의 삽입을 위한 유니크 서열 태그는 다음과 같이 제조하였다. 250 μ M의 각 dNTP, 1.5 mM Mg(OAc)₂, 프라이머 TEF14(서열 88) 및 TEF15(서열 89) 각 100 pmol, 주형 DNA로서의 TEF26(서열 90) 1 ng, 및 재조합TthDNA 중합효소 XL 2.5 유닛을 포함하는 조건하에서, 진앰프(GeneAmp) XL PCR 키트(PE Applied Biosystems, Foster City, CA)를 사용하여 이중 가닥 DNA 태그를 생성시키도록 PCR을 수행하였다.

TEF14 5' - CATGGTACCCATTCTAAC (서열 88)

TEF15 5' - CTAGGTACCTACAACCTC (서열 89)

TEF26 5' - CTAGGTACCTACAACCTCAAGCTT - [NK]₃₅ - AAGCTTGGTTAGAATGGGTACCATG (서열 90)

반응 조건에는 95°C에서 1분 동안 최초 인큐베이션한 다음, 95°C에서 30초, 45°C에서 45초 및 72°C에서 15초의 사이클을 30회 반복한 후에, 72°C에서 2분 동안 최종 인큐베이션하는 것이 포함된다.KpnI을 사용하여 PCR 산물을 절단하고, 제조자가 제안하는 프로토콜에 따라 퀴아젠 뉴클레오티드 분리 키트(QIAGEN Nucleotide Removal Kit; QIAGEN, Inc., Chatsworth, GA)를 사용하여 정제하였다. 미리KpnI로 절단하여 선형으로 만들어진 유니크 태그 서열을, 표준 방법을 이용하여 송아지 장의 알칼리 포스파타제(Boehringer - Mannheim)로 탈인산화시킨 후에 pTEF - 1의 미니 - Tn10 인자에 라이게이션하였다. 생성된 플라스미드 라이브리리를 대장균 DH5 α : λ pir내에 형질전환시켰다. 콜로니 블롯 분석은 DIG 사용자 지침서(DIG User's Guide, Boehringer - Mannheim)에 따라 하기와 같이 수행된 혼성화 및 검출과 함께 수행하였다.

혼성화는 본질적으로 제니어스 비 - 방사성 사용자 지침서(Genius Non - Radioactive User's Guide, Boehringer Mannheim Biochemicals), DIG - PCR 표지 키트의 제품 스위트(Boehringer Mannheim Biochemicals) 및 CSPD의 제품 스위트(Boehringer Mannheim Biochemicals)에 따라 수행하였다. 프로브의 제조를 위해, 앰플리택(Amplitaq) PCR 완충액(PE Applied Biosystems), 200 μ M dNTP, 프라이머 TEF5(서열 91) 및 TEF6(서열 92) 각 140 pmol, 2 mM MgCl₂, 앰플리택(PE Applied Biosystems) 2.5 유닛 및 플라스미드 DNA 1 ng을 사용하여 100 μ l의 1차 PCR 반응을 시작하였다.

TEF5 5' - TACCTACAACCTCAAGCT (서열 91)

TEF6 5' - TACCCATTCTAACCAAGC (서열 92)

사이클 조건은 95°C에서 2분 동안 최초 인큐베이션한 다음, 95°C에서 30초, 50°C에서 45초 및 72°C에서 15초의 사이클을 35회 반복한 후에, 72°C에서 3분 동안 최종 인큐베이션하는 것을 포함한다. 증폭된 생성물을 2%의 누시브(NuSieve) GTG(FMC BioProducts, Rockland, ME, USA):아가로스(3:1) 겔 상의 전기영동에 의해 분리하고, 109 bp 크기의 생성물을 절단하여 정제하였다. 겔 추출은 퀴아젠 겔 추출(QIAGEN Gel Extraction) 키트(QIAGEN)를 사용하여 수행하였다. DIG PCR Kit, 프라이머 TEF24 및 TEF25 각 50 pmol, 및 DIG 프로브 합성 혼합물(Probe Synthesis Mix)과 2 mM dNTP 원액의 1:1 혼합물을 사용하는 50 µl PCR 반응에서 1차 생성물 약 15 ng를 표지하였다.

TEF24 5' - TACCTACAACCTCAAGCTT (서열 93)

TEF25 5' - TACCCATTCTAACCAAGCTT (서열 94)

PCR 조건은 95°C에서 4분 동안 최초 인큐베이션한 다음, 95°C에서 30초, 50°C에서 45초 및 72°C에서 15초의 사이클을 25회 반복한 후에, 72°C에서 3분 동안 최종 인큐베이션하는 것을 포함한다. 표지된 PCR 생성물을 총 반응 부피 90 µl 중에서HindIII를 사용하여 절단하고, 이를 2%의 누시브 GTG(FMC BioProducts):아가로스(3:1) 겔을 사용하여 불변 프라이머 암(arm)으로부터 정제하였다. 표지된 가변 태그를 포함하는 영역을 절단하고, 전체 겔 슬라이스를 95°C에서 10분 동안 DIG 이지하이브(EasyHyb) 10 ml 중에 용해시켜 변성시켰다.

하이본드(등록상표, Hybond) - N⁺ 막(Amersham - Pharmacia Biotech)을 사용하여 도트 블롯을 제조하였다. PCR 생성물 약 30 ng를 사용하여 각각의 태그별로 표적 DNA를 96 웰 플레이트에서 제조하였다. 동 부피의 0.1 N NaOH를 가하여 샘플을 변성시키고, 각 샘플을 슬라이허 앤드 슈엘(Schleicher and Schuell)사(Keene, NH, USA)로부터 구입한 미니폴드 I (상표명, Minifold I) 도트 - 블롯 장치를 이용하여 최소 진공으로 막에 도포하였다. 중화 용액(Neutralization Solution)(0.5 M Tris / 3 M NaCl, pH 7.5) 150 µl 및 2X SSC 150 µl로 각 웰을 세척하였다. 스트라타링커(Stratalinker; Stratagene, La Jolla, CA, USA)에서 막을 UV에 의해 가교결합시키고, 42°C에서 DIG 이지하이브 완충액 20 ml 중에서 1시간 동안 예비혼성화시켰다. 변성된 프로브를 가하고, 42°C에서 밤새 혼성화를 수행하였다. 0.1% SDS를 함유하는 2X SSC 중에서 막을 5분씩 2회 세척하였다. 표준 제니어스(Genius) 검출 프로토콜(Genius Manual)을 진행하기 위해, 68°C에서 15분 동안 0.1% SDS를 함유하는 예비 - 가온된 0.1X SSC 완충액 50 ml 중에서 고 엄격 세척을 2회 수행하였다.

안전하고, 비용이 저렴하며, 사용하기 쉽고, 위험한 물질이 적은 비 - 방사성 검출 시스템을 사용하는 것이 바람직하다. 상기 기술한 것과 유사한 방법을 이용한 초기 실험[Mei et al., Mol Microbiol. 26:399 - 407 (1997)]에서는, 음성 대조군에서 허용되지 않는 수준의 배경값이 얻어졌다. 배경값을 줄이기 위해, 태그 길이를 30 bp 증가시켜 총 70 bp가 되게 하고, 가변성 영역의 인접한 모든 서열을 포함하도록 증폭 프라이머를 연장시키고, 더 낮은 농도의 dig - dUTP를 사용하였으며, 서열 태그 영역에 인접한 보존적 서열을 겔 여과에 의해 제거하였다. 가장 중요한 것으로, 트랜스포손 자체로부터 배경 혼성화를 검출한 후에, PCR을 이용하여 도트 블롯의 표적 DNA로서 태그 트랜스포손을 포함하는 전체 플라스미드가 아닌 [NK]₃₅ 서열 태그를 생성시켰다. 이러한 변형법을 이용하여 배경값을 제거함으로써, 화학발광성/비 - 방사성 스크리닝을 보다 효과적인 것으로 만들었다.

pTEF - 1과 PCR에 의해 생성된 서열 태그의 라이게이션으로부터 생성된 약 400개의 다른 형질전환체를 콜로니 블롯에 의해 스크리닝하고, 추가로 사용하기 위해 혼성화도가 가장 큰 콜로니 96개를 미세적정 플레이트에 모았다. 태그가 복제될 가능성이 매우 적긴하지만, 마스터 태그 플레이트의 절반을 다른 것에 대해 조사한 결과, 어떠한 태그도 복제되지 않았음을 확인하였다. 이러한 태그를 포함하는 플라스미드를 정제하여, 대장균 S17 - 1: λ pir(pir, recA, thi, pro, hsd, (r - m⁺), RP4 - 2, (Tc::Mu), (Km::Tn7), [TmpR], [SmR]) 내에 형질전환시키고, 형질전환된 세균을 37°C에서 루리아 - 베르타니(LB) 배지에서 증식시켰다. 태그 플라스미드 pTEF - 1을 포함하는 96개의 대장균 S17 - 1: λ pir 형질전환체 각각을 접합 교배(conjugative mating)에서 사용하여 피. 멀토시다(*P. multocida*)의 트랜스포손 돌연변이체를 생성시켰다. 피. 멀토시다(*P. multocida*) 균주 TF5는 소의 임상 단리체인 UC6731로부터 유도되는 자발적 날리딕신산 내성 돌연변이체이다. 평판 배양하는 경우, 피. 멀토시다(*P. multocida*) 균주를 37°C, 5% CO₂에서 뇌 심장 주입액(BHI) 배지(Difco Laboratories, Detroit, MI, USA)에서 배양시켰다. 대장균 S17 - 1: λ pir/pTEF1:[NK] 35 클론 및 TF5 균주 각각을 후기 로그기까지 배양하여 교배를 시작하였다. 각 태그 - pTEF - 1 클론의 배양물 50 μ l를 TF5 배양물 200 μ l와 혼합하고, 각각의 교배 혼합물 50 μ l를 100 mM IPTG 및 10 mM MgSO₄를 함유하는 BHI 플레이트 상에 놓인 0.22 μ m 필터에 스폿팅하였다. 37°C, 5% CO₂에서 밤새 인큐베이션한 다음, 각 필터 상의 교배 혼합물을 PBS 3 ml로 세척해내어, 각 25 μ l를 BHIN⁵⁰ K⁵⁰ 플레이트 상에 플레이팅하였다. 선별을 위해 밤새 배양한 다음, 콜로니를 이주시개로 200 μ l BHIN⁵⁰ K⁵⁰에 옮겨서 미세적정 플레이트에 모으고, 미세적정 플레이트내의 각 웰이 동일한 서열 태그를 갖는 트랜스포손 돌연변이체를 항상 포함하도록 하였다. 밤새 배양한 다음, 75% 글리세롤 50 μ l를 각 웰에 가하고, 플레이트를 -80°C에서 동결보관하였다.

19개의 풀을 모아서 트랜스포손 돌연변이체를 미세적정 플레이트에 옮김으로써 각 웰이 각 웰마다 적합한 태그를 갖는 트랜스포손 돌연변이체를 포함하도록 하였다. 즉, 돌연변이체내의 트랜스포손의 위치가 다를지라도, 각 미세적정 플레이트내의 특정 웰은 동일한 서열 태그를 갖는 트랜스포손 돌연변이체를 항상 포함하였다.

< 실시예 2 > : 독성약화 피. 멀토시다(*P. multocida*) 돌연변이체에 대한 쥐과 스크리닝

패혈증 쥐과 모델을 사용하여 파스테우렐라 멀토시다(*Pasteurella multocida*) 트랜스포손 돌연변이체로 구성되는 19개의 풀을 스크리닝하였다. 모아진 피. 멀토시다(*P. multocida*) 트랜스포손 돌연변이체의 동결된 플레이트를 -80°C의 보관소에서 꺼내어, 각 웰로부터 10 μ l를 날리딕신산(Sigma) 50 μ g/ml 및 카나마이신(Sigma) 50 μ g/ml를 함유하는 뇌 심장 주입액(DIFCO, BHIN⁵⁰ K⁵⁰) 200 μ l가 들어있는 새로운 96 웰 둥근 바닥 플레이트(Corning Costar, Cambridge, MA, USA)에 옮겨서 2차배양하였다. 플레이트를 진탕하지 않으면서 37°C, 5% CO₂에서 밤새 배양하였다. 각 웰로부터 10 μ l를 웰 당 BHI 100 μ l를 함유하는 새로운 평면 바닥 96 - 웰 플레이트(Corning Costar)에 옮기고, 대략 150 rpm으로 진탕하면서 37°C에서 배양함으로써 밤새 배양한 플레이트를 2차배양하였다. 미세적정 플레이트 판독기를 사용하여 OD₅₄₀ 값을 모니터링하였다. 약 0.2 내지 0.25의 OD₅₄₀에서, 미세적정 플레이트의 웰로부터 각각 100 μ l를 합하여 각 플레이트를 모음으로써 "유입 풀(input pool)"을 형성하였다. 배양물을 BHI 중에 약 10⁴, 10⁵, 10⁶ CFU/ml의 투여량으로 대략적으로 희석시키고, 각 희석액 0.2 ml를 사용하여 복강내 투여에 의해 체중이 14 g 내지 16 g인 암컷 BALB/c 생쥐를 감염시켰다. 감염 후 2일째, 생존한 생쥐 1 마리 또는 2마리를 안락사시키고, 비장을 적출하였다. 비장 전체를 0.9%의 멸균된 식염수 1.0 ml 중에 균질화하였다. 10⁻² 내지 10⁻⁵의 균질 희석액을 제조하여 BHIN⁵⁰ K⁵⁰ 플레이트 상에 플레이팅하였다. 밤새 배양한 다음, 대략 20,000개의 콜로니를 BHI 브로쓰 10 ml 중에 모아서 "회수 풀"을 형성시키고, 회수 풀 0.5 ml를 3,500 X g에서 원심분리하여, 형성된 펠릿을 사용하여 선행 기술 문헌[Wilson, In F.M. Ausubel et al., (ed.), Current Protocols in Molecular Biology, vol.1. John Wiley and Sons, New York, p. 2.4.1 - 2.4.5. (1997)]에 기재된 프로토콜에 따라 게놈 DNA를 제조하였다.

독성 야생형 피. 멀토시다(*P. multocida*)를 사용한 초기의 실험 결과는 이 생물체를 비장, 폐, 신장, 및 간(패혈증 감염 모델을 실제적으로 나타냄)으로부터 회수할 수 있음을 암시한다. "유입" 및 "회수" 풀 둘 다에 대한 도트 블롯을 실시예 1에 설명된 바와 같이 수행하고, 시각적 검사와 반 - 정량적 분석에 의해 평가하였다. 유입 및 회수 풀로부터의 게놈 DNA 5 μ g를 주형으로 사용한 점을 제외하고, 실시예 1에 설명된 바와 같이 혼성화를 수행하였다. 반 - 정량적 분석은 단일 클론이 상당히 감소되었는지 여부를 나타낸다. 돌연변이체가 숙주내에서 생존할 수 없다면, 회수 신호는 유입 신호에 비해 매우 낮아서, 유입/회수 비율은 높아지게 된다. 대부분의 돌연변이체는 시험관내에서 만큼 생체내에서도 잘 증식할 것이기 때문에, 이러한 신호들의 비율은 대략 1이 된다. 정량 분석에 의해 회수 풀에서 상당히 감소된 것으로 나타난 선별 클론을 후속 연구를 위해 선별하였다. 또한, 도트 블롯으로부터 얻은 필름을 시각적으로 평가한 다음, 의심되는 유입/회수 비를 갖는 다른 클론도 선별하였다.

< 실시예 3> : 피. 멀토시다(*P. multocida*) 후보 돌연변이체에 대한 독성 측정

비장 조직으로부터 감소된 회수율을 나타내는 각각의 잠재적인 돌연변이체를 원래의 풀 플레이트로부터 분리하여, 트랜스포손 돌연변이에 의해 유발되는 독성약화를 조사하고 대략적으로 평가하기 위한 면역성 실험에 개별적으로 사용하였다. 생체내 스크리닝으로부터의 각 후보 돌연변이체를 37°C, 5% CO₂ 에서 양 혈액 아가(Sheep Blood Agar) 플레이트 상에서 밤새 배양하였다. 각 돌연변이체로 구성되는 대략 6개의 콜로니를 BHI 배지에 접종하고, 6시간 동안 배양하였다. 희석액을 제조하고, 생쥐 5마리를 상기 설명한 바와 같이 10², 10³, 10⁴ 및 10⁵ CFU로 각각 감염시켰다. 6일 후에, 사망률을 야생형의 것과 비교하여 독성약화를 측정하였다. 생존한 생쥐는 보호된 것으로 추정하였으며, 이어서 야생형 피. 멀토시다(*P. multocida*)를 야생형 균주에 대한 LD₅₀ 보다 대략 200배를 초과하는 농도의 투여량으로 시험하였다. 이어서, 시험된 각 생쥐 군에 대한 생존률을 측정하였다.

실험 결과, 잠재적인 트랜스포손 돌연변이체 120개 중 62개의 독성이 약화되었고, LD₅₀ 은 야생형 균주보다 대략 10 배 이상 더 높은 것으로 나타났다. 클론 및 이들의 대략적인 LD₅₀ 값은 하기 표 1에 기재되어 있다. 야생형 균주와의 대조 실험은 각 시험 세트와 동시에 수행하였고, 모든 경우에서 야생형 - 시험 군의 사망률은 100%이었다.

LD₅₀ 값 이외에도, 표 1은 면역화 및 면역성 실험으로부터의 타이타를 제공한다. 요컨대, 표 1에 나타난 각각의 피. 멀토시다(*P. multocida*) 균주를 독성 야생형 균주의 LD₅₀ 보다 대략 200배를 초과하는 투여량으로 복강내 주입하여 일군의 생쥐(개체수는 5 내지 10마리임)를 면역화하였다.

피. 멀토시다 독성 유전자

뉴클레오타이드 서열 번호	대표적 단리체	가능한 유전자 기능	백신접종 # 생존수/총	감염 # 생존수/총	LD ₅₀
-	야생형	-	0/10	-	<10
23	PM1B1	guaB	10/10, 10/10, 10/10	9/10, 9/10	4.3 x 10 ⁶
11	PM1D1	dsbB	10/10, 5/10	10/10, 5/5	8.4 x 10 ⁴
3	PM1BD7	atpG	5/5, 10/10	10/10	>3 x 10 ⁵
74	PM1BE11	yhcJ (HI145)	10/10	5/10	>2 x 10 ⁵
70	PM1BF6	yabK (HI1020)	3/5, 8/10	9/9	>2 x 10 ⁵
19	PM2G8	fhaC	4/5, 9/10	9/9	>4 x 10 ⁵

뉴클레오타이드 서열 번호	대표적 단리체	가능한 유전자 기능	백신접종 # 생존수/총	감염 # 생존수/총	LD ₅₀
76	PM3C9	viaO (HI0146)	3/5		>6 x 10 ⁵
118	PM3G11	UnkO	4/5, 10/10	10/10	>3 x 10 ⁵
31	PM7B4	iroA (UnkB)	0/5		
17	PM4C6	fhaB (fhaB2)	2/5, 10/10, 9/10	10/10, 9/9	>3 x 10 ⁶
9	PM4G10-T9	dnaA	4/5		>5 x 10 ⁵
1	PM4D5-T5	atpB	5/5		>4 x 10 ⁵
53	PM4D5-T1	UnkC2	5/5		>4 x 10 ⁵
15	PM4F2	fhaB (fhaB1)	3/5, 6/10, 10/10	6/6, 10/10	>3 x 10 ⁵
41	PM5F7	mreB	4/5		1 x 10 ³
7	PM5E2	devB	0/5, 3/10	2/3	?
68	PM6H5-T1	xylA	5/5		>3 x 10 ⁵
78	PM6H8	yigF (HI0719)	5/5, 9/10	9/9	>3 x 10 ⁵
108	PM7D12	pnp	5/5, 9/10	9/9	
51	PM8C1R1-T2	UnkC1	5/5		~6 x 10 ⁵
37	PM8C1-T3	mgIB	5/5		~6 x 10 ⁵
58	PM8C1R1-T6	UnkD1	5/5		~6 x 10 ⁵
45	PM10H7	purF (HI1207)	3/5, 8/10, 8/10	8/8, 8/8	>3 x 10 ⁵
25	PM10H10-T2	HI1501	5/5		>1 x 10 ⁴
72	PM11G8-T2	ygiK	5/5		>2.4 x 10 ³
21	PM11G8-T4	greA	5/5		>2.4 x 10 ³
84	PM12H6	yyam (HI0687)	3/5, 0/10		~2.2 x 10 ³
33	PM15G8-T2	kdtB	5/5		>1.2 x 10 ⁵
116	PM15G8-T1	UnkK	5/5		>1.2 x 10 ⁵
104	PM16G11-T1	hmbR	3/5		>1.9 x 10 ⁵
29	PM16G11-T2	hxcC	3/5		>1.9 x 10 ⁵
35	PM16H8	lgtC	5/5, 10/10	10/10	>2.4 x 10 ⁵
80	PM16H3	yleA (HI0019)	5/5, 10/10		> 2.0 x 10 ⁵
49	PM17H6-T1	sopE	4/5		~6 x 10 ⁵
120	PM17H6	UnkP	4/5		~6 x 10 ⁵
5	PM18F5-T8	cap5E	5/5		>2.4 x 10 ⁵
82	PM18F5-T10	yojB (HI0345)	5/5		>2.4 x 10 ⁵
13	PM19A1	exbB	5/5, 10/10	10/10	>1.2 x 10 ⁵
112	PM19D4	rci	5/5, 8/10	8/8	~1.6 x 10 ⁵
39	PM20A12	mioC (HI0669)	3/5, 8/10	8/8	~2 x 10 ⁴
60	PM20C2	UnkD2	5/5, 10/10	10/10	>8.2 x 10 ⁶

< 실시예 4> : 피. 멀토시다(P. multocida) 독성에 요구되는 유전자의 클로닝 및 확인

독성이 약화된 것으로 확인된 각 트랜스포손 돌연변이체를 추가로 분석하여 손상된 오픈 리딩 프레임의 동일성 여부를 결정하였다. 각 돌연변이체로부터의 DNA를 증폭 및 정제하고, 트랜스포손을 자르지는 않는 것으로 알려져 있으며 트랜스포손과 혼성화하는 4 내지 8 kb 크기의 단편을 일반적으로 생성하는 제한 효소로 절단하였다. 트랜스포손에 의해 코딩되는 카나마이신 내성에 대한 선별법을 이용하여, 각 트랜스포손 돌연변이체에 대해 하나 이상의 단편을 클로닝하였다.

pLOF/Km으로부터의 표지된 1.8 kb MluI 단편을 클로닝에 적합한 크기의 단편을 찾아내는 프로브로 사용하여, 독성이 약화된 각 돌연변이체에 대해 여러 제한 효소를 사용하는 써던 혼성화를 수행하였다. 각 돌연변이체로부터의 미니-Tn10 인자 및 인접 DNA를 pUC19에 클로닝하고, 내부 프라이머 TEF32 및 TEF40, 프라이머 워킹 및, 경우에 따라, 범용 pUC-19 프라이머를 사용하여 인접 서열을 결정하였다.

TEF - 32 GGCAGAGCATTACGCTGAC (서열 95)

TEF - 40 GTACCGGCCAGGCGGCCACGCGTATTC (서열 96)

PE 어플라이드 바이오시스템스(PE Applied Biosystems; Foster City, CA)사로부터 구입한 빅다이(상표명, BigDye) 다이 터미네이터 케미스트리(Dye Terminator Chemistry) 키트를 사용하여 ABI 프리즘(Prism) 377 DNA 서열 분석기로 서열분석 반응을 수행하였다. 추정의 손상된 오픈 리딩 프레임에 대한 이중 가닥 서열을 각 클론에 대하여 수득하였다. 시퀀서(Sequencer) 3.0 소프트웨어 (Genecodes, Corp., Ann Arbor, MI)를 사용하여 서열 데이터를 수집 및 분석하였다. GCG 프로그램[Devereux et al., 1997, Wisconsin Package Version 9.9, 9.0 ed. Genetics Computer Group, Inc., Madison]을 사용하여 현재 이용가능한 데이터베이스에서 상동성 서열을 검색하였다.

독성이 약화된 것으로 확인된 클론의 37%에서, 미니-Tn10 전위성 인자가 여러번 삽입되어 있었다. 그의 인접 서열과 함께 각 삽입체를 각각 pGP704에 클로닝하고, 야생형 균주와 교배하여 피. 멀토시다(*P. multocida*)의 신규 돌연변이체를 생성시켰으며, 이들은 각각 원래의 여러 삽입체 중 하나만을 보유하였다. 각 돌연변이체를 각각 재시험하여 독성 약화 형질의 원인이 되는 삽입체를 결정하였다. 손상된 예상 오픈 리딩 프레임의 뉴클레오티드 서열은 양쪽 가닥을 서열분석하여 결정하였고, 예상 아미노산 서열을 사용하여 현재 이용가능한 데이터베이스에서 유사한 서열을 검색하였다. 이 서열은 공지 유전자, 비공지 유전자, 및 이미 서열이 분석된 이론상의 오픈 리딩 프레임과 매치되거나 기존에 확인된 어떠한 서열과도 매치되지 않았다. 기존에 확인된 서열과 상동성을 갖는 유전자의 경우, 잠재적 기능은 표 1에 기재되어 있는 바와 같이 지정하였다.

< 실시예 5> : 다른 종에서 관련 유전자의 확인

별도의 실험에서, 악티노바실러스 플레우로뉴모니아(*Actinobacillus pleuropneumoniae*(APP))를 사용하여 STM을 수행하였다. App 균주 중 하나가 서열분석된 유전자(서열 97)내에 삽입체를 포함하였으며, 이는 피. 멀토시다(*P. multocida*) aptG 유전자의 종 동족체인 것으로 밝혀졌다. 이 결과는 또한 백신 조성물에 사용하기 위해 독성약화된 다른 세균 종의 균주를 생성하도록 돌연변이시킬 수도 있는, 종래에는 알려져 있지 않은 피. 멀토시다(*P. multocida*)에 대한 동족체가 다른 세균에 존재할 수 있음을 시사하였다. 다른 피. 멀토시다(*P. multocida*) 유전자의 동족체가 다른 세균 종내에 존재하는지를 결정하기 위해, 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*) atpG 유전자를 프로브로 사용하여 다른 종으로부터의 게놈 DNA 상에서 써던 혼성화를 수행하였다.

CTAB 방법을 이용하여 악티노바실러스 플레우로뉴모니아(*Actinobacillus pleuropneumoniae*), 파스테우렐라 헤몰리티카(*Pasteurella haemolytica*(Ph)), 피. 멀토시다(*P. multocida*), 및 헤모필러스 솜너스(*Haemophilus somnus*(Hs)) 게놈 DNA를 분리하고, 37°C에서 2시간 동안 EcoRI 및 HindIII로 절단하였다. 절단된 DNA는 TAE 완충액 중 0.7% 아가로스 겔 상에서 40 V의 전압으로 밤새 분리하였다. 겔을 0.1 M HCl에서 30분 동안, 0.5 M NaOH/1.5 M NaCl에서 15분씩 2회, 2.5 M NaCl/1 M Tris(pH 7.5)에서 2회 순차적으로 액침시켰다. 20X SSC 완충액(3 M NaCl/0.3 M 시트르산나트륨)을 사용하여 DNA를 니트로셀룰로스 막(Amersham Hybond N⁺)에 밤새 전달하였다. UV 스트라타링커를 자동가교 세팅(20 밀리줄)으로 사용하여 DNA를 막에 가교결합시켰다. 막을 5X SSC/1% 차폐 용액/0.1% 나트륨 라우로일 사르코신/0.02% SDS 중에서 50°C로 대략 7시간 동안 예비혼성화시키고, PCR에 의해 생성된 atgG 프로브를 포함하는 동일한 용액 중에서 50°C로 밤새 혼성화시켰다.

진앰프 PCR 시스템 2400의 진앰프 XL PCR 키트에서 프라이머 DEL - 1389(서열 98) 및 TEF - 46(서열 99)을 사용하여 프로브를 제조하였다. 주형은 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*) DNA이었다.

DEL - 1389 TCTCCATTCCCTTGCTGCGGCAGGG (서열 98)

TEF - 46 GGAATTACAGCCGGATCCGGG (서열 99)

94°C에서 5분 동안의 최초 가열 단계 이후에, 94°C에서 30초 동안의 변성, 50°C에서 30초 동안 어닐링, 72°C에서 3분 동안 합성의 사이클을 30회 반복한 다음, 및 72°C에서 5분 동안의 최종 합성 단계로 PCR을 수행하였다. 증폭 생성물을 아가로스 겔 상에서 분리하고, 퀴아퀵(QIAquick) 겔 정제 키트(QIAGEN)를 사용하여 정제하고, DIG - 하이 프라이머 (DIG - High Primer) 키트(Boehringer Mannheim)를 사용하여 표지하였다. 혼성화 용액에서 블롯을 꺼내어 2X SSC로 세정하고, 동일한 완충액 중에서 5분씩 2회 세척하였다. 이어서, 블롯을 0.5X SSC 중에서 60°C로 15분씩 2회 세척하였다. DIG 핵산 검출 키트(Boehringer Mannheim)를 사용하여 상동성 밴드를 가시화하였다.

EcoRI에 의해 절단된 DNA를 사용하여 파스테우렐라 헤몰리티카(*Pasteurella haemolytica*) 및 헤모필러스 솜너스(*Haemophilus somnus*) 및 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*)에서 하나의 밴드를 검출하였다. EcoRI에 의해 절단된 DNA를 사용하여 파스테우렐라 멀토시다로부터 2개의 밴드를 검출하였다.

< 실시예 6 > : 태그 - 트랜스포손 피. 멀토시다(*P. multocida*) 돌연변이체의 라이브러리 제작

pLOF/Km을 사용한 트랜스포손 돌연변이 유발이 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*)에서 작용성이며, 랜덤하다라는 사실은 이미 보고된 바 있다[Tascon et al., J. Bacteriol. 175:5717 - 22(1993)]. 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*)의 태그 트랜스포손 돌연변이체를 제작하기 위해, 예비 - 선별된 태그 플라스미드(pTEF - 1:[NK]₃₅)를 포함하는 96개의 대장균 S17 - 1:λ pir 형질전환체 각각을 접합 교배에서 사용하여 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*) 균주 AP225의 트랜스포손 돌연변이체인, 생체내 계대배양된 ATCC 27088 균주로부터 유도된 혈청형 1의 자연발생 날리딕신산 내성 돌연변이체를 생성시켰다. 평판배양하는 경우, 에이. 플레우로뉴모니아 균주를 37°C, 5% CO₂에서 B - 니코틴아미드 아데닌 디뉴클레오티드(V¹⁰) (Sigma, St.Louis, Missouri) 10 µg/ml이 들어있는 뇌 심장 주입액(BHI) (Difco Laboratories, Detroit, MI) 배지에서 배양하였다. 대장균 S17 - 1:λ pir (λ pir, recA, thi, pro, hsdR(r_k -, m_k +), RP4 - 2, (Tc^R::Mu), (Km^R::Tn7), [Tmp^R], [Sm^R])를 37°C에서 루리아 - 베르타니(LB) 배지에서 증식시켰다. 필요하다면 암피실린(Sigma) 100 µg/ml, 날리딕신산(N⁵⁰) (Sigma) 50 µg/ml 및 카나마이신(Sigma) 50 (K⁵⁰) 또는 100 (K¹⁰⁰) µg/ml의 농도로 항생제를 사용하였다.

대장균 S17 - 1:λ pir/pTEF1:[NK]₃₅ 클론 및 AP225 균주를 각각 후기 로그기까지 배양하여 교배를 시작하였다. 태그 - pTEF1 클론 각각에 대해 배양물 분취액 50 µl를 AP225 배양액 150 µl와 혼합한 다음, 각 교배 혼합물 50 µl를, 100 µM IPTG 및 10 mM MgSO₄를 함유하는 BHIV¹⁰ 플레이트 상에 놓인 0.22 µM 필터에 스폿팅하였다. 37°C, 5% CO₂에서 밤새 배양한 다음, 각 필터 상의 교배 혼합물을 PBS 2 ml로 세척해내고, 200 µl를 BHIV¹⁰ N⁵⁰ K¹⁰⁰ 플레이트 상에 플레이팅하였다. 선별을 위해 밤새 배양한 다음, 콜로니를 이쭉시개로 200 µl BHIV¹⁰ N⁵⁰ K¹⁰⁰에 옮겨서 미세적정 플레이트에 모으고, 미세적정 플레이트내의 각 웰이 동일한 서열 태그를 갖는 트랜스포손 돌연변이체를 항상 포함하도록 하였다. 밤새 배양한 다음, 75% 글리세롤 50 µl를 각 웰에 가하고, 플레이트를 -80°C에서 동결보관하였다.

피. 멀토시다(*P. multocida*)와는 달리, APP는 미니 - Tn10 인자의 다중 삽입체에 대해 많은 편향성을 갖지 않는 것으로 보인다. 돌연변이체의 대략 3% 만이 다중 삽입체를 포함하고 있으며, 이는 기존에 보고된 4%와 일치하는 것이다[Tascon et al., J Bacteriol. 175:5717 - 22 (1993)]. APP에서의 문제는 23S RNA 영역내에 삽입체를 포함하는 많은 돌연변이체(13개의 유니크 부위내에 삽입체를 갖는 총 28개의 돌연변이체)를 확인하는 것이다. 이는, 23S RNA가 주된 삽입 부위를 포함하며, APP의 배양은 이러한 삽입체에 의한 영향으로 숙주내에서 차별적으로 생존할 수 있게 됨을 암시한다. APP 23S RNA 프로브를 사용한 서던 블롯 분석 결과는 APP가, 에이치. 인플루엔자(*H. influenzae*)에서 5개의 완전한 오페론[Fleischmann et al., Science 269:496 - 512 (1995)] 및 대장균에서 7개의 완전한 오페론[Blattner et al., Science 277:1453 - 1474 (1997)]에 비해 단지 3개의 리보솜계 오페론을 포함할 수 있음을 시사한다. 상당수의 클론이 이러한 rRNA내에 삽입체를 포함하고, 다른 유니크 독성약화 돌연변이를 얻기 위해 대용량 스크리닝이 필수적이기 때문에, 이 부위 선호도 및 성장률에 대한 그의 효과는 " 포화 돌연변이유발"에 대한 상당한 장애가 될 수 있다.

< 실시예 7 > : 독성약화 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*) 돌연변이체에 대한 돼지 스크리닝

돼지 기관내 감염 모델을 이용하여, 대략 총 800개의 돌연변이체를 함유하는 에이. 플레우로뉴모니아의 풀 20개를 스크리닝하였다. 각 풀을 별개의 동물 2종에서 스크리닝하였다.

모든 약티노바실러스 플레우로뉴모니아 트랜스포손 돌연변이체의 동결된 플레이트를 -80°C 저장기에서 꺼내고 $20\ \mu\text{l}$ 를 각 웰로부터 BHIV¹⁰ N⁵⁰ K⁵⁰ 180 μl 가 들어있는 새로운 96웰 둥근 바닥 플레이트 (Corning Costar, Cambridge, MA, USA)로 옮겨서 2차배양하였다. 플레이트를 진탕하지 않고 37°C , 5% CO₂에서 밤새 배양하였다. 그 다음으로, 10 μl 를 각 웰로부터 웰당 100 μl 의 BHIV¹⁰ 이 함유된 새로운 평면 바닥 96웰 플레이트(Corning Costar)에 옮기고, 150 rpm으로 진탕하면서 37°C 에서 배양함으로써 밤새 배양한 플레이트를 2차배양하였다. 미세적정 플레이트 판독기를 이용하여 OD₅₆₂를 모니터링하였다. 약 0.2 내지 0.25의 OD₅₆₂에서 미세적정 플레이트의 웰 각각으로부터 100 μl 를 합하여 각 플레이트를 모음으로써 "유입 풀"을 형성하였다. 배양물을 대략 2×10^6 CFU/ml까지 BHI에서 적절하게 희석하였다. 기관 튜브를 사용하는 기관내 투여에 의해 10 - 20 kg의 SPF 돼지(Whiteshire - Hamroc, Albion, I N)를 감염시키기 위해 희석된 각 풀을 4.0 ml씩 사용하였다. 감염 후 대략 20시간에 모든 생존 동물을 안락사시키고 폐를 적출하였다. 150 ml의 멸균 PBS를 폐에 관주한 후 마사지하여 PBS를 분산시킴으로써 세척을 수행하여 생존 세균을 회수하였다. 세척액을 회수하고, 이 과정을 한번 더 반복하였다. 세척액을 450 x g에서 10분 동안 원심분리하여 큰 찌꺼기(debris)를 분리하였다. 그 다음으로, 상청액을 2,800 x g에서 원심분리하여 세균 펠릿을 얻었다. 펠릿을 5 ml의 BHI에 재현탁하고 10^{-2} 내지 10^{-5} 로 희석하여 BHIV¹⁰ N⁵⁰ K⁵⁰ 플레이트 상에 플레이팅하였다. 밤새 배양한 후, 100,000개 이상의 콜로니를 10 ml의 BHI 배지에 모아 "회수 풀"을 형성하였다. 각 회수 풀에서 0.7 ml의 분취액을 사용하여 CTAB 방법 [Wilson, In Ausubel et al., (eds.), Current Protocols in Molecular Biology, vol. 1. John Wiley and Sons, New York, p. 2.4.1 - 2.4.5 (1997)]에 의해 게놈 DNA를 제조하였다.

동물로부터의 회수물은 통상 폐 세척액으로부터 10^8 CFU 범위내이었다.

도트 블롯을 수행하고, 상기와 같이 시각적 검사 및 반 - 정량적 분석에 의해 평가하였다. 모든 혼성화 및 검출은 상기와 같이 수행하였다. 요컨대, 1차 PCR 증폭 후 원하는 생성물을 아가로스 겔 정제하고 dig - dUTP를 혼입하는 2차 PCR 증폭에 의해 프로브를 제조하였다. TEF5, TEF6, TEF24, TEF25, TEF48 및 TEF62를 비롯한 올리고뉴클레오타이드를 제노시스 바이오테크놀로지(Genosys Biotechnology; The Woodlands, TX)에서 합성하였다. 또한, 프라이머 TEF69, TEF65 및 TEF66을 역 PCR 반응 및 서열분석에 사용하였다.

TEF69 GACGTTTCCCGTTGAATATGGCTC (서열 166)

TEF65 GCCGGATCCGGGATCATATGACAAGA (서열 167)

TEF66 GACAAGATGTGTATCCACCTTAAC (서열 168)

그 다음으로, 표지된 PCR 산물을 HindIII로 절단하여 유니크 태그 영역으로부터 불변 프라이머 암(arm)을 분리하였다. 표지된 가변 태그를 포함하는 영역을 절단한 후 전체 겔 슬라이스를 DIG 이지하이드 중에 용해시켜 변성시켰다. 도트 블롯을 수행하고 표준 CSPD 검출 프로토콜을 이용하여 검출하였다. 시각 평가를 위해 필름을 노출시키고, 각 도트 블롯 샘플에 대해 초당 발광 계수 (LCPS)를 측정하였다. 각 돌연변이체에 대한 LCPS_{유입} /LCPS_{회수} 비율을 이용하여 독성이 약화된 것일 수 있는 돌연변이체를 결정하였다.

유입 풀에는 존재하지만 회수 풀에서 매우 감소된 것으로 나타난 선별 클론을 후속 연구를 위해 선별하였다. 도트 블롯으로부터 얻은 필름을 시각적으로 평가한 후 의심스러운 유입/회수 비를 갖는 다른 클론도 선별하였다. 총 110개의 클론을 선별하였다.

< 실시예 8> : 에이. 플레우로뉴모니아 독성 유전자의 확인

역 PCR 및 생성물의 직접 서열분석에 의해 110개의 돌연변이체 각각에 대해 일부 인접 서열을 결정하였다. 상기와 같이 직접 서열분석을 위한 인접 DNA 생성물을 얻기 위해 역 PCR을 이용하였다. 서열분석 반응은 PE 어플라이드 바이오시스템사 [PE Applied Biosystems (Foster City, CA)]의 빅다이 (BigDye; 상표명) 터미네이터 케미스트리 키트를 사용하여 ABI 프리즘 377 DNA 서열분석기로 수행하였다. 시퀀처(Sequencher) 3.0 소프트웨어 (Genecodes, C

orp., Ann Arbor, MI)를 이용하여 서열 데이터를 수집 및 분석하였다. GCG 프로그램 [Devereux and Haeberli, W isconsin Package Version 9.0,9.0 ed. Genetics Computer Group, Inc., Madison (1997)]을 사용하여 현재 이용 가능한 데이터베이스에서 상동성 서열을 검색하였다.

표 2는 오픈 리딩 프레임을 결정할 수 있는 정도까지 확인된 에이. 플레우로뉴모니아 유전자를 나타낸다. 서열 번호는 뉴클레오티드 서열 뿐만 아니라 이 서열로부터 유추된 아미노산 서열에도 부여되어 있다.

[표 2]

에이. 플레우로뉴모니아 오픈 리딩 프레임			
완전한 오픈 리딩 프레임		개시코돈 부재 - 정지코돈 존재	
atpHaptGexbBOmpP5OmpP5 - 2tigfkpAhupArpmF	서열 134서열 132서열 140서열 152서열 150서	dks AdnaKHI0379	서열 136서열 138서열 144
	열 160서열 142서열 146서열 158	개시코돈 부재 - 정지코돈 부재	
개시코돈 존재 - 정지코돈 부재		pnpapvA - or 1apvA - or 2apvBapvD	서열 154서열 122서열 124서 열 126서열 130
lpdApotDyaeEapvC	서열 148서열 156서열 164서열 128	RNA 또는 비코딩 서열	
		tRNA - leutRNA - glu	서열 162서열 163

표 3 에 기재된 잠정적인 확인물 (하기 실시예 9)은 세균 데이터베이스와의 비교에 의해 선정하였다. 110개의 돌연변이체는 유니크 트랜스포손 삽입체 35개 군을 대표하였다. 유전자좌위 당 상이한 돌연변이의 수는 한 ORF내의 단일 부위에 있는 삽입체를 항상 함유하는 일부 클론부터 동일한 ORF의 다른 부위내에 있는 삽입체를 함유하는 클론까지 다양하였다. 다중 PCR 밴드의 생성 및 다중 서열 전기영동도의 발생에 의해 결정된 바, 3개의 다중 삽입체가 스크리닝된 110개의 돌연변이체에서 검출되었다.

< 실시예 9> : 야생형 APP225와 에이. 플레우로뉴모니아 돌연변이체의 경쟁 감염 (Competition Challenge)

회수된 집단에 부재하거나 매우 감소된 것으로 상기에서 확인된 유니크 독성약화 돌연변이체군 각각으로부터 대표적인 클론을 원래의 풀 플레이트로부터 단리하고 야생형 균주(AP225)와의 경쟁 감염 실험에 사용하여 트랜스포손 돌연변이에 의해 야기되는 상대적인 독성약화를 입증하였다. 돌연변이체 및 야생형 균주를 BHIV¹⁰ 에서 0.6 - 0.9의 OD₅₉₀ 까지 증식시켰다. 대략 5.0 x 10⁶ CFU의 야생형 및 돌연변이 균주 각각을 4 ml의 BHI에 가하였다. 기관 튜브로의 기관내 투여에 의해 총 4 ml의 투여량으로 10 - 20 kg의 SPF 돼지를 감염시켰다. 감염 후 대략 20시간에 모든 생존 동물을 안락사시키고 폐를 적출하였다. 상기와 같이 폐 세척을 수행하였다. BHIV¹⁰ N⁵⁰ 및 BHIV¹⁰ N⁵⁰ K¹⁰⁰ 상에서 플레이트를 계수하여 유입 배양물 및 폐 세척 샘플 둘다에서의 돌연변이체에 대한 야생형 균주의 상대적 수를 결정하였다. 경쟁 지수(CI)를 [돌연변이체 CFU /야생형 CFU] 유입 / [돌연변이체 CFU/야생형 CFU] 회수 로서 계산하였다.

35개의 잠재적 트랜스포손 돌연변이체 중 경쟁 지수(CI)가 0.2 미만인 22개는 독성이 상당히 약화되어 있었다. STM 스크리닝 결과를 기준으로 할 때 독성이 약화된 것 같지 않은 트랜스포손 돌연변이체를 양성 대조군으로서 풀 중 하나로부터 선택하였다. 이 돌연변이체의 생체내 CI는 약 0.6이었다. CI가 0.8인 이 돌연변이체에 대해 시험관내 경쟁도 수행하였다. 그 후, 2개의 페닐알라닌 tRNA 사이의 삽입을 함유하는 돌연변이체를 확인하였다.

유니크 독성약화 단일 - 삽입 돌연변이체에 대한 경쟁 지수가 표 3에 기재되어 있다. atpG, pnp, exbB 및 App 돌연변이체에 대한 경쟁 지수는 이들 돌연변이체가 야생형 균주와 효과적으로 경쟁할 수 없으므로 독성이 약화되어 있음을 의미한다.

에이. 플레우로뉴모니아 돌연변이체의 독성 및 제안된 기능

돌연변이체	유사성	추정 기능 또는 공지된 기능	C.I.
AP20A6	atpH	ATP 합성효소	.009
AP7F10	atpG	ATP 합성효소	.013
AP17C6	lpdA	디히드로리포아미드 데히드로게나제	.039
AP11E7	exbB	철 화합물의 수송	.003, .003, .006
AP3H7	potD	스퍼미딘/퓨트레신 수송	.308
AP8H6	OmpP5	어드헤신/OmpA 동족체	.184
AP18H8	OmpP5 - 2	어드헤신/OmpA 동족체	.552
AP13E9	tig	펩티딜 - 프롤릴 이소머라제	.050
AP13C2	fkpA	펩티딜 - 프롤릴 이소머라제	< .001
AP15C11	pnp	폴리뉴클레오티드 포스포릴라제	.032
AP18F12	hupA	히스톤 - 유사 단백질	.001
AP20F8	dksA	dnaK 돌연변이의 투여량 의존성 억제제	.075
AP5G4	dnaK	열 충격 단백질 - 분자 샤페론 (chaperone)	.376
AP17C9	tRNA - leu	단백질 합성 (유전자 조절?)	.059
AP5D6	tRNA - glu	단백질 합성	.055
AP18B2	rpmF	단백질 합성	.112
AP10E7	yaeA	공지되어 있지 않음	.001
AP19A5	HI0379	공지되어 있지 않음	.061
AP10C10	apvA	공지되어 있지 않음	.157
AP18F5	apvB	공지되어 있지 않음	.103
AP2A6	apvC	공지되어 있지 않음	.091
AP2C11	apvD	공지되어 있지 않음	.014

exbB 돌연변이체가 3종의 다른 동물내에서 경쟁시킬 때 0.003, 0.003 및 0.006의 CI를 나타내는 것으로 보아 CI의 정확도는 매우 높았다. 큰 동물 연구에서 어떤 경쟁을 기초로 한 독성약화를 선정하는 경쟁 지수의 용도는, 하기 실시예 11에 기재된 7종의 돌연변이체(n=8)로 돼지에서 실험한 예비 백신 접종의 결과를 기초로 더 확인하였다.

< 실시예 10> : 에이. 플레우로뉴모니아 독성 유전자의 특성 규명

확인된 에이. 플레우로뉴모니아 유전자는 4가지의 광범위한 기능성 부류, 즉 생합성 효소, 세포성 수송 성분, 세포내 조절 성분 및 비공지된 것으로 분류할 수 있다.

F₀F₁H⁺ - ATPase 복합체의 F₁ - γ 서브유닛을 코딩하는 atpG 유전자는 ATP의 생산 또는 ATP의 가수분해에 의한 양성자 전달에 작용할 수 있다. 관련된 atpG 독성약화 돌연변이체도 피. 멀토시다(P. multocida)에서 확인하였다. F₁ δ 서브유닛을 코딩하는 또다른 atp 유전자인 atpH도 확인하였다. atp 돌연변이체의 표현형으로는 비적응성 산 - 민감성 표현형 [Foster, J Bacteriol. 173: 6896 - 6902 (1991)], 살모넬라 티피무리움(Salmonella typhimurium) [Garcia del Portillo et al., Infect Immun. 61: 4489 - 4492 (1993)] 및 피. 멀토시다(P. multocida)(상기)에서 독성이 상실되는 표현형, 및 헤모필러스 인플루엔자 Rd(Haemophilus influenzaeRd) [Gwinn et al., J Bacteriol. 179: 7315 - 20 (1997)]에서의 형질전환 빈도 및 수용능력 조절 유전자의 유도 둘다가 감소되는 표현형이 포함된다.

LpdA는 피루베이트 데히드로게나제 및 2 - 옥소글루타레이트 데히드로게나제로 이루어진 효소 복합체의 성분인 디히드로리포아미드 데히드로게나제이다. 독성과의 관련성은 비공지되어 있지만, LpdA의 생성은 인간으로부터의 살균 단백질에 노출될 때 살모넬라 티피무리움에서 유도되는데, 이는 이 유도가 외막을 복구하기 위한 시도와 관련될 수 있음을 암시한다 [Qi et al., Mol Microbiol. 17: 523 - 31 (1995)].

생장 및 생존에 필요한 희귀 화합물의 수송은 생체내에서 매우 중요하다. ExbB는 두 가지 이상의 다른 방법 [Karlsson et al., Mol Microbiol. 8: 389 - 96 (1993), Karlsson et al., Mol Microbiol. 8: 379 - 88 (1993)]으로 TonB와 상호작용하는, TonB 수송 복합체 [Hantke and Zimmerman, Microbiology Letters. 49: 31 - 35 (1981)]의 일부이다. 철 획득은 병원체에 필수적이다. 본 발명에서는 APP 및 피. 멀토시다(*P. multocida*) 둘다에서의 독성약화 exbB 돌연변이체를 확인하였다. 여러 가지 TonB - 의존성 철 수용체가 다른 세균에서 확인된 바 있다 [Biswas et al., Mol. Microbiol. 24: 169 - 179 (1997), Braun, FEMS Microbiol Rev. 16: 295 - 307 (1995), Elkins et al., Infect Immun. 66: 151 - 160 (1998), Occhino et al., Mol Microbiol. 29: 1493 - 507 (1998), Stojiljkovic and Srinivasan, J Bacteriol. 179: 805 - 12 (1997)]. 에이. 플레우로뉴모니아는 철 획득을 위해 ExbB/ExbD/TonB 시스템에 의존할 가능성이 있는 2개의 트랜스페린 - 결합 단백질을 생산한다. PotD는 스퍼미딘(폴리아민)의 수송에 필요한 원형질막 주위공간의(periplasmic) 결합 단백질이다 [Kashiwagi et al., J Biol Chem. 268: 19358 - 63 (1993)]. 파스테우렐라세아(*Pasteurellaceae*)과의 또다른 구성원인 파스테우렐라 헤몰리티카(*Pasteurella haemolytica*)는 회복기 또는 외막 단백질 백신 접종된 소의 주요 면역원인 potD(Lpp38)의 동족체를 함유한다 [Pandher and Murphy, Vet Microbiol. 51: 331 - 41 (1996)]. 피. 헤몰리티카에서, PotD는 내막 및 외막 둘다와 결합하고 있는 듯하다. 선행 연구가 독성이 약화되어 있는 스트렙토코커스 뉴모니아(*Streptococcus pneumoniae*)의 potD 돌연변이체를 보였다고 하더라도 [Polissi et al., Infect. Immun. 66: 5620 - 9 (1998)], 독성 또는 보호 항체와의 관련성에 있어서 PotD의 역할은 공지되어 있지 않다.

헤모필러스 인플루엔자의 OMP P5와의 동족체를 제외하고 어드헤신 또는 독소와 같은 상대적으로 적은 "고전적 독성 인자"를 확인하였다. 에이치. 인플루엔자의 OMP P5는 OmpA 포린 단백질족과 관련된 주요 외막 단백질이다 [Munson et al., M Infect Immun. 61: 4017 - 20 (1993)]. 분류되지 않은 헤모필러스 인플루엔자의 OMP P5는 독성, 및 뮤신과 상피세포의 결합에 기여하는, 선상 구조로 발현되는 섬모 서브유닛 단백질 [Sirakova et al., Infect Immun. 62: 2002 - 20 (1994)]을 코딩하는 것으로 밝혀진 바 있다 [Miyamoto and Bakaletz, Microb Pathog. 21: 343 - 56 (1996), Reddy et al., Infect Immun. 64: 1477 - 9 (1996), Sirakova et al., Infect Immun. 62: 2002 - 20 (1994)]. OMP P5 동족체를 코딩하는 것으로 보이는 두 가지 다른 ORF를 확인한 것도 대단한 발견이었다. 헤모필러스 듀크레이(*Haemophilus ducreyi*)의 매우 유사한 두 단백질인 MOMP 및 OmpA2의 경우에도 두 가지 다른 ORF가 확인되었다. 두 ORF가 섬모의 생성에 기능적으로 관련되어 있는지, 그리고 두 ORF의 존재가 중복되거나 보충하는 기능을 나타내는 별개의 중복을 나타내는지 밝히는 것이 남아 있다. 흥미롭게도, 두 OMP P5 돌연변이체는 다른 CI값을 갖는 것으로 보이는데, 이는 단지 한 복제본에 대한 본성 및 기능성에서의 차이점을 암시한다. OMP P5는 만성 감염 동안 분자 변이를 받는 것으로 보이지만 [Duim et al., Infect Immun. 65: 1351 - 1356 (1997)], 이는 많은 유전자의 구별 발현으로 인한 "유형 변경(type switching)"이 아니라 아미노산 변화를 초래하는 점 돌연변이를 받는 한개의 유전자에 한정되는 것으로 보인다.

단백질 폴딩 효소는 원형질막 주위공간 및 세포외 단백질의 효율적인 폴딩에 중요한 보조물이고, 펩티딜-프롤릴 이성머라제 활성을 보이는 생성물을 발현하는 두 유전자, 즉 fkpA 및 tig(촉진 인자)를 확인하였다. FkpA는 FK506 - 결합 단백질족의 구성원인 원형질막 주위공간 단백질이다 [Horne and Young, Arch Microbiol. 163: 357 - 65 (1995); Missiakas et al., Mol Microbiol. 21: 871 - 84 (1996)]. FkpA는 살모넬라 티피무리움의 세포내 생존에 기여하는 것으로 밝혀진 바 있고 [Horne et al., Infect Immun. 65: 806 - 10 (1997)], 레지오넬라 뉴모필라(*Legionella pneumophila*) 동족체인 mip [Engleberg et al., Infect Immun. 57: 1263 - 1270 (1989)]는 대식세포의 독성 및 감염의 원인이다 [Cianciotto et al., J. Infect. Dis. 162: 121 - 6 (1990); Cianciotto et al., Infect. Immun. 57: 1255 - 1262 (1989)]. Tig, 즉 촉진 인자 [Crooke and Wickner, Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 84:5216 - 20 (1987), Guthrie, and Wickner, J Bacteriol. 172: 5555 - 62 (1990), Hesterkamp, and Bukau., FEBS Lett. 389: 32 - 4 (1996)]는 전형적인 FKBP 영역 [Callebaut and Mornon, FEBS Lett. 374:211 - 215 (1995)]을 포함하는 펩티딜 프롤릴 이성머라제이지만, FK506에 의해 영향받지 않는다 [Stoller et al., EMBO J. 14:4939 - 48 (1995)]. Tig는 리보솜 및 발생초기의 폴리펩티드쇄와 관련되어 있는 것으로 밝혀진 바 있다 [Hesterkamp et al., Proc Natl Acad Sci USA 93: 4437 - 41 (1996), Stoller et al., EMBO J. 14: 4939 - 48 (1995)]. 가능한 역할로는 대장균에서의 세포 분열에 대한 비공지된 영향 [Guthrie, and Wickner, J Bacteriol. 172: 5555 - 62 (1990)], 스트렙토코커스 파이오젠스(*Streptococcus pyogenes*) 시스템인 프로테이나제의 분비 및 활성화에서의 역할 [Lyon et al., EMBO J. 17: 6263 - 75 (1998)], 및 바실러스 서브틸리스(*Bacillus subtilis*)에서 기아 조건하의 생존 [Gothel et al., Biochemistry 37:13392 - 9 (1998)]이 있다.

세균성 병원체는 숙주내의 매우 다양한 환경 조건하에서 생존하기 위해 유전자 발현을 통합적으로 조절하는 많은 기작을 사용한다. mRNA 안정성에서의 차이는 원핵생물에서 유전자 발현을 조절할 수 있다 [Belasco and Higgins, *Gene* 72: 15 - 23 (1988)]. 예를 들어, *rnr* (*vacB*)는 쉬겔라 플렉스네리(*Shigella flexneri*)에서 플라스미드에 포함된 독성 유전자를 발현시키는데 필요하고 [Tobe et al., *J Bacteriol.* 174: 6359 - 67 (1992)], *RnaseR* 리보뉴클리아제를 코딩한다 [Cheng et al., *J. Biol. Chem.* 273: 14077 - 14080 (1998)]. PNP는 mRNA의 분해에 관여하는 폴리뉴클레오티드 포스포릴라제이다. 무효(null) *pnp/rnr* 돌연변이체는 치사성이므로 상기 *pnp*와 *rnr* 유전자의 기능이 중복되어 있을 가능성이 있음을 알 수 있다. 따라서, *rnr* 및 *pnp* 둘다 독성 유전자 발현의 조절에 관여할 가능성이 있다. 피. 멀토시다(*P. multocida*)의 *pnp* 돌연변이체는 패혈성 생쥐 모델 (실시예 2)에서 독성을 나타내지 않는다. 기타 *pnp*-관련 표현형으로는 바실러스 서브틸리스에서의 수용능력 결핍(competence deficiency) 및 한랭 민감성이 있다 [Wang and Bechhofer, *J Bacteriol.* 178: 2375 - 82 (1996)].

HupA는 대장균에서 HupB와 결합하여 HU 단백질을 구성하는 세균 히스톤-유사 단백질이다. *hupA* 및 *hupB* 단독 돌연변이체는 어떠한 관찰 가능한 표현형도 나타내지 않는다는 보고가 있지만 [Huisman et al., *J Bacteriol.* 171: 3704 - 12 (1989), Wada et al., *J Mol Biol.* 204: 581 - 91 (1988)], *hupA* - *hupB* 이중 돌연변이체는 한랭 민감성을 보이고 열 충격에 민감하고 많은 형태의 부위-특이적 DNA 재조합에서 차단되는 것으로 밝혀진 바 있다 [Wada et al., *J Mol Biol.* 204: 581 - 91 (1988), Wada et al., *Gene.* 76: 345 - 52 (1989)]. *hupA*가 독성에 직접적으로 관여한다는 것을 보이는 제한된 데이터가 있다 [Turner et al., *Infect Immun.* 66: 2099 - 106 (1998)]. *hupA* 독성약화의 기작은 모르는 채로 남아있다.

DnaK는 다양한 스트레스성 환경 변화에 대한 조절 반응에 관여하는, 잘 공지되어 있고 매우 보존적인 열 충격 단백질이다 [Lindquist and Craig, *Annu Rev Genet.* 22: 631 - 77 (1988)]. DnaK는 예르시니아 엔테로콜리티카(*Yersinia enterocolitica*)에서 대식세포에 의한 대식작용 후에 가장 많이 유도되는 스트레스 단백질 중 하나이기도 하고 [Yamamoto et al., *Microbiol Immunol.* 38: 295 - 300 (1994)], 브루셀라 수이스(*Brucella suis*) *dnaK* 돌연변이체는 인간 대식세포-유사 세포내에서 복제하지 못하였다 [Kohler et al., *Mol Microbiol.* 20: 701 - 12 (1996)]. 반대로, 또다른 세포내 병원체인 리스테리아 모노사이토젠스(*Listeria monocytogenes*)는 대식작용 후 *dnaK*의 유도를 보이지 않았다 [Hanawa et al., *Infect Immun.* 63: 4595 - 9 (1995)]. 비브리오 콜레라(*Vibrio cholera*)의 *dnaK* 돌연변이체는 ToxR의 생산 및 시험관내에서의 그의 조절된 독성 인자에 영향을 주지만, 생체내에서 성장된 세포로부터 유사한 결과가가 얻어지지 않았다 [Chakrabarti et al., *Infect Immun.* 67: 1025 - 1033 (1999)]. 에이. 플레우로뉴모니아 *dnaK* 돌연변이체의 CI는 여전히 양성 대조군 균주의 대략 절반이지만 대다수의 독성약화 돌연변이체보다 더 높았다.

DksA는 대장균의 *dnaK* 돌연변이체에 있어서 필라멘트성 및 온도-민감성 생장의 투여량-의존성 억제제이다 [Kang and Craig, *J Bacteriol.* 172: 2055 - 64 (1990)]. DksA에 대해 정의된 분자 기능은 현재 없지만, 상기 DksA 유전자는 닭 및 새로 부화된 병아리에서 살모넬라 티피무리움의 독성에 매우 중요한 것으로서 밝혀진 바 있다 [Turner et al., *Infect Immun.* 66: 2099 - 106 (1998)]. DksA 돌연변이체는 글루코스 또는 히스티딘이 단독 탄소원인 경우 잘 성장하지 못하지만, 글루타민 또는 글루타메이트가 단독 탄소원인 경우 잘 성장한다는 것도 관찰되었다. 이 관찰은 *dksA* 돌연변이체가 글루타메이트의 생합성에 있어서 다소 손상되어 있음을 의미할 수 있다 [Turner et al., *Infect Immun.* 66: 2099 - 106 (1998)].

단백질 합성에 작용하는 tRNA - leu, tRNA - glu 및 rpmF 유전자를 확인하였다. 단백질 합성을 제외하고, tRNA는 펩티도글리칸 합성 [Stewart et al., Nature 230: 36 - 38 (1971)], 포르피린 고리(porphyrin ring) 합성 [Jahn et al., Trends Biochem Sci. 17: 215 - 8 (1992)], 분해를 위한 단백질 표적화 [Tobias et al., Science 254: 1374 - 7 (1991)], 번역후 (post - translation) 아미노산을 단백질에 부가하는 것 [Leibowitz and Soffer, B. B. R. C. 36: 47 - 53 (1969)], 및 세균 - 진핵생물 상호작용의 매개 [Gray et al., J Bacteriol. 174: 1086 - 98 (1992), Hromockyj et al., Mol Microbiol. 6: 2113 - 24 (1992)]에 있어서 매우 다양한 기능을 한다. 보다 구체적으로, tRNA - leu는 전사 약화 [Carter et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 83: 8127 - 8131 (1986)], 슈도모나스 시린개 (*Pseudomonas syringae*)에 의한 병변 형성 [Rich and Willis, J Bacteriol. 179: 2247 - 58 (1997)], 및 병원성 대장균의 독성 [Dobrindt et al., FEMS Microbiol Lett. 162: 135 - 141 (1998), Ritter et al., Mol Microbiol. 17: 109 - 21 (1995)]과 관련되어 있다. 본 발명자들이 찾은 tRNA가 에이. 플레우로뉴모니아에 있는 tRNA - leu의 소수 종을 나타내지는 공지되어 있지 않다. 이와 관계없이, tRNA - leu가 다양한 기능 중 임의의 한 기능을 가질 수 있을 가능성이 있다. RpmF는 대장균에서 지방산 생합성 효소를 함유하는 오페론의 일부이기도 한 유전자의 산물인 리보솜 단백질이다. fab 유전자 및 rpmF의 동일한 클러스터링(clustering)이 헤모필러스 인플루엔자에서 일어난다고 하더라도 악티노바실러스 플레우로뉴모니아에서도 이러한 균주군생성이 일어나는지를 밝히기 위한 추가 연구가 필요할 것이다 [Fleischmann et al., Science 269: 496 - 512 (1995)]. fab 유전자의 발현은 rpmF의 상류로부터 발생된 전사체에 반드시 의존하지는 않는데, 이는 rpmF내에서 확인된 2차 프로모터가 있기 때문이다 [Zhang and Cronan, Jr., J Bacteriol. 180: 3295 - 303 (1998)].

독성약화 돌연변이체의 최종 클래스로는 공지된 기능이 없는 유전자 또는 이전에 밝혀진 바 없는 유전자 내에서의 돌연변이가 있다. yaeA 및 HI0379의 동족체는 이미 대장균 [Blattner et al., Science 277: 1453 - 1474 (1997)] 및 헤모필러스 인플루엔자 [Fleischmann et al., Science 269: 496 - 512 (1995)] 각각에서 밝혀진 바 있다. 남아 있는 비공지된 유전자는 악티노바실러스 플레우로뉴모니아 독성 유전자(apv)로 지칭하였다. apvC 유전자는 HI0893과의 상당한 유사성을 보이지만, 지방산 반응 조절자 Bm3RI [Palmer, J Biol Chem. 273: 18109 - 16 (1998)]과 유사한 전사 억제제로서 제시된 HI0893의 유사성은 의심스럽다. apvD 유전자는 기능이 공지되어 있지 않은, 대장균의 막 단백질로 추정되는 단백질(b0878) [Blattner et al., Science 277: 1453 - 1474 (1997)]과도 매우 유사하다. 두 가지 다른 비공지된 유전자인 apvA 및 apvB는 공개 데이터베이스와 별로 일치되지 않았다.

< 실시예 11> : 에이. 플레우로뉴모니아 돌연변이체의 안정성 및 효능

SPF 돼지 (4 - 5 주된 것, 3 - 10 kg)의 9 군 (n=8)을 사용하여 독성약화 생백신 균주로서 7종의 에이. 플레우로뉴모니아 돌연변이체의 안정성 및 효능을 측정하였다. 1일째, 7 군을 각 돌연변이체의 10^{10} CFU로 비강내 감염시켰다. 1일 및 15일째, 시판되는 백신인 플레우로문(Pleuromune; Bayer)으로 1 군을 백신 접종하고, 또다른 1 군을 백신 접종하지 않았다. 29일째 날, 모든 군을 돼지 당 $1 - 5 \times 10^5$ CFU의 야생형 APP225로 비강내 감염시켰다. 연구 42일째, 모든 생존 동물을 안락사시키고 부검하였다. 결과를 표 4에 나타내었다.

에이. 플레우로뉴모니아 돌연변이체의 효능

백신	비강내 감염 후 사망률%	
	백신접종	감염
플레우로문	0	37.5
exbB	0	0
tig	12.5	0
fkpA	12.5	0
HI0385	50	0
pnp	0	0
yaeE	0	0
atpG	0	0
없음	N/A	50.0

exbB, atpG, pnp 및 yaeA 돌연변이체는 10^{10} CFU의 투여량으로 비강내 투여할 때 전혀 사망을 초래하지 않았다. fk pA 및 tig 돌연변이체 군은 각각 1마리가 사망했고, HI0379 군 (실시에 9에 나타난 바와 같이 시험된 7가지 돌연변이체의 CI는 2000년 4월 6일 가장 높았음)은 4마리가 사망했다. 이 모델을 사용한 야생형 LD₅₀은 대체적으로 1×10^7 CFU인데, 이는 이들 돌연변이체 각각이 100 배 이상 독성이 약화되어 있고 CI와 독성약화 사이에 합리적인 연관성이 있음을 의미한다.

상기 실시예에 기재된 바와 같은 본 발명에 있어서 수많은 개량 및 변형이 당업자에게 자명할 것으로 생각된다. 따라서, 본 발명은 첨부된 청구항으로 한정된다.

(57) 청구의 범위

청구항 1.

서열 1, 3, 7, 9, 21, 25, 27, 29, 39, 41, 51, 53, 55, 57, 58, 60, 68, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 104, 108, 112, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128 및 130 중 어느 하나에 기재된 뉴클레오티드 서열, 또는 그의 중 동족체로 표시되는 유전자에 그 돌연변이의 결과로써 돌연변이된 유전자에 의해 코딩되는 유전자 산물의 활성이 감소되는 돌연변이를 포함하는 그람 음성 세균.

청구항 2.

제1항에 있어서, 상기 돌연변이의 결과로써 돌연변이된 유전자에 의해 코딩되는 유전자 산물의 발현이 감소되는 것인 그람 음성 세균.

청구항 3.

제1항에 있어서, 상기 돌연변이의 결과로써 돌연변이된 유전자에 의해 코딩되는 불활성 유전자 산물이 발현되는 것인 그람 음성 세균.

청구항 4.

제1항에 있어서, 상기 돌연변이의 결과로써 상기 유전자의 전부 또는 일부가 결실되는 것인 그람 음성 세균.

청구항 5.

제1항에 있어서, 상기 돌연변이의 결과로써 상기 유전자의 약 10% 이상, 약 20% 이상, 약 30% 이상, 약 40% 이상, 약 50% 이상, 약 60% 이상, 약 70% 이상, 약 80% 이상, 약 90% 이상, 약 95% 이상, 약 98% 이상 또는 약 99% 이상이 결실되는 것인 그람 음성 세균.

청구항 6.

제1항에 있어서, 상기 돌연변이의 결과로써 상기 유전자에 삽입이 발생하며, 상기 삽입으로 인해 돌연변이된 유전자에 의해 코딩되는 유전자 산물의 발현이 감소되고(거나) 돌연변이된 유전자에 의해 코딩되는 불활성 유전자 산물이 발현되는 것인 그람 음성 세균.

청구항 7.

서열 1, 3, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 29, 31, 33, 37, 39, 41, 51, 53, 55, 57, 58, 60, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 163 및 164 중 어느 하나에 기재된 뉴클레오티드 서열, 또는 그의 중 동족체로 표시되는 유전자에 그 돌연변이의 결과로써 돌연변이된 유전자에 의해 코딩되는 유전자 산물의 활성이 감소되는 돌연변이를 포함하는 독성약화 파스테우렐라세아 (Pasteurellaceae) 세균.

청구항 8.

제7항에 있어서, 상기 돌연변이의 결과로써 돌연변이된 유전자에 의해 코딩되는 유전자 산물의 발현이 감소되는 것인 파스테우렐라세아(Pasteurellaceae) 세균.

청구항 9.

제7항에 있어서, 상기 돌연변이의 결과로써 돌연변이된 유전자에 의해 코딩되는 불활성 유전자 산물이 발현되는 것인 파스테우렐라세아(Pasteurellaceae) 세균.

청구항 10.

제7항에 있어서, 상기 돌연변이의 결과로써 상기 유전자의 전부 또는 일부가 결실되는 것인 파스테우렐라세아(Pasteurellaceae) 세균.

청구항 11.

제7항에 있어서, 상기 돌연변이의 결과로써 상기 유전자의 약 10% 이상, 약 20% 이상, 약 30% 이상, 약 40% 이상, 약 50% 이상, 약 60% 이상, 약 70% 이상, 약 80% 이상, 약 90% 이상, 약 95% 이상, 약 98% 이상 또는 약 99% 이상이 결실되는 것인 파스테우렐라세아(Pasteurellaceae) 세균.

청구항 12.

제7항에 있어서, 상기 돌연변이의 결과로써 상기 유전자에 삽입이 발생하며, 상기 삽입으로 인해 돌연변이된 유전자에 의해 코딩되는 유전자 산물의 발현이 감소되고(거나) 돌연변이된 유전자에 의해 코딩되는 불활성 유전자 산물이 발현되는 것인 파스테우렐라세아(Pasteurellaceae) 세균.

청구항 13.

제7항에 있어서, 파스테우렐라 헤몰리티카(Pasteurella haemolytica), 파스테우렐라 멀토시다(Pasteurella multocida), 악티노바실러스 플레우로뉴모니아(Actinobacillus pleuropneumoniae) 및 헤모필러스 솜너스(Haemophilus somnus)로 이루어진 군으로부터 선택되는 것인 파스테우렐라세아(Pasteurellaceae) 세균.

청구항 14.

제13항에 있어서, 상기 돌연변이의 결과로써 돌연변이된 유전자에 의해 코딩되는 유전자 산물의 발현이 감소되는 것인 파스테우렐라세아(Pasteurellaceae) 세균.

청구항 15.

제13항에 있어서, 상기 돌연변이의 결과로써 돌연변이된 유전자에 의해 코딩되는 불활성 유전자 산물이 발현되는 것인 파스테우렐라세아(Pasteurellaceae) 세균.

청구항 16.

제13항에 있어서, 상기 돌연변이의 결과로써 상기 유전자의 전부 또는 일부가 결실되는 것인 파스테우렐라세아(Pasteurellaceae) 세균.

청구항 17.

제13항에 있어서, 상기 돌연변이의 결과로써 상기 유전자의 약 10% 이상, 약 20% 이상, 약 30% 이상, 약 40% 이상, 약 50% 이상, 약 60% 이상, 약 70% 이상, 약 80% 이상, 약 90% 이상, 약 95% 이상, 약 98% 이상 또는 약 99% 이상이 결실되는 것인 파스테우렐라세아(Pasteurellaceae) 세균.

청구항 18.

제13항에 있어서, 상기 돌연변이의 결과로써 상기 유전자에 삽입이 발생하며, 상기 삽입으로 인해 돌연변이된 유전자에 의해 코딩되는 유전자 산물의 발현이 감소되고(거나) 돌연변이된 유전자에 의해 코딩되는 불활성 유전자 산물이 발현되는 것인 파스테우렐라세아(Pasteurellaceae) 세균.

청구항 19.

제13항에 있어서, 피. 멀토시다(P. multocida) 세균인 독성약화 파스테우렐라세아(Pasteurellaceae) 세균.

청구항 20.

제19항에 있어서, 상기 돌연변이의 결과로써 돌연변이된 유전자에 의해 코딩되는 유전자 산물의 발현이 감소되는 것인 파스테우렐라세아(Pasteurellaceae) 세균.

청구항 21.

제19항에 있어서, 상기 돌연변이의 결과로써 돌연변이된 유전자에 의해 코딩되는 불활성 유전자 산물이 발현되는 것인 파스테우렐라세아(Pasteurellaceae) 세균.

청구항 22.

제19항에 있어서, 상기 돌연변이의 결과로써 상기 유전자의 전부 또는 일부가 결실되는 것인 파스테우렐라세아(Pasteurellaceae) 세균.

청구항 23.

제19항에 있어서, 상기 돌연변이의 결과로써 상기 유전자의 약 10% 이상, 약 20% 이상, 약 30% 이상, 약 40% 이상, 약 50% 이상, 약 60% 이상, 약 70% 이상, 약 80% 이상, 약 90% 이상, 약 95% 이상, 약 98% 이상 또는 약 99% 이상이 결실되는 것인 파스테우렐라세아(Pasteurellaceae) 세균.

청구항 24.

제19항에 있어서, 상기 돌연변이의 결과로써 상기 유전자에 삽입이 발생하며, 상기 삽입으로 인해 돌연변이된 유전자에 의해 코딩되는 유전자 산물의 발현이 감소되고(거나) 돌연변이된 유전자에 의해 코딩되는 불활성 유전자 산물이 발현되는 것인 파스테우렐라세아(Pasteurellaceae) 세균.

청구항 25.

제13항에 있어서, 에이. 플레우로뉴모니아(A. pleuropneumoniae) 세균인 독성약화 파스테우렐라세아(Pasteurellaceae) 세균.

청구항 26.

제25항에 있어서, 상기 돌연변이의 결과로써 돌연변이된 유전자에 의해 코딩되는 유전자 산물의 발현이 감소되는 것인 파스테우렐라세아(Pasteurellaceae) 세균.

청구항 27.

제25항에 있어서, 상기 돌연변이의 결과로써 돌연변이된 유전자에 의해 코딩되는 불활성 유전자 산물이 발현되는 것인 파스테우렐라세아(Pasteurellaceae) 세균.

청구항 28.

제25항에 있어서, 상기 돌연변이의 결과로써 상기 유전자의 전부 또는 일부가 결실되는 것인 파스테우렐라세아(Pasteurellaceae) 세균.

청구항 29.

제25항에 있어서, 상기 돌연변이의 결과로써 상기 유전자의 약 10% 이상, 약 20% 이상, 약 30% 이상, 약 40% 이상, 약 50% 이상, 약 60% 이상, 약 70% 이상, 약 80% 이상, 약 90% 이상, 약 95% 이상, 약 98% 이상 또는 약 99% 이상이 결실되는 것인 파스테우렐라세아(Pasteurellaceae) 세균.

청구항 30.

제25항에 있어서, 상기 돌연변이의 결과로써 상기 유전자에 삽입이 발생하며, 상기 삽입으로 인해 돌연변이된 유전자에 의해 코딩되는 유전자 산물의 발현이 감소되고(거나) 돌연변이된 유전자에 의해 코딩되는 불활성 유전자 산물이 발현되는 것인 파스테우렐라세아(Pasteurellaceae) 세균.

청구항 31.

제1항 내지 제30항 중 어느 한 항에 따른 세균을 포함하는 면역원성 조성물.

청구항 32.

제31항의 면역원성 조성물 및 제약상 허용되는 담체를 포함하는 백신 조성물.

청구항 33.

제32항에 있어서, 면역보강제를 더 포함하는 백신 조성물.

청구항 34.

서열 1, 3, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 29, 31, 33, 37, 39, 41, 51, 53, 55, 57, 58, 60, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 163 및 164 중 어느 하나에 기재된 뉴클레오티드 서열, 또는 그의 중 동족체로 표시되는 유전자에 그 돌연변이의 결과로써 돌연변이된 유전자에 의해 코딩되는 유전자 산물의 활성이 감소되는 돌연변이를 도입하는 단계를 포함하는 그람 음성 세균의 제조 방법.

청구항 35.

서열 1, 3, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 29, 31, 33, 37, 39, 41, 51, 53, 55, 57, 58, 60, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 163 및 164 중 어느 하나에 기재된 뉴클레오티드 서열, 또는 그의 중 동족체로 표시되는 유전자에 그 돌연변이의 결과로써 돌연변이된 유전자에 의해 코딩되는 유전자 산물의 활성이 감소되는 돌연변이를 도입하는 단계를 포함하는 독성약화 파스테우렐라세아(Pasteurellaceae) 세균의 제조 방법.

청구항 36.

서열 1, 3, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 29, 31, 33, 37, 39, 41, 51, 53, 55, 57, 58, 60, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 163 및 164에 기재된 뉴클레오티드 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 뉴클레오티드 서열을 포함하는, 정제 및 단리된 파스테우렐라세아(Pasteurellaceae) 폴리뉴클레오티드.

청구항 37.

서열 1, 3, 7, 9, 21, 25, 27, 29, 39, 41, 51, 53, 55, 57, 58, 60, 68, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 104, 108, 112, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128 및 130에 기재된 뉴클레오티드 서열로 이루어진 군으로부터 선택되는 뉴클레오티드 서열을 포함하는, 정제 및 단리된 파스테우렐라세아(Pasteurellaceae) 폴리뉴클레오티드.

청구항 38.

- a) 제37항의 폴리뉴클레오티드,
- b) 폴리뉴클레오티드 (a)에 의해 코딩되는 폴리펩티드를 코딩하는 폴리뉴클레오티드, 및
- c) 중간 정도의 엄격 조건하에서 폴리뉴클레오티드 (a) 또는 (b)의 상보체에 혼성화되는 폴리뉴클레오티드

로 이루어진 군으로부터 선택되며, 파스테우렐라세아(Pasteurellaceae)의 독성 유전자 산물을 코딩하는, 정제 및 단리된 폴리뉴클레오티드.

청구항 39.

서열 2, 4, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 30, 32, 34, 38, 40, 42, 52, 54, 56, 59, 61, 69, 71, 73, 75, 77, 79, 81, 83, 85, 101, 103, 105, 107, 109, 111, 113, 115, 117, 119, 121, 123, 125, 127, 129, 131, 133, 135, 137, 139, 141, 143, 145, 147, 149, 151, 153, 155, 157, 159, 161 및 165에 기재된 아미노산 서열을 갖는 폴리펩티드로 이루어진 군으로부터 선택되는 폴리펩티드를 코딩하는, 정제 및 단리된 파스테우렐라세아(Pasteurellaceae) 폴리뉴클레오티드.

청구항 40.

제39항에 있어서, DNA인 폴리뉴클레오티드.

청구항 41.

제40항의 DNA를 포함하는 벡터.

청구항 42.

제41항에 있어서, DNA가 발현 조절 DNA 서열에 작동가능하게 연결된 발현 벡터인 벡터.

청구항 43.

코딩 폴리펩티드가 발현되도록 하는 방식으로 제40항의 DNA가 안정하게 형질전환 또는 형질감염된 숙주 세포.

청구항 44.

영양 배지에서 제43항의 숙주 세포를 배양하여 상기 숙주 세포 또는 상기 영양 배지로부터 코딩된 폴리펩티드를 분리하는 것을 포함하는 재조합 폴리펩티드의 제조 방법.

청구항 45.

제44항의 방법에 의해 생산되는 정제된 폴리펩티드.

청구항 46.

서열 2, 4, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 30, 32, 34, 38, 40, 42, 52, 54, 56, 59, 61, 69, 71, 73, 75, 77, 79, 81, 83, 85, 101, 103, 105, 107, 109, 111, 113, 115, 117, 119, 121, 123, 125, 127, 129, 131, 133, 135, 137, 139, 141, 143, 145, 147, 149, 151, 153, 155, 157, 159, 161 및 165에 기재된 아미노산 서열을 갖는 폴리펩티드로 이루어진 군으로부터 선택되는 폴리펩티드를 포함하는 정제된 폴리펩티드.

청구항 47.

제46항의 폴리펩티드와 특이적으로 반응하는 항체.

청구항 48.

제47항에 있어서, 모노클로날 항체인 항체.

청구항 49.

세균 추출물을 상기 모노클로날 항체와 접촉시켜 상기 모노클로날 항체의 결합이 없음을 검출하는 단계를 포함하는, 제 1항, 제7항, 제13항 또는 제19항의 세균을 확인하기 위해 제39항의 모노클로날 항체를 이용하는 방법.

청구항 50.

서열 2, 4, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 30, 32, 34, 38, 40, 42, 52, 54, 56, 59, 61, 69, 71, 73, 75,

77, 79, 81, 83, 85, 101, 103, 105, 107, 109, 111, 113, 115, 117, 119, 121, 123, 125, 127, 129, 131, 133, 135, 137, 139, 141, 143, 145, 147, 149, 151, 153, 155, 157, 159, 161 및 165 중 어느 하나에 기재된 아미노산 서열로 표시되는 유전자 산물의 발현 또는 활성을 방해하는 능력에 대해 잠재적 약제를 분석하여, 상기 유전자 산물의 발현 또는 활성을 방해하는 약제를 찾아내는 단계를 포함하는 항균제의 확인 방법.

청구항 51.

a) 서열 2, 4, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 30, 32, 34, 38, 40, 42, 52, 54, 56, 59, 61, 69, 71, 73, 75, 77, 79, 81, 83, 85, 101, 103, 105, 107, 109, 111, 113, 115, 117, 119, 121, 123, 125, 127, 129, 131, 133, 135, 137, 139, 141, 143, 145, 147, 149, 151, 153, 155, 157, 159, 161 및 165에 기재된 유전자 산물의 발현 또는 활성을 측정하는 단계,

b) (a)에서의 유전자 산물을 시험 화합물과 접촉시키는 단계,

c) 시험 화합물의 존재하에 유전자 산물의 발현 또는 활성을 측정하는 단계, 및

d) 시험 화합물 부재시에 나타나는 발현 또는 활성에 비해 시험 화합물의 존재시에 나타나는 유전자 산물의 발현 또는 활성이 감소되는 경우에 시험 화합물이 항균제임을 확인하는 단계

를 포함하는 항균제의 확인 방법.

```
<110> Lowery E., David
      Fuller E., Troy
      Kennedy J., Michael
<120> Anti-Bacterial Vaccine Compositions
<130> 28341/6227.NCP
<140> 09/545,199
<141> 2000-04-06
<150> 60/153,453
<151> 1999-09-10
<150> 60/128,689
<151> 1999-04-09
<160> 169
<170> PatentIn Ver. 2.0
<210> 1
<211> 1112
<212> DNA
<213> Pasteurella multocida
<220>
<221> CDS
<222> (210)..(1001)
<220>
<223> atpB
<220>
<221> misc_feature
<222> 1099
<223> n = A or T or G or C
<220>
<221> misc_feature
```

<222> 1104

<223> n = A or T or G or C

<400> 1

```

gtcaacaaca ttttatggtg gagaggccgt taaatttata tccacaattt ttttgattgt 60
acttgctttt aaactgttca attcaatgca ttttattgca ttttttggtg gatattttat 120
aacaatagtt ttaaacaata ttcttccatt ttttataagt aagtacttaa atataaagca 180
ttttcataaa tatcaataaa ggattagtt atg gca gca gag ctt aca aca gcg 233
                                Met Ala Ala Glu Leu Thr Thr Ala
                                1          5

gga tat att ggg cac cat tta gca ttc ttg aaa aca ggg gat tct ttc 281
Gly Tyr Ile Gly His His Leu Ala Phe Leu Lys Thr Gly Asp Ser Phe
    10          15          20

tgg cat gtt cat tta gat acc ctt cta ttt tca att att tca ggt gca 329
Trp His Val His Leu Asp Thr Leu Leu Phe Ser Ile Ile Ser Gly Ala
    25          30          35          40

att ttt ctt ttt gtt ttt tca aaa gtt gca aaa aaa gca acg ccg ggt 377
Ile Phe Leu Phe Val Phe Ser Lys Val Ala Lys Lys Ala Thr Pro Gly
                45          50          55

gtg cct agc aag atg caa tgt ttt gtt gag ata atg gtt gat tgg att 425
Val Pro Ser Lys Met Gln Cys Phe Val Glu Ile Met Val Asp Trp Ile
                60          65          70

gat ggg atc gta aaa gaa aat ttc cat ggt cct cgt cat gct gtt gga 473
Asp Gly Ile Val Lys Glu Asn Phe His Gly Pro Arg His Ala Val Gly
                75          80          85

cca tta gca tta act att ttc tgc tgg gta ttc att atg aat gct atc 521
Pro Leu Ala Leu Thr Ile Phe Cys Trp Val Phe Ile Met Asn Ala Ile
    90          95          100

gat ttg atc cca gta gat ttc cta cct caa tta gcc cat tta ttt ggt 569
Asp Leu Ile Pro Val Asp Phe Leu Pro Gln Leu Ala His Leu Phe Gly
105          110          115          120

att gaa tac tta aga gct gtt cca aca gca gat atc agt gga aca tta 617
Ile Glu Tyr Leu Arg Ala Val Pro Thr Ala Asp Ile Ser Gly Thr Leu
                125          130          135

ggc tta tca att ggt gtc ttc ttc tta att att ttc tat aca atc aaa 665
Gly Leu Ser Ile Gly Val Phe Phe Leu Ile Ile Phe Tyr Thr Ile Lys
                140          145          150

tca aaa ggt atg agt ggc ttt gtt aaa gaa tat acg ctt cat cct ttt 713
Ser Lys Gly Met Ser Gly Phe Val Lys Glu Tyr Thr Leu His Pro Phe
                155          160          165

aat cat cct ttg tta att ccg gtt aac tta gcg ctt gaa tca gtc aca 761
Asn His Pro Leu Leu Ile Pro Val Asn Leu Ala Leu Glu Ser Val Thr
                170          175          180

tta tta gca aaa cct gtt tct ttg gcg ttc cgt ctt ttc ggg aat atg 809
Leu Leu Ala Lys Pro Val Ser Leu Ala Phe Arg Leu Phe Gly Asn Met
185          190          195          200

tat gca ggt gaa ctt atc ttt att ctt att gca gtg atg tac atg gca 857
Tyr Ala Gly Glu Leu Ile Phe Ile Leu Ile Ala Val Met Tyr Met Ala
                205          210          215

aat aat ttt gca ctt aat tca atg ggt att ttc atg cat ttg gct tgg 905
Asn Asn Phe Ala Leu Asn Ser Met Gly Ile Phe Met His Leu Ala Trp

```

```

                220                225                230
gct att ttc cat att ctt gtg att acc tta caa gca ttt att ttt atg 953
Ala Ile Phe His Ile Leu Val Ile Thr Leu Gln Ala Phe Ile Phe Met
                235                240                245
atg ctt aca gtg gtt tat ttg agt atg ggt tat aac aaa gca gaa cac 1001
Met Leu Thr Val Val Tyr Leu Ser Met Gly Tyr Asn Lys Ala Glu His
                250                255                260
taatttttta taaacaaaac cagaccttgg gtctaaattt caatcttatg gagaacatta 1061
tggaacactg taattactac aacaatcatc gcatctgnaa ttnttcttgc t 1112
<210> 2
<211> 264
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida
<400> 2
Met Ala Ala Glu Leu Thr Thr Ala Gly Tyr Ile Gly His His Leu Ala
  1                5                10                15
Phe Leu Lys Thr Gly Asp Ser Phe Trp His Val His Leu Asp Thr Leu
                20                25                30
Leu Phe Ser Ile Ile Ser Gly Ala Ile Phe Leu Phe Val Phe Ser Lys
                35                40                45
Val Ala Lys Lys Ala Thr Pro Gly Val Pro Ser Lys Met Gln Cys Phe
                50                55                60
Val Glu Ile Met Val Asp Trp Ile Asp Gly Ile Val Lys Glu Asn Phe
                65                70                75                80
His Gly Pro Arg His Ala Val Gly Pro Leu Ala Leu Thr Ile Phe Cys
                85                90                95
Trp Val Phe Ile Met Asn Ala Ile Asp Leu Ile Pro Val Asp Phe Leu
                100                105                110
Pro Gln Leu Ala His Leu Phe Gly Ile Glu Tyr Leu Arg Ala Val Pro
                115                120                125
Thr Ala Asp Ile Ser Gly Thr Leu Gly Leu Ser Ile Gly Val Phe Phe
                130                135                140
Leu Ile Ile Phe Tyr Thr Ile Lys Ser Lys Gly Met Ser Gly Phe Val
                145                150                155                160
Lys Glu Tyr Thr Leu His Pro Phe Asn His Pro Leu Leu Ile Pro Val
                165                170                175
Asn Leu Ala Leu Glu Ser Val Thr Leu Leu Ala Lys Pro Val Ser Leu
                180                185                190
Ala Phe Arg Leu Phe Gly Asn Met Tyr Ala Gly Glu Leu Ile Phe Ile
                195                200                205
Leu Ile Ala Val Met Tyr Met Ala Asn Asn Phe Ala Leu Asn Ser Met
                210                215                220
Gly Ile Phe Met His Leu Ala Trp Ala Ile Phe His Ile Leu Val Ile
                225                230                235                240
Thr Leu Gln Ala Phe Ile Phe Met Met Leu Thr Val Val Tyr Leu Ser
                245                250                255
Met Gly Tyr Asn Lys Ala Glu His
                260
<210> 3
<211> 1972

```

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (364)..(1230)

<220>

<223> atpG

<400> 3

```

agcgggcat ttggctcagt tcggcttcgg attcttatga tgcacacgta agcaattatc 60
acatggtcaa aaagtaactg aattattgaa acaaaaccaa tactctccgt tatctgtagc 120
acaacaagca ttagtggttat ttgcagtaga gtttggttac ttagaagaag tggacttaga 180
tcgtattggg tcatttgaat cagcactttt agagtatgct aaccataact atgctgattt 240
tatgcgtgag ttaacccaat ctggcaatta caatgatgaa attaaagagt cattaaaagg 300
cattttggat agcttcaaag caaacagtgc gtggttaagtt aacactttta atggagagac 360
aaa atg gca ggt gct aaa gag ata aga acc aaa atc gcg agt gta aaa 408
    Met Ala Gly Ala Lys Glu Ile Arg Thr Lys Ile Ala Ser Val Lys
        1           5           10          15
agt aca caa aaa att act aaa gcg atg gaa atg gtt gct gcc tcg aaa 456
Ser Thr Gln Lys Ile Thr Lys Ala Met Glu Met Val Ala Ala Ser Lys
        20          25          30
atg cgt aaa acg caa gaa cgc atg tct tct tca cgc cct tat tca gaa 504
Met Arg Lys Thr Gln Glu Arg Met Ser Ser Ser Arg Pro Tyr Ser Glu
        35          40          45
aca ata cgt aac gtg att agc cac gtt tcc aaa gca acg att ggt tac 552
Thr Ile Arg Asn Val Ile Ser His Val Ser Lys Ala Thr Ile Gly Tyr
        50          55          60
aag cat cca ttt tta gtg gat cgc gaa gta aaa aaa gtg ggc atg att 600
Lys His Pro Phe Leu Val Asp Arg Glu Val Lys Lys Val Gly Met Ile
        65          70          75
gtt gtg tcc aca gat cgt ggt ctt tgt ggt ggc tta aac gtg aac ttg 648
Val Val Ser Thr Asp Arg Gly Leu Cys Gly Gly Leu Asn Val Asn Leu
        80          85          90          95
ttt aaa act gta tta aat gaa atg aaa gaa tgg aaa gaa aaa gat gtt 696
Phe Lys Thr Val Leu Asn Glu Met Lys Glu Trp Lys Glu Lys Asp Val
        100         105         110
tcc gtt caa ttg agt tta atc ggt tct aaa tct atc aac ttt ttc caa 744
Ser Val Gln Leu Ser Leu Ile Gly Ser Lys Ser Ile Asn Phe Phe Gln
        115         120         125
tct ttg gga att aaa att tta acc caa gat tca ggt att ggt gat act 792
Ser Leu Gly Ile Lys Ile Leu Thr Gln Asp Ser Gly Ile Gly Asp Thr
        130         135         140
ccc tct gtt gag cag tta att ggt tca gtc aat tct atg att gat gct 840
Pro Ser Val Glu Gln Leu Ile Gly Ser Val Asn Ser Met Ile Asp Ala
        145         150         155
tat aaa aaa ggg gaa gta gat gtt gtg tat tta gtt tat aac aaa ttt 888
Tyr Lys Lys Gly Glu Val Asp Val Val Tyr Leu Val Tyr Asn Lys Phe
        160         165         170         175
att aac acg atg tcg caa aag cca gta ttg gaa aaa tta att cca tta 936
Ile Asn Thr Met Ser Gln Lys Pro Val Leu Glu Lys Leu Ile Pro Leu
        180         185         190

```

```

cca gaa tta gat aat gat gaa tta ggc gaa aga aaa caa gtt tgg gat 984
Pro Glu Leu Asp Asn Asp Glu Leu Gly Glu Arg Lys Gln Val Trp Asp
      195                200                205
tat att tac gaa cct gat gcg aaa gta tta tta gat aat tta ttg gtt 1032
Tyr Ile Tyr Glu Pro Asp Ala Lys Val Leu Leu Asp Asn Leu Leu Val
      210                215                220
cgt tat tta gaa tct cag gtt tat caa gca gca gtt gaa aac ctt gct 1080
Arg Tyr Leu Glu Ser Gln Val Tyr Gln Ala Ala Val Glu Asn Leu Ala
      225                230                235
tct gag caa gcc gct cga atg gtc gcc atg aaa gca gca aca gat aac 1128
Ser Glu Gln Ala Ala Arg Met Val Ala Met Lys Ala Ala Thr Asp Asn
      240                245                250                255
gca ggt aac tta att aat gag tta cag tta gtc tat aac aaa gct cgt 1176
Ala Gly Asn Leu Ile Asn Glu Leu Gln Leu Val Tyr Asn Lys Ala Arg
      260                265                270
caa gca agt att aca aat gaa tta aat gaa att gtt gcc ggt gca gca 1224
Gln Ala Ser Ile Thr Asn Glu Leu Asn Glu Ile Val Ala Gly Ala Ala
      275                280                285
gca att taacaaatag aggatcggta atggcaactg gaaaaattgt acaaatcatc 1280
Ala Ile
ggtgcggtta ttgacgttga attcccacaa gatgcagtac caaaagtata tgatgcctta 1340
aatgttgaaa caggtttagt acttgaagtt caacaacaat taggtggtgg tgtagttcgc 1400
tgtatcgcaa tgggatcatc tgatggatta aaacgcggtt taagcgtaac aaatacgaat 1460
aacccaatit ctgttccagt gggaacgaaa acattgggtc gtatcatgaa cgtattgggt 1520
gaaccaatcg atgagcaagg tgaaatcggg gcagaagaga attggtctat tcaccgtgcg 1580
ccaccaagtt atgaagaaca atctaacagt actgaacttt tagaaacggg aattaaagtt 1640
atcgacttag tttgtccgtt tgcgaaaggg ggtaaagtag gtttattcgg tgggtcgggt 1700
gtcggtaaaa ccgtcaatat gatggaatta atccgtaaca tcgcaattga gcactcaggt 1760
tactctgtct ttgcgggggt aggtgagcgt acgcgtgaag gtaacgactt ctatcatgag 1820
atgaaagact ctaacgtatt agataaagtg tctcttggtt atggtcaaat gaacgagcca 1880
ccaggttaacc gtttacgtgt ggcatataca ggcttaacta tggcggaataa attccgtgat 1940
gaaggtcgtg atgtcttatt cttcgttgat aa 1972
<210> 4
<211> 289
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida
<400> 4
Met Ala Gly Ala Lys Glu Ile Arg Thr Lys Ile Ala Ser Val Lys Ser
  1          5          10         15
Thr Gln Lys Ile Thr Lys Ala Met Glu Met Val Ala Ala Ser Lys Met
  20         25         30
Arg Lys Thr Gln Glu Arg Met Ser Ser Ser Arg Pro Tyr Ser Glu Thr
  35         40         45
Ile Arg Asn Val Ile Ser His Val Ser Lys Ala Thr Ile Gly Tyr Lys
  50         55         60
His Pro Phe Leu Val Asp Arg Glu Val Lys Lys Val Gly Met Ile Val
  65         70         75         80
Val Ser Thr Asp Arg Gly Leu Cys Gly Gly Leu Asn Val Asn Leu Phe
  85         90         95
Lys Thr Val Leu Asn Glu Met Lys Glu Trp Lys Glu Lys Asp Val Ser

```

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

```
Ile
<210> 5
<211> 1357
<212> DNA
<213> Pasteurella multocida
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(813)
<220>
<223> cap5E
<400> 5
```

gtc	gac	tat	att	tat	cat	gct	gcc	gca	tta	aag	caa	gtg	cct	tca	tgc	48
Val	Asp	Tyr	Ile	Tyr	His	Ala	Ala	Ala	Leu	Lys	Gln	Val	Pro	Ser	Cys	
1				5					10					15		
gag	ttt	tat	ccg	tta	gag	gca	gtg	aaa	acc	aat	att	tta	ggt	acg	gca	96
Glu	Phe	Tyr	Pro	Leu	Glu	Ala	Val	Lys	Thr	Asn	Ile	Leu	Gly	Thr	Ala	
			20					25					30			
aat	gtc	tta	gaa	gcc	gcc	atc	caa	aac	cag	ata	aaa	cgc	gtc	gtc	tgt	144
Asn	Val	Leu	Glu	Ala	Ala	Ile	Gln	Asn	Gln	Ile	Lys	Arg	Val	Val	Cys	
		35					40					45				
ctt	agc	aca	gat	aaa	gcg	gtg	tac	cca	att	aat	gcg	atg	ggc	att	tct	192
Leu	Ser	Thr	Asp	Lys	Ala	Val	Tyr	Pro	Ile	Asn	Ala	Met	Gly	Ile	Ser	
	50					55					60					
aaa	gca	atg	atg	gaa	aaa	gtc	atc	atc	gca	aaa	tcg	cgt	aac	cta	gaa	240
Lys	Ala	Met	Met	Glu	Lys	Val	Ile	Ile	Ala	Lys	Ser	Arg	Asn	Leu	Glu	
65					70					75					80	
ggc	aca	cca	acg	aca	atc	tgt	tgt	act	cgc	tat	ggc	aat	gtc	atg	gca	288

Gly	Thr	Pro	Thr	Thr	Ile	Cys	Cys	Thr	Arg	Tyr	Gly	Asn	Val	Met	Ala		
					85				90					95			
tcg	cgt	ggt	tcg	gtt	atc	cca	tta	ttt	gtc	gat	caa	ata	cgt	caa	ggc	336	
Ser	Arg	Gly	Ser	Val	Ile	Pro	Leu	Phe	Val	Asp	Gln	Ile	Arg	Gln	Gly		
			100					105					110				
aag	cct	ttt	act	att	act	gat	cct	gag	atg	aca	cgc	ttt	atg	atg	aca	384	
Lys	Pro	Phe	Thr	Ile	Thr	Asp	Pro	Glu	Met	Thr	Arg	Phe	Met	Met	Thr		
			115					120					125				
ttg	gaa	gat	gct	gtg	gat	tta	gtc	cta	tat	gca	ttt	aaa	aat	ggt	caa	432	
Leu	Glu	Asp	Ala	Val	Asp	Leu	Val	Leu	Tyr	Ala	Phe	Lys	Asn	Gly	Gln		
			130					135					140				
aat	ggt	gat	gtt	ttt	gta	caa	aaa	gcc	ccc	gca	gca	acc	att	ggt	acc	480	
Asn	Gly	Asp	Val	Phe	Val	Gln	Lys	Ala	Pro	Ala	Ala	Thr	Ile	Gly	Thr		
								150					155		160		
ctt	gcc	aaa	gca	att	acc	gaa	tta	tta	tct	gtc	cca	aat	cac	cct	att	528	
Leu	Ala	Lys	Ala	Ile	Thr	Glu	Leu	Leu	Ser	Val	Pro	Asn	His	Pro	Ile		
													165		170		
tcc	att	ata	ggt	acg	cgt	cat	gga	gag	aaa	gca	ttc	gaa	gct	tta	tta	576	
Ser	Ile	Ile	Gly	Thr	Arg	His	Gly	Glu	Lys	Ala	Phe	Glu	Ala	Leu	Leu		
			180					185					190				
agc	cgt	gaa	gaa	atg	gtt	cat	gca	att	aat	gaa	ggt	aat	tat	tat	cgc	624	
Ser	Arg	Glu	Glu	Met	Val	His	Ala	Ile	Asn	Glu	Gly	Asn	Tyr	Tyr	Arg		
			195					200					205				
atc	cca	gcc	gat	caa	cgc	agt	tta	aat	tac	agt	aaa	tat	gtc	gaa	aaa	672	
Ile	Pro	Ala	Asp	Gln	Arg	Ser	Leu	Asn	Tyr	Ser	Lys	Tyr	Val	Glu	Lys		
			210					215					220				
ggg	gaa	cca	aaa	att	acc	gaa	gtc	acc	gac	tac	aac	tca	cat	aat	act	720	
Gly	Glu	Pro	Lys	Ile	Thr	Glu	Val	Thr	Asp	Tyr	Asn	Ser	His	Asn	Thr		
			225					230					235		240		
gag	cgt	ttg	act	gtc	aag	gaa	atg	aag	cag	tta	ctg	ctt	aaa	ctt	gaa	768	
Glu	Arg	Leu	Thr	Val	Lys	Glu	Met	Lys	Gln	Leu	Leu	Leu	Lys	Leu	Glu		
			245					250					255				
ttc	ata	cag	aaa	atg	att	gag	ggt	gaa	tac	atc	tca	ccg	gag	gta		813	
Phe	Ile	Gln	Lys	Met	Ile	Glu	Gly	Glu	Tyr	Ile	Ser	Pro	Glu	Val			
			260					265					270				
taaaaatgaa	agtcttagta	actggttcaa	atggttttat	tgcgaaaaat	ctgattcagt	873											
ctttatctga	ggaacaagat	attgagattt	tatgttatca	ccgtcaatcc	tctgagaaaa	933											
cgcttattca	tcatgtattg	agtgcgtgatt	ggattattca	tcttgcgggg	gcgaatcgtc	993											
cacctgaaga	acaagaattt	atgacatcaa	atacacaatt	gacggaaaaa	atttgccgta	1053											
ttttacagcg	tcatcagaaa	aaaacgcctt	tgttatatcc	ctctagcatt	caagtagaaa	1113											
gtcccaaaaat	aagtacttat	tcgcaaacca	aattagaaag	tgaatatcat	gttcatcaat	1173											
tacataaaga	aaatggtaat	ccgatttata	tctgccgttt	agctaattgtc	tttggcaaat	1233											
ggtcacgacc	tcactataac	tcggtagtcg	ccacattttg	ccataactta	attcatgatt	1293											
tacccatcga	aattcatgat	catactgcag	aaataaggct	catttatatt	gatgatgtcg	1353											
ttga						1357											

<210> 6
 <211> 271
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida
 <400> 6

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

<210> 7

<211> 6132

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (4032)..(4727)

<220>

<223> devB

<400> 7

gtcaacaatt accgcacttt agtggagtaa ataacaatgg cgaaaaagaa taacgggcat 60
 gaaaaagagg atgatgttcg cctagataaa tggctttggg ctgcccgttt ttataaaaca 120
 cgtacttttag caaaagacat gattgatggc ggtaaagtgc attataatgg gcagcgcacg 180
 aaaccaata aaacggttga aattggtggt gtgatcaaac ttcgtcaagg taatgacgaa 240
 aaagaagtgg aagtgccttc gctttctacg caacgtcgtg gggcgccaga agcacaattg 300
 ttgtatcaag aaacagaaaa aagccttgaa caacgtgcga aaatggcgat tgcacgtaag 360

attaatgcat	taacgatgcc	gcatcctgat	cgtcgccccga	ataaaaaaga	gcggcgtgat	420
ttattgaaat	ttaaacaatca	agatagcttt	tcattcttgat	gatgtgattt	acctactttt	480
cttattaaag	aaaggaatat	ggggaagctg	tgtgcttgcc	cttaacctga	ataaaggctt	540
tttatgacag	acaacacaga	caatgacaaa	ctgtatcgct	accttttcca	agatcgcgcg	600
gtgcgcggtg	aatgggtacg	gttaaaccac	acgtttactg	atacgttaaa	tacacatcaa	660
tatccgaaag	tcattccaaa	cttgctcggt	gaaatgatgg	tggcgaccag	tttattgacg	720
gcgacgttaa	aatttgaagg	ggatattact	gttcaagtac	aagggtgatg	accattaaaa	780
ttagcattag	ttaatggcaa	tcattcagcag	caaattcgcg	cattagcgcg	tttacaagcg	840
gatgtcagtg	atgatatgag	tttggcgcaa	ttagtcggga	aaggggtatt	agtgattacg	900
attgcaccga	cagaaggcga	gcgttaccac	ggcgtgattg	cgtagataaa	gccaacattt	960
actgcctgtc	ttgaagatta	ttttgtgctg	tcagaacaat	tgcaaaccac	gcttattatt	1020
cgtgctggcg	aatttgaagg	acaacctgtg	gcagccggta	tgttggtaca	aattatgccg	1080
gacggttcag	gttctccaga	ggattttgaa	catttagcaa	cattggcagc	gacggtgaaa	1140
gaggaagaac	tatttgggtt	aacagcagaa	gaattattgt	accgtttata	tcattgaagag	1200
cgtgttgaaa	ttttcccttc	acagccgatc	tcatttttct	gtggctgctc	acaagaacgt	1260
tctggtgccg	cattgttggt	gatttctgat	gaagaattgg	atgaagtctt	ggcagagcat	1320
aacggtacca	ttgatatgca	gtgtgaatgt	tgtgggacgc	attatttctt	caataaagca	1380
gcgattatgc	aattgaaagt	agaaaaataa	gtcttggtat	tatggatttt	gttgcaggct	1440
atcaagatat	ttgatagcct	gtttttcctt	tgcagcaaac	gattttatga	gaaaaacgcc	1500
gtcttctcac	acagtagttt	aggtattgca	tagcatgaag	cgggaaacta	tgtttgccgc	1560
ttgtctgttt	aaaaagggtt	tctatgttag	cattttcacc	atcattactt	gaaaaaacac	1620
ttgaaatcgc	ggatcaagca	ggagattttt	taacgcgatt	ttataccgac	tcagggcaaa	1680
atgcgttagc	aattcaaacc	aaacaagata	acacgccagt	gactgccgtg	gatttatttt	1740
tgagtcaatt	tttaattgaa	aaattgaccg	cattgacacc	tgaggtcccg	attctttccg	1800
aagagagttg	taaaatcccc	ttacaagatc	gtgcacattg	ggcagaatat	tggttaattg	1860
accactcga	tggaaccac	caatttatta	atcgcaccga	tcaattttcc	attttgatta	1920
catttgtcca	acacaatcaa	cccgtcttaa	gcattaccac	tgcccctatt	ttacaaacga	1980
cctattatgc	tatgcagggc	tttgggtgct	acagaaggca	gggcaatcaa	caagaaaagc	2040
taaacaacca	agcgcgacct	gagcagcgaa	aaatcaaaat	tgctgtggga	gtcggggggc	2100
ttgaacggaa	aattcagccc	ttgttaaatt	cagcttatca	atatgaattt	ttgggtttatg	2160
gttcaagtgg	cttaaaaggc	ggcttagtg	ccgatggcac	ttgtgattgc	tatattcgag	2220
taggaaaaac	gggtgaattg	gatacggggg	cggctgaaat	cctcttacgt	gaaatgggag	2280
gtgctgtgtt	tgactttgct	tttcaaccgc	ttagctataa	tcagagagaa	agttttatta	2340
atcccaattt	tgtgatggta	gcgaatacag	aatttgattg	gcagaaaatt	tttcaatttc	2400
attcgcacta	ggcattattt	attataagat	gcgatattct	atgacctcta	tttttaacaa	2460
acggatttca	ggaaaaaaat	gaaaattgaa	gcagacaaca	attgtattgt	aatttttggt	2520
gcatcaggtg	atttaactta	tcgtaaattg	attcctgcac	tgtataactt	atataaaaatc	2580
ggtcgtttga	ctgagcattt	ctccgtgtta	ggtgtggcaa	gaacggaatt	aagtgatgag	2640
ggtttccgtg	aaaaaatgcg	ccaagcgttg	atcaaaagtg	aaaaagcgaa	tggcgaaaca	2700
ctcgatcaat	ttttagtcca	cctttattat	caggcattaa	ataccgcgga	tgctgccgat	2760
tatggcaagt	taattcctcg	tcttgatgac	ttacatgata	aatatcaaac	ttgtggtaac	2820
acactttact	atttatctac	gccgccaagc	ctttatggcg	tgattccaga	atgccttgcg	2880
gcacatgggt	taaatactga	agagtttggc	tggagcgggt	taattgtgga	aaaaccgttt	2940
ggttatgata	tacgcacggc	aaaagaactc	gatattcaaa	ttcaccgttt	ctttgatgaa	3000
caccaaattt	atcgtattga	ccactatctt	ggtaaagaaa	cggttcaaaa	tctgcttggtg	3060
ttgcgttttt	ctaattgatg	gtttgaacca	ctctggaacc	gtaatttcat	tgattatatt	3120
gaaatcacgg	gcgcagaatc	tatcgggtga	gaagagcgtg	gtgggttatta	cgatgattct	3180
ggcgcaatgc	gtgatatgtt	ccaaaaccat	ttgttgcaag	tgtagccat	ggttgcgatg	3240
gagccaccag	caattattaa	tgccgactca	atgcgtgatg	aagtggcaaa	agtcttgtat	3300
tgtttacatc	cattaagtga	ggatgactta	gaaaatcatt	tagtcttagg	gcaatatacg	3360

gcaggcacag ttgaaggtga agcgggttaag ggctactttac aggaaaaaagg tgtgccggca 3420
gagtctaata cggaaactta catggcatta cgttgtgaaa ttgacaactg gcgttgggcg 3480
ggtgtgccat tttatgtgcg tactgggaaa cggttaccaa gtcgagtgac cgaattgtg 3540
attcatttca aaaccacacc acatccggta tttagccaaa aagcaccaga aaacaaatta 3600
attatccgta ttcaaccgga tgaagcgatt tcgatgcgtt ttggtttgaa aaaaccggga 3660
gcaggttttg aagcaaaaga agtgtcgatg gatttccgtt atgcggatct tgcctcacca 3720
agcttactga ccgcttatga gcgtttatta ttggattcta tgaaaggcga tgccactttg 3780
tttgcgcgta ctgatgcgtt acatgcctgt tggcagtttg tggagccgat ttacaatat 3840
aaagcacaaa atgggcgtgt ttatgagtat gaagccggta cttggggacc gacagaagcc 3900
gacaaactga tcgcgaaaac gggtcgtgtt tggcgtaaac caagtggatt aatgaaaaag 3960
aaagtgtaat gtccgcctct ttcgtaagaa atgcgagggg ctaatgtgag cagattgagt 4020
aaggaaagat c atg aat aca atc att ttt gac agt gca cag cat gcc gta 4070
Met Asn Thr Ile Ile Phe Asp Ser Ala Gln His Ala Val
1 5 10
gag aaa att gca caa gaa ttg tta gcg tat agc tta gaa ggt cgc cct 4118
Glu Lys Ile Ala Gln Glu Leu Leu Ala Tyr Ser Leu Glu Gly Arg Pro
15 20 25
gtg cat att tcc tta tcc gga ggc tca acg ccg aaa ttg tta ttt aaa 4166
Val His Ile Ser Leu Ser Gly Gly Ser Thr Pro Lys Leu Leu Phe Lys
30 35 40 45
act tta gct caa gca ccg tat aac acc gag att caa tgg aaa aat ttg 4214
Thr Leu Ala Gln Ala Pro Tyr Asn Thr Glu Ile Gln Trp Lys Asn Leu
50 55 60
cat ttt tgg tgg ggc gat gat cgt atg gtg cca cca acc gat cca gaa 4262
His Phe Trp Trp Gly Asp Asp Arg Met Val Pro Pro Thr Asp Pro Glu
65 70 75
agt aat tac ggc gag gtg caa aaa ttg tta ttc gat cat att cag atc 4310
Ser Asn Tyr Gly Glu Val Gln Lys Leu Leu Phe Asp His Ile Gln Ile
80 85 90
cct gca gaa aat att cac cgc att cgt ggt gaa gcc ccc gtt gag agt 4358
Pro Ala Glu Asn Ile His Arg Ile Arg Gly Glu Ala Pro Val Glu Ser
95 100 105
gaa ctt cac cgt ttt gaa caa gcg cta agt gcg gtc att cct ggg caa 4406
Glu Leu His Arg Phe Glu Gln Ala Leu Ser Ala Val Ile Pro Gly Gln
110 115 120 125
gtt ttt gat tgg att att ttg ggc atg gga acg gac ggg cac acg gcc 4454
Val Phe Asp Trp Ile Ile Leu Gly Met Gly Thr Asp Gly His Thr Ala
130 135 140
tca tta ttc ccg cat caa acc gat ttt gac gat cct cat ttc gcc gtg 4502
Ser Leu Phe Pro His Gln Thr Asp Phe Asp Asp Pro His Phe Ala Val
145 150 155
atc gcg aaa cac cct gaa aca ggg caa att cgt att tca aaa aca gcg 4550
Ile Ala Lys His Pro Glu Thr Gly Gln Ile Arg Ile Ser Lys Thr Ala
160 165 170
aaa ttg att gaa caa gca aag cgg gtg acc tat ttg gtg aca ggt agc 4598
Lys Leu Ile Glu Gln Ala Lys Arg Val Thr Tyr Leu Val Thr Gly Ser
175 180 185
agt aaa gcc gag atc tta aaa gaa att caa act act ccg gca gaa caa 4646
Ser Lys Ala Glu Ile Leu Lys Glu Ile Gln Thr Thr Pro Ala Glu Gln
190 195 200 205

```

ctg cct tat cct gct gcg aaa atc aaa gcg aag cat ggg gtg acg gaa 4694
Leu Pro Tyr Pro Ala Ala Lys Ile Lys Ala Lys His Gly Val Thr Glu
      210              215              220
tgg tat ttg gat aag gat gcg gca aaa tta ctg taatgcgtcg tgagattttt 4747
Trp Tyr Leu Asp Lys Asp Ala Ala Lys Leu Leu
      225              230
caacattttt gcaaagagac ttgaaacaaa atagaccata gcgttcgttt tcaacgagtg 4807
ctgaaaatga aggctctcgt tgaaaatggc gccatttagt gggtaagctt aaggttcgct 4867
cagacagcgc tatcaaaagg gtaaaagaat gtatcaactc tattttaatc caccaaaatc 4927
ttcatggtca ttacgcgttt ggggtgttatt gaaagaactg gcaattcctt ttgagcctaa 4987
aattgtacgt tatttggatg atttaagtga acaacgccaa caatttaagg cgttttcgcc 5047
gacttcaaaa atcccagtat tgcagtctga tgggtgtgtc atttgggaca gtttagcgat 5107
tatcgagttt ttggcagaaa gttatccgca cgtgtgggcg caagataagg cgacaagagc 5167
gtggtcacgt tctgcttgtg ctgaaatgca ctctggcttt gaaaatttgc gtgaaatgtg 5227
tgatttcgcc ctttagctc gcaaaccgtt acaagaaatg cccgctgtgt taagccaaga 5287
gctaacaagg cttaatcaat tattagaaga agggttaaca aatcacactg ggcgatttaa 5347
tgcaaacctc cagtgccttt ggtcgagtac aatcctcgtt gtcttttttc cgtaattcct 5407
atgatgactt tgccgcttat cgtgcggtgt taaatcgttt aactggcttt catagcgcg 5467
ttaaagcggc taatcgccca agcaaattag tgctcacaga aagtcgtcat gatattgggt 5527
ttcatgatct caacgtagag accccgcaag gaaaaacctt aattgacaag ctcaacctac 5587
aatttcctct cggtagatgg ttattaattc aaggacattc tgggtgtaggg aaaacaacct 5647
tgtaagaac cattgcggga ctatggcctt atgctagtgg gacaattcaa cgtccacaac 5707
aagatactct gtttctttct caaaaacctt atttgccaca aggtcgccta cttgatgcc 5767
tattttatcc tgaactggcg cctgaagacg tgaatgagca acaagttata gacatactcg 5827
cgaaagtaca actcgggcat ttaagcgata aactagaaca agaaaatgat tggacacggg 5887
tactctcttt aggtgaacaa caacgtctgt cgtttgctcg cattttattg cataaaccta 5947
ctgttgtttt cttagatgaa gccactgcca gcatggatga aggactggaa gatgcatgt 6007
accgcttact gaaagatgaa ctgcctcaga ttactgtgat cagtgttgga caccgttcga 6067
cgtaattcc gcaccattca cagcaattac acattcaata acaagacagg gcgttggtgga 6127
gtcga 6132

```

<210> 8

<211> 232

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 8

```

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

```

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

<210> 9

<211> 2438

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (1635)..(2396)

<220>

<223> dnaA

<400> 9

```

gaccaaatgc ttgccaccgg cggctctatg attgcgacaa tcgatcttct aaaagcgaaa 60
ggctgtaaac acattaaagt gctcgtgtta gtcgccgcgc ctgaaggcat taaagcatta 120
gaagctgctg accctgatat cgaattatat accgcatcag ttgatagtca cttaaatgaa 180
caaggctata ttattccagg tcttggtgat gccggtgata aaatTTTTTgg cactaaataa 240
tccaacaca agcggcatct tatgccgctt ttttccgttc aatttatagc gcttacaatc 300
ttaacagctt gaacactata aaatgaaaag ttaattcaga cagagagttg aaacttaaca 360
tgacaaatca aaatccccct gttcttctag aacaaaatca cgcaaaacaa gccttcgttg 420
ggctacaaat gctTTTTgtt gccttcggtg ctttagtcct tgttcccctg attacgggtt 480
taaatgccaa tactgcctta ttgaccgcag ggattgggac actcttattc caactttgta 540
ctggacgcca agtcccaatt ttcttagcct cttcctttgc ttttattgca ccaattcaat 600
atggcgtggc aacatggggc attgctacta ctatgggggg gctggtgttt actggactgg 660
tttatTTTgc cctcagtacg ttagtcaaaa ttaaagggtg tgggtgctta caaaaagtct 720
ttccgccagt agttgttggt cccgttatta tcatcatcgg tatgggactt gcccctgttg 780
ccgtggacat ggcattaggt aaaaacagca cttatcaata taacgatgcc gtattcgttt 840
cgatggcaac attattgaca acgttaggtg ttgcggtgtt tgctaaaggc atgatgaaat 900
taattcctat catgtttggt attgtcgtcg gctatatcct ctgcttattc ttaggcctta 960
ttaatttcca acctgtcatt gatgcacctt ggttttagtgt gccagaaatt actacccttg 1020
aatttaaatt agaagctatt ctttatttat taccgattgc tatcgcccca gcagttgagc 1080
atgtcgggtg gatcatggca atcagttcgg tgacagggaa agacttccta caaaaaccag 1140
gattacatcg cactttatta ggggatggta ttgcaacgag tgccgcctca ttcttaggag 1200
gaccacctaa tacaacttat gctgaagtca ctggtgctgt catgcttacg cgcaacttta 1260
accctaaaat catgacatgg gcagccgttt gggcaattgc gatttccttc tgttgtaaag 1320
tcgggggctt cctctctacc attccaacta ttgtcatggg tggcattatg atgttagtgt 1380
ttggctctat cgccgtagtc ggtatgagta cactgatccg tggtaaagtg gatgtaacag 1440
aagcgcgtaa tctgtgtatt atttccgttg tgatgacgtt tggcatcggt ggtatgtttg 1500

```

```

tgaactttgg agaagtctcc ttaaaaggga ttagtttatg cgccgttgtc gcgattttac 1560
tcaacttaat cttacccaaa gccaaaaaca cccaataga agaaaatcga taagagaaaa 1620
ttaagggtta agtc ttg ctt aac cct tca ttt ttc gtt tat cct tat tct 1670
      Leu Leu Asn Pro Ser Phe Phe Val Tyr Pro Tyr Ser
          1             5             10
cct ttt ttc gat ttt gta ggt tgc ttt ttg tta gaa aat ttc caa tta 1718
Pro Phe Phe Asp Phe Val Gly Cys Phe Leu Leu Glu Asn Phe Gln Leu
      15             20             25
cct ttg cct att cat caa ctc gat gat gaa acg ctg gat aat ttc tat 1766
Pro Leu Pro Ile His Gln Leu Asp Asp Glu Thr Leu Asp Asn Phe Tyr
      30             35             40
ccc gac aat aat tta ttg ttg ctc aat tcg cta cgc aaa aat ttt act 1814
Pro Asp Asn Asn Leu Leu Leu Leu Asn Ser Leu Arg Lys Asn Phe Thr
      45             50             55             60
tgt cta aca caa caa ttt ttt tat att tgg ggc gag caa agc agt ggt 1862
Cys Leu Thr Gln Gln Phe Phe Tyr Ile Trp Gly Glu Gln Ser Ser Gly
      65             70             75
aaa agt cac ctc tta aaa ggc att act cat cat ttt ttc ctt tta cag 1910
Lys Ser His Leu Leu Lys Gly Ile Thr His His Phe Phe Leu Leu Gln
      80             85             90
cgc ccc gct atc tat gtg ccc tta gaa aaa tcc caa tat ttc tca ccg 1958
Arg Pro Ala Ile Tyr Val Pro Leu Glu Lys Ser Gln Tyr Phe Ser Pro
      95             100             105
gcg gta ctc gaa aac tta gaa caa caa caa ttg gtt tgt tta gat aat 2006
Ala Val Leu Glu Asn Leu Glu Gln Gln Gln Leu Val Cys Leu Asp Asn
      110             115             120
tta cag gca att ata ggc aat act gaa tgg gaa tta gcg att ttt gat 2054
Leu Gln Ala Ile Ile Gly Asn Thr Glu Trp Glu Leu Ala Ile Phe Asp
      125             130             135             140
tta ttt aat cgc ata aaa tct gtt gaa aat aca ctg ctt gtg atc agt 2102
Leu Phe Asn Arg Ile Lys Ser Val Glu Asn Thr Leu Leu Val Ile Ser
      145             150             155
gca aat caa tcc cca act gca tta cct gta agt tta cct gac tta gct 2150
Ala Asn Gln Ser Pro Thr Ala Leu Pro Val Ser Leu Pro Asp Leu Ala
      160             165             170
tca cgt tta cgc tgg gga gaa agc tat cag ctg gtc ccc tta aat gat 2198
Ser Arg Leu Arg Trp Gly Glu Ser Tyr Gln Leu Val Pro Leu Asn Asp
      175             180             185
caa caa aaa atc cat gta ttg caa aaa aat gca cat caa cgt ggt atc 2246
Gln Gln Lys Ile His Val Leu Gln Lys Asn Ala His Gln Arg Gly Ile
      190             195             200
gaa ctc ccc gat gaa gta gct aat ttt ctt ttg aaa cgc tta gag cgc 2294
Glu Leu Pro Asp Glu Val Ala Asn Phe Leu Leu Lys Arg Leu Glu Arg
      205             210             215             220
gat atg aaa acg tta ttt gaa gca cta agt aaa tta gat aaa gca tca 2342
Asp Met Lys Thr Leu Phe Glu Ala Leu Ser Lys Leu Asp Lys Ala Ser
      225             230             235
tta caa gcc caa cgt aaa tta acg att ccc ttt gta aaa gaa att tta 2390
Leu Gln Ala Gln Arg Lys Leu Thr Ile Pro Phe Val Lys Glu Ile Leu
      240             245             250

```

aag cta taaaaaaaga ccacctcttt atcaggtgat ctttcttgtc ga 2438
Lys Leu
<210> 10
<211> 254
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida
<400> 10
Leu Leu Asn Pro Ser Phe Phe Val Tyr Pro Tyr Ser Pro Phe Phe Asp
1 5 10 15
Phe Val Gly Cys Phe Leu Leu Glu Asn Phe Gln Leu Pro Leu Pro Ile
20 25 30
His Gln Leu Asp Asp Glu Thr Leu Asp Asn Phe Tyr Pro Asp Asn Asn
35 40 45
Leu Leu Leu Leu Asn Ser Leu Arg Lys Asn Phe Thr Cys Leu Thr Gln
50 55 60
Gln Phe Phe Tyr Ile Trp Gly Glu Gln Ser Ser Gly Lys Ser His Leu
65 70 75 80
Leu Lys Gly Ile Thr His His Phe Phe Leu Leu Gln Arg Pro Ala Ile
85 90 95
Tyr Val Pro Leu Glu Lys Ser Gln Tyr Phe Ser Pro Ala Val Leu Glu
100 105 110
Asn Leu Glu Gln Gln Gln Leu Val Cys Leu Asp Asn Leu Gln Ala Ile
115 120 125
Ile Gly Asn Thr Glu Trp Glu Leu Ala Ile Phe Asp Leu Phe Asn Arg
130 135 140
Ile Lys Ser Val Glu Asn Thr Leu Leu Val Ile Ser Ala Asn Gln Ser
145 150 155 160
Pro Thr Ala Leu Pro Val Ser Leu Pro Asp Leu Ala Ser Arg Leu Arg
165 170 175
Trp Gly Glu Ser Tyr Gln Leu Val Pro Leu Asn Asp Gln Gln Lys Ile
180 185 190
His Val Leu Gln Lys Asn Ala His Gln Arg Gly Ile Glu Leu Pro Asp
195 200 205
Glu Val Ala Asn Phe Leu Leu Lys Arg Leu Glu ArgAsp Met Lys Thr
210 215 220
Leu Phe Glu Ala Leu Ser Lys Leu Asp Lys Ala Ser Leu Gln Ala Gln
225 230 235 240
Arg Lys Leu Thr Ile Pro Phe Val Lys Glu Ile Leu Lys Leu
245 250
<210> 11
<211> 2060
<212> DNA
<213> Pasteurella multocida
<220>
<221> CDS
<222> (856)..(1389)
<220>
<223> dsbB
<400> 11
gaattcttct tacgtatgct ccagtcacg ttgccagttc tcatttggtg tttagtgacc 60

```

tgcttcttag tggaaaaatt tgggtgtat ttt ggctatggcg ccaaattgcc acgtaaagta 120
tggggcatct tggcaaagtt tgatcgcaat aatcaacaaa aaatgtcacg acaagatcgt 180
ttgaaacttt ttgtgcaagc ttttaattggg atttgggttg ttgttggact cgcattccat 240
ctcgccgccc tcggtatcat tggtttaacg gtgattat ttt tggctacttc attttgtggg 300
gtcaccagcg agcatgctat tggtaaagcc tttcaggaat ccttaccctt cacagcattg 360
ttagtgggtg tcttctcggt tgttgccgtc atcattgacc aacatctgtt tgcgccaatt 420
attcagtttg tgctggctgc cagtgaacat actcagcttg ctcttttcta tttttttaac 480
ggtttgttat cgcattttc agataatgtg tttgtggcca cagtttatat caatgaaacc 540
aaagcggcat tagaggctgg cttaattgct caaccacaat atgaattact ggcagtagca 600
attaataaccg gtaccaatct tccttctgtt gcaaccccaa atgggtcaagc cgcattctta 660
tttttattga cctcatcact ggcaccatta attcgtcttt cttatggtag aatggtttat 720
atggcattgc cttataccat cgtattatcc tgtattgggt tattgactgt ggaatatatt 780
ttgcctggcg caaccaatgt gctcattcaa attggtttat taaaaccaat gtaatgacaa 840
gtaaaaggag gaaac atg cta agc ttt ttt aag aca ctc tca aca aaa cga 891
Met Leu Ser Phe Phe Lys Thr Leu Ser Thr Lys Arg
      1           5           10
agt gca tgg ttt cta ttg ttt agc tca gct tta cta tta gag gct atc 939
Ser Ala Trp Phe Leu Leu Phe Ser Ser Ala Leu Leu Leu Glu Ala Ile
      15           20           25
gct ctt tat ttt caa cat ggc atg ggg ctc gcc cct tgt gtc atg tgt 987
Ala Leu Tyr Phe Gln His Gly Met Gly Leu Ala Pro Cys Val Met Cys
      30           35           40
att tac gag agg gta gct att ctt ggc att gct ttc tcc ggt tta ttg 1035
Ile Tyr Glu Arg Val Ala Ile Leu Gly Ile Ala Phe Ser Gly Leu Leu
      45           50           55           60
ggg tta ctc tac ccg agt tcg atg ctt ttg cgc ctt gtg gcg tta tta 1083
Gly Leu Leu Tyr Pro Ser Ser Met Leu Leu Arg Leu Val Ala Leu Leu
      65           70           75
att ggt tta agc agt gca atc aaa ggc tta atg att agc atc acc cat 1131
Ile Gly Leu Ser Ser Ala Ile Lys Gly Leu Met Ile Ser Ile Thr His
      80           85           90
tta gat cta caa ctt tac cct gca cct tgg aaa caa tgt tca gcg gtg 1179
Leu Asp Leu Gln Leu Tyr Pro Ala Pro Trp Lys Gln Cys Ser Ala Val
      95           100           105
gca gaa ttt ccc gag act tta ccc tta gat cag tgg ttt cct gca ctc 1227
Ala Glu Phe Pro Glu Thr Leu Pro Leu Asp Gln Trp Phe Pro Ala Leu
      110           115           120
ttc ctc cct tca ggc tca tgc agt gaa gta aca tgg caa ttt ctc ggc 1275
Phe Leu Pro Ser Gly Ser Cys Ser Glu Val Thr Trp Gln Phe Leu Gly
      125           130           135           140
ttt tct atg gtg caa tgg atc gtc gtc att ttt gca ctc tat acc tta 1323
Phe Ser Met Val Gln Trp Ile Val Val Ile Phe Ala Leu Tyr Thr Leu
      145           150           155
tta ctt gct ctc att ttc atc agc caa gtc aaa cgt cta aaa ccc aag 1371
Leu Leu Ala Leu Ile Phe Ile Ser Gln Val Lys Arg Leu Lys Pro Lys
      160           165           170
cag cgc aga ctc ttt cat taagtcataa aaaatgggtgc gataaagcac 1419
Gln Arg Arg Leu Phe His
      175
catttttcat ttctcggtcg gtatagatta aatttcttgc acgacaaact gcagggaatg 1479

```

tcttgctaataatccttgctttacgctgctttaagcggttttaaacgtaatgcgcgtccttg 1539
 tgataaacgatataattttttgtcggcttcaaaaagcttttacgtctcgccatactctt 1599
 cctcttattgtgcgttacggttgcgctaacgtatccgtttctttcttgatttcgttga 1659
 tgttttctatttcggcggttgtgtatcta atgtttcttc aatttgtgcttgctgtaccc 1719
 gataataatgcacaatgctgttcatataacgacggatattttccacatagtatatgctt 1779
 catagcctcgcgcataccgtattttaacc cgtgttaatagcgtttttctgctaatagtg 1839
 gcaaattcttcttcacatctaaccaattatcgggatcaccacctaggctcttggttaaacc 1899
 ggcgcgcatc taacaaatgc cctaattcca tattatacgc cgctaaggca aaccaaatac 1959
 gctcatcttc tttaatcgta tcaggcatttgcgtaataagccaatgtaaa tattctgaac 2019
 cggctttaatactttgttccggatccgttctgtcttgaatt 2060

<210> 12

<211> 178

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 12

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

Phe His

<210> 13

<211> 4426

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (2756)..(3211)

<220>

<223> exbB

<400> 13

gaattcttga cctgggtgtga ggcttttatt gacttccacc ccaattgcgc gttctttcac 60
 ttattataata aagtcacgta ccactggtaa cgccacatcc gcttctaata atgccatgcg 120

gacttcacgt agcgtttccct taatattgtc atcagttaaa cgtccacgtc cactaatgtt 180
acgtagcggtt ttgacaagc gatccgacaa attctcaaac atgcaatctt cctatttaaat 240
ctcgaaaaaa ttgccctaata tatactgaaa tcccatagat ttctatcctt tgtaataaaat 300
ttatagcgat ttcacagtga gaaagttaga atggacggag aacaaagggtg aggggaatttc 360
aatgtggctt tcaatttttt ccggtgtttt ttatctattg agtgtcttac tcattacccc 420
tatgttggtt aaaattcaag cgggcgaacc cgcacgggtt cccaatagga tgcctttttt 480
aacggcagca ttactcgcca ttcttctgca ctttatcaat cttattcctc tttttaccga 540
tttaaccagc ggtcaaaatt tctcgggttat cgaaatcagt tccttaatca gtgttatgac 600
agcaacgatc gccacattag cgtttttatt tcgcatacac actttatggt ttttattacc 660
gattatttat tctttcgcca tcattaatct ggctcctcagt acctaatgc cggcgcatatt 720
tttatatcat cttaatcaag atatgggctt atttattcat gtaggcttat cactgttgac 780
ttattcggtc tgttcgattg tcgcgttata ttccattcag ttagtttgga tcgatcgcgc 840
cttaaaaaat aaaaaactgc ctttttcacc aatgattcca ccgttaatga ccgtagagcg 900
ccattttttt cgtttaatgc tgataggtga aatattactc acgattgtcc tcatttcagg 960
gagctaccat ttatcgaaaa cctttgcccc acaagacatc cagaaagctg ttttttcttt 1020
cttggcttgg atagtctttg ggagtgcact gggttggtcat tggaaagctcc attggcgtgg 1080
aaaaaaagtg gtgtattatg cgcttttagg tatcattctc ctgactatcg cctatttttg 1140
tagtcgtgta atgcttgaaa tataaacaag atttatttat gctacgccat agtaaaagtg 1200
cggttcaaaa aacgaaaaaa tgaccgcact tttcgatttt tgattaactc gcaaaaaggat 1260
gcatttttga cagtattccc cttagtacc tctttattac actcatcatc ttattgatca 1320
tctctgctta tttttcaggc tctgaaaccg gtttggtgtc tgccaatcgt tatcgactac 1380
gccatttagc cgaaaaaggg catagagggtg cgaaaaaagc ggaaaaatta ctgaaaaaaa 1440
cagatgtttt gcttagcctg attttaattt gtaataactt agtcaatatt actgcttctg 1500
ccattaccac gattatcggc atgcgcttat atggcgatgc gggagtcgcc attgcaactg 1560
gggcattaac ctttgtgatg cttatttttt ccgaaatttt gccgaaaact atcgccgcc 1620
gttatccaga aaaagtggca ttcacgtcca gtcatttggt gtccgttttt ctgcgacttt 1680
ttaccccgct ggtctattta atgaatttaa ttattcaggg gattttggca ctattacgtc 1740
taaaatcaga taataaatca acctcattaa gccagagga attacgttcc atcgtaaatg 1800
aatcaggtaa atttattcct tccgccacc aagaaatgct gttatctatt ttggatttag 1860
aaggggtcac cgtagatgac attatggtgc cacgtaatga cattgggggt attgatattg 1920
acgatgattg gaaagccatt atgcgtcaac ttaaccatgc agcgcacggg cgtgttgtag 1980
tgtataaagg aaatatggat gaaaatattt tggggatggt acgtgtacgt gaagcctatc 2040
gcttaatgct cgataaaaat gaatttaaca aagaaacttt aatccgtgcc gccgatgaag 2100
tgtattttat tcctgaagggt acgccactga atagccaatt attaaatttc cgcaacaata 2160
aagaaaggat tgggttaggt gtagatgaat atggtgatat taaaggctta gtcaccttag 2220
aagatatctt agaagagatt gtcggtgaat ttaccacttc aacagcccca tcaattaacg 2280
atgaagtatt cccacaatca gacggttcgc ttatcattga gggatccgcc aattttacgtg 2340
atttgaataa attatttgac tggaatctcg ataccgaaga tgcacgtacc ttcaacggct 2400
taattttaga gcatttagaa gaaattccag aagaaggaa ggtatgtgaa attaatgggc 2460
tacaatcac gattctagaa gtgaatgaca acatgattaa acaagccaaa gtcattaaac 2520
tttaattcaa catctggcta agcgatgtca tcaagacatc gcttttttat tccgtacatg 2580
aatgtttgat ccaacacaac atttattcaa cattggataa ataatcatcc taaatcgac 2640
gaatttctta tttacccgt ttttggtttt tgctagaatc ttgcaattga aattaattct 2700
caataccgta taatgttcaa cattattttg cgatacaaat taaaggatta ttaaa atg 2758

Met

1

cca caa tta ttc caa ttc tta caa caa tat att gat tac att att cta 2806
Pro Gln Leu Phe Gln Phe Leu Gln Gln Tyr Ile Asp Tyr Ile Ile Leu

5

10

15

ggc tta ctt gcc ttc atg agc ttt att atg gtt tgg ctt gtg att gaa 2854

Gly Leu Leu Ala Phe Met Ser Phe Ile Met Val Trp Leu Val Ile Glu
20 25 30
cgc ttt ctt ttc tta agt cgc gtc aac gtg gca tct tat gaa agc ata 2902
Arg Phe Leu Phe Leu Ser Arg Val Asn Val Ala Ser Tyr Glu Ser Ile
35 40 45
cat gaa tta gac att gac tta caa cgc cac ctc aca gct atc tct aca 2950
His Glu Leu Asp Ile Asp Leu Gln Arg His Leu Thr Ala Ile Ser Thr
50 55 60 65
atc ggt tct aat gca cct tat gta ggt ttg ctt ggt acc gtc att ggt 2998
Ile Gly Ser Asn Ala Pro Tyr Val Gly Leu Leu Gly Thr Val Ile Gly
70 75 80
att ctc tta act ttc tat gaa tta ggt cac tcc ggt ggc gat att gat 3046
Ile Leu Leu Thr Phe Tyr Glu Leu Gly His Ser Gly Gly Asp Ile Asp
85 90 95
gcg gcg gcc att atg gtg cac tta tca tta gcc tta aaa gcc aca gca 3094
Ala Ala Ala Ile Met Val His Leu Ser Leu Ala Leu Lys Ala Thr Ala
100 105 110
gta ggt att tta gtc gcc att cct gca atg gtg tgt tac aac ggt tta 3142
Val Gly Ile Leu Val Ala Ile Pro Ala Met Val Cys Tyr Asn Gly Leu
115 120 125
gga cgt aaa gtc gaa gtt aat cgt ttg aaa tgg ttt gcc tta aat gag 3190
Gly Arg Lys Val Glu Val Asn Arg Leu Lys Trp Phe Ala Leu Asn Glu
130 135 140 145
aaa aaa gcc aaa caa caa gca tagggagccg tcatgaaaaa gtttgatgaa 3241
Lys Lys Ala Lys Gln Gln Ala
150
atcaacatta tcccttttat tgacatcatg ttggtactat tggctatcgt tctgattaca 3301
gcctctttta tttcacaagg taaaatccaa gtgaatgtac caaaagcaag ttcaacagtt 3361
gcgtttcgtt cagatgattt agccaaattg ctgactatta cggaaagcgg tgaaattttt 3421
tatcacgata aaccgattac gatagaggca ttggaacaag aaatcagtaa ttgggaaaaa 3481
gatcaaaaag tcaccttgaa ggtagatgca aaatccagtt tccaagattt cgtttctatc 3541
actgatatta tggctaaaaa tgaaattaaa aatgtcgcta tcgtgacggt taaagaaaag 3601
gcatctcaat gatagataaa agtcgttctt gcatcgggtt tgcaatttca ttgctttttc 3661
acgcaagttt tgtctctttc ctgtatttga ttgtacaaaa agacgatgac agcgcgaaatg 3721
gatttgctgc cgatatcatc tcaactcata tttccatgga aatgctggcg gctaccgttt 3781
tagaagaacc agagccggaa ccagagccgg cgctccgggt agtagaacct gaactgcaa 3841
aagaagtagt cgcagatccg acggtaaaaac ctgagccacc aaaagaacc gaaaaaccaa 3901
aagagcctga aaagccaaaa gagaaaccga aagaaaaacc aaaagaaaag ccgaaaaaac 3961
cgaagaaaga acaacgtgat ttaccaaagt cagatcgcca aattgattct aattcatcga 4021
tcaatcaaca agcgaccaca acaggcaaca tcacaaccaa taatccgaat ctggtcggta 4081
aaghtaatac cacagatgaa gtcaatgctt atcgctcggc ttacgcaga gaaattgaaa 4141
aacataaacg ctatccaaac cgtgcacgca tgatgcgcaa acaaggtgtg gtaacaatca 4201
cgttccatct taataatgcc ggcgtaatta gtaatgcgcg aatcagcaaa tcttcgggt 4261
cagaagaatt agataacgct gcactggtag ctgtcaataa tgcccgtcca attggtccac 4321
tgctgttg tatgccaat gaagtgcg ttcctgtcag tttcagaatc acaaattaaa 4381
aaagtgcgg aaattttacc gcactttttt ctctctatta gaatt 4426
<210> 14
<211> 152
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida

<400> 14

```

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

```

<210> 15

<211> 6876

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (534)..(6863)

<220>

<223> fhaB1

<400> 15

```

agatgcgtga tctgatacct caactcagca aaagttcgtat ttattcaaca aagccgccgt 60
cccgtcaagt cagcgtaatg tctgccagtg ttacaccaat taaccaattc tgattagaaa 120
aactcatcga gcatcaaag aaactgcaat ttattcatat caggattatc aataccatat 180
ttttgaaaaa gccgtttctg taatgaagga gaaaactcac cgaggcagtt ccataggatg 240
gcaagatcct ggtatcggtc tgcgattccg actcgtccaa catcaatata acctattaat 300
ttcccctcgt caaaaataag gttatcaagt gagaaatcac catgagtgac gactgaatcc 360
ggtgagaatg gcaaaagctt atgcatttct ttccagactt gttcaacagg ccagccatta 420
cgctcgtcat caaaatcact cgcataacc aaaccgttat tcattcgtga ttgctgctga 480
gcgagacgaa atacgcgata gctgttaaaa ggacaattac aaacaggaat cga atg 536
                                         Met
                                         1
caa ccg gcg cag gaa cac tgc cag cgc atc aac aat att gtt aac caa 584
Gln Pro Ala Gln Glu His Cys Gln Arg Ile Asn Asn Ile Val Asn Gln
          5           10           15
gaa aac ggt tta ttc cat aca ctc ggt aat atg atg tta gaa gca gag 632
Glu Asn Gly Leu Phe His Thr Leu Gly Asn Met Met Leu Glu Ala Glu
          20           25           30
cgt tct gtt tat aat att ggc gat att tat gcg agt aaa aaa tta aca 680
Arg Ser Val Tyr Asn Ile Gly Asp Ile Tyr Ala Ser Lys Lys Leu Thr

```

35	40	45	
gtt cat act cat aat ttg att aat gat gtg cgt tta tct ggc aat gtg	728		
Val His Thr His Asn Leu Ile Asn Asp Val Arg Leu Ser Gly Asn Val			
50	55	60	65
agt tat aag cct atc ggt tca agt cgt gat tat gat atc agt cgt gtt	776		
Ser Tyr Lys Pro Ile Gly Ser Ser Arg Asp Tyr Asp Ile Ser Arg Val			
70	75	80	
gcg gta cat ggt tgg cac aat aat gtt tat aag ctc aac tta aat ctg	824		
Ala Val His Gly Trp His Asn Asn Val Tyr Lys Leu Asn Leu Asn Leu			
85	90	95	
caa gaa caa gat aaa acc gat att aaa gtt gtg aaa atg ggg gct atc	872		
Gln Glu Gln Asp Lys Thr Asp Ile Lys Val Val Lys Met Gly Ala Ile			
100	105	110	
cgt tct gat ggt gat ttt gac ttt aag gga ata aag gcg aca tca tca	920		
Arg Ser Asp Gly Asp Phe Asp Phe Lys Gly Ile Lys Ala Thr Ser Ser			
115	120	125	
gaa tca aaa ccg cag tta att aat cat gga tta att aat gtc aaa gga	968		
Glu Ser Lys Pro Gln Leu Ile Asn His Gly Leu Ile Asn Val Lys Gly			
130	135	140	145
aca ttt aat gcg gaa gct gat caa gtg gtg aac caa atg aaa gcg ttt	1016		
Thr Phe Asn Ala Glu Ala Asp Gln Val Val Asn Gln Met Lys Ala Phe			
150	155	160	
aac caa aat gca tta gca agc gtg ttt aag aat cca gcg aaa atc acg	1064		
Asn Gln Asn Ala Leu Ala Ser Val Phe Lys Asn Pro Ala Lys Ile Thr			
165	170	175	
atg tac tat caa cca ctt act cgt tat att tgg aca cca tta tcg ggt	1112		
Met Tyr Tyr Gln Pro Leu Thr Arg Tyr Ile Trp Thr Pro Leu Ser Gly			
180	185	190	
aat gca tcg cgt gaa ttt aac aat tta gag tct ttc ctc gat gcc ttg	1160		
Asn Ala Ser Arg Glu Phe Asn Asn Leu Glu Ser Phe Leu Asp Ala Leu			
195	200	205	
ttt ggc tca aca aca atc tta aaa tca agt ttc tat agt acg gaa aat	1208		
Phe Gly Ser Thr Thr Ile Leu Lys Ser Ser Phe Tyr Ser Thr Glu Asn			
210	215	220	225
ttt agt gct tat cag ctt cta tct cat att cag cat tca cca atg tac	1256		
Phe Ser Ala Tyr Gln Leu Leu Ser His Ile Gln His Ser Pro Met Tyr			
230	235	240	
caa aaa gcg atg gca caa gtg ttt ggt gca gag tgg cat agt aaa tcc	1304		
Gln Lys Ala Met Ala Gln Val Phe Gly Ala Glu Trp His Ser Lys Ser			
245	250	255	
tat gat gag atg cga aac aaa tgg aaa agc ttt aaa gaa aat cca aca	1352		
Tyr Asp Glu Met Arg Asn Lys Trp Lys Ser Phe Lys Glu Asn Pro Thr			
260	265	270	
gat ttc att tat tac cca tca gaa aaa gca aaa atc cta gcg gga aaa	1400		
Asp Phe Ile Tyr Tyr Pro Ser Glu Lys Ala Lys Ile Leu Ala Gly Lys			
275	280	285	
cta gaa ggt aag ctt aca acg cta caa aat ggt gaa tat gcc gaa cgt	1448		
Leu Glu Gly Lys Leu Thr Thr Leu Gln Asn Gly Glu Tyr Ala Glu Arg			
290	295	300	305
ggt aag ttt gat gag agt atc caa att ggt aaa cac caa tta tcg cta	1496		

Gly	Lys	Phe	Asp	Glu	Ser	Ile	Gln	Ile	Gly	Lys	His	Gln	Leu	Ser	Leu	
				310					315					320		
cca	tca	gta	gag	ctt	aaa	gcg	gag	ttt	agt	gat	aaa	gaa	cgt	ttg	gaa	1544
Pro	Ser	Val	Glu	Leu	Lys	Ala	Glu	Phe	Ser	Asp	Lys	Glu	Arg	Leu	Glu	
			325					330					335			
gag	gac	ggg	gta	gat	tta	tcc	tcg	atc	gcc	gaa	ctc	tta	gaa	atg	cca	1592
Glu	Asp	Gly	Val	Asp	Leu	Ser	Ser	Ile	Ala	Glu	Leu	Leu	Glu	Met	Pro	
		340					345					350				
aac	tta	ttt	att	gat	aat	agt	atc	caa	tta	gaa	aag	aaa	aag	ttg	tct	1640
Asn	Leu	Phe	Ile	Asp	Asn	Ser	Ile	Gln	Leu	Glu	Lys	Lys	Lys	Leu	Ser	
	355					360				365						
cct	att	gag	gat	cta	gat	gaa	gaa	cca	cgt	aaa	aat	ctg	gat	ata	gaa	1688
Pro	Ile	Glu	Asp	Leu	Asp	Glu	Glu	Pro	Arg	Lys	Asn	Leu	Asp	Ile	Glu	
370						375				380					385	
gaa	agc	cat	tct	aat	tca	tcg	gat	gac	gtg	ctt	agc	atg	aat	gat	gat	1736
Glu	Ser	His	Ser	Asn	Ser	Ser	Asp	Asp	Val	Leu	Ser	Met	Asn	Asp	Asp	
			390					395					400			
gag	tct	gat	aca	gac	gat	agc	aag	tgg	agt	atg	ggc	aat	gat	gag	aaa	1784
Glu	Ser	Asp	Thr	Asp	Asp	Ser	Lys	Trp	Ser	Met	Gly	Asn	Asp	Glu	Lys	
		405						410					415			
gag	atg	ccc	gat	gat	aag	ctg	ggt	ata	agt	cgt	gat	gat	cgt	gga	aat	1832
Glu	Met	Pro	Asp	Asp	Lys	Leu	Gly	Ile	Ser	Arg	Asp	Asp	Arg	Gly	Asn	
		420					425					430				
aaa	cca	cct	cgt	act	gat	cct	aca	ggt	gat	tat	ctt	aac	cct	gat	gaa	1880
Lys	Pro	Pro	Arg	Thr	Asp	Pro	Thr	Val	Asp	Tyr	Leu	Asn	Pro	Asp	Glu	
	435					440				445						
ttc	ttt	gaa	aat	ggt	tat	ctc	ttg	aat	gag	cta	cta	cag	gag	ctt	gga	1928
Phe	Phe	Glu	Asn	Gly	Tyr	Leu	Leu	Asn	Glu	Leu	Leu	Gln	Glu	Leu	Gly	
450						455				460					465	
gaa	gag	ccg	tta	cta	aaa	gaa	ggg	gaa	gat	cat	ttt	aaa	cgt	tct	acc	1976
Glu	Glu	Pro	Leu	Leu	Lys	Glu	Gly	Glu	Asp	His	Phe	Lys	Arg	Ser	Thr	
			470					475					480			
aat	cta	gtc	cgt	cta	ggc	gag	aga	gat	agg	caa	aat	aga	gaa	aag	aga	2024
Asn	Leu	Val	Arg	Leu	Gly	Glu	Arg	Asp	Arg	Gln	Asn	Arg	Glu	Lys	Arg	
		485						490					495			
gaa	aaa	gag	ggg	tat	ttt	gat	ctg	cct	ggt	aca	tta	gat	atg	aaa	ctg	2072
Glu	Lys	Glu	Gly	Tyr	Phe	Asp	Leu	Pro	Gly	Thr	Leu	Asp	Met	Lys	Leu	
		500					505					510				
cag	gag	tta	ttc	gaa	aaa	aga	aaa	caa	aaa	cac	gaa	gca	gaa	cag	aaa	2120
Gln	Glu	Leu	Phe	Glu	Lys	Arg	Lys	Gln	Lys	His	Glu	Ala	Glu	Gln	Lys	
	515					520				525						
gca	aga	ata	gaa	aaa	gca	ctt	cta	caa	aaa	tca	gaa	caa	caa	gaa	aaa	2168
Ala	Arg	Ile	Glu	Lys	Ala	Leu	Leu	Gln	Lys	Ser	Glu	Gln	Gln	Glu	Lys	
530					535					540					545	
cgt	gtt	gaa	gaa	cgt	aag	caa	gag	gaa	aaa	cgt	caa	gcg	caa	gat	aaa	2216
Arg	Val	Glu	Glu	Arg	Lys	Gln	Glu	Glu	Lys	Arg	Gln	Ala	Gln	Asp	Lys	
			550					555					560			
att	gct	aag	caa	gta	gaa	att	gca	aaa	gaa	atg	caa	cgg	gta	gaa	gaa	2264
Ile	Ala	Lys	Gln	Val	Glu	Ile	Ala	Lys	Glu	Met	Gln	Arg	Val	Glu	Glu	
		565						570					575			

att cgc cag aga gaa aaa caa ctt gcg atc caa ctg caa gaa gaa gag	2312
Ile Arg Gln Arg Glu Lys Gln Leu Ala Ile Gln Leu Gln Glu Glu Glu	
580 585 590	
aag aaa caa caa gaa gaa aaa cat tta tcc gag gag aaa aaa caa gct	2360
Lys Lys Gln Gln Glu Glu Lys His Leu Ser Glu Glu Lys Lys Gln Ala	
595 600 605	
gaa cag aaa caa aaa gct gag gag aaa gtt gca caa gaa aga tta gac	2408
Glu Gln Lys Gln Lys Ala Glu Glu Lys Val Ala Gln Glu Arg Leu Asp	
610 615 620 625	
att gaa caa cag aaa gcg tat gaa gaa atg gcg aag cga gag gca gag	2456
Ile Glu Gln Gln Lys Ala Tyr Glu Glu Met Ala Lys Arg Glu Ala Glu	
630 635 640	
gca tca aaa aat gtt tta ttg aaa gcg att gat gaa gaa cgt cca aaa	2504
Ala Ser Lys Asn Val Leu Leu Lys Ala Ile Asp Glu Glu Arg Pro Lys	
645 650 655	
gtg gaa act gat cca ctt ttc cgt aca aaa ttg aaa tat atc aat caa	2552
Val Glu Thr Asp Pro Leu Phe Arg Thr Lys Leu Lys Tyr Ile Asn Gln	
660 665 670	
gat gac tat gct ggt gca aat tat ttc ttc aat aaa gtt ggt tta aat	2600
Asp Asp Tyr Ala Gly Ala Asn Tyr Phe Phe Asn Lys Val Gly Leu Asn	
675 680 685	
aca aaa ggt cat caa aaa gta aat gtg tta ggg gat aac tat ttt gat	2648
Thr Lys Gly His Gln Lys Val Asn Val Leu Gly Asp Asn Tyr Phe Asp	
690 695 700 705	
cat caa gtg att act cgc tcg att gag aaa aaa gta gat aac cac ctt	2696
His Gln Val Ile Thr Arg Ser Ile Glu Lys Lys Val Asp Asn His Leu	
710 715 720	
aac caa aaa tac aat ctc agc gat gtg gaa tta gtt aaa cag ctg atg	2744
Asn Gln Lys Tyr Asn Leu Ser Asp Val Glu Leu Val Lys Gln Leu Met	
725 730 735	
gac aat tcc aca aca caa gcg cag gag ttg gat ttg aaa cta ggt gcg	2792
Asp Asn Ser Thr Thr Gln Ala Gln Glu Leu Asp Leu Lys Leu Gly Ala	
740 745 750	
gca tta act aaa gaa caa caa gct aac ttg acc caa gat atc gtt tgg	2840
Ala Leu Thr Lys Glu Gln Gln Ala Asn Leu Thr Gln Asp Ile Val Trp	
755 760 765	
tat gtc aaa acg aag gta aag ggc aaa gat gtg ttt gtt cca aag gtt	2888
Tyr Val Lys Thr Lys Val Lys Gly Lys Asp Val Phe Val Pro Lys Val	
770 775 780 785	
tat ttc gct tct gaa acg ctc gta gaa gcc caa aaa tta caa ggt tta	2936
Tyr Phe Ala Ser Glu Thr Leu Val Glu Ala Gln Lys Leu Gln Gly Leu	
790 795 800	
ggc act ggg act atc aga gtt ggt gaa gct aag att aaa gcc aaa gat	2984
Gly Thr Gly Thr Ile Arg Val Gly Glu Ala Lys Ile Lys Ala Lys Asp	
805 810 815	
gtg gtg aat acc ggg aca tta gct ggg aga aaa ctc aat gtt gaa gcg	3032
Val Val Asn Thr Gly Thr Leu Ala Gly Arg Lys Leu Asn Val Glu Ala	
820 825 830	
agt aat aaa atc aaa aat caa ggg agt atc tta agt act caa gaa aca	3080
Ser Asn Lys Ile Lys Asn Gln Gly Ser Ile Leu Ser Thr Gln Glu Thr	

835	840	845	
cgt tta gtc ggg cgt aaa ggt att gaa aac gta tct cgt tca ttt gca			3128
Arg Leu Val Gly Arg Lys Gly Ile Glu Asn Val Ser Arg Ser Phe Ala			
850	855	860	865
aat gat gaa tta gga gtc act gca caa cgc tca gaa atc aaa acg gaa			3176
Asn Asp Glu Leu Gly Val Thr Ala Gln Arg Ser Glu Ile Lys Thr Glu			
870	875	880	
ggg cat tta cat ctt gaa aca gat aag gat tca act att gat gta caa			3224
Gly His Leu His Leu Glu Thr Asp Lys Asp Ser Thr Ile Asp Val Gln			
885	890	895	
gca tcg gat att aaa gca aaa aca agc ttt gtg aag act ggt gat gtg			3272
Ala Ser Asp Ile Lys Ala Lys Thr Ser Phe Val Lys Thr Gly Asp Val			
900	905	910	
aat ctc aaa aat aca tac aat act aaa cat gcc tac cgt gag aaa ttc			3320
Asn Leu Lys Asn Thr Tyr Asn Thr Lys His Ala Tyr Arg Glu Lys Phe			
915	920	925	
tcg ccg agt gca cta caa gtt gca gaa ctt gat gtg gca ggg ctt aaa			3368
Ser Pro Ser Ala Leu Gln Val Ala Glu Leu Asp Val Ala Gly Leu Lys			
930	935	940	945
gtc cca ctt tta ggc gtg tcg tct cca tcc agt tat tca gag cat act			3416
Val Pro Leu Leu Gly Val Ser Ser Pro Ser Ser Tyr Ser Glu His Thr			
950	955	960	
agt gag gca act tca gag gga tca atc ttc gaa gta ggg cac tta cat			3464
Ser Glu Ala Thr Ser Glu Gly Ser Ile Phe Glu Val Gly His Leu His			
965	970	975	
ctt gcg gta gac aga gat gtg aac caa gcg ggg agt aaa att aag gct			3512
Leu Ala Val Asp Arg Asp Val Asn Gln Ala Gly Ser Lys Ile Lys Ala			
980	985	990	
aag tat acc act ggt gtt gtg aaa ggg aac ttt aat act gaa gcg ggc			3560
Lys Tyr Thr Thr Gly Val Val Lys Gly Asn Phe Asn Thr Glu Ala Gly			
995	1000	1005	
aag aat att aaa cat gtc gaa aaa gaa gaa tat agt tca cag cta ttt			3608
Lys Asn Ile Lys His Val Glu Lys Glu Glu Tyr Ser Ser Gln Leu Phe			
1010	1015	1020	1025
gct tca gca cac gcg agt ggt ggt ggc acc tca gtt cgt tat gac tat			3656
Ala Ser Ala His Ala Ser Gly Gly Gly Thr Ser Val Arg Tyr Asp Tyr			
1030	1035	1040	
aac agc caa gat ggt ggc aat gcc tct gtt ggt gtt ccg aca aac cat			3704
Asn Ser Gln Asp Gly Gly Asn Ala Ser Val Gly Val Pro Thr Asn His			
1045	1050	1055	
act gga gtt ggg gca gag gca gga atg tca ttc acc cat acc aaa gac			3752
Thr Gly Val Gly Ala Glu Ala Gly Met Ser Phe Thr His Thr Lys Asp			
1060	1065	1070	
aaa gaa aca ctg ctc act cac acc aat agt gaa tta caa gtc aaa cat			3800
Lys Glu Thr Leu Leu Thr His Thr Asn Ser Glu Leu Gln Val Lys His			
1075	1080	1085	
ggg aaa tta cat gtg ctt ggt tat gcc gat att ggt gga gta gat att			3848
Gly Lys Leu His Val Leu Gly Tyr Ala Asp Ile Gly Gly Val Asp Ile			
1090	1095	1100	1105
aat act aaa cta cca gaa gat gca caa agc aaa gca cag aaa gag ata			3896

Asn Thr Lys Leu Pro Glu Asp Ala Gln Ser Lys Ala Gln Lys Glu Ile	
1110 1115 1120	
gcg gct agc aag cca gag aag acc gag caa tct gca cag gat gtg gct	3944
Ala Ala Ser Lys Pro Glu Lys Thr Glu Gln Ser Ala Gln Asp Val Ala	
1125 1130 1135	
caa gct caa tca aat gcc aat aag gat aag gaa aat aaa gcc cca gaa	3992
Gln Ala Gln Ser Asn Ala Asn Lys Asp Lys Glu Asn Lys Ala Pro Glu	
1140 1145 1150	
ata aaa gaa tta tca gag gct gaa atc gcg gat ctc atg tca gaa aaa	4040
Ile Lys Glu Leu Ser Glu Ala Glu Ile Ala Asp Leu Met Ser Glu Lys	
1155 1160 1165	
tca aaa gcg tat ttt gat gat ttt gca gag caa gcg aaa aaa gca cct	4088
Ser Lys Ala Tyr Phe Asp Asp Phe Ala Glu Gln Ala Lys Lys Ala Pro	
1170 1175 1180 1185	
gaa aac aat cga ttt gaa ttg tct gcg aaa gaa att aag tcg agc aaa	4136
Glu Asn Asn Arg Phe Glu Leu Ser Ala Lys Glu Ile Lys Ser Ser Lys	
1190 1195 1200	
caa aaa gac caa tat gat cat gag tct gaa cgg acg act ttt aaa gtt	4184
Gln Lys Asp Gln Tyr Asp His Glu Ser Glu Arg Thr Thr Phe Lys Val	
1205 1210 1215	
gga cct gaa gcg gag gct cat tct gcg gtt gcc gat atg gtg agc cat	4232
Gly Pro Glu Ala Glu Ala His Ser Ala Val Ala Asp Met Val Ser His	
1220 1225 1230	
tta gtg aaa gaa tat aga gat gca caa aat ggg act aaa caa gac ggt	4280
Leu Val Lys Glu Tyr Arg Asp Ala Gln Asn Gly Thr Lys Gln Asp Gly	
1235 1240 1245	
aca gta gca tta caa cat gct agt gat gtc tta aat att gtg acg ggg	4328
Thr Val Ala Leu Gln His Ala Ser Asp Val Leu Asn Ile Val Thr Gly	
1250 1255 1260 1265	
gat tta gcg ggg agt tca gct aaa ttg tct gtt gaa aga aca cat gag	4376
Asp Leu Ala Gly Ser Ser Ala Lys Leu Ser Val Glu Arg Thr His Glu	
1270 1275 1280	
aca aaa cga acg aca gaa acg ggg gat att gtt act aag att ggt ggc	4424
Thr Lys Arg Thr Thr Glu Thr Gly Asp Ile Val Thr Lys Ile Gly Gly	
1285 1290 1295	
aat gtc aca ctg tca gca cgc agt ggt agt gtg aac ctt aaa aat gta	4472
Asn Val Thr Leu Ser Ala Arg Ser Gly Ser Val Asn Leu Lys Asn Val	
1300 1305 1310	
caa agt gat gaa caa gct aat ttg acc tta aga gca aaa gaa gat gtg	4520
Gln Ser Asp Glu Gln Ala Asn Leu Thr Leu Arg Ala Lys Glu Asp Val	
1315 1320 1325	
aat gtg ctg tct ggt gaa aaa aca cga gaa acc aca gaa aca gta tca	4568
Asn Val Leu Ser Gly Glu Lys Thr Arg Glu Thr Thr Glu Thr Val Ser	
1330 1335 1340 1345	
aga cag aaa ctt tct cat ggt gtg aac gca ggt tgc agt atg atg agt	4616
Arg Gln Lys Leu Ser His Gly Val Asn Ala Gly Cys Ser Met Met Ser	
1350 1355 1360	
ggc gcc tgt act gcc ggt gtt agc aca tca ctt gaa gga aat gaa agc	4664
Gly Ala Cys Thr Ala Gly Val Ser Thr Ser Leu Glu Gly Asn Glu Ser	
1365 1370 1375	

tat acg tca gaa cgt gaa acg gct caa aat aac agt ttc tta aaa gca	4712
Tyr Thr Ser Glu Arg Glu Thr Ala Gln Asn Asn Ser Phe Leu Lys Ala	
1380 1385 1390	
cgc aac atg aaa gtt gaa gca ggt cgc gat ttt aat gtt gtc agt tcg	4760
Arg Asn Met Lys Val Glu Ala Gly Arg Asp Phe Asn Val Val Ser Ser	
1395 1400 1405	
aat att gat gca gat aag ctc gat ctc cac gtt aaa gga aaa acg aat	4808
Asn Ile Asp Ala Asp Lys Leu Asp Leu His Val Lys Gly Lys Thr Asn	
1410 1415 1420 1425	
gtg gta tcc aaa caa gat acg tta caa aaa gtg acg cat gga gtt gac	4856
Val Val Ser Lys Gln Asp Thr Leu Gln Lys Val Thr His Gly Val Asp	
1430 1435 1440	
tat aat ctt tcc gct ggc gtt gca ctt tct agt gca aca att gct acc	4904
Tyr Asn Leu Ser Ala Gly Val Ala Leu Ser Ser Ala Thr Ile Ala Thr	
1445 1450 1455	
cca acc ggt aat gtt ggt ttc ggt tat acc aat gag acc gaa agc aag	4952
Pro Thr Gly Asn Val Gly Phe Gly Tyr Thr Asn Glu Thr Glu Ser Lys	
1460 1465 1470	
cgg acg gtt aat caa caa gca ggg att aaa gcg aat aaa att aca ggg	5000
Arg Thr Val Asn Gln Gln Ala Gly Ile Lys Ala Asn Lys Ile Thr Gly	
1475 1480 1485	
caa acg cat gac tta aat ctt gag ggg gga tat ctt gtc agc aac gat	5048
Gln Thr His Asp Leu Asn Leu Glu Gly Gly Tyr Leu Val Ser Asn Asp	
1490 1495 1500 1505	
aag gat aat cag ctg aaa gtt acc ggc gat gtc aca act aaa gcc ctt	5096
Lys Asp Asn Gln Leu Lys Val Thr Gly Asp Val Thr Thr Lys Ala Leu	
1510 1515 1520	
cac gat caa cat gat aaa gat ggt gga aca ttt ggt tta tct gtg ggt	5144
His Asp Gln His Asp Lys Asp Gly Gly Thr Phe Gly Leu Ser Val Gly	
1525 1530 1535	
atc agt gaa cgt ggt act acc gcc ttt aat gta cga ggt ggg cga gct	5192
Ile Ser Glu Arg Gly Thr Thr Ala Phe Asn Val Arg Gly Gly Arg Ala	
1540 1545 1550	
gaa cag aaa cac tat aat gca acg cag aaa tcc act ctt tct ggc gtg	5240
Glu Gln Lys His Tyr Asn Ala Thr Gln Lys Ser Thr Leu Ser Gly Val	
1555 1560 1565	
gat acc tct caa gcg aat gta tca ggt caa gtg aat aca gat tta acc	5288
Asp Thr Ser Gln Ala Asn Val Ser Gly Gln Val Asn Thr Asp Leu Thr	
1570 1575 1580 1585	
aag gca aaa gct gtc aca cgt gat gat act tac gca agt acg caa ttt	5336
Lys Ala Lys Ala Val Thr Arg Asp Asp Thr Tyr Ala Ser Thr Gln Phe	
1590 1595 1600	
agt ttt gaa gtg gca gat att gtg gaa tta gga cag aga gcg aaa aac	5384
Ser Phe Glu Val Ala Asp Ile Val Glu Leu Gly Gln Arg Ala Lys Asn	
1605 1610 1615	
aag ctg tca gca cca aac aat gac acc gat atg gcg tca ggc tcc aca	5432
Lys Leu Ser Ala Pro Asn Asn Asp Thr Asp Met Ala Ser Gly Ser Thr	
1620 1625 1630	
tta cgc tcg cgt tct act aca gaa gaa gca gat gta cca aca aca aga	5480
Leu Arg Ser Arg Ser Thr Thr Glu Glu Ala Asp Val Pro Thr Thr Arg	

1635	1640	1645	
tcg cgt gta acg gat gag gcg gat tct gta tcc gtg aaa aat ccg att			5528
Ser Arg Val Thr Asp Glu Ala Asp Ser Val Ser Val Lys Asn Pro Ile			
1650	1655	1660	1665
tat gaa agt gca gat gct gtt gta cca aca cca cgt agt aga aat gtg			5576
Tyr Glu Ser Ala Asp Ala Val Val Pro Thr Pro Arg Ser Arg Asn Val			
1670	1675	1680	
gac agt acc gat ctt gtg gac aat cca ctg tat gct agt gcc act aca			5624
Asp Ser Thr Asp Leu Val Asp Asn Pro Leu Tyr Ala Ser Ala Thr Thr			
1685	1690	1695	
aaa gca aac atc cat gat tat gaa gaa att cca gcc gtt tat agc aaa			5672
Lys Ala Asn Ile His Asp Tyr Glu Glu Ile Pro Ala Val Tyr Ser Lys			
1700	1705	1710	
gtc ggt gat aac aat gct gat ctt gtt cgt cat aaa acg gca act agt			5720
Val Gly Asp Asn Asn Ala Asp Leu Val Arg His Lys Thr Ala Thr Ser			
1715	1720	1725	
gat gag cat ctt tat gca gag att aat gaa cca aca tat agc cgt gtt			5768
Asp Glu His Leu Tyr Ala Glu Ile Asn Glu Pro Thr Tyr Ser Arg Val			
1730	1735	1740	1745
ggg gat aaa aat gca gat atg aga cgt cat aac gcg gca ggt aca aca			5816
Gly Asp Lys Asn Ala Asp Met Arg Arg His Asn Ala Ala Gly Thr Thr			
1750	1755	1760	
gac tat gcc gat gtc gtg caa gca cat aca aga aag gca gat gat cca			5864
Asp Tyr Ala Asp Val Val Gln Ala His Thr Arg Lys Ala Asp Asp Pro			
1765	1770	1775	
cta cca gca tta ccg aat cag ggt aaa gca aga acg gta aac gac ggt			5912
Leu Pro Ala Leu Pro Asn Gln Gly Lys Ala Arg Thr Val Asn Asp Gly			
1780	1785	1790	
tca gag cat att tat act gat att agc gac gtg ggc act caa act aaa			5960
Ser Glu His Ile Tyr Thr Asp Ile Ser Asp Val Gly Thr Gln Thr Lys			
1795	1800	1805	
gct att gat agt act tat gca aca gta ggc atg ccg aaa gcg aat gcc			6008
Ala Ile Asp Ser Thr Tyr Ala Thr Val Gly Met Pro Lys Ala Asn Ala			
1810	1815	1820	1825
gtt aac ttg ata ggg caa aat ggc tta ggc agc att tat cac agc cca			6056
Val Asn Leu Ile Gly Gln Asn Gly Leu Gly Ser Ile Tyr His Ser Pro			
1830	1835	1840	
gac agt gct tat aaa aca tgg caa ttg ctt gat caa ttt gcc aac aaa			6104
Asp Ser Ala Tyr Lys Thr Trp Gln Leu Asp Gln Phe Ala Asn Lys			
1845	1850	1855	
ggc gga gat gcg gtc ttc tta cgc cct gca aca gaa atg aaa tgt gca			6152
Gly Gly Asp Ala Val Phe Leu Arg Pro Ala Thr Glu Met Lys Cys Ala			
1860	1865	1870	
ggg gca cct tta aaa tat acc ttt atc gtg cgt gat tat ttg ctc aga			6200
Gly Ala Pro Leu Lys Tyr Thr Phe Ile Val Arg Asp Tyr Leu Leu Arg			
1875	1880	1885	
cgc cat acc tta gat aaa tca aga tta ttt tat aac gca cat aat aaa			6248
Arg His Thr Leu Asp Lys Ser Arg Leu Phe Tyr Asn Ala His Asn Lys			
1890	1895	1900	1905
acc tta ttt agc gtg cct atc gtt gat gca aaa gtc aaa atg ctg ttt			6296

Thr Leu Phe Ser Val Pro Ile Val Asp Ala Lys Val Lys Met Leu Phe
1910 1915 1920
gct gaa aaa aat atc caa gtc aat tac gat cgt agc ctt aca gcc att 6344
Ala Glu Lys Asn Ile Gln Val Asn Tyr Asp Arg Ser Leu Thr Ala Ile
1925 1930 1935
gat ctg agt aaa cgt att gcg acc tt aat agc cca gaa gga gtt gta 6392
Asp Leu Ser Lys Arg Ile Ala Thr Phe Asn Ser Pro Glu Gly Val Val
1940 1945 1950
gaa gtc cct tat gat ttt att aat gtg gta cct cca atg cga gca cct 6440
Glu Val Pro Tyr Asp Phe Ile Asn Val Val Pro Pro Met Arg Ala Pro
1955 1960 1965
gat gcc gtt cgt caa tca gca ctc gcg tgg caa gaa gga aaa tgg gct 6488
Asp Ala Val Arg Gln Ser Ala Leu Ala Trp Gln Glu Gly Lys Trp Ala
1970 1975 1980 1985
aac gat ggt tgg gtt gaa gta gaa aaa cat acc ttg cgt cac cgt cgt 6536
Asn Asp Gly Trp Val Glu Val Glu Lys His Thr Leu Arg His Arg Arg
1990 1995 2000
tat gcc aat gtg ttt gct gtg ggt gat gtg gca ggg gtc cca aaa ggc 6584
Tyr Ala Asn Val Phe Ala Val Gly Asp Val Ala Gly Val Pro Lys Gly
2005 2010 2015
aaa acg gct gcc agt gtc aaa tgg caa gtt cct gtt gca gtg gca cat 6632
Lys Thr Ala Ala Ser Val Lys Trp Gln Val Pro Val Ala Val Ala His
2020 2025 2030
tta ctc gca gaa tta gag ggc aaa cct tgt gat gaa att tac aac ggt 6680
Leu Leu Ala Glu Leu Glu Gly Lys Pro Cys Asp Glu Ile Tyr Asn Gly
2035 2040 2045
tat aca tct tgt cca tta att act caa tta gga aag ggg atg cta gta 6728
Tyr Thr Ser Cys Pro Leu Ile Thr Gln Leu Gly Lys Gly Met Leu Val
2050 2055 2060 2065
gaa ttt gat tat aac aac cac tta aca cct tct ttc ccc ggt gta ata 6776
Glu Phe Asp Tyr Asn Asn His Leu Thr Pro Ser Phe Pro Gly Val Ile
2070 2075 2080
gcg cca tta gaa gaa ctg tgg gca aca tgg gca att aaa aca tta ggt 6824
Ala Pro Leu Glu Glu Leu Trp Ala Thr Trp Ala Ile Lys Thr Leu Gly
2085 2090 2095
tta aaa ccc act tat tta ggt atg tta cgt gga tta gct taaggagcgt 6873
Leu Lys Pro Thr Tyr Leu Gly Met Leu Arg Gly Leu Ala
2100 2105 2110
tga 6876
<210> 16
<211> 2110
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida
<400> 16
Met Gln Pro Ala Gln Glu His Cys Gln Arg Ile Asn Asn Ile Val Asn
1 5 10 15
Gln Glu Asn Gly Leu Phe His Thr Leu Gly Asn Met Met Leu Glu Ala
20 25 30
Glu Arg Ser Val Tyr Asn Ile Gly Asp Ile Tyr Ala Ser Lys Lys Leu
35 40 45

Thr	Val	His	Thr	His	Asn	Leu	Ile	Asn	Asp	Val	Arg	Leu	Ser	Gly	Asn
50						55				60					
Val	Ser	Tyr	Lys	Pro	Ile	Gly	Ser	Ser	Arg	Asp	Tyr	Asp	Ile	Ser	Arg
65						70				75				80	
Val	Ala	Val	His	Gly	Trp	His	Asn	Asn	Val	Tyr	Lys	Leu	Asn	Leu	Asn
				85				90						95	
Leu	Gln	Glu	Gln	Asp	Lys	Thr	Asp	Ile	Lys	Val	Val	Lys	Met	Gly	Ala
		100						105				110			
Ile	Arg	Ser	Asp	Gly	Asp	Phe	Asp	Phe	Lys	Gly	Ile	Lys	Ala	Thr	Ser
115						120				125					
Ser	Glu	Ser	Lys	Pro	Gln	Leu	Ile	Asn	His	Gly	Leu	Ile	Asn	Val	Lys
130						135				140					
Gly	Thr	Phe	Asn	Ala	Glu	Ala	Asp	Gln	Val	Val	Asn	Gln	Met	Lys	Ala
145				150						155				160	
Phe	Asn	Gln	Asn	Ala	Leu	Ala	Ser	Val	Phe	Lys	Asn	Pro	Ala	Lys	Ile
		165						170				175			
Thr	Met	Tyr	Tyr	Gln	Pro	Leu	Thr	Arg	Tyr	Ile	Trp	Thr	Pro	Leu	Ser
180								185				190			
Gly	Asn	Ala	Ser	Arg	Glu	Phe	Asn	Asn	Leu	Glu	Ser	Phe	Leu	Asp	Ala
195						200				205					
Leu	Phe	Gly	Ser	Thr	Thr	Ile	Leu	Lys	Ser	Ser	Phe	Tyr	Ser	Thr	Glu
210				215				220							
Asn	Phe	Ser	Ala	Tyr	Gln	Leu	Leu	Ser	His	Ile	Gln	His	Ser	Pro	Met
225				230				235				240			
Tyr	Gln	Lys	Ala	Met	Ala	Gln	Val	Phe	Gly	Ala	Glu	Trp	His	Ser	Lys
		245						250				255			
Ser	Tyr	Asp	Glu	Met	Arg	Asn	Lys	Trp	Lys	Ser	Phe	Lys	Glu	Asn	Pro
260						265				270					
Thr	Asp	Phe	Ile	Tyr	Tyr	Pro	Ser	Glu	Lys	Ala	Lys	Ile	Leu	Ala	Gly
275						280				285					
Lys	Leu	Glu	Gly	Lys	Leu	Thr	Thr	Leu	Gln	Asn	Gly	Glu	Tyr	Ala	Glu
290				295				300							
Arg	Gly	Lys	Phe	Asp	Glu	Ser	Ile	Gln	Ile	Gly	Lys	His	Gln	Leu	Ser
305				310				315				320			
Leu	Pro	Ser	Val	Glu	Leu	Lys	Ala	Glu	Phe	Ser	Asp	Lys	Glu	Arg	Leu
		325						330				335			
Glu	Glu	Asp	Gly	Val	Asp	Leu	Ser	Ser	Ile	Ala	Glu	Leu	Leu	Glu	Met
340						345				350					
Pro	Asn	Leu	Phe	Ile	Asp	Asn	Ser	Ile	Gln	Leu	Glu	Lys	Lys	Lys	Leu
355				360				365				370			
Ser	Pro	Ile	Glu	Asp	Leu	Asp	Glu	Glu	Pro	Arg	Lys	Asn	Leu	Asp	Ile
375				380				385				390			
Glu	Glu	Ser	His	Ser	Asn	Ser	Ser	Asp	Asp	Val	Leu	Ser	Met	Asn	Asp
395				400				405				410			
Asp	Glu	Ser	Asp	Thr	Asp	Asp	Ser	Lys	Trp	Ser	Met	Gly	Asn	Asp	Glu
		405						410				415			
Lys															

Glu Phe Phe Glu Asn Gly Tyr Leu Leu Asn Glu Leu Leu Gln Glu Leu
 450 455 460
 Gly Glu Glu Pro Leu Leu Lys Glu Gly Glu Asp His Phe Lys Arg Ser
 465 470 475 480
 Thr Asn Leu Val Arg Leu Gly Glu Arg Asp Arg Gln Asn Arg Glu Lys
 485 490 495
 Arg Glu Lys Glu Gly Tyr Phe Asp Leu Pro Gly Thr Leu Asp Met Lys
 500 505 510
 Leu Gln Glu Leu Phe Glu Lys Arg Lys Gln Lys His Glu Ala Glu Gln
 515 520 525
 Lys Ala Arg Ile Glu Lys Ala Leu Leu Gln Lys Ser Glu Gln Gln Glu
 530 535 540
 Lys Arg Val Glu Glu Arg Lys Gln Glu Glu Lys Arg Gln Ala Gln Asp
 545 550 555 560
 Lys Ile Ala Lys Gln Val Glu Ile Ala Lys Glu Met Gln Arg Val Glu
 565 570 575
 Glu Ile Arg Gln Arg Glu Lys Gln Leu Ala Ile Gln Leu Gln Glu Glu
 580 585 590
 Glu Lys Lys Gln Gln Glu Glu Lys His Leu Ser Glu Glu Lys Lys Gln
 595 600 605
 Ala Glu Gln Lys Gln Lys Ala Glu Glu Lys Val Ala Gln Glu Arg Leu
 610 615 620
 Asp Ile Glu Gln Gln Lys Ala Tyr Glu Glu Met Ala Lys Arg Glu Ala
 625 630 635 640
 Glu Ala Ser Lys Asn Val Leu Leu Lys Ala Ile Asp Glu Glu Arg Pro
 645 650 655
 Lys Val Glu Thr Asp Pro Leu Phe Arg Thr Lys Leu Lys Tyr Ile Asn
 660 665 670
 Gln Asp Asp Tyr Ala Gly Ala Asn Tyr Phe Phe Asn Lys Val Gly Leu
 675 680 685
 Asn Thr Lys Gly His Gln Lys Val Asn Val Leu Gly Asp Asn Tyr Phe
 690 695 700
 Asp His Gln Val Ile Thr Arg Ser Ile Glu Lys Lys Val Asp Asn His
 705 710 715 720
 Leu Asn Gln Lys Tyr Asn Leu Ser Asp Val Glu Leu Val Lys Gln Leu
 725 730 735
 Met Asp Asn Ser Thr Thr Gln Ala Gln Glu Leu Asp Leu Lys Leu Gly
 740 745 750
 Ala Ala Leu Thr Lys Glu Gln Gln Ala Asn Leu Thr Gln Asp Ile Val
 755 760 765
 Trp Tyr Val Lys Thr Lys Val Lys Gly Lys Asp Val Phe Val Pro Lys
 770 775 780
 Val Tyr Phe Ala Ser Glu Thr Leu Val Glu Ala Gln Lys Leu Gln Gly
 785 790 795 800
 Leu Gly Thr Gly Thr Ile Arg Val Gly Glu Ala Lys Ile Lys Ala Lys
 805 810 815
 Asp Val Val Asn Thr Gly Thr Leu Ala Gly Arg Lys Leu Asn Val Glu
 820 825 830
 Ala Ser Asn Lys Ile Lys Asn Gln Gly Ser Ile Leu Ser Thr Gln Glu
 835 840 845

Thr	Arg	Leu	Val	Gly	Arg	Lys	Gly	Ile	Glu	Asn	Val	Ser	Arg	Ser	Phe	850	855	860
Ala	Asn	Asp	Glu	Leu	Gly	Val	Thr	Ala	Gln	Arg	Ser	Glu	Ile	Lys	Thr	865	870	875
Glu	Gly	His	Leu	His	Leu	Glu	Thr	Asp	Lys	Asp	Ser	Thr	Ile	Asp	Val	885	890	895
Gln	Ala	Ser	Asp	Ile	Lys	Ala	Lys	Thr	Ser	Phe	Val	Lys	Thr	Gly	Asp	900	905	910
Val	Asn	Leu	Lys	Asn	Thr	Tyr	Asn	Thr	Lys	His	Ala	Tyr	Arg	Glu	Lys	915	920	925
Phe	Ser	Pro	Ser	Ala	Leu	Gln	Val	Ala	Glu	Leu	Asp	Val	Ala	Gly	Leu	930	935	940
Lys	Val	Pro	Leu	Leu	Gly	Val	Ser	Ser	Pro	Ser	Ser	Tyr	Ser	Glu	His	945	950	955
Thr	Ser	Glu	Ala	Thr	Ser	Glu	Gly	Ser	Ile	Phe	Glu	Val	Gly	His	Leu	965	970	975
His	Leu	Ala	Val	Asp	Arg	Asp	Val	Asn	Gln	Ala	Gly	Ser	Lys	Ile	Lys	980	985	990
Ala	Lys	Tyr	Thr	Thr	Gly	Val	Val	Lys	Gly	Asn	Phe	Asn	Thr	Glu	Ala	995	1000	1005
Gly	Lys	Asn	Ile	Lys	His	Val	Glu	Lys	Glu	Glu	Tyr	Ser	Ser	Gln	Leu	1010	1015	1020
Phe	Ala	Ser	Ala	His	Ala	Ser	Gly	Gly	Gly	Thr	Ser	Val	Arg	Tyr	Asp	1025	1030	1035
Tyr	Asn	Ser	Gln	Asp	Gly	Gly	Asn	Ala	Ser	Val	Gly	Val	Pro	Thr	Asn	1045	1050	1055
His	Thr	Gly	Val	Gly	Ala	Glu	Ala	Gly	Met	Ser	Phe	Thr	His	Thr	Lys	1060	1065	1070
Asp	Lys	Glu	Thr	Leu	Leu	Thr	His	Thr	Asn	Ser	Glu	Leu	Gln	Val	Lys	1075	1080	1085
His	Gly	Lys	Leu	His	Val	Leu	Gly	Tyr	Ala	Asp	Ile	Gly	Gly	Val	Asp	1090	1095	1100
Ile	Asn	Thr	Lys	Leu	Pro	Glu	Asp	Ala	Gln	Ser	Lys	Ala	Gln	Lys	Glu	1105	1110	1115
Ile	Ala	Ala	Ser	Lys	Pro	Glu	Lys	Thr	Glu	Gln	Ser	Ala	Gln	Asp	Val	1125	1130	1135
Ala	Gln	Ala	Gln	Ser	Asn	Ala	Asn	Lys	Asp	Lys	Glu	Asn	Lys	Ala	Pro	1140	1145	1150
Glu	Ile	Lys	Glu	Leu	Ser	Glu	Ala	Glu	Ile	Ala	Asp	Leu	Met	Ser	Glu	1155	1160	1165
Lys	Ser	Lys	Ala	Tyr	Phe	Asp	Asp	Phe	Ala	Glu	Gln	Ala	Lys	Lys	Ala	1170	1175	1180
Pro	Glu	Asn	Asn	Arg	Phe	Glu	Leu	Ser	Ala	Lys	Glu	Ile	Lys	Ser	Ser	1185	1190	1195
Lys	Gln	Lys	Asp	Gln	Tyr	Asp	His	Glu	Ser	Glu	Arg	Thr	Thr	Phe	Lys	1205	1210	1215
Val	Gly	Pro	Glu	Ala	Glu	Ala	His	Ser	Ala	Val	Ala	Asp	Met	Val	Ser	1220	1225	1230
His	Leu	Val	Lys	Glu	Tyr	Arg	Asp	Ala	Gln	Asn	Gly	Thr	Lys	Gln	Asp	1235	1240	1245

Gly Thr Val Ala Leu Gln His Ala Ser Asp Val Leu Asn Ile Val Thr
 1250 1255 1260
 Gly Asp Leu Ala Gly Ser Ser Ala Lys Leu Ser Val Glu Arg Thr His
 1265 1270 1275 1280
 Glu Thr Lys Arg Thr Thr Glu Thr Gly Asp Ile Val Thr Lys Ile Gly
 1285 1290 1295
 Gly Asn Val Thr Leu Ser Ala Arg Ser Gly Ser Val Asn Leu Lys Asn
 1300 1305 1310
 Val Gln Ser Asp Glu Gln Ala Asn Leu Thr Leu Arg Ala Lys Glu Asp
 1315 1320 1325
 Val Asn Val Leu Ser Gly Glu Lys Thr Arg Glu Thr Thr Glu Thr Val
 1330 1335 1340
 Ser Arg Gln Lys Leu Ser His Gly Val Asn Ala Gly Cys Ser Met Met
 1345 1350 1355 1360
 Ser Gly Ala Cys Thr Ala Gly Val Ser Thr Ser Leu Glu Gly Asn Glu
 1365 1370 1375
 Ser Tyr Thr Ser Glu Arg Glu Thr Ala Gln Asn Asn Ser Phe Leu Lys
 1380 1385 1390
 Ala Arg Asn Met Lys Val Glu Ala Gly Arg Asp Phe Asn Val Val Ser
 1395 1400 1405
 Ser Asn Ile Asp Ala Asp Lys Leu Asp Leu His Val Lys Gly Lys Thr
 1410 1415 1420
 Asn Val Val Ser Lys Gln Asp Thr Leu Gln Lys Val Thr His Gly Val
 1425 1430 1435 1440
 Asp Tyr Asn Leu Ser Ala Gly Val Ala Leu Ser Ser Ala Thr Ile Ala
 1445 1450 1455
 Thr Pro Thr Gly Asn Val Gly Phe Gly Tyr Thr Asn Glu Thr Glu Ser
 1460 1465 1470
 Lys Arg Thr Val Asn Gln Gln Ala Gly Ile Lys Ala Asn Lys Ile Thr
 1475 1480 1485
 Gly Gln Thr His Asp Leu Asn Leu Glu Gly Gly Tyr Leu Val Ser Asn
 1490 1495 1500
 Asp Lys Asp Asn Gln Leu Lys Val Thr Gly Asp Val Thr Thr Lys Ala
 1505 1510 1515 1520
 Leu His Asp Gln His Asp Lys Asp Gly Gly Thr Phe Gly Leu Ser Val
 1525 1530 1535
 Gly Ile Ser Glu Arg Gly Thr Thr Ala Phe Asn Val Arg Gly Gly Arg
 1540 1545 1550
 Ala Glu Gln Lys His Tyr Asn Ala Thr Gln Lys Ser Thr Leu Ser Gly
 1555 1560 1565
 Val Asp Thr Ser Gln Ala Asn Val Ser Gly Gln Val Asn Thr Asp Leu
 1570 1575 1580
 Thr Lys Ala Lys Ala Val Thr Arg Asp Asp Thr Tyr Ala Ser Thr Gln
 1585 1590 1595 1600
 Phe Ser Phe Glu Val Ala Asp Ile Val Glu Leu Gly Gln Arg Ala Lys
 1605 1610 1615
 Asn Lys Leu Ser Ala Pro Asn Asn Asp Thr Asp Met Ala Ser Gly Ser
 1620 1625 1630
 Thr Leu Arg Ser Arg Ser Thr Thr Glu Glu Ala Asp Val Pro Thr Thr
 1635 1640 1645

Arg Ser Arg Val Thr Asp Glu Ala Asp Ser Val Ser Val Lys Asn Pro
 1650 1655 1660
 Ile Tyr Glu Ser Ala Asp Ala Val Val Pro Thr Pro Arg Ser Arg Asn
 1665 1670 1675 1680
 Val Asp Ser Thr Asp Leu Val Asp Asn Pro Leu Tyr Ala Ser Ala Thr
 1685 1690 1695
 Thr Lys Ala Asn Ile His Asp Tyr Glu Glu Ile Pro Ala Val Tyr Ser
 1700 1705 1710
 Lys Val Gly Asp Asn Asn Ala Asp Leu Val Arg His Lys Thr Ala Thr
 1715 1720 1725
 Ser Asp Glu His Leu Tyr Ala Glu Ile Asn Glu Pro Thr Tyr Ser Arg
 1730 1735 1740
 Val Gly Asp Lys Asn Ala Asp Met Arg Arg His Asn Ala Ala Gly Thr
 1745 1750 1755 1760
 Thr Asp Tyr Ala Asp Val Val Gln Ala His Thr Arg Lys Ala Asp Asp
 1765 1770 1775
 Pro Leu Pro Ala Leu Pro Asn Gln Gly Lys Ala Arg Thr Val Asn Asp
 1780 1785 1790
 Gly Ser Glu His Ile Tyr Thr Asp Ile Ser Asp Val Gly Thr Gln Thr
 1795 1800 1805
 Lys Ala Ile Asp Ser Thr Tyr Ala Thr Val Gly Met Pro Lys Ala Asn
 1810 1815 1820
 Ala Val Asn Leu Ile Gly Gln Asn Gly Leu Gly Ser Ile Tyr His Ser
 1825 1830 1835 1840
 Pro Asp Ser Ala Tyr Lys Thr Trp Gln Leu Leu Asp Gln Phe Ala Asn
 1845 1850 1855
 Lys Gly Gly Asp Ala Val Phe Leu Arg Pro Ala Thr Glu Met Lys Cys
 1860 1865 1870
 Ala Gly Ala Pro Leu Lys Tyr Thr Phe Ile Val Arg Asp Tyr Leu Leu
 1875 1880 1885
 Arg Arg His Thr Leu Asp Lys Ser Arg Leu Phe Tyr Asn Ala His Asn
 1890 1895 1900
 Lys Thr Leu Phe Ser Val Pro Ile Val Asp Ala Lys Val Lys Met Leu
 1905 1910 1915 1920
 Phe Ala Glu Lys Asn Ile Gln Val Asn Tyr Asp Arg Ser Leu Thr Ala
 1925 1930 1935
 Ile Asp Leu Ser Lys Arg Ile Ala Thr Phe Asn Ser Pro Glu Gly Val
 1940 1945 1950
 Val Glu Val Pro Tyr Asp Phe Ile Asn Val Val Pro Pro Met Arg Ala
 1955 1960 1965
 Pro Asp Ala Val Arg Gln Ser Ala Leu Ala Trp Gln Glu Gly Lys Trp
 1970 1975 1980
 Ala Asn Asp Gly Trp Val Glu Val Glu Lys His Thr Leu Arg His Arg
 1985 1990 1995 2000
 Arg Tyr Ala Asn Val Phe Ala Val Gly Asp Val Ala Gly Val Pro Lys
 2005 2010 2015
 Gly Lys Thr Ala Ala Ser Val Lys Trp Gln Val Pro Val Ala Val Ala
 2020 2025 2030
 His Leu Leu Ala Glu Leu Glu Gly Lys Pro Cys Asp Glu Ile Tyr Asn
 2035 2040 2045

Gly Tyr Thr Ser Cys Pro Leu Ile Thr Gln Leu Gly Lys Gly Met Leu
 2050 2055 2060
 Val Glu Phe Asp Tyr Asn Asn His Leu Thr Pro Ser Phe Pro Gly Val
 2065 2070 2075 2080
 Ile Ala Pro Leu Glu Glu Leu Trp Ala Thr Trp Ala Ile Lys Thr Leu
 2085 2090 2095
 Gly Leu Lys Pro Thr Tyr Leu Gly Met Leu Arg Gly Leu Ala
 2100 2105 2110

<210> 17

<211> 3247

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (1479)..(3245)

<220>

<223> fhaB2

<400> 17

gtcgcaccttg cgggtgaaaa ggtatctcta aattttggcg atatcattca tgcttaccaa 6
 aaccagcccc tatcaacaaa agttgttttt caattagtga aagatttgac ggaagtttta 120
 taccgttctg gctacgtgac aagtgcattt ggtttaaaaa attcaaaaat cagcaatggc 180
 gatcttgaat ttattgtact gtggggaaga actcgcgacg tgtttgtgaa tggggagaaa 240
 ccaacccgtt ttagagataa aacaatgtta tcagtcctac ccaatttaat cggaatcgc 300
 ttaagtattc acgacattga ccagttgatc gaaatcttaa atactacgaa taaaaagcc 360
 acagtgaatg tgggttgaag tgaagaaaaa ggcagctcaa atctaaatat tgaaagacaa 420
 tatgatgttt ttccgcaagt gagtgtcggg ttcaataatt caggtgctgg caataatgcc 480
 aatgggcgta atcaagctac attgaatatt gcttggagtg atctattagg cacgaatgat 540
 cgttggagtt tctcgagtag ttaccgttta tataaaaatc atcatgctaa ccagcaacgc 600
 aattatactt tgtcttacag tcagcctata ggcttttcta cagtagaaat taaagcatcg 660
 gaatctacgt atgaaaaaga acttcgcggg ataaatactc attcttctca tgggaaaacc 720
 caaagcttag ctgtcaagct gatgcatgtg ttattgcgta ataaggagag tattttatct 780
 acatataccg agttcgagtt taaaaaacgg attagttatt tttctgatat tttgattggg 840
 aaatatcaca ataataaagt gagcgtaggg ttatcttaca tgactaattt tgcttacggg 900
 aagctttaca gcgacattgc ttacgcgaat ggggttagat ggtttggggc gaattattca 960
 gcatatgatg caaatcgta aaaaacctta aaattattgt caggaagtat taattggcag 1020
 cgtccaatat ccctgtttga acgtgcgatg aattatcaat tacgtattgg tgccaatat 1080
 ggttttgata gtttgatttc tgaaaatcaa ttttcaattg gtgatgaata tacagtaaga 1140
 ggatttaaag gtgggtcggg ttctggtgat agtgggtcgt atttatcaca aacactgacg 1200
 gttccttttt atccacaaaa agcatattta tctcaggtat ccccttttat tggatttgat 1260
 atgggtaaag tacatattaa atcaaagcat aaaacaacca ctttagtcgg ttttgccta 1320
 ggcttgaaaa cgcaataaaa gttattttca ttatcattaa cctatgcaca accaatgaat 1380
 ggtgtgagtg gtgttacgca acatcgtaaa aaaccgattt attatttctc aggatcactt 1440
 tctttttaat ctcttttaag tttaaggatt aacttaat atg aac aaa aat cgt tac 1496

Met Asn Lys Asn Arg Tyr

1

5

aaa ctc att ttt agt caa gtc aaa ggt tgt ctc gtt cct gtg gca gaa 1544
 Lys Leu Ile Phe Ser Gln Val Lys Gly Cys Leu Val Pro Val Ala Glu

10

15

20

tgt att aac tca gct att agc aat ggt tca tct gat tca aca tcc aca 1592
 Cys Ile Asn Ser Ala Ile Ser Asn Gly Ser Ser Asp Ser Thr Ser Thr

			25				30				35							
tca	gaa	caa	gtt	gaa	gag	gaa	cct	ttc	ctt	cta	gaa	caa	tat	tca	ctt	1640		
Ser	Glu	Gln	Val	Glu	Glu	Glu	Pro	Phe	Leu	Leu	Glu	Gln	Tyr	Ser	Leu			
			40				45				50							
tcc	tcc	gtg	tct	tta	tta	gta	aaa	agc	acg	ttc	aat	cct	gtt	tcg	tat	1688		
Ser	Ser	Val	Ser	Leu	Leu	Val	Lys	Ser	Thr	Phe	Asn	Pro	Val	Ser	Tyr			
			55				60				65				70			
gca	atg	caa	ttg	act	tg	gaa	cag	ctt	tct	att	tta	ttt	tta	act	gtg	1736		
Ala	Met	Gln	Leu	Thr	Trp	Lys	Gln	Leu	Ser	Ile	Leu	Phe	Leu	Thr	Val			
			75				80				85							
att	tct	gtt	cct	gtt	ttg	gct	gag	gga	aaa	ggg	gat	gaa	aga	aat	caa	1784		
Ile	Ser	Val	Pro	Val	Leu	Ala	Glu	Gly	Lys	Gly	Asp	Glu	Arg	Asn	Gln			
			90				95				100							
tta	aca	gtg	att	gat	aat	agc	gat	cat	att	aaa	tta	gat	gca	tct	aat	1832		
Leu	Thr	Val	Ile	Asp	Asn	Ser	Asp	His	Ile	Lys	Leu	Asp	Ala	Ser	Asn			
			105				110				115							
ctt	gct	gg	aat	gat	aaa	aca	aaa	atc	tat	caa	gca	gaa	aat	aaa	gtt	1880		
Leu	Ala	Gly	Asn	Asp	Lys	Thr	Lys	Ile	Tyr	Gln	Ala	Glu	Asn	Lys	Val			
			120				125				130							
ctg	gtt	att	gat	att	gct	aaa	cca	aat	ggg	aaa	ggg	att	tca	gat	aac	1928		
Leu	Val	Ile	Asp	Ile	Ala	Lys	Pro	Asn	Gly	Lys	Gly	Ile	Ser	Asp	Asn			
135			140				145				150							
cgt	ttt	gaa	aaa	ttt	aat	att	cca	aat	agc	g	gtg	ttt	aat	aat	aat	1976		
Arg	Phe	Glu	Lys	Phe	Asn	Ile	Pro	Asn	Ser	Ala	Val	Phe	Asn	Asn	Asn			
			155				160				165							
ggg	act	gaa	g	cag	gca	aga	tca	aca	tta	att	ggt	tac	att	ccg	caa	2024		
Gly	Thr	Glu	Ala	Gln	Ala	Arg	Ser	Thr	Leu	Ile	Gly	Tyr	Ile	Pro	Gln			
			170				175				180							
aat	caa	aat	tta	agg	gga	ggg	aaa	gaa	gct	gat	gtt	ata	tta	aat	caa	2072		
Asn	Gln	Asn	Leu	Arg	Gly	Gly	Lys	Glu	Ala	Asp	Val	Ile	Leu	Asn	Gln			
			185				190				195							
gtg	aca	ggt	cct	caa	gaa	agt	aaa	att	gtt	ggc	g	ctt	gaa	gta	tta	2120		
Val	Thr	Gly	Pro	Gln	Glu	Ser	Lys	Ile	Val	Gly	Ala	Leu	Glu	Val	Leu			
200			205				210											
ggt	aaa	aaa	gct	gat	atc	gtc	att	gca	aac	caa	aat	ggt	att	acc	tta	2168		
Gly	Lys	Lys	Ala	Asp	Ile	Val	Ile	Ala	Asn	Gln	Asn	Gly	Ile	Thr	Leu			
215			220				225				230							
aat	ggt	gta	aga	aca	ata	aat	tca	gat	cgt	ttt	gtt	gcc	act	acg	agt	2216		
Asn	Gly	Val	Arg	Thr	Ile	Asn	Ser	Asp	Arg	Phe	Val	Ala	Thr	Thr	Ser			
			235				240				245							
gag	ctt	ata	gat	ccg	aat	cag	atg	atg	tta	aag	gtt	aca	aaa	gga	aat	2264		
Glu	Leu	Ile	Asp	Pro	Asn	Gln	Met	Met	Leu	Lys	Val	Thr	Lys	Gly	Asn			
			250				255				260							
gtg	atc	att	gat	att	gat	ggt	ttt	tcg	aca	gat	gga	tta	aag	tat	tta	2312		
Val	Ile	Ile	Asp	Ile	Asp	Gly	Phe	Ser	Thr	Asp	Gly	Leu	Lys	Tyr	Leu			
			265				270				275							
gat	att	att	gct	aaa	aaa	att	gaa	caa	aag	caa	tca	att	aca	tca	ggg	2360		
Asp	Ile	Ile	Ala	Lys	Lys	Ile	Glu	Gln	Lys	Gln	Ser	Ile	Thr	Ser	Gly			
280			285				290											
gat	aat	tca	gaa	gca	aaa	aca	gat	gtc	act	ctt	att	g	ggt	tcc	agt	2408		

Asp	Asn	Ser	Glu	Ala	Lys	Thr	Asp	Val	Thr	Leu	Ile	Ala	Gly	Ser	Ser		
295					300					305					310		
gaa	tat	gat	tta	agc	aaa	cat	gag	ctg	aaa	aaa	acg	agc	ggg	gaa	aat	2456	
Glu	Tyr	Asp	Leu	Ser	Lys	His	Glu	Leu	Lys	Lys	Thr	Ser	Gly	Glu	Asn		
				315					320					325			
gta	tct	aat	gat	gtt	att	gct	atc	acg	gga	tct	agt	aca	ggc	gca	atg	2504	
Val	Ser	Asn	Asp	Val	Ile	Ala	Ile	Thr	Gly	Ser	Ser	Thr	Gly	Ala	Met		
				330				335					340				
cat	ggg	aaa	aat	att	aag	ttg	att	gtg	aca	gat	aaa	ggg	gca	ggc	gta	2552	
His	Gly	Lys	Asn	Ile	Lys	Leu	Ile	Val	Thr	Asp	Lys	Gly	Ala	Gly	Val		
				345				350				355					
aaa	cat	gat	gga	att	att	ttg	tct	gaa	aat	gat	att	cag	att	gaa	atg	2600	
Lys	His	Asp	Gly	Ile	Ile	Leu	Ser	Glu	Asn	Asp	Ile	Gln	Ile	Glu	Met		
				360		365				370							
aat	gaa	ggg	gac	tta	gaa	ctt	ggc	aat	acg	att	cag	caa	aca	gtg	gta	2648	
Asn	Glu	Gly	Asp	Leu	Glu	Leu	Gly	Asn	Thr	Ile	Gln	Gln	Thr	Val	Val		
				375		380			385					390			
aaa	aaa	gac	cga	aat	att	cga	gcc	aag	aaa	aaa	att	gaa	gtg	aaa	aac	2696	
Lys	Lys	Asp	Arg	Asn	Ile	Arg	Ala	Lys	Lys	Lys	Ile	Glu	Val	Lys	Asn		
				395				400				405					
gct	aat	cgt	gtt	ttt	gtt	ggg	agt	caa	acg	aaa	tca	gat	gaa	att	tcg	2744	
Ala	Asn	Arg	Val	Phe	Val	Gly	Ser	Gln	Thr	Lys	Ser	Asp	Glu	Ile	Ser		
				410				415				420					
tta	gag	gcg	aaa	caa	gtt	aaa	atc	aga	aaa	aac	gca	gag	att	agg	agt	2792	
Leu	Glu	Ala	Lys	Gln	Val	Lys	Ile	Arg	Lys	Asn	Ala	Glu	Ile	Arg	Ser		
				425			430				435						
acg	aca	caa	gcc	aaa	atc	gta	gca	aag	ggg	gcc	ctg	tct	att	gag	caa	2840	
Thr	Thr	Gln	Ala	Lys	Ile	Val	Ala	Lys	Gly	Ala	Leu	Ser	Ile	Glu	Gln		
				440		445			450								
aat	gcg	aag	ctc	gtc	gct	aaa	aag	ata	gat	gtg	gca	aca	gaa	act	cta	2888	
Asn	Ala	Lys	Leu	Val	Ala	Lys	Lys	Ile	Asp	Val	Ala	Thr	Glu	Thr	Leu		
				455		460			465					470			
act	aat	gct	ggg	cgt	att	tat	ggg	cga	gag	gtt	aag	ctt	gac	act	aat	2936	
Thr	Asn	Ala	Gly	Arg	Ile	Tyr	Gly	Arg	Glu	Val	Lys	Leu	Asp	Thr	Asn		
				475				480				485					
aat	ttg	att	aat	gat	aaa	gaa	att	tat	gct	gaa	cgg	aaa	ttg	agt	att	2984	
Asn	Leu	Ile	Asn	Asp	Lys	Glu	Ile	Tyr	Ala	Glu	Arg	Lys	Leu	Ser	Ile		
				490				495				500					
ttg	acg	aaa	gga	aaa	gat	ctt	gaa	att	att	caa	gat	aga	tat	ttg	tct	3032	
Leu	Thr	Lys	Gly	Lys	Asp	Leu	Glu	Ile	Ile	Gln	Asp	Arg	Tyr	Leu	Ser		
				505			510				515						
cca	ctg	atg	cgc	gta	aaa	agt	agt	gtc	cgc	ttt	tta	ggc	tct	ccg	ttt	3080	
Pro	Leu	Met	Arg	Val	Lys	Ser	Ser	Val	Arg	Phe	Leu	Gly	Ser	Pro	Phe		
				520		525			530								
ttc	tca	ata	tct	ccg	tcg	atg	ctc	gca	agc	ctt	agt	gca	cag	ttt	aag	3128	
Phe	Ser	Ile	Ser	Pro	Ser	Met	Leu	Ala	Ser	Leu	Ser	Ala	Gln	Phe	Lys		
				535		540			545					550			
cct	ggg	ttt	gtg	aat	aag	gga	ctc	att	gaa	agt	gcg	ggg	agt	gca	gaa	3176	
Pro	Gly	Phe	Val	Asn	Lys	Gly	Leu	Ile	Glu	Ser	Ala	Gly	Ser	Ala	Glu		
				555				560						565			

tta act ttt aaa gaa aaa acc agt ttt tta aca gag ggc aat aat ttt 3224
 Leu Thr Phe Lys Glu Lys Thr Ser Phe Leu Thr Glu Gly Asn Asn Phe
 570 575 580

att aga gct aaa gat gcg tta ac 3247
 Ile Arg Ala Lys Asp Ala Leu
 585

<210> 18
 <211> 589
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida
 <400> 18

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

305 310 315 320
 Lys Thr Ser Gly Glu Asn Val Ser Asn Asp Val Ile Ala Ile Thr Gly
 325 330 335
 Ser Ser Thr Gly Ala Met His Gly Lys Asn Ile Lys Leu Ile Val Thr
 340 345 350
 Asp Lys Gly Ala Gly Val Lys His Asp Gly Ile Ile Leu Ser Glu Asn
 355 360 365
 Asp Ile Gln Ile Glu Met Asn Glu Gly Asp Leu Glu Leu Gly Asn Thr
 370 375 380
 Ile Gln Gln Thr Val Val Lys Lys Asp Arg Asn Ile Arg Ala Lys Lys
 385 390 395 400
 Lys Ile Glu Val Lys Asn Ala Asn Arg Val Phe Val Gly Ser Gln Thr
 405 410 415
 Lys Ser Asp Glu Ile Ser Leu Glu Ala Lys Gln Val Lys Ile Arg Lys
 420 425 430
 Asn Ala Glu Ile Arg Ser Thr Thr Gln Ala Lys Ile Val Ala Lys Gly
 435 440 445
 Ala Leu Ser Ile Glu Gln Asn Ala Lys Leu Val Ala Lys Lys Ile Asp
 450 455 460
 Val Ala Thr Glu Thr Leu Thr Asn Ala Gly Arg Ile Tyr Gly Arg Glu
 465 470 475 480
 Val Lys Leu Asp Thr Asn Asn Leu Ile Asn Asp Lys Glu Ile Tyr Ala
 485 490 495
 Glu Arg Lys Leu Ser Ile Leu Thr Lys Gly Lys Asp Leu Glu Ile Ile
 500 505 510
 Gln Asp Arg Tyr Leu Ser Pro Leu Met Arg Val Lys Ser Ser Val Arg
 515 520 525
 Phe Leu Gly Ser Pro Phe Phe Ser Ile Ser Pro Ser Met Leu Ala Ser
 530 535 540
 Leu Ser Ala Gln Phe Lys Pro Gly Phe Val Asn Lys Gly Leu Ile Glu
 545 550 555 560
 Ser Ala Gly Ser Ala Glu Leu Thr Phe Lys Glu Lys Thr Ser Phe Leu
 565 570 575
 Thr Glu Gly Asn Asn Phe Ile Arg Ala Lys Asp Ala Leu
 580 585

<210> 19

<211> 3247

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1446)

<220>

<223> fhaC

<400> 19

gtc	gac	ctt	gcg	ggt	gaa	aag	gta	tct	cta	aat	ttt	ggc	gat	atc	att	48
Val	Asp	Leu	Ala	Gly	Glu	Lys	Val	Ser	Leu	Asn	Phe	Gly	Asp	Ile	Ile	
1				5				10				15				
cat	gct	tac	caa	aac	cag	ccc	cta	tca	aca	aaa	gtt	gtt	ttt	caa	tta	96
His	Ala	Tyr	Gln	Asn	Gln	Pro	Leu	Ser	Thr	Lys	Val	Val	Phe	Gln	Leu	

			20				25				30								
gtg	aaa	gat	ttg	acg	gaa	gtt	tta	tac	cgt	tct	ggc	tac	gtg	aca	agt	144			
Val	Lys	Asp	Leu	Thr	Glu	Val	Leu	Tyr	Arg	Ser	Gly	Tyr	Val	Thr	Ser				
			35				40				45								
gca	att	ggg	tta	aaa	aat	tca	aaa	atc	agc	aat	ggc	gat	ctt	gaa	ttt	192			
Ala	Ile	Gly	Leu	Lys	Asn	Ser	Lys	Ile	Ser	Asn	Gly	Asp	Leu	Glu	Phe				
			50				55				60								
att	gta	ctg	tgg	gga	aga	act	cgc	gat	ctg	ttt	gtg	aat	ggg	gag	aaa	240			
Ile	Val	Leu	Trp	Gly	Arg	Thr	Arg	Asp	Leu	Phe	Val	Asn	Gly	Glu	Lys				
			65				70				75				80				
cca	acc	cgt	ttt	aga	gat	aaa	aca	atg	tta	tca	gtc	cta	ccc	aat	tta	288			
Pro	Thr	Arg	Phe	Arg	Asp	Lys	Thr	Met	Leu	Ser	Val	Leu	Pro	Asn	Leu				
			85				90				95								
atc	gga	aat	cgc	tta	agt	att	cac	gac	att	gac	cag	ttg	atc	gaa	atc	336			
Ile	Gly	Asn	Arg	Leu	Ser	Ile	His	Asp	Ile	Asp	Gln	Leu	Ile	Glu	Ile				
			100				105				110								
tta	aat	act	acg	aat	aaa	aaa	gcc	aca	gtg	aat	gtg	gtt	gca	agt	gaa	384			
Leu	Asn	Thr	Thr	Asn	Lys	Lys	Ala	Thr	Val	Asn	Val	Val	Ala	Ser	Glu				
			115				120				125								
gaa	aaa	ggc	agc	tca	aat	cta	aat	att	gaa	aga	caa	tat	gat	gtt	ttt	432			
Glu	Lys	Gly	Ser	Ser	Asn	Leu	Asn	Ile	Glu	Arg	Gln	Tyr	Asp	Val	Phe				
			130				135				140								
ccg	caa	gtg	agt	gtc	gga	ttc	aat	aat	tca	ggg	gct	ggc	aat	aat	gcc	480			
Pro	Gln	Val	Ser	Val	Gly	Phe	Asn	Asn	Ser	Gly	Ala	Gly	Asn	Asn	Ala				
			145				150				155				160				
aat	ggg	cgt	aat	caa	gct	aca	ttg	aat	att	gct	tgg	agt	gat	cta	tta	528			
Asn	Gly	Arg	Asn	Gln	Ala	Thr	Leu	Asn	Ile	Ala	Trp	Ser	Asp	Leu	Leu				
			165				170				175								
ggc	acg	aat	gat	cgt	tgg	agt	ttc	tcg	agt	agt	tac	cgt	tta	tat	aaa	576			
Gly	Thr	Asn	Asp	Arg	Trp	Ser	Phe	Ser	Ser	Ser	Tyr	Arg	Leu	Tyr	Lys				
			180				185				190								
aat	cat	cat	gct	aac	cag	caa	cgc	aat	tat	act	ttg	tct	tac	agt	cag	624			
Asn	His	His	Ala	Asn	Gln	Gln	Arg	Asn	Tyr	Thr	Leu	Ser	Tyr	Ser	Gln				
			195				200				205								
cct	ata	ggc	ttt	tct	aca	gta	gaa	att	aaa	gca	tcg	gaa	tct	acg	tat	672			
Pro	Ile	Gly	Phe	Ser	Thr	Val	Glu	Ile	Lys	Ala	Ser	Glu	Ser	Thr	Tyr				
			210				215				220								
gaa	aaa	gaa	ctt	cgc	ggg	ata	aat	act	cat	tct	tct	cat	ggg	aaa	acc	720			
Glu	Lys	Glu	Leu	Arg	Gly	Ile	Asn	Thr	His	Ser	Ser	His	Gly	Lys	Thr				
			225				230				235				240				
caa	agc	tta	gct	gtc	aag	ctg	atg	cat	gtg	tta	ttg	cgt	aat	aag	gag	768			
Gln	Ser	Leu	Ala	Val	Lys	Leu	Met	His	Val	Leu	Leu	Arg	Asn	Lys	Glu				
			245				250				255								
agt	att	tta	tct	aca	tat	acc	gag	ttc	gag	ttt	aaa	aaa	cgg	att	agt	816			
Ser	Ile	Leu	Ser	Thr	Tyr	Thr	Glu	Phe	Glu	Phe	Lys	Lys	Arg	Ile	Ser				
			260				265				270								
tat	ttt	tct	gat	att	ttg	att	ggg	aaa	tat	cac	aat	aat	aaa	gtg	agc	864			
Tyr	Phe	Ser	Asp	Ile	Leu	Ile	Gly	Lys	Tyr	His	Asn	Asn	Lys	Val	Ser				
			275				280				285								
gta	ggg	tta	tct	tac	atg	act	aat	ttt	gct	tac	ggg	aag	ctt	tac	agc	912			

Val	Gly	Leu	Ser	Tyr	Met	Thr	Asn	Phe	Ala	Tyr	Gly	Lys	Leu	Tyr	Ser		
290						295					300						
gac	att	gct	tac	gcg	aat	ggg	ttg	aga	tgg	ttt	ggg	gcg	aat	tat	tca	960	
Asp	Ile	Ala	Tyr	Ala	Asn	Gly	Leu	Arg	Trp	Phe	Gly	Ala	Asn	Tyr	Ser		
305					310					315					320		
gca	tat	gat	gca	aat	cgt	gaa	aaa	acc	tta	aaa	tta	ttg	tca	gga	agt	1008	
Ala	Tyr	Asp	Ala	Asn	Arg	Glu	Lys	Thr	Leu	Lys	Leu	Leu	Ser	Gly	Ser		
				325					330					335			
att	aat	tgg	cag	cgt	cca	ata	tcc	ctg	ttt	gaa	cgt	gcg	atg	aat	tat	1056	
Ile	Asn	Trp	Gln	Arg	Pro	Ile	Ser	Leu	Phe	Glu	Arg	Ala	Met	Asn	Tyr		
			340					345					350				
caa	tta	cgt	att	ggg	gcc	caa	tat	ggg	ttt	gat	agt	ttg	tat	tct	gaa	1104	
Gln	Leu	Arg	Ile	Gly	Ala	Gln	Tyr	Gly	Phe	Asp	Ser	Leu	Tyr	Ser	Glu		
		355				360					365						
aat	caa	ttt	tca	att	ggg	gat	gaa	tat	aca	gta	aga	gga	ttt	aaa	ggg	1152	
Asn	Gln	Phe	Ser	Ile	Gly	Asp	Glu	Tyr	Thr	Val	Arg	Gly	Phe	Lys	Gly		
		370				375					380						
ggg	gcg	gtt	tct	ggg	gat	agt	ggg	gcg	tat	tta	tca	caa	aca	ctg	acg	1200	
Gly	Ala	Val	Ser	Gly	Asp	Ser	Gly	Ala	Tyr	Leu	Ser	Gln	Thr	Leu	Thr		
385					390					395				400			
gtt	cct	ttt	tat	cca	caa	aaa	gca	tat	tta	tct	cag	gta	tcc	cct	ttt	1248	
Val	Pro	Phe	Tyr	Pro	Gln	Lys	Ala	Tyr	Leu	Ser	Gln	Val	Ser	Pro	Phe		
				405					410					415			
att	gga	ttt	gat	atg	ggg	aaa	gta	cat	att	aaa	tca	aag	cat	aaa	aca	1296	
Ile	Gly	Phe	Asp	Met	Gly	Lys	Val	His	Ile	Lys	Ser	Lys	His	Lys	Thr		
			420					425					430				
acc	act	tta	gtc	ggg	ttt	gcc	cta	ggc	ttg	aaa	acg	caa	ata	aag	tta	1344	
Thr	Thr	Leu	Val	Gly	Phe	Ala	Leu	Gly	Leu	Lys	Thr	Gln	Ile	Lys	Leu		
		435				440							445				
ttt	tca	tta	tca	tta	acc	tat	gca	caa	cca	ag	aat	ggg	gtg	agt	ggg	1392	
Phe	Ser	Leu	Ser	Leu	Thr	Tyr	Ala	Gln	Pro	Met	Asn	Gly	Val	Ser	Gly		
		450				455					460						
gtt	acg	caa	cat	cgt	caa	aaa	ccg	att	tat	tat	ttc	tca	gga	tca	ctt	1440	
Val	Thr	Gln	His	Arg	Gln	Lys	Pro	Ile	Tyr	Tyr	Phe	Ser	Gly	Ser	Leu		
465					470					475				480			
tct	ttt	taatctcttt	taagttaaag	gattaactta	atatgaacaa	aaatcgttac	1496										
Ser	Phe																
aaactcattt	ttagtcaagt	caaagggttg	ctcgttcctg	tggcagaatg	tattaactca	1556											
gctattagca	atgggtcatc	tgattcaaca	tccacatcag	aacaagttga	agaggaacct	1616											
ttccttctag	aacaatattc	actttcctcc	gtgtctttat	tagtaaaaag	cacgttcaat	1676											
cctgtttcgt	atgcaatgca	attgacttgg	aaacagcttt	ctatctttatt	tttaactgtg	1736											
atttctgttc	ctgttttggc	tgagggaaaa	ggggatgaaa	gaaatcaatt	aacagtgatt	1796											
gataatagcg	atcatattaa	attagatgca	tctaactctg	ctggtaatga	taaaacaaaa	1856											
atctatcaag	cagaaaataa	agttctgggt	attgatattg	ctaaacaaaa	tgggaaaggg	1916											
atttcagata	accgttttga	aaaatttaat	attccaaata	gcgcggtggt	taataataat	1976											
gggactgaag	cgcaggcaag	atcaacatta	attggttaca	ttccgcaaaa	tcaaaattta	2036											
aggggaggga	aagaagctga	tggttatatta	aatcaagtga	caggtcctca	agaaagtaaa	2096											
attgttggcg	cgcttgaagt	attaggtaaa	aaagctgata	tcgtcattgc	aaacccaaat	2156											
gggtattacct	taaagtgtgt	aagaacaata	aattcagatc	gttttgttgc	cactacgagt	2216											
gagcttatag	atccgaatca	gatgatgtta	aagggttaca	aaggaaatgt	gatcattgat	2276											

```

attgatggtt tttcgacaga tggattaaag tatttagata ttattgctaa aaaaattgaa 2336
caaaagcaat caattacatc aggggataat tcagaagcaa aaacagatgt cactcttatt 2396
gcggttcca gtgaatatga ttttaagcaa catgagctga aaaaaacgag cggtgaaaat 2456
gtatctaata atgttattgc tatcacggga tctagtagac gcgcaatgca tggtaaaaat 2516
attaagttag ttgtgacaga taaagggtgca ggcgtaaaac atgatggaat tattttgtct 2576
gaaaatgata ttcagattga aatgaatgaa ggtgacttag aacttggcaa tacgattcag 2636
caaacagtgg taaaaaaaga ccgaaatatt cgagccaaga aaaaaattga agtgaaaaac 2696
gctaatacgtg tttttgttgg tagtcaaacg aaatcagatg aaatttcgtt agaggcgaaa 2756
caagttaaaa tcagaaaaaa cgcagagatt aggagtacga cacaagccaa aatcgtagca 2816
aaggggtgcc tgtctattga gcaaaatgcg aagctcgtcg ctaaaaagat agatgtggca 2876
acagaaactc taactaatgc tgggcgtatt tatggtcgag aggttaagct tgacactaat 2936
aatttgatta atgataaaga aatttatgct gaacggaaat tgagtatttt gacgaaagga 2996
aaagatcttg aaattattca agatagatat ttgtctccac tgatgcgcgt aaaaagtagt 3056
gtccgctttt taggctctcc gtttttctca atatctccgt cgatgctcgc aagccttagt 3116
gcacagttaa agcctggttt tgtgaataag ggactcattg aaagtgcggg gagtgcagaa 3176
ttaactttta aagaaaaaac cagtttttta acagagggca ataattttat tagagctaaa 3236
gatgcgttaa c 3247

```

<210> 20

<211> 482

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 20

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

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

<210> 21

<211> 1170

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (639)..(1022)

<220>

<223> greA

<400> 21

gtcaacaaac ggcaaccact tcggcaaaaa gcgattgcgc ttgtgttctg ctctaagctc 60
 aagcgttggg atcgcgcgaa ttgcgttgac cactggtgag atcggggtca cctgtaaaac 120
 gtacgataag atcgccatgc atttcattgt tttttatatt tccattgggt aatagactgg 180
 tttcaaattg aaattgggtca cttagtacga gtttggcggg taaggcgggt agcacttttt 240
 gtgtactggc gggtaacata aagggtactgg cttggtgcgc tacaattttt tcattacgat 300
 ttaagttttt agccacaaaa ctaggctgg tcccttcggg taaatgagcg ttgatttcag 360
 caagatcaat ctacgataa ctgaaatgac tgacgagtaa actacatata agtatcgttc 420

```

gtttgaaaag gcgtaaaagc gtggcagtaa aaaaagaaga tattttatac ataattggct 480
cgagcagttg ctattttttt attgtcgaac aataatagta tttgaaccct cgagagtaaa 540
tccttttctc gttaaactact ttttttttta ttcaactacg gcattgtttt tacaatgttg 600
tggttttgtt tttatctaaa aaggaagaaa aaacgatt atg aaa cag att cca atg 656
                                Met Lys Gln Ile Pro Met
                                1           5
act ata cgt ggt gcg gaa caa tta aga caa gaa ctc gat ttt ttg aaa 704
Thr Ile Arg Gly Ala Glu Gln Leu Arg Gln Glu Leu Asp Phe Leu Lys
                                10           15           20
aac act cgt cgc cca gaa att att aat gct atc gca gaa gct cgt gaa 752
Asn Thr Arg Arg Pro Glu Ile Ile Asn Ala Ile Ala Glu Ala Arg Glu
                                25           30           35
cat ggc gat cta aaa gaa aat gca gaa tac cat gct gcg cgt gaa cag 800
His Gly Asp Leu Lys Glu Asn Ala Glu Tyr His Ala Ala Arg Glu Gln
                                40           45           50
caa gga ttt tgt gaa gga cga atc caa gaa att gaa ggg aaa tta gcg 848
Gln Gly Phe Cys Glu Gly Arg Ile Gln Glu Ile Glu Gly Lys Leu Ala
                                55           60           65           70
aat agt caa att att gat gtc aca aag atc cca aat aat ggc aaa gtg 896
Asn Ser Gln Ile Ile Asp Val Thr Lys Ile Pro Asn Asn Gly Lys Val
                                75           80           85
att ttt ggt gcc aca att ttg tta ctg aat att gac acg gaa gaa gaa 944
Ile Phe Gly Ala Thr Ile Leu Leu Leu Asn Ile Asp Thr Glu Glu Glu
                                90           95           100
gtc tcg tac caa att gta ggc gat gat gaa gcc aat att aaa gca ggg 992
Val Ser Tyr Gln Ile Val Gly Asp Asp Glu Ala Asn Ile Lys Ala Gly
                                105           110           115
cta att tca gtt aac gcc acg cga ttg aat tagagaaagc taaatggatt 1042
Leu Ile Ser Val Asn Ala Thr Arg Leu Asn
                                120           125
gcccaagatc ttggcgtcaa acaaacgtta attgacactt ccgtcattaa agcgattacg 1102
caaaatgcct taatggacga acaggcaaga attgagcaac atggcagtac accgaatact 1162
ttcgttga 1170
<210> 22
<211> 128
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida
<400> 22
Met Lys Gln Ile Pro Met Thr Ile Arg Gly Ala Glu Gln Leu Arg Gln
 1           5           10           15
Glu Leu Asp Phe Leu Lys Asn Thr Arg Arg Pro Glu Ile Ile Asn Ala
 20           25           30
Ile Ala Glu Ala Arg Glu His Gly Asp Leu Lys Glu Asn Ala Glu Tyr
 35           40           45
His Ala Ala Arg Glu Gln Gln Gly Phe Cys Glu Gly Arg Ile Gln Glu
 50           55           60
Ile Glu Gly Lys Leu Ala Asn Ser Gln Ile Ile Asp Val Thr Lys Ile
 65           70           75           80
Pro Asn Asn Gly Lys Val Ile Phe Gly Ala Thr Ile Leu Leu Leu Asn
 85           90           95

```

Ile Asp Thr Glu Glu Glu Val Ser Tyr Gln Ile Val Gly Asp Asp Glu
 100 105 110
 Ala Asn Ile Lys Ala Gly Leu Ile Ser Val Asn Ala Thr Arg Leu Asn
 115 120 125

<210> 23
 <211> 4666
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida
 <220>
 <221> CDS
 <222> (980)..(2440)
 <220>
 <223> guaB
 <400> 23

aacacatgaa cctcttcccc aaaatacgca tccatatctc gccaatcttg gcgaaatgct 60
 tcatcaattc ctgcttggtc aaaatgttgt aaacgtgcaa tcaacttttt acctaattct 120
 gcgatcaatt tattccgatc aatcgttggt aatacttcaa tcagctctgc ccaagggttga 180
 tcaatttgct gtgtttgttt tgggaaagac aaattaatgc caaagccaat cagcagatta 240
 tgttgattat tctgacgatt ggcgatttcg accaaaatcc ctgctaattt gcgcccattgt 300
 aatagcacat catttggcca ttttaatcca atgttcaaag cacctgcttg ctttagcggt 360
 tctgcgattg ccataccac tactaaactc aagccttcta aattgacctt ttgggtcacat 420
 gcccaataca aactcataat cacttggtcca gcaaaaggag aaagccattg acgaccacgt 480
 cgtccacgtc ccgcagtttg atattctgct aagcaaatac cgcctttttc caaatgtgca 540
 atattgtcaa gcaagaattg attggctgag ttaataatcg gcttaataata aagtgggttaa 600
 ggtgctaacg cttgcgtcaa ataagattca ttttaagcgac ttaattgagg tatgagacga 660
 aaatgttgga cttgctgttc tatttgtatc cttgtgtgtt tcaatttttc gatattgtgt 720
 aagatatctt gttctgaata acctaaaagt gcagtcaatt ctgctaaaga aagtgtgtga 780
 tagctagcga gtaatgcaag tacgttttgc ataaaaatcc ttatttatat aaccaagag 840
 aggcaactta ttatagacaa tgattttctc gaaaatcgat aaaaaaatcc attttcaaac 900
 agcaacgaaa tctgtataat gcgaccgcaa ttttttttac ctttttattt ttcatatcaa 960
 cctaagagag aatattgca atg tta cga gta ata aaa gaa gca tta acc ttc 1012

Met Leu Arg Val Ile Lys Glu Ala Leu Thr Phe

1 5 10
 gat gat gtt ttg ctt gtc cca gca cat tct act gtg ctc cca aat acc 1060
 Asp Asp Val Leu Leu Val Pro Ala His Ser Thr Val Leu Pro Asn Thr
 15 20 25
 gca gac ctt tcc act caa ctc acc aaa act atc cgc ctc aat atc cca 1108
 Ala Asp Leu Ser Thr Gln Leu Thr Lys Thr Ile Arg Leu Asn Ile Pro
 30 35 40
 atg tta tcc gcc gcc atg gat acc gtg aca gaa act aaa ctg gca atc 1156
 Met Leu Ser Ala Ala Met Asp Thr Val Thr Glu Thr Lys Leu Ala Ile
 45 50 55
 tct ctt gca caa gaa ggt ggc atc ggg ttt att cat aaa aat atg tct 1204
 Ser Leu Ala Gln Glu Gly Gly Ile Gly Phe Ile His Lys Asn Met Ser
 60 65 70 75
 att gag cgt caa gcg gaa cgt gtc cgc aaa gtg aaa aaa ttt gag agc 1252
 Ile Glu Arg Gln Ala Glu Arg Val Arg Lys Val Lys Lys Phe Glu Ser
 80 85 90
 ggt att gta tcc gat cct gtc acc gtt tca cca acc tta tct tta gca 1300
 Gly Ile Val Ser Asp Pro Val Thr Val Ser Pro Thr Leu Ser Leu Ala

			95				100				105							
gaa	tta	agt	gaa	tta	gtg	aag	aaa	aat	ggg	ttt	gcg	agt	ttc	cct	gtt	1348		
Glu	Leu	Ser	Glu	Leu	Val	Lys	Lys	Asn	Gly	Phe	Ala	Ser	Phe	Pro	Val			
			110				115				120							
gtt	gat	gat	gaa	aaa	aat	ctt	gtc	ggg	atc	att	act	ggg	cgt	gat	aca	1396		
Val	Asp	Asp	Glu	Lys	Asn	Leu	Val	Gly	Ile	Ile	Thr	Gly	Arg	Asp	Thr			
			125				130				135							
cgc	ttt	gtc	acg	gat	tta	aat	aaa	aca	gtg	gcg	gac	ttt	atg	acc	cct	1444		
Arg	Phe	Val	Thr	Asp	Leu	Asn	Lys	Thr	Val	Ala	Asp	Phe	Met	Thr	Pro			
			140				145				150				155			
aaa	gct	cgt	ctt	gtc	acg	gtg	aaa	cgc	aat	gca	agt	cgc	gat	gaa	att	1492		
Lys	Ala	Arg	Leu	Val	Thr	Val	Lys	Arg	Asn	Ala	Ser	Arg	Asp	Glu	Ile			
			160				165				170							
ttt	ggg	cta	atg	cat	aca	cac	cgt	gta	gaa	aaa	gtc	ctt	gtt	gtc	agc	1540		
Phe	Gly	Leu	Met	His	Thr	His	Arg	Val	Glu	Lys	Val	Leu	Val	Val	Ser			
			175				180				185							
gac	gat	ttc	aaa	tta	aaa	ggc	atg	atc	acc	tta	aaa	gac	tac	caa	aaa	1588		
Asp	Asp	Phe	Lys	Leu	Lys	Gly	Met	Ile	Thr	Leu	Lys	Asp	Tyr	Gln	Lys			
			190				195				200							
tcc	gag	caa	aaa	cca	caa	gcc	tgt	aaa	gat	gaa	ttt	ggg	cgt	tta	cgt	1636		
Ser	Glu	Gln	Lys	Pro	Gln	Ala	Cys	Lys	Asp	Glu	Phe	Gly	Arg	Leu	Arg			
			205				210				215							
gtc	ggg	gct	gca	gta	gga	gca	gga	cct	ggg	aat	gaa	gaa	cgt	att	gat	1684		
Val	Gly	Ala	Ala	Val	Gly	Ala	Gly	Pro	Gly	Asn	Glu	Glu	Arg	Ile	Asp			
			220				225				230				235			
gca	tta	gtg	aaa	gca	ggg	gtc	gat	gtg	tta	ttg	att	gac	tca	tca	cac	1732		
Ala	Leu	Val	Lys	Ala	Gly	Val	Asp	Val	Leu	Leu	Ile	Asp	Ser	Ser	His			
			240				245				250							
ggg	cat	tca	gaa	ggg	gtg	tta	caa	cgt	gtg	cgt	gaa	act	cgt	gcg	aaa	1780		
Gly	His	Ser	Glu	Gly	Val	Leu	Gln	Arg	Val	Arg	Glu	Thr	Arg	Ala	Lys			
			255				260				265							
tac	cca	gat	ttg	cca	att	gtt	gca	ggg	aat	gtg	gca	acc	gct	gaa	ggc	1828		
Tyr	Pro	Asp	Leu	Pro	Ile	Val	Ala	Gly	Asn	Val	Ala	Thr	Ala	Glu	Gly			
			270				275				280							
gca	att	gcg	ttg	gct	gat	gca	ggg	gca	agt	gca	gtg	aaa	gtg	ggg	att	1876		
Ala	Ile	Ala	Leu	Ala	Asp	Ala	Gly	Ala	Ser	Ala	Val	Lys	Val	Gly	Ile			
			285				290				295							
ggg	cct	ggg	tca	att	tgt	aca	aca	cgt	att	gtc	aca	ggc	gtg	ggc	gtt	1924		
Gly	Pro	Gly	Ser	Ile	Cys	Thr	Thr	Arg	Ile	Val	Thr	Gly	Val	Gly	Val			
			300				305				310				315			
cca	caa	att	aca	gcg	att	gcc	gat	gcg	gca	gaa	gca	cta	aaa	gat	cgg	1972		
Pro	Gln	Ile	Thr	Ala	Ile	Ala	Asp	Ala	Ala	Glu	Ala	Leu	Lys	Asp	Arg			
			320				325				330							
ggg	att	cct	gtg	att	gca	gat	ggc	ggg	atc	cgt	ttc	tct	ggg	gat	att	2020		
Gly	Ile	Pro	Val	Ile	Ala	Asp	Gly	Gly	Ile	Arg	Phe	Ser	Gly	Asp	Ile			
			335				340				345							
tcg	aaa	gcc	att	gcg	gcg	ggc	gcc	tct	tgt	gtt	atg	gtg	ggg	tcc	atg	2068		
Ser	Lys	Ala	Ile	Ala	Ala	Gly	Ala	Ser	Cys	Val	Met	Val	Gly	Ser	Met			
			350				355				360							
ttt	gca	ggg	aca	gaa	gaa	gca	cca	ggg	gaa	atc	gaa	ctt	tat	caa	ggg	2116		

Phe Ala Gly Thr Glu Glu Ala Pro Gly Glu Ile Glu Leu Tyr Gln Gly
365 370 375
cgt gcc ttt aaa tct tat cga ggt atg gga tgc tta ggt gcg atg agc 2164
Arg Ala Phe Lys Ser Tyr Arg Gly Met Gly Ser Leu Gly Ala Met Ser
380 385 390 395
aaa ggc tca agc gac cgc tat ttc cag tcc gat aat gca gct gac aaa 2212
Lys Gly Ser Ser Asp Arg Tyr Phe Gln Ser Asp Asn Ala Ala Asp Lys
400 405 410
tta gta cca gaa ggt att gaa gga cgt att cca tat aaa gga ttc tta 2260
Leu Val Pro Glu Gly Ile Glu Gly Arg Ile Pro Tyr Lys Gly Phe Leu
415 420 425
aaa gaa att atc cat caa caa atg ggt gga ttg cgt tct tgt atg ggc 2308
Lys Glu Ile Ile His Gln Gln Met Gly Gly Leu Arg Ser Cys Met Gly
430 435 440
tta acg ggt tgt gca acc att gat gaa ctc cgt acc aaa gcg cag ttt 2356
Leu Thr Gly Cys Ala Thr Ile Asp Glu Leu Arg Thr Lys Ala Gln Phe
445 450 455
gtg cgc att agt ggt gca ggg atc caa gaa agc cat gtg cat gat gtg 2404
Val Arg Ile Ser Gly Ala Gly Ile Gln Glu Ser His Val His Asp Val
460 465 470 475
act atc aca aaa gaa gcc cct aat tat cgt atg ggt taaacattgc 2450
Thr Ile Thr Lys Glu Ala Pro Asn Tyr Arg Met Gly
480 485
ttaggtgggg attatcccca cctaagttaa ttttaataaa caacgttaat agagaagctt 2510
atttttatgt atggcattaa aattaaaaat gttattaaac tttttctatt aaagttttta 2570
agaaataaat atcgatataa aatcaatatt caacatcatc tcattagtat tgaaggaaaa 2630
tgcggtgagt ttgatttaag ccagctaaac tatgtttatt tgggtgaaaga tcctgagata 2690
agaaataatc gactgacact gtacttgaat gattttttca aaattggggg aaattatcat 2750
ggatttactc aaatgtatca gacactatca tccaagtatg gttttgatga cgcaacgttt 2810
tttgaatatc tttgtaagaa agggcctttt tctattcaaa tttggcgtaa aaaacaaact 2870
caaaattatg tgattcctga tgaagcctat actgactata cacaagggtt tgaatttcaa 2930
tctcctgaaa aaatatattt tccttggggg actacttatg aagccttatt tcagcagaca 2990
caatttaaag aaaaaggaat ctcttatgac tttatcttcc ctattcggat agggcgttta 3050
ttactcaagg atgtgtggat cacaccaagt gtccgaaaag atgtaccgat tttagcgtta 3110
tactactgagt gctatcatga atccgcgaca gaaaaaagtt atcaggaatt aaccgccgca 3170
ttactgtgaga accaacagtt aatcagatca tgtgttgaag aacgagccga tccgaaatta 3230
tataagtctg ttttacgcct taacgcgaca gaatttgaat tgcgttatta tcgacatata 3290
cgagacgatt ttgatagggg atacactaaa ttcagcatta gagatacgac agactattta 3350
gattatgtga tcaacgagcc ttatgaaaat caattagtga taacggatta tttagtatt 3410
gaggcgcaaa atttaataaa aatggattat accgataatt ccattattaa acgccgacca 3470
ccaaaaataa aagaaaagtt tcgtgatgca caaagcctga tttggacaga tgatctcaat 3530
cataaaatcg gttttaccag tgatgaccgc gctatcgtct ttgataaagc ggacattgaa 3590
tcctttactc tggcaaatat agagacaacc cgaagacata atcgagttc actcagcatc 3650
tgttttgtgg ataaaaataa ggaagccatc actgtatttc tagctgaaca tcatcttctg 3710
ataccctatg tggataaaat aaaaacactg acacaaaaag aggtgttgtt tcttgaagaa 3770
tatatagagg atgtttaaaa aaccgataac atcttgatgt catcgcaaat tcaaactcct 3830
tttacacaat atatttaaac ttttaaccga tttaatatct acgtaaaaac aactaagaga 3890
acttaaatga acaacattca caaccataaa attttaattt tggacttcgg ttcacaatat 3950
accagttga ttgcccgccg tgtacgtgaa attggcgtgt actgcgaact ttgggcatgg 4010
gatgtatccg aagccgatat tcgtgagttt aatccaactg ggattattct ttctggtggg 4070

```
cctgaaagta ccactgaaga aaacagccca cgagctcccg aatacgtatt caacgccggt 4130
gtacccgtat tagggatctg ttatggtatg caaacatgg cgatgcaact aggtgggtta 4190
actgaaactt ctactaccg agaatttggg tatgcatcag tgaatctaaa agccgcggac 4250
gcgttatttg ctcaattaaa tgatgatgtc gcaagttcac agcccaaatt agacgtttgg 4310
atgagccatg gcgataaagt gacgcgtttg ccagatcatt tccaagtcac cgcaatgacc 4370
tcaacctgtc caatcgcagc tatgtcggat gaacgtcgtc gtttttatgg tgtccaattc 4430
caccagaag tgactcatac aaaaagcggg cttgaattat taacgaattt tgtggtgaag 4490
atctgtggtt gtgaacgtaa ctggacacca gaaaatatca ttgaagatgc cgttgctcgt 4550
cttaaagcac aagtgggcga tgatgaagtg attttaggct tatctggtgg cgtttaactgc 4610
cgtataggca gcttagaaaa agtgtccgcg ctcacgttaa tccccgtaag cgttga 4666
```

<210> 24

<211> 487

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 24

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

275	280	285
Asp Ala Gly Ala Ser Ala Val Lys Val Gly Ile Gly Pro Gly Ser Ile		
290	295	300
Cys Thr Thr Arg Ile Val Thr Gly Val Gly Val Pro Gln Ile Thr Ala		
305	310	315
Ile Ala Asp Ala Ala Glu Ala Leu Lys Asp Arg Gly Ile Pro Val Ile		
325	330	335
Ala Asp Gly Gly Ile Arg Phe Ser Gly Asp Ile Ser Lys Ala Ile Ala		
340	345	350
Ala Gly Ala Ser Cys Val Met Val Gly Ser Met Phe Ala Gly Thr Glu		
355	360	365
Glu Ala Pro Gly Glu Ile Glu Leu Tyr Gln Gly Arg Ala Phe Lys Ser		
370	375	380
Tyr Arg Gly Met Gly Ser Leu Gly Ala Met Ser Lys Gly Ser Ser Asp		
385	390	395
Arg Tyr Phe Gln Ser Asp Asn Ala Ala Asp Lys Leu Val Pro Glu Gly		
405	410	415
Ile Glu Gly Arg Ile Pro Tyr Lys Gly Phe Leu Lys Glu Ile Ile His		
420	425	430
Gln Gln Met Gly Gly Leu Arg Ser Cys Met Gly Leu Thr Gly Cys Ala		
435	440	445
Thr Ile Asp Glu Leu Arg Thr Lys Ala Gln Phe Val Arg Ile Ser Gly		
450	455	460
Ala Gly Ile Gln Glu Ser His Val His Asp Val Thr Ile Thr Lys Glu		
465	470	475
Ala Pro Asn Tyr Arg Met Gly		
485		

<210> 25

<211> 2364

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (191)..(1828)

<220>

<223> Hi1501

<400> 25

```

gtcaacactc atcgcacagc tgaggcattt cccgaaagct gatcatgatg atggacctga 60
tgcgctagag atgctgtgga aaaatgcggt aagcagctct gccccgattg agttcatgac 120
aattgacggc gatttagggc gtgatgaatt tgatgacggc gatttataca gtatttggcg 180
gagataaaaa atg gcg aag aaa aag aaa aaa tta caa caa gcg aaa aaa 229
      Met Ala Lys Lys Lys Lys Lys Leu Gln Gln Ala Lys Lys
          1           5           10
gta caa gtt ggc tta gat aca caa aca aat gag gcg cgt gtc acg gag 277
Val Gln Val Gly Leu Asp Thr Gln Thr Asn Glu Ala Arg Val Thr Glu
      15           20           25
aca gga aga att att tct gat cac cca agc aat aaa att acc ccc gca 325
Thr Gly Arg Ile Ile Ser Asp His Pro Ser Asn Lys Ile Thr Pro Ala
      30           35           40           45
aag tta aaa ggg att tta gaa gat gct gaa ggt ggt gat att acc gcg 373

```

Lys	Leu	Lys	Gly	Ile	Leu	Glu	Asp	Ala	Glu	Gly	Gly	Asp	Ile	Thr	Ala	
				50					55					60		
caa	cat	gag	ctt	ttc	atg	gat	att	gaa	gaa	cgc	gac	agt	tgc	atc	ggg	421
Gln	His	Glu	Leu	Phe	Met	Asp	Ile	Glu	Glu	Arg	Asp	Ser	Cys	Ile	Gly	
			65					70					75			
gca	aat	att	caa	acc	cgt	aag	cgt	gcg	att	tta	acc	ctt	gac	tgg	cgc	469
Ala	Asn	Ile	Gln	Thr	Arg	Lys	Arg	Ala	Ile	Leu	Thr	Leu	Asp	Trp	Arg	
		80					85					90				
att	gca	gag	cca	cgt	aat	gcc	aca	ccg	caa	gaa	gaa	aaa	ctg	caa	gtc	517
Ile	Ala	Glu	Pro	Arg	Asn	Ala	Thr	Pro	Gln	Glu	Glu	Lys	Leu	Gln	Val	
		95				100					105					
gaa	att	gac	gag	ctt	ttc	tat	caa	ttc	cca	atg	cta	gaa	gat	tta	atg	565
Glu	Ile	Asp	Glu	Leu	Phe	Tyr	Gln	Phe	Pro	Met	Leu	Glu	Asp	Leu	Met	
110					115				120					125		
gtg	gat	atg	atg	gat	gcg	gta	gga	cat	ggg	ttt	tcg	gcg	tta	gaa	att	613
Val	Asp	Met	Met	Asp	Ala	Val	Gly	His	Gly	Phe	Ser	Ala	Leu	Glu	Ile	
			130				135					140				
gaa	tgg	aag	caa	gct	gaa	agt	aaa	tgg	att	cca	gtt	aat	ttt	atc	gca	661
Glu	Trp	Lys	Gln	Ala	Glu	Ser	Lys	Trp	Ile	Pro	Val	Asn	Phe	Ile	Ala	
		145					150					155				
cgt	ccg	cag	tcg	tgg	ttt	aaa	cta	gac	aag	gat	gat	aat	tta	ctg	ctt	709
Arg	Pro	Gln	Ser	Trp	Phe	Lys	Leu	Asp	Lys	Asp	Asp	Asn	Leu	Leu	Leu	
		160				165						170				
aaa	acg	cca	gat	aat	caa	gac	ggg	gag	ccg	ttg	aga	caa	tat	ggc	tgg	757
Lys	Thr	Pro	Asp	Asn	Gln	Asp	Gly	Glu	Pro	Leu	Arg	Gln	Tyr	Gly	Trp	
		175				180					185					
gta	gtg	cat	acc	cac	aaa	tca	aga	aca	gta	cag	ctt	gct	cgt	atg	ggg	805
Val	Val	His	Thr	His	Lys	Ser	Arg	Thr	Val	Gln	Leu	Ala	Arg	Met	Gly	
190					195				200					205		
tta	ttt	aga	acg	ctc	gca	tgg	ctt	tat	atg	ttt	aaa	cac	tac	tcg	gtg	853
Leu	Phe	Arg	Thr	Leu	Ala	Trp	Leu	Tyr	Met	Phe	Lys	His	Tyr	Ser	Val	
			210						215					220		
cat	gat	ttt	gcc	gaa	ttt	cta	gag	ctt	tat	ggg	atg	ccg	att	cgt	att	901
His	Asp	Phe	Ala	Glu	Phe	Leu	Glu	Leu	Tyr	Gly	Met	Pro	Ile	Arg	Ile	
		225						230				235				
ggg	aaa	tac	cca	ttt	ggg	gca	acg	aat	gac	gaa	aag	cgc	aca	tta	ttg	949
Gly	Lys	Tyr	Pro	Phe	Gly	Ala	Thr	Asn	Asp	Glu	Lys	Arg	Thr	Leu	Leu	
		240					245					250				
cgt	gca	ctt	gct	caa	atc	gga	cat	aac	gca	gca	ggg	att	atg	cca	gaa	997
Arg	Ala	Leu	Ala	Gln	Ile	Gly	His	Asn	Ala	Ala	Gly	Ile	Met	Pro	Glu	
		255				260					265					
gga	atg	aat	gtt	gag	ttg	cat	aat	gtg	aca	aac	act	act	ggc	tcg	gct	1045
Gly	Met	Asn	Val	Glu	Leu	His	Asn	Val	Thr	Asn	Thr	Thr	Gly	Ser	Ala	
				270		275				280				285		
gga	agc	aac	ccg	ttt	ttg	caa	atg	gtg	gac	tgg	tgt	gaa	aag	tcc	gcc	1093
Gly	Ser	Asn	Pro	Phe	Leu	Gln	Met	Val	Asp	Trp	Cys	Glu	Lys	Ser	Ala	
			290						295					300		
gca	cgt	ttg	att	cta	ggg	caa	aca	tta	aca	agc	ggg	gca	gat	ggg	aaa	1141
Ala	Arg	Leu	Ile	Leu	Gly	Gln	Thr	Leu	Thr	Ser	Gly	Ala	Asp	Gly	Lys	
			305					310						315		

act tca act aat gcc ctt gga caa gtg cat aat gaa gtc aga cgt gac	1189
Thr Ser Thr Asn Ala Leu Gly Gln Val His Asn Glu Val Arg Arg Asp	
320 325 330	
ttg ctt gtg tct gat gct aaa cag att gca caa act att aca caa cag	1237
Leu Leu Val Ser Asp Ala Lys Gln Ile Ala Gln Thr Ile Thr Gln Gln	
335 340 345	
att att ctg cca tat ctt caa att aac att gat ccg aat att ttg cct	1285
Ile Ile Leu Pro Tyr Leu Gln Ile Asn Ile Asp Pro Asn Ile Leu Pro	
350 355 360 365	
tct cgt gtg ccg tat ttc gag ttt gac acg aaa gaa tat gct gat tta	1333
Ser Arg Val Pro Tyr Phe Glu Phe Asp Thr Lys Glu Tyr Ala Asp Leu	
370 375 380	
agt gtc cta gcg gat gct att cct aag ctt gtg agc gta gga gtg cgc	1381
Ser Val Leu Ala Asp Ala Ile Pro Lys Leu Val Ser Val Gly Val Arg	
385 390 395	
att cct gaa aat tgg gtg cgt gat aaa gcg ggc att cca gaa ccg cag	1429
Ile Pro Glu Asn Trp Val Arg Asp Lys Ala Gly Ile Pro Glu Pro Gln	
400 405 410	
gaa aat gaa acg att tta agt gcg gtt caa cat gat ttt aaa aca gat	1477
Glu Asn Glu Thr Ile Leu Ser Ala Val Gln His Asp Phe Lys Thr Asp	
415 420 425	
tta aac gat gtt gaa aat ccg aaa aaa cag acc gca ctt tct gta caa	1525
Leu Asn Asp Val Glu Asn Pro Lys Lys Gln Thr Ala Leu Ser Val Gln	
430 435 440 445	
aat cac gtg aca ggt tgt cag tgt gat ggc tgt cgt ggt gtt gca tta	1573
Asn His Val Thr Gly Cys Gln Cys Asp Gly Cys Arg Gly Val Ala Leu	
450 455 460	
tct gcg aat aat aac agt tct act gcg cag ggc gtg cta gat ggt gga	1621
Ser Ala Asn Asn Asn Ser Ser Thr Ala Gln Gly Val Leu Asp Gly Gly	
465 470 475	
ctt gcg caa gca ttt aat gag cct gat ttt aat aaa caa tta aat cca	1669
Leu Ala Gln Ala Phe Asn Glu Pro Asp Phe Asn Lys Gln Leu Asn Pro	
480 485 490	
atg gta aag aaa gct gtt gcg gta ctc atg gca tgt gac tct tac gat	1717
Met Val Lys Lys Ala Val Ala Val Leu Met Ala Cys Asp Ser Tyr Asp	
495 500 505	
gag gcg gca gaa aaa ctc gct gaa gca tac cca gaa att tca agt cac	1765
Glu Ala Ala Glu Lys Leu Ala Glu Ala Tyr Pro Glu Ile Ser Ser His	
510 515 520 525	
gaa cac gaa cag tat ctc tca aat gcg ctg ttt tta gct gat tta ctt	1813
Glu His Glu Gln Tyr Leu Ser Asn Ala Leu Phe Leu Ala Asp Leu Leu	
530 535 540	
gga gga act aat gtc taaaccgctt agttttctat tcggacttga accaacgcaa	1868
Gly Gly Thr Asn Val	
545	
gccattgagt ttttacataa taaaaaatta cttgcaacga aagtgtttta aaaatcactg	1928
catgatagtg ccatcgcaag agctacaaca atcgcgagat tatctagtct tgagatgacg	1988
aatgatattt ataaatcaat ggaagttgcc aaaaaagagg gtaagagctt tacacaatgg	2048
aaaaaagact tggttaagtga gtttgagaaa aaaggctggg tattcgggca tgataaatct	2108
atcagtcgcg gtatcgacgg aaaactgttg gctgatccga aaacaggcga atattttggt	2168

acaccgcgtc ggctgaatac aatttatcgt acaaacgtgc aagccgcata ttctgcggcg 2228
 cgctatcagc gcatgatgga taatattgat catcgcccct attggcaata ttccgctgtc 2288
 agcgatgagc gtacacgacc ctctcatctt gcactaaacg gtcgaattta tcgctatgat 2348
 gacccgtttt ggtcga 2364

<210> 26

<211> 546

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 26

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

```

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

```

Asn Val

545

<210> 27

<211> 1353

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<223> hmbR

<220>

<221> CDS

<222> (2)..(1351)

<220>

<221> misc_feature

<222> 375

<223> n = A or T or G or C

<220>

<221> misc_feature

<222> 399

<223> n = A or T or G or C

<220>

<221> misc_feature

<222> 423

<223> n = A or T or G or C

<220>

<221> misc_feature

<222> 453

<223> n = A or T or G or C

<400> 27

```

g tca acg aaa gtc ggt tac gat att aat aac act cat cgt ttt aca ctg 49
  Ser Thr Lys Val Gly Tyr Asp Ile Asn Asn Thr His Arg Phe Thr Leu
      1             5             10             15
ttt tta gaa gat cgc cgt gaa aag aag ctt acc gaa gaa aaa aca tta 97
Phe Leu Glu Asp Arg Arg Glu Lys Lys Leu Thr Glu Glu Lys Thr Leu
      20             25             30
ggg ctt agt gat gca gtg cgt ttt gct aat gat caa acc cct tat ctc 145
Gly Leu Ser Asp Ala Val Arg Phe Ala Asn Asp Gln Thr Pro Tyr Leu
      35             40             45
cgt tat ggt att gaa tat cga tat aac ggc ttg tct tgg ttg gaa acg 193
Arg Tyr Gly Ile Glu Tyr Arg Tyr Asn Gly Leu Ser Trp Leu Glu Thr
      50             55             60
gta aag ctt ttt ttg gca aag cag aaa atc gaa caa cgt tct gct ctc 241
Val Lys Leu Phe Leu Ala Lys Gln Lys Ile Glu Gln Arg Ser Ala Leu
      65             70             75             80
caa gag ttt gat att aat aat agg aat aaa ttg gat tcg act atg tcg 289
Gln Glu Phe Asp Ile Asn Asn Arg Asn Lys Leu Asp Ser Thr Met Ser
      85             90             95
ttt gta tat tta caa aga cag aat ata gct cgg gga gaa ttt tca acg 337
Phe Val Tyr Leu Gln Arg Gln Asn Ile Ala Arg Gly Glu Phe Ser Thr
      100            105            110
agt cct tta tat tgg ggg ccg agt cgc cat cgt tta tnt gcg aaa ttc 385
Ser Pro Leu Tyr Trp Gly Pro Ser Arg His Arg Leu Xaa Ala Lys Phe
      115            120            125
gaa ttt cgt gat ang ttt tta gaa aat atg aat aag cnt ttt acg ttt 433
Glu Phe Arg Asp Xaa Phe Leu Glu Asn Met Asn Lys Xaa Phe Thr Phe
      130            135            140
cgg ccg tgg caa atc aat ana ttc aga caa caa ggt cga aat aac tat 481
Arg Pro Trp Gln Ile Asn Xaa Phe Arg Gln Gln Gly Arg Asn Asn Tyr
      145            150            155            160
aca gaa gtg ttt ccc gtt aaa tcc cga gag ttt tct ttt tct ctt atg 529
Thr Glu Val Phe Pro Val Lys Ser Arg Glu Phe Ser Phe Ser Leu Met
      165            170            175
gac gac att aag att ggc gaa ttg cta cat ctc gga ttg ggc ggt cgg 577
Asp Asp Ile Lys Ile Gly Glu Leu Leu His Leu Gly Leu Gly Gly Arg
      180            185            190
tgg gat cac tat aac tat aag cca tta tta aat tct cag cat aat atc 625
Trp Asp His Tyr Asn Tyr Lys Pro Leu Leu Asn Ser Gln His Asn Ile
      195            200            205
aac agg aca cag aga tta cct tat cca aaa aca tca tcc aaa ttt tcg 673
Asn Arg Thr Gln Arg Leu Pro Tyr Pro Lys Thr Ser Ser Lys Phe Ser
      210            215            220
tat caa ttg agt tta gag tat caa tta cat cca tca cat caa att gca 721
Tyr Gln Leu Ser Leu Glu Tyr Gln Leu His Pro Ser His Gln Ile Ala
      225            230            235            240

```

tac cgt tta agt acc ggt ttt agg gtt ccc cgt gtt gaa gat ctt tat	769
Tyr Arg Leu Ser Thr Gly Phe Arg Val Pro Arg Val Glu Asp Leu Tyr	
245 250 255	
ttt gaa gac cga gga aaa agt tct tca caa ttt ctt cct aac ccc gat	817
Phe Glu Asp Arg Gly Lys Ser Ser Ser Gln Phe Leu Pro Asn Pro Asp	
260 265 270	
cta caa ccg gaa act gca ctg aat cat gaa ata agt tac cgt ttc caa	865
Leu Gln Pro Glu Thr Ala Leu Asn His Glu Ile Ser Tyr Arg Phe Gln	
275 280 285	
aat caa tat gcc cat ttc agc gtc ggg ctt ttc cgt aca cgt tat cat	913
Asn Gln Tyr Ala His Phe Ser Val Gly Leu Phe Arg Thr Arg Tyr His	
290 295 300	
aac ttt att caa gaa cgt gag atg acc tgt gat aaa att cca tat gag	961
Asn Phe Ile Gln Glu Arg Glu Met Thr Cys Asp Lys Ile Pro Tyr Glu	
305 310 315 320	
tat aat agg act tat gga tat tgc acg cat aat act tat gta atg ttt	1009
Tyr Asn Arg Thr Tyr Gly Tyr Cys Thr His Asn Thr Tyr Val Met Phe	
325 330 335	
gtt aat gaa cct gaa gcc gtg att aaa ggg gtt gaa gta agc ggt gct	1057
Val Asn Glu Pro Glu Ala Val Ile Lys Gly Val Glu Val Ser Gly Ala	
340 345 350	
tta aat ggg tcg gca ttc gga ctt tcc gac ggt tta act ttc cgt ctc	1105
Leu Asn Gly Ser Ala Phe Gly Leu Ser Asp Gly Leu Thr Phe Arg Leu	
355 360 365	
aaa ggg agc tac agc aaa ggt caa aat cat gac ggc gat ccg tta aaa	1153
Lys Gly Ser Tyr Ser Lys Gly Gln Asn His Asp Gly Asp Pro Leu Lys	
370 375 380	
tct att caa cca tgg aca gtg gta acc ggt att gat tac gaa act gaa	1201
Ser Ile Gln Pro Trp Thr Val Val Thr Gly Ile Asp Tyr Glu Thr Glu	
385 390 395 400	
ggg tgg agc gtg agt ttg agc ggg cgt tat agt gcg gct aaa aaa gcc	1249
Gly Trp Ser Val Ser Leu Ser Gly Arg Tyr Ser Ala Ala Lys Lys Ala	
405 410 415	
aaa gat gcg ata gaa acg gaa tac aca cat gat aaa aag gtt gtc aaa	1297
Lys Asp Ala Ile Glu Thr Glu Tyr Thr His Asp Lys Lys Val Val Lys	
420 425 430	
caa tgg ccg cat tta agt cca tcc tac ttt gtt gtt gat ttt acg ggg	1345
Gln Trp Pro His Leu Ser Pro Ser Tyr Phe Val Val Asp Phe Thr Gly	
435 440 445	
caa gtt ga	1353
Gln Val	
450	
<210> 28	
<211> 450	
<212> PRT	
<213> Pasteurella multocida	
<220>	
<221> misc_feature	
<222> 125	
<223> Xaa = any or unknown amino acid	

```

<220>
<221> misc_feature
<222> 133
<223> Xaa = any or unknown amino acid
<220>
<221> misc_feature
<222> 141
<223> Xaa = any or unknown amino acid
<220>
<221> misc_feature
<222> 151
<223> Xaa = any or unknown amino acid
<400> 28
Ser Thr Lys Val Gly Tyr Asp Ile Asn Asn Thr His Arg Phe Thr Leu
 1          5          10          15
Phe Leu Glu Asp Arg Arg Glu Lys Lys Leu Thr Glu Glu Lys Thr Leu
          20          25          30
Gly Leu Ser Asp Ala Val Arg Phe Ala Asn Asp Gln Thr Pro Tyr Leu
          35          40          45
Arg Tyr Gly Ile Glu Tyr Arg Tyr Asn Gly Leu Ser Trp Leu Glu Thr
          50          55          60
Val Lys Leu Phe Leu Ala Lys Gln Lys Ile Glu Gln Arg Ser Ala Leu
          65          70          75          80
Gln Glu Phe Asp Ile Asn Asn Arg Asn Lys Leu Asp Ser Thr Met Ser
          85          90          95
Phe Val Tyr Leu Gln Arg Gln Asn Ile Ala Arg Gly Glu Phe Ser Thr
          100          105          110
Ser Pro Leu Tyr Trp Gly Pro Ser Arg His Arg Leu Xaa Ala Lys Phe
          115          120          125
Glu Phe Arg Asp Xaa Phe Leu Glu Asn Met Asn Lys Xaa Phe Thr Phe
          130          135          140
Arg Pro Trp Gln Ile Asn Xaa Phe Arg Gln Gln Gly Arg Asn Asn Tyr
          145          150          155          160
Thr Glu Val Phe Pro Val Lys Ser Arg Glu Phe Ser Phe Ser Leu Met
          165          170          175
Asp Asp Ile Lys Ile Gly Glu Leu Leu His Leu Gly Leu Gly Gly Arg
          180          185          190
Trp Asp His Tyr Asn Tyr Lys Pro Leu Leu Asn Ser Gln His Asn Ile
          195          200          205
Asn Arg Thr Gln Arg Leu Pro Tyr Pro Lys Thr Ser Ser Lys Phe Ser
          210          215          220
Tyr Gln Leu Ser Leu Glu Tyr Gln Leu His Pro Ser His Gln Ile Ala
          225          230          235          240
Tyr Arg Leu Ser Thr Gly Phe Arg Val Pro Arg Val Glu Asp Leu Tyr
          245          250          255
Phe Glu Asp Arg Gly Lys Ser Ser Ser Gln Phe Leu Pro Asn Pro Asp
          260          265          270
Leu Gln Pro Glu Thr Ala Leu Asn His Glu Ile Ser Tyr Arg Phe Gln
          275          280          285
Asn Gln Tyr Ala His Phe Ser Val Gly Leu Phe Arg Thr Arg Tyr His

```

290	295	300
Asn Phe Ile Gln Glu Arg Glu Met Thr Cys Asp Lys Ile Pro Tyr Glu		
305	310	315
Tyr Asn Arg Thr Tyr Gly Tyr Cys Thr His Asn Thr Tyr Val Met Phe		320
	325	330
Val Asn Glu Pro Glu Ala Val Ile Lys Gly Val Glu Val Ser Gly Ala		335
	340	345
Leu Asn Gly Ser Ala Phe Gly Leu Ser Asp Gly Leu Thr Phe Arg Leu		350
	355	360
Lys Gly Ser Tyr Ser Lys Gly Gln Asn His Asp Gly Asp Pro Leu Lys		365
	370	375
Ser Ile Gln Pro Trp Thr Val Val Thr Gly Ile Asp Tyr Glu Thr Glu		380
385	390	395
Gly Trp Ser Val Ser Leu Ser Gly Arg Tyr Ser Ala Ala Lys Lys Ala		400
	405	410
Lys Asp Ala Ile Glu Thr Glu Tyr Thr His Asp Lys Lys Val Val Lys		415
	420	425
Gln Trp Pro His Leu Ser Pro Ser Tyr Phe Val Val Asp Phe Thr Gly		430
	435	440
		445

Gln Val

450

<210> 29

<211> 4936

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (1078)..(2769)

<220>

<223> hxC

<400> 29

```

gtcaacaaca aagcgcacag gcattacttc atgccacaca catcatcacag aaagtacgta 60
ccgatttaac gcaaattaat gccgtcaaca ttcattcttt cctatcataa agcggtttcat 120
catggctagc attctagcaa aaattagttg agggaaatag cgggtcttggt ttgcttaaaa 180
aacaaccac cccgtagggc acggctgttt ctttttgaga aattacgctt cttcatcttg 240
atcttttttc aagatctcat cttcattgag ttttaaaaga cgggcaatcg cattgcggta 300
ggagatttca aggcctttctc gactagtagc aatgacacct tgatcgatta agaaaccgtc 360
attgacatca taaaccaaac catgtaatga gagttttttc ccattttttcc acgcggattt 420
aatgattgac gagcgacct agttataaac ttgctctgag acgttaattt tcgtcagcat 480
atcagcccggt ttttcaggcg gtaaattgcc aagtaaataa ctatgcttat accaaatata 540
gcgtaagtgg agtaaccagt tattaattaa acctaaatct tgatccgcca ttgcggcttt 600
aattccacca cagtttgtat gtccacaaat aataatgtgt tcaatattta agacctcaac 660
ggcatattgc acaacagata aacagtttaa atcgggtgtga atgacttgat ttgcaacatt 720
acgatgcaca aacagctcac ccggctcctaa atttgttaat ttttctgcag gaacacggct 780
atccgagcaa ccaatccaaa gatagctcgg ggtttgatga tcagccaatt ctttaaagta 840
agaggagttt tcctctttca tccgtaacgc ccagctataa ttattggcaa aaagttgttc 900
aatTTTTTtc attagagtga ttcctatacc gcaaaaataa gggggctagt atagcttaga 960
aatagacagt gggtaaagaa aggcacaaaaa ttgtatagga taacttggtt tttattgcca 1020
tttatttaga attagaatct ttaataataa aaataattat cattaagggtt aatagtt 1077
atg gat aaa aat tta atg aag gga tgt gta ttc tta tca ata gtc ggt 1125

```

Met	Asp	Lys	Asn	Leu	Met	Lys	Gly	Cys	Val	Phe	Leu	Ser	Ile	Val	Gly	
1				5				10					15			
tgc	ggt	atc	caa	ata	ggg	cta	gca	tca	aat	cca	aat	cct	cca	gat	gtg	1173
Cys	Gly	Ile	Gln	Ile	Gly	Leu	Ala	Ser	Asn	Pro	Asn	Pro	Pro	Asp	Val	
			20					25					30			
gat	gag	tta	tta	cct	att	att	gtg	aat	gct	gat	gaa	gat	aat	aaa	tta	1221
Asp	Glu	Leu	Leu	Pro	Ile	Ile	Val	Asn	Ala	Asp	Glu	Asp	Asn	Lys	Leu	
			35					40					45			
cca	ggt	cgt	tct	gta	tta	aaa	cag	aaa	aat	atc	gat	caa	caa	caa	gca	1269
Pro	Gly	Arg	Ser	Val	Leu	Lys	Gln	Lys	Asn	Ile	Asp	Gln	Gln	Gln	Ala	
			50					55					60			
gat	aat	gcc	gct	gac	tta	ata	aat	att	tta	cct	ggg	gta	aat	atg	gcg	1317
Asp	Asn	Ala	Ala	Asp	Leu	Ile	Asn	Ile	Leu	Pro	Gly	Val	Asn	Met	Ala	
			65					70								
gga	gga	ttt	cgc	cct	ggt	ggt	caa	aca	tta	aat	att	aat	gga	atg	ggt	1365
Gly	Gly	Phe	Arg	Pro	Gly	Gly	Gln	Thr	Leu	Asn	Ile	Asn	Gly	Met	Gly	
			85					90					95			
gat	gct	gaa	gat	gtt	aga	gtt	caa	cta	gac	ggc	gca	aca	aaa	agt	ttc	1413
Asp	Ala	Glu	Asp	Val	Arg	Val	Gln	Leu	Asp	Gly	Ala	Thr	Lys	Ser	Phe	
			100					105					110			
gaa	aaa	tat	caa	caa	ggc	tct	att	ttt	att	gaa	cct	gag	tta	tta	aga	1461
Glu	Lys	Tyr	Gln	Gln	Gly	Ser	Ile	Phe	Ile	Glu	Pro	Glu	Leu	Leu	Arg	
			115					120					125			
aag	gtg	aca	gta	gac	aaa	gga	aat	tat	tct	cct	caa	tat	ggc	aat	ggt	1509
Lys	Val	Thr	Val	Asp	Lys	Gly	Asn	Tyr	Ser	Pro	Gln	Tyr	Gly	Asn	Gly	
			130					135					140			
ggc	ttt	gct	ggt	act	gta	aaa	ttt	gaa	aca	aaa	gat	gca	act	gat	ttt	1557
Gly	Phe	Ala	Gly	Thr	Val	Lys	Phe	Glu	Thr	Lys	Asp	Ala	Thr	Asp	Phe	
			145					150					155			
ttg	aaa	gaa	aat	cag	aaa	ata	ggt	gga	tta	ttt	aaa	tat	gga	aat	aat	1605
Leu	Lys	Glu	Asn	Gln	Lys	Ile	Gly	Gly	Leu	Phe	Lys	Tyr	Gly	Asn	Asn	
			165					170					175			
agc	aat	aat	aac	caa	aaa	act	tat	agt	aca	gcc	cta	gtt	tta	cag	aat	1653
Ser	Asn	Asn	Asn	Gln	Lys	Thr	Tyr	Ser	Thr	Ala	Leu	Val	Leu	Gln	Asn	
			180					185					190			
gaa	caa	aaa	aat	att	gat	ttg	tta	tta	ttt	ggt	tct	gta	aga	aat	gca	1701
Glu	Gln	Lys	Asn	Ile	Asp	Leu	Leu	Leu	Phe	Gly	Ser	Val	Arg	Asn	Ala	
			195					200					205			
agc	aat	tat	aca	aga	cct	gat	aaa	agt	aaa	att	ctt	ttt	tca	aaa	aac	1749
Ser	Asn	Tyr	Thr	Arg	Pro	Asp	Lys	Ser	Lys	Ile	Leu	Phe	Ser	Lys	Asn	
			210					215					220			
aat	caa	aaa	agt	gga	tta	ata	aaa	gta	aat	tgg	caa	att	act	cct	gaa	1797
Asn	Gln	Lys	Ser	Gly	Leu	Ile	Lys	Val	Asn	Trp	Gln	Ile	Thr	Pro	Glu	
			225					230					235			
cat	tta	tta	act	tta	tcc	agt	gtt	tat	ggc	att	cat	aaa	ggg	tgg	gaa	1845
His	Leu	Leu	Thr	Leu	Ser	Ser	Val	Tyr	Gly	Ile	His	Lys	Gly	Trp	Glu	
			245					250					255			
cct	tgg	gca	gca	aaa	aga	gat	gtg	atg	tcg	aga	cca	aca	gaa	aca	gaa	1893
Pro	Trp	Ala	Ala	Lys	Arg	Asp	Val	Met	Ser	Arg	Pro	Thr	Glu	Thr	Glu	
			260					265					270			

ata	aaa	cac	tat	ggg	att	gat	gtt	gcg	tgg	aaa	cgt	aaa	ctt	gtt	tat	1941
Ile	Lys	His	Tyr	Gly	Ile	Asp	Val	Ala	Trp	Lys	Arg	Lys	Leu	Val	Tyr	
		275					280				285					
cga	gat	caa	aaa	gat	gaa	agt	tat	tca	ttg	aaa	tat	cgc	tat	tta	cct	1989
Arg	Asp	Gln	Lys	Asp	Glu	Ser	Tyr	Ser	Leu	Lys	Tyr	Arg	Tyr	Leu	Pro	
		290				295					300					
gaa	aat	aat	aag	tgg	att	aat	ttg	tct	gtt	cag	ctg	agt	tat	agt	aaa	2037
Glu	Asn	Asn	Lys	Trp	Ile	Asn	Leu	Ser	Val	Gln	Leu	Ser	Tyr	Ser	Lys	
305					310					315					320	
aca	gag	cag	aat	gat	act	cgc	cat	gag	aaa	gtc	act	tct	tca	ttc	cta	2085
Thr	Glu	Gln	Asn	Asp	Thr	Arg	His	Glu	Lys	Val	Thr	Ser	Ser	Phe	Leu	
				325					330					335		
ggc	aca	tta	gga	aat	aaa	agt	tgg	ata	act	tat	tca	gat	ctt	act	ttt	2133
Gly	Thr	Leu	Gly	Asn	Lys	Ser	Trp	Ile	Thr	Tyr	Ser	Asp	Leu	Thr	Phe	
		340						345					350			
gat	ata	agt	aac	aca	agt	act	cta	aat	att	ggg	cgt	gct	gag	cat	gaa	2181
Asp	Ile	Ser	Asn	Thr	Ser	Thr	Leu	Asn	Ile	Gly	Arg	Ala	Glu	His	Glu	
		355					360				365					
cta	cta	ttt	ggc	tta	cag	tgg	tta	aaa	aat	aaa	aga	aat	acc	ctt	atg	2229
Leu	Leu	Phe	Gly	Leu	Gln	Trp	Leu	Lys	Asn	Lys	Arg	Asn	Thr	Leu	Met	
		370				375					380					
tat	cat	aaa	ggg	gga	gtc	aag	aag	gca	gac	tat	aat	tat	ggc	tat	ttt	2277
Tyr	His	Lys	Gly	Gly	Val	Lys	Lys	Ala	Asp	Tyr	Asn	Tyr	Gly	Tyr	Phe	
385					390					395					400	
cag	cct	tat	tat	atg	cct	tct	gga	cgc	cag	tat	aca	caa	gca	ttt	tat	2325
Gln	Pro	Tyr	Tyr	Met	Pro	Ser	Gly	Arg	Gln	Tyr	Thr	Gln	Ala	Phe	Tyr	
				405				410					415			
tta	caa	gat	caa	ata	aaa	tgg	cag	aat	ttc	ctc	ttt	aca	gga	ggg	ata	2373
Leu	Gln	Asp	Gln	Ile	Lys	Trp	Gln	Asn	Phe	Leu	Phe	Thr	Gly	Gly	Ile	
			420					425					430			
aga	tat	gac	cat	atc	aat	aat	ata	ggg	cag	aaa	aat	tta	gcg	cca	cga	2421
Arg	Tyr	Asp	His	Ile	Asn	Asn	Ile	Gly	Gln	Lys	Asn	Leu	Ala	Pro	Arg	
		435					440				445					
tat	aat	gat	atc	tct	gca	gga	cat	gat	tat	agc	cag	aaa	aat	tat	aat	2469
Tyr	Asn	Asp	Ile	Ser	Ala	Gly	His	Asp	Tyr	Ser	Gln	Lys	Asn	Tyr	Asn	
		450				455					460					
ggc	tgg	tct	tat	tat	tta	ggc	ctt	aag	tat	gat	gta	aat	cat	tat	tta	2517
Gly	Trp	Ser	Tyr	Tyr	Leu	Gly	Leu	Lys	Tyr	Asp	Val	Asn	His	Tyr	Leu	
465					470					475					480	
agt	tta	ttt	acg	aat	ttt	agt	aaa	act	tgg	cga	gcc	cct	gtt	att	gat	2565
Ser	Leu	Phe	Thr	Asn	Phe	Ser	Lys	Thr	Trp	Arg	Ala	Pro	Val	Ile	Asp	
				485				490					495			
gaa	cag	tat	gag	aca	caa	tat	agt	caa	gct	tct	gta	tct	gcg	act	tct	2613
Glu	Gln	Tyr	Glu	Thr	Gln	Tyr	Ser	Gln	Ala	Ser	Val	Ser	Ala	Thr	Ser	
			500					505					510			
tta	aat	tta	gaa	aaa	gaa	atg	att	aat	caa	acc	aga	gtg	ggc	gga	att	2661
Leu	Asn	Leu	Glu	Lys	Glu	Met	Ile	Asn	Gln	Thr	Arg	Val	Gly	Gly	Ile	
		515					520					525				
att	act	ctc	aat	cat	cta	ttt	cag	gaa	aat	gat	gct	ttt	caa	ttt	aga	2709
Ile	Thr	Leu	Asn	His	Leu	Phe	Gln	Glu	Asn	Asp	Ala	Phe	Gln	Phe	Arg	

530 535 540
 act act tat ttt tac aat cgc ggc aag aat gaa atc ttc aaa acg aga 2757
 Thr Thr Tyr Phe Tyr Asn Arg Gly Lys Asn Glu Ile Phe Lys Thr Arg
 545 550 555 560
 ggg gtt aac cgt tagagttggt tgaaatgact gaaaaattag acctatacgt 2809
 Gly Val Asn Arg
 tactgttaaa ggtggcggta tttctgggtca agcgggtgca atccgtcacg gtatcactcg 2869
 tgcattaatc gaatatgatg agagttttacg ctctgtatta cgcgagctg gtttcgttac 2929
 tcgcgatgca cgtcaagttg aacgtaaaaa agtgggttta cgcaaagcgc gtcgtcgtcc 2989
 acaattctca aaacgttaat ttttctttta cgttttatat tcagattgca agcccaaaag 3049
 gcttgcaatt tttttatctc aataaaaattt acgataatct ttggaaatca gtgggcgatt 3109
 tgtggtagaa taaacgcccc ttttttatat aaaatcatgc cagaatcagg caaagtttaa 3169
 taaattttta ttcatttttag agctgtcggg ggaatagatg acaagcgctg caaataaacg 3229
 ttcaataatg acactttttt cagataaaac agatatattt tgccaccaag taaggattgt 3289
 tttggctgaa aaggggtgtt cttatgaaac ggaagttgta gatcctcaag tcgtatcaga 3349
 agatttaatg gaattaaatc cgtatggcac gttgccgaca ttagttgatc gtgatttagt 3409
 gttatttaat tcacgtatta ttatggaata tcttgatgag cgtttccctc atccaccttt 3469
 gatgcctgtt tatccagtgg cacgtgggaa aagccgttta ttaatgttac gtattgagca 3529
 agattggtac ccagtattag caaaagctga aaaaggcacg gacgcagaac gtgctgtcgc 3589
 attaaaacaa ttaagagaag agatttttagc gattgcgctt attttcacgc agatgcctta 3649
 ttttatgagc gaagagttta gtttagtaga ttgttatatc gcccattat tatggcgtat 3709
 gcaagaactg ggtgtggatt tcagtggggc gggtagcaaa gcaattaaag cttacatggc 3769
 acgtgttttt gaacgcgatt cttttatgca atcttttaggc gtgtcggctc cgaaaaactt 3829
 aatggatgag aaataatcag tatgctacat aaatcatcac caaagcgctc ttacttgta 3889
 agagcgtatt atgattggtt agtggataat gatttcaccc cttatttagt ggtggacgcg 3949
 acttatgttg gtgtgaaagt ccctgtggaa tatgtcaaag atgggcaa atgtcctcaat 4009
 ttatctgcga atgcgacagg taatctggta ctaagcaatg aaagtattca gtttagcgcg 4069
 cgttttcgtg gtatttcaca agatatattt attcctatgg gggctgcgtt agccatttat 4129
 gtcgtgaaa atgggtgatg tgtactgttt gaacctgaag cgatttatga tgagctcgca 4189
 acacaaaata ttggtattga gcagccactg agctttgttg aggctgtcga taaacaaaa 4249
 accagtgaga atactcaaaa aagcacaaac aaagacaaaa cgacggaaaa aaaagcgact 4309
 tctcatttaa gaattattaa ataaaagagg ttttctttct tcataaaaaa acacgctttt 4369
 acgcgtgttt ttttggtgcg gacagtttat tgtgccattt tttttgcggc ttttaagaag 4429
 ccttgcgcac tcgtgtgatg gtcactttta ttctgtgccg ctaaaatcat atccgacatt 4489
 tcacgaaagg ccccttgctc acctttcagg cttagtacgt gatcagcgtg cattttgata 4549
 taagcggcgc atcttgact gcaaaggcaa caccacagcg gcaaaagcag gcagatcaac 4609
 gctgtcatca ccaatataag ccgtttcttg cgcacagaca ttggcttggt gtatcaattc 4669
 aagacaggcg ctttcttttt ccaatttgcc gaggaaaaag tgttgatgc ctagatctgc 4729
 aatacgtttg cgtagaatcg ggaatctcg ccccgagagt accgagactt gaatgccaga 4789
 ttccattaac attctgatcc ccaagccatc acgaacatga aaggttttga aagcttcacc 4849
 atgggcatcg taatgcaaag agccgtcggg cagtacaccg tcgatatctg taatcacaaa 4909
 ttttaattttt ttgagttttt ccgttga 4936
 <210> 30
 <211> 564
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida
 <400> 30
 Met Asp Lys Asn Leu Met Lys Gly Cys Val Phe Leu Ser Ile Val Gly
 1 5 10 15
 Cys Gly Ile Gln Ile Gly Leu Ala Ser Asn Pro Asn Pro Pro Asp Val

20					25					30						
Asp	Glu	Leu	Leu	Pro	Ile	Ile	Val	Asn	Ala	Asp	Glu	Asp	Asn	Lys	Leu	
35					40					45						
Pro	Gly	Arg	Ser	Val	Leu	Lys	Gln	Lys	Asn	Ile	Asp	Gln	Gln	Gln	Ala	
50					55					60						
Asp	Asn	Ala	Ala	Asp	eu	Ile	Asn	Ile	Leu	Pro	Gly	Val	Asn	Met	Ala	
65					70					75					80	
Gly	Gly	Phe	Arg	Pro	Gly	Gly	Gln	Thr	Leu	Asn	Ile	Asn	Gly	Met	Gly	
85					90					95						
Asp	Ala	Glu	Asp	Val	Arg	Val	Gln	Leu	Asp	Gly	Ala	Thr	Lys	Ser	Phe	
100					105					110						
Glu	Lys	Tyr	Gln	Gln	Gly	Ser	Ile	Phe	Ile	Glu	Pro	Glu	Leu	Leu	Arg	
115					120					125						
Lys	Val	Thr	Val	Asp	Lys	Gly	Asn	Tyr	Ser	Pro	Gln	Tyr	Gly	Asn	Gly	
130					135					140						
Gly	Phe	Ala	Gly	Thr	Val	Lys	Phe	Glu	Thr	Lys	Asp	Ala	Thr	Asp	Phe	
145					150					155					160	
Leu	Lys	Glu	Asn	Gln	Lys	Ile	Gly	Gly	Leu	Phe	Lys	Tyr	Gly	Asn	Asn	
165					170					175						
Ser	Asn	Asn	Asn	Gln	Lys	Thr	Tyr	Ser	Thr	Ala	Leu	Val	Leu	Gln	Asn	
180					185					190						
Glu	Gln	Lys	Asn	Ile	Asp	Leu	Leu	Leu	Phe	Gly	Ser	Val	Arg	Asn	Ala	
195					200					205						
Ser	Asn	Tyr	Thr	Arg	Pro	Asp	Lys	Ser	Lys	Ile	Leu	Phe	Ser	Lys	Asn	
210					215					220						
Asn	Gln	Lys	Ser	Gly	Leu	Ile	Lys	Val	Asn	Trp	Gln	Ile	Thr	Pro	Glu	
225					230					235					240	
His	Leu	Leu	Thr	Leu	Ser	Ser	Val	Tyr	Gly	Ile	His	Lys	Gly	Trp	Glu	
245					250					255						
Pro	Trp	Ala	Ala	Lys	Arg	Asp	Val	Met	Ser	Arg	Pro	Thr	Glu	Thr	Glu	
260					265					270						
Ile	Lys	His	Tyr	Gly	Ile	Asp	Val	Ala	Trp	Lys	Arg	Lys	Leu	Val	Tyr	
275					280					285						
Arg	Asp	Gln	Lys	Asp	Glu	Ser	Tyr	Ser	Leu	Lys	Tyr	Arg	Tyr	Leu	Pro	
290					295					300						
Glu	Asn	Asn	Lys	Trp	Ile	Asn	Leu	Ser	Val	Gln	Leu	Ser	Tyr	Ser	Lys	
305					310					315					320	
Thr	Glu	Gln	Asn	Asp	Thr	Arg	His	Glu	Lys	Val	Thr	Ser	Ser	Phe	Leu	
325					330					335						
Gly	Thr	Leu	Gly	Asn	Lys	Ser	Trp	Ile	Thr	Tyr	Ser	Asp	Leu	Thr	Phe	
340					345					350						
Asp	Ile	Ser	Asn	Thr	Ser	Thr	Leu	Asn	Ile	Gly	Arg	Ala	Glu	His	Glu	
355					360					365						
Leu	Leu	Phe	Gly	Leu	Gln	Trp	Leu	Lys	Asn	Lys	Arg	Asn	Thr	Leu	Met	
370					375					380						
Tyr	His	Lys	Gly	Gly	Val	Lys	Lys	Ala	Asp	Tyr	Asn	Tyr	Gly	Tyr	Phe	
385					390					395					400	
Gln	Pro	Tyr	Tyr	Met	Pro	Ser	Gly	Arg	Gln	Tyr	Thr	Gln	Ala	Phe	Tyr	
405					410					415						
Leu	Gln	Asp	Gln	Ile	Lys	Trp	Gln	Asn	Phe	Leu	Phe	Thr	Gly	Gly	Ile	

420	425	430
Arg Tyr Asp His Ile Asn Asn Ile Gly Gln Lys Asn Leu Ala Pro Arg		
435	440	445
Tyr Asn Asp Ile Ser Ala Gly His Asp Tyr Ser Gln Lys Asn Tyr Asn		
450	455	460
Gly Trp Ser Tyr Tyr Leu Gly Leu Lys Tyr Asp Val Asn His Tyr Leu		
465	470	475
Ser Leu Phe Thr Asn Phe Ser Lys Thr Trp Arg Ala Pro Val Ile Asp		
485	490	495
Glu Gln Tyr Glu Thr Gln Tyr Ser Gln Ala Ser Val Ser Ala Thr Ser		
500	505	510
Leu Asn Leu Glu Lys Glu Met Ile Asn Gln Thr Arg Val Gly Gly Ile		
515	520	525
Ile Thr Leu Asn His Leu Phe Gln Glu Asn Asp Ala Phe Gln Phe Arg		
530	535	540
Thr Thr Tyr Phe Tyr Asn Arg Gly Lys Asn Glu Ile Phe Lys Thr Arg		
545	550	555
Gly Val Asn Arg		560

<210> 31

<211> 9814

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (4762)..(7662)

<220>

<223> iroA

<400> 31

```

gtcgacctgc agcagacaat gtccactgtg taatagtcca acgactgtta taaaaatctt 60
ccgctgcttt ttctaattgt tgtacacggg gtttttcaaa ttcttccaaa ttcttggttg 120
gttggaactaa agttgtttca gccgccgctt taaaattggc gacaaaatcc gattgtttga 180
ttaaaccata ggattttgct tggattttgt cgccggctgc ttcaccaaat ttatcgaaaa 240
attcaggcgt ataagtcacg tttgggatcg taggcgcgat gatctgatta acaccagcct 300
gttgtaatgc tccccattgc tgtgccatcg tttgtgccat ggttttaata ctggctaaca 360
cgtaggcttg tttctcttca ggtgttgtct tcgttactgc tgttgctaata actgtcgcca 420
aatcattacc acctgcccac agaatatgta aagcttcttt tttgactggc gcatgtaaat 480
actcgttgat ctgcttttct agtgctaaat gaggttggtc tgctgttcta gtattatgtg 540
caccaacaat caccaccacg ctgtacgcgt agttcaaacc accttggtga gaaggatta 600
attttttccc aaatgcttga gctaaatatt catcataaag gtgatgatag ttccatcag 660
cctttaaata agaggcttct ttattccaac ctgtttgccc catatcactt aaactatcac 720
caaacacgac aacatcttgt gccagagcag ccgaacttag tgaacaaaat aatgcgaatg 780
aaagtgtatt aattttcaca ataatgtcct tcaattattc atcgtcagtc aaaaatttgc 840
gtcatcatal gttgattata ggaagatacc tagccagacc actactggta tgaacagaag 900
tcaatgttta atcacataaa aaagcctctg tgctttcaca cagaggcttt tatgtccatt 960
cacctactca aattacatcg cttgagtaaa ggtacgcgta atcacgtctt gttgttggtc 1020
tttggttaac gagttaaaag gtactgcata acccgaaaca cgaatggtta attgtggata 1080
tttctccgga ttttcattg catctaacaa catttcacgg ttcattgacgt tcacgtttta 1140
gtgttggtcc cttcaatcg ttgcttcatg gtggaagtaa ccgtccatta gacctgcaag 1200
gttacgtttt tgtgttctgt aatctttacc taaggcattt ggtacgattg agaaggata 1260
agaaatacca tctttcgcat aagcaaattg caatttcgca acagaagtta acgatgctac 1320

```

tgcacctttt	tggtcacgac	cgtgcattgg	gttcgcaccc	gggccaaatg	gtgcaccaga	1380
acgacgacca	tctgggggtg	tacctgtttt	cttaccataa	accacgttag	atgtaatagt	1440
aagtacagat	tgtgtcgggt	tcgcattacg	ataagtaccc	aatTTTTgga	TTTTcttcat	1500
aaagcgttca	actaaatcac	aagcgatttc	atcaacacgg	ttatcgttgt	taccgaattg	1560
tggatattcg	ccttcaatth	caaagtcgat	tgccacatct	tttgcaatac	caaccacttc	1620
acccgcttta	TTTTtgatth	cgatatcacc	acgaactggg	ttcacttttcg	catattttaat	1680
ggcagataaa	gagtccgctg	cgacagaaaag	ccctgcgata	ccacaagcca	tagtacggaa	1740
tacatcacga	tcatgaagtg	ccattagtgc	ggcttcatac	gcgtatttat	cgtgcataaa	1800
gtgaatgatg	ttcaatgcag	taacatattg	tttcgctaac	caatccataa	agctgtctaa	1860
gcgcgtcatg	acatcatcat	aatctaagta	ttcgttggtg	attggatcgg	TTTTcggtcc	1920
tacttgggtca	cctgattttct	catccacacc	gccattgatt	gcgtataaca	aggtttttcgc	1980
taagtthggca	cgtgcaccga	agaattgcat	catttttacc	acgatcattg	gcgatacaca	2040
gcatgcaatc	gcatagtcac	cgTTTTggaa	gtcaggacgc	attaagtcac	cgTTTTcata	2100
ctgaacagaa	gacgtatcga	tagacactth	tgccgcataa	cgTTTTgaaac	cttctggtaa	2160
TTTTtcagac	caaagaatcg	ttaagttthg	ctctgggtgac	gggtcccatcg	tataaagggg	2220
gtgtaagata	cggaagctgt	TTTTggttac	taaagtacga	ccatctaagc	ccatacccg	2280
taaggthttcc	gttgccca	ttgggtcgcc	cgagaataat	tgatcgtact	ctgggggtacg	2340
taagaaacgc	accatacgtg	atttcatgac	taagtgggtca	attaatttct	gtgcttcttg	2400
ttctgtaat	ttgcctgctt	ttaaatcacg	ctcaatataa	atatctaaga	aagtcgatac	2460
acgaccaa	gacatggcag	caccgtthttg	tgattttact	gcagcgggtac	gactttgcac	2520
agttatcgga	agataattga	aatcataacc	agcaacaa	gtcagccggt	ctattttcttc	2580
tgaagaatat	cggcgattgc	gttctggcg	aatggctggg	TTTTtcacat	tcttgagatg	2640
attttctttc	aagtattthc	attctgtgat	tgctgtcgta	ataatgtgcg	aaagagtatt	2700
ccattctcta	agcacacttg	ccgcactaac	ttgtgaaagt	cgttcatcac	gccactgcac	2760
aaagtgatgt	tcttgtaaat	cgattaatct	cacgttagaa	atcggcata	ttagcaagcg	2820
aagtaa	aacttttcag	cacgatagcc	ctttttatth	atgctcactt	ctttgatata	2880
tttatcgaca	agttgtgcaa	aagtgatgtc	gggaatatca	gtgaatacac	cgthttatgat	2940
TTTTgttct	atgtctaacg	cccacgcttg	cgcatcagct	ttagtccgaa	atgttgctga	3000
tttatagaca	ctttttttgc	gaatttgaa	tcgccaacct	gattttttgt	tgttaaaagt	3060
cgccacgcct	aactaccatt	aattttgcac	aattcgttgt	gcaattttgt	gcaattttat	3120
ttcttaaatg	atgtthtagcg	gatcataaat	gaagaaaaaa	cagaagtaaa	acactatata	3180
aaaaaacagt	atattttttg	ttgaagtgtc	taatgtagtt	tgtaacttat	tgatttttaa	3240
atattaaaga	taaagaaaaa	gccgacaaaa	gtcggcttht	TTTTtttatg	ctgtttatca	3300
atggtgccta	gggccgggact	cgaaccggca	caccgaagg	cggthgattt	tgaatcaact	3360
gcgtctacca	atttcgccac	ccaggcta	attgataaag	agcatcaaat	taggtctgta	3420
ttatacctth	tcatthgatag	gttacaagca	aaaaatgatt	ttagatattc	aattgtctth	3480
attttcatca	gtgtgggtgt	tctctctth	tttattcagg	tgcatggaag	taaccttata	3540
aaaataaagg	TTTTttgtth	aaatttttaa	taacttttht	gtaaaaagat	cgcagthtct	3600
tttgaaaaaa	agaccgatta	caaataaat	taaaaactat	tatcaatatt	gataataatg	3660
ggattthaac	catgacattth	ataaggataa	agtcaagatg	atgctaaaaag	cacaaattgc	3720
agatttatatt	acacaaaatc	cactggcaat	tactthggat	atggcttcgc	actthggcaa	3780
acctgaagg	gaaattthtat	gtgctthacc	tgatgagtht	gttcgagtg	ttcctgcgga	3840
acgtgcggag	gaagtgtctg	ctgagatcag	tagthggggg	attthcacga	ccattattga	3900
aaaagaagga	tcgattthttg	aaattaaaga	ccgtthtccg	accgggatgg	ttgggcgtgg	3960
ttattataat	ttgaatatga	aagatgaaga	aggcacgctt	catggtcacc	ttaaattaga	4020
taacatcagc	aaaattgcct	ttgtgagtht	accgtthcgc	ggtaaagaaa	gttataacat	4080
cgcattthatt	gcgaataatg	ggcaaaactat	ttthaaagth	tattthggggc	gcgatgctga	4140
gcgtcaatta	tttcagaa	aagthcaaaa	attthaaagca	tttattthaga	aggttaaaaa	4200
agtaatgaca	acaaatcgct	aagaagthatt	acaaaatcg	ttaggtccag	aaattcaaga	4260
gttaaaggca	caatgtaaaa	cagtcatgct	cgctactgtc	ggtgaagatg	gtaatcccaa	4320

tgtgagttat	gcgccatttg	caattaataa	tggggaatac	caagtcttta	tttctactat	4380										
tgcacgtcat	gcacgtaatc	tacaagaagt	accaaaagtt	tctttaatgt	tgatcgaaga	4440										
tgaaagttaa	agtcgtcaga	tttttgctcg	tcgtcgttta	tcttttgatg	cggttgcgcg	4500										
tgttgtcgag	agagaaagtg	aagaatggca	ttctggtggt	gaggcactca	aagcaagaca	4560										
tggtgcatta	atggatgaat	tgtctcggat	gaaagatttt	catttgttta	gttttaagcc	4620										
ctcacaaggg	ttatttgtaa	aagggttttg	tcaagctttc	caagtgagta	atgatgattt	4680										
agtgagcttt	gttcacttgg	ttgaaggaca	ccaagaataa	attttgtcaa	ctttttaggg	4740										
tatttacttg	aggttaggaa	a	atg	cgt	aca	aca	aca	ata	aaa	ttt	tct	gca	4791			
		Met	Arg	Thr	Thr	Thr		Ile	Lys	Phe	Ser	Ala				
		1					5					10				
att	aca	ttg	gca	tta	ttg	agt	tat	tgt	ggg	acc	att	ttg	gcg	gat	agt	4839
Ile	Thr	Leu	Ala	Leu	Leu	Ser	Tyr	Cys	Gly	Thr	Ile	Leu	Ala	Asp	Ser	
			15						20				25			
cat	caa	gag	gcg	act	gaa	ctt	gat	acg	att	acc	gtt	tct	tct	caa	caa	4887
His	Gln	Glu	Ala	Thr	Glu	Leu	Asp	Thr	Ile	Thr	Val	Ser	Ser	Gln	Gln	
			30					35				40				
gat	gag	atg	aat	att	aaa	gag	aaa	aaa	atc	ggg	gaa	act	gtg	aaa	acg	4935
Asp	Glu	Met	Asn	Ile	Lys	Glu	Lys	Lys	Ile	Gly	Glu	Thr	Val	Lys	Thr	
		45					50				55					
gcg	agt	caa	ttg	aaa	cgc	cag	caa	gta	cag	gat	agt	cgt	gat	ctt	gtg	4983
Ala	Ser	Gln	Leu	Lys	Arg	Gln	Gln	Val	Gln	Asp	Ser	Arg	Asp	Leu	Val	
		60				65				70						
cgc	tat	gaa	acc	ggg	gtg	act	gtg	gta	gaa	gct	gga	cgt	ttt	ggg	tcg	5031
Arg	Tyr	Glu	Thr	Gly	Val	Thr	Val	Val	Glu	Ala	Gly	Arg	Phe	Gly	Ser	
	75				80				85					90		
agc	ggg	tat	gcc	att	cgt	ggg	gtg	gat	gag	aac	cga	gta	gca	att	aca	5079
Ser	Gly	Tyr	Ala	Ile	Arg	Gly	Val	Asp	Glu	Asn	Arg	Val	Ala	Ile	Thr	
			95					100				105				
gta	gat	ggc	tta	cat	caa	gca	gaa	acc	ctt	tct	tct	caa	ggc	ttt	aaa	5127
Val	Asp	Gly	Leu	His	Gln	Ala	Glu	Thr	Leu	Ser	Ser	Gln	Gly	Phe	Lys	
			110				115					120				
gaa	tta	ttc	gaa	ggg	tac	ggc	aat	ttt	aac	aat	acc	cga	aat	agt	gtg	5175
Glu	Leu	Phe	Glu	Gly	Tyr	Gly	Asn	Phe	Asn	Asn	Thr	Arg	Asn	Ser	Val	
		125				130					135					
gaa	att	gag	acg	ttg	aaa	gtc	gct	aaa	atc	gcg	aaa	ggg	gct	gat	tct	5223
Glu	Ile	Glu	Thr	Leu	Lys	Val	Ala	Lys	Ile	Ala	Lys	Gly	Ala	Asp	Ser	
		140				145				150						
gta	aaa	gtg	ggg	agt	ggg	tct	ttg	gga	ggc	gct	gta	ctt	ttt	gaa	aca	5271
Val	Lys	Val	Gly	Ser	Gly	Ser	Leu	Gly	Gly	Ala	Val	Leu	Phe	Glu	Thr	
	155				160				165					170		
aaa	gat	gcc	aga	gat	ttc	ctg	act	gaa	aaa	gat	tgg	cat	atc	ggc	tat	5319
Lys	Asp	Ala	Arg	Asp	Phe	Leu	Thr	Glu	Lys	Asp	Trp	His	Ile	Gly	Tyr	
			175					180	</							

Arg	His	Gly	His	Glu	Leu	Glu	Asn	Tyr	Asp	Tyr	Lys	Asn	Gly	Arg	Asp	
220						225					230					
att	caa	ggg	aaa	gaa	aga	gag	aaa	gcg	gat	cct	tat	acg	att	acg	aaa	5511
Ile	Gln	Gly	Lys	Glu	Arg	Glu	Lys	Ala	Asp	Pro	Tyr	Thr	Ile	Thr	Lys	
235					240					245					250	
gaa	agt	aca	tta	gtg	aaa	ttc	tct	ttt	tcg	cca	aca	gaa	aat	cat	cgt	5559
Glu	Ser	Thr	Leu	Val	Lys	Phe	Ser	Phe	Ser	Pro	Thr	Glu	Asn	His	Arg	
				255					260					265		
ttt	aca	gtc	gct	tct	gat	act	tat	ctt	cag	cat	tcc	cgc	gga	cat	gat	5607
Phe	Thr	Val	Ala	Ser	Asp	Thr	Tyr	Leu	Gln	His	Ser	Arg	Gly	His	Asp	
			270					275					280			
ctt	tca	tat	aat	ctt	gtt	gca	aca	aca	cat	att	cag	tta	gat	gag	aaa	5655
Leu	Ser	Tyr	Asn	Leu	Val	Ala	Thr	Thr	His	Ile	Gln	Leu	Asp	Glu	Lys	
		285				290					295					
gaa	tct	cgt	cat	gca	aat	gat	ttg	aca	aaa	cgt	aaa	aat	gtt	tcc	ttt	5703
Glu	Ser	Arg	His	Ala	Asn	Asp	Leu	Thr	Lys	Arg	Lys	Asn	Val	Ser	Phe	
		300				305				310						
act	tat	gaa	aat	tat	act	gtt	acg	cca	ttt	tgg	gat	acg	ctc	aag	tta	5751
Thr	Tyr	Glu	Asn	Tyr	Thr	Val	Thr	Pro	Phe	Trp	Asp	Thr	Leu	Lys	Leu	
315					320				325						330	
agc	tat	tca	caa	caa	aga	att	aca	aca	aga	gca	aga	aca	gaa	gat	tat	5799
Ser	Tyr	Ser	Gln	Gln	Arg	Ile	Thr	Thr	Arg	Ala	Arg	Thr	Glu	Asp	Tyr	
			335					340					345			
tgt	gat	gga	aat	gag	tta	tgt	gat	tct	tat	aaa	aat	cca	tta	ggg	ctc	5847
Cys	Asp	Gly	Asn	Glu	Leu	Cys	Asp	Ser	Tyr	Lys	Asn	Pro	Leu	Gly	Leu	
			350				355					360				
caa	ttt	aaa	gat	ggg	cag	att	ctt	gat	cct	gca	ggg	aat	aaa	att	aaa	5895
Gln	Phe	Lys	Asp	Gly	Gln	Ile	Leu	Asp	Pro	Ala	Gly	Asn	Lys	Ile	Lys	
		365				370				375						
cta	cag	ggg	tct	gga	ttg	agc	act	cag	att	gta	gat	gaa	aat	gga	aaa	5943
Leu	Gln	Gly	Ser	Gly	Leu	Ser	Thr	Gln	Ile	Val	Asp	Glu	Asn	Gly	Lys	
		380				385				390						
cca	ttt	cct	aca	aca	aca	ggg	act	aat	aat	gct	gct	ttt	agt	aat	aat	5991
Pro	Phe	Pro	Thr	Thr	Thr	Gly	Thr	Asn	Asn	Ala	Ala	Phe	Ser	Asn	Asn	
395					400					405					410	
tta	cga	ctc	agg	cct	aca	ggg	ttt	tgg	tta	gat	tgc	tcg	gtt	ttt	gac	6039
Leu	Arg	Leu	Arg	Pro	Thr	Gly	Phe	Trp	Leu	Asp	Cys	Ser	Val	Phe	Asp	
			415					420					425			
tgt	aat	aaa	cca	ttc	act	gtt	tat	aat	att	agt	aat	gga	aca	tat	caa	6087
Cys	Asn	Lys	Pro	Phe	Thr	Val	Tyr	Asn	Ile	Ser	Asn	Gly	Thr	Tyr	Gln	
		430				435				440						
gca	aga	gag	gtt	cta	ctg	tct	gaa	gag	ata	act	gtg	gat	ggg	aaa	tta	6135
Ala	Arg	Glu	Val	Leu	Leu	Ser	Glu	Glu	Ile	Thr	Val	Asp	Gly	Lys	Leu	
		445				450				455						
tac	aaa	aca	gct	aag	gaa	gaa	gga	ggg	ctt	cca	aat	tat	ttg	att	tta	6183
Tyr	Lys	Thr	Ala	Lys	Glu	Glu	Gly	Gly	Leu	Pro	Asn	Tyr	Leu	Ile	Leu	
		460				465				470						
cct	aat	tct	aaa	ggg	tat	ctt	cct	tat	gat	tat	aaa	gaa	agg	gat	ctt	6231
Pro	Asn	Ser	Lys	Gly	Tyr	Leu	Pro	Tyr	Asp	Tyr	Lys	Glu	Arg	Asp	Leu	
475					480					485					490	

aat acg aat aca aaa caa att aat tta gat tta act aaa aca ttt tta	6279
Asn Thr Asn Thr Lys Gln Ile Asn Leu Asp Leu Thr Lys Thr Phe Leu	
495 500 505	
act ttc aac atc gaa aat aat ctg tca tat ggt gga gtt tat tct cgg	6327
Thr Phe Asn Ile Glu Asn Asn Leu Ser Tyr Gly Gly Val Tyr Ser Arg	
510 515 520	
ata gag aaa gaa atg att aat aaa gct ggt tat gag ggg aga aat cct	6375
Ile Glu Lys Glu Met Ile Asn Lys Ala Gly Tyr Glu Gly Arg Asn Pro	
525 530 535	
act tgg tgg gct gat aga att tta ggg caa agt agt tac tgt ggt tat	6423
Thr Trp Trp Ala Asp Arg Ile Leu Gly Gln Ser Ser Tyr Cys Gly Tyr	
540 545 550	
aat gca ttg aag tgt ccg aaa cat gag cca tta acg tca ttt tta att	6471
Asn Ala Leu Lys Cys Pro Lys His Glu Pro Leu Thr Ser Phe Leu Ile	
555 560 565 570	
cca gtt gaa gca acg aca cag tca tta tat ttt gca aat att ctt aag	6519
Pro Val Glu Ala Thr Thr Gln Ser Leu Tyr Phe Ala Asn Ile Leu Lys	
575 580 585	
gta cat aat atg att agc ata gat tta gga tat cgt tat gat cat att	6567
Val His Asn Met Ile Ser Ile Asp Leu Gly Tyr Arg Tyr Asp His Ile	
590 595 600	
aaa tat aac cct gaa tac act cca gga gta act cca aaa att cca gat	6615
Lys Tyr Asn Pro Glu Tyr Thr Pro Gly Val Thr Pro Lys Ile Pro Asp	
605 610 615	
gat atg gta aaa ggt ttg ttt att cct atg cca aaa gag cca cag cta	6663
Asp Met Val Lys Gly Leu Phe Ile Pro Met Pro Lys Glu Pro Gln Leu	
620 625 630	
aag gat ttt gat tat aac tat gct aaa ttt ggt gag gcc tat aaa aaa	6711
Lys Asp Phe Asp Tyr Asn Tyr Ala Lys Phe Gly Glu Ala Tyr Lys Lys	
635 640 645 650	
tgg aaa gaa tat ctg cca aaa aat gcg gaa gaa aat att gct tac att	6759
Trp Lys Glu Tyr Leu Pro Lys Asn Ala Glu Glu Asn Ile Ala Tyr Ile	
655 660 665	
gct caa gat aag aca ttt aaa aaa cat tct tat tct ctt ggt gca act	6807
Ala Gln Asp Lys Thr Phe Lys Lys His Ser Tyr Ser Leu Gly Ala Thr	
670 675 680	
ttc gat cct ctg aat ttt tta cga gta caa gta aaa tat tca aaa ggg	6855
Phe Asp Pro Leu Asn Phe Leu Arg Val Gln Val Lys Tyr Ser Lys Gly	
685 690 695	
ttt aga gcc ccg act tcg gat gaa ctt tat ttt acc ttt aag cat cca	6903
Phe Arg Ala Pro Thr Ser Asp Glu Leu Tyr Phe Thr Phe Lys His Pro	
700 705 710	
gat ttt acg att tta ccg aac ccc gtg ttg aaa cca gag gaa gca aaa	6951
Asp Phe Thr Ile Leu Pro Asn Pro Val Leu Lys Pro Glu Glu Ala Lys	
715 720 725 730	
aat caa gag att gca tta aca gtg cac gat aat tgg gga ttt gtt agc	6999
Asn Gln Glu Ile Ala Leu Thr Val His Asp Asn Trp Gly Phe Val Ser	
735 740 745	
aca agt gtt ttc caa aca aag tat cgt cat ttt att gat tta gcg tat	7047
Thr Ser Val Phe Gln Thr Lys Tyr Arg His Phe Ile Asp Leu Ala Tyr	

750	755	760	
tta ggt tca aga aat tta tcg aat tcc gtg gga ggg cag gca caa gca	7095		
Leu Gly Ser Arg Asn Leu Ser Asn Ser Val Gly Gly Gln Ala Gln Ala			
765	770	775	
aga gat ttc caa gtt tat caa aat gtc aat gtc gat aat gcc aaa gtt	7143		
Arg Asp Phe Gln Val Tyr Gln Asn Val Asn Val Asp As Ala Lys Val			
780	785	790	
aaa gga ctt gaa att aat gca cgt ttg aat ttg gga tat ttt tgg cat	7191		
Lys Gly Leu Glu Ile Asn Ala Arg Leu Asn Leu Gly Tyr Phe Trp His			
795	800	805	810
gtg ttg gat gga ttt aat acg agc tat aaa ttc act tac caa cgt ggt	7239		
Val Leu Asp Gly Phe Asn Thr Ser Tyr Lys Phe Thr Tyr Gln Arg Gly			
815	820	825	
cgt ttg gat ggc gat cgt cca atg aat gcg att cag cct aaa gct tct	7287		
Arg Leu Asp Gly Asp Arg Pro Met Asn Ala Ile Gln Pro Lys Ala Ser			
830	835	840	
gtt ttt ggt ttg ggc tac gat cat aaa gaa aat aaa ttt ggc gct gat	7335		
Val Phe Gly Leu Gly Tyr Asp His Lys Glu Asn Lys Phe Gly Ala Asp			
845	850	855	
tta tat att aca cgt gtg agt gag aaa aaa gcg aaa gac act tat aat	7383		
Leu Tyr Ile Thr Arg Val Ser Glu Lys Lys Ala Lys Asp Thr Tyr Asn			
860	865	870	
atg ttc tat aaa gaa cag gga tat aaa gat agt gct gtt cgt tgg aga	7431		
Met Phe Tyr Lys Glu Gln Gly Tyr Lys Asp Ser Ala Val Arg Trp Arg			
875	880	885	890
agt gat gac tat acg cta gtt gat gcg gtt ggt tat att aaa ccg att	7479		
Ser Asp Asp Tyr Thr Leu Val Asp Ala Val Gly Tyr Ile Lys Pro Ile			
895	900	905	
aag aat tta acg tta cag ttt ggc gtt tat aat ttg aca gac cgt aaa	7527		
Lys Asn Leu Thr Leu Gln Phe Gly Val Tyr Asn Leu Thr Asp Arg Lys			
910	915	920	
tac ttg aca tgg gaa tct gct cgt tcg att aaa cca ttt ggt aca agt	7575		
Tyr Leu Thr Trp Glu Ser Ala Arg Ser Ile Lys Pro Phe Gly Thr Ser			
925	930	935	
aat tta att aat caa aaa aca ggc gca gga att aat cgt ttt tac tca	7623		
Asn Leu Ile Asn Gln Lys Thr Gly Ala Gly Ile Asn Arg Phe Tyr Ser			
940	945	950	
cca ggt cgt aac ttt aaa ctc agt gcc gaa atc acc ttc taatcctaag	7672		
Pro Gly Arg Asn Phe Lys Leu Ser Ala Glu Ile Thr Phe			
955	960	965	
cctgcgtatg caggctttct ttttagggaa agtgcggtgg atttgacaaa gatttattgc	7732		
ttttctgtaa atcaatgcta aaattcacac tcctttgtcg tagctggatt agagatcggc	7792		
tagcgatgta tttttaactt aacttttagg agttatcaaa tgtctctaag tacagaaaaa	7852		
aaagcagcaa ttgttgctga atttggtcgt gatgcaaaag ataccggttc ttcagaagtg	7912		
caaatcgcat tattaactgc acaaatcaac cacttacaat ctacttttgc aacgcacaaa	7972		
aaagaccacc acggtcgtcg tggtttattg cgtatggttt ctctcgtcgtg taaactttta	8032		
gattacttaa aacgtactaa tcttgagctt tacacttcaa ctatcgctcg tttaggttta	8092		
cgctcgtaat ttgtattagg atttattcca aacaaaaaac ccttgataat tttatcaagg	8152		
gttttctttt ttctgcatac taggcatgtt taaattatcg caaaacacac cgcacatttc	8212		
gtggaaaagt gcggtcattt ttttaattta ttttacttct ttaaacaatga tctcacttgg	8272		

gattactgaa ccttgccagt aaagctcagt agcgactttt tcagctaatt gcataaacga 8332
 ttgggcaatg tcgctttcag gtgcggcgac aacggttggg atacctttgt ctaaattcttc 8392
 acgtaagcga atatgtaatg cctgttgtcc taaaactttg acattatatt tttgtgcaat 8452
 gcgctcagca ccgcctgttc cgaaaatcgt ttcttgatga ccacaattgc taaaaatatg 8512
 catcgacata ttttcgataa tgcctaaaac gggtagacgaa acacgctcaa acatcgccac 8572
 acctttaatc gcatccagta aagcaatatc ttgtggtggt gtcaccacga ccgccccgt 8632
 cactggaatt tgttgagaaa gggtagcgtg gatatcccct gtaccggtg gcatatcaat 8692
 gactaaataa tctaaatcag gccataagggt ttcttgcaaa agctgactta aggcaactgct 8752
 tgccattgga ccgcgccaaa tcgtagcatt gtccggttcc attaagaaac caatggaatt 8812
 ggcaaaaata tgatgtgctt gaattgggggt aatgtgctgg ttatctggcg aagttgggcg 8872
 ttgatcagca acccctaaca tgtgtggaat agatggacca taaatatcgg catctaaaat 8932
 tccaacacga gcacctgtc tttgtaaggc aagagcaaga ttgacggaaa tagtagattt 8992
 tcctacacca cttttaccg atgtcacggc aataatatat tttaccctt ttacggctgg 9052
 gtggctatta gcgcgtttta atgtcgcat ttgataattt aattgccatt tgatgtcttt 9112
 gcattctgct aatgtgagaa gttctgtgga gagagcgctc ttgagttgtt cgaatgcagt 9172
 attccaagca aacggcatgc tgatttcaat acgtaacgct tcaccgcctt tttcaatttt 9232
 tttgatagca tttaggctga cgagatcttt ttgtaagcta ggatgttgaa attgttgaaa 9292
 tgtgttttgg atagcttgtt tttgactgtc cgtaaactg tcagaaaata aaattcccat 9352
 tgattttatc ccgttatatt tgggtggctaa ttaaagccct agttaatcac tcaactatat 9412
 ttaaccacga agctgtagaa ctgttaagca gaaatgtgga aaagcgcggt taaagtagaa 9472
 aaaatactgc gaataaggta acataagcgc caattttttg atgaaaaata ggaatgataa 9532
 catggcaaatt tcggcacgcg atatttttgt cacttgccgc ttaccttatg caaatggtgc 9592
 aattcattta gggcatttat tagaacatat tcaagcagat atttgggtgc gttccaacgt 9652
 atgcgtgggc ataaagtgc ttttatttgt gcagatgatg cccatggcac accaatcatg 9712
 ttaaattgcga taaattagggt attacaccaa agcattaatt gctcctcgaa agcagaacat 9772
 gtggcggatt tgaaggctta atattagcta tgataatc at 9814

<210> 32

<211> 967

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 32

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

145		150		155		160									
Ser	Leu	Gly	Gly	Ala	Val	Leu	Phe	Glu	Thr	Lys	Asp	Ala	Arg	Asp	Phe
				165					170					175	
Leu	Thr	Glu	Lys	Asp	Trp	His	Ile	Gly	Tyr	Lys	Ala	Gly	Tyr	Ser	Thr
			180					185					190		
Ala	Asp	Asn	Gln	Gly	Leu	Asn	Ala	Val	Thr	Leu	Ala	Gly	Arg	Tyr	Gln
		195					200					205			
Met	Phe	Asp	Ala	Leu	Ile	Met	His	Ser	Lys	Arg	His	Gly	His	Glu	Leu
	210					215				220					
Glu	Asn	Tyr	Asp	Tyr	Lys	Asn	Gly	Arg	Asp	Ile	Gln	Gly	Lys	Glu	Arg
225					230					235				240	
Glu	Lys	Ala	Asp	Pro	Tyr	Thr	Ile	Thr	Lys	Glu	Ser	Thr	Leu	Val	Lys
			245						250				255		
Phe	Ser	Phe	Ser	Pro	Thr	Glu	Asn	His	Arg	Phe	Thr	Val	Ala	Ser	Asp
		260						265				270			
Thr	Tyr	Leu	Gln	His	Ser	Arg	Gly	His	Asp	Leu	Ser	Tyr	Asn	Leu	Val
	275						280					285			
Ala	Thr	Thr	His	Ile	Gln	Leu	Asp	Glu	Lys	Glu	Ser	Arg	His	Ala	Asn
	290					295					300				
Asp	Leu	Thr	Lys	Arg	Lys	Asn	Val	Ser	Phe	Thr	Tyr	Glu	Asn	Tyr	Thr
305					310					315				320	
Val	Thr	Pro	Phe	Trp	Asp	Thr	Leu	Lys	Leu	Ser	Tyr	Ser	Gln	Gln	Arg
			325						330				335		
Ile	Thr	Thr	Arg	Ala	Arg	Thr	Glu	Asp	Tyr	Cys	Asp	Gly	Asn	Glu	Leu
		340						345				350			
Cys	Asp	Ser	Tyr	Lys	Asn	Pro	Leu	Gly	Leu	Gln	Phe	Lys	Asp	Gly	Gln
	355					360					365				
Ile	Leu	Asp	Pro	Ala	Gly	Asn	Lys	Ile	Lys	Leu	Gln	Gly	Ser	Gly	Leu
	370					375					380				
Ser	Thr	Gln	Ile	Val	Asp	Glu	Asn	Gly	Lys	Pro	Phe	Pro	Thr	Thr	Thr
385					390					395				400	
Gly	Thr	Asn	Asn	Ala	Ala	Phe	Ser	Asn	Asn	Leu	Arg	Leu	Arg	Pro	Thr
			405						410				415		
Gly	Phe	Trp	Leu	Asp	Cys	Ser	Val	Phe	Asp	Cys	Asn	Lys	Pro	Phe	Thr
	420							425				430			
Val	Tyr	Asn	Ile	Ser	Asn	Gly	Thr	Tyr	Gln	Ala	Arg	Glu	Val	Leu	Leu
	435					440					445				
Ser	Glu	Glu	Ile	Thr	Val	Asp	Gly	Lys	Leu	Tyr	Lys	Thr	Ala	Lys	Glu
	450					455					460				
Glu	Gly	Gly	Leu	Pro	Asn	Tyr	Leu	Ile	Leu	Pro	Asn	Ser	Lys	Gly	Tyr
465					470					475				480	
Leu	Pro	Tyr	Asp	Tyr	Lys	Glu	Arg	Asp	Leu	Asn	Thr	Asn	Thr	Lys	Gln
			485						490				495		
Ile	Asn	Leu	Asp	Leu	Thr	Lys	Thr	Phe	Leu	Thr	Phe	Asn	Ile	Glu	Asn
	500							505				510			
Asn	Leu	Ser	Tyr	Gly	Gly	Val	Tyr	Ser	Arg	Ile	Glu	Lys	Glu	Met	Ile
	515					520					525				
Asn	Lys	Ala	Gly	Tyr	Glu	Gly	Arg	Asn	Pro	Thr	Trp	Trp	Ala	Asp	Arg
	530					535				540					
Ile	Leu	Gly	Gln	Ser	Ser	Tyr	Cys	Gly	Tyr	Asn	Ala	Leu	Lys	Cys	Pro

545		550		555		560									
Lys	His	Glu	Pro	Leu	Thr	Ser	Phe	Leu	Ile	Pro	Val	Glu	Ala	Thr	Thr
				565					570					575	
Gln	Ser	Leu	Tyr	Phe	Ala	Asn	Ile	Leu	Lys	Val	His	Asn	Met	Ile	Ser
			580					585					590		
Ile	Asp	Leu	Gly	Tyr	Arg	Tyr	Asp	His	Ile	Lys	Tyr	Asn	Pro	Glu	Tyr
		595					600					605			
Thr	Pro	Gly	Val	Thr	Pro	Lys	Ile	Pro	Asp	Asp	Met	Val	Lys	Gly	Leu
	610					615				620					
Phe	Ile	Pro	Met	Pro	Lys	Glu	Pro	Gln	Leu	Lys	Asp	Phe	Asp	Tyr	Asn
625					630				635					640	
Tyr	Ala	Lys	Phe	Gly	Glu	Ala	Tyr	Lys	Lys	Trp	Lys	Glu	Tyr	Leu	Pro
			645					650					655		
Lys	Asn	Ala	Glu	Glu	Asn	Ile	Ala	Tyr	Ile	Ala	Gln	Asp	Lys	Thr	Phe
		660				665						670			
Lys	Lys	His	Ser	Tyr	Ser	Leu	Gly	Ala	Thr	Phe	Asp	Pro	Leu	Asn	Phe
		675				680					685				
Leu	Arg	Val	Gln	Val	Lys	Tyr	Ser	Lys	Gly	Phe	Arg	Ala	Pro	Thr	Ser
	690					695					700				
Asp	Glu	Leu	Tyr	Phe	Thr	Phe	Lys	His	Pro	Asp	Phe	Thr	Ile	Leu	Pro
705					710				715					720	
Asn	Pro	Val	Leu	Lys	Pro	Glu	Glu	Ala	Lys	Asn	Gln	Glu	Ile	Ala	Leu
			725					730					735		
Thr	Val	His	Asp	Asn	Trp	Gly	Phe	Val	Ser	Thr	Ser	Val	Phe	Gln	Thr
		740				745						750			
Lys	Tyr	Arg	His	Phe	Ile	Asp	Leu	Ala	Tyr	Leu	Gly	Ser	Arg	Asn	Leu
	755					760					765				
Ser	Asn	Ser	Val	Gly	Gly	Gln	Ala	Gln	Ala	Arg	Asp	Phe	Gln	Val	Tyr
	770					775				780					
Gln	Asn	Val	Asn	Val	Asp	Asn	Ala	Lys	Val	Lys	Gly	Leu	Glu	Ile	Asn
785					790				795					800	
Ala	Arg	Leu	Asn	Leu	Gly	Tyr	Phe	Trp	His	Val	Leu	Asp	Gly	Phe	Asn
			805					810					815		
Thr	Ser	Tyr	Lys	Phe	Thr	Tyr	Gln	Arg	Gly	Arg	Leu	Asp	Gly	Asp	Arg
		820					825				830				
Pro	Met	Asn	Ala	Ile	Gln	Pro	Lys	Ala	Ser	Val	Phe	Gly	Leu	Gly	Tyr
		835				840					845				
Asp	His	Lys	Glu	Asn	Lys	Phe	Gly	Ala	Asp	Leu	Tyr	Ile	Thr	Arg	Val
	850					855					860				
Ser	Glu	Lys	Lys	Ala	Lys	Asp	Thr	Tyr	Asn	Met	Phe	Tyr	Lys	Glu	Gln
865					870				875					880	
Gly	Tyr	Lys	Asp	Ser	Ala	Val	Arg	Trp	Arg	Ser	Asp	Asp	Tyr	Thr	Leu
			885					890					895		
Val	Asp	Ala	Val	Gly	Tyr	Ile	Lys	Pro	Ile	Lys	Asn	Leu	Thr	Leu	Gln
		900					905					910			
Phe	Gly	Val	Tyr	Asn	Leu	Thr	Asp	Arg	Lys	Tyr	Leu	Thr	Trp	Glu	Ser
	915						920					925			
Ala	Arg	Ser	Ile	Lys	Pro	Phe	Gly	Thr	Ser	Asn	Leu	Ile	Asn	Gln	Lys
	930					935					940				
Thr	Gly	Ala	Gly	Ile	Asn	Arg	Phe	Tyr	Ser	Pro	Gly	Arg	Asn	Phe	Lys

945	950					955					960																	
Leu Ser Ala Glu Ile Thr Phe																												
965																												
<210> 33																												
<211> 2990																												
<212> DNA																												
<213> Pasteurella multocida																												
<220>																												
<221> CDS																												
<222> (1106)..(1564)																												
<220>																												
<223> kdtB																												
<400> 33																												
gtcaacc	ctt	gtg	ctt	tga	gtt	gtg	ctaa	t	aaag	cat	cg	t	caaaa	atg	ca	agccggc	cagt	60										
tggtgcc	gca	accgcg	ccag	ggact	ttt	gtt	ataaac	cggt	t	gataac	g	ttt	atcc	gc				120										
ttcttcg	tca	ggcgat	caa	tataa	ggggg		caatgg	cata	t	gccca	at	tt	g	t	gtaac	ac		180										
gtctaaa	agt	gcggt	ctgt	t	ttg	cg	cgat	ttcta	att	ca	aataa	g	g	t	atggc	gc		240										
aaccat	gat	at	ttt	gac	ac	cat	gat	gttc	accta	act	ta	t	cttc	gc	cta	accac	agttc	300										
tgcccc	ttct	ttc	ggt	g	ctt	ttg	agg	ag	cg	cacat	ggg	ct	aaaaa	g	cg	t	gtcgg	ataa	360									
aatccg	ctcg	acca	a	act	t	ccac	ctt	tacc	gcc	act	gg	ct	ttac	g	t	ccaa	acatc	cttgc	420									
aggaat	cacg	cg	ct	gt	t	taaaa	att	taa	taag	t	cg	c	t	cat	ga	att	gat	caagg	at	480								
atcag	caaaa	gt	gc	g	t	gg	t	gg	t	gg			taag	t	g	ta	ata	g	cg	act	540							
agc	g	t	gc			t	cc	g	t	t	t	t	g	g	t	a	a	a	a	a	a	600						
gtc	ag	aa	aca	cg	cata	aa	ata	ggg	t	t	ata	aaa	aag	t	at	cta	aaaa	at	cg	t	g	660						
tag	t	g	ta	aat	t	cc	g	t	c	tt	t	g	ca	a	agg	aa	aa	ga	at	t		720						
gag	at	g	at	t	t	g	g	a	ca	aaaa	aaa	ag	cc	ct	t	t	ca	ag	aa	ga		780						
tgg	ag	t	cata	ct	t	t	t	t	ag	gg	t	at	g	t	cg		att	t	ac	aca		840						
t	t	t	t	t	t	ta	ac	aat	cat	at	gt	a	g	c	g	t	at	t	g			900						
ctaa	agg	at	g	at	t	t	t	ag	ct	t	at	t	aaaa	aa	ac	at	ga					960						
g	ta	a	ta	aaa	ag	t	gc	g	t	gg	t	gg	t									1020						
tt	g	t	g	aa	ata	cca	ag	tag	ta	gt	t	t	t	t	a	ag	t					1080						
ccg	t	ta	aa	ata	acca	ag	ag	gt	g	ga	ag	at	g	a	a	g	aa	g	a	a		1132						
															Met	Thr	Glu	Glu	Asn	Lys	Gly	Lys	Arg					
															1						5							
tat	ttt	tta	tgg	ttc	ata	ttg	ttt	atc	ctt	tca	atc	tat	tta	ttt	att				1180									
Tyr	Phe	Leu	Trp	Phe	Ile	Leu	Phe	Ile	Leu	Ser	Ile	Tyr	Leu	Phe	Ile													
10					15					20					25													
acc	ata	caa	gaa	aga	cga	gg	t	tat	tgt	ttt	gac	aaa	cgt	gca	tat	att				1228								
Thr	Ile	Gln	Glu	Arg	Arg	Gly	Tyr	Cys	Phe	Asp	Lys	Arg	Ala	Tyr	Ile													
															30					35					40			
cat	gag	ctt	tat	act	gag	caa	gag	tta	att	gat	cg	g	gg	att	gaa	tat				1276								
His	Glu	Leu	Tyr	Thr	Glu	Gln	Glu	Leu	Ile	Asp	Arg	Gly	Ile	Glu	Tyr													
															45					50					55			
gtg	gta	tcc	acc	atg	ccg	tca	gg	t	gtt	att	aaa	cca	gat	ggc	aca	ata				1324								
Val	Val	Ser	Thr	Met	Pro	Ser	Gly	Val	Ile	Lys	Pro	Asp	Gly	Thr	Ile													
															60													

Pro Ala Cys Cys Thr Leu Thr Thr Phe Ile Asp Glu Gly Gly Asp Gly
 90 95 100 105
 tat cca gat gat gat gga tat ggt tat gtc aga att gaa tat tta aga 1468
 Tyr Pro Asp Asp Asp Gly Tyr Gly Tyr Val Arg Ile Glu Tyr Leu Arg
 110 115 120
 cat tat gtt gag aat cta aaa cct tat cat aga gtg att tat ctt gaa 1516
 His Tyr Val Glu Asn Leu Lys Pro Tyr His Arg Val Ile Tyr Leu Glu
 125 130 135
 tat acg ccc tgt gga gag tta agg gaa gag gcg gct ttt tca aaa aat 1564
 Tyr Thr Pro Cys Gly Glu Leu Arg Glu Glu Ala Ala Phe Ser Lys Asn
 140 145 150
 taagagttag gtgaagaaat ggcattacca acagcaacaa taatgaggaa tttatcttta 1624
 tctaaaaatc aattcactct gaaagggatg gaatgcgtag attccctatt tcaagcatgc 1684
 agtaatatgg atcatgggta ctgaggtgga agatggcaga agaaaataaa ggaaagagat 1744
 attttttatg gttcatattg tttatccttt caatctatctt atttattacc atacaagaaa 1804
 gacgaggtta ttgttttgac aaatgggaat atatccataa cctttataacc gagcaagagt 1864
 tgatcgatag aggggttgaa tatgtggtat ccaccatgcc gtcaggtgtt tttgaaccag 1924
 atggcacaac aaccgaaata aaacgttatg ctagtggtga ggagttttaa cagatgaacc 1984
 ctgattgttg taaattaaca agatttatta atgaaggaat agatggctat ccagatgatg 2044
 atggatatgg ttatataaga attgaatatt taagacatta tgttggaat tttaaacctg 2104
 atcatagagt gctttatctc gaatatacgc cttgtggaga attaagggaag gaggtttctt 2164
 tttaaaaaat aaataatagt gaggtgaaga aatggcatta ccaacagcaa cagaaatcac 2224
 aaatgcatat ttatataaaa ataaattaac tcctaaagcg gaggaagag tagattcaat 2284
 acaaattctt gaaaaaggag atgaacattt cgaagtaaat ttttaattgat caaagtactc 2344
 tattgattga aggaaaaaca gtggaattaa tggcaggatg ggcagtttct gcggaattaa 2404
 aaacaggtaa acgcagtgtg ttagattact tatttagccc attaaaaacc acaaaataat 2464
 attaaaggaga ataatatgtc gtataataaa tatactgttg ctttgattac gttctcaaca 2524
 gggatctgta ttccggcaat atgctacgct ctaaattcgc tgggatacag atcctgtttg 2584
 agactatgta gaaaagacta aactttgtgt gggttaactgg gcttcggtaa aattctggaa 2644
 acaaatgggc ttaaccgcg tgatcttctc ccgtgagctt tcgcttgatg aaattgccga 2704
 aattcgtcag caagtgccag aaatggaaat tgaagtgttc gtgcatgggg cattatgcat 2764
 ggcgtattct ggacgttggt tattatcagg ctatattaat aaacgtgatc caaatcaagg 2824
 cacctgtacc aatgcgtgcc gttgggaata cagtgttaacc gaagccaaag aagatgagat 2884
 cggcaacatt gtgaatgtgg gtgaagaaat tccagtgaag aatgtagcac cgacacttgg 2944
 cgaaggcgac accaccagta aagtattttt attagcagaa agtcga 2990
 <210> 34
 <211> 153
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida
 <400> 34
 Met Thr Glu Glu Asn Lys Gly Lys Arg Tyr Phe Leu Trp Phe Ile Leu
 1 5 10 15
 Phe Ile Leu Ser Ile Tyr Leu Phe Ile Thr Ile Gln Glu Arg Arg Gly
 20 25 30
 Tyr Cys Phe Asp Lys Arg Ala Tyr Ile His Glu Leu Tyr Thr Glu Gln
 35 40 45
 Glu Leu Ile Asp Arg Gly Ile Glu Tyr Val Val Ser Thr Met Pro Ser
 50 55 60
 Gly Val Ile Lys Pro Asp Gly Thr Ile Lys Glu Val Lys Arg Tyr Thr
 65 70 75 80

Ser Val Glu Glu Phe Lys Gln Met Asn Pro Ala Cys Cys Thr Leu Thr
85 90 95
Thr Phe Ile Asp Glu Gly Gly Asp Gly Tyr Pro Asp Asp Asp Gly Tyr
100 105 110
Gly Tyr Val Arg Ile Glu Tyr Leu Arg His Tyr Val Glu Asn Leu Lys
115 120 125
Pro Tyr His Arg Val Ile Tyr Leu Glu Tyr Thr Pro Cys Gly Glu Leu
130 135 140
Arg Glu Glu Ala Ala Phe Ser Lys Asn
145 150

<210> 35
<211> 1683
<212> DNA
<213> Pasteurella multocida
<220>
<221> CDS
<222> (325)..(1230)
<220>
<223> lgtC
<220>
<221> misc_feature
<222> 981
<223> n = A or T or G or C
<220>
<221> misc_feature
<222> 1000
<223> n = A or T or G or C
<220>
<221> misc_feature
<222> 1129
<223> n = A or T or G or C
<220>
<221> misc_feature
<222> 1134
<223> n = A or T or G or C
<220>
<221> misc_fature
<222> 1144
<223> n = A or T or G or C
<220>
<221> misc_feature
<222> 1423
<223> n = A or T or G or C
<220>
<221> misc_feature
<222> 1665
<223> n = A or T or G or C
<220>
<221> misc_feature
<222> 1667

<223> n = A or T or G or C

<400> 35

```

atatcaaagt ctcatggcaa gaaaattaga aaagagcgat caattattat ttgcaagatt 60
tgggtattat tcataggcta ggtgaaagat atatTTTTcc atgatattaa aacgattcag 120
gcagaactgg ctagcttata acttttagat aattgtatta ttaaaagaag ctgtatgatt 180
gttatttctat cattagtgga taataaatat tctttatTTT ttgagagata aaaacaattc 240
atatTTTcaat agaaaacaga aaataaagat tatcaaaaga attatccgtc cttataaata 300
tgagtctgta ttgtgagatg atat atg aat att tta ttt gtt tct gat gat 351
                               Met Asn Ile Leu Phe Val Ser Asp Asp
                               1           5
gtt tat gct aaa cat ctg gtg gtt gcg att aaa agc att ata aat cat 399
Val Tyr Ala Lys His Leu Val Val Ala Ile Lys Ser Ile Ile Asn His
 10           15           20           25
aat gaa aaa ggt att tca ttt tat att ttt gat ttg ggt ata aag gat 447
Asn Glu Lys Gly Ile Ser Phe Tyr Ile Phe Asp Leu Gly Ile Lys Asp
          30           35           40
gaa aat aag aga aat att aat gat att gtt tct tct tat gga agt gaa 495
Glu Asn Lys Arg Asn Ile Asn Asp Ile Val Ser Ser Tyr Gly Ser Glu
          45           50           55
gtc aac ttt att gct gtg aat gag aaa gaa ttt gag agt ttt cct gtt 543
Val Asn Phe Ile Ala Val Asn Glu Lys Glu Phe Glu Ser Phe Pro Val
          60           65           70
caa att agt tat att tct tta gca aca tat gca agg cta aaa gcg gca 591
Gln Ile Ser Tyr Ile Ser Leu Ala Thr Tyr Ala Arg Leu Lys Ala Ala
          75           80           85
gag tat ttg ccg gat aat tta aat aaa att att tat tta gat gtt gat 639
Glu Tyr Leu Pro Asp Asn Leu Asn Lys Ile Ile Tyr Leu Asp Val Asp
 90           95          100          105
gtt ttg gtt ttt aac tca tta gaa atg tta tgg aat gtt gat gtt aat 687
Val Leu Val Phe Asn Ser Leu Glu Met Leu Trp Asn Val Asp Val Asn
          110          115          120
aat ttt ctt acc gca gcc tgt tat gat tct ttc atc gaa aat gaa aag 735
Asn Phe Leu Thr Ala Ala Cys Tyr Asp Ser Phe Ile Glu Asn Glu Lys
          125          130          135
tct gag cat aaa aaa tcg att tca atg tca gat aag gaa tat tat ttt 783
Ser Glu His Lys Lys Ser Ile Ser Met Ser Asp Lys Glu Tyr Tyr Phe
          140          145          150
aat gca gga gta atg cta ttt aat tta gat gaa tgg cgg aag atg gat 831
Asn Ala Gly Val Met Leu Phe Asn Leu Asp Glu Trp Arg Lys Met Asp
          155          160          165
gta ttc tca aga gct tta gac ctg tta gct atg tat cct aat caa atg 879
Val Phe Ser Arg Ala Leu Asp Leu Leu Ala Met Tyr Pro Asn Gln Met
          170          175          180          185
att tat cag gat caa gat ata ttg aat atc ctt ttt agg aat aaa gtc 927
Ile Tyr Gln Asp Gln Asp Ile Leu Asn Ile Leu Phe Arg Asn Lys Val
          190          195          200
tgt tat tta gat tgc aga ttt aat ttc atg cca aat caa ctt gaa aga 975
Cys Tyr Leu Asp Cys Arg Phe Asn Phe Met Pro Asn Gln Leu Glu Arg
          205          210          215
ata aan caa tac cat aaa gga aaa ntg agc aac tta cat tct tta gaa 1023

```

Ile Xaa Gln Tyr His Lys Gly Lys Xaa Ser Asn Leu His Ser Leu Glu
220 225 230
aaa aca acg atg cct gtc gtt att tca cat tat tgt ggt cca gaa aaa 1071
Lys Thr Thr Met Pro Val Val Ile Ser His Tyr Cys Gly Pro Glu Lys
235 240 245
gcg tgg cat gcg gat tgt aaa cat ttt aat gta tat ttc tat cag aaa 1119
Ala Trp His Ala Asp Cys Lys His Phe Asn Val Tyr Phe Tyr Gln Lys
250 255 260 265
ata tta gca naa atn tcg aga ggc ncg gat aaa gaa cgc gta tta tct 1167
Ile Leu Ala Xaa Xaa Ser Arg Gly Xaa Asp Lys Glu Arg Val Leu Ser
270 275 280
ata aaa act tat ctc aag gcc ttg att aga agg att aga tat aaa ttc 1215
Ile Lys Thr Tyr Leu Lys Ala Leu Ile Arg Arg Ile Arg Tyr Lys Phe
285 290 295
aaa tat caa gtc tat taactattga atttttgcaa atgagataag agtatagtgc 1270
Lys Tyr Gln Val Tyr
300
tgattttcttc aaagcgaaaa ggaggaaata gcttgttcta atttattaca ataatggttg 1330
tattcatctt gattttgaag gaaagagagt gttttttgta taaaagcatt ttcgtcacct 1390
aaatttacta atcctccaaa ttctcctcct cgnagaattt ctttcggacc ggtagggcag 1450
tccatggata ttacaggtgt accgcaagcc atgctttcta ggataactgt cggtaacccc 1510
tctttcaaag aggtgtgtaa aaatagctta gcatttttta ttaatggata cggattatct 1570
ttatttccta aaagaaaaca atcttcttgt agattgagtg attctatttg tttctctaata 1630
ttttctcgac actcaccatc ccaaacaata tatancnttt cttggatacc tcc 1683
<210> 36
<211> 302
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida
<220>
<221> misc_feature
<222> 219
<223> Xaa = any or unknown amino acid
<220>
<221> misc_feature
<222> 226
<223> Xaa = any or unknown amino acid
<220>
<221> misc_feature
<222> 269
<223> Xaa = any or unknown amino acid
<220>
<221> misc_feature
<222> 270
<223> Xaa = any or unknown amino acid
<220>
<221> misc_feature
<222> 274
<223> Xaa = any or unknown amino acid
<400> 36
Met Asn Ile Leu Phe Val Ser Asp Asp Val Tyr Ala Lys His Leu Val

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

<210> 37

<211> 2029

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (2)..(499)

<220>

<223> mglB

<220>

<221> misc_feature

<222> 98

<223> n = A or T or G or C

```

<220>
<221> misc_feature
<222> 296
<223> n = A or T or G or C
<220>
<221> misc_feature
<222> 302
<223> n = A or T or G or C
<220>
<221> misc_feature
<222> 928
<223> n = A or T or G or C
<220>
<221> misc_feature
<222> 1007
<223> n = A or T or G or C
<220>
<221> misc_feature
<222> 1740
<223> n = A or T or G or C
<220>
<221> misc_feature
<222> 1808
<223> n = A or T or G or C
<220>
<221> misc_feature
<222> 1816
<223> n = A or T or G or C
<220>
<221> misc_feature
<222> 1820
<223> n = A or T or G or C
<400> 37
c tta aat aaa gcc ggt aaa att caa tac gtt tta tta aaa ggt aac caa 49
  Leu Asn Lys Ala Gly Lys Ile Gln Tyr Val Leu Leu Lys Gly Asn Gln
    1             5             10            15
gga cac cca gat gca gaa gct cgt aca aaa ttc gtc att aaa gaa tta 97
Gly His Pro Asp Ala Glu Ala Arg Thr Lys Phe Val Ile Lys Glu Leu
    20            25            30
nat aat aaa ggc att caa gat gag caa tta ttc atc gac acg ggg atg 145
Xaa Asn Lys Gly Ile Gln Asp Glu Gln Leu Phe Ile Asp Thr Gly Met
    35            40            45
tgg gat gcc gct tta gcg aaa gat aaa atg gat gca tgg tta tct agc 193
Trp Asp Ala Ala Leu Ala Lys Asp Lys Met Asp Ala Trp Leu Ser Ser
    50            55            60
tct aaa gca aat caa att gaa gtg atc atc gct aac aac gat ggt atg 241
Ser Lys Ala Asn Gln Ile Glu Val Ile Ile Ala Asn Asn Asp Gly Met
    65            70            75            80
gcg atg ggg gca ttg gaa gcc acg aaa gca cat ggt aaa aaa tta cca 289
Ala Met Gly Ala Leu Glu Ala Thr Lys Ala His Gly Lys Lys Leu Pro

```

```

      85              90              95
atc ttc ngf gta nat gcg tta cca gaa gtc ctc caa tta atc aaa aaa 337
Ile Phe Xaa Val Xaa Ala Leu Pro Glu Val Leu Gln Leu Ile Lys Lys
      100              105              110
ggt gaa att gca ggt acg gtg tta aat gac ggt gtg aac caa ggt aaa 385
Gly Glu Ile Ala Gly Thr Val Leu Asn Asp Gly Val Asn Gln Gly Lys
      115              120              125
gcc gtt gtt caa tta agt aat aat ctt gca aaa gga aaa cct gcc act 433
Ala Val Val Gln Leu Ser Asn Asn Leu Ala Lys Gly Lys Pro Ala Thr
      130              135              140
gaa ggc aca aaa tgg cag tta aaa cga tcg tgt cct acg tat ccc tta 481
Glu Gly Thr Lys Trp Gln Leu Lys Arg Ser Cys Pro Thr Tyr Pro Leu
      145              150              155              160
tgt tgg tgt gga tgc gga taacttaaag gagttcctaa aataataaac 529
Cys Trp Cys Gly Cys Gly
      165
tataacaaaa caagamgttg taattctcgg ggaggtatac cctccccctt tttatgtgag 589
gttgatgatg acaactcaaa ttccaaatca agacagtga atactgctca caatgaccaa 649
cgtctgtaaa tcctttcccg gtgttaaagc gttagacaat gcaaacctaa ctgtgcgctc 709
gcattctgtc catgccttaa tgggcgaaaa tggggcgggc aaatcgacct tattaataatg 769
cttatttggg atttacagta aagatgaagg tgacatcctt ttcttaggca agccagtcaa 829
ctttaaagcg tcgaaagaag ccttagagaa cgggattttc atggtgcacc aagaacttaa 889
cttggttaaa caatgtactg taatggataa tcctttggnt aggacgttat ccattaaaag 949
caggccttgt cgatcacggc aaaatgtatc gtgataccaa agcagatttt tgaagaanta 1009
gatatcgata tcgatccaaa agaaaaagtg gccaaattgt cagtgtcaca aatgcaaatg 1069
atcgagatcg caaaggcctt ttcatacaat gccaaaatcg taatcatgga cgaaccgact 1129
tcttcgcttt cagaaaaaga agttgaacac ctatttataa ttatcgcgaa gctaaaacaa 1189
cgtggctgtg gcattattta ttttcgcac aaaatggacg aaatcttcaa aatttgtgac 1249
gaaattacga ttttacgcga tggtaaattg atcaatacgg tcgctgttaa aggaccaca 1309
atggatcaga ttgtatccat gatggttggg cgtgaactca cgcaacgttt cccacaaaa 1369
accaataccc caaaagaaac catcttaacg gtggaaaatc tgaccgcact taatcagcca 1429
tctattcaag atgttagttt tgaattacgc aaaggcgaag tgctcggcat tgcgggactg 1489
gttggggcaa aacggtaccg atattgtgga aacgatcttc ggggtgcgtg aacgtaaatc 1549
tggtgtgatt aaactacacg ataaggaaat gaaaaaccgg aatgcgttcg aagccattaa 1609
caatggtttt gccttgggtc cggaagaacg tcgctctaca gggatttatg cgaatctcag 1669
tattgagttt aactcattaa tttctaacat gaagaaatcc tatatcagca agttaggttt 1729
attgagtaac ncaaaaatga aaagcgacac gcaatggggg cattgattcc atgaatgtga 1789
aaacgccatc acaaaacna tattggntca ntatctgggg tggtaaccaa caaaaagtgg 1849
tcattgggtc ttggttatta acccacctg aaatcttgat gttagacgaa ccaacacgtg 1909
gtatcgacat tgggtcgaaa tatgaaattt atcagctgat tatggagtta gccaaaaaag 1969
ataaaggtat catcatgatt tcacttaaag gccagagtta ttaggggtac tgaccgaatt 2029
<210> 38
<211> 166
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida
<220>
<221> misc_feature
<222> 33
<223> Xaa = any or unknown amino acid
<220>

```

```

<221> misc_feature
<222> 99
<223> Xaa = any or unknown amino acid
<220>
<221> misc_feature
<222> 101
<223> Xaa = any or unknown amino acid
<400> 38
Leu Asn Lys Ala Gly Lys Ile Gln Tyr Val Leu Leu Lys Gly Asn Gln
 1          5          10          15
Gly His Pro Asp Ala Glu Ala Arg Thr Lys Phe Val Ile Lys Glu Leu
          20          25          30
Xaa Asn Lys Gly Ile Gln Asp Glu Gln Leu Phe Ile Asp Thr Gly Met
          35          40          45
Trp Asp Ala Ala Leu Ala Lys Asp Lys Met Asp Ala Trp Leu Ser Ser
          50          55          60
Ser Lys Ala Asn Gln Ile Glu Val Ile Ile Ala Asn Asn Asp Gly Met
          65          70          75          80
Ala Met Gly Ala Leu Glu Ala Thr Lys Ala His Gly Lys Lys Leu Pro
          85          90          95
Ile Phe Xaa Val Xaa Ala Leu Pro Glu Val Leu Gln Leu Ile Lys Lys
          100          105          110
Gly Glu Ile Ala Gly Thr Val Leu Asn Asp Gly Val Asn Gln Gly Lys
          115          120          125
Ala Val Val Gln Leu Ser Asn Asn Leu Ala Lys Gly Lys Pro Ala Thr
          130          135          140
Glu Gly Thr Lys Trp Gln Leu Lys Arg Ser Cys Pro Thr Tyr Pro Leu
          145          150          155          160
Cys Trp Cys Gly Cys Gly
          165

```

```

<210> 39
<211> 2628
<212> DNA
<213> Pasteurella multocida
<220>
<221> CDS
<222> (326)..(766)
<220>
<223> mioC
<220>
<221> misc_feature
<222> 1839
<223> n = A or T or G or C
<400> 39

```

```

gtcaactaga gtaaaataga cacacttaat tacattgtag aggaatcctt ttatgtcttt 60
agaaatttta gatcagttag aagaaaaaat taaacaagcg gttgaaacta tccaattact 120
tcaattggaa attgatgaat taaaagaaaa aaataaccaa tctcaacaag caaatgacgc 180
attacgcagt gaaaatgaac aactaaagag tgagcaccaa aactggcaag aacgtttacg 240
ctcattatta ggcaaaattg ataacgtata attcacttct tattaaggct tagtttttct 300
aagccttatt ttttaggaga aatta atg aaa aca aaa att tgt att atc act 352

```

	Met	Lys	Thr	Lys	Ile	Cys	Ile	Ile	Thr	
	1				5					
ggc agt acg ctt ggt ggt gca gaa tat gtt gca gaa cat att gct gaa	400									
Gly Ser Thr Leu Gly Gly Ala Glu Tyr Val Ala Glu His Ile Ala Glu										
10 15 20 25										
ata tta gaa caa caa gat tat cct gta cgt tta gaa cat gga cca aat	448									
Ile Leu Glu Gln Gln Asp Tyr Pro Val Arg Leu Glu His Gly Pro Asn										
30 35 40										
ttt gaa gaa gtg atc gat gaa aaa tgt tgg ctt gtt gtc acc tct acc	496									
Phe Glu Glu Val Ile Asp Glu Lys Cys Trp Leu Val Val Thr Ser Thr										
45 50 55										
cat ggt gca ggt gaa tta ccg gat aat att aaa cct ctg ttt gaa aaa	544									
His Gly Ala Gly Glu Leu Pro Asp Asn Ile Lys Pro Leu Phe Glu Lys										
60 65 70										
tta gca ttt cac cca aaa cag tta gct gac tta cgc ttt gcg gtg atc	592									
Leu Ala Phe His Pro Lys Gln Leu Ala Asp Leu Arg Phe Ala Val Ile										
75 80 85										
ggg tta ggt aat tcg gat tat gat acc ttc tgt cac gca gtg gat cat	640									
Gly Leu Gly Asn Ser Asp Tyr Asp Thr Phe Cys His Ala Val Asp His										
90 95 100 105										
gtg gaa caa tta ctg cta agc aaa gat gct tta caa ctg tgt gaa tcg	688									
Val Glu Gln Leu Leu Leu Ser Lys Asp Ala Leu Gln Leu Cys Glu Ser										
110 115 120										
cta aga atg gat atg cta acc att act gat cct gaa cac acg gcc gaa	736									
Leu Arg Met Asp Met Leu Thr Ile Thr Asp Pro Glu His Thr Ala Glu										
125 130 135										
caa tgg ctc cca caa ttt ctc agt caa tta taatatattat tccctataca	786									
Gln Trp Leu Pro Gln Phe Leu Ser Gln Leu										
140 145										
atggcatatg taaatcaaat atgccatttt tcatctcgat caagcataat atttaaccaa	846									
tcaaatacaat attttctctg tggataacta agatcaaaac tgtataaaaag ctgtttttat	906									
tccctgaata agattgaatg ttttttattc tgtggataac taaagaagtt attcacagtt	966									
ttttctgggtg ccaaattgag atcttaacaa cttaaaaaat gatctaagtt attcatttaa	1026									
aaaaagaaaa ggatcttaat cacagcacta taggatccta ataatacataa taataagatc	1086									
tctttatata aaaagatcct atctttatta actcacgatc tttttcacga tcatcgtaca	1146									
gtcttgatca aaaatgtttc tttcatggat ccataaattt cagtagaata gccaacccagc	1206									
aaaaaggatc aaaagatcca taaaatccga gataaattaa caaggttact atgtttttata	1266									
ctgaaaatta tgatgttatt gtgatcgggtg gtggacacgc aggtactgaa gctgcacttg	1326									
caccggcacg catgggactc aagaccctat tattaaccca taatgttgat acactagggc	1386									
aaatgtcttg taatcctgcg attggtggga ttggtaaagg ccatttagtc cgagaaattg	1446									
atgcgatggg cggtttaatg gcaactgctg cggaccaagc aggaatccaa tttcgtacct	1506									
taaacagcag caaaggaccg gcggtacgtg ctacacgtgc gcaagctgac cgcgttttat	1566									
atcgccaagc agtacgtatt gcattagaaa atcaagaaaa tttagatatt tttcaacaag	1626									
aagtgaccga tattatttta gatcaggatc gtgtctgcgg tgttggttact aaaatggggt	1686									
taaaatttca cgcaaaagca gtgattttta cagccggtac tttcctttct ggtaagatcc	1746									
acattgggtt agaaaattat acaggtggac gcgcgggtga tcctgcttca gtgatgttag	1806									
ccgatcgttt aagagaactg aatttacgtg tanatcggtt aaaaacgggt acaccgcccc	1866									
gtattgatgc acgtactatt gatttctcaa tactggctaa acaacatggc gatgaaaaat	1926									
tacctgtctt ttccttcatg ggatctgttg atcaacaccc acgtcaaatt ccatgtttta	1986									
ttaccatac aaatgaacaa acgcatgaag tgatccgtaa taacttacat cgcagcccaa	2046									

tgtatgctgg gatcattgaa gggatcggtc cacgttattg cccttctatt gaagataaag 2106
 taatgcgttt ttctgagcgt aattctcatc aaatctacct tgaacctgaa gggttgacaa 2166
 acaaaacaaa gaaattgcgg atttacaaaa acaagtgcaa gcactgcaag cagatttaag 2226
 cgaaatggca aagaaaaacc gcaatcaagc gttgattgca ggtggtattg gcggtggcat 2286
 tgttgagcgc ggtattgagc tcattcgctt gcaatttggg ggctaactga tggcatttga 2346
 tgaaaaaaca cgtgcgctgg ttcgtcgcta ctatgtattt gagtttttat cgcttgagca 2406
 atcagcaagt aaagctaaag tctcatttaa caccgcgcga cgctggaaga aagaggcggc 2466
 aagcaagggc gatgactggg ataaagtgcg tgatgtacaa gtaatggcgg gcaatgagct 2526
 gactgatatc acaaaaggat tgttatcggg ctttattatt caatatcgcg caacctatga 2586
 tgagattcaa aactcggatt taaaagcaca agataaagtc ga 2628

<210> 40

<211> 147

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 40

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

145

<210> 41

<211> 5191

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (3203)..(4255)

<220>

<223> mreB

<400> 41

ctgcagtacc aaccacccaa atgttgtgct tctgctgtaa ttcacgcaaa gtgcgcgcga 60
 ggttggttac acggattaat ggcacgactt cagcggcacc acaagctact ttacgtgcga 120
 tagcgggtaa ttgggcagat ttatcttttg gtactatcac agcacacacg cccgctgcat 180
 ccgcagtacg caaacaagca cctaagttat gtggatcagt cacaccatct aacactaata 240
 gcaacggatt ggactgattt tgtaaaagcg tatctaaatc tgcttcattc aattctttcg 300

```

ctggctgaac acgtgccatg atgccttgggt gtacttcgcc ctctgctttt ttatcaaggg 360
tttggcgatt aacaaattgg atagtaatac ccaaccgatg aagttcattg agcaaagggt 420
gtaaacgttt atcgtcgcgc cctttgagtg cataaacttc aattaaacgc tctggcgcgt 480
tgtttaaaaa ggcacttact gcatgaatgc cataaatatt ttcactcatc tacttttctt 540
ttttagctga tttcttactg gcttttttcg tggttgttga tggtttaaca acgcttgttt 600
ttcttaccgc acttttactg gtgcttgggt tacgtttatg gcgttgtttt tcgagacttt 660
cagcgtagcg tgcatttttc ttgagcttgt ctttggtgtt tttgccttct cgtaatgggt 720
tacgctcact cgacactaaa gaaaaatcca cttggcggtt ttcaaggcta actgcttcca 780
cacggatttt taccttatcg ccaatgcggg agatcatacc actattttca ccgattaaac 840
gttgtcgagc gagatcaaat tggtagtagt cgttatctaa ggtagaaatg tggactaagc 900
catcaataaa gaggtcatct aagcggacaa ataagccaaa acctgtcaca gatgaaatca 960
cacctgtaaa ttcttcgcct acatgatctt gcataatatt gcatttttagc cagtctgcaa 1020
catcacgagt ggcacatcgc gcccgctcgt ctgtcatgga gcagtgggtc cctaatacat 1080
ccatgtcatc aagtgtatag tgataccctc ccgtatcagt ggttctccgt ttcgagcctt 1140
ttagtttggc taacaagtat ttaatccac gatgcaaagt caaatcagga taacggcgaa 1200
ttggcgaagt aaaatgcgca tattcttcga gtgcaagccc aaagtgccca atattgtcag 1260
gatgataaac ggcttgactt aacgaacgta atacatgggt tgcaataact catgatctgg 1320
acgttcgcga atttgtcca ataatttagc gtagtctgcg gtacttgggt tactgccacc 1380
ttcaaggctt aaaccacatt cactgaggaa ttggcggaag cccgtcactt tttcttcgct 1440
tggacccgca tgaatacggg aaagggtggt ctcttgatgt ttttccataa agtttgccgc 1500
cgcaatattg gcgaggatca tacattcttc aatgatttta tgcgcatcat tacgaataac 1560
aggctcaatc cgttcgattc gccccatttc attaaacaca aacttacttt caatggtttc 1620
aaagtcaatg gcgccacgtt gatgacgggc ttccactaag gcttgggtaca ttacatggag 1680
ttcttttaaa tggggaacca gtgcttgata acgagtacaa agttcttcat cgtcctctaa 1740
aatacgagca actttggtat aggttaagcg agcatgagag ttcattgaccg cttcataaaa 1800
ttcatagcct gtgattttac cttttgctga aacattcagc tcacagacca tacataagcg 1860
atcgacttgt gggtttaatg aacaaagtcc attggagagg atttccggta gcataggaac 1920
aacgcgattt gggaaatata ccgagtttcc acgcgcatgt gcttcgggtat caagggcagt 1980
acgtaaacga acatagtagc tgacatcggc aatggcaacc cacagtttcc aaccgcctcc 2040
acgttttttc tggcaaaaaa ccgcatcgtc aaaatcgcg gcatcttcac catcaatggt 2100
gactaacgga agatggcgta aatcaatacg tcctgatttg gcttcttcg gtacttcttc 2160
actcagttta gaaacttggt tgaggaccgc gtctggaaaa acatggggaa tatcatgatt 2220
acggatagca atttccacct ccatcccttt tgccatattt tcaccgagaa tttcgctaata 2280
cattccaaca ggttggctaa atgttgcggt acgtggtttt aattcaacta caaccacttg 2340
tcccatagca gcgccttggc ggtgttcatt cggaattaaa atgtcgcgat taattcgact 2400
atcgtcaggt actacataac caataccatc ttctaagaaa aaacgaccaa caatctgttt 2460
tttacgctgt tgtaagacgc ggacaatccg cacttcttgg cgaccacgac ggtcaaaacc 2520
gctagggttg gcgaggacat agtcaccgtg cattaactgc tgcatttggc tgttgggtat 2580
aaaccaatcg ctgtctttac cttcgacttg taaaaacca taaccatcac gatgacctaa 2640
tacggtccct ttttaataat ccagtttttc cggtaaagcg tagcgtttac gtttagtgaa 2700
aaccaattgt ccgtcatttt ccatcgctct taagcgacgg cgcatggctt cttgttgttc 2760
ttcattttga atagcaaatt tggtcagtaa ttcttctttt gagatagggt cattatgttg 2820
acgaattgta tcaagaataa attcgcgact tgggatcggg ttctcatatt ttgcgagttc 2880
ttcttgatag tttggatctt gcaaattgtg attgtttttg atttttgcca taatgactcc 2940
ctttgagaat ggaaatacgc attcgtttaa tgacctcaag tttgacactc tgatttggtg 3000
aaagcaagta aaaaacctgt tcgtgactga aacaatctgt actcgcggga tttgtcgtgc 3060
atgaaagcgt aaagacaaag caaatctcga caatttacag aaaattctct gttataaagg 3120
tacatttttt gatacattta gcacaatttt tcaatactca aatcagagtg tccattattt 3180
aatttagttc agcgggaattc tt atg tta ttt aaa aaa att cga ggc tta ttt 3232

```

Met Leu Phe Lys Lys Ile Arg Gly Leu Phe

															1	5					10					
tca	aat	gat	ctg	tcc	atc	gat	ctt	ggc	aca	gcg	aat	acc	tta	att	tat	3280										
Ser	Asn	Asp	Leu	Ser	Ile	Asp	Leu	Gly	Thr	Ala	Asn	Thr	Leu	Ile	Tyr											
15					20					25																
gtc	aaa	gga	caa	ggg	att	gtt	tta	gat	gaa	cct	tct	gtt	gtg	gcg	att	3328										
Val	Lys	Gly	Gln	Gly	Ile	Val	Leu	Asp	Glu	Pro	Ser	Val	Val	Ala	Ile											
30					35					40																
cgc	caa	gaa	cgt	tca	ggg	gca	tta	aaa	agc	att	gct	gcg	gtt	ggg	cgt	3376										
Arg	Gln	Glu	Arg	Ser	Gly	Ala	Leu	Lys	Ser	Ile	Ala	Ala	Val	Gly	Arg											
45					50					55																
gat	gcc	aaa	tta	atg	tta	ggc	cgt	aca	ccg	aaa	agc	att	gca	gcg	att	3424										
Asp	Ala	Lys	Leu	Met	Leu	Gly	Arg	Thr	Pro	Lys	Ser	Ile	Ala	Ala	Ile											
60					65					70																
cgt	cct	atg	aaa	gat	ggg	gtg	atc	gca	gat	ttc	ttt	gtg	aca	gaa	aaa	3472										
Arg	Pro	Met	Lys	Asp	Gly	Val	Ile	Ala	Asp	Phe	Phe	Val	Thr	Glu	Lys											
75					80					85					90											
atg	ttg	caa	tat	ttt	att	aaa	caa	gtg	cac	agc	agc	aat	ttt	atg	cgt	3520										
Met	Leu	Gln	Tyr	Phe	Ile	Lys	Gln	Val	His	Ser	Ser	Asn	Phe	Met	Arg											
95					100					105																
cca	agt	cca	cgt	gtc	tta	gtt	tgt	gta	cct	gcg	gga	gct	acg	caa	gtc	3568										
Pro	Ser	Pro	Arg	Val	Leu	Val	Cys	Val	Pro	Ala	Gly	Ala	Thr	Gln	Val											
110					115					120																
gaa	cga	cgt	gca	atc	aaa	gaa	tct	gcc	att	ggg	gct	ggg	gca	cgc	gag	3616										
Glu	Arg	Arg	Ala	Ile	Lys	Glu	Ser	Ala	Ile	Gly	Ala	Gly	Ala	Arg	Glu											
125					130					135																
gtg	tac	ttg	att	gag	gaa	ccg	atg	gcg	gca	gcg	att	ggg	gct	aaa	tta	3664										
Val	Tyr	Leu	Ile	Glu	Glu	Pro	Met	Ala	Ala	Ala	Ile	Gly	Ala	Lys	Leu											
140					145					150																
cct	gtt	tcg	act	gcc	aca	ggg	tcg	atg	gtg	atc	gat	atc	ggg	ggg	ggg	3712										
Pro	Val	Ser	Thr	Ala	Thr	Gly	Ser	Met	Val	Ile	Asp	Ile	Gly	Gly	Gly											
155					160					165					170											
acg	acg	gaa	gtt	gcg	gtg	att	tct	tta	aat	ggc	att	gtg	tat	tcc	tct	3760										
Thr	Thr	Glu	Val	Ala	Val	Ile	Ser	Leu	Asn	Gly	Ile	Val	Tyr	Ser	Ser											
175					180					185																
tca	gtc	cgc	att	ggg	ggg	gat	cgt	ttt	gat	gag	gcg	att	att	tct	tat	3808										
Ser	Val	Arg	Ile	Gly	Gly	Asp	Arg	Phe	Asp	Glu	Ala	Ile	Ile	Ser	Tyr											
190					195					200																
gta	cgc	aag	acg	ttc	ggg	tca	att	att	ggg	gaa	ccg	aca	gca	gag	cgt	3856										
Val	Arg	Lys	Thr	Phe	Gly	Ser	Ile	Ile	Gly	Glu	Pro	Thr	Ala	Glu	Arg											
205					210					215																
atc	aaa	caa	gag	att	ggg	agt	gcg	ttt	att	caa	gaa	ggc	gat	gaa	gtc	3904										
Ile	Lys	Gln	Glu	Ile	Gly	Ser	Ala	Phe	Ile	Gln	Glu	Gly	Asp	Glu	Val											
220					225					230																
cgt	gaa	att	gaa	gtg	cat	ggg	cat	aac	tta	gca	gaa	ggg	gcg	ccg	cgt	3952										
Arg	Glu	Ile	Glu	Val	His	Gly	His	Asn	Leu	Ala	Glu	Gly	Ala	Pro	Arg											
235					240					245					250											
tct	ttc	aaa	ctc	acc	tca	cgt	gat	gtg	tta	gaa	gct	att	caa	gcc	ccg	4000										
Ser	Phe	Lys	Leu	Thr	Ser	Arg	Asp	Val	Leu	Glu	Ala	Ile	Gln	Ala	Pro											
255					260					265																
tta	aat	ggc	att	gtt	gcg	gca	gtg	cgc	acg	gcc	ttg	gaa	gag	tgt	caa	4048										

Leu Asn Gly Ile Val Ala Ala Val Arg Thr Ala Leu Glu Glu Cys Gln
 270 275 280
 cca gaa cat gct gcg gat att ttt gaa cgt ggc atg gtc tta act ggt 4096
 Pro Glu His Ala Ala Asp Ile Phe Glu Arg Gly Met Val Leu Thr Gly
 285 290 295
 ggc ggt gcc ctt att cgt aat att gat gtt tta ctg tca aaa gaa acc 4144
 Gly Gly Ala Leu Ile Arg Asn Ile Asp Val Leu Leu Ser Lys Glu Thr
 300 305 310
 ggt gtg ccg gtt atc atc gcc gat gat cct tta acc tgt gtt gcc cgt 4192
 Gly Val Pro Val Ile Ile Ala Asp Asp Pro Leu Thr Cys Val Ala Arg
 315 320 325 330
 ggt ggt ggc gag gca tta gag atg atc gat atg cac ggt ggt gat att 4240
 Gly Gly Gly Glu Ala Leu Glu Met Ile Asp Met His Gly Gly Asp Ile
 335 340 345
 ttt agt gac gat atc taatatgatt taaaagtgcg gtgatattag accgcacttt 4295
 Phe Ser Asp Asp Ile
 350
 tacttctctt ttattgctga caaggctagc ctaattcgtat tatgaaacct attttttgga 4355
 aagcacctcc ttaggtctt cgcttaattc tggcgatttt agcatccatt gcattgattg 4415
 tttcggacgg tcaatccaat gcgatgatta aagcacgcag tattatggaa accgcagtag 4475
 gcgggctgta ttatcttgcc aatacaccga gaacggtatt ggatgggggt tcagataatt 4535
 tgggtgatac caataaattg caaattgaaa accgagtttt gcgtgatcaa ctgcgtgaaa 4595
 aaaatgcaga tttattgttg ttagatcaac tcaaagtaga aaatcaacgc ctgcgcttat 4655
 tgcttaattc ccctctacgt acagatgagt ataaaaaat tgctgaagtt ttaacggcag 4715
 aaactgatgt gtatcgtga caagtcgtga ttaaccaagg acaacgtgac ggtgcttatg 4775
 tcgggcagcc gattattgat gaaaagggtg ttgttgggca acttatctcc gttggtgaaa 4835
 atacgagtcg cgttcttcta ttgacagatg tgactcattc tattccagta caagtactac 4895
 gtaatgatgt ccgtttgatt gctagtggaa caggacggaa tgatgaactg agtttagatc 4955
 atgtgccgcg ttcggtcgat attgtcaaag gggatttatt agtcacttct ggattaggtg 5015
 ggcgtttttt agaaggttat cctgttgcca ttgtggaatc cgtatcacgt gatgggcaaa 5075
 attattttgc tactgtaaca gcaaagccat tagcttcgat tgaacgttta cgctatgttt 5135
 tgcttttatg gccgacgaat gaagagatgc gcaaagtcca gtctatttca cctgca 5191
 <210> 42
 <211> 351
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida
 <400> 42
 Met Leu Phe Lys Lys Ile Arg Gly Leu Phe Ser Asn Asp Leu Ser Ile
 1 5 10 15
 Asp Leu Gly Thr Ala Asn Thr Leu Ile Tyr Val Lys Gly Gln Gly Ile
 20 25 30
 Val Leu Asp Glu Pro Ser Val Val Ala Ile Arg Gln Glu Arg Ser Gly
 35 40 45
 Ala Leu Lys Ser Ile Ala Ala Val Gly Arg Asp Ala Lys Leu Met Leu
 50 55 60
 Gly Arg Thr Pro Lys Ser Ile Ala Ala Ile Arg Pro Met Lys Asp Gly
 65 70 75 80
 Val Ile Ala Asp Phe Phe Val Thr Glu Lys Met Leu Gln Tyr Phe Ile
 85 90 95
 Lys Gln Val His Ser Ser Asn Phe Met Arg Pro Ser Pro Arg Val Leu

			100				105				110					
Val	Cys	Val	Pro	Ala	Gly	Ala	Thr	Gln	Val	Glu	Arg	Arg	Ala	Ile	Lys	
			115				120				125					
Glu	Ser	Ala	Ile	Gly	Ala	Gly	Ala	Arg	Glu	Val	Tyr	Leu	Ile	Glu	Glu	
			130				135				140					
Pro	Met	Ala	Ala	Ala	Ile	Gly	Ala	Lys	Leu	Pro	Val	Ser	Thr	Ala	Thr	
			145				150				155				160	
Gly	Ser	Met	Val	Ile	Asp	Ile	Gly	Gly	Gly	Thr	Thr	Glu	Val	Ala	Val	
			165				170				175					
Ile	Ser	Leu	Asn	Gly	Ile	Val	Tyr	Ser	Ser	Ser	Val	Arg	Ile	Gly	Gly	
			180				185				190					
Asp	Arg	Phe	Asp	Glu	Ala	Ile	Ile	Ser	Tyr	Val	Arg	Lys	Thr	Phe	Gly	
			195				200				205					
Ser	Ile	Ile	Gly	Glu	Pro	Thr	Ala	Glu	Arg	Ile	Lys	Gln	Glu	Ile	Gly	
			210				215				220					
Ser	Ala	Phe	Ile	Gln	Glu	Gly	Asp	Glu	Val	Arg	Glu	Ile	Glu	Val	His	
			225				230				235				240	
Gly	His	Asn	Leu	Ala	Glu	Gly	Ala	Pro	Arg	Ser	Phe	Lys	Leu	Thr	Ser	
			245				250				255					
Arg	Asp	Val	Leu	Glu	Ala	Ile	Gln	Ala	Pro	Leu	Asn	Gly	Ile	Val	Ala	
			260				265				270					
Ala	Val	Arg	Thr	Ala	Leu	Glu	Glu	Cys	Gln	Pro	Glu	His	Ala	Ala	Asp	
			275				280				285					
Ile	Phe	Glu	Arg	Gly	Met	Val	Leu	Thr	Gly	Gly	Gly	Ala	Leu	Ile	Arg	
			290				295				300					
Asn	Ile	Asp	Val	Leu	Leu	Ser	Lys	Glu	Thr	Gly	Val	Pro	Val	Ile	Ile	
			305				310				315				320	
Ala	Asp	Asp	Pro	Leu	Thr	Cys	Val	Ala	Arg	Gly	Gly	Gly	Glu	Ala	Leu	
			325				330				335					
Glu	Met	Ile	Asp	Met	His	Gly	Gly	Asp	Ile	Phe	Ser	Asp	Asp	Ile		
			340				345				350					

<210> 43

<211> 2172

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

 $\langle 220 \rangle$

<221> CDS

<222> (1) . . (1464)

 $\langle 220 \rangle$

<223> pnp

<400> 43

acc	cg	gtt	ggg	att	ggg	tgg	cac	ctg	aac	cca	aat	acc	gcg	tta	att	48
Thr	Arg	Val	Gly	Ile	Gly	Trp	His	Leu	Asn	Pro	Asn	Thr	Ala	Leu	Ile	
1				5				10					15			
gaa	aaa	gtg	aaa	gcg	att	gca	gaa	gcg	cgt	tta	ggc	gaa	gca	tac	cgt	96
Glu	Lys	Val	Lys	Ala	Ile	Ala	Glu	Ala	Arg	Leu	Gly	Glu	Ala	Tyr	Arg	
			20					25					30			
atc	act	gaa	aac	aag	cac	gtt	atg	aac	aaa	att	gat	gcg	att	aaa	gct	144
Ile	Thr	Glu	Asn	Lys	His	Val	Met	Asn	Lys	Ile	Asp	Ala	Ile	Lys	Ala	
		35					40					45				

gat gtg att gca caa atc aca gct gaa gta gca gaa ggc gaa gac atc	192
Asp Val Ile Ala Gln Ile Thr Ala Glu Val Ala Glu Gly Glu Asp Ile	
50 55 60	
agt gaa ggg aaa att gtc gat att ttc acc gca ctt gaa agc caa atc	240
Ser Glu Gly Lys Ile Val Asp Ile Phe Thr Ala Leu Glu Ser Gln Ile	
65 70 75 80	
gta cgt agc cgt atc att gct ggt gaa cca cgt att gat ggt cgt aca	288
Val Arg Ser Arg Ile Ile Ala Gly Glu Pro Arg Ile Asp Gly Arg Thr	
85 90 95	
gtg gat act gtt cgt gca tta gat att tgt act ggt gtt tta cca cgt	336
Val Asp Thr Val Arg Ala Leu Asp Ile Cys Thr Gly Val Leu Pro Arg	
100 105 110	
aca cac ggt tct gcg att ttc acc cgt ggt gaa aca cag gcg tta gct	384
Thr His Gly Ser Ala Ile Phe Thr Arg Gly Glu Thr Gln Ala Leu Ala	
115 120 125	
gtc gcg aca tta ggt aca gaa cgt gat gca caa att att gat gaa tta	432
Val Ala Thr Leu Gly Thr Glu Arg Asp Ala Gln Ile Ile Asp Glu Leu	
130 135 140	
aca ggt gag cgt tca gat cac ttc tta ttc cac tac aac ttc ccg cca	480
Thr Gly Glu Arg Ser Asp His Phe Leu Phe His Tyr Asn Phe Pro Pro	
145 150 155 160	
tat tct gtg ggt gaa acc ggt atg att ggt tca cca aaa cgt cgt gaa	528
Tyr Ser Val Gly Glu Thr Gly Met Ile Gly Ser Pro Lys Arg Arg Glu	
165 170 175	
att ggt cat ggt cgt tta gcg aaa cgc ggt gta gct gca gtg atg cca	576
Ile Gly His Gly Arg Leu Ala Lys Arg Gly Val Ala Ala Val Met Pro	
180 185 190	
aca ctt gcc gag ttc ccg tat gtg gta cgt gtt gtc tct gaa atc aca	624
Thr Leu Ala Glu Phe Pro Tyr Val Val Arg Val Val Ser Glu Ile Thr	
195 200 205	
gaa tca aat ggt tct tct tct atg gca tcg gtt tgt ggt gcg tct tta	672
Glu Ser Asn Gly Ser Ser Ser Met Ala Ser Val Cys Gly Ala Ser Leu	
210 215 220	
gca tta atg gat gcg ggt gta cca att aaa gcg gcg gtt gca ggt att	720
Ala Leu Met Asp Ala Gly Val Pro Ile Lys Ala Ala Val Ala Gly Ile	
225 230 235 240	
gca atg ggc tta gtc aaa gaa gac gaa aaa ttt gtg gtg ctt tca gac	768
Ala Met Gly Leu Val Lys Glu Asp Glu Lys Phe Val Val Leu Ser Asp	
245 250 255	
atc tta ggt gat gaa gat cac tta ggt gac atg gac ttc aaa gtc gcg	816
Ile Leu Gly Asp Glu Asp His Leu Gly Asp Met Asp Phe Lys Val Ala	
260 265 270	
ggt aca cgt acg ggt gtg acg gca tta caa atg gat atc aaa atc gaa	864
Gly Thr Arg Thr Gly Val Thr Ala Leu Gln Met Asp Ile Lys Ile Glu	
275 280 285	
ggt atc aca gca gaa atc atg caa att gcg tta aac caa gcg aaa agc	912
Gly Ile Thr Ala Glu Ile Met Gln Ile Ala Leu Asn Gln Ala Lys Ser	
290 295 300	
gca cgt tta cac att tta ggt gtg atg gag caa gcg atc cca gcg cca	960
Ala Arg Leu His Ile Leu Gly Val Met Glu Gln Ala Ile Pro Ala Pro	

```

305          310          315          320
cgt gcg gat att tct gat ttt gca ccg cgt att tac act atg aaa att 1008
Arg Ala Asp Ile Ser Asp Phe Ala Pro Arg Ile Tyr Thr Met Lys Ile
          325          330          335
gat ccg aag aaa atc aaa gat gtg atc ggt aaa ggt ggt gca acc att 1056
Asp Pro Lys Lys Ile Lys Asp Val Ile Gly Lys Gly Gly Ala Thr Ile
          340          345          350
cgt gcc tta aca gaa gaa aca ggt acc tca att gat atc gat gat gat 1104
Arg Ala Leu Thr Glu Glu Thr Gly Thr Ser Ile Asp Ile Asp Asp Asp
          355          360          365
ggt acg gtg aag att gct gcg gtt gat ggc aat tca gca aaa gag gtg 1152
Gly Thr Val Lys Ile Ala Ala Val Asp Gly Asn Ser Ala Lys Glu Val
          370          375          380
atg gcg cgt att gaa gat att act gca gaa gtt gaa gcg ggt gca gtg 1200
Met Ala Arg Ile Glu Asp Ile Thr Ala Glu Val Glu Ala Gly Ala Val
385          390          395          400
tat aaa ggt aaa gtt act cgt tta gct gat ttt ggt gcc ttc gtt tct 1248
Tyr Lys Gly Lys Val Thr Arg Leu Ala Asp Phe Gly Ala Phe Val Ser
          405          410          415
atc gta ggt aac aaa gaa ggc tta gtg cat att tct caa atc gcg gaa 1296
Ile Val Gly Asn Lys Glu Gly Leu Val His Ile Ser Gln Ile Ala Glu
          420          425          430
gag cgt gtt gag aaa gtg agt gat tat ctt gca gtg ggg caa gaa gtg 1344
Glu Arg Val Glu Lys Val Ser Asp Tyr Leu Ala Val Gly Gln Glu Val
          435          440          445
act gtt aaa gtg gtt gag att gat cgt caa ggt cgt att cgt tta acc 1392
Thr Val Lys Val Val Glu Ile Asp Arg Gln Gly Arg Ile Arg Leu Thr
          450          455          460
atg aaa gaa gtt gca cca aag caa gaa cac gtt gat tct gtt gtc gca 1440
Met Lys Glu Val Ala Pro Lys Gln Glu His Val Asp Ser Val Val Ala
465          470          475          480
gac gtt gcc gca gaa gaa aac gca taagcaataa acaccaacgc ccttcgtgat 1494
Asp Val Ala Ala Glu Glu Asn Ala
          485
aaagggcggtt ggtgtgcatg ttgataagta caatttgtgc ttttaaggcga agcgaaatga 1554
agcaatttca tccgtgggta aagtgcctgc taattttccc attttgggta tgttgtttaa 1614
cagcttgtgt taatcatgaa caagtttttc tttcaaaaga gaaattaatg ttagcagagc 1674
aacatccgaa tgatcatctt gagatgagg tgatggttgc gcaaattagc gaattgttac 1734
ttgttaaagg gttaaaaaaa gaagaacgtg cgattttaca ttttgagcga ggcgtgctgt 1794
acgatagctt aggattgtgg gcattggcgc gttatgattt tgaccaaaca ttagcgttgt 1854
atccaaagtt ggcagcagcg ttttaattatt taggtttata tttattgtta gaggaagatt 1914
acagcgcac tctagatatc tttaatgtgt tgtttgaact tgatcctcaa tatgagtatg 1974
cattcctaaa tagagggcta aatttttatt acgtcggacg ttatgaatta gctcagcggg 2034
attttcttca attttatcaa gccgataaat cagatccata ccgcacttta tggctttatt 2094
taaataaatt aaagcataat cctcaggatg cttctaaaaa tcttgctcaa cgagcaatgg 2154
ggctttctga tgaatatt 2172
<210> 44
<211> 488
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida

```

<400> 44

```

Thr Arg Val Gly Ile Gly Trp His Leu Asn Pro Asn Thr Ala Leu Ile
 1           5           10           15
Glu Lys Val Lys Ala Ile Ala Glu Ala Arg Leu Gly Glu Ala Tyr Arg
          20           25           30
Ile Thr Glu Asn Lys His Val Met Asn Lys Ile Asp Ala Ile Lys Ala
          35           40           45
Asp Val Ile Ala Gln Ile Thr Ala Glu Val Ala Glu Gly Glu Asp Ile
          50           55           60
Ser Glu Gly Lys Ile Val Asp Ile Phe Thr Ala Leu Glu Ser Gln Ile
          65           70           75           80
Val Arg Ser Arg Ile Ile Ala Gly Glu Pro Arg Ile Asp Gly Arg Thr
          85           90           95
Val Asp Thr Val Arg Ala Leu Asp Ile Cys Thr Gly Val Leu Pro Arg
          100          105          110
Thr His Gly Ser Ala Ile Phe Thr Arg Gly Glu Thr Gln Ala Leu Ala
          115          120          125
Val Ala Thr Leu Gly Thr Glu Arg Asp Ala Gln Ile Ile Asp Glu Leu
          130          135          140
Thr Gly Glu Arg Ser Asp His Phe Leu Phe His Tyr Asn Phe Pro Pro
          145          150          155          160
Tyr Ser Val Gly Glu Thr Gly Met Ile Gly Ser Pro Lys Arg Arg Glu
          165          170          175
Ile Gly His Gly Arg Leu Ala Lys Arg Gly Val Ala Ala Val Met Pro
          180          185          190
Thr Leu Ala Glu Phe Pro Tyr Val Val Arg Val Val Ser Glu Ile Thr
          195          200          205
Glu Ser Asn Gly Ser Ser Ser Met Ala Ser Val Cys Gly Ala Ser Leu
          210          215          220
Ala Leu Met Asp Ala Gly Val Pro Ile Lys Ala Ala Val Ala Gly Ile
          225          230          235          240
Ala Met Gly Leu Val Lys Glu Asp Glu Lys Phe Val Val Leu Ser Asp
          245          250          255
Ile Leu Gly Asp Glu Asp His Leu Gly Asp Met Asp Phe Lys Val Ala
          260          265          270
Gly Thr Arg Thr Gly Val Thr Ala Leu Gln Met Asp Ile Lys Ile Glu
          275          280          285
Gly Ile Thr Ala Glu Ile Met Gln Ile Ala Leu Asn Gln Ala Lys Ser
          290          295          300
Ala Arg Leu His Ile Leu Gly Val Met Glu Gln Ala Ile Pro Ala Pro
          305          310          315          320
Arg Ala Asp Ile Ser Asp Phe Ala Pro Arg Ile Tyr Thr Met Lys Ile
          325          330          335
Asp Pro Lys Lys Ile Lys Asp Val Ile Gly Lys Gly Gly Ala Thr Ile
          340          345          350
Arg Ala Leu Thr Glu Glu Thr Gly Thr Ser Ile Asp Ile Asp Asp Asp
          355          360          365
Gly Thr Val Lys Ile Ala Ala Val Asp Gly Asn Ser Ala Lys Glu Val
          370          375          380
Met Ala Arg Ile Glu Asp Ile Thr Ala Glu Val Glu Ala Gly Ala Val

```

```

385          390          395          400
Tyr Lys Gly Lys Val Thr Arg Leu Ala Asp Phe Gly Ala Phe Val Ser
          405          410          415
Ile Val Gly Asn Lys Glu Gly Leu Val His Ile Ser Gln Ile Ala Glu
          420          425          430
Glu Arg Val Glu Lys Val Ser Asp Tyr Leu Ala Val Gly Gln Glu Val
          435          440          445
Thr Val Lys Val Val Glu Ile Asp Arg Gln Gly Arg Ile Arg Leu Thr
          450          455          460
Met Lys Glu Val Ala Pro Lys Gln Glu His Val Asp Ser Val Val Ala
465          470          475          480
Asp Val Ala Ala Glu Glu Asn Ala
          485

```

<210> 45

<211> 633

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (2)..(631)

<220>

<223> purF

<400> 45

```

c gat ggg gtt tct gtt tat gct gcc cgt gtt cat atg gga caa cgt tta 49
  Asp Gly Val Ser Val Tyr Ala Ala Arg Val His Met Gly Gln Arg Leu
      1          5          10          15
ggt gaa aaa att gca cgg gaa tgg gcg gat gtg gat gat att gat gtg 97
Gly Glu Lys Ile Ala Arg Glu Trp Ala Asp Val Asp Asp Ile Asp Val
      20          25          30
gtc att cct gtg cct gaa acc tct aac gat att gct tta cgt att gcg 145
Val Ile Pro Val Pro Glu Thr Ser Asn Asp Ile Ala Leu Arg Ile Ala
      35          40          45
cgc gtg tta aat aaa ccg tat cgt caa ggt ttt gtg aaa aat cgc tat 193
Arg Val Leu Asn Lys Pro Tyr Arg Gln Gly Phe Val Lys Asn Arg Tyr
      50          55          60
gta gga cgt acg ttt att atg ccg ggg cag gca ttg cga gtc agt tct 241
Val Gly Arg Thr Phe Ile Met Pro Gly Gln Ala Leu Arg Val Ser Ser
      65          70          75          80
gtt aga cgt aaa ctc aat acc att gct tca gaa ttt aaa gat aag aat 289
Val Arg Arg Lys Leu Asn Thr Ile Ala Ser Glu Phe Lys Asp Lys Asn
      85          90          95
gtg tta tta gtt gac gac tcg att gta cgt ggt acc acg tct gaa caa 337
Val Leu Leu Val Asp Asp Ser Ile Val Arg Gly Thr Thr Ser Glu Gln
      100          105          110
att gtc gaa atg gcg aga gcg gca ggt gcg aag aaa att tat ttt gcc 385
Ile Val Glu Met Ala Arg Ala Ala Gly Ala Lys Lys Ile Tyr Phe Ala
      115          120          125
tct gct gca cca gaa att cgt tat cca aat gtg tat ggt att gat atg 433
Ser Ala Ala Pro Glu Ile Arg Tyr Pro Asn Val Tyr Gly Ile Asp Met
      130          135          140

```

```

cca acc aaa aat gaa ttg atc gct tat ggt cgt gat gta gat gaa att 481
Pro Thr Lys Asn Glu Leu Ile Ala Tyr Gly Arg Asp Val Asp Glu Ile
145          150          155          160
gct aac tta att ggt gtg gat aaa ttg att ttc caa gat ttg gat gcg 529
Ala Asn Leu Ile Gly Val Asp Lys Leu Ile Phe Gln Asp Leu Asp Ala
          165          170          175
tta act ggt tct gtg caa caa gaa aat cca agt att caa gac ttt gat 577
Leu Thr Gly Ser Val Gln Gln Glu Asn Pro Ser Ile Gln Asp Phe Asp
          180          185          190
tgt tcg gtg ttt aca ggg gtt tat gtg acg ggc gat att aca cct gaa 625
Cys Ser Val Phe Thr Gly Val Tyr Val Thr Gly Asp Ile Thr Pro Glu
          195          200          205
tat ctg ga 633
Tyr Leu
210
<210> 46
<211> 210
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida
<400> 46
Asp Gly Val Ser Val Tyr Ala Ala Arg Val His Met Gly Gln Arg Leu
1 5 10 15
Gly Glu Lys Ile Ala Arg Glu Trp Ala Asp Val Asp Asp Ile Asp Val
20 25 30
Val Ile Pro Val Pro Glu Thr Ser Asn Asp Ile Ala Leu Arg Ile Ala
35 40 45
Arg Val Leu Asn Lys Pro Tyr Arg Gln Gly Phe Val Lys Asn Arg Tyr
50 55 60
Val Gly Arg Thr Phe Ile Met Pro Gly Gln Ala Leu Arg Val Ser Ser
65 70 75 80
Val Arg Arg Lys Leu Asn Thr Ile Ala Ser Glu Phe Lys Asp Lys Asn
85 90 95
Val Leu Leu Val Asp Asp Ser Ile Val Arg Gly Thr Thr Ser Glu Gln
100 105 110
Ile Val Glu Met Ala Arg Ala Ala Gly Ala Lys Lys Ile Tyr Phe Ala
115 120 125
Ser Ala Ala Pro Glu Ile Arg Tyr Pro Asn Val Tyr Gly Ile Asp Met
130 135 140
Pro Thr Lys Asn Glu Leu Ile Ala Tyr Gly Arg Asp Val Asp Glu Ile
145 150 155 160
Ala Asn Leu Ile Gly Val Asp Lys Leu Ile Phe Gln Asp Leu Asp Ala
165 170 175
Leu Thr Gly Ser Val Gln Gln Glu Asn Pro Ser Ile Gln Asp Phe Asp
180 185 190
Cys Ser Val Phe Thr Gly Val Tyr Val Thr Gly Asp Ile Thr Pro Glu
195 200 205
Tyr Leu
210
<210> 47
<211> 4788

```

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(876)

<220>

<223> rci

<220>

<221> misc_feature

<222> 3084

<223> n = A or T or G or C

<400> 47

gac gag gag aga aaa tta gct gat ttg gca aaa ggt atc gct cca gat	48
Asp Glu Glu Arg Lys Leu Ala Asp Leu Ala Lys Gly Ile Ala Pro Asp	
1 5 10 15	
att att ttt aga gat gta ata gaa cgc tat caa aat gaa gtg tct ata	96
Ile Ile Phe Arg Asp Val Ile Glu Arg Tyr Gln Asn Glu Val Ser Ile	
20 25 30	
act aaa aaa ggc gcg cga aat gaa att ata aga tta aac cgc ttt tta	144
Thr Lys Lys Gly Ala Arg Asn Glu Ile Ile Arg Leu Asn Arg Phe Leu	
35 40 45	
aga tat gat att tct aat ctg tat att cgt gat tta aga aaa gaa gat	192
Arg Tyr Asp Ile Ser Asn Leu Tyr Ile Arg Asp Leu Arg Lys Glu Asp	
50 55 60	
ttt gag gag tgg atc aga att cgc cta acc gaa gta tcg gat gct agc	240
Phe Glu Glu Trp Ile Arg Ile Arg Leu Thr Glu Val Ser Asp Ala Ser	
65 70 75 80	
gtt aga cgt gag ctt gtt act ata tcg tca gtg ctg aca aca gca ata	288
Val Arg Arg Glu Leu Val Thr Ile Ser Ser Val Leu Thr Thr Ala Ile	
85 90 95	
aat aag tgg gga tat att tca agg cat cca atg act ggt att gaa aaa	336
Asn Lys Trp Gly Tyr Ile Ser Arg His Pro Met Thr Gly Ile Glu Lys	
100 105 110	
cca aaa aac tcg gca gaa aga aaa gaa cga tat tca gaa cag gac att	384
Pro Lys Asn Ser Ala Glu Arg Lys Glu Arg Tyr Ser Glu Gln Asp Ile	
115 120 125	
aaa aca ata tta gaa aca gct aga tat tgt gaa gat aaa cta ccc ata	432
Lys Thr Ile Leu Glu Thr Ala Arg Tyr Cys Glu Asp Lys Leu Pro Ile	
130 135 140	
aca ctc aaa caa aga gta gca att gca atg tta ttt gct att gaa acc	480
Thr Leu Lys Gln Arg Val Ala Ile Ala Met Leu Phe Ala Ile Glu Thr	
145 150 155 160	
gct atg cgt gct ggt gag att gct agt ata aaa tgg gat aat gtt ttt	528
Ala Met Arg Ala Gly Glu Ile Ala Ser Ile Lys Trp Asp Asn Val Phe	
165 170 175	
ctt gaa aag aga ata gta cat tta ccg aca act aaa aac ggg cac tct	576
Leu Glu Lys Arg Ile Val His Leu Pro Thr Thr Lys Asn Gly His Ser	
180 185 190	
aga gat gtg ccg ctt tcg caa aga gct gtt gcg cta att tta aaa atg	624
Arg Asp Val Pro Leu Ser Gln Arg Ala Val Ala Leu Ile Leu Lys Met	

195	200	205	
aaa gag gta gaa aat gga gat ctt gtg ttt cag acc acg cct gaa tca			672
Lys Glu Val Glu Asn Gly Asp Leu Val Phe Gln Thr Thr Pro Glu Ser			
210	215	220	
tta agc acc acg ttt aga gtg tta aag aaa gag tgt gga ctt gaa cat			720
Leu Ser Thr Thr Phe Arg Val Leu Lys Lys Glu Cys Gly Leu Glu His			
225	230	235	240
ctc cat ttt cat gat acg aga agg gaa gcg ttg acg aga tta tct aag			768
Leu His Phe His Asp Thr Arg Arg Glu Ala Leu Thr Arg Leu Ser Lys			
245	250	255	
aaa gta gat gta atg act cta gcc aaa att agc gga cat aga gat tta			816
Lys Val Asp Val Met Thr Leu Ala Lys Ile Ser Gly His Arg Asp Leu			
260	265	270	
aga att tta caa aac aca tat tac gca ccg aat atg agt gaa gtg gca			864
Arg Ile Leu Gln Asn Thr Tyr Tyr Ala Pro Asn Met Ser Glu Val Ala			
275	280	285	
aac ttg ttg gat taattcactc ttcttaaata cgccttttgc cacttgatta			916
Asn Leu Leu Asp			
290			
catcgccagc cttatatctt ttactttcat tacttccttt ttctaatagaa actgggggatg			976
gaaagtcttg gcgggtaata atatgacgag atgtgtaatt gtaagaacga ttaatcatga			1036
tagaaatgtc ttcaatacta agaagaactg gactatcttc ttttaagttga gctaaggctc			1096
caaacctcac agagcgtagc acttcatctt gttgtttctt tgtagagaa atattttcca			1156
tttttacctc acttaataaa aaaagccgtc atggacggct taataaagca tttcgctata			1216
cagttctttt gaggtgtacc caatatcgaa cttgatttga ttgttttggt ttgcatgttc			1276
cagtgtcttct tttcgatcaa caaatcttcc gaagttggta ataacaccct gtttcttacc			1336
aattagcgga tattgtgtac cgttctcaat agatttaatt tgtttacgca taaacatgtc			1396
atagtgtctc gcgccagtca ctaaataag ttcttttggt gtgtaatctt caagctcgca			1456
cgcagcgag acgattaatt ctggacgatc tcccatcttc ctatctccga gcatttttca			1516
tagctcaaa ccaagcttgt gcgtctcctt cactgtaaaa taatgaaccg ctttctagca			1576
tttttctgtg cttatctcta ttagcatcaa aatagaatct aataattggt gagttacctc			1636
ttttaaagac ctcttgattg tgggtgtgtg ttttgattgg agcgggcaaa gtaagcggtta			1696
ctgttgggcg tggttcttcc cacattccga ctatatcaaa tggattttct aaatgcggat			1756
atttgttatg ttcaaaaaaa gaagatccat caatcgtcca agaatttctc tcaaattgtg			1816
tcttgctctt gccaatgtga aatacacctt gatataagaa agtggtgaac ggaaagaact			1876
ttgaataatc agcagttaca tatcctttac ttccatttct aagcacaact ggctcaccgg			1936
ttaatgcttt ttctaagtca aatgctttca ttttttactc tccagcttgc tcatcaataa			1996
gctcatcaat ccattctcga atttcagatt ggaaattttc taacgaatta ttttcattaa			2056
aataatctgc ttcttttaac ttactcaccg ctgttttact aaagcattta taaaaagac			2116
gcttttcttc aaacaaatca tcttttgaga ttgcgcatac ttttcctacg ccctctatac			2176
ttttgtcttg aataaaacta ttaaaaagaa cctcttcttg ctgcttggtt tctactaaaa			2236
tagaaatcgt atattttttt ggatattcca tttttaatcc tttcttttag ataacaaaaa			2296
accgcatttc tgcggttatt ctgtgtatct atttaaaata ttacttatag tttcagcatc			2356
ttctaagtgt aatttagaat agcttgaggt catttttcct ttaacggcaa tcctcaattc			2416
ttccagcttt aagctataca agtagtcttt tttatcttta taaatacgac cgtacaccat			2476
tccggataat ttaccttctt cataccatt agataaattg atctttctat ctcgaccgag			2536
cactctaatt gttaaataat ttcttccaat ttttaagact tcagcctcat gttcaatgtt			2596
tgagcgcatg agtgtttcta aaaaatatac ggtatcgcca actttaagat ttttaatcca			2656
atctttattc ataaataccc ttatactttc ggtggcagtg gaagtgggtg ccaatgagtt			2716
actgaagata gatggtaagt acgaagagac ataaagaaaa catcatctcg ccacgcgatt			2776

```

tttatttccc ctctatctgt ataaatcaga atatcctctc tctcactggg caatctatct 2836
tttacactaa tccagccatc atcttgcgaa aattccacaa tttctggctt ttcaagcacc 2896
aatcagagc cgtaatcttc tttttcctct tcgctcaact gcttttcctt gcagtcagcc 2956
ttgccaagga cgacaccgta cacggcataa ggtaaactcat tcaacgcaaa atcctcatga 3016
tcacacatat catctgcgaa ctcatgagct tctactgcac catctaaaca actttgctta 3076
gcttgatnta atgtttcgtg taagttaacg atatgtatgt cattagatac atctactgag 3136
aaaaattttt tttctgtttc tatcatagtt aaattcctta ttcttttatt aatgggagag 3196
gaatcgggtg ccagtgtgta acgttaatag ctagatcata aattggacca ttctgattta 3256
tagctacca aaaatattca ccatacagca tttctcttga tgcaattgag taatgctcgc 3316
catattcacc ttcacaaaaa gcaatgactg gtgtttcaac ttctggtaac ttgtcatcaa 3376
cactaatcca gttgctatat tcccaatgaa aattaagctt ctcatagcca ttgatgactt 3436
gatctaacgc aggtcttaat tgggtttctc caacaataat atgtgttggt atcttaatct 3496
ctgggattcc atctattact tcacaccagt ttttttcaat aaagtccaat ctttttttat 3556
ctgctaaaag actttcatat tctgcttttg tgattgttac tgtttctgtc atagttaaata 3616
tcctcatgat aaattccatg tttatttacc ttttttctgg cacaaaaaaa cagctatttg 3676
cgtgctgtct tgattgatat aatcaattaa tctaagccca atccatttca taactggaac 3736
agccatactg tttccaattg ctttgtatcg tggagaatca gggcattcat ctattgattt 3796
gttgcgatat gggattttag tgtaatcgtc tggaaatccc tgtaatcttt cacactcacg 3856
cggcgttagt tttctaacaa ctgattctac tgataaagca acgcaaggaa cattattacc 3916
accagttccc attcttgctt ttaagggttg tgaaatatca tcgtgaatac gacaagcttc 3976
ttcaccctta acctcaaata gaatattttc caatcctcca tttcttccaa tgcaatgcgc 4036
tgtattttta gaaatgattg gatcttgtga accgtgaaca acaaaagttt cactaccgcc 4096
agcaagaact ccaccgcttg ctcttaatgt tcccgcaaca tcggatttgc gatattgagc 4156
aaagcttgct tcaataaagg cggcaatatc ttttgctgc gttccgctct gttcaatatt 4216
ccctcgcacg cttttggact caatgagtat ttgtgcaaca cttcgttttc tagcacttgc 4276
cacaagaaac actcttttac gacgttgggc aactccgaag tattgagcat cgagaactcg 4336
ccagcagatt gttcggattg aatgcacata accagcgttc gtccatcttc tccctgtgtg 4396
ctgcaatggc tcacactctt gaaccagtcc agccagaagg tgtccgaatg cgttgtccga 4456
ggtggatagc acaccgga cgttttccca cagcagaatg cacggtggtt tggtgtcatt 4516
gaatctaaca tagtcgatcg cttctaaaat tttaattaaa actaacgtga gatttcctcg 4576
ctcatcgtct aaactttgac gattgccagc aactgaaaaa gattgacaag gaggaccacc 4636
aactaaaacg tctggtgccg gaatttcacg atctaataat ttctgttgca attcagtcac 4696
atcaccaaga ttgggaacgt tagggtaatg gtaagctaata actgcgcttg ggaattgctc 4756
aatttcagaa aaccagagtg gctctgcgaa tt 4788

```

<210> 48

<211> 292

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 48

```

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

```

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

<210> 49

<211> 1618

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

$\langle 220 \rangle$

<221> CDS

<222> (2) . . (1195)

 $\langle 220 \rangle$

<223> sopE

<400> 49

g ggc gat cta tgt ctg aaa ata tct aca tgg tgt caa agt cac aga atc 49

Gly Asp Leu Cys Leu Lys Ile Ser Thr Trp Cys Gln Ser His Arg Ile
1 5 10 15

aat caa qca att cgc aca att caa agt cta tca acc qca gtc atc ggt 97

Asn Gln Ala Ile Arg Thr Ile Gln Ser Leu Ser Thr Ala Val Ile Gly
20 25 30

att gtc tgt act gca aat gac gca gac aat gaa aca ttc cca ctc aat 145
Ile Val Cys Thr Ala Asn Asp Ala Asp Asn Glu Thr Phe Pro Leu Asn

35 40 45

gaa ccc gtt ctc atc aca aac gtg gca gcg gca att ggc aag gct gga 193
Glu Pro Val Leu Ile Thr Asn Val Ala Ala Ala Ile Gly Lys Ala Gly

50 55 60
aaa caa ggc acg ctt tca cgt gcg ctt gac ggg att tct gat gta gtc 241

Lys	Gln	Gly	Thr	Leu	Ser	Arg	Ala	Leu	Asp	Gly	Ile	Ser	Asp	Val	Val	
65					70				75						80	
aat	tgc	aaa	gtg	att	gtt	gtg	cga	gtg	caa	gaa	agt	gcg	caa	gaa	gac	289
Asn	Cys	Lys	Val	Ile	Val	Val	Arg	Val	Gln	Glu	Ser	Ala	Gln	Glu	Asp	
				85					90					95		
gaa	gaa	aca	aaa	gca	agt	gaa	atg	aac	acg	gca	att	att	ggc	aca	atc	337
Glu	Glu	Thr	Lys	Ala	Ser	Glu	Met	Asn	Thr	Ala	Ile	Ile	Gly	Thr	Ile	
			100					105					110			
aca	gaa	gaa	ggg	cag	tac	aca	ggc	ttg	aag	gcg	tta	ttg	att	gcg	aaa	385
Thr	Glu	Glu	Gly	Gln	Tyr	Thr	Gly	Leu	Lys	Ala	Leu	Leu	Ile	Ala	Lys	
			115				120					125				
aac	aaa	ttc	ggc	atc	aaa	cca	cgt	att	tta	tgt	gtg	cca	aaa	ttc	gac	433
Asn	Lys	Phe	Gly	Ile	Lys	Pro	Arg	Ile	Leu	Cys	Val	Pro	Lys	Phe	Asp	
			130			135				140						
aca	aaa	gaa	gtc	gcc	aca	gag	ctt	gca	agt	atc	gcc	gcc	aaa	ctc	aac	481
Thr	Lys	Glu	Val	Ala	Thr	Glu	Leu	Ala	Ser	Ile	Ala	Ala	Lys	Leu	Asn	
145				150				155					160			
gca	ttt	gct	tac	att	tca	tgt	caa	ggg	tgt	aaa	acg	aaa	gaa	caa	gcg	529
Ala	Phe	Ala	Tyr	Ile	Ser	Cys	Gln	Gly	Cys	Lys	Thr	Lys	Glu	Gln	Ala	
			165					170					175			
gtg	caa	tat	aaa	cgc	aac	ttc	tca	caa	cgt	gaa	gtc	atg	ctg	atc	atg	577
Val	Gln	Tyr	Lys	Arg	Asn	Phe	Ser	Gln	Arg	Glu	Val	Met	Leu	Ile	Met	
			180					185					190			
ggc	gat	ttt	ctg	tca	ttt	aat	gtc	aac	aca	tca	aaa	gtt	gag	att	gac	625
Gly	Asp	Phe	Leu	Ser	Phe	Asn	Val	Asn	Thr	Ser	Lys	Val	Glu	Ile	Asp	
			195				200					205				
tat	gcc	gtc	act	cgt	gcg	gcg	gca	atg	cgt	gca	tat	ctt	gat	aaa	gaa	673
Tyr	Ala	Val	Thr	Arg	Ala	Ala	Ala	Met	Arg	Ala	Tyr	Leu	Asp	Lys	Glu	
			210			215					220					
cag	ggc	tgg	cat	acg	tct	att	tca	aat	aaa	ggc	att	aat	ggc	gtg	agc	721
Gln	Gly	Trp	His	Thr	Ser	Ile	Ser	Asn	Lys	Gly	Ile	Asn	Gly	Val	Ser	
225				230				235					240			
ggc	gtc	aca	caa	cca	ctc	tat	ttt	gac	att	aac	gac	agc	tcg	act	gat	769
Gly	Val	Thr	Gln	Pro	Leu	Tyr	Phe	Asp	Ile	Asn	Asp	Ser	Ser	Thr	Asp	
			245					250					255			
gtg	aac	tat	ctc	aat	gaa	caa	ggc	atc	acg	tgt	tgc	gtg	aat	cat	aat	817
Val	Asn	Tyr	Leu	Asn	Glu	Gln	Gly	Ile	Thr	Cys	Cys	Val	Asn	His	Asn	
			260				265						270			
ggc	ttt	cgt	ttt	tgg	ggc	tta	cgc	acg	act	gca	gaa	gat	cca	tta	ttc	865
Gly	Phe	Arg	Phe	Trp	Gly	Leu	Arg	Thr	Thr	Ala	Glu	Asp	Pro	Leu	Phe	
			275				280					285				
aag	ttt	gaa	gtg	tac	acc	cgc	act	gca	caa	atc	tta	aaa	gat	acg	att	913
Lys	Phe	Glu	Val	Tyr	Thr	Arg	Thr	Ala	Gln	Ile	Leu	Lys	Asp	Thr	Ile	
			290			295				300						
gca	ggg	gcg	ttt	gat	tgg	gca	gtg	gat	aaa	gat	att	tct	gtc	acg	cta	961
Ala	Gly	Ala	Phe	Asp	Trp	Ala	Val	Asp	Lys	Asp	Ile	Ser	Val	Thr	Leu	
305				310				315					320			
gtg	aaa	gat	att	att	gaa	gca	atc	aat	gcg	aag	tgg	cgt	gat	tac	acc	1009
Val	Lys	Asp	Ile	Ile	Glu	Ala	Ile	Asn	Ala	Lys	Trp	Arg	Asp	Tyr	Thr	
			325					330					335			

```

aca aaa ggc tac tta att ggc ggt aaa gcg tgg ctt aat aaa gag ctt 1057
Thr Lys Gly Tyr Leu Ile Gly Gly Lys Ala Trp Leu Asn Lys Glu Leu
      340              345              350
aac agt gca acg aat tta aaa gat gcg aag ttg ttg atc tct tat gat 1105
Asn Ser Ala Thr Asn Leu Lys Asp Ala Lys Leu Leu Ile Ser Tyr Asp
      355              360              365
tat cac cca gta cca ccg ctc gaa cag cta ggc ttt aat cag tac att 1153
Tyr His Pro Val Pro Pro Leu Glu Gln Leu Gly Phe Asn Gln Tyr Ile
      370              375              380
tct gat gaa tac ctt gtt gat ttt tca aat cgt tta gca tcg 1195
Ser Asp Glu Tyr Leu Val Asp Phe Ser Asn Arg Leu Ala Ser
385              390              395
taaggggtag aaaatggctt taccacgcaa acttaaattg atgaatttaa tcatcgacgg 1255
taacaaatat ctggcggaag tcacggaagt gactcaacca aaattagcaa tgaaaatcga 1315
agaatttcgc gcgggcggta tgattggttc ggtggatgtc aatctcgggc ttgaaaagct 1375
cgaagcggaa tttaaagccg gtggctacat ggtcgaatta attaaaaaat tcggcggggtc 1435
aatcaacggc attccattgc gttttcttgg ctcatatcag cgtgatgaca cagaagaagt 1495
cacatctgtt gagcttgtga tgcaaggctc atttactgaa attgacagcg gaaacagcaa 1555
agtgggcgat gacactgaac aaacattcaa agtgccttta acgtattaca aaatcattgt 1615
tga 1618

```

<210> 50

<211> 398

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 50

```

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

```

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

<210> 51

<211> 353

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(351)

<220>

<223> unknown C1

<400> 51

atg aca tta ttt gat gaa tgt aaa tta gct ctt aga gac gat ttt aat	48
Met Thr Leu Phe Asp Glu Cys Lys Leu Ala Leu Arg Asp Asp Phe Asn	
1 5 10 15	
cta att tgt gat gaa gag aag gat tgt gta atg gat aag ttt tat ttc	96
Leu Ile Cys Asp Glu Glu Lys Asp Cys Val Met Asp Lys Phe Tyr Phe	
20 25 30	
tat ttc ttg gaa aag aaa gag gaa ttt aat ttt caa gat tat tca ttt	144
Tyr Phe Leu Glu Lys Lys Glu Glu Phe Asn Phe Gln Asp Tyr Ser Phe	
35 40 45	
gaa gaa atg tat ata ttt tca aaa atg gaa cct gtg tat gtt tta tgt	192
Glu Glu Met Tyr Ile Phe Ser Lys Met Glu Pro Val Tyr Val Leu Cys	
50 55 60	
gat agc tct aat ata cct ttg ttt agg agt aat tgg gaa ttg att atc	240
Asp Ser Ser Asn Ile Pro Leu Phe Arg Ser Asn Trp Glu Leu Ile Ile	
65 70 75 80	

```

aat aat ata tat gat gtt gtc tgt tta tct aca aaa gta ttt ttt cta 288
Asn Asn Ile Tyr Asp Val Val Cys Leu Ser Thr Lys Val Phe Phe Leu
      85                      90                      95
gat gat gaa aag tta atg atg gaa tta ttt cct gaa gat aaa gta aga 336
Asp Asp Glu Lys Leu Met Met Glu Leu Phe Pro Glu Asp Lys Val Arg
      100                      105                      110
gtc atc tat aaa aga ta 353
Val Ile Tyr Lys Arg
      115
<210> 52
<211> 117
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida
<400> 52
Met Thr Leu Phe Asp Glu Cys Lys Leu Ala Leu Arg Asp Asp Phe Asn
  1      5      10      15
Leu Ile Cys Asp Glu Glu Lys Asp Cys Val Met Asp Lys Phe Tyr Phe
      20      25      30
Tyr Phe Leu Glu Lys Lys Glu Glu Phe Asn Phe Gln Asp Tyr Ser Phe
      35      40      45
Glu Glu Met Tyr Ile Phe Ser Lys Met Glu Pro Val Tyr Val Leu Cys
      50      55      60
Asp Ser Ser Asn Ile Pro Leu Phe Arg Ser Asn Trp Glu Leu Ile Ile
      65      70      75      80
Asn Asn Ile Tyr Asp Val Val Cys Leu Ser Thr Lys Val Phe Phe Leu
      85      90      95
Asp Asp Glu Lys Leu Met Met Glu Leu Phe Pro Glu Asp Lys Val Arg
      100      105      110
Val Ile Tyr Lys Arg
      115
<210> 53
<211> 509
<212> DNA
<213> Pasteurella multocida
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(507)
<220>
<223> unknown C2
<400> 53
atg aaa aat ttt agg aat ata aat att tat agt gat tat gga aag gtt 48
Met Lys Asn Phe Arg Asn Ile Asn Ile Tyr Ser Asp Tyr Gly Lys Val
  1      5      10      15
gat aag gaa att ata tta gaa ttc gaa aat gaa ttt aat ata aag ctt 96
Asp Lys Glu Ile Ile Leu Glu Phe Glu Asn Glu Phe Asn Ile Lys Leu
      20      25      30
cct tct tta tac ata gat tta att acg gcg cat aat gct ccg aag agt 144
Pro Ser Leu Tyr Ile Asp Leu Ile Thr Ala His Asn Ala Pro Lys Ser
      35      40      45
gaa gag aat tgc ttt gaa tat tac aat gag cgt aat gag ccc acg ttt 192

```

[illegible]

<210> 54

<211> 169

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 54

[illegible]

<210> 55
 <211> 443
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(441)
 <220>
 <223> unknown C3
 <400> 55

```

atg ata aaa tat tta gag gga aat att aac tcg ttt ata tcg gca tta 48
Met Ile Lys Tyr Leu Glu Gly Asn Ile Asn Ser Phe Ile Ser Ala Leu
  1          5          10          15
ggg aaa aac gaa agt aat aaa gat att tta aaa tta gta gaa ata gtt 96
Gly Lys Asn Glu Ser Asn Lys Asp Ile Leu Lys Leu Val Glu Ile Val
          20          25          30
tct tca gat ttt gaa gtg gat gaa cta agt cat aaa gat gaa cac gag 144
Ser Ser Asp Phe Glu Val Asp Glu Leu Ser His Lys Asp Glu His Glu
          35          40          45
ata tat tat ttg ttt tat aag agg ggt gtt gaa ttt tgt ttt aaa aga 192
Ile Tyr Tyr Leu Phe Tyr Lys Arg Gly Val Glu Phe Cys Phe Lys Arg
          50          55          60
ata gat gaa gag tat gtc tta tat tcg gtt ttc ttt ttc ttg gta gag 240
Ile Asp Glu Glu Tyr Val Leu Tyr Ser Val Phe Phe Phe Leu Val Glu
          65          70          75          80
gtt gat aat tat ttt tca tgc cca ttt att cat gaa tta ata tgt gat 288
Val Asp Asn Tyr Phe Ser Cys Pro Phe Ile His Glu Leu Ile Cys Asp
          85          90          95
ctt aaa cac gga ttc tca ata gag gat att ata agg ttt tta ggg gag 336
Leu Lys His Gly Phe Ser Ile Glu Asp Ile Ile Arg Phe Leu Gly Glu
          100          105          110
cca aat ttt aaa ggt agt ggc tgg gta aga tat tct tat aat gga aga 384
Pro Asn Phe Lys Gly Ser Gly Trp Val Arg Tyr Ser Tyr Asn Gly Arg
          115          120          125
aat att cat ttc gaa ttt aat gaa tct aat gaa tta tcc cag att agc 432
Asn Ile His Phe Glu Phe Asn Glu Ser Asn Glu Leu Ser Gln Ile Ser
          130          135          140
att ttt att ta
Ile Phe Ile
145
    
```

<210> 56
 <211> 147
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida
 <400> 56
 Met Ile Lys Tyr Leu Glu Gly Asn Ile Asn Ser Phe Ile Ser Ala Leu
 1 5 10 15
 Gly Lys Asn Glu Ser Asn Lys Asp Ile Leu Lys Leu Val Glu Ile Val
 20 25 30
 Ser Ser Asp Phe Glu Val Asp Glu Leu Ser His Lys Asp Glu His Glu

35	40	45
Ile Tyr Tyr Leu Phe Tyr Lys Arg Gly Val Glu Phe Cys Phe Lys Arg		
50	55	60
Ile Asp Glu Glu Tyr Val Leu Tyr Ser Val Phe Phe Phe Leu Val Glu		
65	70	75
Val Asp Asn Tyr Phe Ser Cys Pro Phe Ile His Glu Leu Ile Cys Asp		
85	90	95
Leu Lys His Gly Phe Ser Ile Glu Asp Ile Ile Arg Phe Leu Gly Glu		
100	105	110
Pro Asn Phe Lys Gly Ser Gly Trp Val Arg Tyr Ser Tyr Asn Gly Arg		
115	120	125
Asn Ile His Phe Glu Phe Asn Glu Ser Asn Glu Leu Ser Gln Ile Ser		
130	135	140

Ile Phe Ile

145

<210> 57

<211> 8498

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<223> unkown C

<400> 57

```

gaattcgaat taagcgagaa aattgctgaa acactagaac aaagtcaatt aaatattagt 60
caattatcaa ttgttgaaat ttatcctttc aatgaagaac aagggatacg ttttcataat 120
aaaagtgtgg tacaacttaa accagaagag gtggaatggg catcaatcca ttatcttttc 180
tttgctggcg atattcagca agtcgctcat ctgcgcaaag ccgcagaaat gggttgcgtg 240
gtgattgata tgaaagggat ttgtgccagc ttgcaagacg tccctgtggg gataccggga 300
gtaaatacagg aaaaattggg agatttacgt cagcgtataa ttgtgtcctt agccgatcca 360
caagtgcacac aacttgcatt agtcacgccc tcgttgatgt caaatcacga aatcaaagac 420
attgccgtaa cctcggttatt acctgcatct tatactaacg gagaaacggg aggtaaatta 480
gcggggacaaa cagcgcgatt gttaaattggc attccacttg atgaaggcga acaacgttta 540
gcttttgatg ttttcctac gcctgcatcg catttaaata tgcaaattca caagatcttt 600
ccacaattag ataatgtcgt atttcattct atccaagtgc ctgttttcta cgggatgggg 660
caaattggtg gcgtattatc ggattatgca ttagatcctc aatcttgctt agcgagctgg 720
actgacaatc cgttgatgac ttatcatgca gaaaaatatt gcacccaggt gacgaatggc 780
gaacaggaaa tggcagaaga gcaagcagca aaattacata taagtgggtt aagtgcgggtg 840
gaaaatgggtc tacaattttg gtcggttgca gatgaacagc gctttaatct tgctttattg 900
agtgttacgc ttgcagagtt aatttactcg caaggttatt aattttaatg tgtttttgca 960
cgatattttt atcttgaact ttgagagcgc actcgttttt gacgagtgcg tttttgttaa 1020
aacattcgtt tgaaagacag tgaatgaata gcggagttat tgataagaat caatttatac 1080
aaaagcaact gaatgttatt aatcgaggca ataaacctat tgatagtttt agttggcgcc 1140
ataatacata aactgtactt aataatatgc aatcaatacc tagaaatatt catgacgtaa 1200
tccaacatat cggggagggg attttaagtg atggtagaaa aaacatttag aaatctaaaa 1260
atatatgatg attatggttc tgtctctcag gaaattattt ttaattttga aaaagagttt 1320
gatataaaac tccctttatc ctatatctca cttgtgaaaa agtataatgg cgtttgggtt 1380
aaggaaagtg attttgaata tttatctcaa aatgggaaaa gaataataag ctcatagagt 1440
tttgatagtt ttgagacaaa agataatatc gaaccaatga ataatatatt aagacaatat 1500
atztatgatg atgaaattta tggatataag aatgtttatt cttttgggta cactggaaat 1560
ggtgactttg tctgttttga ttatcgtgat gacccaaaag gtgatgagcc caaaatctgt 1620
atcgtgattc atgatgaata tgatgaaaaa acaggcaagc gtttggttatt gcctgtggca 1680

```

gaaaattttg	aggcattttt	agatatgctt	tacgattttg	atgaacgcta	tccgaatggt	1740
tatgaatagg	tatttgttta	aataatgtgt	tgtatttttt	aagcattatt	tacaactaac	1800
attttaagtg	cggatcaattt	tgaaaaagtt	ttgggctttg	agaattgggc	gcattttttt	1860
tgaaatattc	ttcaatgatg	agcactaatt	atggattaga	taatgggaat	tatcgagata	1920
tggatggtaa	taaaggatgg	aggctagatt	ttgatcctga	gaaagttggt	catgtaaata	1980
tttttgactt	tactaaaggt	aaaggactag	gtaaagcagt	taaaaagtca	ttctttttga	2040
tagtactgaa	caagagtttg	aaaaatttta	aagcaattaa	ataaggaaga	taaaatgaca	2100
ttatttgatg	aatgtaaatt	agctcttaga	gacgatttta	atctaatttg	tgatgaagag	2160
aaggattgtg	taatggataa	gttttatctt	tatttcttgg	aaaagaaaga	ggaatttaat	2220
tttcaagatt	attcatttga	agaaatgtat	atattttcaa	aatggaacc	tgtgtatggt	2280
ttatgtgata	gctctaatat	acctttgttt	aggagtaatt	gggaattgat	tatcaataat	2340
atatatgatg	ttgtctgttt	atctacaaaa	gtattttttc	tagatgatga	aaagttaatg	2400
atggaattat	ttcctgaaga	taaagtaaga	gtcatctata	aaagataatt	accctttagt	2460
cgcgctcgtg	tcagcacgag	ttcgctttca	ttaaagctct	cgttaaagac	tagcactagc	2520
agtgagggtg	atcgtaatca	atttactgaa	gaacagttaa	ttaaaattaa	taagaggcct	2580
gataaaaatag	agggattttac	atggcatcat	aactcacaaa	gtagtcccca	aaatatgtag	2640
ttaataccta	caccaattca	taaggctgtt	cagcatatag	gtgaaggcgc	tttaagtga	2700
ggaaagtgat	aaaatgaaaa	attttaggaa	tataaatatt	tatagtgatt	atggaaagggt	2760
tgataaggaa	attatattag	aattcgaaaa	tgaatttaat	ataaagcttc	cttctttata	2820
catagattta	attacggcgc	ataatgctcc	gaagagtga	gagaattgct	ttgaatatta	2880
caatgagcgt	aatgagccca	cgttttcttc	ctttggattt	gaagggtttg	agacagagcg	2940
gtctagcgcc	tctcttgaaa	atatatatgc	tcagtatatt	tatgatgatc	caatctatgg	3000
ttatgaacat	gtgtattcct	ttggtagtac	tggcgaggga	cattttatct	gttttgatta	3060
tcgtgatgat	ccaaaagggtg	atgaacccaa	aatctgtatc	gtgattcacg	atgaatatga	3120
tgaaaaaaca	gggaaaatgc	gactgtttcc	tatagcagag	aattttgaag	cgttttttaga	3180
tagtttgaaa	tcatttgatg	aaatgataga	gaagtattcg	taatgtctcc	gttcatatct	3240
catagcgatg	ctctctcccc	tgattttatg	gaaattttgt	ttaaattagg	agggcactaa	3300
aatgaaaaaa	ttttatttta	tttttttatt	attcctaagt	ggatgttttt	atcatgatgg	3360
atgtatctat	actcctcaga	tggtaaattg	ttttgttgat	aaaggagata	tattttccatc	3420
aatatctcgg	tatcaaaagc	cttatagtct	aggaaaaacc	aattcagaac	agcgttggaa	3480
ggatgtttatg	ttttgtggag	gtaaatatgg	tgattataaa	ttagagaata	taaaaacagt	3540
ggaacaatcg	gataaattac	atcattgtat	gacccaaaaa	gggtatatcc	atttaactcc	3600
cgcagaatgt	ggataccaaa	atcctaaatg	ggataaaggc	gtttgtaatt	tataagtgtt	3660
ttggatttta	ctttacgaat	tttttttgaa	aaaagttacc	gcaggatgtg	ttttaatcaa	3720
agcccagggtg	gcgcttggtg	gatgtgttat	tcgcatagta	gttattatgc	ggaagtgcta	3780
aatgaattca	ttattaaaaa	tggaattaaa	gagcgtaat	agcaccgttt	gcggtgagt	3840
atttaatttc	tcctgatgtt	atggaaatat	tatttaagtt	aggaggtgat	taggatgaaa	3900
aagttgttat	tgttcagttt	attattactt	ttaaatggat	gcctatatcc	ttttgaagag	3960
gagtgtttta	gaccgttaat	tcagggtggg	tcactctgct	gtcataagaa	taaaggagat	4020
atatttccat	caatagcacg	tttccaaaaa	gtagagaaca	tcggaaaaaac	tgatgccaa	4080
caacgttgga	aagatgcggt	tgattgtgga	agtaagtatg	gcatgaaga	tttaatatat	4140
ataaatgata	ataatttata	tagcattttt	cactcctgta	tggttaaaaa	aggatataaa	4200
aagtttcatc	ccgcagaatg	tgataccaa	aatcctaaat	gggataagg	tatttgtaat	4260
ttataagtgt	tttgaatttt	actttacaaa	ctttttttga	aaaatgttac	cgctgggatg	4320
tctgttttta	gggataaaga	ttcgttcatt	ttcttttaaat	ttaggcacgg	tataaaagag	4380
cttgattatc	aaataataat	atcgtgttcg	tgtccacacg	agtaggggtt	gattaaagta	4440
ctcctcaaaa	gcgagtgcga	gctgtgggg	aaacgggtgg	aaagaaagta	aagagtatat	4500
aaaccaattg	accgcataac	gtgcggtcaa	tttctaagat	ttatgagttc	cagaaaaata	4560
gaccgaaaag	tgcggttaa	gggtaacgaa	acacaaaaaa	taaaaatatg	acagcaagct	4620
gtgtcattaa	acccagaaa	aaaacttgac	cgattgttgc	actgctgaaa	atggcaaaaa	4680

gtaagccgat	ttcatagggg	agcattgcaa	taaaccagat	taatccactt	ggatgatcac	4740
ttttcattac	ggactcctta	tttatggctg	ataacttaac	acttgtattg	aaaattaaag	4800
cagatttaaa	caatgcgttg	agcgatttta	aagcgcttaa	aacggaattg	caacgcgcag	4860
gcgtggagtc	tatcagtaag	taactcgcca	gtttttgcaa	tcattttatca	tattcacaaa	4920
gccgtaatgc	atattggaga	aggttaagtg	taagtgaagg	aagataaaaat	gaaattttaga	4980
cattttggca	tttattatga	ttatggcgta	gtttcccaag	agattatttt	agatttttgag	5040
gaaacgtttg	gtattaaatt	accaaatttg	tatattgagt	tgatcacaaa	acataattcc	5100
ccaagattga	atagagatca	tttcaattat	tatgatttct	ctacgagtga	ggaagaagga	5160
acggaattta	tattcaaagg	atttgaaaca	gaaagtaata	ggcatgcgcc	gccagaaaat	5220
atttatgcac	aatatcttta	tgatgatgaa	atatatgggt	atgaacatgt	gtattctttt	5280
ggcagtaccg	ctagtgggtg	ctttgtctgt	tttgattacc	gagataatcc	gaaaggcagt	5340
gaacctaaaa	tttgtcttgt	gattcatgat	gaatatgatg	aagaaacagg	caagcattta	5400
ttgtttcctg	tggcagaaaa	ttttgaggta	tttttagata	tgctttacga	ttttgatgaa	5460
cgctatccga	atggttatga	ataggtattd	aaataatgta	ttgtattdtd	taagcgtdtd	5520
ttaataacgt	tttaagtgcg	gtcaatttda	aaaaagtdtd	gcttdtgagga	attgaccgtd	5580
tttgtatcat	ggatatgatg	tgagcaattg	atatcctgtd	tgtgttaact	ggcatgtggt	5640
aaagcattcg	tcaaagacga	gctctagtgg	tgagggacta	atcatgaatg	aactatttga	5700
cttttataga	aatataactt	tttttgaaga	atatgatgaa	aactcattca	taggaagatg	5760
gcttgattac	tcggaatgga	atgataaaga	atattggaaa	ttagagaaaag	atttactgaa	5820
aattgctcaa	atgtatagaa	ctactaatga	agtdtdtdcca	gatatttdta	taggggtdtd	5880
gcgtatcatt	gaattattaa	tgatacctaa	ctggaatagt	tttataatat	ctaattcaga	5940
aagtgttgat	atttatgata	gatatgaacg	attttaaata	ataatttdca	tacttdtdca	6000
taataaagat	gttagactag	atggcttdtd	atatacagaa	aagaatgatg	atgtatttdta	6060
taatgaatag	aaaaattaaa	agtaagctaa	tttgtagaaa	taataaaagt	ctcgcttgta	6120
tttdtdtdtd	gagatcgtdc	ttgagtdccac	acgagtdgcta	gctgtaggca	gagtdgtcttd	6180
gtgattataa	aaagttaagg	atagtattgt	tgatatgaaa	gaaaagacta	aatatttcaat	6240
ggggaatcaa	agtataaaaa	aataaatttd	atatttdcttd	gttaggatttd	tcaatatcat	6300
tatatgttdtd	gcttdtdatgt	agagatttdgt	tttdtdtdct	ttatatgttd	tttdtdtdatga	6360
tgtatttdgtc	tdtaaaatttd	cttdtdtaagga	ggcgtdtdtdtd	actatcttdtd	tdtdtdtdtdtdgt	6420
gctatgttdtd	attattcatt	attcattatt	cattattcat	tattcattat	tcattatttd	6480
atatataaat	atggtdtaaaag	gtctgaatgc	ccaaaaaaga	aaccatttaag	tgaaaatgta	6540
acatacaata	aaaggtagta	ggaataaata	aaatattagg	aataacagaa	tgataaaaata	6600
tttagaggga	aatattaact	cgtdtdtatatc	ggcatttaggt	aaaaacgaaa	gtaataaaga	6660
tatttdtaaaa	ttagtagaaa	tagtdtdtdctc	agatttdtdgaa	gtggatgaac	taagtcataa	6720
agatgaacac	gagatatatt	atttdtdtdtd	taagaggggt	gttdgaatttd	gttdtdtaaaag	6780
aatagatgaa	gagtatgtct	tatattdcggt	tdtdtdtdtdtd	tdtdgtagagg	tdtgataatta	6840
tdtdtdcatgc	ccatttdattc	atgaattaat	atgtgatcttd	aaacacggat	tctcaataga	6900
ggatattata	aggtdtdtdtd	gggagccaaa	tdtdtdaaaggtd	agtdggctggg	taagatattdc	6960
tdtataatgga	agaaatattc	atttdcgaaat	taatgaatct	aatgaattat	cccagatttag	7020
catttdtdatt	taataatttd	ggatttdggaa	cgctctcgtd	tdcacacaag	tdcggttdtdga	7080
tdtaagcact	tdgtcaaaggc	gagatccagc	tdgtgggagat	tdtgatagaga	aatggctctc	7140
aggattgacg	tdtagtagagg	gagcataaat	caagaaaaaa	catttdtaaat	aggaacatta	7200
ggtggtgagt	aatggaaatc	actcgtdtdtd	aaatcctact	tattgcttdtd	attatatttag	7260
gtaatgggta	tdgttdtdtdtd	ggtggaccag	ctaaaaaaca	attcgctata	gaagcagaaa	7320
caaggcggtat	tdatcgtact	tdaacgaaag	aaattatttd	tatgaatgga	gaatataaac	7380
aattdtdgagg	gagagtdtdtd	caaggatttd	cttdtdtagtcat	tdtdtdtdtdtd	catttdcaagta	7440
cagaaaaccg	cattaagatt	tdtagaaaaaa	tdtaagagat	gggatttdgat	tdcaaaaaata	7500
aaacatcaaa	accgagtdtd	catcttdtdtd	gtcaaggaga	aagtdgtdtdtd	tdtgatcgag	7560
aaaaacctga	atttdagaata	gattatgaga	aaaagatgac	tdatttdtdtd	gagtagcaaa	7620
ggaaggcaat	gataagttdta	tdtdtdctaadc	agatttdtaatt	taagtdattaa	agtdcggttdca	7680

```

atTTTgaaaa cgttttactt tgaaaaattg accgtttttt tacatgagag agtgaaagta 7740
caccaccta ggcaatgtgg ttgtggataa ggtgattaag gaatacccaa atgggggtta 7800
tgaagcgagg gtgctgatcc ctaacccgaa agcgaaaacc gatcctgatg cgccgaaatt 7860
tttgagaaaa aggggaaatg aagggtgtatc cacaatgttt ccaagaacat ggacagagga 7920
taggttgaaa gtggagttag agcatgctgt taataataga gtaccaatgg aaaagtttga 7980
aaataaatgg gaaggtataa caaaatcagg cgtgaaagta gaatgggttc tggatagaaa 8040
tggtaaagtg ttgactctat tttgttaatt ttctgtgtct ttttgtaaaa aataagttgt 8100
tgaaataaca tttttctcta taatcaaadc ttaatgataa ttaatatcat taaataagaa 8160
tggtacttta gatgaggatt atatgaaaga tttatcaaaa atgacctgcc ttgaagactt 8220
acgccgtgtt gcgcaacgta aagtgcacaa aatgttttat gactatgtag tttcaggatc 8280
ttggagcgaa agcacattgc atgccaaccg taatgatttt caagcaatta agctacgtcg 8340
acctgtggcg attttgccca tttctgcatt cagctctgca attcgtcgct tgtgctgttc 8400
tgttgcgcgc gcaagctctc ttgtcgactt gccttttcta attgggcttg ttgctcccaa 8460
taacgtgagg tcgccacatc cactttacgt agtgttga 8498

```

<210> 58

<211> 5798

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (2686)..(4446)

<220>

<223> unknown D1

<400> 58

```

gtcgacaaga ataaaacgaa acagcaaata gaattagaat tactacttat taacaataat 60
ccttttttaa agattctagc tgttttagat aaaaatatac gtgtgaagct tttggtcaca 120
ttattattat caggcctata ttatttatat gcagtaaaaa acgattcaaa ttttgtcata 180
ggtttatcta ttattttagt ttttattatt gtcattccag ggattttgac aaatgctatt 240
ttgaaagcta aggtgaaaaa aatcatggta gatttaccag gttttattga cttagttgca 300
gtaaagtgtc aaacagggat tagtattgat gcggctttta aacaagtggc aatcgatttt 360
aagaaactta atccagatct tacttatgtg atgttaagga ttattagaaa atctgaactt 420
acgggattat cacaagcgtt acaggatctt tcgatctcat tgccaacaac agaaataaga 480
atgttttgta ctgttttaca acagagttta aattttgggt cttcaattta ttctcactta 540
attcagttgt ctgcagatat caggagata caattattaa tcattgagga aaagttaggt 600
acattatcag ctaaaatgag tatcccattg attttgttta ttatgttccc aataatcatt 660
ttaattctag caccaggtat aatgagggtt tttccaaatg ttttttaaatt ttaccaagaa 720
aatcgttttt gttagtttag ctttatctgt cgttggttgt tctaccatt ctcagcaagg 780
catgacacag aaaagtatgt catctgaaac aataacggca aaagagactt tatatgaaag 840
tacgcaaaat tttcggcac tcatttcact gtatcgcat gtgttgaaag ccaaagaaga 900
tccttcaata cgctataaat tagcgaagac atactatcag cgaggtgaca gcaaatcttc 960
tttactttat ttaacgcat tactgaatga taatacgaag cttgctacac aagcgaataat 1020
attacagata aaaaatctaa ttcaattaaa taatttccaa gaagcaattt ctgtcgcaaa 1080
tgaactctta ttaaaatcac ctaatgaagg agaagtatat aatttaagag gtatcgctta 1140
tgcgcaaaat gggaatttgg tgaatgcccg aaatgatatc aataaagcaa gagagtctt 1200
tattaatgat aatgttgcta ttaataattt agccatgcta aatattatta atggcgattt 1260
taataatgct gtttctttac tgttgccaca atattttaaatt ggcgttaaga attctcgatt 1320
gattcataat cttgtttttg ctttagttaa aaatgggtgat cttgattatg caaaagatat 1380
cattgttaaa gagcgtttta atacttcacc agatgattta attaatgcat tgaaaaaac 1440
tacacatgta tcaaaagggt taactcggta acactaagga tttgatatga aaaagtttct 1500
atcaaatata aaaggaacct cgtcaattga atttgctttg acgatagcgt tctattttatt 1560

```

tgttgatg tttatttttg aattttgtcg attagcggtt gcgacagctt attgggattt 1620
 agctataacg gaaagtgtca gaattgcaaa gaatgaacaa gcaatttctg gaaattatga 1680
 agaagcattt aggaaagctc ttacaaagca aaaaaattc catgatgaat cgacaattgg 1740
 atatttggcg ttgttagaag ataataaatt tgatgtaaaa gtccaatatg tggattgtga 1800
 taaagaaacg gaatgtatta aaaatcttct gcttaataaa tttcgccaac cacaaaaaaaa 1860
 tcataaagga gagttaatct ctcctacggg gagtcgcgcg acttttagcac aatattcttt 1920
 aacttataaa tataagttta tgggtgccgtt agtattttatt cctgagtctt ggtctcaagt 1980
 agtgctgaac cgtgaatttg ttgttgtaga ggaatttgag cgttctcaat ttatgttagg 2040
 agcaaaacca agttctcttg ggacgaatcc atagaaaatt tactcattat ttcgagctat 2100
 atatgaaaga gtcaggttta gttaaattca agcatttttg gaaaaataaa aagggcgag 2160
 tgacgataga gttccttttt atgtcaatgt ttctgattgt gctatttgca tttctcttcg 2220
 atttagtaat gttacgttct acattaggca agttagataa tgcctcatat acattagtta 2280
 gtattctccg tgaacgtaca cagttgtacg atagagttgc acaaattaat attgatgatc 2340
 ataagcaatt tgaaaagctt gctaagaaac tgattttatgg tgatcagaat agtaataaaa 2400
 ggatcgatgt tgttttagaa tattgggcac aagacgggtc tggacggagg attccaaata 2460
 tcattggcga ttgtacgcct tacaaaaaac tttctgattt atcctattta tctcctcgct 2520
 cagaactcaa taatgaaaga aaaataccgc tttatcaaat tactctttgt gttgaaactc 2580
 agggcttggt tgaacaata ttactggata agtctgagcg ttcaacgggg ctgattagat 2640
 catcgtcaat gtcagtatca cgataaatta tcgttaggga acttt atg aaa aaa ctt 2697

Met Lys Lys Leu

1

tat tta att cgt tct tgc tat gat tca gtc aga aaa ttt tat gag aat 2745
 Tyr Leu Ile Arg Ser Cys Tyr Asp Ser Val Arg Lys Phe Tyr Glu Asn
 5 10 15 20
 gag cta ggt gtt tat aca gta atg act gca tta cta gca ttt cca tta 2793
 Glu Leu Gly Val Tyr Thr Val Met Thr Ala Leu Leu Ala Phe Pro Leu
 25 30 35
 tta gtt ttg att gga ttt acg gtt gat gga act ggg gtt gtg ctt gat 2841
 Leu Val Leu Ile Gly Phe Thr Val Asp Gly Thr Gly Val Val Leu Asp
 40 45 50
 aaa gca cgt tta gct caa gga atg gat caa gct gct tta gct ttg gtt 2889
 Lys Ala Arg Leu Ala Gln Gly Met Asp Gln Ala Ala Leu Ala Leu Val
 55 60 65
 gct gaa aac aat gac tac cga gaa aat aaa aaa cat ggt gat gtt aat 2937
 Ala Glu Asn Asn Asp Tyr Arg Glu Asn Lys Lys His Gly Asp Val Asn
 70 75 80
 cgg caa gta gta tcg cct caa gac aaa gca aaa ttt ggt ggt aat gaa 2985
 Arg Gln Val Val Ser Pro Gln Asp Lys Ala Lys Phe Gly Gly Asn Glu
 85 90 95 100
 ttt atg gcg aaa caa gaa aag cgt aat caa gag ctt atc cag ggt att 3033
 Phe Met Ala Lys Gln Glu Lys Arg Asn Gln Glu Leu Ile Gln Gly Ile
 105 110 115
 gcc aaa ctt tat tta cgt tca gaa aat gcg aat gct tca tct gat gca 3081
 Ala Lys Leu Tyr Leu Arg Ser Glu Asn Ala Asn Ala Ser Ser Asp Ala
 120 125 130
 cca atc act att gat aaa cct ttt cat tat tca tgt gag gag tta gat 3129
 Pro Ile Thr Ile Asp Lys Pro Phe His Tyr Ser Cys Glu Glu Leu Asp
 135 140 145
 tta cct aca gct aat gag tat gca cgt cgt aaa cct att gtt tgt gaa 3177
 Leu Pro Thr Ala Asn Glu Tyr Ala Arg Arg Lys Pro Ile Val Cys Glu

150	155	160	
gtg caa ggt ggc gtc aat cgt aaa ttt tgg ctt cct gtc agt gaa tcg			3225
Val Gln Gly Gly Val Asn Arg Lys Phe Trp Leu Pro Val Ser Glu Ser			
165	170	175	180
tta gtt agt gaa gat aaa ctg aaa aaa gat cga gtt aga ctg gaa tcc			3273
Leu Val Ser Glu Asp Lys Leu Lys Lys Asp Arg Val Arg Leu Glu Ser			
185	190	195	
gat acc agt tat gcg att aaa gaa aaa ggc atc gtg att cct gtg gag			3321
Asp Thr Ser Tyr Ala Ile Lys Glu Lys Gly Ile Val Ile Pro Val Glu			
200	205	210	
cta atg ctt gtt tcg gat tat tct ggt tcg atg aat agt cat tta cag			3369
Leu Met Leu Val Ser Asp Tyr Ser Gly Ser Met Asn Ser His Leu Gln			
215	220	225	
gat aaa aac ggt aga tct cta gga aaa gct aaa att act att tta aga			3417
Asp Lys Asn Gly Arg Ser Leu Gly Lys Ala Lys Ile Thr Ile Leu Arg			
230	235	240	
gaa gtg gtt agt gaa att tcg aaa att tta ttg cca gaa gat gtt agc			3465
Glu Val Val Ser Glu Ile Ser Lys Ile Leu Leu Pro Glu Asp Val Ser			
245	250	255	260
gaa ggt gtg agc cct ttc aac cgt att ggc ttt acg act ttt tct ggc			3513
Glu Gly Val Ser Pro Phe Asn Arg Ile Gly Phe Thr Thr Phe Ser Gly			
265	270	275	
ggg gtt aga caa cgg gat gtc act gaa ggc tgt gtg ctt cca tat gaa			3561
Gly Val Arg Gln Arg Asp Val Thr Glu Gly Cys Val Leu Pro Tyr Glu			
280	285	290	
gga aaa ata tca caa act tct cga aaa tta act att cgt tat tgg att			3609
Gly Lys Ile Ser Gln Thr Ser Arg Lys Leu Thr Ile Arg Tyr Trp Ile			
295	300	305	
acg ggt aat aat aca cct tgg aaa ttt aat gct ggg aga tgg gag aga			3657
Thr Gly Asn Asn Thr Pro Trp Lys Phe Asn Ala Gly Arg Trp Glu Arg			
310	315	320	
agt aca gtg tct ttc cag gag cat tat aaa ggc tat tat gac aaa ttc			3705
Ser Thr Val Ser Phe Gln Glu His Tyr Lys Gly Tyr Tyr Asp Lys Phe			
325	330	335	340
cat tct tca act tgt aga ggc tca ggg agc tct aga act tgt caa att			3753
His Ser Ser Thr Cys Arg Gly Ser Gly Ser Ser Arg Thr Cys Gln Ile			
345	350	355	
gat gca aat cct aag aaa att atg gat tat gca cta aaa att aat gac			3801
Asp Ala Asn Pro Lys Lys Ile Met Asp Tyr Ala Leu Lys Ile Asn Asp			
360	365	370	
tgg acg aca att aga gaa tta ttt aat act tat ata gat gta agt ggg			3849
Trp Thr Thr Ile Arg Glu Leu Phe Asn Thr Tyr Ile Asp Val Ser Gly			
375	380	385	
acg att gac caa att tcc cag ttt gat ggt tca aac aga cgt tat gat			3897
Thr Ile Asp Gln Ile Ser Gln Phe Asp Gly Ser Asn Arg Arg Tyr Asp			
390	395	400	
atg gtg ttt act gat gaa gaa cgg tgt ctt ggc gga aat att ggt aga			3945
Met Val Phe Thr Asp Glu Glu Arg Cys Leu Gly Gly Asn Ile Gly Arg			
405	410	415	420
aga aca act cga gct tgg ttt gat caa aaa aat aaa gat att aca aga			3993

Arg Thr Thr Arg Ala Trp Phe Asp Gln Lys Asn Lys Asp Ile Thr Arg	
425 430 435	
gag ttg aat att gtt cgt cct tct ggt tgg act tct gca tct tcg ggg	4041
Glu Leu Asn Ile Val Arg Pro Ser Gly Trp Thr Ser Ala Ser Ser Gly	
440 445 450	
ctt ctt gtt gga gct aat atc atg atg gac gag aat aag aat cct gat	4089
Leu Leu Val Gly Ala Asn Ile Met Met Asp Glu Asn Lys Asn Pro Asp	
455 460 465	
gcg caa cct tcg aaa ctc ggg aca aat att caa cgt gtt atc tta gta	4137
Ala Gln Pro Ser Lys Leu Gly Thr Asn Ile Gln Arg Val Ile Leu Val	
470 475 480	
tta tct gat ggt gaa gat aac tgg cca act ta agt aca tta acg act	4185
Leu Ser Asp Gly Glu Asp Asn Trp Pro Thr Tyr Ser Thr Leu Thr Thr	
485 490 495 500	
ctt tta aac aat ggt atg tgt gac aaa att cga gaa caa ttg ggc aag	4233
Leu Leu Asn Asn Gly Met Cys Asp Lys Ile Arg Glu Gln Leu Gly Lys	
505 510 515	
tta caa gat cca aat tta cga gag tta cca gga aga att gcg ttt gtt	4281
Leu Gln Asp Pro Asn Leu Arg Glu Leu Pro Gly Arg Ile Ala Phe Val	
520 525 530	
gcg ttt ggc tat agt cca cca gca aac caa gtt gcc gct tgg aaa aaa	4329
Ala Phe Gly Tyr Ser Pro Pro Ala Asn Gln Val Ala Ala Trp Lys Lys	
535 540 545	
tgt gta ggt gat caa tat tat acg gct tat tcg aaa gaa gag ttg tta	4377
Cys Val Gly Asp Gln Tyr Tyr Thr Ala Tyr Ser Lys Glu Glu Leu Leu	
550 555 560	
gat agt ttc aaa caa att att gga ttt gaa gaa gag gtg ggg cgt tct	4425
Asp Ser Phe Lys Gln Ile Ile Gly Phe Glu Glu Glu Val Gly Arg Ser	
565 570 575 580	
tca tct cat aaa ccg aaa ttt taagattgtc caaggataac gctaaaaaat	4476
Ser Ser His Lys Pro Lys Phe	
585	
ctcttagcac aggctaagag atttttttat gtgtttttca aattttatct actggtgatt	4536
ttaattcatt acataacata actttttcgt gaataatata gaatagacaa caataagaat	4596
taaaacgctc aaggcataga ggcttagtcg aacaaactaa gctattttgc gcgattgatt	4656
gggatataga tgttatttca aataagcaat aaccatggta ctgagaaaga agatgagtgc	4716
cgtaataaag tagaagcgat ttttcttttg gctgaaagggt ggtgttagcc tttttcggct	4776
aaagaaaata gtagcaacgg caatataaag ggcgataaag agcattttgt aaatgaacca	4836
tgttggtaca ttttgctgaa aaagaagaaa tagcccaatt cccgaacaga acaacagcgt	4896
atcacttaag tgcggtaaga tttttaatac ttttctgtct cgccaatttt tgctgtttaa	4956
ttgcatcatg ccacggataa taaatagact gaggctgaga aaggcacagg caatgtgtag	5016
ataaataaga taatatgcca tcgatttttt tcctaagata aagaaagcag tagcgaggct	5076
actgctttta aataatatcg tatttagtga atgaatttaa ctttctgcgc tttcgaccgc	5136
actttcgctc gcatcactct caatgtcttc ttcacgaca tcacaaacga gttgtaatcc	5196
aaccagtgtt tcactttcac ttgttcggat gagacgtact ccttgtgtat ttcgaccgat	5256
aatattgatt tcgtttacgc gagtacgtac tagcgtaccg gcatcagtaa tgagcataat	5316
ttgatcgctt tcctcaactt gtgttgctgc aacgacttta ccgttacgct cactcacttt	5376
aatcgagatc acgccttttg tggtacgtga tttagttggg tattccgcta attcagtacg	5436
tttaccataa ccgtttttgtg tggcgggttaa aatggcgcct tcatttttttg gaataacaag	5496
tgacacgact ttatcaatat tgagatccaa ggcacatta gtattctcat cagagatctc	5556

ttccatatcg accgcacttt catcatccga caaatcattc gttaacgcca gtttaataacc 5616
 gcgtacacct gttgctgcac gcccctatggc acgcacagca ttttcactaa agcgaactac 5676
 acgtccttgt gcggagaaga gcatgatttc attttgacca tcggtgatat ccacaccgat 5736
 aagttcgtct tcatcacgca agttgagtgc aataatgcct gttgaacgag gacgactgaa 5796
 tt 5798

<210> 59

<211> 587

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 59

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

Arg Trp Glu Arg Ser Thr Val Ser Phe Gln Glu His Tyr Lys Gly Tyr
325 330 335
Tyr Asp Lys Phe His Ser Ser Thr Cys Arg Gly Ser Gly Ser Ser Arg
340 345 350
Thr Cys Gln Ile Asp Ala Asn Pro Lys Lys Ile Met Asp Tyr Ala Leu
355 360 365
Lys Ile Asn Asp Trp Thr Thr Ile Arg Glu Leu Phe Asn Thr Tyr Ile
370 375 380
Asp Val Ser Gly Thr Ile Asp Gln Ile Ser Gln Phe Asp Gly Ser Asn
385 390 395 400
Arg Arg Tyr Asp Met Val Phe Thr Asp Glu Glu Arg Cys Leu Gly Gly
405 410 415
Asn Ile Gly Arg Arg Thr Thr Arg Ala Trp Phe Asp Gln Lys Asn Lys
420 425 430
Asp Ile Thr Arg Glu Leu Asn Ile Val Arg Pro Ser Gly Trp Thr Ser
435 440 445
Ala Ser Ser Gly Leu Leu Val Gly Ala Asn Ile Met Met Asp Glu Asn
450 455 460
Lys Asn Pro Asp Ala Gln Pro Ser Lys Leu Gly Thr Asn Ile Gln Arg
465 470 475 480
Val Ile Leu Val Leu Ser Asp Gly Glu Asp Asn Trp Pro Thr Tyr Ser
485 490 495
Thr Leu Thr Thr Leu Leu Asn Asn Gly Met Cys Asp Lys Ile Arg Glu
500 505 510
Gln Leu Gly Lys Leu Gln Asp Pro Asn Leu Arg Glu Leu Pro Gly Arg
515 520 525
Ile Ala Phe Val Ala Phe Gly Tyr Ser Pro Pro Ala Asn Gln Val Ala
530 535 540
Ala Trp Lys Lys Cys Val Gly Asp Gln Tyr Tyr Thr Ala Tyr Ser Lys
545 550 555 560
Glu Glu Leu Leu Asp Ser Phe Lys Gln Ile Ile Gly Phe Glu Glu Glu
565 570 575
Val Gly Arg Ser Ser Ser His Lys Pro Lys Phe
580 585

<210> 60

<211> 5798

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (698)..(1468)

<220>

<223> unknown D2

<400> 60

gtcgacaaga ataaaacgaa acagcaaata gaattagaat tactacttat taacaataat 60
ccttttttaa agattctagc tgttttagat aaaaatatac gtgtgaagct tttggtcaca 120
ttattattat caggcctata ttatttatat gcagtaaaaa acgattcaaa ttttgtcata 180
ggtttatcta ttattttagt ttttattatt gtcattccag ggattttgac aaatgctatt 240
ttgaaagcta aggtgaaaaa aatcatggta gatttaccag gttttattga cttagttgca 300
gtaaatgttc aaacagggat tagtattgat gcggctttta aacaagtggc aatcgatttt 360

```

aagaaactta atccagatct tacttatgtg atgttaagga ttattagaaa atctgaactt 420
acgggattat cacaagcggt acaggatctt tcgatctcat tgccaacaac agaaataaga 480
atgttttgta ctgttttaca acagagttta aatttttggtt cttcaattta ttctcactta 540
attcagttgt ctgcagatat caggagagata caattattaa tcattgagga aaagtttaggt 600
acattatcag ctaaaatgag tatcccattg attttgttta ttatgttccc aataatcatt 660
ttaattctag caccaggtat aatgagggtta tttccaa atg ttt ttt aaa ttt acc 715
                                Met Phe Phe Lys Phe Thr
                                1             5
aag aaa atc gtt ttt gtt agt tta gct tta tct gtc gtt ggt tgt tct 763
Lys Lys Ile Val Phe Val Ser Leu Ala Leu Ser Val Val Gly Cys Ser
                                10             15             20
acc cat tct cag caa ggc atg aca cag aaa agt atg tca tct gaa aca 811
Thr His Ser Gln Gln Gly Met Thr Gln Lys Ser Met Ser Ser Glu Thr
                                25             30             35
ata acg gca aaa gag act tta tat gaa agt acg caa aat tat tcg gca 859
Ile Thr Ala Lys Glu Thr Leu Tyr Glu Ser Thr Gln Asn Tyr Ser Ala
                                40             45             50
ctc att tca ctg tat cgc gat gtg ttg aaa gcc aaa gaa gat cct tca 907
Leu Ile Ser Leu Tyr Arg Asp Val Leu Lys Ala Lys Glu Asp Pro Ser
                                55             60             65             70
ata cgc tat aaa tta gcg aag aca tac tat cag cga ggt gac agc aaa 955
Ile Arg Tyr Lys Leu Ala Lys Thr Tyr Tyr Gln Arg Gly Asp Ser Lys
                                75             80             85
tct tct tta ctt tat tta acg cca tta ctg aat gat aat acg aag ctt 1003
Ser Ser Leu Leu Tyr Leu Thr Pro Leu Leu Asn Asp Asn Thr Lys Leu
                                90             95             100
gct aca caa gcg aaa ata tta cag ata aaa aat cta att caa tta aat 1051
Ala Thr Gln Ala Lys Ile Leu Gln Ile Lys Asn Leu Ile Gln Leu Asn
                                105             110             115
aat ttc caa gaa gca att tct gtc gca aat gaa ctc tta tta aaa tca 1099
Asn Phe Gln Glu Ala Ile Ser Val Ala Asn Glu Leu Leu Leu Lys Ser
                                120             125             130
cct aat gaa gga gaa gta tat aat tta aga ggt atc gct tat gcg caa 1147
Pro Asn Glu Gly Glu Val Tyr Asn Leu Arg Gly Ile Ala Tyr Ala Gln
                                135             140             145             150
aat ggg aat ttg gtg aat gcc cga aat gat atc aat aaa gca aga gag 1195
Asn Gly Asn Leu Val Asn Ala Arg Asn Asp Ile Asn Lys Ala Arg Glu
                                155             160             165
ttc ttt att aat gat aat gtt gct att aat aat tta gcc atg cta aat 1243
Phe Phe Ile Asn Asp Asn Val Ala Ile Asn Asn Leu Ala Met Leu Asn
                                170             175             180
att att aat ggc gat ttt aat aat gct gtt tct tta ctg ttg cca caa 1291
Ile Ile Asn Gly Asp Phe Asn Asn Ala Val Ser Leu Leu Leu Pro Gln
                                185             190             195
tat tta aat ggc gtt aag aat tct cga ttg att cat aat ctt gtt ttt 1339
Tyr Leu Asn Gly Val Lys Asn Ser Arg Leu Ile His Asn Leu Val Phe
                                200             205             210
gct tta gtt aaa aat ggt gat ctt gat tat gca aaa gat atc att gtt 1387
Ala Leu Val Lys Asn Gly Asp Leu Asp Tyr Ala Lys Asp Ile Ile Val
                                215             220             225             230

```

aaa gag cgt tta aat act tca cca gat gat tta att aat gca ttg aaa	1435
Lys Glu Arg Leu Asn Thr Ser Pro Asp Asp Leu Ile Asn Ala Leu Lys	
235 240 245	
aaa act aca cat gta tca aaa ggt gta act cgg taacactaag gatttgatat	1488
Lys Thr Thr His Val Ser Lys Gly Val Thr Arg	
250 255	
gaaaaagttt ctatcaaata taaaaggaac ctcgtcaatt gaatttgctt tgacgatagc	1548
gttctattta tttgttgtga tgtttatitt tgaattttgt cgattagcgg ttgcgacagc	1608
ttattgggat ttagctataa cggaaagtgt cagaattgcg aagaatgaac aagcaatttc	1668
tggaaattat gaagaagcat ttaggaaagc tcttacaag caaaaaaat tccatgatga	1728
atcgacaatt ggatatttgg cgttggttaga agataataaa tttgatgtaa aagtccaata	1788
tgtggattgt gataaagaaa cggaatgtat taaaaatctt ctgcttaata aatttcgcca	1848
accacaaaaa aatcataaag gagagttaat ctctcctacg gggagtcgcg cgacttttagc	1908
acaatattct ttaacttata aatataagtt tatggtgccg ttagtattta ttcctgagtc	1968
ttggtctcaa gtagtgctga accgtgaatt tgttggtgta caggaatttg agcgttctca	2028
atttatgtta ggagcaaac caagttctct tgggacgaat ccatagaaaa ttactcatt	2088
atttcgagct atatatgaaa gagtcagggt tagttaaatt caagcatttt tggaaaaata	2148
aaaagggcgc agtgacgata gagttccttt ttatgtcaat gtttctgatt gtgctatttg	2208
catttctctt cgatttagta atgttacgtt ctacattagg caagttagat aatgcctcat	2268
atacattagt tagtattctc cgtgaacgta cacagttgta cgatagagtt gcacaaatta	2328
atattgatga tcataagcaa tttgaaaagc ttgctaagaa actgatttat ggtgatcaga	2388
atagtaataa aaggatcgat gttgttttag aatattgggc acaagacggg tctggacgga	2448
ggattccaaa tatcattggc gattgtacgc cttacaaaaa actttctgat ttatcctatt	2508
tatctcctcg ctcagaactc aataatgaaa gaaaaatacc gctttatcaa attactcttt	2568
gtgttgaaac tcagggcttg tttgaaacaa tattactgga taagtctgag cgttcaacgg	2628
ggctgattag atcatcgtca atgtcagtat cacgataaat tatcgttagg gaactttatg	2688
aaaaaacttt atttaattcg ttcttgctat gattcagtc gaaaatttta tgagaatgag	2748
ctaggtgttt atacagtaat gactgcatta ctagcatttc cattattagt ttgattgga	2808
tttacggttg atggaactgg ggttggtgctt gataaagcac gtttagctca aggaatggat	2868
caagctgctt tagctttggg tgctgaaaac aatgactacc gagaaaataa aaaacatggg	2928
gatgttaatc ggcaagtagt atcgcctcaa gacaaagcaa aatttggtgg taatgaattt	2988
atggcgaaac aagaaaagcg taatcaagag cttatccagg gtattgccaa actttattta	3048
cgttcagaaa atgcgaatgc ttcatctgat gcaccaatca ctattgataa accttttcat	3108
tattcatgtg aggagttaga ttacctaca gctaattgag atgcacgtcg taaacctatt	3168
gtttgtgaag tgcaaggtgg cgtcaatcgt aaattttggc ttcctgtcag tgaatcgta	3228
gtagtgaaag ataaactgaa aaaagatcga gtagactgg aatccgatac cagttatgag	3288
attaaagaaa aaggcatcgt gattcctgtg gagctaattg ttgtttcgga ttattctggt	3348
tcgatgaata gtcatttaca ggataaaaac ggtagatctc taggaaaagc taaaattact	3408
attttaagag aagtggtagg tgaaatttcg aaaattttat tgccagaaga tgtagcgaa	3468
ggtgtgagcc ctttcaaccg tattggcttt acgacttttt ctggcggtgt tagacaacgg	3528
gatgtcactg aaggctgtgt gcttccatat gaaggaaaaa tatcacaac ttctcgaaaa	3588
ttaactattc gttattggat tacgggtaat aatacacctt ggaaatttaa tgctgggaga	3648
tgggagagaa gtacagtgtc tttccaggag cattataaag gctattatga caaattccat	3708
tcttcaactt gtagaggctc agggagctct agaacttgct aaattgatgc aaatcctaag	3768
aaaattatgg attatgcact aaaaattaat gactggacga caattagaga attattta	3828
acttatatag atgtaagtgg gacgattgac caaatttccc agtttgatgg ttcaaacaga	3888
cgttatgata tgggtgtttac tgatgaagaa cgggtgtcttg gcggaaatat tggtagaaga	3948
acaactcgag cttgggtttga tcaaaaaaat aaagatatta caagagagtt gaatattgtt	4008
cgtccttctg gttggacttc tgcattctcg gggcttcttg ttggagctaa tatcatgatg	4068
gacgagaata agaatcctga tgcgcaacct tcgaaactcg ggacaaatat tcaacgtgtt	4128

```

atcttagtat tatctgatgg tgaagataac tggccaactt atagtacatt aacgactctt 4188
ttaaacaatg gtatgtgtga caaaattcga gaacaattgg gcaagttaca agatccaaat 4248
ttacgagagt taccaggaag aattgcgttt gttgcgtttg gctatagtcc accagcaaac 4308
caagttgccg cttggaaaaa atgtgtaggt gatcaatatt atacggctta ttcgaaagaa 4368
gagttgttag atagtttcaa acaaattatt ggatttgaag aagaggtggg gcgttcttca 4428
tctcataaac cgaaatttta agattgtcca aggataacgc taaaaaatct cttagcacag 4488
gctaagagat ttttttatgt gtttttcaaa ttttatctac tgggtgatttt aattcattac 4548
ataacataac tttttcgtga ataatacaga atagacaaca ataagaatta aaacgctcaa 4608
ggcatagagg cttagtcgaa caaactaagc tattttgcgc gattgattgg gatatagatg 4668
ttatttcaaa taagcaataa ccatgggtact gagaaagaag atgagtgccg taataaagta 4728
gaagcgattt ttcttttggc tgaaaggtgg tgttagcctt tttcggctaa agaaaatagt 4788
agcaacggca atataaaggg cgataaagag cattttgtaa atgaaccatg ttgttacatt 4848
ttgctgaaaa agaagaaata gcccaattcc cgaacagaac aacagcgat cacttaagtg 4908
cggtaagatt ttttaactt ttctgtctcg ccaatttttg cctgttaatt gcatcatgcc 4968
acggataata aatagactga ggctgagaaa ggcacaggca atgtgtagat aaataagata 5028
atatgccatc gatttttttc ctaagataaa gaaagcagta gcgaggctac tgctttaaaa 5088
taatatcgta ttagtgtaat gaatttaact ttctgcgctt tcgaccgcac tttcgctcgc 5148
atcactctca atgtcttctt catcgacatc acaaacgagt tgtaatccaa ccagtgtttc 5208
actttcactt gttcggatga gacgtactcc ttgtgtattt cgaccgataa tattgatttc 5268
gtttacgcga gtacgtacta gcgtaccggc atcagtaatg agcataattt gatcgctttc 5328
ctcaacttgt gttgctgcaa cgactttacc gttacgctca ctcactttta tcgagatcac 5388
gcctttggtg ttacgtgatt tagttgggta ttccgcta at tcagtacgtt taccataacc 5448
gttttgtgtg gcggttaaaa tggcgccttc attttttggg ataacaagtg acacgacttt 5508
atcaatattg agatccaagg catcattagt attctcatca gagatctctt ccataatcgac 5568
cgcaactttca tcatccgaca aatcattcgt taacgccagt ttaataccgc gtacacctgt 5628
tgctgcacgc cccatggcac gcacagcatt ttcactaaag cgaactacac gtccttgtgc 5688
ggagaagagc atgatttcat ttgaccatc ggtgatatcc acaccgataa gttcgtcttc 5748
atcacgcaag ttgagtgcaa taatgcctgt tgaacgagga cgactgaatt 5798

```

<210> 61

<211> 257

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 61

```

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

```

130	135	140
Gly Ile Ala Tyr Ala Gln Asn Gly Asn Leu Val Asn Ala Arg Asn Asp		
145	150	155
Ile Asn Lys Ala Arg Glu Phe Phe Ile Asn Asp Asn Val Ala Ile Asn		
165	170	175
Asn Leu Ala Met Leu Asn Ile Ile Asn Gly Asp Phe Asn Asn Ala Val		
180	185	190
Ser Leu Leu Leu Pro Gln Tyr Leu Asn Gly Val Lys Asn Ser Arg Leu		
195	200	205
Ile His Asn Leu Val Phe Ala Leu Val Lys Asn Gly Asp Leu Asp Tyr		
210	215	220
Ala Lys Asp Ile Ile Val Lys Glu Arg Leu Asn Thr Ser Pro Asp Asp		
225	230	235
Leu Ile Asn Ala Leu Lys Lys Thr Thr His Val Ser Lys Gly Val Thr		
245	250	255

Arg

<210> 62

<211> 1788

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(600)

<220>

<223> unknown K

<400> 62

gtc aac act ggg cta att cac agt aa ggt aat gcc aag ctc act ttt	48
Val Asn Thr Gly Leu Ile His Ser Asn Gly Asn Ala Lys Leu Thr Phe	
1 5 10 15	
aaa gat gac acc agt ttt gtg act gaa gga aat aac ttt atc aca gca	96
Lys Asp Asp Thr Ser Phe Val Thr Glu Gly Asn Asn Phe Ile Thr Ala	
20 25 30	
aaa gac aac tta gaa atc acg gca aaa aat gtt caa att gat caa gcg	144
Lys Asp Asn Leu Glu Ile Thr Ala Lys Asn Val Gln Ile Asp Gln Ala	
35 40 45	
aaa aat att caa tta aac gcg aat atc acg atc aat acc aag tct ggt	192
Lys Asn Ile Gln Leu Asn Ala Asn Ile Thr Ile Asn Thr Lys Ser Gly	
50 55 60	
ttt gtg aat tac ggt acc tta gca agt gct caa aat tta acg att aat	240
Phe Val Asn Tyr Gly Thr Leu Ala Ser Ala Gln Asn Leu Thr Ile Asn	
65 70 75 80	
acc gaa caa ggc agc att tat aac ata ggc ggt atc ttg ggg gcg ggt	288
Thr Glu Gln Gly Ser Ile Tyr Asn Ile Gly Gly Ile Leu Gly Ala Gly	
85 90 95	
aaa agt ttg aat ctg agc gcg aaa aga gga gaa aac caa gga gga tat	336
Lys Ser Leu Asn Leu Ser Ala Lys Arg Gly Glu Asn Gln Gly Gly Tyr	
100 105 110	
ctt att aat caa ggt aag agt cta ctc cat tct gaa ggc gcc atg aac	384
Leu Ile Asn Gln Gly Lys Ser Leu Leu His Ser Glu Gly Ala Met Asn	
115 120 125	

```

ctc aca gcg gat cgc acg gtg tac aat tta ggg aat att ttt gct aaa 432
Leu Thr Ala Asp Arg Thr Val Tyr Asn Leu Gly Asn Ile Phe Ala Lys
    130                135                140
ggg gac gcg acg atc aat gca aac gcg tta att aat gat gtt act ctc 480
Gly Asp Ala Thr Ile Asn Ala Asn Ala Leu Ile Asn Asp Val Thr Leu
145                150                155                160
aca ggt cgt ctt gag tat caa gat ctg aaa aaa gat tat acg cgt tat 528
Thr Gly Arg Leu Glu Tyr Gln Asp Leu Lys Lys Asp Tyr Thr Arg Tyr
    165                170                175
tat cgt atc aat gaa acg gca aaa cat ggt tgg cat aat aac ttc tat 576
Tyr Arg Ile Asn Glu Thr Ala Lys His Gly Trp His Asn Asn Phe Tyr
    180                185                190
gaa tta aac gtc gac aga gtt tct tgatttgtgc atcaattttg taaccaccgg 630
Glu Leu Asn Val Asp Arg Val Ser
    195                200
ttaataaaac accagcaatt tcaacgccat tcatggcaga taatgccgct gcgacgatca 690
catcaggacg atccgcggaa gtgacaagta aacttccaac gcggaaatgt tccaccatat 750
tggtcaaatt acgtgcacag aaagtgatgc cacgaatgcg acgttcattg atcgcgcctt 810
catgaataat ggcagcacct aaatgttttg ctaaataaat ggcacgagtc gcaattaatt 870
ctgcgctcca aggaatacat gccaagattt taattgggct tttctcaaat aaatgataaa 930
tctcagatac ttgattttgt gtgtgttggg aagaatcaaa aatttctgcc aagtcagggc 990
gagtacgacc agattcatca atcggcgcgt taaattttatt gatcacaaca ccaagtaaat 1050
tagggttatt tttgctgcc aataatgagg ctgcggcttt gatgcgttct ttgagttctg 1110
ccggtgtttc cgtcgccggt gctgcaacaa gaatgatttc cgcacatcaagt gcttgagcaa 1170
tttcatagtt aatgctattg gcataagaat gcttacgcgt agggattaaa cttccacca 1230
cgacaatttc attgtttttg gcgagttgtt gatgatatttc aacaattttt tctagtacca 1290
catcagattg attttgaccg atgagtgatt cagctacact taacataaat ggttcactgg 1350
tttcaatggg ggtactgggt cgaataattg atgttgtgcg atcaatcata tcttcacctg 1410
agttcggctg agaaattggg ttcataaagc cgacttttcgc ccctttttgc tccagtgcac 1470
gtgttaaacc taagctgaca ctgggttaagc ctacaccagc actaatcggg ataaggataa 1530
ttgtacgtga cataataaac cctaatttgt tgataattta tacaaaaaga aactgccgat 1590
gaatcggcag ttaattgatc tttagcgcgt gcaaaggcgc gcggtatctt gtgcaataac 1650
aagttcttca ttcggttggg tcaccatggc aacaggcgta ttgtctgctg taatcacccc 1710
ttcatgacca aagcgagccg ctttgttttt atctgaatcc acttgataac cgaacagttt 1770
taaattggtt aaggttga
1788
<210> 63
<211> 200
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida
<400> 63
Val Asn Thr Gly Leu Ile His Ser Asn Gly Asn Ala Lys Leu Thr Phe
    1                5                10                15
Lys Asp Asp Thr Ser Phe Val Thr Glu Gly Asn Asn Phe Ile Thr Ala
    20                25                30
Lys Asp Asn Leu Glu Ile Thr Ala Lys Asn Val Gln Ile Asp Gln Ala
    35                40                45
Lys Asn Ile Gln Leu Asn Ala Asn Ile Thr Ile Asn Thr Lys Ser Gly
    50                55                60
Phe Val Asn Tyr Gly Thr Leu Ala Ser Ala Gln Asn Leu Thr Ile Asn
    65                70                75                80

```

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

<210> 64

<211> 278

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (108)..(278)

<220>

<223> unknown 0

<400> 64

gaattccaac caaatctcac accagagcaa gaacgctaca tagtggaatg gttggcagaa 60
cattacccaa atggaaataa accttaacca tagcaagaga gaagaaa atg aaa att 116
Met Lys Ile

1

act att aca cga aat cat cca gaa gta ttt caa gaa tcc gct cgt tta 164
Thr Ile Thr Arg Asn His Pro Glu Val Phe Gln Glu Ser Ala Arg Leu

5

10

15

gta gcc gaa aag ttc att aaa gcc caa tgt gta gaa gca tta aca ttg 212
Val Ala Glu Lys Phe Ile Lys Ala Gln Cys Val Glu Ala Leu Thr Leu

20

25

30

35

gct ttg att gag ggt gtc gag cac ttt gtg ctg gaa ggt gag gag gaa 260
Ala Leu Ile Glu Gly Val Glu His Phe Val Leu Glu Gly Glu Glu Glu

40

45

50

agc aaa agg gga cat agt 278
Ser Lys Arg Gly His Ser

55

<210> 65

<211> 57

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 65

Met Lys Ile Thr Ile Thr Arg Asn His Pro Glu Val Phe Gln Glu Ser
1 5 10 15

Ala Arg Leu Val Ala Glu Lys Phe Ile Lys Ala Gln Cys Val Glu Ala

20 25 30
 Leu Thr Leu Ala Leu Ile Glu Gly Val Glu His Phe Val Leu Glu Gly
 35 40 45
 Glu Glu Glu Ser Lys Arg Gly His Ser
 50 55
 <210> 66
 <211> 1020
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(597)
 <220>
 <223> unknown P
 <400> 66
 gtc aac aca tca aaa gtt gag att gac tat gcc gtc act cgt gcg gcg 48
 Val Asn Thr Ser Lys Val Glu Ile Asp Tyr Ala Val Thr Arg Ala Ala
 1 5 10 15
 gca atg cgt gca tat ctt gat aaa gaa cag gcc tgg cat acg tct att 96
 Ala Met Arg Ala Tyr Leu Asp Lys Glu Gln Gly Trp His Thr Ser Ile
 20 25 30
 tca aat aaa ggc att aat ggc gtg agc ggt gtc aca caa cca ctc tat 144
 Ser Asn Lys Gly Ile Asn Gly Val Ser Gly Val Thr Gln Pro Leu Tyr
 35 40 45
 ttt gac att aac gac agc tcg act gat gtg aac tat ctc aat gaa caa 192
 Phe Asp Ile Asn Asp Ser Ser Thr Asp Val Asn Tyr Leu Asn Glu Gln
 50 55 60
 ggc atc acg tgt tgc gtg aat cat aat ggc ttt cgt ttt tgg ggc tta 240
 Gly Ile Thr Cys Cys Val Asn His Asn Gly Phe Arg Phe Trp Gly Leu
 65 70 75 80
 cgc acg act gca gaa gat cca tta ttc aag ttt gaa gtg tac acc cgc 288
 Arg Thr Thr Ala Glu Asp Pro Leu Phe Lys Phe Glu Val Tyr Thr Arg
 85 90 95
 act gca caa atc tta aaa gat acg att gca ggg gcg ttt gat tgg gca 336
 Thr Ala Gln Ile Leu Lys Asp Thr Ile Ala Gly Ala Phe Asp Trp Ala
 100 105 110
 gtg gat aaa gat att tct gtc acg cta gtg aaa gat att att gaa gca 384
 Val Asp Lys Asp Ile Ser Val Thr Leu Val Lys Asp Ile Ile Glu Ala
 115 120 125
 atc aat gcg aag tgg cgt gat tac acc aca aaa ggc tac tta att ggc 432
 Ile Asn Ala Lys Trp Arg Asp Tyr Thr Thr Lys Gly Tyr Leu Ile Gly
 130 135 140
 ggt aaa gcg tgg ctt aat aaa gag ctt aac agt gca acg aat tta aaa 480
 Gly Lys Ala Trp Leu Asn Lys Glu Leu Asn Ser Ala Thr Asn Leu Lys
 145 150 155 160
 gat gcg aag ttg ttg atc tct tat gat tat cac cca gta cca ccg ctc 528
 Asp Ala Lys Leu Leu Ile Ser Tyr Asp Tyr His Pro Val Pro Pro Leu
 165 170 175
 gaa cag cta ggc ttt aat cag tac att tct gat gaa tac ctt gtt gat 576
 Glu Gln Leu Gly Phe Asn Gln Tyr Ile Ser Asp Glu Tyr Leu Val Asp

```

180          185          190
ttt tca aat cgt tta gca tcg taaggggtag aaaatggctt taccacgcaa 627
Phe Ser Asn Arg Leu Ala Ser
195
acttaaattg atgaatttaa tcatcgacgg taacaaatat ctcggcgaag tcacggaagt 687
gactcaacca aaattagcaa tgaaaatcga agaatttcgc gcgggcggta tgattgggtc 747
ggtggatgtc aatctcgggc ttgaaaagct cgaagcggaa tttaaagccg gtggctacat 807
ggtcgaatta attaaaaaat tcggcgggtc aatcaacggc attccattgc gttttcttgg 867
ctcatatcag cgtgatgaca cagaagaagt cacatctgtt gagcttgtga tgcaagggtcg 927
atttactgaa attgacagcg gaaacagcaa agtgggcatgac gacactgaac aaacattcaa 987
agtgccttta acgtattaca aaatcattgt tga 1020
<210> 67
<211> 199
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida
<400> 67
Val Asn Thr Ser Lys Val Glu Ile Asp Tyr Ala Val Thr Arg Ala Ala
1 5 10 15
Ala Met Arg Ala Tyr Leu Asp Lys Glu Gln Gly Trp His Thr Ser Ile
20 25 30
Ser Asn Lys Gly Ile Asn Gly Val Ser Gly Val Thr Gln Pro Leu Tyr
35 40 45
Phe Asp Ile Asn Asp Ser Ser Thr Asp Val Asn Tyr Leu Asn Glu Gln
50 55 60
Gly Ile Thr Cys Cys Val Asn His Asn Gly Phe Arg Phe Trp Gly Leu
65 70 75 80
Arg Thr Thr Ala Glu Asp Pro Leu Phe Lys Phe Glu Val Tyr Thr Arg
85 90 95
Thr Ala Gln Ile Leu Lys Asp Thr Ile Ala Gly Ala Phe Asp Trp Ala
100 105 110
Val Asp Lys Asp Ile Ser Val Thr Leu Val Lys Asp Ile Ile Glu Ala
115 120 125
Ile Asn Ala Lys Trp Arg Asp Tyr Thr Thr Lys Gly Tyr Leu Ile Gly
130 135 140
Gly Lys Ala Trp Leu Asn Lys Glu Leu Asn Ser Ala Thr Asn Leu Lys
145 150 155 160
Asp Ala Lys Leu Leu Ile Ser Tyr Asp Tyr His Pro Val Pro Pro Leu
165 170 175
Glu Gln Leu Gly Phe Asn Gln Tyr Ile Ser Asp Glu Tyr Leu Val Asp
180 185 190
Phe Ser Asn Arg Leu Ala Ser
195
<210> 68
<211> 2584
<212> DNA
<213> Pasteurella multocida
<220>
<221> CDS
<222> (1042)..(2286)
<220>

```

<223> xylA

<400> 68

```

gtcgaccagc ttagattttg cgacgggggtt aatttcttct atcgtttcaa tcattgcggtt 60
taccattatt ttatggaatc tctctggacc gatgaccatt gccaatattg aaattcctca 120
cgcgatggtc tttttggctt ttattttacgt gctgttttagc agtattgttg cattttaaata 180
cggtcgcccc ttaattcagc tcaattttgc caatgaacgc ttaaacgcc actaccgtta 240
ttcacttatc cgtctgaaag aatatgctga aagcattgct ttttatcgtg gtgaaaaaat 300
ggaaaaacgt ctattgacca cacaatttaa tcaggtgatt gataacgttt ggcaagtaat 360
ctaccgcacc ttgaaattat ccggttttaa cttaatcatt acgcagattt cgggtggttt 420
tccgctggtg attcaagtga cacgttattt tcgtcgacaa taggtgcata tgagggtggt 480
agaatagcga tactttctgt tggaaaagta aactctttaa tataaataga aatcgcttga 540
atgattctcg ggcaaaaaat aatgtactca tttgcgatct catactgata atggcgaagt 600
aaatatcttc ttacaatatt atggtaatta tcaggtaata ccgtatagcc atagattcca 660
gttctatttt gttttgctaa ataattgatg agcatttgag ggcgaggtaa atccatatct 720
gcaacagaca ttgaaatcat atccttgccg tattttacgag taattgccc tttagcacta 780
tgacaatctg atctatcagt aaaaacatca acaaattat ccgtcataca tgttctccaa 840
tattggattt atataaactt tagaacttga ggtagattgt tggaattggt aaatctggta 900
tttctattac gttttttctt ttttgtgata taagccacaa taaccaataa tcttaattgt 960
taagtgaat aacgtaattg atcctcccat tgttttacta aattatgtct ctgaaactta 1020
tttgttcagg agaaatcatt t atg tcc act tac ttc gac aaa att gaa aaa 1071
                Met Ser Thr Tyr Phe Asp Lys Ile Glu Lys
                    1             5             10
gta aat tat gaa ggt gta act tca tct aat ccg ttt gca tat aag cat 1119
Val Asn Tyr Glu Gly Val Thr Ser Ser Asn Pro Phe Ala Tyr Lys His
                15             20             25
tat gat gct aat caa gtt att tta ggt aag acg atg gct gaa cac tta 1167
Tyr Asp Ala Asn Gln Val Ile Leu Gly Lys Thr Met Ala Glu His Leu
                30             35             40
cgt tta gcc gtc tgt tat tgg cac act ttc tgt tgg aca ggg aat gat 1215
Arg Leu Ala Val Cys Tyr Trp His Thr Phe Cys Trp Thr Gly Asn Asp
                45             50             55
atg ttc ggt gtc ggt tct ttc gat cgt tgt tgg cag aag gcg agt gat 1263
Met Phe Gly Val Gly Ser Phe Asp Arg Cys Trp Gln Lys Ala Ser Asp
                60             65             70
tca tta gca ggt gca aaa caa aaa gca gat atc gct ttt gaa ttt ttc 1311
Ser Leu Ala Gly Ala Lys Gln Lys Ala Asp Ile Ala Phe Glu Phe Phe
                75             80             85             90
agt aaa tta ggc ata cct tat tat tgt ttt cat gat gtt gat gtt gcg 1359
Ser Lys Leu Gly Ile Pro Tyr Tyr Cys Phe His Asp Val Asp Val Ala
                95             100             105
cca gaa ggt cat tca ttt aaa gaa tat ttg tcg aac ttt aat aca atg 1407
Pro Glu Gly His Ser Phe Lys Glu Tyr Leu Ser Asn Phe Asn Thr Met
                110             115             120
atc gat gtt tta gcg cag aaa caa gaa gaa aca ggc gtc aaa ttg ttg 1455
Ile Asp Val Leu Ala Gln Lys Gln Glu Glu Thr Gly Val Lys Leu Leu
                125             130             135
tgg ggg act gca aat tgt ttt aca cac cct cgt tat atg tct ggt gct 1503
Trp Gly Thr Ala Asn Cys Phe Thr His Pro Arg Tyr Met Ser Gly Ala
                140             145             150
gca aca aat ccg aat cca gaa att ttt gct tgg gct gct gca caa gta 1551

```

Ala Thr Asn Pro Asn Pro Glu Ile Phe Ala Trp Ala Ala Ala Gln Val	
155 160 165 170	
ttt act gcc atg ggg gca act cag cgt tta ggt ggt gaa aat tat gtt	1599
Phe Thr Ala Met Gly Ala Thr Gln Arg Leu Gly Gly Glu Asn Tyr Val	
175 180 185	
ttg tgg gga gga cgt gaa gga tat gaa acg tta tta aat acc aat tta	1647
Leu Trp Gly Gly Arg Glu Gly Tyr Glu Thr Leu Leu Asn Thr Asn Leu	
190 195 200	
aaa cag gag cga gag caa att gga cgt ttc atg caa atg gtg gtt gag	1695
Lys Gln Glu Arg Glu Gln Ile Gly Arg Phe Met Gln Met Val Val Glu	
205 210 215	
cat aaa tat aaa atc ggt ttt aac ggg act ttg ctg att gaa cca aag	1743
His Lys Tyr Lys Ile Gly Phe Asn Gly Thr Leu Leu Ile Glu Pro Lys	
220 225 230	
cca caa gag cca acg aaa cat caa tat gac tat gat gtg gcg acc gtt	1791
Pro Gln Glu Pro Thr Lys His Gln Tyr Asp Tyr Asp Val Ala Thr Val	
235 240 245 250	
tat ggc ttt tta aag cag ttt ggt tta gaa aaa gaa att aaa gtg aat	1839
Tyr Gly Phe Leu Lys Gln Phe Gly Leu Glu Lys Glu Ile Lys Val Asn	
255 260 265	
att gaa gct aat cac gca aca tta gct gga cac act ttc cag cat gaa	1887
Ile Glu Ala Asn His Ala Thr Leu Ala Gly His Thr Phe Gln His Glu	
270 275 280	
gtc gcc atg gct aca gcg tta gat att ttt ggt tct att gat gca aat	1935
Val Ala Met Ala Thr Ala Leu Asp Ile Phe Gly Ser Ile Asp Ala Asn	
285 290 295	
cgt ggt gat cca caa tta ggt tgg gat acc gat caa ttc cct aat agc	1983
Arg Gly Asp Pro Gln Leu Gly Trp Asp Thr Asp Gln Phe Pro Asn Ser	
300 305 310	
gta gaa gaa aat act ttg gtc ata tat gaa att ctc aaa gca ggg ggc	2031
Val Glu Glu Asn Thr Leu Val Ile Tyr Glu Ile Leu Lys Ala Gly Gly	
315 320 325 330	
ttt aca acc ggt ggt ttt aat ttt gat gct aaa atc cgt cgg cag agt	2079
Phe Thr Thr Gly Gly Phe Asn Phe Asp Ala Lys Ile Arg Arg Gln Ser	
335 340 345	
acg gat cct tac gat tta ttt cat gga cat att ggc gcg att gat gta	2127
Thr Asp Pro Tyr Asp Leu Phe His Gly His Ile Gly Ala Ile Asp Val	
350 355 360	
ctt gcc tta tca cta aaa tgt gcg gcg aaa atg ctt gaa gag caa gct	2175
Leu Ala Leu Ser Leu Lys Cys Ala Ala Lys Met Leu Glu Glu Gln Ala	
365 370 375	
tta caa aaa gtc gtc aat caa cgt tat gct ggt tgg aca tca tca ctt	2223
Leu Gln Lys Val Val Asn Gln Arg Tyr Ala Gly Trp Thr Ser Ser Leu	
380 385 390	
ggt caa ctt gtt caa atc cgg tcc tac cac gcg tgt ctg caa tac aga	2271
Gly Gln Leu Val Gln Ile Arg Ser Tyr His Ala Cys Leu Gln Tyr Arg	
395 400 405 410	
cta aca aaa gtg ctt taaaacgttc cggcttacgc cagacatcta gacgattgaa	2326
Leu Thr Lys Val Leu	
415	

taatttcaat attgtctccg cacgtaattc aaaggctttg tgtatgtgcg aatgatattc 2386
acaacaaagt tctgcaaaat cttgaattgc gtgaggtaat ttaaagcgct gacataagcg 2446
tcttgtcggc atgacaccag ctttttcatg tccataatga tgtggcaata tttcttttgg 2506
tgtaaggct tttcctaaat catgacaaat tgcagcaaaa cgtaccgcac ttttgtcact 2566
gtccgtgttt tctgtcga 2584

<210> 69

<211> 415

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 69

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

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

<210> 70

<211> 3501

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (298)..(1905)

<220>

<223> yabk

<400> 70

gaattcgagg aagggggcgt attacaaatt gaaacggctg cacgtgtagc acaacatgat 60
 aatgcctgtg cggatcattt ccttgccttt ttacttcac cagaagcaca agggcattta 120
 gtcaagaata atgtgatgtt accggtgatt aataccaata ttgaaccgca ctttgatgcc 180
 cttagagcca cccaaatgaa cacgaaagtg ctcgatacct caaaagtgaa tgccgaacaa 240
 gtcaaaaaat ggattgctgt ttggcaaacg accctaacc aataattgtt tgtcttg 297
 atg ttt aag cga ttt cgt gca ttc aca tac cgt ccc gcc agt tat ctt 345
 Met Phe Lys Arg Phe Arg Ala Phe Thr Tyr Arg Pro Ala Ser Tyr Leu
 1 5 10 15
 ggc ggg atg ttg gtg att gtt ttt ctg agc gct ttt tat gcg ttc gcc 393
 Gly Gly Met Leu Val Ile Val Phe Leu Ser Ala Phe Tyr Ala Phe Ala
 20 25 30
 tta ggg gcg gtt ttt tcg ctc cct ttt gcg cgc agt tgg aca gcg ttg 441
 Leu Gly Ala Val Phe Ser Leu Pro Phe Ala Arg Ser Trp Thr Ala Leu
 35 40 45
 ttg agt gat cag tat tta caa cac gtg atc atc ttt agc ttt tgg caa 489
 Leu Ser Asp Gln Tyr Leu Gln His Val Ile Ile Phe Ser Phe Trp Gln
 50 55 60
 gcc ttt ctg tcg gcg gta ctt gcg gtc ctc ttt ggt ggc att gta gca 537
 Ala Phe Leu Ser Ala Val Leu Ala Val Leu Phe Gly Gly Ile Val Ala
 65 70 75 80
 cga gcc ttt ttt tat caa ccg ttt gtg ggc aag aaa ctg atc ctc aaa 585
 Arg Ala Phe Phe Tyr Gln Pro Phe Val Gly Lys Lys Leu Ile Leu Lys
 85 90 95
 tta ttt tca ctg act ttt gtg tta cct gcc tta gtg gcg att ttt ggt 633
 Leu Phe Ser Leu Thr Phe Val Leu Pro Ala Leu Val Ala Ile Phe Gly
 100 105 110
 tta tta ggc gtg tat ggc gct tct ggc tgg tta gcg atg tta agc cag 681
 Leu Leu Gly Val Tyr Gly Ala Ser Gly Trp Leu Ala Met Leu Ser Gln

115	120	125	
ttt ttc gct tgg gat tgg act cct aat att tac ggc tta aca ggt att	729		
Phe Phe Ala Trp Asp Trp Thr Pro Asn Ile Tyr Gly Leu Thr Gly Ile			
130	135	140	
tta ctg gcg cat ctt ttt ttt aat gtc cca tta gct tgt cgc ctg ttt	777		
Leu Leu Ala His Leu Phe Phe Asn Val Pro Leu Ala Cys Arg Leu Phe			
145	150	155	160
tta caa ggt ttg caa gca att ccg gtg caa caa cgt cag ctc gcg gca	825		
Leu Gln Gly Leu Gln Ala Ile Pro Val Gln Gln Arg Gln Leu Ala Ala			
165	170	175	
caa ctc aat tta cgt ggt tgg cat ttt ata cgt ctg att gag tgg ccc	873		
Gln Leu Asn Leu Arg Gly Trp His Phe Ile Arg Leu Ile Glu Trp Pro			
180	185	190	
tat tta cgc cag caa ttg tta cct gca ttt act ttg att ttc atg ctg	921		
Tyr Leu Arg Gln Gln Leu Leu Pro Ala Phe Thr Leu Ile Phe Met Leu			
195	200	205	
tgt ttt acc agt ttt gcg att gtg ctc act tta ggt ggc gga ccg aaa	969		
Cys Phe Thr Ser Phe Ala Ile Val Leu Thr Leu Gly Gly Gly Pro Lys			
210	215	220	
tat acc acg ttg gaa gtg gct atc tat caa gcg att tta ttt gag ttt	1017		
Tyr Thr Thr Leu Glu Val Ala Ile Tyr Gln Ala Ile Leu Phe Glu Phe			
225	230	235	240
gat gta ccg aaa gcc ggc tta ttt gcg tta tta caa ttt gtt ttt tgt	1065		
Asp Val Pro Lys Ala Gly Leu Phe Ala Leu Leu Gln Phe Val Phe Cys			
245	250	255	
ttt ctg tta ttc acg ctg agt agc ttt ttt tct cca gcc ccc gcc acg	1113		
Phe Leu Leu Phe Thr Leu Ser Ser Phe Phe Ser Pro Ala Pro Ala Thr			
260	265	270	
aca tta cac agt caa cct act tgg ttt gcg ccc caa tcg tat tgg gtt	1161		
Thr Leu His Ser Gln Pro Thr Trp Phe Ala Pro Gln Ser Tyr Trp Val			
275	280	285	
aaa tta tgg caa cgt atg atc att gtg tgt gcg aca gta ttt atc tta	1209		
Lys Leu Trp Gln Arg Met Ile Ile Val Cys Ala Thr Val Phe Ile Leu			
290	295	300	
tta ccg cta ctc aat acg cta gtt tct gct ttg ctt tcg tct cag ttt	1257		
Leu Pro Leu Leu Asn Thr Leu Val Ser Ala Leu Leu Ser Ser Gln Phe			
305	310	315	320
ttt acc ttg tgg tta caa cct caa tta tgg aaa gca tta ggt tac tcg	1305		
Phe Thr Leu Trp Leu Gln Pro Gln Leu Trp Lys Ala Leu Gly Tyr Ser			
325	330	335	
ctc acc atc gcc ccc act tct gca ttg ctc gct tta gta ctg tct ttt	1353		
Leu Thr Ile Ala Pro Thr Ser Ala Leu Leu Ala Leu Val Leu Ser Phe			
340	345	350	
gcc tta tta ttg ctt gcc aga gaa tta cat tgg cga cat tat cgc agc	1401		
Ala Leu Leu Leu Ala Arg Glu Leu His Trp Arg His Tyr Arg Ser			
355	360	365	
tta tcc cat gtg att tta aat atc ggt gcg acc att tta gcc att cca	1449		
Leu Ser His Val Ile Leu Asn Ile Gly Ala Thr Ile Leu Ala Ile Pro			
370	375	380	
acg tta gtg tta gct att ggt tta ttc att tta tta cgt gag atc gat	1497		

Thr Leu Val Leu Ala Ile Gly Leu Phe Ile Leu Leu Arg Glu Ile Asp
385 390 395 400
ttt tct cca tac cat ctt ttt ggg gtt gtg gta tgc tgt aac gcg tta 1545
Phe Ser Pro Tyr His Leu Phe Gly Val Val Val Cys Cys Asn Ala Leu
405 410 415
gct gct atg cct ttt gtg ttg cgt att ttg gct tta ccg atg cat aac 1593
Ala Ala Met Pro Phe Val Leu Arg Ile Leu Ala Leu Pro Met His Asn
420 425 430
aat atg att tat tat gaa aaa tta tgc caa tca ctt aac ctg cgt ggt 1641
Asn Met Ile Tyr Tyr Glu Lys Leu Cys Gln Ser Leu Asn Leu Arg Gly
435 440 445
tgg caa cgt ttt cga ttg att gaa tgg cac aag ctt cgt gcg cca atg 1689
Trp Gln Arg Phe Arg Leu Ile Glu Trp His Lys Leu Arg Ala Pro Met
450 455 460
aaa tac gcc ttt gca ctg gct tgt gcg tta tca tta ggc gat ttc acc 1737
Lys Tyr Ala Phe Ala Leu Ala Cys Ala Leu Ser Leu Gly Asp Phe Thr
465 470 475 480
gca atc gcg tta ttt ggt cag gct gac ttc aca tcg tta ccg cat ttg 1785
Ala Ile Ala Leu Phe Gly Gln Ala Asp Phe Thr Ser Leu Pro His Leu
485 490 495
ttg tat caa caa ttg ggg cat tat cgt agt cag gaa gcg gca gta aca 1833
Leu Tyr Gln Gln Leu Gly His Tyr Arg Ser Gln Glu Ala Ala Val Thr
500 505 510
gcg ttt att tta ttg gtt ttt tgt ttg agt gtt ttt atg att att gaa 1881
Ala Phe Ile Leu Leu Val Phe Cys Leu Ser Val Phe Met Ile Ile Glu
515 520 525
cga cat cag gaa ccg cgt gat gat taatttaaac ggtgttcagt tttcctataa 1935
Arg His Gln Glu Pro Arg Asp Asp
530 535
tacctttact tttgagctgg atttgcagat tcctgctcaa caaaaagttg ctattattgg 1995
cgccagtggc gcaggggaaga gtaccttatt aaatttgatt gcgggttttg cattgccaca 2055
gcaaggggaa atttggttga atggtgaaaa tcatagccaa actcaacctt atgaacgtcc 2115
ggtatctatt ttgtttcaag aaaacaactt gtttacgcat ttgactgtgg cagagaatat 2175
ggcattaggg ctgaaaccaa gcctaaaact gaccgcactt gaacaacaac gcgtacaaca 2235
agtggcaagt gcagtgggtt tgcagggttt tcttaatcaa ttaccacccc agttatcggg 2295
tgggcaaaaa cagcgtgtgg cgttggcgcg ttgtttatta cgcgataagc caattttgtt 2355
attggatgaa cttttttctg ccttagatcc cgatttacgg gcagaaatgt tgcattttatt 2415
gttacagttg tgtgatgaaa aaaaattaac actcctgatc gtgacacatc aagtgaacga 2475
attacagcag aaaatggatc gtatgattcg ttttgaacat ggtaggatga gtgagtccac 2535
cattttgaag gataatttta acgaaaaaca gaccgcactt taggcggcctt attaattaga 2595
taaggaaaga gaaaaatatg acaacggcaa cggcatttga gattcgtaca cttactcctc 2655
acccgacctt agaataattgg tctgtgtgta aaattgaagc cctgtttgag accccttttt 2715
tagattttggt ttatcgggct gcgcaagtgc accgagaaaa ctttaatcct aaagccattc 2775
aattatccac tttaatgtcg attaaaacgg ggggatgtcc agaggattgt ggctactgtc 2835
cgcagtcagc acgttatcat actggagtag aaaagcagca attactcgat gtggaagaaa 2895
ttgttgaaaa agccaaaatt gccaaagcac gtggtgcagg gcgcttttgt atgggggctg 2955
catggcgtgg accgaaaccg aaagacattg aaaaagttac cgcaatcatt aaagcgggtga 3015
aagaactggg cttagaaacc tgttgtacct ttggtttatt gcaagatggg atggcagaag 3075
atttaaaaga agcgggtttg gattattata accataatct cgatacagcc ccagaacact 3135
acggtaatgt gattggtacc cgtcaatttg atgatcgtat taatacgtta ggtaaagtgc 3195

gtaaagctgg cttaaaagtg tgctgtggcg ggattattgg catgaatgaa acccgtaaag 3255
aaagagcagg attaattgct agcttagcta atttagaccc gcaacccgaa tcggtgccga 3315
ttaatcaatt agtgaaagtg gaaggtaccc ctttagccga tgcggcagaa ttagactgga 3375
cagaatttgt gcgcactatt gcggtggcgc gtattacat gccgaaaagc tatgtacgtt 3435
tatcagcagg gcgtcaaggc atgtcggaag aaatgcaagc catgtgcttt atggctggcg 3495
cgaatt 3501

<210> 71

<211> 536

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 71

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

305				310				315				320			
Phe	Thr	Leu	Trp	Leu	Gln	Pro	Gln	Leu	Trp	Lys	Ala	Leu	Gly	Tyr	Ser
325				330				335							
Leu	Thr	Ile	Ala	Pro	Thr	Ser	Ala	Leu	Leu	Ala	Leu	Val	Leu	Ser	Phe
340				345				350							
Ala	Leu	Leu	Leu	Leu	Ala	Arg	Glu	Leu	His	Trp	Arg	His	Tyr	Arg	Ser
355				360				365							
Leu	Ser	His	Val	Ile	Leu	Asn	Ile	Gly	Ala	Thr	Ile	Leu	Ala	Ile	Pro
370				375				380							
Thr	Leu	Val	Leu	Ala	Ile	Gly	Leu	Phe	Ile	Leu	Leu	Arg	Glu	Ile	Asp
385				390				395				400			
Phe	Ser	Pro	Tyr	His	Leu	Phe	Gly	Val	Val	Val	Cys	Cys	Asn	Ala	Leu
405				410				415							
Ala	Ala	Met	Pro	Phe	Val	Leu	Arg	Ile	Leu	Ala	Leu	Pro	Met	His	Asn
420				425				430							
Asn	Met	Ile	Tyr	Tyr	Glu	Lys	Leu	Cys	Gln	Ser	Leu	Asn	Leu	Arg	Gly
435				440				445							
Trp	Gln	Arg	Phe	Arg	Leu	Ile	Glu	Trp	His	Lys	Leu	Arg	Ala	Pro	Met
450				455				460							
Lys	Tyr	Ala	Phe	Ala	Leu	Ala	Cys	Ala	Leu	Ser	Leu	Gly	Asp	Phe	Thr
465				470				475				480			
Ala	Ile	Ala	Leu	Phe	Gly	Gln	Ala	Asp	Phe	Thr	Ser	Leu	Pro	His	Leu
485				490				495							
Leu	Tyr	Gln	Gln	Leu	Gly	His	Tyr	Arg	Ser	Gln	Glu	Ala	Ala	Val	Thr
500				505				510							
Ala	Phe	Ile	Leu	Leu	Val	Phe	Cys	Leu	Ser	Val	Phe	Met	Ile	Ile	Glu
515				520				525							
Arg	His	Gln	Glu	Pro	Arg	Asp	Asp								
530				535											

<210> 72

<211> 3182

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

 $\langle 220 \rangle$

<221> CDS

<222> (1544) . . (2809)

 $\langle 220 \rangle$

<223> ygik

 $\langle 220 \rangle$

```
<221> misc_feature
```

<222> 452

<223> n = A or T or G or C

<400> 72

aactactaag	gagttatgta	tgaatattag	aaaatcatta	ctattaatat	ccctagcaag	60
cttcatgtca	ctttcagttt	cagctgcaga	aattaatttg	aaatttgaaa	gttcgaattt	120
tgcaggagaa	aaagtttatg	aaatccaaaa	agaatggact	gacaatattg	aaaaagcttc	180
caatgggaga	ataagtatat	agttattacc	tctcgactca	gtcttaaaat	ctagtgcacat	240
gctttctggt	gttcgaaata	aaattattga	tggagcgggt	gcaacagcgg	caatgtatgc	300
aggcactgac	cctggattcg	gattaatttg	tgatactatt	tctgcttgga	accatgacga	360
agatatttta	aatttttact	ataatggagg	tggttttgaa	gttggttgata	atattttcca	420

```

acaatatggt gccaaactca ttggtgtatc anttacggga gcagaatcat taccatcgaa 480
agtaaaaaata gctaatactg aagattttta aggtataaaa attcgggctc cctctgggtcc 540
tatccaaaaa ttgtttgcaa gattaggagc cgctcctgtt ggtcttcctg gttcagaaat 600
ctatactagt ttagaaaaag gtattattga tgctgccgat ttctcaacgt ttgcaaataa 660
tcaagcaciaa ggagtccatg atattgcaaa atatccaatc tatccgggaa ttcatcttc 720
accagccgtt catatgatta tgaatcataa aacttggagt agcttaactc catcggatca 780
agcattctta attgcttact ttaaagggat ggctctcgat actctgactc gtgctcatta 840
tgaagataaa ctagcatata aagaagcact tgagaaagga gtacaaccag tttcttgga 900
tcaacaagaa attacaaaag ttcgttctat cgctaaagaa atttggcaag agatagctca 960
acaatctgaa ataggtaatc aagtattatc aagtattaat gaaattccta gaatctcaag 1020
gaatgctgca ataatcgta agatggataa gacgatatcg tcttatccat taaggagtaa 1080
aacatgctta tttctaaata tttattatgg ctctgtaata agctagatca aatattcatt 1140
aaagtaggtt attacgtttc ttatattttt ctattagttg ttatcattgg ttttacgagg 1200
ttgttgctcg gtattttatt tctagcccaa cactttgggt tcatgaagta acaacatttt 1260
taataagtct atcattactt tatggtggag tagcttggtt cgccagtaat aaacatattg 1320
ccatgacatt tattagacaa aaattaccta ataagatcaa atggttacta gaactcttag 1380
ttgaaatact tattttttat ttcttttttt tgcttagtta cggagcatatc ttatcagcta 1440
gagaagcatt atttactcca tcaggaaaat tcaaaatgca aacttctgga agtgtattag 1500
acatgccatt tccagcaatt gaaaaagtt tcttctttat ttc atg cct cat cat 1555
                                     Met Pro His His
                                     1
tgt tgt tct ttc agt act aca tat att ccg tca cat cta tac aaa ata 1603
Cys Cys Ser Phe Ser Thr Thr Tyr Ile Pro Ser His Leu Tyr Lys Ile
   5                10                15                20
tca gga gga att atc atg ata agt gca ttt ggg ata ggt att gga act 1651
Ser Gly Gly Ile Ile Met Ile Ser Ala Phe Gly Ile Gly Ile Gly Thr
                25                30                35
ctt att atc ttt tta atg atg att tcc ctt tta ttt att gga atg cca 1699
Leu Ile Ile Phe Leu Met Met Ile Ser Leu Leu Phe Ile Gly Met Pro
                40                45                50
tta ggt ttt ctc act ggg tta atc gct tta gtt att tca tat ctt tgg 1747
Leu Gly Phe Leu Thr Gly Leu Ile Ala Leu Val Ile er Tyr Leu Trp
                55                60                65
ttt gat act acc gca ata atg caa atg ata gct tca cgt gtc act gat 1795
Phe Asp Thr Thr Ala Ile Met Gln Met Ile Ala Ser Arg Val Thr Asp
                70                75                80
ttc aca tca tct tac act ttt gta gct gtg cct atg ttt gtt ctt atg 1843
Phe Thr Ser Ser Tyr Thr Phe Val Ala Val Pro Met Phe Val Leu Met
                85                90                95                100
gca aca tta ctt gat aag act gga att gct aga gat ctc tac aac gca 1891
Ala Thr Leu Leu Asp Lys Thr Gly Ile Ala Arg Asp Leu Tyr Asn Ala
                105                110                115
atg cga gtc att ggc ggt cga tta cga ggt gga att gca att caa tcg 1939
Met Arg Val Ile Gly Gly Arg Leu Arg Gly Gly Ile Ala Ile Gln Ser
                120                125                130
atg ttt gtt gca gtt cta ctt gct acg atg tca ggt att atc ggt gga 1987
Met Phe Val Ala Val Leu Leu Ala Thr Met Ser Gly Ile Ile Gly Gly
                135                140                145
gaa act gtt tta tta ggc atg ttg gca tta cca caa atg tta cgc tta 2035
Glu Thr Val Leu Leu Gly Met Leu Ala Leu Pro Gln Met Leu Arg Leu

```

150	155	160	
ggc tat aat aaa aac tta gct ata gga act gtt gta gca gga gga gca	2083		
Gly Tyr Asn Lys Asn Leu Ala Ile Gly Thr Val Val Ala Gly Gly Ala			
165	170	175	180
ttg ggt aca atg gtt cct cca agt atc gtg ttg att att tac gga atg	2131		
Leu Gly Thr Met Val Pro Pro Ser Ile Val Leu Ile Ile Tyr Gly Met			
185	190	195	
acc gca aat gtt tct att gga gaa cta ttt ctt gca gca att cca gcc	2179		
Thr Ala Asn Val Ser Ile Gly Glu Leu Phe Leu Ala Ala Ile Pro Ala			
200	205	210	
tcc tta cta ctt tct aca ttc tat att tta tat att cta gta ctt tgc	2227		
Ser Leu Leu Leu Ser Thr Phe Tyr Ile Leu Tyr Ile Leu Val Leu Cys			
215	220	225	
tac ttc aaa cct agc tat ggc cct gca atg cct agc tca gaa aat cat	2275		
Tyr Phe Lys Pro Ser Tyr Gly Pro Ala Met Pro Ser Ser Glu Asn His			
230	235	240	
aca tta acg aaa gaa gat att aaa aaa att att cat gat att gca att	2323		
Thr Leu Thr Lys Glu Asp Ile Lys Lys Ile Ile His Asp Ile Ala Ile			
245	250	255	260
cca gta gct atc gcc aca tgg att tta gga agt att tat ggc ggg ata	2371		
Pro Val Ala Ile Ala Thr Trp Ile Leu Gly Ser Ile Tyr Gly Gly Ile			
265	270	275	
gca tca atc act gaa tct gcc tgt gtt ggt gta gtt ggg gta ata tta	2419		
Ala Ser Ile Thr Glu Ser Ala Cys Val Gly Val Val Gly Val Ile Leu			
280	285	290	
gca gca ttc tat cga aaa gaa tta aat ttc aaa ata gta caa gaa tca	2467		
Ala Ala Phe Tyr Arg Lys Glu Leu Asn Phe Lys Ile Val Gln Glu Ser			
295	300	305	
cta aaa cat aca atc aat act gtt ggt atg ata atc tgg gtc ggc att	2515		
Leu Lys His Thr Ile Asn Thr Val Gly Met Ile Ile Trp Val Gly Ile			
310	315	320	
ggc gca aca atg att ata ggt att tat aat cta atg ggt ggg gac cga	2563		
Gly Ala Thr Met Ile Ile Gly Ile Tyr Asn Leu Met Gly Gly Asp Arg			
325	330	335	340
ttt ata gct aac tta ttc gct agc tta gat gcc tct cca att tat act	2611		
Phe Ile Ala Asn Leu Phe Ala Ser Leu Asp Ala Ser Pro Ile Tyr Thr			
345	350	355	
atc att att atg atg gtt att tta tta ata ctt ggt atg ttc tta gat	2659		
Ile Ile Ile Met Met Val Ile Leu Leu Ile Leu Gly Met Phe Leu Asp			
360	365	370	
tgg att ggt gtt gcc atg ttg act ttc ctc aag aca agt aaa gcg aca	2707		
Trp Ile Gly Val Ala Met Leu Thr Phe Leu Lys Thr Ser Lys Ala Thr			
375	380	385	
atc aat ttg tgt ttt gac ata gtc agg tac agt att tgg cgt ggt ccc	2755		
Ile Asn Leu Cys Phe Asp Ile Val Arg Tyr Ser Ile Trp Arg Gly Pro			
390	395	400	
tcc ttc cac agt acc aat gtt cat cgt ggt acc ttt gtc ggg cgc ggt	2803		
Ser Phe His Ser Thr Asn Val His Arg Gly Thr Phe Val Gly Arg Gly			
405	410	415	420
act ttt tagtaaatct tgcgcgatac gaataaacgc attgatggca tttgctccgt	2859		

Thr Phe
 tttgtggatc gactgccgca tgagcagatt tgccaaaaaa ttcaattaca tactttcccaa 2919
 tcccttttct ttcgttaacg tttccactta gattgcccag aagccgatct gtctgaatgg 2979
 gaacaagtgt tataccaaga agcgaatcca acaggtgaag tggatgatcgg tatggtgggt 3039
 aaatacactg aattaccgga tgcctacaaa tcggttaatg aagccttgaa acacgcaggc 3099
 ttaaaaaacc gtcttagcgt gcaaatcaaa tatattgatt cacaagatgt ggaaacccaa 3159
 ggcacagaag tgtagaagg cgt 3182

<210> 73

<211> 422

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 73

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

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

<210> 74

<211> 2787

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (463)..(936)

<220>

<223> yhcJ

<400> 74

gttaacacac catgattaat gatgccggtt gaagccactg caacgtaatc gaattgtccg 60
 gcatacaaaag caagaatgtt ggccagtgtg tcatgcatcg cattggcagc atcagcttgt 120
 ggcgttgcaa tctgttggcg ttgttctatt ttgccgtctg ttacaatagc cgaggcaatt 180
 tttgttccac caatatctaa tgctaaacag cgcataaggct ctccttctgt gatgacttat 240
 tttgccgatt tgacggcatc ggcaaaccag cttacgatat gttcgaggcg agtcagcgca 300
 gatcctacgg tgacagagta agcaccaatc tcaattgcgg ttttcgccaa ttctgggggtg 360
 ttatagcgcc cttctgccat cactcggcag ccagcagcat tcaaattctt gactaactga 420
 taatccggtt cagctggaat ttcaccgcca gtataaccag ac atg gtg cta cca 474
 Met Val Leu Pro

1

ata att tct acc cct aag ttg tgg caa tac atc cct tct tca aaa tta 522
 Ile Ile Ser Thr Pro Lys Leu Trp Gln Tyr Ile Pro Ser Ser Lys Leu
 5 10 15 20
 gaa caa tcc gcc atg gct aaa caa cct aat tct ttg att cgt tta ata 570
 Glu Gln Ser Ala Met Ala Lys Gln Pro Asn Ser Leu Ile Arg Leu Ile
 25 30 35
 atg gct tca cgt gta gtt gga cgg acg cga tcg gta cca tca aaa gca 618
 Met Ala Ser Arg Val Val Gly Arg Thr Arg Ser Val Pro Ser Lys Ala
 40 45 50
 ata ata tcg gcg cct gct gcg gct aac tct tca atg tct tgt aaa aat 666
 Ile Ile Ser Ala Pro Ala Ala Ala Asn Ser Ser Met Ser Cys Lys Asn
 55 60 65
 ggg cta ata cga acg gga ctg tca ggt aaa tcg cgt tta acg ata cca 714
 Gly Leu Ile Arg Thr Gly Leu Ser Gly Lys Ser Arg Leu Thr Ile Pro

70	75	80	
ata atc ggt aca ttg acg acg tta cgc gtg gct ttt aaa ttt tcg atc			762
Ile Ile Gly Thr Leu Thr Thr Leu Arg Val Ala Phe Lys Phe Ser Ile			
85	90	95	100
cct tca ata cgt aac ccg gca gca cca ccg ata acg gat gct tgc gcc			810
Pro Ser Ile Arg Asn Pro Ala Ala Pro Pro Ile Thr Asp Ala Cys Ala			
105	110	115	
atg gcg gca aca att tct ggc gag tcc att ggc cca tta tct acg ggc			858
Met Ala Ala Thr Ile Ser Gly Glu Ser Ile Gly Pro Leu Ser Thr Gly			
120	125	130	
tgg caa gat gcg att aag cca tat tta att tgt tct aaa act tgc gga			906
Trp Gln Asp Ala Ile Lys Pro Tyr Leu Ile Cys Ser Lys Thr Cys Gly			
135	140	145	
tgt gat agt ttt gac ata tta act cca gtc taaatttatc aaaagaagat			956
Cys Asp Ser Phe Asp Ile Leu Thr Pro Val			
150	155		
tgactccaat ttgcataggt taatccttaga attaaaaaat aacaacccaaa ataataaaaa			1016
tttgagatct ttgtcgcata ttatttcata gggaatagac agcttaattt tagttatgat			1076
ttgtcaatcc ttgtctatctt ttgtgtttgc tggtttgcca tacactgttc taatattgct			1136
ttgagcactt gataaccttg ctcatataaa tgtaatccgt cggtaacaaag gcgtaaatcc			1196
agttcaccgt tagaatcaca aaagtatttt tgtgtttcaa cgtaagtcac gtctgacgga			1256
caatgttgtt ttaaataaggt attgagcctg tgaatttgtg cgtagtgac cgtattaatc			1316
tgattgaccg gtgtggcttc taataaaaag tagtgggacg taggagaaat ggtgtgtagg			1376
tgagtcagaa tgtcatctaa ctatcgcatg acttgccgac gtgaatacgt ttcttcctta			1436
caaatatcat tgacgcctaa aaaaagaaaa acagattgtc caagtgtgtg aatccgttta			1496
ggtttaacga taacatccaa atattgtcgc gtactgacgc cagaaagtcc taaattggcg			1556
acggtttgtc ccgctaattg aggtgtgcct gctacctgtt cgtcccacat gtcaaaaagt			1616
gaatgaccaa ttaagctgat attggcaggt ttggaaaatt ccgccatttt gctctgatag			1676
cgttgataaa tatcctgatc acttagcatg tgtggacctc tattttgaaa taaaacgcta			1736
agtattatat aaaacctgat atgccggtaa acagtaaact tatcttccgt aggggtaaat			1796
attcaatttt gtgacgaacc tatcatttat gaaataaaac ttcattttct atataaaaaa			1856
tagttttttc actttagaat gccaaacgtg tgaaatttat ttcattcatca ttttaacgta			1916
atcccaacgt aaccaataga ggagaactca taatgaaatt taaaaaacta ctacttgcat			1976
ctttatgttt aggtgtttca gcttctgtat ttgcagcaga ttacgatctt aaattcggta			2036
tgggtgcggg tccaagctca aacgaatata aagcagtaga attctttgcg aaagaagtga			2096
aagaaaaatc caatggcaaa attgatgtgg ctattttccc tagctcacag ttaggtgatg			2156
accgtgtgat gattaaacaa ttaaaagacg gtgcattaga ctttacgtta ggtgaatcag			2216
cacgtttcca aatttacttc ccagaagcag aagtatttgc gttgccttat atgattccta			2276
attttgaaac ctctaaaaaa gcgttgctcg acacaaaatt tgggtcaagg tttattgaaa			2336
aaattgataa agagttaaac gtacaagtgt tatctgtggc gtataacgg acacgtcaaa			2396
caacttctaa ccgtgcaatc aacagcattg aagacatgaa aggggttaaaa ttacgtgtac			2456
ctaacgcggc aaccaacctt gcttatgcaa aatacgtggg tgcagcgcca acaccaatgg			2516
cattctctga agtttacctt gcgcttcaaa caaactctgt ggatgggtcaa gaaaacccat			2576
taccgacaat ccaagcacia aaattctatg aagtacaaaa atacttagcg ttaactaacc			2636
acatcttaaa tgaccaactt tacttaatca gtaacgatac gttggcagat ttaccagaag			2696
atttacaana agtgggttaa gatgcagcag cgaaagccgc tgaatatcac actaaactct			2756
tcgttgacgg tgagaacagc ttagtgaat t			2787

<210> 75
 <211> 158
 <212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 75

```

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

```

<210> 76

<211> 2787

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (1949)..(2785)

<220>

<223> yia0

<400> 76

```

gttaacacac catgattaat gatgccggtt gaagccactg caacgtaatc gaattgtccg 60
gcatacaaag caagaatgtt ggccagtgtg tcatgcatcg cattggcagc atcagcttgt 120
ggcgttgcaa tctgttggcg ttgttctatt ttgccgtctg ttacaatagc cgaggcaatt 180
tttgttccac caatatctaa tgctaaacag cgcataggct ctcttctgt gatgacttat 240
tttgccgatt tgacggcatc ggcaaaccag cttacgatat gttcgaggcg agtcagcgca 300
gatcctacgg tgacagagta agcaccaatc tcaattgcgg ttttcgccaa ttctggggtg 360
ttatagcgcc cttctgcat cactcggcag ccagcagcat tcaaactctt gactaactga 420
taatccggtt cagctggaat ttcaccgcca gtataaccag acatggtgct accaataatt 480
tctaccctta agttgtggca atacatccct tcttcaaaat tagaacaatc cgccatggct 540
aaacaacctt attctttgat tcgtttaata atggcttcac gtgtagttag acggacgcga 600
tcggtacat caaaagcaat aatatcggcg cctgctgcgg ctaactcttc aatgtcttgt 660
aaaaatgggc taatacgaac gggactgtca ggtaaactgc gtttaacgat accaataatc 720
ggtacattga cgacgttacg cgtggctttt aaattttcga tcccttcaat acgtaaccgc 780
gcagcaccac cgataacgga tgcttgcgcc atggcggcaa caatttctgg cgagtccatt 840
ggccattat ctacgggctg gcaagatgcg attaagccat atttaatttg ttctaaaact 900
tgcggatgtg atagttttga catattaact ccagtctaaa tttatcaaaa gaagattgac 960
tccaatttgc ataggttaat cttagaatta aaaaataaca accaaaataa taaaaatttg 1020
agatctttgt cgcatattta ttcataggga atagacagct taattttagt tatgatttgt 1080

```

```

caatccttgc tattttttgt gtttgctggg ttgcgataca ctgttctaatt attgctttga 1140
gcacttgata accttgctca ttaaaatgta atccgtcggg acaaaggcgt aaatccagtt 1200
caccgttaga atcacaaaag tattttttgtg tttcaacgta agtcacgtct gacggacaat 1260
gttgttttta ataggtattg agcctgtgaa tttgtgctgt agtgaccgta ttaatctgat 1320
tgaccgggtg ggcttctaatt aaaaagtagt gggacgtagg agaaatgggtg tgtaggtgag 1380
tcagaatgtc atttaactat cgcattgactt gcgccggtga atacgtttct tccttacaaa 1440
tatcattgac gcctaaaaaa agaaaaacag attgtccaag ttgttgaatc cgtttagggt 1500
taacgataac atccaaatat tgtcgcgtac tgacgccaga aagtcctaaa ttggcgacgg 1560
tttgtccgc taattgaggt gtgcctgcta cctgttcgtc ccacatgtca aaaagtgaat 1620
gaccaattaa gctgatattg gcaggtttgg aaaattccgc ctttttgctc tgatagcggt 1680
gataaatatc ctgatcactt agcatgtgtg gacctctatt ttgaaataaa acgctaagta 1740
ttatataaaa cctgatatgc cggtaaacag taaacttata ttccgtaggg gtaaataattc 1800
aattttgtga cgaacctatc atttatgaaa taaaacttca ttttctatat aaaaaatagt 1860
tttttctact tagaatgcca aacgtgtgaa atttatttca tcatcatttt aacgtaatcc 1920
caacgtaacc aatagaggag aactcata atg aaa ttt aaa aaa cta cta ctt 1972
Met Lys Phe Lys Lys Leu Leu Leu
1 5
gca tct tta tgt tta ggt gtt tca gct tct gta ttt gca gca gat tac 2020
Ala Ser Leu Cys Leu Gly Val Ser Ala Ser Val Phe Ala Ala Asp Tyr
10 15 20
gat ctt aaa ttc ggt atg gtt gcg ggt cca agc tca aac gaa tat aaa 2068
Asp Leu Lys Phe Gly Met Val Ala Gly Pro Ser Ser Asn Glu Tyr Lys
25 30 35 40
gca gta gaa ttc ttt gcg aaa gaa gtg aaa gaa aaa tcc aat ggc aaa 2116
Ala Val Glu Phe Phe Ala Lys Glu Val Lys Glu Lys Ser Asn Gly Lys
45 50 55
att gat gtg gct att ttc cct agc tca cag tta ggt gat gac cgt gtg 2164
Ile Asp Val Ala Ile Phe Pro Ser Ser Gln Leu Gly Asp Asp Arg Val
60 65 70
atg att aaa caa tta aaa gac ggt gca tta gac ttt acg tta ggt gaa 2212
Met Ile Lys Gln Leu Lys Asp Gly Ala Leu Asp Phe Thr Leu Gly Glu
75 80 85
tca gca cgt ttc caa att tac ttc cca gaa gca gaa gta ttt gcg ttg 2260
Ser Ala Arg Phe Gln Ile Tyr Phe Pro Glu Ala Glu Val Phe Ala Leu
90 95 100
cct tat atg att cct aat ttt gaa acc tct aaa aaa gcg ttg ctc gac 2308
Pro Tyr Met Ile Pro Asn Phe Glu Thr Ser Lys Lys Ala Leu Leu Asp
105 110 115 120
aca aaa ttt ggt caa ggt tta ttg aaa aaa att gat aaa gag tta aac 2356
Thr Lys Phe Gly Gln Gly Leu Leu Lys Lys Ile Asp Lys Glu Leu Asn
125 130 135
gta caa gtg tta tct gtg gcg tat aac ggt aca cgt caa aca act tct 2404
Val Gln Val Leu Ser Val Ala Tyr Asn Gly Thr Arg Gln Thr Thr Ser
140 145 150
aac cgt gca atc aac agc att gaa gac atg aaa ggg tta aaa tta cgt 2452
Asn Arg Ala Ile Asn Ser Ile Glu Asp Met Lys Gly Leu Lys Leu Arg
155 160 165
gta cct aac gcg gca acc aac ctt gct tat gca aaa tac gtg ggt gca 2500
Val Pro Asn Ala Ala Thr Asn Leu Ala Tyr Ala Lys Tyr Val Gly Ala
170 175 180

```

gcg cca aca cca atg gca ttc tct gaa gtt tac ctt gcg ctt caa aca 2548
Ala Pro Thr Pro Met Ala Phe Ser Glu Val Tyr Leu Ala Leu Gln Thr
185 190 195 200
aac tct gtg gat ggt caa gaa aac cca tta ccg aca atc caa gca caa 2596
Asn Ser Val Asp Gly Gln Glu Asn Pro Leu Pro Thr Ile Gln Ala Gln
205 210 215
aaa ttc tat gaa gta caa aaa tac tta gcg tta act aac cac atc tta 2644
Lys Phe Tyr Glu Val Gln Lys Tyr Leu Ala Leu Thr Asn His Ile Leu
220 225 230
aat gac caa ctt tac tta atc agt aac gat acg ttg gca gat tta cca 2692
Asn Asp Gln Leu Tyr Leu Ile Ser Asn Asp Thr Leu Ala Asp Leu Pro
235 240 245
gaa gat tta caa aaa gtg gtt aaa gat gca gca gcg aaa gcc gct gaa 2740
Glu Asp Leu Gln Lys Val Val Lys Asp Ala Ala Ala Lys Ala Ala Glu
250 255 260
tat cac act aaa ctc ttc gtt gac ggt gag aac agc tta gtt gaa tt 2787
Tyr His Thr Lys Leu Phe Val Asp Gly Glu Asn Ser Leu Val Glu
265 270 275
<210> 77
<211> 279
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida
<400> 77
Met Lys Phe Lys Lys Leu Leu Leu Ala Ser Leu Cys Leu Gly Val Ser
1 5 10 15
Ala Ser Val Phe Ala Ala Asp Tyr Asp Leu Lys Phe Gly Met Val Ala
20 25 30
Gly Pro Ser Ser Asn Glu Tyr Lys Ala Val Glu Phe Phe Ala Lys Glu
35 40 45
Val Lys Glu Lys Ser Asn Gly Lys Ile Asp Val Ala Ile Phe Pro Ser
50 55 60
Ser Gln Leu Gly Asp Asp Arg Val Met Ile Lys Gln Leu Lys Asp Gly
65 70 75 80
Ala Leu Asp Phe Thr Leu Gly Glu Ser Ala Arg Phe Gln Ile Tyr Phe
85 90 95
Pro Glu Ala Glu Val Phe Ala Leu Pro Tyr Met Ile Pro Asn Phe Glu
100 105 110
Thr Ser Lys Lys Ala Leu Leu Asp Thr Lys Phe Gly Gln Gly Leu Leu
115 120 125
Lys Lys Ile Asp Lys Glu Leu Asn Val Gln Val Leu Ser Val Ala Tyr
130 135 140
Asn Gly Thr Arg Gln Thr Thr Ser Asn Arg Ala Ile Asn Ser Ile Glu
145 150 155 160
Asp Met Lys Gly Leu Lys Leu Arg Val Pro Asn Ala Ala Thr Asn Leu
165 170 175
Ala Tyr Ala Lys Tyr Val Gly Ala Ala Pro Thr Pro Met Ala Phe Ser
180 185 190
Glu Val Tyr Leu Ala Leu Gln Thr Asn Ser Val Asp Gly Gln Glu Asn
195 200 205
Pro Leu Pro Thr Ile Gln Ala Gln Lys Phe Tyr Glu Val Gln Lys Tyr

210	215	220
Leu Ala Leu Thr Asn His Ile Leu Asn Asp Gln Leu Tyr Leu Ile Ser		
225	230	235
Asn Asp Thr Leu Ala Asp Leu Pro Glu Asp Leu Gln Lys Val Val Lys		240
245	250	255
Asp Ala Ala Ala Lys Ala Ala Glu Tyr His Thr Lys Leu Phe Val Asp		
260	265	270
Gly Glu Asn Ser Leu Val Glu		
275		

<210> 78

<211> 2590

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (908)..(1294)

<220>

<223> yigF

<400> 78

```

ctgcaggctc gattagtggg gcaccgaaag aaaaaaccgt gcaaattatt caccgccgag 60
aacagcagcc acgcggttat tacacgggga tttttggtct gttcgatggg gagtcgttac 120
aaagtgcggg ggcaattcgt tttattgagc aagtggacga gaaattgatt ttccgcagcg 180
gtggcgggat tacgatctta agcgagctag aagacgagta ccaagaattg atccaaaaag 240
tgtatgtacc agtaggataa gcgatgacat ttcctttatt tgagacgac gctattgtga 300
acggtgaaat tcagcacctt gccctgcac aacaacgtta tgcggcaagt ttggcgacct 360
tttacggcga gaaaggagcg aaagtacagg atcttgcgaa aattattcag attccgaccg 420
cacttgaaca cactcaacat gcgccgataa tccgttgtcg gattgattac aatcagcaag 480
actgtgacgt gcattatatt ccctatcaac gcaaaattta ccgcactttt cagcctgtca 540
tttgcgatga aattaactat gatctgaaat atgctgatcg ggcattatta aatcagttat 600
ttgctcagcg tagggattgt gatgagatta tgattatcaa acacggcaag gtgacggatt 660
gcagtattgg taatctgggtg tttcgccaag gtgagcaatg gttcacgcca gatagcccg 720
tattttacgg cacacaacga gcctggttat tacaacaagg caaaattcaa gcccgttcca 780
tcttattgca agagatcgca caatttgaag aaattcgggt aattaatgca ctaaattccg 840
tgtaaatttt ccttgaacag cgtaaaataa aacaactttt tcagtcagat aaaaggagat 900
aaacgac atg acg aaa gta att cat act gac aat gca cca gcc gcc att 949
Met Thr Lys Val Ile His Thr Asp Asn Ala Pro Ala Ala Ile
1 5 10
ggg cct tat gta caa gcg gta gat tta ggt aat atg ctg tta acc tct 997
Gly Pro Tyr Val Gln Ala Val Asp Leu Gly Asn Met Leu Leu Thr Ser
15 20 25 30
ggg caa att cca gtg aat cca aaa acc ggt gaa gtg cca gcg gat atc 1045
Gly Gln Ile Pro Val Asn Pro Lys Thr Gly Glu Val Pro Ala Asp Ile
35 40 45
gta gca caa gca cgt caa tcg tta gaa aac gtg aaa gcg att gtg gaa 1093
Val Ala Gln Ala Arg Gln Ser Leu Glu Asn Val Lys Ala Ile Val Glu
50 55 60
caa gcg gga tta caa gtc gca aat atc gtg aaa acc acg gtg ttt gtg 1141
Gln Ala Gly Leu Gln Val Ala Asn Ile Val Lys Thr Thr Val Phe Val
65 70 75
aaa gat tta aat gac ttt gca gcg gtc aat gcg gag tat gaa cgt ttc 1189

```

Lys Asp Leu Asn Asp Phe Ala Ala Val Asn Ala Glu Tyr Glu Arg Phe
80 85 90
ttt aaa gag aac aat cac cct agc ttc cct gct cgt tca tgt gtg gaa 1237
Phe Lys Glu Asn Asn His Pro Ser Phe Pro Ala Arg Ser Cys Val Glu
95 100 105 110
gtg gca cgt ttg ccg aaa gat gtg ggg att gaa atc gag gca atc gct 1285
Val Ala Arg Leu Pro Lys Asp Val Gly Ile Glu Ile Glu Ala Ile Ala
115 120 125
gta aaa gcc taatgaatag cttgcattta tcttagtcgt agcaaaacaa 1334
Val Lys Ala
tctcttttca cttgctctct tcaaagcaag ttgataagtg atttttattg ggcgtttttc 1394
tattgatagc caaaaacgcc ctttactgat agagaataaa ctatgcaaaa tcaagtcattc 1454
gagattctac aataccgttt aaaaccacaa tcaggacaaa cgtttcacca aattatgcgt 1514
gagatcagtg ttccactcca taaacaacat gggattgatg tcattgcgta tggaaattca 1574
ttacatgata ttgacagcta ttatttaatc cgtgcatttg agacagaaac caaattgcaa 1634
cagcagctcg atgcttttta tgccagtgat gattggcgtg atggaccaag agaaagtatc 1694
attcgcctga ttgaaagcag tttaaaatcg gtgatcatgc tcccgacaca ggcaatccat 1754
gcactacgca accattatcc tcaataaaat caacaaccgc acccaatcag tgcggtcatt 1814
ttttcttact ttttcagtgc taagggaataa acaacgatag tggacgttgt ttaatcaatt 1874
tccaaacaca ttgcgcgata tcacaccaac tctcaatttc tgtttctaaa gaacgcagcg 1934
caaccataa cgcgataaag aaactgacaa tcaaattcac cataccaatc aataacacga 1994
acactaaacc ttgtaagaac atctgccaag taaacgcgcc actgatcgcc atatagccca 2054
aattcgcaga agaaaacgcc acatggcgaa tatctaacgg taaattaagc aaatacccgga 2114
ctaaccctgt taaaccaagc aataaaccaa aacacagatt tcccataatc gaaccgtaat 2174
tatcatgccca gtattctgca aatttgtagc gcatattacg ggtcaacaga cggcgtaaaa 2234
taggggtgatt tcttagtcgc atttttaagt tcaaataatt actacgatta tcaaaataac 2294
cagaaataat cccagaaaag aataaccaga aaccgcgaat ggcggcaaac cataaggacc 2354
ctttcatcgg atcaagggat ttttgttggg aggcaatctc cgcgtcactc aataaagggtg 2414
taccaacata atgttgatag cctagcgcaa gcaacaagc cacagaaatc gctaaagtga 2474
cattacccaa gactgccact gtttgcgagc gaaacacatc gatcagcagt tgagctaatt 2534
gcagattaac ggatttgcct tgtccattat ccaccgtttc tgcaaaacgt gctgca 2590
<210> 79
<211> 129
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida
<400> 79
Met Thr Lys Val Ile His Thr Asp Asn Ala Pro Ala Ala Ile Gly Pro
1 5 10 15
Tyr Val Gln Ala Val Asp Leu Gly Asn Met Leu Leu Thr Ser Gly Gln
20 25 30
Ile Pro Val Asn Pro Lys Thr Gly Glu Val Pro Ala Asp Ile Val Ala
35 40 45
Gln Ala Arg Gln Ser Leu Glu Asn Val Lys Ala Ile Val Glu Gln Ala
50 55 60
Gly Leu Gln Val Ala Asn Ile Val Lys Thr Thr Val Phe Val Lys Asp
65 70 75 80
Leu Asn Asp Phe Ala Ala Val Asn Ala Glu Tyr Glu Arg Phe Phe Lys
85 90 95
Glu Asn Asn His Pro Ser Phe Pro Ala Arg Ser Cys Val Glu Val Ala
100 105 110

Arg Leu Pro Lys Asp Val Gly Ile Glu Ile Glu Ala Ile Ala Val Lys
115 120 125

Ala
<210> 80
<211> 6642
<212> DNA
<213> Pasteurella multocida
<220>
<221> CDS
<222> (463)..(1884)
<220>
<223> yleA
<400> 80

aaccagctc agataagttt aattctggct atggaaagtg gaccaaattcc ttcgatctcc 60
caggtttcta aggcgcgata cgggcaaata cgagtatatt cgatatactg ccaagcacct 120
agttgtttta agagattaac ggaagcaaca ctgatcgcag aaatgcgaag atcgtaaggc 180
gaattagggtt gaaactgtgg gagtggggcg tgttcgataa gctggacttg atgtccttgt 240
ttacgtaagc caagcgaca ggctgcacca accatgccac cgccaaccac gatcatgtct 300
ttttgtatga cgtccatagg attttccttt tctttttgtt acgtattcta ccgtcaatga 360
gggaatttca aaagaaatct ctttttttagc tagccagcat aggttcaaga ctgtaaaata 420
gtcagtcaca tttttatagg ttaactgaat tttttaaacg at atg acg caa aaa 474
Met Thr Gln Lys
1

tta cat att aaa acg tgg ggt tgt cag atg aat gaa tat gat tca tct 522
Leu His Ile Lys Thr Trp Gly Cys Gln Met Asn Glu Tyr Asp Ser Ser
5 10 15 20
aaa atg gca gat ctc tta aac agt act cac ggc tta gag tta aca gaa 570
Lys Met Ala Asp Leu Leu Asn Ser Thr His Gly Leu Glu Leu Thr Glu
25 30 35
att ccg gaa gaa gcg gat gtg tta ttg tta aac act tgc tca att cgt 618
Ile Pro Glu Glu Ala Asp Val Leu Leu Leu Asn Thr Cys Ser Ile Arg
40 45 50
gaa aaa gca caa gaa aaa gtt ttc cat caa tta gga cgt tgg aaa gaa 666
Glu Lys Ala Gln Glu Lys Val Phe His Gln Leu Gly Arg Trp Lys Glu
55 60 65
tta aag aaa cat aag ccg gga ctc gtt atc ggt gtt ggg ggc tgt gtt 714
Leu Lys Lys His Lys Pro Gly Leu Val Ile Gly Val Gly Gly Cys Val
70 75 80
gcc tca caa gaa gga gaa cac att cgt act cgt gct cct tat gtc gat 762
Ala Ser Gln Glu Gly Glu His Ile Arg Thr Arg Ala Pro Tyr Val Asp
85 90 95 100
att att ttt gga cca caa acc tta cat cgt tta cct gaa atg atc aat 810
Ile Ile Phe Gly Pro Gln Thr Leu His Arg Leu Pro Glu Met Ile Asn
105 110 115
cag atc aga ggt ggt aaa agc tca gta gtc gat gtc agt ttt cca gaa 858
Gln Ile Arg Gly Gly Lys Ser Ser Val Val Asp Val Ser Phe Pro Glu
120 125 130
att gaa aaa ttc gac cgt tta cca gaa ccg cgt gca gaa ggt cca act 906
Ile Glu Lys Phe Asp Arg Leu Pro Glu Pro Arg Ala Glu Gly Pro Thr
135 140 145

gct ttc gta tcc att atg gaa ggc tgt aat aaa tat tgc tca ttc tgt	954
Ala Phe Val Ser Ile Met Glu Gly Cys Asn Lys Tyr Cys Ser Phe Cys	
150 155 160	
gtc gtg cct tat acg cgt ggt gaa gaa gtc agt cgt cca gtg gat gat	1002
Val Val Pro Tyr Thr Arg Gly Glu Glu Val Ser Arg Pro Val Asp Asp	
165 170 175 180	
gta tta ttt gaa att gca cag ttg gca gag caa ggc gtg cgt gaa gtg	1050
Val Leu Phe Glu Ile Ala Gln Leu Ala Glu Gln Gly Val Arg Glu Val	
185 190 195	
aat tta tta gga caa aac gtg aac gct tat cgt ggt gca act cat gat	1098
Asn Leu Leu Gly Gln Asn Val Asn Ala Tyr Arg Gly Ala Thr His Asp	
200 205 210	
gac ggt att tgt act ttt gcg gaa ttg tta cgt tta gta gcc gct att	1146
Asp Gly Ile Cys Thr Phe Ala Glu Leu Leu Arg Leu Val Ala Ala Ile	
215 220 225	
gat ggt att gac cgt tta cgt ttt acc acc agt cac cca att gag ttc	1194
Asp Gly Ile Asp Arg Leu Arg Phe Thr Thr Ser His Pro Ile Glu Phe	
230 235 240	
act gat gac att att gat gtg tac cgt gat acg cca gag ttg gtg agt	1242
Thr Asp Asp Ile Ile Asp Val Tyr Arg Asp Thr Pro Glu Leu Val Ser	
245 250 255 260	
ttc tta cac tta cct gta caa agt ggt tct gat cgt gtg tta tct atg	1290
Phe Leu His Leu Pro Val Gln Ser Gly Ser Asp Arg Val Leu Ser Met	
265 270 275	
atg aaa cgc aat cat acg gca tta gaa tat aaa tcg att att cgg aag	1338
Met Lys Arg Asn His Thr Ala Leu Glu Tyr Lys Ser Ile Ile Arg Lys	
280 285 290	
tta aga gcg gtg cgt cca gag att caa att agc tca gat ttt att gtc	1386
Leu Arg Ala Val Arg Pro Glu Ile Gln Ile Ser Ser Asp Phe Ile Val	
295 300 305	
ggt ttc ccg ggc gaa aca gca gaa gat ttc gag caa acc atg aat tta	1434
Gly Phe Pro Gly Glu Thr Ala Glu Asp Phe Glu Gln Thr Met Asn Leu	
310 315 320	
att gca caa gta aat ttt gat atg agt ttc agc ttc att tat tca gca	1482
Ile Ala Gln Val Asn Phe Asp Met Ser Phe Ser Phe Ile Tyr Ser Ala	
325 330 335 340	
cgt cca ggc acg cca gca gca gat atg cct gat gat gtg aca gaa gaa	1530
Arg Pro Gly Thr Pro Ala Ala Asp Met Pro Asp Asp Val Thr Glu Glu	
345 350 355	
gag aag aaa caa cgt tta tat gtg ttg caa caa cgc att aac aat caa	1578
Glu Lys Lys Gln Arg Leu Tyr Val Leu Gln Gln Arg Ile Asn Asn Gln	
360 365 370	
gcc gcg caa ttt agt cga gca atg tta ggc aca gaa cag cgc gtg tta	1626
Ala Ala Gln Phe Ser Arg Ala Met Leu Gly Thr Glu Gln Arg Val Leu	
375 380 385	
gtg gaa gga ccc tcg aaa aaa gat tta atg gaa ctc aca ggg cgt aca	1674
Val Glu Gly Pro Ser Lys Lys Asp Leu Met Glu Leu Thr Gly Arg Thr	
390 395 400	
gaa act aat cgt atc gtc aat ttt gtg ggc acg cct gat atg att ggg	1722
Glu Thr Asn Arg Ile Val Asn Phe Val Gly Thr Pro Asp Met Ile Gly	

405	410	415	420	
aag ttt gtt gat atc aag atc acg gat gtg ttt act aac tca ctg cgt				1770
Lys Phe Val Asp Ile Lys Ile Thr Asp Val Phe Thr Asn Ser Leu Arg				
	425	430	435	
ggg gaa gtc gtt aga act gaa gaa caa atg gga ctt cgc gtt gtt caa				1818
Gly Glu Val Val Arg Thr Glu Glu Gln Met Gly Leu Arg Val Val Gln				
	440	445	450	
tcg cca caa atg gtg att aat cgt act cgt aaa gaa gat gaa ctc ggc				1866
Ser Pro Gln Met Val Ile Asn Arg Thr Arg Lys Glu Asp Glu Leu Gly				
	455	460	465	
gtg gga cgt tat cac gcg tagtcgtgct atcccttcaa atatttaacc				1914
Val Gly Arg Tyr His Ala				
470				
gctctcgagt ttctcaagag cggttatattt ttatgaaaaa tttttgataa attgaccgct				1974
ctttttattg cttcatttta tgatagacag cgtgttttct gttattcatc gtattttcttt				2034
ttatttcact tcattaataa attattaaat ttcaattgct tatcaaaatt gttgtttttt				2094
gctttttttc tatttatagc atgggttattt ttatatacaca catggcgtat ttctccatat				2154
ttttacaaaa aactgtgact tcactctaac tattgttctc tcgtgcttta ctccatttta				2214
taaggcgggt agtttagatc atgttggtttt tacaacatat tttagagggtt tttgaagggt				2274
gagcttattt tatagttgag gtgatgatga aaaaatttaa tcctagtata ttggcggtgt				2334
ccatatcaag tctgctactc acatccacat tgacctttgg tcaaattccag caacaagata				2394
aagcactctt tgggtgtgaaa gaacatcaag aaagcctact ctttcatcag agcttagtag				2454
aacaaggtag tgataatgtg ccaatttggc gcattccgctc tttattaaga acaaaaagacg				2514
gtgtattaat tgccgccgca gataagcgtt ggcaacaccg tgggtgactgg ggcgatattg				2574
ataccgcaat ccgaattagt catgatgatg ggaaaacatg gggaaatatt acaacgattt				2634
tggatttgcc atcaaagaat ggggaaaaat ccccatcagc accagatcct gtaacattca				2694
acgcgtgggg agatagacaa aattgtacaa cttactgtaa ttctgctttt ttgatcgatg				2754
ctcagatggg acaagataaa cgtaatggta gaattttttt agcagttgat atgtttgccg				2814
atggagcagg tttttttggt gtaaaagaca gtggtaattg gcgcattaat attgatggta				2874
aacagtatcc tatttttaaat gaaaagcaat cgggtcgaca ttgaaccctg tgttcttaac				2934
tctttcactt gctcaacgtt caccggaatc acgcggtcaa taaaagtcgg tttccagttt				2994
aaacccgggt gaacaatagc gtgtaattca ccaaaacgca tcaccacgcc acgttctgct				3054
tctttgacag tataaaaacc gtaacgccc cagacaattg caccaatcac cgctgcaatt				3114
ggcaataatt taccaagatt taacgatcca ccagaatgcg agttattgcg tttaccgcca				3174
ttccctgaac cgcctaattt tttcagcaga ttattaaaaa tctcttcaat atcaggtggt				3234
gattgctctt gattgttttg cttacgacct gactggttat cattccaatt cggctgaccg				3294
ccttcattat caggacgctg actctcaggt tttttctgtc cgggtttgcc ccaaggatct				3354
tgatctgaac cgttcaatga cattacgttc tccatttgtc aaaaaattgt tacttgttta				3414
aacaaattcc cacagtctaa acaaaatgtt ggattaagtc taacgaaact cgttactaaa				3474
tggggatatt ttttatgatt taaagtgccg ccaataaaaa cgcacaatgg tctcattttt				3534
acggcttact acctgacttt tgtcctatcg ctttgtcggt catgtttttt cattcacctt				3594
ataataaatg gcgtcgtgta aggtggtttc cgctaataatt cccctctgcc aagtaaaata				3654
gtgcacatct aagcactgtg tttggttaat aaaaaagcc aagtaaaacg gcaagcgggtg				3714
actaaagagg agttaactaa gtttctgtat gctagcgtac tattgactct tcttgactg				3774
tgtttgggtt ttattgcggt gaatgaaacc ctagcgtgta tttctttgtt attggttggt				3834
tatttaagcg ttagccgagt attatttgcg ctgcggttgt tgggcgtgat catgaatttg				3894
agctattact attatctctt gagtatccct ttattacata aatctttctt actcatggga				3954
gtaggcacg ttctggcact agttacgttt gttttatcac gttataacaa ggcaccgcag				4014
gcaacattac aagctgaatc gcacaatacg tttcaaccac aaacaatgtt acgtaaaaaa				4074
ctaggattca ctttggtggc gacatgtttg attgcctttg ccacgaatta tactattcat				4134

```

aaatatgaag atattttaac gaatggtgag tcaattatatt taaaaacggc acccgttgat 4194
ccgcgttcct tgatgcaagg ggattatatg acgttgaact atgaaatctt ggcagacatt 4254
agtgaggaat ggggaaaaaa tttagaagag gaaaaaacac agtatattgt ttatgcgttg 4314
taaaaacgag acagcctagg gattgctacc ttgtgtcgtc ttgaaaccaa agcacctaca 4374
acatttgacg ggtgtacacc aaatatattac ttaccggtga atgtcgcgat gtggtggccg 4434
cgtttaccaa gtcaagacta cttttttgcc gagggaaaag gtgaatatta tgcacaagct 4494
gaatatgccg aatatcgctt taaaggggga aaagcggtgt tgttccgctt actagataaa 4554
aatttaaaag cattataaaa caaaaggcgg tagtgaaccg cttttatgtt gtatgccact 4614
tacttcaccg caatcattga gccaaaatta aagcattgaa accataattc cacttgttga 4674
aaaccgactt cagctaaacg ctttttatgg gcttgaatgc tgtctgtacg catcacattt 4734
tcaagtgcgg tgcgtttttg gctgacttca agttcactgt atccattcgc gcgtttaaat 4794
tgatgatgta aatcaatcaa caaggcattc atgttttgat cttcaaaatg aaattttctcg 4854
gatagtacca agatcccatt cggttgtaag ctttggtaaa tcttacttaa taaggctcga 4914
cgatcttcag gtggcagaaa ttgcaaagtg aaattttaaaa ttaccatgaa ggcattttcg 4974
atttcgatat ggcgtatatc atcacaaata atgtccacag gtatgtact ttgataggca 5034
ctaacatgct ggcgacaacg atcgaccatg ggttgtgagt tatcaacacc aatgatcttg 5094
acgccgggtt gattaatatg acgacgtgca gataatgttg ccgcaccgcg cgagcacccc 5154
agatcataga cgttgctatt cgccgtaaca aagcgtgatg ccaacatccc aatagcggta 5214
atgatgttgg catagccggg aatagagcgt tggatcatgt cgggaaagac ttcagctacg 5274
ctttcatcaa aagtaaaatc cccaattta gcaatgggga gtcgaaaata gagtatcttt 5334
tgtcataatg tattaagac cgagaaaaag tgcggtcatt ttagaagaag tttcgacctt 5394
tcacaaataa attatgattt cggaataaaa tgcgccatgg cactttcttc ttgtttaata 5454
cgcacgccta ggataagcaa ataaatgggt aatccaatca atgcggtata ttttgcttgg 5514
cagaaaagcg ataaaccaat taactcggga ataatgttta agaaataatt cgggtgacgt 5574
acgtatttaa acaagaaaga gcggttaatg tgatgttccg gtaaaatgta aagttttact 5634
gtccaaatct ctttcagttc ataaatcacg taaaatagca tggcgatcgc aaagactaaa 5694
atcgccagcc ctatttgtga ggtgctatta aatgctgtgt tttggttatt agcttcaatg 5754
atcgcggcga gataaaatac aacatgggca atggataaca gcgtagaatt gcgtttacca 5814
tattgtattg caccttttgc aatcaatgct ttttcatggc ggattgaaat agacagacta 5874
taaaaacgga tcgctaaaat acaggcaaaa gtgatattga taaataacat gtggttatcc 5934
ttaacataat tttattccaa taaagtggcg taatataaca aaaaatccga tgatatggca 5994
tggaataacg cttttatatt gaacgttcat cgcttttctt tttctttatt ggttgatttg 6054
taagcataaa taaccttttt atctctcttg gttttccgct ataattgagt gaatttttga 6114
gcataattaa gagtacaag gattttgaaa tgatgcgtac acattattgc ggtgcattaa 6174
accgtgacaa tatcgacaa gaagtaacat tgagtgggtt ggtgcatcgt cgccgtgatt 6234
taggtgggtt aatttttatt gatatgcgtg atcgtgaagg gattgtacaa gtgtgtttcg 6294
atccaatata tcaagaagca ctcaccacag cagcaagttt acgtaatgag ttttgtattc 6354
aaattaaagg cgaagtgatt gccgcgccag ataatcaaat caacaaaaat atggcaacag 6414
gcgaagtgga agtgtttagca aaatccctgt ctatttataa cagcgcagag ccattacctc 6474
tcgactttta ccaaataat acggaagaac agcgtttaaa ataccgttat ttagacttac 6534
gtcgcccaga aatggcgcaa cgtttaaaaa cagcagccaa aattaccagc tttgtgcgtc 6594
gctttatgga cgaacatggt ttcttagata ttgaaacacc gatgttga 6642

```

<210> 81

<211> 474

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 81

Met Thr Gln Lys Leu His Ile Lys Thr Trp Gly Cys Gln Met Asn Glu

1 5 10 15

Tyr Asp Ser Ser Lys Met Ala Asp Leu Leu Asn Ser Thr His Gly Leu

			20						25						30		
Glu	Leu	Thr	Glu	Ile	Pro	Glu	Glu	Ala	Asp	Val	Leu	Leu	Leu	Asn	Thr		
35						40						45					
Cys	Ser	Ile	Arg	Glu	Lys	Ala	Gln	Glu	Lys	Val	Phe	His	Gln	Leu	Gly		
50						55						60					
Arg	Trp	Lys	Glu	Leu	Lys	Lys	His	Lys	Pro	Gly	Leu	Val	Ile	Gly	Val		
65						70						75					
Gly	Gly	Cys	Val	Ala	Ser	Gln	Glu	Gly	Glu	His	Ile	Arg	Thr	Arg	Ala		
			85						90								
Pro	Tyr	Val	Asp	Ile	Ile	Phe	Gly	Pro	Gln	Thr	Leu	His	Arg	Leu	Pro		
			100						105								
Glu	Met	Ile	Asn	Gln	Ile	Arg	Gly	Gly	Lys	Ser	Ser	Val	Val	Asp	Val		
			115						120								
Ser	Phe	Pro	Glu	Ile	Glu	Lys	Phe	Asp	Arg	Leu	Pro	Glu	Pro	Arg	Ala		
130						135						140					
Glu	Gly	Pro	Thr	Ala	Phe	Val	Ser	Ile	Met	Glu	Gly	Cys	Asn	Lys	Tyr		
145						150						155					
Cys	Ser	Phe	Cys	Val	Val	Pro	Tyr	Thr	Arg	Gly	Glu	Glu	Val	Ser	Arg		
			165						170								
Pro	Val	Asp	Asp	Val	Leu	Phe	Glu	Ile	Ala	Gln	Leu	Ala	Glu	Gln	Gly		
			180						185								
Val	Arg	Glu	Val	Asn	Leu	Leu	Gly	Gln	Asn	Val	Asn	Ala	Tyr	Arg	Gly		
			195						200								
Ala	Thr	His	Asp	Asp	Gly	Ile	Cys	Thr	Phe	Ala	Glu	Leu	Leu	Arg	Leu		
210						215						220					
Val	Ala	Ala	Ile	Asp	Gly	Ile	Asp	Arg	Leu	Arg	Phe	Thr	Thr	Ser	His		
225						230						235					
Pro	Ile	Glu	Phe	Thr	Asp	Asp	Ile	Ile	Asp	Val	Tyr	Arg	Asp	Thr	Pro		
			245						250								
Glu	Leu	Val	Ser	Phe	Leu	His	Leu	Pro	Val	Gln	Ser	Gly	Ser	Asp	Arg		
			260						265								
Val	Leu	Ser	Met	Met	Lys	Arg	Asn	His	Thr	Ala	Leu	Glu	Tyr	Lys	Ser		
275						280						285					
Ile	Ile	Arg	Lys	Leu	Arg	Ala	Val	Arg	Pro	Glu	Ile	Gln	Ile	Ser	Ser		
290						295						300					
Asp	Phe	Ile	Val	Gly	Phe	Pro	Gly	Glu	Thr	Ala	Glu	Asp	Phe	Glu	Gln		
305						310						315					
Thr	Met	Asn	Leu	Ile	Ala	Gln	Val	Asn	Phe	Asp	Met	Ser	Phe	Ser	Phe		
			325						330								
Ile	Tyr	Ser	Ala	Arg	Pro	Gly	Thr	Pro	Ala	Ala	Asp	Met	Pro	Asp	Asp		
			340						345								
Val	Thr	Glu	Glu	Glu	Lys	Lys	Gln	Arg	Leu	Tyr	Val	Leu	Gln	Gln	Arg		
			355						360								
Ile	Asn	Asn	Gln	Ala	Ala	Gln	Phe	Ser	Arg	Ala	Met	Leu	Gly	Thr	Glu		
370						375						380					
Gln	Arg	Val	Leu	Val	Glu	Gly	Pro	Ser	Lys	Lys	Asp	Leu	Met	Glu	Leu		
385						390						395					
Thr	Gly	Arg	Thr	Glu	Thr	Asn	Arg	Ile	Val	Asn	Phe	Val	Gly	Thr	Pro		
			405						410								
Asp	Met	Ile	Gly	Lys	Phe	Val	Asp	Ile	Lys	Ile	Thr	Asp	Val	Phe	Thr		

```

                420                425                430
Asn Ser Leu Arg Gly Glu Val Val Arg Thr Glu Glu Gln Met Gly Leu
                435                440                445
Arg Val Val Gln Ser Pro Gln Met Val Ile Asn Arg Thr Arg Lys Glu
                450                455                460
Asp Glu Leu Gly Val Gly Arg Tyr His Ala
465                470
<210> 82
<211> 4835
<212> DNA
<213> Pasteurella multocida
<220>
<221> CDS
<222> (407)..(1156)
<220>
<223> yojB
<400> 82
gtcaacgacg gggcgggtct tagaacattg gcatacgggt acgatgacac gccgtgtccc 60
agagctccat cgctccttcc caaataactt ggtttggatg caccattag atgcgaaaaa 120
acgtggttta cgtcatggcg ataaagtga gacagctca cgtcgtggcg aaatgatttc 180
tcacttagat acccgtggac gtaataaagt cccacaaggc ttagtttaca ccactttctt 240
tgatgcaggt cagtttagcaa actatctcac tttagatgcg acagacccaa tttcaaaaga 300
aacggacttc aaaaaatgtg cgggtcaaagt ggaaaaagcg taacacgtta aatttaatga 360
ggaacgaccg cactttgctt tcagtaaagt gcggttggaa agtcga atg aaa aaa 415
                                Met Lys Lys
                                1
aca gtt gtg aat cct gaa cgt cgt cga ttt ttt aaa gag gct acg cgc 463
Thr Val Val Asn Pro Glu Arg Arg Arg Phe Phe Lys Glu Ala Thr Arg
                5                10                15
act gca ggc ggg ttg gca ggg gtg act ttg ctc ctt ggt ttg caa caa 511
Thr Ala Gly Gly Leu Ala Gly Val Thr Leu Leu Leu Gly Leu Gln Gln
                20                25                30                35
aag cag agt ctt gcg cgc gaa ggc gtg gcg tta cgc cca cct ttt gcc 559
Lys Gln Ser Leu Ala Arg Glu Gly Val Ala Leu Arg Pro Pro Phe Ala
                40                45                50
ctt gag aat gag aaa gcg ttt tct gct gcg tgc att cgt tgt ggt cag 607
Leu Glu Asn Glu Lys Ala Phe Ser Ala Ala Cys Ile Arg Cys Gly Gln
                55                60                65
tgt gta caa gcc tgt cca cat gag atg ttg cat ctt gcc tca ctg att 655
Cys Val Gln Ala Cys Pro His Glu Met Leu His Leu Ala Ser Leu Ile
                70                75                80
tca ccg atg gaa gca ggt aca ccg tat ttc att gcg cgc gat aag ccc 703
Ser Pro Met Glu Ala Gly Thr Pro Tyr Phe Ile Ala Arg Asp Lys Pro
                85                90                95
tgt gaa atg tgt gtg gat att cct tgt gca aaa gcc tgc cca acc ggt 751
Cys Glu Met Cys Val Asp Ile Pro Cys Ala Lys Ala Cys Pro Thr Gly
100                105                110                115
gca ttg gat aat caa gca aca gaa atc gat gat gcg cgt atg ggg tta 799
Ala Leu Asp Asn Gln Ala Thr Glu Ile Asp Asp Ala Arg Met Gly Leu
                120                125                130

```

gct gtc ctg cta gat cat gaa act tgt ctg aac tgg caa ggt tta cgc	847
Ala Val Leu Leu Asp His Glu Thr Cys Leu Asn Trp Gln Gly Leu Arg	
135 140 145	
tgt gat gtg tgt tat cgc gtc tgt ccg ctg att aat aaa gcg att acg	895
Cys Asp Val Cys Tyr Arg Val Cys Pro Leu Ile Asn Lys Ala Ile Thr	
150 155 160	
tta gtg atg cat cgt aat gag cgt acg ggt aag cac gcc gtc ttt atc	943
Leu Val Met His Arg Asn Glu Arg Thr Gly Lys His Ala Val Phe Ile	
165 170 175	
cca aca gtg cat tcc gaa gcc tgt aca gga tgt ggc aaa tgt gaa gaa	991
Pro Thr Val His Ser Glu Ala Cys Thr Gly Cys Gly Lys Cys Glu Glu	
180 185 190 195	
gct tgc gtt cta gaa gaa gcg gca atc aaa gtg tta ccg atg gca tta	1039
Ala Cys Val Leu Glu Glu Ala Ala Ile Lys Val Leu Pro Met Ala Leu	
200 205 210	
gcg aaa ggc atg tta ggt aaa cat tac cgt tta ggt tgg gaa gag aaa	1087
Ala Lys Gly Met Leu Gly Lys His Tyr Arg Leu Gly Trp Glu Glu Lys	
215 220 225	
gaa aaa gcc ggg cat tcc ctt gcg cca gaa ggc att att tct ctc ccg	1135
Glu Lys Ala Gly His Ser Leu Ala Pro Glu Gly Ile Ile Ser Leu Pro	
230 235 240	
act cgg tta ccg gag agc ttg taatggcaaa ttcacaaaa tatgcgggta	1186
Thr Arg Leu Pro Glu Ser Leu	
245 250	
aagaagcacg agaaaagtta ggctgggtggg acgccaatcg ctttttgttc tggcgacggt	1246
taaccagct gagtattctt gccatgtttt taagcggacc ttattttggg gtgtggatct	1306
tgaaggcaa ttacagtagt agtcttttgc ttgatttgat ccgatgact gatcctttga	1366
ttatggcaga aagtctcgcg accggtttta tgcctaccat gaccgcgttg ttgggtgccc	1426
tgattgtggg ggtgctttat gccatttttag ggagtcgcgt tttctgtgct tgggtttgtc	1486
cgtaaacat cgtgacagat gcgtccgctt ggctcagacg taaattagaa attcgtcaat	1546
cggcaaaact cccacgaagt ttacgctatg cgatcttagt gatgattttg ttaggcagtg	1606
cgtaagcgg gttattactt tgggaatggc tcaatccggt tgcagcacta ggctgctgct	1666
taatttacgg tttcgggtgcg acagtttggc ttgttcttgc ggtgttttta tttgatttat	1726
ttattgtcga gcatggttgg tgtgggcatt tatgccaat aggtgcagcc tatggtgtga	1786
ttggtgcgaa aggacttttt cgtatcaaag ttgagcatcg ccaacaatgt gataattgca	1846
tggattgcta taacgtctgt ccagaaccac aagtgttacg cgatccatta catgcaaaaa	1906
agagtgaag cccacttgtg ctttcaaaag attgtatcag ctgtggacgt tgtatcgacg	1966
tttgccctga aaaagtattt atttttacaa cacgatttaa tcattcagtt aatcattcgg	2026
gggagtgatc aaaatgaaaa aaacaatgct aattttgacc gcactttttg ctttcacggt	2086
caatgccaat gaagtcaaag tgggcaaaag tttacaagat tcacctgaaa atatcgcgcc	2146
agccttcac aatacaccaa aagaaagtgg cttggcgccg ttaaactatg tgaaccaacc	2206
accgatggtg ccacacgcga cgaaaaacta tcaggtgacg aaaaatatca accaatgttt	2266
aacttgtcat agcccagaag cctcacgtgt tactggtgca acacgcatca gtccaacca	2326
ctttatggat cgtgatggta acattgtcgg aggacctca cctcgccggt acttctgttt	2386
acaatgccat gtctctcaat ctgatgttga gccgattatt caaaatgaat ttaaaccgat	2446
ggctggtttt ggtaaataag ttaaggacgg aactatgttg aacttaatta aacgcttttg	2506
gaaatggttt cgctcgccca gtcgtattgc cgttggtacc ttgattaccc ttgcttttat	2566
tgcaggattt gtctcttggg ttgggtttta ttatggctta gagcaaacca atacagagga	2626
attctgtgtt agttgtcaca gtaatgatgt gtatccagaa tttttacata cggcgcat	2686
tttaaactcg agtggagtaa aagccacttg tcctgattgc catgtaccgc acgaatttat	2746

```

tccaaaaatg atccgtaaag tccaagccag tcgagaagtg tatgcgcatc ttatgggtta 2806
tacggatacc attgataaat ttaactcccg tcgtttgcat atggcagaac gtgaatgggc 2866
acgattaaaa gccaaataact cgcaggaatg ccgtaactgc cataactttg agaatatgga 2926
ttttagtcag caaaaaacgg tggcggaataa aatgcatgca cttgctataa aagaagaaaa 2986
aacctgtatt gactgtcaca aagggtattg gcaccaatta ccgatatga gcggtgttga 3046
gtcgggtttt agtacggaac aaaaataaca cttttcttgt tctcccacag gaaatctgca 3106
tcgtattcag gtgcagattt ttttattttt acgatcatcc tcacaacctt ttcgctgata 3166
aataggatac aacgctagct acacgctatc ttgctgcttt ttgtgttgtt gtgagggtatt 3226
atgtcatctt atctgcctct tttattacgt ttgttacaaa ttccgcgttt gggttcgctg 3286
gcgatccagc gtttattgga gcacatcagt ccagcggaat taatggaata tgatacaaaa 3346
gcctttcaac agataggctg gacggcacag cagattcagc gttgggtttac gcctgagaac 3406
cgttatattg atcccgcgtt agcctgggta aacgaacaac aacatattgt ggattgggtt 3466
gatcctcatt atcctccctt gttaaagcaa acagaagagg caccacttgt cttgtttgtg 3526
aaaggggaag tggctacgct atctgcacag caagtggcga tcgtgggcag tcgtcattgt 3586
tcacgttatg gggaatactg ggcaaattat ttcgccactc aactggctta tgccgatatt 3646
gtggtgacca gtggttttagc gttagggtatt gatgggtttct cacatcaagc ggtagtggat 3706
atccacggga agacgattgc agtattaggc agtgggtttag aggtcattta tccgaaaaaa 3766
caccgaggtt tagccgaaaa aattattgaa catcaagggt cgttagtgtc tgaattttta 3826
cctttccaac cccctgtggc agaaaatttt ccacgtcgta atcgcatatt tagtggttta 3886
tctttgggga cattagtcatt tgaagcctca gaaaacagtg gttctttaat tactgcccgc 3946
tatgctttag agcaaaatcg agatgttttt gcgttaccgg ggcagattca gcatggattt 4006
agccaagggt gtcataaact gattaaacag ggggcaatat tagtcgaaaag tattcaggat 4066
attttagaac atctctcgcc ttattcgcatt tgtgccatgc cagcgttgcc tcgtacggag 4126
aacgcctttt ctcaacaagt aacagacaca tcaaccatca atactgcgcg gataacgcca 4186
gaacatccgg aattatatgc caaaattggc tatatgcccg tcagtattga tgtattagcc 4246
caacaagtca atctacctat tgatacctta ttagtacagc ttttaacctt ggaattgcaa 4306
gacttgattg ttgctgaaaa tggattatat cagcgcaaat aacggaaaga gtaaccacaa 4366
atgagaaaagg actgtgttga aacggctatc aacatcagtc cttgcagtat attatctcat 4426
atgacacgag acggcagttt catgagatta atagagacta aacgcttgta aatagcgtag 4486
tttgctcgtg ttagcatttt tctcaatatt gcctttgtga tcatcacgac ctaagcctcg 4546
tagctcaata ttgataccaa tacttttgtc ataaaaaatt tgattcgccg tttgggtttt 4606
tttgctggtc acactacgtc gggcaccaac attaatcgcc caacagcaag tgctgtattc 4666
tagtcccaaa tattgtctaa caggctttct caacgcaaga tcttgataat gacgtgctac 4726
caccgcccatt tgatccgtga gtgccatgc cacagttaga ccaagctgtt ttatgtcttg 4786
tccgtagcgg ttcgccgctg aggtgaggtt ttggtcaata tattgttga 4835

```

<210> 83

<211> 250

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 83

```

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

```

Ser Leu Ile Ser Pro Met Glu Ala Gly Thr Pro Tyr Phe Ile Ala Arg
85 90 95
Asp Lys Pro Cys Glu Met Cys Val Asp Ile Pro Cys Ala Lys Ala Cys
100 105 110
Pro Thr Gly Ala Leu Asp Asn Gln Ala Thr Glu Ile Asp Asp Ala Arg
115 120 125
Met Gly Leu Ala Val Leu Leu Asp His Glu Thr Cys Leu Asn Trp Gln
130 135 140
Gly Leu Arg Cys Asp Val Cys Tyr Arg Val Cys Pro Leu Ile Asn Lys
145 150 155 160
Ala Ile Thr Leu Val Met His Arg Asn Glu Arg Thr Gly Lys His Ala
165 170 175
Val Phe Ile Pro Thr Val His Ser Glu Ala Cys Thr Gly Cys Gly Lys
180 185 190
Cys Glu Glu Ala Cys Val Leu Glu Glu Ala Ala Ile Lys Val Leu Pro
195 200 205
Met Ala Leu Ala Lys Gly Met Leu Gly Lys His Tyr Arg Leu Gly Trp
210 215 220
Glu Glu Lys Glu Lys Ala Gly His Ser Leu Ala Pro Glu Gly Ile Ile
225 230 235 240
Ser Leu Pro Thr Arg Leu Pro Glu Ser Leu
245 250

<210> 84

<211> 3494

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (2411)..(2719)

<220>

<223> yyaM

<400> 84

gtcaacgatc cgaatacgac ggaagaaaac tatatgcaag tcatttatgg caagactgcg 60
cgtctattcg aagctgcgac gcattgccc gcgatacttg ctcatgcgac ggaagcccaa 120
gaaaatgctt tacgcgaata tggttgttat ctaggcacag cttttcaatt agtcgatgat 180
atttttagatt atagtgcaga tgcaaaagca ctcggcaaaa atattggtga tgatttagcg 240
gaaggtaaac caacattacc gttattacac gccatgcatc acggcaatcc agcacaagca 300
aaattgattc gcgaagcgat tgagcaaggg ggtaagcgtg atatttttaga ggatgtactg 360
acaattatga cagaacataa atccctcgac tatgcatga tgcgcgctaa acaagaagca 420
caaaaagccg ttgatgcatg tgcattattg cctgaaaatg aatataaaca agcgtaatt 480
tcattagctt acttatccgt cgatcgcgct tattaaccac ttaataaggc gagacatgtt 540
agcgtaacga ccgcctaaag tgcggtcatt tatttagtaa ttttaaacac gacaatgaca 600
gaacaaaaca tccctacgaa aaaaacacgc aaaggcaag atcctcacgc gccttttgta 660
cgcgaaaaat tatccctacc aaatgggcat aacaaattgt tattgcattc ttgttggtgcg 720
ccttgctcgg gagaagtaat ggaggcaatt catgcttcag gtattgaatt tactatttac 780
ttctacaacc caaacattca cccattaaaa gaatatctca ttcgtaaaga agaaaatatt 840
cgttttgctg aaaaatgggg cattccgttt attgatgccg attatgatcg tcaagaatgg 900
tttgaccgtg ccaaaggcat ggaagatgag ccagagcgtg gtattcgttg cactatgtgc 960
tttgatgatgc gttttgaaaa agccgcagaa tatgcacaca acaatggttt ccccgatatt 1020
actagctgct taggtatttc acgttggaac gacatgaacc aaatcaacgg ttgtggacac 1080

```

cgtgccgccc aaaaatatga tgatgtagtg tattgggatt ataactggcg taaaggtggt 1140
ggctcacaac gtatgattga aatcagtaag cgtgaacgtt tttaccagca agaattattgc 1200
ggttggtgtg attcttttgc tgacacgaat aaatggcgtg aagcaaacgg acgcaaaaaa 1260
attgaaattg gcaaattgta ttattccgcc gattaaaaca accaagtaaa ccatcgtgcc 1320
gtcatataac atggcggcac ttttttaggc tttatatatg caacgttttc gccaatcttt 1380
cgaaacctaa tgctaacgcc tcttactaa tatttaatgc tggggcaaaa cgcaatacat 1440
taggacccgc cactaaaatc attagccat tatctgctgc ttttttgaca aattcgctcg 1500
ctcttccgtg atattgctcg ataagttctg caccaattaa caaaccttcg ccacggattt 1560
ctttaaataa gccacattgc tgattaattt cttgcagctt ttgcataaat ttttcagaag 1620
tgcgctgaat tttttgcaag aatggtggtg ctgaaatgat atcaatcact ttttctgcca 1680
cggcacaagc gagaggattg ccaccaaagg tggtgccatg cacgccaggt gcaaaacttt 1740
tggcgatctc atgcgttgct aacgaatgag aaaattgtga cagattgggc tccaacggga 1800
cgtgcggatg agattgggga tacgcaagta cgttatgaaa ttgagcaggt gagttctagc 1860
aattatagtg cactgtttgt ctccatttta cagatgaaac gtaatgaggt ggtatttagt 1920
ccacatttag cggataaaca acgttatagt tctgatcgct tgaaccaact tgttggtgaa 1980
ttagatgcgt cttatcgtaa acaagtcctg gatttgaata acagcggatt gatgccaatt 2040
cagtctgtat tcggtacgga cagtaatggg cgtactgctc tcgtgttagg cgcacccttt 2100
aatcatgcgt ggacaaaact aggacaagtt ttaccgcagc ttgaatttga tattaagat 2160
gaaattattg gtcgtggggg aaggagatta aaataccgtc cagctggagc aaaaagttgg 2220
tgggtggcat ttggtcgtgc tgaaggcagt agcggactga aaacaggtac ctattttatg 2280
cagttaagcg ccttagggaa gcaaagtgcg gtggtgatga ccgatgatga tggcaatgcg 2340
ttatctgggg agcaagctca ggcgctttat caagcattac aaaatctctt agcgaaataa 2400
tacagtcaag atg act aaa ctc agt atc cag cga gat aac ttg att tgt 2449
Met Thr Lys Leu Ser Ile Gln Arg Asp Asn Leu Ile Cys
      1             5             10
ttg agt tat gtc gca tta atg gga ttc ggc ttt ccc att atg cgt tat 2497
Leu Ser Tyr Val Ala Leu Met Gly Phe Gly Phe Pro Ile Met Arg Ty
      15             20             25
atg agt att cat ttt gat aca tta aat aat aac gct gtt cgc ttt ctc 2545
Met Ser Ile His Phe Asp Thr Leu Asn Asn Asn Ala Val Arg Phe Leu
      30             35             40             45
tca ggg ggc agc gtt ttt att tta gcc tgt ttt ttt tat tat cgc gct 2593
Ser Gly Gly Ser Val Phe Ile Leu Ala Cys Phe Phe Tyr Tyr Arg Ala
      50             55             60
gag tta aca tct tcg ggg gct ggc gtc cag tcc gtt gcg atg ttg ccg 2641
Glu Leu Thr Ser Ser Gly Ala Gly Val Gln Ser Val Ala Met Leu Pro
      65             70             75
agt tca agt tta ggt ttc tta ata ttg aaa act gta cca tct ttt tca 2689
Ser Ser Ser Leu Gly Phe Leu Ile Leu Lys Thr Val Pro Ser Phe Ser
      80             85             90
tac gtt aca atc tca aca ctt aat cgc gtt tgaccttccg atttttgata 2739
Tyr Val Thr Ile Ser Thr Leu Asn Arg Val
      95             100
gtcaaagact actgagtaac gctttagtc gcgtgaatcg actgttacat aagccgatat 2799
gtcagaataa gtactgccgg tatatcgtct taatctaaga ttaagcttgc cacttttggt 2859
cgataaagcg tcaaacgaaa gcacgacttt accgtccttg acttccacct gatcttcaat 2919
gagcacttga cttagtgcga ccaatcgacc gttggcagtc agtgtcgcaa tgccgtgatc 2979
cgtatcaagc gttacaccgc tattttttcc ccagttttta ttgagctttt cactatgttt 3039
cagtaagttt ctgccaccaa tctgcaactg attaaactta gcttcaagcg tttcactctt 3099
gactgcaagc gacttgtttt cattgctaac cgtctgctca agtgctgtga ttttgatgt 3159

```

taaatctaac ttagttgcat tgacttcac agtccattct gactttaact cttttctcgc 3219
aagtgacgcc acttcatctt tgctagcttt cgtttctttt aagtcagaaa tgccactagt 3279
atattgccc actttagaat cgagcgtttc tagttttgta gagaaagatt tgtctttttc 3339
gctagccgtt ttttgaatta gctgtatttc actttcgctc aatccaactc tagcagttag 3399
actgtctagc ttgtcagcag tagatttatt cacagtcgct tgtgattgct tgtgttgaat 3459
aatatccgcg cttacttccg agatagccac gtcga 3494

<210> 85

<211> 103

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 85

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

<210> 86

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: PRIMER

<400> 86

aggccggtac cggccgcct 19

<210> 87

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: PRIMER

<400> 87

cggccggtac cggcctagg 19

<210> 88

<211> 18

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 88

catggtaccc attctaac 18

<210> 89

<211> 18
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220>
 <223> Description of Artificial Sequence: primer
 <400> 89
 ctaggtacct acaacctc
 <210> 90
 <211> 119
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220>
 <223> Description of Artificial Sequence: transposon
 insert
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 25
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 25
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 27
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 29
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 31
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 33
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 35
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 37
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 39
 <223> n = A or T or G or C

18

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 41
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 43
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 45
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 47
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 49
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 51
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 53
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 55
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 57
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 59
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 61
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 63
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature

<222> 65
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 67
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 69
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 71
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 73
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 75
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 77
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 79
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 81
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 85
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 87
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 89
 <223> n = A or T or G or C
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 91
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 93
 <223> n = A or T or G or C
 <400> 90
 ctaggtacct acaacctcaa gcttnknknk nknknknknk nknknknknk nknknknknk 60
 nknknknknk nknknknknk nknknknknk nknkaagctt ggtagaatg ggtaccatg 119
 <210> 91
 <211> 18
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220>
 <223> Description of Artificial Sequence: primer
 <400> 91
 tactacaac ctcaagct 18
 <210> 92
 <211> 18
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220>
 <223> Description of Artificial Sequence: primer
 <400> 92
 taccattct aaccaagc 18
 <210> 93
 <211> 19
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220>
 <223> Description of Artificial Sequence: primer
 <400> 93
 tactacaac ctcaagctt 19
 <210> 94
 <211> 20
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220>
 <223> Description of Artificial Sequence: primer
 <400> 94
 taccattct aaccaagctt 20
 <210> 95
 <211> 19
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220>
 <223> Description of Artificial Sequence: primer
 <400> 95
 ggcagagcat tacgctgac 19
 <210> 96
 <211> 27
 <212> DNA

<213> Artificial Sequence
 <220>
 <223> Description of Artificial Sequence: primer
 <400> 96
 gtaccggcca ggcggccacg cgtattc 27
 <210> 97
 <211> 531
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae
 <220>
 <223> atpG
 <400> 97
 tgttgagctt ggttttagtag ggtcgaaagg cgtaagcttt taccaaaatc taggcttaaa 60
 cgtgagatct caagtaacgg gattaggcga taatccggaa atggaacgta tcgtgggagc 120
 agttaatgaa atgattaatg cgttccgaaa cggagaagtg gatgcgggtt acgtcgctta 180
 caaccgtttt gaaaatacga tgtcacaaaa acctgttatc gcacagttac ttccgttacc 240
 taaactagat gacgatgaat tagatacga aggttcatgg gattatattt atgaaccgaa 300
 tccacaagtt ttattggata gtttacttgt tcgttattta gaaactcagg tataccaagc 360
 agttgtagat aacctagctt ctgaacaagc cgctcgaatg gtagcgatga aagccgcaac 420
 agataatgcg ggtacattaa tcgatgaatt acaattagtg tataacaaag ctcgccaagc 480
 aagcattaca aatgaattaa acgaaattgt tgcgggtgcc gcagcaattt a 531
 <210> 98
 <211> 25
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220>
 <223> Description of Artificial Sequence: primer
 <400> 98
 tctccattcc cttgctgcgg caccc 25
 <210> 99
 <211> 20
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220>
 <223> Description of Artificial Sequence: primer
 <400> 99
 ggattacagc cggatccggg 20
 <210> 100
 <211> 1034
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida
 <220>
 <223> cap5E
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1032)
 <400> 100
 atg ttt aaa aat aaa aca ctt tta att aca ggt gga acg ggt tct ttt 48
 Met Phe Lys Asn Lys Thr Leu Leu Ile Thr Gly Gly Thr Gly Ser Phe
 1 5 10 15

ggt aat gct gta ctc aaa cgt ttc tta gaa aca gat att cga gaa att	96
Gly Asn Ala Val Leu Lys Arg Phe Leu Glu Thr Asp Ile Arg Glu Ile	
20 25 30	
cgt gtt ttt tcg cgt gat gag aag aaa caa gat gac atg cgg aaa aaa	144
Arg Val Phe Ser Arg Asp Glu Lys Lys Gln Asp Asp Met Arg Lys Lys	
35 40 45	
tat aat gat gca aaa tta aaa ttt tat att ggc gat gtt cgt gac tac	192
Tyr Asn Asp Ala Lys Leu Lys Phe Tyr Ile Gly Asp Val Arg Asp Tyr	
50 55 60	
gat agt att tta aat gcc tcg cga ggt gtt gac tat att tat cat gct	240
Asp Ser Ile Leu Asn Ala Ser Arg Gly Val Asp Tyr Ile Tyr His Ala	
65 70 75 80	
gcc gca tta aag caa gtg cct tca tgc gag ttt tat ccg tta gag gca	288
Ala Ala Leu Lys Gln Val Pro Ser Cys Glu Phe Tyr Pro Leu Glu Ala	
85 90 95	
gtg aaa acc aat att tta ggt acg gca aat gtc tta gaa gcc gcc atc	336
Val Lys Thr Asn Ile Leu Gly Thr Ala Asn Val Leu Glu Ala Ala Ile	
100 105 110	
caa aac cag ata aaa cgc gtc gtc tgt ctt agc aca gat aaa gcg gtg	384
Gln Asn Gln Ile Lys Arg Val Val Cys Leu Ser Thr Asp Lys Ala Val	
115 120 125	
tac cca att aat gcg atg ggc att tct aaa gca atg atg gaa aaa gtc	432
Tyr Pro Ile Asn Ala Met Gly Ile Ser Lys Ala Met Met Glu Lys Val	
130 135 140	
atc atc gca aaa tcg cgt aac cta gaa ggc aca cca acg aca atc tgt	480
Ile Ile Ala Lys Ser Arg Asn Leu Glu Gly Thr Pro Thr Thr Ile Cys	
145 150 155 160	
tgt act cgc tat ggc aat gtc atg gca tcg cgt ggt tcg gtt atc cca	528
Cys Thr Arg Tyr Gly Asn Val Met Ala Ser Arg Gly Ser Val Ile Pro	
165 170 175	
tta ttt gtc gat caa ata cgt caa ggc aag cct ttt act att act gat	576
Leu Phe Val Asp Gln Ile Arg Gln Gly Lys Pro Phe Thr Ile Thr Asp	
180 185 190	
cct gag atg aca cgc ttt atg atg aca ttg gaa gat gct gtg gat tta	624
Pro Glu Met Thr Arg Phe Met Met Thr Leu Glu Asp Ala Val Asp Leu	
195 200 205	
gtc cta tat gca ttt aaa aat ggt caa aat ggt gat gtt ttt gta caa	672
Val Leu Tyr Ala Phe Lys Asn Gly Gln Asn Gly Asp Val Phe Val Gln	
210 215 220	
aaa gcc ccc gca gca acc att ggt acc ctt gcc aaa gca att acc gaa	720
Lys Ala Pro Ala Ala Thr Ile Gly Thr Leu Ala Lys Ala Ile Thr Glu	
225 230 235 240	
tta tta tct gtc cca aat cac cct att tcc att ata ggt acg cgt cat	768
Leu Leu Ser Val Pro Asn His Pro Ile Ser Ile Ile Gly Thr Arg His	
245 250 255	
gga gag aaa gca ttc gaa gct tta tta agc cgt gaa gaa atg gtt cat	816
Gly Glu Lys Ala Phe Glu Ala Leu Leu Ser Arg Glu Glu Met Val His	
260 265 270	
gca att aat gaa ggt aat tat tat cgc atc cca gcc gat caa cgc agt	864
Ala Ile Asn Glu Gly Asn Tyr Tyr Arg Ile Pro Ala Asp Gln Arg Ser	

275	280	285	
tta aat tac agt aaa tat gtc gaa aaa ggg gaa cca aaa att acc gaa			912
Leu Asn Tyr Ser Lys Tyr Val Glu Lys Gly Glu Pro Lys Ile Thr Glu			
290	295	300	
gtc acc gac tac aac tca cat aat act gag cgt ttg act gtc aag gaa			960
Val Thr Asp Tyr Asn Ser His Asn Thr Glu Arg Leu Thr Val Lys Glu			
305	310	315	320
atg aag cag tta ctg ctt aaa ctt gaa ttc ata cag aaa atg att gag			1008
Met Lys Gln Leu Leu Leu Lys Leu Glu Phe Ile Gln Lys Met Ile Glu			
325	330	335	
ggt gaa tac atc tca ccg gag gta ta			1034
Gly Glu Tyr Ile Ser Pro Glu Val			
340			
<210> 101			
<211> 344			
<212> PRT			
<213> Pasteurella multocida			
<400> 101			
Met Phe Lys Asn Lys Thr Leu Leu Ile Thr Gly Gly Thr Gly Ser Phe			
1 5 10 15			
Gly Asn Ala Val Leu Lys Arg Phe Leu Glu Thr Asp Ile Arg Glu Ile			
20 25 30			
Arg Val Phe Ser Arg Asp Glu Lys Lys Gln Asp Asp Met Arg Lys Lys			
35 40 45			
Tyr Asn Asp Ala Lys Leu Lys Phe Tyr Ile Gly Asp Val Arg Asp Tyr			
50 55 60			
Asp Ser Ile Leu Asn Ala Ser Arg Gly Val Asp Tyr Ile Tyr His Ala			
65 70 75 80			
Ala Ala Leu Lys Gln Val Pro Ser Cys Glu Phe Tyr Pro Leu Glu Ala			
85 90 95			
Val Lys Thr Asn Ile Leu Gly Thr Ala Asn Val Leu Glu Ala Ala Ile			
100 105 110			
Gln Asn Gln Ile Lys Arg Val Val Cys Leu Ser Thr Asp Lys Ala Val			
115 120 125			
Tyr Pro Ile Asn Ala Met Gly Ile Ser Lys Ala Met Met Glu Lys Val			
130 135 140			
Ile Ile Ala Lys Ser Arg Asn Leu Glu Gly Thr Pro Thr Thr Ile Cys			
145 150 155 160			
Cys Thr Arg Tyr Gly Asn Val Met Ala Ser Arg Gly Ser Val Ile Pro			
165 170 175			
Leu Phe Val Asp Gln Ile Arg Gln Gly Lys Pro Phe Thr Ile Thr Asp			
180 185 190			
Pro Glu Met Thr Arg Phe Met Met Thr Leu Glu Asp Ala Val Asp Leu			
195 200 205			
Val Leu Tyr Ala Phe Lys Asn Gly Gln Asn Gly Asp Val Phe Val Gln			
210 215 220			
Lys Ala Pro Ala Ala Thr Ile Gly Thr Leu Ala Lys Ala Ile Thr Glu			
225 230 235 240			
Leu Leu Ser Val Pro Asn His Pro Ile Ser Ile Ile Gly Thr Arg His			
245 250 255			

Gly Glu Lys Ala Phe Glu Ala Leu Leu Ser Arg Glu Glu Met Val His
 260 265 270
 Ala Ile Asn Glu Gly Asn Tyr Tyr Arg Ile Pro Ala Asp Gln Arg Ser
 275 280 285
 Leu Asn Tyr Ser Lys Tyr Val Glu Lys Gly Glu Pro Lys Ile Thr Glu
 290 295 300
 Val Thr Asp Tyr Asn Ser His Asn Thr Glu Arg Leu Thr Val Lys Glu
 305 310 315 320
 Met Lys Gln Leu Leu Leu Lys Leu Glu Phe Ile Gln Lys Met Ile Glu
 325 330 335
 Gly Glu Tyr Ile Ser Pro Glu Val
 340

<210> 102

<211> 4931

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<223> fhaB2

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(4929)

<220>

<221> misc_feature

<222> 4894

<223> n = A or T or G or C

<400> 102

atg aac aaa aat cgt tac aaa ctc att ttt agt caa gtc aaa ggt tgt	48
Met Asn Lys Asn Arg Tyr Lys Leu Ile Phe Ser Gln Val Lys Gly Cys	
1 5 10 15	
ctc gtt cct gtg gca gaa tgt att aac tca gct att agc aat ggt tca	96
Leu Val Pro Val Ala Glu Cys Ile Asn Ser Ala Ile Ser Asn Gly Ser	
20 25 30	
tct gat tca aca tcc aca tca gaa caa gtt gaa gag gaa cct ttc ctt	144
Ser Asp Ser Thr Ser Thr Ser Glu Gln Val Glu Glu Glu Pro Phe Leu	
35 40 45	
cta gaa caa tat tca ctt tcc tcc gtg tct tta tta gta aaa agc acg	192
Leu Glu Gln Tyr Ser Leu Ser Ser Val Ser Leu Leu Val Lys Ser Thr	
50 55 60	
ttc aat cct gtt tcg tat gca atg caa ttg act tgg aaa cag ctt tct	240
Phe Asn Pro Val Ser Tyr Ala Met Gln Leu Thr Trp Lys Gln Leu Ser	
65 70 75 80	
att tta ttt tta act gtg att tct gtt cct gtt ttg gct gag gga aaa	288
Ile Leu Phe Leu Thr Val Ile Ser Val Pro Val Leu Ala Glu Gly Lys	
85 90 95	
ggg gat gaa aga aat caa tta aca gtg att gat aat agc gat cat att	336
Gly Asp Glu Arg Asn Gln Leu Thr Val Ile Asp Asn Ser Asp His Ile	
100 105 110	
aaa tta gat gca tct aat ctt gct ggt aat gat aaa aca aaa atc tat	384
Lys Leu Asp Ala Ser Asn Leu Ala Gly Asn Asp Lys Thr Lys Ile Tyr	
115 120 125	

caa gca gaa aat aaa gtt ctg gtt att gat att gct aaa cca aat ggg	432
Gln Ala Glu Asn Lys Val Leu Val Ile Asp Ile Ala Lys Pro Asn Gly	
130 135 140	
aaa ggg att tca gat aac cgt ttt gaa aaa ttt aat att cca aat agc	480
Lys Gly Ile Ser Asp Asn Arg Phe Glu Lys Phe Asn Ile Pro Asn Ser	
145 150 155 160	
gcg gtg ttt aat aat aat ggg act gaa gcg cag gca aga tca aca tta	528
Ala Val Phe Asn Asn Asn Gly Thr Glu Ala Gln Ala Arg Ser Thr Leu	
165 170 175	
att ggt tac att ccg caa aat caa aat tta agg gga ggg aaa gaa gct	576
Ile Gly Tyr Ile Pro Gln Asn Gln Asn Leu Arg Gly Gly Lys Glu Ala	
180 185 190	
gat gtt ata tta aat caa gtg aca ggt cct caa gaa agt aaa att gtt	624
Asp Val Ile Leu Asn Gln Val Thr Gly Pro Gln Glu Ser Lys Ile Val	
195 200 205	
ggc gcg ctt gaa gta tta ggt aaa aaa gct gat atc gtc att gca aac	672
Gly Ala Leu Glu Val Leu Gly Lys Lys Ala Asp Ile Val Ile Ala Asn	
210 215 220	
caa aat ggt att acc tta aat ggt gta aga aca ata aat tca gat cgt	720
Gln Asn Gly Ile Thr Leu Asn Gly Val Arg Thr Ile Asn Ser Asp Arg	
225 230 235 240	
ttt gtt gcc act acg agt gag ctt ata gat ccg aat cag atg atg tta	768
Phe Val Ala Thr Thr Ser Glu Leu Ile Asp Pro Asn Gln Met Met Leu	
245 250 255	
aag gtt aca aaa gga aat gtg atc att gat att gat ggt ttt tcg aca	816
Lys Val Thr Lys Gly Asn Val Ile Ile Asp Ile Asp Gly Phe Ser Thr	
260 265 270	
gat gga tta aag tat tta gat att att gct aaa aaa att gaa caa aag	864
Asp Gly Leu Lys Tyr Leu Asp Ile Ile Ala Lys Lys Ile Glu Gln Lys	
275 280 285	
caa tca att aca tca ggg gat aat tca gaa gca aaa aca gat gtc act	912
Gln Ser Ile Thr Ser Gly Asp Asn Ser Glu Ala Lys Thr Asp Val Thr	
290 295 300	
ctt att gcg ggt tcc agt gaa tat gat tta agc aaa cat gag cg aaa	960
Leu Ile Ala Gly Ser Ser Glu Tyr Asp Leu Ser Lys His Glu Leu Lys	
305 310 315 320	
aaa acg agc ggt gaa aat gta tct aat gat gtt att gct atc acg gga	1008
Lys Thr Ser Gly Glu Asn Val Ser Asn Asp Val Ile Ala Ile Thr Gly	
325 330 335	
tct agt aca ggc gca atg cat ggt aaa aat att aag ttg att gtg aca	1056
Ser Ser Thr Gly Ala Met His Gly Lys Asn Ile Lys Leu Ile Val Thr	
340 345 350	
gat aaa ggt gca ggc gta aaa cat gat gga att att ttg tct gaa aat	1104
Asp Lys Gly Ala Gly Val Lys His Asp Gly Ile Ile Leu Ser Glu Asn	
355 360 365	
gat att cag att gaa atg aat gaa ggt gac tta gaa ctt ggc aat acg	1152
Asp Ile Gln Ile Glu Met Asn Glu Gly Asp Leu Glu Leu Gly Asn Thr	
370 375 380	
att cag caa aca gtg gta aaa aaa gac cga aat att cga gcc aag aaa	1200
Ile Gln Gln Thr Val Val Lys Lys Asp Arg Asn Ile Arg Ala Lys Lys	

385					390					395					400	
aaa	att	gaa	gtg	aaa	aac	gct	aat	cgt	gtt	ttt	gtt	ggt	agt	caa	acg	1248
Lys	Ile	Glu	Val	Lys	Asn	Ala	Asn	Arg	Val	Phe	Val	Gly	Ser	Gln	Thr	
				405					410					415		
aaa	tca	gat	gaa	att	tcg	tta	gag	gcg	aaa	caa	gtt	aaa	atc	aga	aaa	1296
Lys	Ser	Asp	Glu	Ile	Ser	Leu	Glu	Ala	Lys	Gln	Val	Lys	Ile	Arg	Lys	
			420					425					430			
aac	gca	gag	att	agg	agt	acg	aca	caa	gcc	aaa	atc	gta	gca	aag	ggt	1344
Asn	Ala	Glu	Ile	Arg	Ser	Thr	Thr	Gln	Ala	Lys	Ile	Val	Ala	Lys	Gly	
			435				440					445				
gcc	ctg	tct	att	gag	caa	aat	gcg	aag	ctc	gtc	gct	aaa	aag	ata	gat	1392
Ala	Leu	Ser	Ile	Glu	Gln	Asn	Ala	Lys	Leu	Val	Ala	Lys	Lys	Ile	Asp	
			450			455				460						
gtg	gca	aca	gaa	act	cta	act	aat	gct	ggg	cgt	att	tat	ggt	cga	gag	1440
Val	Ala	Thr	Glu	Thr	Leu	Thr	Asn	Ala	Gly	Arg	Ile	Tyr	Gly	Arg	Glu	
465					470				475					480		
gtt	aag	ctt	gac	act	aat	aat	ttg	att	aat	gat	aaa	gaa	att	tat	gct	1488
Val	Lys	Leu	Asp	Thr	Asn	Asn	Leu	Ile	Asn	Asp	Lys	Glu	Ile	Tyr	Ala	
			485					490					495			
gaa	cgg	aaa	ttg	agt	att	ttg	acg	aaa	gga	aaa	gat	ctt	gaa	att	att	1536
Glu	Arg	Lys	Leu	Ser	Ile	Leu	Thr	Lys	Gly	Lys	Asp	Leu	Glu	Ile	Ile	
			500				505				510					
caa	gat	aga	tat	ttg	tct	cca	ctg	atg	cgc	gta	aaa	agt	agt	gtc	cgc	1584
Gln	Asp	Arg	Tyr	Leu	Ser	Pro	Leu	Met	Arg	Val	Lys	Ser	Ser	Val	Arg	
			515				520				525					
ttt	tta	ggc	tct	ccg	ttt	ttc	tca	ata	tct	ccg	tcg	atg	ctc	gca	agc	1632
Phe	Leu	Gly	Ser	Pro	Phe	Phe	Ser	Ile	Ser	Pro	Ser	Met	Leu	Ala	Ser	
			530			535					540					
ctt	agt	gca	cag	ttt	aag	cct	ggt	ttt	gtg	aat	aag	gga	ctc	att	gaa	1680
Leu	Ser	Ala	Gln	Phe	Lys	Pro	Gly	Phe	Val	Asn	Lys	Gly	Leu	Ile	Glu	
545					550				555					560		
agt	gcg	ggg	agt	gca	gaa	tta	act	ttt	aaa	gaa	aaa	acc	agt	ttt	tta	1728
Ser	Ala	Gly	Ser	Ala	Glu	Leu	Thr	Phe	Lys	Glu	Lys	Thr	Ser	Phe	Leu	
			565				570					575				
aca	gag	ggc	aat	aat	ttt	att	aga	gct	aaa	gat	gcg	tta	act	att	aac	1776
Thr	Glu	Gly	Asn	Asn	Phe	Ile	Arg	Ala	Lys	Asp	Ala	Leu	Thr	Ile	Asn	
			580				585					590				
gcc	caa	aat	att	gaa	att	gat	aaa	aat	caa	gat	att	caa	ttg	ggt	gct	1824
Ala	Gln	Asn	Ile	Glu	Ile	Asp	Lys	Asn	Gln	Asp	Ile	Gln	Leu	Gly	Ala	
			595				600					605				
aat	ata	acg	ttg	aat	gtg	gaa	gaa	aac	ttt	gtt	aat	cgt	gca	gga	aca	1872
Asn	Ile	Thr	Leu	Asn	Val	Glu	Glu	Asn	Phe	Val	Asn	Arg	Ala	Gly	Thr	
			610				615					620				
ctg	gca	act	ggt	aaa	aca	ctg	aca	att	aat	acc	gaa	agt	ggc	agt	att	1920
Leu	Ala	Thr	Gly	Lys	Thr	Leu	Thr	Ile	Asn	Thr	Glu	Ser	Gly	Ser	Ile	
625					630				635					640		
tac	aat	ctt	ggt	ggg	aca	tta	ggt	gct	gga	aaa	tca	tta	aaa	ctg	act	1968
Tyr	Asn	Leu	Gly	Gly	Thr	Leu	Gly	Ala	Gly	Lys	Ser	Leu	Lys	Leu	Thr	
			645				650					655				
gct	aaa	tca	acg	gaa	gaa	ggt	atg	gga	aat	att	gtt	aac	caa	gaa	aac	2016

Ala	Lys	Ser	Thr	Glu	Glu	Gly	Met	Gly	Asn	Ile	Val	Asn	Gln	Glu	Asn	
			660					665					670			
ggt	tta	ttc	cat	aca	ctc	ggt	aat	atg	atg	tta	gaa	gca	gag	cgt	tct	2064
Gly	Leu	Phe	His	Thr	Leu	Gly	Asn	Met	Met	Leu	Glu	Ala	Glu	Arg	Ser	
			675					680					685			
gtt	tat	aat	att	ggc	gat	att	tat	gcg	agt	aaa	aaa	tta	aca	gtt	cat	2112
Val	Tyr	Asn	Ile	Gly	Asp	Ile	Tyr	Ala	Ser	Lys	Lys	Leu	Thr	Val	His	
			690					695					700			
act	cat	aat	ttg	att	aat	gat	gtg	cgt	tta	tct	ggc	aat	gtg	agt	tat	2160
Thr	His	Asn	Leu	Ile	Asn	Asp	Val	Arg	Leu	Ser	Gly	Asn	Val	Ser	Tyr	
			705					710					715		720	
aag	cct	atc	ggt	tca	agt	cgt	gat	tat	gat	atc	agt	cgt	gtt	gcg	gta	2208
Lys	Pro	Ile	Gly	Ser	Ser	Arg	Asp	Tyr	Asp	Ile	Ser	Arg	Val	Ala	Val	
			725										730		735	
cat	ggt	tgg	cac	aat	aat	gtt	tat	aag	ctc	aac	tta	aat	ctg	caa	gaa	2256
His	Gly	Trp	His	Asn	Asn	Val	Tyr	Lys	Leu	Asn	Leu	Asn	Leu	Gln	Glu	
			740					745					750			
caa	gat	aaa	acc	gat	att	aaa	gtt	gtg	aaa	atg	ggg	gct	atc	cgt	tct	2304
Gln	Asp	Lys	Thr	Asp	Ile	Lys	Val	Val	Lys	Met	Gly	Ala	Ile	Arg	Ser	
			755					760					765			
gat	ggt	gat	ttt	gac	ttt	aag	gga	ata	aag	gcg	aca	tca	tca	gaa	tca	2352
Asp	Gly	Asp	Phe	Asp	Phe	Lys	Gly	Ile	Lys	Ala	Thr	Ser	Ser	Glu	Ser	
			770					775					780			
aaa	ccg	cag	tta	att	aat	cat	gga	tta	att	aat	gtc	aaa	gga	aca	ttt	2400
Lys	Pro	Gln	Leu	Ile	Asn	His	Gly	Leu	Ile	Asn	Val	Lys	Gly	Thr	Phe	
			785					790					795		800	
aat	gcg	gaa	gct	gat	caa	gtg	gtg	aac	caa	atg	aaa	gcg	ttt	aac	caa	2448
Asn	Ala	Glu	Ala	Asp	Gln	Val	Val	Asn	Gln	Met	Lys	Ala	Phe	Asn	Gln	
			805										810		815	
aat	gca	tta	gca	agc	gtg	ttt	aag	aat	cca	gcg	aaa	atc	acg	atg	tac	2496
Asn	Ala	Leu	Ala	Ser	Val	Phe	Lys	Asn	Pro	Ala	Lys	Ile	Thr	Met	Tyr	
			820					825					830			
tat	caa	cca	ctt	act	cgt	tat	att	tgg	aca	cca	tta	tcg	ggt	aat	gca	2544
Tyr	Gln	Pro	Leu	Thr	Arg	Tyr	Ile	Trp	Thr	Pro	Leu	Ser	Gly	Asn	Ala	
			835					840					845			
tcg	cgt	gaa	ttt	aac	aat	tta	gag	tct	ttc	ctc	gat	gcc	ttg	ttt	ggc	2592
Ser	Arg	Glu	Phe	Asn	Asn	Leu	Glu	Ser	Phe	Leu	Asp	Ala	Leu	Phe	Gly	
			850					855					860			
tca	aca	aca	atc	tta	aaa	tca	agt	ttc	tat	agt	acg	gaa	aat	ttt	agt	2640
Ser	Thr	Thr	Ile	Leu	Lys	Ser	Ser	Phe	Tyr	Ser	Thr	Glu	Asn	Phe	Ser	
			865					870					875		880	
gct	tat	cag	ctt	cta	tct	cat	att	cag	cat	tca	cca	atg	tac	caa	aaa	2688
Ala	Tyr	Gln	Leu	Leu	Ser	His	Ile	Gln	His	Ser	Pro	Met	Tyr	Gln	Lys	
			885										890		895	
gcg	atg	gca	caa	gtg	ttt	ggt	gca	gag	tgg	cat	agt	aaa	tcc	tat	gat	2736
Ala	Met	Ala	Gln	Val	Phe	Gly	Ala	Glu	Trp	His	Ser	Lys	Ser	Tyr	Asp	
			900					905					910			
gag	atg	cga	aac	aaa	tgg	aaa	agc	ttt	aaa	gaa	aat	cca	aca	gat	ttc	2784
Glu	Met	Arg	Asn	Lys	Trp	Lys	Ser	Phe	Lys	Glu	Asn	Pro	Thr	Asp	Phe	
			915					920					925			

att tat tac cca tca gaa aaa gca aaa atc cta gcg gga aaa cta gaa	2832
Ile Tyr Tyr Pro Ser Glu Lys Ala Lys Ile Leu Ala Gly Lys Leu Glu	
930 935 940	
ggg aag ctt aca acg cta caa aat ggt gaa tat gcc gaa cgt ggt aag	2880
Gly Lys Leu Thr Thr Leu Gln Asn Gly Glu Tyr Ala Glu Arg Gly Lys	
945 950 955 960	
ttt gat gag agt atc caa att ggt aaa cac caa tta tcg cta cca tca	2928
Phe Asp Glu Ser Ile Gln Ile Gly Lys His Gln Leu Ser Leu Pro Ser	
965 970 975	
gta gag ctt aaa gcg gag ttt agt gat aaa gaa cgt ttg gaa gag gac	2976
Val Glu Leu Lys Ala Glu Phe Ser Asp Lys Glu Arg Leu Glu Glu Asp	
980 985 990	
ggg gta gat tta tcc tcg atc gcc gaa ctc tta gaa atg cca aac tta	3024
Gly Val Asp Leu Ser Ser Ile Ala Glu Leu Leu Glu Met Pro Asn Leu	
995 1000 1005	
ttt att gat aat agt atc caa tta gaa aag aaa aag ttg tct cct att	3072
Phe Ile Asp Asn Ser Ile Gln Leu Glu Lys Lys Lys Leu Ser Pro Ile	
1010 1015 1020	
gag gat cta gat gaa gaa cca cgt aaa aat ctg gat ata gaa gaa agc	3120
Glu Asp Leu Asp Glu Glu Pro Arg Lys Asn Leu Asp Ile Glu Glu Ser	
1025 1030 1035 1040	
cat tct aat tca tcg gat gac gtg ctt agc atg aat gat gat gag tct	3168
His Ser Asn Ser Ser Asp Asp Val Leu Ser Met Asn Asp Asp Glu Ser	
1045 1050 1055	
gat aca gac gat agc aag tgg agt atg ggc aat gat gag aaa gag atg	3216
Asp Thr Asp Asp Ser Lys Trp Ser Met Gly Asn Asp Glu Lys Glu Met	
1060 1065 1070	
ccc gat gat aag ctg ggt ata agt cgt gat gat cgt gga aat aaa cca	3264
Pro Asp Asp Lys Leu Gly Ile Ser Arg Asp Asp Arg Gly Asn Lys Pro	
1075 1080 1085	
cct cgt act gat cct aca gtt gat tat ctt aac cct gat gaa ttc ttt	3312
Pro Arg Thr Asp Pro Thr Val Asp Tyr Leu Asn Pro Asp Glu Phe Phe	
1090 1095 1100	
gaa aat ggt tat ctc ttg aat gag cta cta cag gag ctt gga gaa gag	3360
Glu Asn Gly Tyr Leu Leu Asn Glu Leu Leu Gln Glu Leu Gly Glu Glu	
1105 1110 1115 1120	
ccg tta cta aaa gaa ggg gaa gat cat ttt aaa cgt tct acc aat cta	3408
Pro Leu Leu Lys Glu Gly Glu Asp His Phe Lys Arg Ser Thr Asn Leu	
1125 1130 1135	
gtc cgt cta ggc gag aga gat agg caa aat aga gaa aag aga gaa aaa	3456
Val Arg Leu Gly Glu Arg Asp Arg Gln Asn Arg Glu Lys Arg Glu Lys	
1140 1145 1150	
gag ggg tat ttt gat ctg cct ggt aca tta gat atg aaa ctg cag gag	3504
Glu Gly Tyr Phe Asp Leu Pro Gly Thr Leu Asp Met Lys Leu Gln Glu	
1155 1160 1165	
tta ttc gaa aaa aga aaa caa aaa cac gaa gca gaa cag aaa gca aga	3552
Leu Phe Glu Lys Arg Lys Gln Lys His Glu Ala Glu Gln Lys Ala Arg	
1170 1175 1180	
ata gaa aaa gca ctt cta caa aaa tca gaa caa caa gaa aaa cgt gtt	3600
Ile Glu Lys Ala Leu Leu Gln Lys Ser Glu Gln Gln Glu Lys Arg Val	

1185	1190	1195	1200	
gaa gaa cgt aag caa gag gaa aaa cgt caa gcg caa gat aaa att gct				3648
Glu Glu Arg Lys Gln Glu Glu Lys Arg Gln Ala Gln Asp Lys Ile Ala				
	1205	1210	1215	
aag caa gta gaa att gca aaa gaa atg caa cgg gta gaa gaa att cgc				3696
Lys Gln Val Glu Ile Ala Lys Glu Met Gln Arg Val Glu Glu Ile Arg				
	1220	1225	1230	
cag aga gaa aaa caa ctt gcg atc caa ctg caa gaa gaa gag aag aaa				3744
Gln Arg Glu Lys Gln Leu Ala Ile Gln Leu Gln Glu Glu Glu Lys Lys				
	1235	1240	1245	
caa caa gaa gaa aaa cat tta tcc gag gag aaa aaa caa gct gaa cag				3792
Gln Gln Glu Glu Lys His Leu Ser Glu Glu Lys Lys Gln Ala Glu Gln				
	1250	1255	1260	
aaa caa aaa gct gag gag aaa gtt gca caa gaa aga tta gac att gaa				3840
Lys Gln Lys Ala Glu Glu Lys Val Ala Gln Glu Arg Leu Asp Ile Glu				
1265	1270	1275	1280	
caa cag aaa gcg tat gaa gaa atg gcg aag cga gag gca gag gca tca				3888
Gln Gln Lys Ala Tyr Glu Glu Met Ala Lys Arg Glu Ala Glu Ala Ser				
	1285	1290	1295	
aaa aat gtt tta ttg aaa gcg att gat gaa gaa cgt cca aaa gtg gaa				3936
Lys Asn Val Leu Leu Lys Ala Ile Asp Glu Glu Arg Pro Lys Val Glu				
	1300	1305	1310	
act gat cca ctt ttc cgt aca aaa ttg aaa tat atc aat caa gat gac				3984
Thr Asp Pro Leu Phe Arg Thr Lys Leu Lys Tyr Ile Asn Gln Asp Asp				
	1315	1320	1325	
tat gct ggt gca aat tat ttc ttc aat aaa gtt ggt tta aat aca aaa				4032
Tyr Ala Gly Ala Asn Tyr Phe Phe Asn Lys Val Gly Leu Asn Thr Lys				
	1330	1335	1340	
ggt cat caa aaa gta aat gtg tta ggg gat aac tat ttt gat cat caa				4080
Gly His Gln Lys Val Asn Val Leu Gly Asp Asn Tyr Phe Asp His Gln				
1345	1350	1355	1360	
gtg att act cgc tcg att gag aaa aaa gta gat aac cac ctt aac caa				4128
Val Ile Thr Arg Ser Ile Glu Lys Lys Val Asp Asn His Leu Asn Gln				
	1365	1370	1375	
aaa tac aat ctc agc gat gtg gaa tta gtt aaa cag ctg atg gac aat				4176
Lys Tyr Asn Leu Ser Asp Val Glu Leu Val Lys Gln Leu Met Asp Asn				
	1380	1385	1390	
tcc aca aca caa gcg cag gag ttg gat ttg aaa cta ggt gcg gca tta				4224
Ser Thr Thr Gln Ala Gln Glu Leu Asp Leu Lys Leu Gly Ala Ala Leu				
	1395	1400	1405	
act aaa gaa caa caa gct aac ttg acc caa gat atc gtt tgg tat gtc				4272
Thr Lys Glu Gln Gln Ala Asn Leu Thr Gln Asp Ile Val Trp Tyr Val				
	1410	1415	1420	
aaa acg aag gta aag ggc aaa gat gtg ttt gtt cca aag gtt tat ttc				4320
Lys Thr Lys Val Lys Gly Lys Asp Val Phe Val Pro Lys Val Tyr Phe				
1425	1430	1435	1440	
gct tct gaa acg ctc gta gaa gcc caa aaa tta caa ggt tta ggc act				4368
Ala Ser Glu Thr Leu Val Glu Ala Gln Lys Leu Gln Gly Leu Gly Thr				
	1445	1450	1455	
ggg act atc aga gtt ggt gaa gct aag att aaa gcc aaa gat gtg gtg				4416

Gly Thr Ile Arg Val Gly Glu Ala Lys Ile Lys Ala Lys Asp Val Val
1460 1465 1470
aat acc ggg aca tta gct ggg aga aaa ctc aat gtt gaa gcg agt aat 4464
Asn Thr Gly Thr Leu Ala Gly Arg Lys Leu Asn Val Glu Ala Ser Asn
1475 1480 1485
aaa atc aaa aat caa ggg agt atc tta agt act caa gaa aca cgt tta 4512
Lys Ile Lys Asn Gln Gly Ser Ile Leu Ser Thr Gln Glu Thr Arg Leu
1490 1495 1500
gtc ggg cgt aaa ggt att gaa aac gta tct cgt tca ttt gca aat gat 4560
Val Gly Arg Lys Gly Ile Glu Asn Val Ser Arg Ser Phe Ala Asn Asp
1505 1510 1515 1520
gaa tta gga gtc act gca caa cgc tca gaa atc aaa acg gaa ggt cat 4608
Glu Leu Gly Val Thr Ala Gln Arg Ser Glu Ile Lys Thr Glu Gly His
1525 1530 1535
tta cat ctt gaa aca gat aag gat tca act att gat gta caa gca tcg 4656
Leu His Leu Glu Thr Asp Lys Asp Ser Thr Ile Asp Val Gln Ala Ser
1540 1545 1550
gat att aaa gca aaa aca agc ttt gtg aag act ggt gat gtg aat ctc 4704
Asp Ile Lys Ala Lys Thr Ser Phe Val Lys Thr Gly Asp Val Asn Leu
1555 1560 1565
aaa aat aca tac aat act aaa cat gcc tac cgt gag aaa ttc tcg ccg 4752
Lys Asn Thr Tyr Asn Thr Lys His Ala Tyr Arg Glu Lys Phe Ser Pro
1570 1575 1580
agt gca cta caa gtt gca gaa ctt gat gtg gca ggg ctt aaa gtc cca 4800
Ser Ala Leu Gln Val Ala Glu Leu Asp Val Ala Gly Leu Lys Val Pro
1585 1590 1595 1600
ctt tta ggc gtg tcc gtc tcc atc cag ttt att cag agc ata cta gtg 4848
Leu Leu Gly Val Ser Val Ser Ile Gln Phe Ile Gln Ser Ile Leu Val
1605 1610 1615
agg caa ctt caa gag gga tca atc ttc gaa gta ggg cac tta cat ntt 4896
Arg Gln Leu Gln Glu Gly Ser Ile Phe Glu Val Gly His Leu His Xaa
1620 1625 1630
gcg gta gac aga aga tgt gaa cca agc ggg gag ta 4931
Ala Val Asp Arg Arg Cys Glu Pro Ser Gly Glu
1635 1640
<210> 103
<211> 1643
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida
<220>
<221> misc_feature
<222> 1632
<223> Xaa = any or unknown amino acid
<400> 103
Met Asn Lys Asn Arg Tyr Lys Leu Ile Phe Ser Gln Val Lys Gly Cys
1 5 10 15
Leu Val Pro Val Ala Glu Cys Ile Asn Ser Ala Ile Ser Asn Gly Ser
20 25 30
Ser Asp Ser Thr Ser Thr Ser Glu Gln Val Glu Glu Glu Pro Phe Leu
35 40 45

Leu Glu Gln Tyr Ser Leu Ser Ser Val Ser Leu Leu Val Lys Ser Thr
 50 55 60
 Phe Asn Pro Val Ser Tyr Ala Met Gln Leu Thr Trp Lys Gln Leu Ser
 65 70 75 80
 Ile Leu Phe Leu Thr Val Ile Ser Val Pro Val Leu Ala Glu Gly Lys
 85 90 95
 Gly Asp Glu Arg Asn Gln Leu Thr Val Ile Asp Asn Ser Asp His Ile
 100 105 110
 Lys Leu Asp Ala Ser Asn Leu Ala Gly Asn Asp Lys Thr Lys Ile Tyr
 115 120 125
 Gln Ala Glu Asn Lys Val Leu Val Ile Asp Ile Ala Lys Pro Asn Gly
 130 135 140
 Lys Gly Ile Ser Asp Asn Arg Phe Glu Lys Phe Asn Ile Pro Asn Ser
 145 150 155 160
 Ala Val Phe Asn Asn Asn Gly Thr Glu Ala Gln Ala Arg Ser Thr Leu
 165 170 175
 Ile Gly Tyr Ile Pro Gln Asn Gln Asn Leu Arg Gly Gly Lys Glu Ala
 180 185 190
 Asp Val Ile Leu Asn Gln Val Thr Gly Pro Gln Glu Ser Lys Ile Val
 195 200 205
 Gly Ala Leu Glu Val Leu Gly Lys Lys Ala Asp Ile Val Ile Ala Asn
 210 215 220
 Gln Asn Gly Ile Thr Leu Asn Gly Val Arg Thr Ile Asn Ser Asp Arg
 225 230 235 240
 Phe Val Ala Thr Thr Ser Glu Leu Ile Asp Pro Asn Gln Met Met Leu
 245 250 255
 Lys Val Thr Lys Gly Asn Val Ile Ile Asp Ile Asp Gly Phe Ser Thr
 260 265 270
 Asp Gly Leu Lys Tyr Leu Asp Ile Ile Ala Lys Lys Ile Glu Gln Lys
 275 280 285
 Gln Ser Ile Thr Ser Gly Asp Asn Ser Glu Ala Lys Thr Asp Val Thr
 290 295 300
 Leu Ile Ala Gly Ser Ser Glu Tyr Asp Leu Ser Lys His Glu Leu Lys
 305 310 315 320
 Lys Thr Ser Gly Glu Asn Val Ser Asn Asp Val Ile Ala Ile Thr Gly
 325 330 335
 Ser Ser Thr Gly Ala Met His Gly Lys Asn Ile Lys Leu Ile Val Thr
 340 345 350
 Asp Lys Gly Ala Gly Val Lys His Asp Gly Ile Ile Leu Ser Glu Asn
 355 360 365
 Asp Ile Gln Ile Glu Met Asn lu Gly Asp Leu Glu Leu Gly Asn Thr
 370 375 380
 Ile Gln Gln Thr Val Val Lys Lys Asp Arg Asn Ile Arg Ala Lys Lys
 385 390 395 400
 Lys Ile Glu Val Lys Asn Ala Asn Arg Val Phe Val Gly Ser Gln Thr
 405 410 415
 Lys Ser Asp Glu Ile Ser Leu Glu Ala Lys Gln Val Lys Ile Arg Lys
 420 425 430
 Asn Ala Glu Ile Arg Ser Thr Thr Gln Ala Lys Ile Val Ala Lys Gly
 435 440 445

Ala	Leu	Ser	Ile	Glu	Gln	Asn	Ala	Lys	Leu	Val	Ala	Lys	Lys	Ile	Asp
450						455					460				
Val	Ala	Thr	Glu	Thr	Leu	Thr	Asn	Ala	Gly	Arg	Ile	Tyr	Gly	Arg	Glu
465					470				475						480
Val	Lys	Leu	Asp	Thr	Asn	Asn	Leu	Ile	Asn	Asp	Lys	Glu	Ile	Tyr	Ala
				485					490					495	
Glu	Arg	Lys	Leu	Ser	Ile	Leu	Thr	Lys	Gly	Lys	Asp	Leu	Glu	Ile	Ile
			500					505					510		
Gln	Asp	Arg	Tyr	Leu	Ser	Pro	Leu	Met	Arg	Val	Lys	Ser	Ser	Val	Arg
		515					520					525			
Phe	Leu	Gly	Ser	Pro	Phe	Phe	Ser	Ile	Ser	Pro	Ser	Met	Leu	Ala	Ser
530						535					540				
Leu	Ser	Ala	Gln	Phe	Lys	Pro	Gly	Phe	Val	Asn	Lys	Gly	Leu	Ile	Glu
545					550					555					560
Ser	Ala	Gly	Ser	Ala	Glu	Leu	Thr	Phe	Lys	Glu	Lys	Thr	Ser	Phe	Leu
				565					570					575	
Thr	Glu	Gly	Asn	Asn	Phe	Ile	Arg	Ala	Lys	Asp	Ala	Leu	Thr	Ile	Asn
			580					585						590	
Ala	Gln	Asn	Ile	Glu	Ile	Asp	Lys	Asn	Gln	Asp	Ile	Gln	Leu	Gly	Ala
		595					600					605			
Asn	Ile	Thr	Leu	Asn	Val	Glu	Glu	Asn	Phe	Val	Asn	Arg	Ala	Gly	Thr
610						615					620				
Leu	Ala	Thr	Gly	Lys	Thr	Leu	Thr	Ile	Asn	Thr	Glu	Ser	Gly	Ser	Ile
625					630					635					640
Tyr	Asn	Leu	Gly	Gly	Thr	Leu	Gly	Ala	Gly	Lys	Ser	Leu	Lys	Leu	Thr
				645					650					655	
Ala	Lys	Ser	Thr	Glu	Glu	Gly	Met	Gly	Asn	Ile	Val	Asn	Gln	Glu	Asn
			660					665					670		
Gly	Leu	Phe	His	Thr	Leu	Gly	Asn	Met	Met	Leu	Glu	Ala	Glu	Arg	Ser
		675					680					685			
Val	Tyr	Asn	Ile	Gly	Asp	Ile	Tyr	Ala	Ser	Lys	Lys	Leu	Thr	Val	His
690						695					700				
Thr	His	Asn	Leu	Ile	Asn	Asp	Val	Arg	Leu	Ser	Gly	Asn	Val	Ser	Tyr
705					710					715					720
Lys	Pro	Ile	Gly	Ser	Ser	Arg	Asp	Tyr	Asp	Ile	Ser	Arg	Val	Ala	Val
				725					730					735	
His	Gly	Trp	His	Asn	Asn	Val	Tyr	Lys	Leu	Asn	Leu	Asn	Leu	Gln	Glu
			740					745						750	
Gln	Asp	Lys	Thr	Asp	Ile	Lys	Val	Val	Lys	Met	Gly	Ala	Ile	Arg	Ser
		755					760					765			
Asp	Gly	Asp	Phe	Asp	Phe	Lys	Gly	Ile	Lys	Ala	Thr	Ser	Ser	Glu	Ser
770						775						780			
Lys	Pro	Gln	Leu	Ile	Asn	His	Gly	Leu	Ile	Asn	Val	Lys	Gly	Thr	Phe
785					790					795					800
Asn	Ala	Glu	Ala	Asp	Gln	Val	Val	Asn	Gln	Met	Lys	Ala	Phe	Asn	Gln
				805					810					815	
Asn	Ala	Leu	Ala	Ser	Val	Phe	Lys	Asn	Pro	Ala	Lys	Ile	Thr	Met	Tyr
			820					825					830		
Tyr	Gln	Pro	Leu	Thr	Arg	Tyr	Ile	Trp	Thr	Pro	Leu	Ser	Gly	Asn	Ala
		835					840						845		

Ser Arg Glu Phe Asn Asn Leu Glu Ser Phe Leu Asp Ala Leu Phe Gly
 850 855 860
 Ser Thr Thr Ile Leu Lys Ser Ser Phe Tyr Ser Thr Glu Asn Phe Ser
 865 870 875 880
 Ala Tyr Gln Leu Leu Ser His Ile Gln His Ser Pro Met Tyr Gln Lys
 885 890 895
 Ala Met Ala Gln Val Phe Gly Ala Glu Trp His Ser Lys Ser Tyr Asp
 900 905 910
 Glu Met Arg Asn Lys Trp Lys Ser Phe Lys Glu Asn Pro Thr Asp Phe
 915 920 925
 Ile Tyr Tyr Pro Ser Glu Lys Ala Lys Ile Leu Ala Gly Lys Leu Glu
 930 935 940
 Gly Lys Leu Thr Thr Leu Gln Asn Gly Glu Tyr Ala Glu Arg Gly Lys
 945 950 955 960
 Phe Asp Glu Ser Ile Gln Ile Gly Lys His Gln Leu Ser Leu Pro Ser
 965 970 975
 Val Glu Leu Lys Ala Glu Phe Ser Asp Lys Glu Arg Leu Glu Glu Asp
 980 985 990
 Gly Val Asp Leu Ser Ser Ile Ala Glu Leu Leu Glu Met Pro Asn Leu
 995 1000 1005
 Phe Ile Asp Asn Ser Ile Gln Leu Glu Lys Lys Lys Leu Ser Pro Ile
 1010 1015 1020
 Glu Asp Leu Asp Glu Glu Pro Arg Lys Asn Leu Asp Ile Glu Glu Ser
 1025 1030 1035 1040
 His Ser Asn Ser Ser Asp Asp Val Leu Ser Met Asn Asp Asp Glu Ser
 1045 1050 1055
 Asp Thr Asp Asp Ser Lys Trp Ser Met Gly Asn Asp Glu Lys Glu Met
 1060 1065 1070
 Pro Asp Asp Lys Leu Gly Ile Ser Arg Asp Asp Arg Gly Asn Lys Pro
 1075 1080 1085
 Pro Arg Thr Asp Pro Thr Val Asp Tyr Leu Asn Pro Asp Glu Phe Phe
 1090 1095 1100
 Glu Asn Gly Tyr Leu Leu Asn Glu Leu Leu Gln Glu Leu Gly Glu Glu
 1105 1110 1115 1120
 Pro Leu Leu Lys Glu Gly Glu Asp His Phe Lys Arg Ser Thr Asn Leu
 1125 1130 1135
 Val Arg Leu Gly Glu Arg Asp Arg Gln Asn Arg Glu Lys Arg Glu Lys
 1140 1145 1150
 Glu Gly Tyr Phe Asp Leu Pro Gly Thr Leu Asp Met Lys Leu Gln Glu
 1155 1160 1165
 Leu Phe Glu Lys Arg Lys Gln Lys His Glu Ala Glu Gln Lys Ala Arg
 1170 1175 1180
 Ile Glu Lys Ala Leu Leu Gln Lys Ser Glu Gln Gln Glu Lys Arg Val
 1185 1190 1195 1200
 Glu Glu Arg Lys Gln Glu Glu Lys Arg Gln Ala Gln Asp Lys Ile Ala
 1205 1210 1215
 Lys Gln Val Glu Ile Ala Lys Glu Met Gln Arg Val Glu Glu Ile Arg
 1220 1225 1230
 Gln Arg Glu Lys Gln Leu Ala Ile Gln Leu Gln Glu Glu Glu Lys Lys
 1235 1240 1245

Gln Gln Glu Glu Lys His Leu Ser Glu Glu Lys Lys Gln Ala Glu Gln
 1250 1255 1260
 Lys Gln Lys Ala Glu Glu Lys Val Ala Gln Glu Arg Leu Asp Ile Glu
 1265 1270 1275 1280
 Gln Gln Lys Ala Tyr Glu Glu Met Ala Lys Arg Glu Ala Glu Ala Ser
 1285 1290 1295
 Lys Asn Val Leu Leu Lys Ala Ile Asp Glu Glu Arg Pro Lys Val Glu
 1300 1305 1310
 Thr Asp Pro Leu Phe Arg Thr Lys Leu Lys Tyr Ile Asn Gln Asp Asp
 1315 1320 1325
 Tyr Ala Gly Ala Asn Tyr Phe Phe Asn Lys Val Gly Leu Asn Thr Lys
 1330 1335 1340
 Gly His Gln Lys Val Asn Val Leu Gly Asp Asn Tyr Phe Asp His Gln
 1345 1350 1355 1360
 Val Ile Thr Arg Ser Ile Glu Lys Lys Val Asp Asn His Leu Asn Gln
 1365 1370 1375
 Lys Tyr Asn Leu Ser Asp Val Glu Leu Val Lys Gln Leu Met Asp Asn
 1380 1385 1390
 Ser Thr Thr Gln Ala Gln Glu Leu Asp Leu Lys Leu Gly Ala Ala Leu
 1395 1400 1405
 Thr Lys Glu Gln Gln Ala Asn Leu Thr Gln Asp Ile Val Trp Tyr Val
 1410 1415 1420
 Lys Thr Lys Val Lys Gly Lys Asp Val Phe Val Pro Lys Val Tyr Phe
 1425 1430 1435 1440
 Ala Ser Glu Thr Leu Val Glu Ala Gln Lys Leu Gln Gly Leu Gly Thr
 1445 1450 1455
 Gly Thr Ile Arg Val Gly Glu Ala Lys Ile Lys Ala Lys Asp Val Val
 1460 1465 1470
 Asn Thr Gly Thr Leu Ala Gly Arg Lys Leu Asn Val Glu Ala Ser Asn
 1475 1480 1485
 Lys Ile Lys Asn Gln Gly Ser Ile Leu Ser Thr Gln Glu Thr Arg Leu
 1490 1495 1500
 Val Gly Arg Lys Gly Ile Glu Asn Val Ser Arg Ser Phe Ala Asn Asp
 1505 1510 1515 1520
 Glu Leu Gly Val Thr Ala Gln Arg Ser Glu Ile Lys Thr Glu Gly His
 1525 1530 1535
 Leu His Leu Glu Thr Asp Lys Asp Ser Thr Ile Asp Val Gln Ala Ser
 1540 1545 1550
 Asp Ile Lys Ala Lys Thr Ser Phe Val Lys Thr Gly Asp Val Asn Leu
 1555 1560 1565
 Lys Asn Thr Tyr Asn Thr Lys His Ala Tyr Arg Glu Lys Phe Ser Pro
 1570 1575 1580
 Ser Ala Leu Gln Val Ala Glu Leu Asp Val Ala Gly Leu Lys Val Pro
 1585 1590 1595 1600
 Leu Leu Gly Val Ser Val Ser Ile Gln Phe Ile Gln Ser Ile Leu Val
 1605 1610 1615
 Arg Gln Leu Gln Glu Gly Ser Ile Phe Glu Val Gly His Leu His Xaa
 1620 1625 1630
 Ala Val Asp Arg Arg Cys Glu Pro Ser Gly Glu
 1635 1640

<210> 104
 <211> 2009
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida
 <220>
 <223> hmbR
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(2007)
 <400> 104

```

atc cgt ggc gtt gat aaa gat cgt gtc gct gtt att gtt gat gga ata 48
Ile Arg Gly Val Asp Lys Asp Arg Val Ala Val Ile Val Asp Gly Ile
    1             5             10            15
ccg cag gct gaa tcg act ata tct act tcc gca cgt tat tcg act gaa 96
Pro Gln Ala Glu Ser Thr Ile Ser Thr Ser Ala Arg Tyr Ser Thr Glu
            20            25            30
cgt cat aat ggt aat att aat aat att gaa tac gaa aat gtt agt tcg 144
Arg His Asn Gly Asn Ile Asn Asn Ile Glu Tyr Glu Asn Val Ser Ser
            35            40            45
ttg aaa gtt caa aaa ggg gca gct tct gta atg tat ggt agc ggt gcg 192
Leu Lys Val Gln Lys Gly Ala Ala Ser Val Met Tyr Gly Ser Gly Ala
    50            55            60
tta ggt gga acc gtg gag ttt acc aca aaa gat att gag gac ttt gtc 240
Leu Gly Gly Thr Val Glu Phe Thr Thr Lys Asp Ile Glu Asp Phe Val
    65            70            75            80
gaa cct ggt cgc cat ttg ggc ttt ttg tct aaa acc ggc tat act tca 288
Glu Pro Gly Arg His Leu Gly Phe Leu Ser Lys Thr Gly Tyr Thr Ser
            85            90            95
aaa aac aga gaa tat cgt caa gtc atc gga gtt gga ggg aaa ggg gaa 336
Lys Asn Arg Glu Tyr Arg Gln Val Ile Gly Val Gly Gly Lys Gly Glu
            100           105           110
cac ttt ttt ggt ttt gta caa tta acc aaa cgt tgg ggg cat gaa aca 384
His Phe Phe Gly Phe Val Gln Leu Thr Lys Arg Trp Gly His Glu Thr
            115           120           125
atc aac aac ggc aaa ggt aca gac att ctc ggc gaa cat cga ggt aaa 432
Ile Asn Asn Gly Lys Gly Thr Asp Ile Leu Gly Glu His Arg Gly Lys
            130           135           140
ccc aat ccg ctc aac tac tat act aca tca tgg tta acg aaa gtc ggt 480
Pro Asn Pro Leu Asn Tyr Tyr Thr Thr Ser Trp Leu Thr Lys Val Gly
            145           150           155           160
tac gat att aat aac act cat cgt ttt aca ctg ttt tta gaa gat cgc 528
Tyr Asp Ile Asn Asn Thr His Arg Phe Thr Leu Phe Leu Glu Asp Arg
            165           170           175
cgt gaa aag aag ctt acc gaa gaa aaa aca tta ggg ctt agt gat gca 576
Arg Glu Lys Lys Leu Thr Glu Glu Lys Thr Leu Gly Leu Ser Asp Ala
            180           185           190
gtg cgt ttt gct aat gat caa acc cct tat ctc cgt tat ggt att gaa 624
Val Arg Phe Ala Asn Asp Gln Thr Pro Tyr Leu Arg Tyr Gly Ile Glu
            195           200           205
tat cga tat aac ggc ttg tct tgg ttg gaa acg gta aag ctt ttt ttg 672
    
```

Tyr	Arg	Tyr	Asn	Gly	Leu	Ser	Trp	Leu	Glu	Thr	Val	Lys	Leu	Phe	Leu	
210						215					220					
gca	aag	cag	aaa	atc	gaa	caa	cgt	tct	gct	ctc	caa	gag	ttt	gat	att	720
Ala	Lys	Gln	Lys	Ile	Glu	Gln	Arg	Ser	Ala	Leu	Gln	Glu	Phe	Asp	Ile	
225					230					235					240	
aat	aat	agg	aat	aaa	ttg	gat	tcg	act	atg	tcg	ttt	gta	tat	tta	caa	768
Asn	Asn	Arg	Asn	Lys	Leu	Asp	Ser	Thr	Met	Ser	Phe	Val	Tyr	Leu	Gln	
				245					250					255		
aga	cag	aat	ata	gct	cgg	gga	gaa	ttt	tca	acg	agt	cct	tta	tat	tgg	816
Arg	Gln	Asn	Ile	Ala	Arg	Gly	Glu	Phe	Ser	Thr	Ser	Pro	Leu	Tyr	Trp	
			260					265					270			
ggg	ccg	agt	cgc	cat	cgt	tta	tct	gcg	aaa	ttc	gaa	ttt	cgt	gat	aag	864
Gly	Pro	Ser	Arg	His	Arg	Leu	Ser	Ala	Lys	Phe	Glu	Phe	Arg	Asp	Lys	
		275					280				285					
ttt	tta	gaa	aat	atg	aat	aag	cat	ttt	acg	ttt	cgg	ccg	tgg	caa	atc	912
Phe	Leu	Glu	Asn	Met	Asn	Lys	His	Phe	Thr	Phe	Arg	Pro	Trp	Gln	Ile	
		290				295				300						
aat	aga	ttc	aga	caa	caa	ggt	cga	aat	aac	tat	aca	gaa	gtg	ttt	ccc	960
Asn	Arg	Phe	Arg	Gln	Gln	Gly	Arg	Asn	Asn	Tyr	Thr	Glu	Val	Phe	Pro	
305					310					315					320	
gtt	aaa	tcc	cga	gag	ttt	tct	ttt	tct	ctt	atg	gac	gac	att	aag	att	1008
Val	Lys	Ser	Arg	Glu	Phe	Ser	Phe	Ser	Leu	Met	Asp	Asp	Ile	Lys	Ile	
			325					330			335					
ggc	gaa	ttg	cta	cat	ctc	gga	ttg	ggc	ggt	cgg	tgg	gat	cac	tat	aac	1056
Gly	Glu		Leu	Leu	His	Leu	Gly	Leu	Gly	Gly	Arg	Trp	Asp	His	Tyr	Asn
			340					345					350			
tat	aag	cca	tta	tta	aat	tct	cag	cat	aat	atc	aac	agg	aca	cag	aga	1104
Tyr	Lys	Pro	Leu	Leu	Asn	Ser	Gln	His	Asn	Ile	Asn	Arg	Thr	Gln	Arg	
		355					360				365					
tta	cct	tat	cca	aaa	aca	tca	tcc	aaa	ttt	tcg	tat	caa	ttg	agt	tta	1152
Leu	Pro	Tyr	Pro	Lys	Thr	Ser	Ser	Lys	Phe	Ser	Tyr	Gln	Leu	Ser	Leu	
		370				375				380						
gag	tat	caa	tta	cat	cca	tca	cat	caa	att	gca	tac	cgt	tta	agt	acc	1200
Glu	Tyr	Gln	Leu	His	Pro	Ser	His	Gln	Ile	Ala	Tyr	Arg	Leu	Ser	Thr	
385					390					395					400	
ggt	ttt	agg	gtt	ccc	cgt	gtt	gaa	gat	ctt	tat	ttt	gaa	gac	cga	gga	1248
Gly	Phe	Arg	Val	Pro	Arg	Val	Glu	Asp	Leu	Tyr	Phe	Glu	Asp	Arg	Gly	
			405					410						415		
aaa	agt	tct	tca	caa	ttt	ctt	cct	aac	ccc	gat	cta	caa	ccg	gaa	act	1296
Lys	Ser	Ser	Ser	Gln	Phe	Leu	Pro	Asn	Pro	Asp	Leu	Gln	Pro	Glu	Thr	
			420					425					430			
gca	ctg	aat	cat	gaa	ata	agt	tac	cgt	ttc	caa	aat	caa	tat	gcc	cat	1344
Ala	Leu	Asn	His	Glu	Ile	Ser	Tyr	Arg	Phe	Gln	Asn	Gln	Tyr	Ala	His	
		435					440						445			
ttc	agc	gtc	ggg	ctt	ttc	cgt	aca	cgt	tat	cat	aac	ttt	att	caa	gaa	1392
Phe	Ser	Val	Gly	Leu	Phe	Arg	Thr	Arg	Tyr	His	Asn	Phe	Ile	Gln	Glu	
		450				455				460						
cgt	gag	atg	acc	tgt	gat	aaa	att	cca	tat	gag	tat	aat	agg	act	tat	1440
Arg	Glu	Met	Thr	Cys	Asp	Lys	Ile	Pro	Tyr	Glu	Tyr	Asn	Arg	Thr	Tyr	
465					470					475					480	

gga tat tgc acg cat aat act tat gta atg ttt gtt aat gaa cct gaa 1488
 Gly Tyr Cys Thr His Asn Thr Tyr Val Met Phe Val Asn Glu Pro Glu
 485 490 495
 gcc gtg att aaa ggg gtt gaa gta agc ggt gct tta aat ggg tcg gca 1536
 Ala Val Ile Lys Gly Val Glu Val Ser Gly Ala Leu Asn Gly Ser Ala
 500 505 510
 ttc gga ctt tcc gac ggt tta act ttc cgt ctc aaa ggg agc tac agc 1584
 Phe Gly Leu Ser Asp Gly Leu Thr Phe Arg Leu Lys Gly Ser Tyr Ser
 515 520 525
 aaa ggt caa aat cat gac ggc gat ccg tta aaa tct att caa cca tgg 1632
 Lys Gly Gln Asn His Asp Gly Asp Pro Leu Lys Ser Ile Gln Pro Trp
 530 535 540
 aca gtg gta acc ggt att gat tac gaa act gaa ggg tgg agc gtg agt 1680
 Thr Val Val Thr Gly Ile Asp Tyr Glu Thr Glu Gly Trp Ser Val Ser
 545 550 555 560
 ttg agc ggg cgt tat agt gcg gct aaa aaa gcc aaa gat gcg ata gaa 1728
 Leu Ser Gly Arg Tyr Ser Ala Ala Lys Lys Ala Lys Asp Ala Ile Glu
 565 570 575
 acg gaa tac aca cat gat aaa aag gtt gtc aaa caa tgg ccg cat tta 1776
 Thr Glu Tyr Thr His Asp Lys Lys Val Val Lys Gln Trp Pro His Leu
 580 585 590
 agt cca tcc tac ttt gtt gtt gat ttt acg ggg caa gtt aac ctc agt 1824
 Ser Pro Ser Tyr Phe Val Val Asp Phe Thr Gly Gln Val Asn Leu Ser
 595 600 605
 aaa aat gtc att ttg aat atg ggg gta ttt aac ttg ttc aat cgt gat 1872
 Lys Asn Val Ile Leu Asn Met Gly Val Phe Asn Leu Phe Asn Arg Asp
 610 615 620
 tat atg acg tgg gac agt gca tat aac ttg ttt act agg ggg tat act 1920
 Tyr Met Thr Trp Asp Ser Ala Tyr Asn Leu Phe Thr Arg Gly Tyr Thr
 625 630 635 640
 tcc cgt tct gtc cgt gct aac agc cca ggc att aat cgg ttt acc gca 1968
 Ser Arg Ser Val Arg Ala Asn Ser Pro Gly Ile Asn Arg Phe Thr Ala
 645 650 655
 cca aaa cgt aat ttt gct gcc tcg gtg gaa att cgt ttt ta 2009
 Pro Lys Arg Asn Phe Ala Ala Ser Val Glu Ile Arg Phe
 660 665

<210> 105

<211> 669

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 105

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

65		70		75		80									
Glu	Pro	Gly	Arg	His	Leu	Gly	Phe	Leu	Ser	Lys	Thr	Gly	Tyr	Thr	Ser
				85					90					95	
Lys	Asn	Arg	Glu	Tyr	Arg	Gln	Val	Ile	Gly	Val	Gly	Gly	Lys	Gly	Gl
			100					105					110		
His	Phe	Phe	Gly	Phe	Val	Gln	Leu	Thr	Lys	Arg	Trp	Gly	His	Glu	Thr
		115					120					125			
Ile	Asn	Asn	Gly	Lys	Gly	Thr	Asp	Ile	Leu	Gly	Glu	His	Arg	Gly	Lys
	130					135				140					
Pro	Asn	Pro	Leu	Asn	Tyr	Tyr	Thr	Thr	Ser	Trp	Leu	Thr	Lys	Val	Gly
145					150				155					160	
Tyr	Asp	Ile	Asn	Asn	Thr	His	Arg	Phe	Thr	Leu	Phe	Leu	Glu	Asp	Arg
			165						170				175		
Arg	Glu	Lys	Lys	Leu	Thr	Glu	Glu	Lys	Thr	Leu	Gly	Leu	Ser	Asp	Ala
			180					185					190		
Val	Arg	Phe	Ala	Asn	Asp	Gln	Thr	Pro	Tyr	Leu	Arg	Tyr	Gly	Ile	Glu
	195					200						205			
Tyr	Arg	Tyr	Asn	Gly	Leu	Ser	Trp	Leu	Glu	Thr	Val	Lys	Leu	Phe	Leu
	210					215					220				
Ala	Lys	Gln	Lys	Ile	Glu	Gln	Arg	Ser	Ala	Leu	Gln	Glu	Phe	Asp	Ile
225					230				235					240	
Asn	Asn	Arg	Asn	Lys	Leu	Asp	Ser	Thr	Met	Ser	Phe	Val	Tyr	Leu	Gln
			245						250				255		
Arg	Gln	Asn	Ile	Ala	Arg	Gly	Glu	Phe	Ser	Thr	Ser	Pro	Leu	Tyr	Trp
		260						265					270		
Gly	Pro	Ser	Arg	His	Arg	Leu	Ser	Ala	Lys	Phe	Glu	Phe	Arg	Asp	Lys
	275						280					285			
Phe	Leu	Glu	Asn	Met	Asn	Lys	His	Phe	Thr	Phe	Arg	Pro	Trp	Gln	Ile
	290					295				300					
Asn	Arg	Phe	Arg	Gln	Gln	Gly	Arg	Asn	Asn	Tyr	Thr	Glu	Val	Phe	Pro
305					310				315					320	
Val	Lys	Ser	Arg	Glu	Phe	Ser	Phe	Ser	Leu	Met	Asp	Asp	Ile	Lys	Ile
			325						330				335		
Gly	Glu	Leu	Leu	His	Leu	Gly	Leu	Gly	Gly	Arg	Trp	Asp	His	Tyr	Asn
			340					345				350			
Tyr	Lys	Pro	Leu	Leu	Asn	Ser	Gln	His	Asn	Ile	Asn	Arg	Thr	Gln	Arg
		355					360					365			
Leu	Pro	Tyr	Pro	Lys	Thr	Ser	Ser	Lys	Phe	Ser	Tyr	Gln	Leu	Ser	Leu
	370					375					380				
Glu	Tyr	Gln	Leu	His	Pro	Ser	His	Gln	Ile	Ala	Tyr	Arg	Leu	Ser	Thr
385					390				395					400	
Gly	Phe	Arg	Val	Pro	Arg	Val	Glu	Asp	Leu	Tyr	Phe	Glu	Asp	Arg	Gly
			405					410				415			
Lys	Ser	Ser	Ser	Gln	Phe	Leu	Pro	Asn	Pro	Asp	Leu	Gln	Pro	Glu	Thr
			420					425				430			
Ala	Leu	Asn	His	Glu	Ile	Ser	Tyr	Arg	Phe	Gln	Asn	Gln	Tyr	Ala	His
	435						440					445			
Phe	Ser	Val	Gly	Leu	Phe	Arg	Thr	Arg	Tyr	His	Asn	Phe	Ile	Gln	Glu
	450					455				460					
Arg	Glu	Met	Thr	Cys	Asp	Lys	Ile	Pro	Tyr	Glu	Tyr	Asn	Arg	Thr	Tyr

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

<210> 106

<211> 908

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<223> lgtC

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(906)

<400> 106

atg aat att tta ttt gtt tct gat gat gtt tat gct aaa cat ctg gtg	48
Met Asn Ile Leu Phe Val Ser Asp Asp Val Tyr Ala Lys His Leu Val	
1 5 10 15	
gtt gcg att aaa agc att ata aat cat aat gaa aaa ggt att tca ttt	96
Val Ala Ile Lys Ser Ile Ile Asn His Asn Glu Lys Gly Ile Ser Phe	
20 25 30	
tat att ttt gat ttg ggt ata aag gat gaa aat aag aga aat att aat	144
Tyr Ile Phe Asp Leu Gly Ile Lys Asp Glu Asn Lys Arg Asn Ile Asn	
35 40 45	
gat att gtt tct tct tat gga agt gaa gtc aac ttt att gct gtg aat	192
Asp Ile Val Ser Ser Tyr Gly Ser Glu Val Asn Phe Ile Ala Val Asn	
50 55 60	
gag aaa gaa ttt gag agt ttt cct gtt caa att agt tat att tct tta	240
Glu Lys Glu Phe Glu Ser Phe Pro Val Gln Ile Ser Tyr Ile Ser Leu	
65 70 75 80	

gca aca tat gca agg cta aaa gcg gca gag tat ttg ccg gat aat tta	288
Ala Thr Tyr Ala Arg Leu Lys Ala Ala Glu Tyr Leu Pro Asp Asn Leu	
85 90 95	
aat aaa att att tat tta gat gtt gat gtt ttg gtt ttt aac tca tta	336
Asn Lys Ile Ile Tyr Leu Asp Val Asp Val Leu Val Phe Asn Ser Leu	
100 105 110	
gaa atg tta tgg aat gtt gat gtt aat aat ttt ctt acc gca gcc tgt	384
Glu Met Leu Trp Asn Val Asp Val Asn Asn Phe Leu Thr Ala Ala Cys	
115 120 125	
tat gat tct ttc atc gaa aat gaa aag tct gag cat aaa aaa tcg att	432
Tyr Asp Ser Phe Ile Glu Asn Glu Lys Ser Glu His Lys Lys Ser Ile	
130 135 140	
tca atg tca gat aag gaa tat tat ttt aat gca gga gta atg cta ttt	480
Ser Met Ser Asp Lys Glu Tyr Tyr Phe Asn Ala Gly Val Met Leu Phe	
145 150 155 160	
aat tta gat gaa tgg cgg aag atg gat gta ttc tca aga gct tta gac	528
Asn Leu Asp Glu Trp Arg Lys Met Asp Val Phe Ser Arg Ala Leu Asp	
165 170 175	
ctg tta gct atg tat cct aat caa atg att tat cag gat caa gat ata	576
Leu Leu Ala Met Tyr Pro Asn Gln Met Ile Tyr Gln Asp Gln Asp Ile	
180 185 190	
ttg aat atc ctt ttt agg aat aaa gtc tgt tat tta gat tgc aga ttt	624
Leu Asn Ile Leu Phe Arg Asn Lys Val Cys Tyr Leu Asp Cys Arg Phe	
195 200 205	
aat ttc atg cca aat caa ctt gaa aga ata aaa caa tac cat aaa gga	672
Asn Phe Met Pro Asn Gln Leu Glu Arg Ile Lys Gln Tyr His Lys Gly	
210 215 220	
aaa ttg agc aac tta cat tct tta gaa aaa aca acg atg cct gtc gtt	720
Lys Leu Ser Asn Leu His Ser Leu Glu Lys Thr Thr Met Pro Val Val	
225 230 235 240	
att tca cat tat tgt ggt cca gaa aaa gcg tgg cat gcg gat tgt aaa	768
Ile Ser His Tyr Cys Gly Pro Glu Lys Ala Trp His Ala Asp Cys Lys	
245 250 255	
cat ttt aat gta tat ttc tat cag aaa ata tta gca gaa ata acg aga	816
His Phe Asn Val Tyr Phe Tyr Gln Lys Ile Leu Ala Glu Ile Thr Arg	
260 265 270	
ggc acg gat aaa gaa cgc gta tta tct ata aaa act tat ctc aag gcc	864
Gly Thr Asp Lys Glu Arg Val Leu Ser Ile Lys Thr Tyr Leu Lys Ala	
275 280 285	
ttg att aga agg att aga tat aaa ttc aaa tat caa gtc tat ta	908
Leu Ile Arg Arg Ile Arg Tyr Lys Phe Lys Tyr Gln Val Tyr	
290 295 300	
<210> 107	
<211> 302	
<212> PRT	
<213> Pasteurella multocida	
<400> 107	
Met Asn Ile Leu Phe Val Ser Asp Asp Val Tyr Ala Lys His Leu Val	
1 5 10 15	
Val Ala Ile Lys Ser Ile Ile Asn His Asn Glu Lys Gly Ile Ser Phe	

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

<210> 108

<211> 2054

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

 $\langle 220 \rangle$

<223> pnp

$\langle 220 \rangle$

<221> CDS

<222> (1) . . (2052)

<400> 108

atg gca agt atg gat gat act act gtg ttt gtc aca gtg gtt gcc aaa 48

Met Ala Ser Met Asp Asp Thr Thr Val Phe Val Thr Val Val Ala Lys

1 5 10 15

aaa gat gtg aaa gaa ggt caa gac ttc ttc cca tta act gtt aac tat 96

Lys Asp Val Lys Glu Gly Gln Asp Phe Phe Pro Leu Thr Val Asn Tyr

20					25					30									
caa	gag	cgt	act	tat	gct	gca	ggc	cgt	att	cct	ggt	ggc	ttt	ttc	aaa	144			
Gln	Glu	Arg	Thr	Tyr	Ala	Ala	Gly	Arg	Ile	Pro	Gly	Gly	Phe	Phe	Lys				
35					40					45									
cgt	gaa	ggt	cgt	cct	tct	gaa	ggc	gaa	act	tta	att	gct	cgt	tta	att	192			
Arg	Glu	Gly	Arg	Pro	Ser	Glu	Gly	Glu	Thr	Leu	Ile	Ala	Arg	Leu	Ile				
50					55					60									
gac	cgt	cca	att	cgt	cct	ctt	ttc	cca	gaa	ggt	ttt	tat	aac	gaa	atc	240			
Asp	Arg	Pro	Ile	Arg	Pro	Leu	Phe	Pro	Glu	Gly	Phe	Tyr	Asn	Glu	Ile				
65					70					75					80				
caa	atc	gtg	gcg	aca	gtg	gtg	tct	gtt	aat	ccg	caa	att	tgt	cca	gat	288			
Gln	Ile	Val	Ala	Thr	Val	Val	Ser	Val	Asn	Pro	Gln	Ile	Cys	Pro	Asp				
85					90					95									
tta	gtg	gca	atg	atc	ggt	gca	tct	gcg	gca	ctt	tct	tta	tca	ggt	gtg	336			
Leu	Val	Ala	Met	Ile	Gly	Ala	Ser	Ala	Ala	Leu	Ser	Leu	Ser	Gly	Val				
100					105					110									
cca	ttt	aat	ggc	cct	atc	ggt	gcg	gca	cgt	gtt	ggt	ttt	att	gat	gat	384			
Pro	Phe	Asn	Gly	Pro	Ile	Gly	Ala	Ala	Arg	Val	Gly	Phe	Ile	Asp	Asp				
115					120					125									
caa	ttt	gtg	tta	aac	cca	acc	atg	aac	gag	caa	aaa	caa	agc	cgt	tta	432			
Gln	Phe	Val	Leu	Asn	Pro	Thr	Met	Asn	Glu	Gln	Lys	Gln	Ser	Arg	Leu				
130					135					140									
gac	ttg	gtt	gtc	gcg	gga	aca	gat	aaa	gcg	gtg	tta	atg	gtg	gaa	tct	480			
Asp	Leu	Val	Val	Ala	Gly	Thr	Asp	Lys	Ala	Val	Leu	Met	Val	Glu	Ser				
145					150					155					160				
gaa	gcc	gat	gta	tta	acc	gaa	gaa	caa	atg	tta	gct	gcg	gtg	gtg	ttt	528			
Glu	Ala	Asp	Val	Leu	Thr	Glu	Glu	Gln	Met	Leu	Ala	Ala	Val	Val	Phe				
165					170					175									
ggt	cat	cag	caa	caa	caa	gtg	gtg	att	gac	gcg	atc	aaa	gaa	ttt	acc	576			
Gly	His	Gln	Gln	Gln	Gln	Val	Val	Ile	Asp	Ala	Ile	Lys	Glu	Phe	Thr				
180					185					190									
gca	gaa	gcc	ggt	aaa	ccg	cgt	tgg	gat	tgg	gtg	gca	cct	gaa	cca	aat	624			
Ala	Glu	Ala	Gly	Lys	Pro	Arg	Trp	Asp	Trp	Val	Ala	Pro	Glu	Pro	Asn				
195					200					205									
acc	gcg	tta	att	gaa	aaa	gtg	aaa	gcg	att	gca	gaa	gcg	cgt	tta	ggc	672			
Thr	Ala	Leu	Ile	Glu	Lys	Val	Lys	Ala	Ile	Ala	Glu	Ala	Arg	Leu	Gly				
210					215					220									
gaa	gca	tac	cgt	atc	act	gaa	aaa	caa	gca	cgt	tat	gaa	caa	att	gat	720			
Glu	Ala	Tyr	Arg	Ile	Thr	Glu	Lys	Gln	Ala	Arg	Tyr	Glu	Gln	Ile	Asp				
225					230					235					240				
gcg	att	aaa	gct	gat	gtg	att	gca	caa	atc	aca	gct	gaa	gta	gca	gaa	768			
Ala	Ile	Lys	Ala	Asp	Val	Ile	Ala	Gln	Ile	Thr	Ala	Glu	Val	Ala	Glu				
245					250					255									
ggc	gaa	gac	atc	agt	gaa	ggg	aaa	att	gtc	gat	att	ttc	acc	gca	ctt	816			
Gly	Glu	Asp	Ile	Ser	Glu	Gly	Lys	Ile	Val	Asp	Ile	Phe	Thr	Ala	Leu				
260					265					270									
gaa	agc	caa	atc	gta	cgt	agc	cgt	atc	att	gct	ggt	gaa	cca	cgt	att	864			
Glu	Ser	Gln	Ile	Val	Arg	Ser	Arg	Ile	Ile	Ala	Gly	Glu	Pro	Arg	Ile				
275					280					285									
gat	ggt	cgt	aca	gtg	gat	act	gtt	cgt	gca	tta	gat	att	tgt	act	ggt	912			

Asp	Gly	Arg	Thr	Val	Asp	Thr	Val	Arg	Ala	Leu	Asp	Ile	Cys	Thr	Gly		
290					295					300							
gtt	tta	cca	cgt	aca	cac	ggg	tct	gcg	att	ttc	acc	cgt	ggg	gaa	aca	960	
Val	Leu	Pro	Arg	Thr	His	Gly	Ser	Ala	Ile	Phe	Thr	Arg	Gly	Glu	Thr		
305					310					315					320		
cag	gcg	tta	gct	gtc	gcg	aca	tta	ggg	aca	gaa	cgt	gat	gca	caa	att	1008	
Gln	Ala	Leu	Ala	Val	Ala	Thr	Leu	Gly	Thr	Glu	Arg	Asp	Ala	Gln	Ile		
				325					330					335			
att	gat	gaa	tta	aca	ggg	gag	cgt	tca	gat	cac	ttc	tta	ttc	cac	tac	1056	
Ile	Asp	Glu	Leu	Thr	Gly	Glu	Arg	Ser	Asp	His	Phe	Leu	Phe	His	Tyr		
			340					345					350				
aac	ttc	ccg	cca	tat	tct	gtg	ggg	gaa	acc	ggg	atg	att	ggg	tca	cca	1104	
Asn	Phe	Pro	Pro	Tyr	Ser	Val	Gly	Glu	Thr	Gly	Met	Ile	Gly	Ser	Pro		
		355					360				365						
aaa	cgt	cgt	gaa	att	ggg	cat	ggg	cgt	tta	gcg	aaa	cgc	ggg	gta	gct	1152	
Lys	Arg	Arg	Glu	Ile	Gly	His	Gly	Arg	Leu	Ala	Lys	Arg	Gly	Val	Ala		
	370				375				380								
gca	gtg	atg	cca	aca	ctt	gcc	gag	ttc	ccg	tat	gtg	gta	cgt	gtt	gtc	1200	
Ala	Val	Met	Pro	Thr	Leu	Ala	Glu	Phe	Pro	Tyr	Val	Val	Arg	Val	Val		
385					390				395					400			
tct	gaa	atc	aca	gaa	tca	aat	ggg	tct	tct	tct	atg	gca	tcg	gtt	tgt	1248	
Ser	Glu	Ile	Thr	Glu	Ser	Asn	Gly	Ser	Ser	Ser	Met	Ala	Ser	Val	Cys		
			405					410				415					
ggg	gcg	tct	tta	gca	tta	atg	gat	gcg	ggg	gta	cca	att	aaa	gcg	gcg	1296	
Gly	Ala	Ser	Leu	Ala	Leu	Met	Asp	Ala	Gly	Val	Pro	Ile	Lys	Ala	Ala		
			420					425				430					
gtt	gca	ggg	att	gca	atg	ggc	tta	gtc	aaa	gaa	gac	gaa	aaa	ttt	gtg	1344	
Val	Ala	Gly	Ile	Ala	Met	Gly	Leu	Val	Lys	Glu	Asp	Glu	Lys	Phe	Val		
	435					440			445								
gtg	ctt	tca	gac	atc	tta	ggg	gat	gaa	gat	cac	tta	ggg	gac	atg	gac	1392	
Val	Leu	Ser	Asp	Ile	Leu	Gly	Asp	Glu	Asp	His	Leu	Gly	Asp	Met	Asp		
	450					455			460								
ttc	aaa	gtc	gcg	ggg	aca	cgt	acg	ggg	gtg	acg	gca	tta	caa	atg	gat	1440	
Phe	Lys	Val	Ala	Gly	Thr	Arg	Thr	Gly	Val	Thr	Ala	Leu	Gln	Met	Asp		
465					470				475					480			
atc	aaa	atc	gaa	ggg	atc	aca	gca	gaa	atc	atg	caa	att	gcg	tta	aac	1488	
Ile	Lys	Ile	Glu	Gly	Ile	Thr	Ala	Glu	Ile	Met	Gln	Ile	Ala	Leu	Asn		
			485					490				495					
caa	gcg	aaa	agc	gca	cgt	tta	cac	att	tta	ggg	gtg	atg	gag	caa	gcg	1536	
Gln	Ala	Lys	Ser	Ala	Arg	Leu	His	Ile	Leu	Gly	Val	Met	Glu	Gln	Ala		
		500					505				510						
atc	cca	gcg	cca	cgt	gcg	gat	att	tct	gat	ttt	gca	ccg	cgt	att	tac	1584	
Ile	Pro	Ala	Pro	Arg	Ala	Asp	Ile	Ser	Asp	Phe	Ala	Pro	Arg	Ile	Tyr		
	515					520					525						
act	atg	aaa	att	gat	ccg	aag	aaa	atc	aaa	gat	gtg	atc	ggg	aaa	ggg	1632	
Thr	Met	Lys	Ile	Asp	Pro	Lys	Lys	Ile	Lys	Asp	Val	Ile	Gly	Lys	Gly		
	530					535			540								
ggg	gca	acc	att	cgt	gcc	tta	aca	gaa	gaa	aca	ggg	acc	tca	att	gat	1680	
Gly	Ala	Thr	Ile	Arg	Ala	Leu	Thr	Glu	Glu	Thr	Gly	Thr	Ser	Ile	Asp		
545					550				555						560		

```

atc gat gat gat ggt acg gtg aag att gct gcg gtt gat ggc aat tca 1728
Ile Asp Asp Asp Gly Thr Val Lys Ile Ala Ala Val Asp Gly Asn Ser
                    565                    570                    575

gca aaa gag gtg atg gcg cgt att gaa gat att act gca gaa gtt gaa 1776
Ala Lys Glu Val Met Ala Arg Ile Glu Asp Ile Thr Ala Glu Val Glu
                    580                    585                    590

gcg ggt gca gtg tat aaa ggt aaa gtt act cgt tta gct gat ttt ggt 1824
Ala Gly Ala Val Tyr Lys Gly Lys Val Thr Arg Leu Ala Asp Phe Gly
                    595                    600                    605

gcc ttc gtt tct atc gta ggt aac aaa gaa ggc tta gtg cat att tct 1872
Ala Phe Val Ser Ile Val Gly Asn Lys Glu Gly Leu Val His Ile Ser
                    610                    615                    620

caa atc gcg gaa gag cgt gtt gag aaa gtg agt gat tat ctt gca gtg 1920
Gln Ile Ala Glu Glu Arg Val Glu Lys Val Ser Asp Tyr Leu Ala Val
625                    630                    635                    640

ggg caa gaa gtg act gtt aaa gtg gtt gag att gat cgt caa ggt cgt 1968
Gly Gln Glu Val Thr Val Lys Val Val Glu Ile Asp Arg Gln Gly Arg
                    645                    650                    655

att cgt tta acc atg aaa gaa gtt gca cca aag caa gaa cac gtt gat 2016
Ile Arg Leu Thr Met Lys Glu Val Ala Pro Lys Gln Glu His Val Asp
                    660                    665                    670

tct gtt gtc gca gac gtt gcc gca gaa gaa aac gca ta 2054
Ser Val Val Ala Asp Val Ala Ala Glu Glu Asn Ala
                    675                    680

<210> 109
<211> 684
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida
<400> 109Met Ala Ser Met Asp Asp Thr Thr Val Phe Val Thr Val Val Ala Lys
   1           5           10           15
Lys Asp Val Lys Glu Gly Gln Asp Phe Phe Pro Leu Thr Val Asn Tyr
           20           25           30
Gln Glu Arg Thr Tyr Ala Ala Gly Arg Ile Pro Gly Gly Phe Phe Lys
           35           40           45
Arg Glu Gly Arg Pro Ser Glu Gly Glu Thr Leu Ile Ala Arg Leu Ile
           50           55           60
Asp Arg Pro Ile Arg Pro Leu Phe Pro Glu Gly Phe Tyr Asn Glu Ile
           65           70           75           80
Gln Ile Val Ala Thr Val Val Ser Val Asn Pro Gln Ile Cys Pro Asp
           85           90           95
Leu Val Ala Met Ile Gly Ala Ser Ala Ala Leu Ser Leu Ser Gly Val
           100          105          110
Pro Phe Asn Gly Pro Ile Gly Ala Ala Arg Val Gly Phe Ile Asp Asp
           115          120          125
Gln Phe Val Leu Asn Pro Thr Met Asn Glu Gln Lys Gln Ser Arg Leu
           130          135          140
Asp Leu Val Val Ala Gly Thr Asp Lys Ala Val Leu Met Val Glu Ser
145          150          155          160
Glu Ala Asp Val Leu Thr Glu Glu Gln Met Leu Ala Ala Val Val Phe
           165          170          175

```

Gly	His	Gln	Gln	Gln	Gln	Val	Val	Ile	Asp	Ala	Ile	Lys	Glu	Phe	Thr	180	185	190
Ala	Glu	Ala	Gly	Lys	Pro	Arg	Trp	Asp	Trp	Val	Ala	Pro	Glu	Pro	Asn	195	200	205
Thr	Ala	Leu	Ile	Glu	Lys	Val	Lys	Ala	Ile	Ala	Glu	Ala	Arg	Leu	Gly	210	215	220
Glu	Ala	Tyr	Arg	Ile	Thr	Glu	Lys	Gln	Ala	Arg	Tyr	Glu	Gln	Ile	Asp	225	230	235
Ala	Ile	Lys	Ala	Asp	Val	Ile	Ala	Gln	Ile	Thr	Ala	Glu	Val	Ala	Glu	245	250	255
Gly	Glu	Asp	Ile	Ser	Glu	Gly	Lys	Ile	Val	Asp	Ile	Phe	Thr	Ala	Leu	260	265	270
Glu	Ser	Gln	Ile	Val	Arg	Ser	Arg	Ile	Ile	Ala	Gly	Glu	Pro	Arg	Ile	275	280	285
Asp	Gly	Arg	Thr	Val	Asp	Thr	Val	Arg	Ala	Leu	Asp	Ile	Cys	Thr	Gly	290	295	300
Val	Leu	Pro	Arg	Thr	His	Gly	Ser	Ala	Ile	Phe	Thr	Arg	Gly	Glu	Thr	305	310	315
Gln	Ala	Leu	Ala	Val	Ala	Thr	Leu	Gly	Thr	Glu	Arg	Asp	Ala	Gln	Ile	325	330	335
Ile	Asp	Glu	Leu	Thr	Gly	Glu	Arg	Ser	Asp	His	Phe	Leu	Phe	His	Tyr	340	345	350
Asn	Phe	Pro	Pro	Tyr	Ser	Val	Gly	Glu	Thr	Gly	Met	Ile	Gly	Ser	Pro	355	360	365
Lys	Arg	Arg	Glu	Ile	Gly	His	Gly	Arg	Leu	Ala	Lys	Arg	Gly	Val	Ala	370	375	380
Ala	Val	Met	Pro	Thr	Leu	Ala	Glu	Phe	Pro	Tyr	Val	Val	Arg	Val	Val	385	390	395
Ser	Glu	Ile	Thr	Glu	Ser	Asn	Gly	Ser	Ser	Ser	Met	Ala	Ser	Val	Cys	405	410	415
Gly	Ala	Ser	Leu	Ala	Leu	Met	Asp	Ala	Gly	Val	Pro	Ile	Lys	Ala	Ala	420	425	430
Val	Ala	Gly	Ile	Ala	Met	Gly	Leu	Val	Lys	Glu	Asp	Glu	Lys	Phe	Val	435	440	445
Val	Leu	Ser	Asp	Ile	Leu	Gly	Asp	Glu	Asp	His	Leu	Gly	Asp	Met	Asp	450	455	460
Phe	Lys	Val	Ala	Gly	Thr	Arg	Thr	Gly	Val	Thr	Ala	Leu	Gln	Met	Asp	465	470	475
Ile	Lys	Ile	Glu	Gly	Ile	Thr	Ala	Glu	Ile	Met	Gln	Ile	Ala	Leu	Asn	485	490	495
Gln	Ala	Lys	Ser	Ala	Arg	Leu	His	Ile	Leu	Gly	Val	Met	Glu	Gln	Ala	500	505	510
Ile	Pro	Ala	Pro	Arg	Ala	Asp	Ile	Ser	Asp	Phe	Ala	Pro	Arg	Ile	Tyr	515	520	525
Thr	Met	Lys	Ile	Asp	Pro	Lys	Lys	Ile	Lys	Asp	Val	Ile	Gly	Lys	Gly	530	535	540
Gly	Ala	Thr	Ile	Arg	Ala	Leu	Thr	Glu	Glu	Thr	Gly	Thr	Ser	Ile	Asp	545	550	555
Ile	Asp	Asp	Asp	Gly	Thr	Val	Lys	Ile	Ala	Ala	Val	Asp	Gly	Asn	Ser	565	570	575

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

<210> 110

<211> 1514

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<223> purF

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1512)

<400> 110

atg tgt ggt att gtt ggt att gtt agc caa agc ccc gtt aac caa tca	48
Met Cys Gly Ile Val Gly Ile Val Ser Gln Ser Pro Val Asn Gln Ser	
1 5 10 15	
att tat gat gcg tta acc tta ttg caa cac cgc ggg caa gac gcc gcc	96
Ile Tyr Asp Ala Leu Thr Leu Leu Gln His Arg Gly Gln Asp Ala Ala	
20 25 30	
ggg att gta acc gta gat gat gaa aac cga ttc cgc ttg cgt aaa gcg	144
Gly Ile Val Thr Val Asp Asp Glu Asn Arg Phe Arg Leu Arg Lys Ala	
35 40 45	
aac ggg tta gtc agc gat gta ttt gaa caa gtt cat atg tta cgt tta	192
Asn Gly Leu Val Ser Asp Val Phe Glu Gln Val His Met Leu Arg Leu	
50 55 60	
caa ggc aat gct ggc att gga cat gtt cgt tat cct acg gct ggg agc	240
Gln Gly Asn Ala Gly Ile Gly His Val Arg Tyr Pro Thr Ala Gly Ser	
65 70 75 80	
tca agt gtc tct gaa gcg caa cct ttt tat gta aat tcg cct tat ggc	288
Ser Ser Val Ser Glu Ala Gln Pro Phe Tyr Val Asn Ser Pro Tyr Gly	
85 90 95	
tta acc tta gtg cat aat ggt aac ttg acc aat tca agt gaa tta aaa	336
Leu Thr Leu Val His Asn Gly Asn Leu Thr Asn Ser Ser Glu Leu Lys	
100 105 110	
gaa aag tta ttt cgt ctc gca cgt cgc cat gta aat acc aat tca gat	384
Glu Lys Leu Phe Arg Leu Ala Arg Arg His Val Asn Thr Asn Ser Asp	
115 120 125	
tct gaa tta tta ctc aat atc tta gcc aat cac ctt gat cac ttc gaa	432
Ser Glu Leu Leu Leu Asn Ile Leu Ala Asn His Leu Asp His Phe Glu	

130	135	140	
aaa tac caa tta gat ccg caa gat gta ttc agt gct gtc aaa caa acg	480		
Lys Tyr Gln Leu Asp Pro Gln Asp Val Phe Ser Ala Val Lys Gln Thr			
145	150	155	160
cat cag gat att cgt ggt gct tat gct tgt atc gcc atg att att ggt	528		
His Gln Asp Ile Arg Gly Ala Tyr Ala Cys Ile Ala Met Ile Ile Gly			
165	170	175	
cat ggt atg gtc gcg ttt cgt gat ccg aac ggt atc cgt ccg tta gtg	576		
His Gly Met Val Ala Phe Arg Asp Pro Asn Gly Ile Arg Pro Leu Val			
180	185	190	
tta ggg aaa cgc gag gaa aat ggc aaa aca gag tat atg ttt gcc tcc	624		
Leu Gly Lys Arg Glu Glu Asn Gly Lys Thr Glu Tyr Met Phe Ala Ser			
195	200	205	
gaa agt atc gca tta gat aca gtg ggt ttt gag ttt gta cga gat gta	672		
Glu Ser Ile Ala Leu Asp Thr Val Gly Phe Glu Phe Val Arg Asp Val			
210	215	220	
caa ccc ggc gaa gcg att tat gtc acg ttt gaa ggg gaa atg tat gct	720		
Gln Pro Gly Glu Ala Ile Tyr Val Thr Phe Glu Gly Glu Met Tyr Ala			
225	230	235	240
cag caa tgc gca gac aaa cca aca tta aca cct tgt att ttt gaa tac	768		
Gln Gln Cys Ala Asp Lys Pro Thr Leu Thr Pro Cys Ile Phe Glu Tyr			
245	250	255	
gtc tat ttt gca cgt cca gac tct tgc atc gat ggg gtt tct gtt tat	816		
Val Tyr Phe Ala Arg Pro Asp Ser Cys Ile Asp Gly Val Ser Val Tyr			
260	265	270	
gct gcc cgt gtt cat atg gga caa cgt tta ggt gaa aaa att gca cgg	864		
Ala Ala Arg Val His Met Gly Gln Arg Leu Gly Glu Lys Ile Ala Arg			
275	280	285	
gaa tgg gcg gat gtg gat gat att gat gtg gtc att cct gtg cct gaa	912		
Glu Trp Ala Asp Val Asp Asp Ile Asp Val Val Ile Pro Val Pro Glu			
290	295	300	
acc tct aac gat att gct tta cgt att gcg cgc gtg tta aat aaa ccg	960		
Thr Ser Asn Asp Ile Ala Leu Arg Ile Ala Arg Val Leu Asn Lys Pro			
305	310	315	320
tat cgt caa ggt ttt gtg aaa aat cgc tat gta gga cgt acg ttt att	1008		
Tyr Arg Gln Gly Phe Val Lys Asn Arg Tyr Val Gly Arg Thr Phe Ile			
325	330	335	
atg ccg ggg cag gca ttg cga gtc agt tct gtt aga cgt aaa ctc aat	1056		
Met Pro Gly Gln Ala Leu Arg Val Ser Ser Val Arg Arg Lys Leu Asn			
340	345	350	
acc att gct tca gaa ttt aaa gat aag aat gtg tta tta gtt gac gac	1104		
Thr Ile Ala Ser Glu Phe Lys Asp Lys Asn Val Leu Leu Val Asp Asp			
355	360	365	
tcg att gta cgt ggt acc acg tct gaa caa att gtc gaa atg gcg aga	1152		
Ser Ile Val Arg Gly Thr Thr Ser Glu Gln Ile Val Glu Met Ala Arg			
370	375	380	
gcg gca ggt gcg aag aaa att tat ttt gcc tct gct gca cca gaa att	1200		
Ala Ala Gly Ala Lys Lys Ile Tyr Phe Ala Ser Ala Ala Pro Glu Ile			
385	390	395	400
cgt tat cca aat gtg tat ggt att gat atg cca acc aaa aat gaa ttg	1248		

Arg Tyr Pro Asn Val Tyr Gly Ile Asp Met Pro Thr Lys Asn Glu Leu
405 410 415
atc gct tat ggt cgt gat gta gat gaa att gct aac tta att ggt gtg 1296
Ile Ala Tyr Gly Arg Asp Val Asp Glu Ile Ala Asn Leu Ile Gly Val
420 425 430
gat aaa ttg att ttc caa gat ttg gat gcg tta act ggt tct gtg caa 1344
Asp Lys Leu Ile Phe Gln Asp Leu Asp Ala Leu Thr Gly Ser Val Gln
435 440 445
caa gaa aat cca agt att caa gac ttt gat tgt tcg gtg ttt aca ggg 1392
Gln Glu Asn Pro Ser Ile Gln Asp Phe Asp Cys Ser Val Phe Thr Gly
450 455 460
gtt tat gtg acg ggc gat att aca cct gaa tat ctg gat aat att gca 1440
Val Tyr Val Thr Gly Asp Ile Thr Pro Glu Tyr Leu Asp Asn Ile Ala
465 470 475 480
gaa cag cgt aat gat atc gcc aag aaa aag cgt gaa aaa gat gct acc 1488
Glu Gln Arg Asn Asp Ile Ala Lys Lys Lys Arg Glu Lys Asp Ala Thr
485 490 495
aat ctt gaa atg cac aat gaa aaa ta 1514
Asn Leu Glu Met His Asn Glu Lys
500
<210> 111
<211> 504
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida
<400> 111
Met Cys Gly Ile Val Gly Ile Val Ser Gln Ser Pro Val Asn Gln Ser
1 5 10 15
Ile Tyr Asp Ala Leu Thr Leu Leu Gln His Arg Gly Gln Asp Ala Ala
20 25 30
Gly Ile Val Thr Val Asp Asp Glu Asn Arg Phe Arg Leu Arg Lys Ala
35 40 45
Asn Gly Leu Val Ser Asp Val Phe Glu Gln Val His Met Leu Arg Leu
50 55 60
Gln Gly Asn Ala Gly Ile Gly His Val Arg Tyr Pro Thr Ala Gly Ser
65 70 75 80
Ser Ser Val Ser Glu Ala Gln Pro Phe Tyr Val Asn Ser Pro Tyr Gly
85 90 95
Leu Thr Leu Val His Asn Gly Asn Leu Thr Asn Ser Ser Glu Leu Lys
100 105 110
Glu Lys Leu Phe Arg Leu Ala Arg Arg His Val Asn Thr Asn Ser Asp
115 120 125
Ser Glu Leu Leu Leu Asn Ile Leu Ala Asn His Leu Asp His Phe Glu
130 135 140
Lys Tyr Gln Leu Asp Pro Gln Asp Val Phe Ser Ala Val Lys Gln Thr
145 150 155 160
His Gln Asp Ile Arg Gly Ala Tyr Ala Cys Ile Ala Met Ile Ile Gly
165 170 175
His Gly Met Val Ala Phe Arg Asp Pro Asn Gly Ile Arg Pro Leu Val
180 185 190
Leu Gly Lys Arg Glu Glu Asn Gly Lys Thr Glu Tyr Met Phe Ala Ser

```

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

```

<210> 112

<211> 989

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<223> rci

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(987)

<400> 112

atg gca aca ata aga aaa cgt ggt aac tca tat cgt gct gag ata agc 48

Met	Ala	Thr	Ile	Arg	Lys	Arg	Gly	Asn	Ser	Tyr	Arg	Ala	Glu	Ile	Ser		
1				5				10					15				
aaa	aac	gga	gta	agg	aaa	tca	gca	aca	ttt	aag	act	aaa	tca	gaa	gct	96	
Lys	Asn	Gly	Val	Arg	Lys	Ser	Ala	Thr	Phe	Lys	Thr	Lys	Ser	Glu	Ala		
			20				25					30					
aat	gcg	tgg	gct	gtt	gac	gag	gag	aga	aaa	tta	gct	gat	ttg	gca	aaa	144	
Asn	Ala	Trp	Ala	Val	Asp	Glu	Glu	Arg	Lys	Leu	Ala	Asp	Leu	Ala	Lys		
		35				40			45								
ggg	atc	gct	cca	gat	att	att	ttt	aga	gat	gta	ata	gaa	cgc	tat	caa	192	
Gly	Ile	Ala	Pro	Asp	Ile	Ile	Phe	Arg	Asp	Val	Ile	Glu	Arg	Tyr	Gln		
	50				55		60										
aat	gaa	gtg	tct	ata	act	aaa	aaa	ggc	gcg	cga	aat	gaa	att	ata	aga	240	
Asn	Glu	Val	Ser	Ile	Thr	Lys	Lys	Gly	Ala	Arg	Asn	Glu	Ile	Ile	Arg		
65				70			75		80								
tta	aac	cgc	ttt	tta	aga	tat	gat	att	tct	aat	ctg	tat	att	cgt	gat	288	
Leu	Asn	Arg	Phe	Leu	Arg	Tyr	Asp	Ile	Ser	Asn	Leu	Tyr	Ile	Arg	Asp		
		85			90		95										
tta	aga	aaa	gaa	gat	ttt	gag	gag	tgg	atc	aga	att	cgc	cta	acc	gaa	336	
Leu	Arg	Lys	Glu	Asp	Phe	Glu	Glu	Trp	Ile	Arg	Ile	Arg	Leu	Thr	Glu		
	100				105		110										
gta	tcg	gat	gct	agc	gtt	aga	cgt	gag	ctt	gtt	act	ata	tcg	tca	gtg	384	
Val	Ser	Asp	Ala	Ser	Val	Arg	Arg	Glu	Leu	Val	Thr	Ile	Ser	Ser	Val		
	115				120		125										
ctg	aca	aca	gca	ata	aat	aag	tgg	gga	tat	att	tca	agg	cat	cca	atg	432	
Leu	Thr	Thr	Ala	Ile	Asn	Lys	Trp	Gly	Tyr	Ile	Ser	Arg	His	Pro	Met		
	130				135		140										
act	ggg	att	gaa	aaa	cca	aaa	aac	tcg	gca	gaa	aga	aaa	gaa	cga	tat	480	
Thr	Gly	Ile	Glu	Lys	Pro	Lys	Asn	Ser	Ala	Glu	Arg	Lys	Glu	Arg	Tyr		
145				150			155		160								
tca	gaa	cag	gac	att	aaa	aca	ata	tta	gaa	aca	gct	aga	tat	tgt	gaa	528	
Ser	Glu	Gln	Asp	Ile	Lys	Thr	Ile	Leu	Glu	Thr	Ala	Arg	Tyr	Cys	Glu		
		165			170		175										
gat	aaa	cta	ccc	ata	aca	ctc	aaa	caa	aga	gta	gca	att	gca	atg	tta	576	
Asp	Lys	Leu	Pro	Ile	Thr	Leu	Lys	Gln	Arg	Val	Ala	Ile	Ala	Met	Leu		
	180				185		190										
ttt	gct	att	gaa	acc	gct	atg	cgt	gct	ggg	gag	att	gct	agt	ata	aaa	624	
Phe	Ala	Ile	Glu	Thr	Ala	Met	Arg	Ala	Gly	Glu	Ile	Ala	Ser	Ile	Lys		
	195				200		205										
tgg	gat	aat	gtt	ttt	ctt	gaa	aag	aga	ata	gta	cat	tta	ccg	aca	act	672	
Trp	Asp	Asn	Val	Phe	Leu	Glu	Lys	Arg	Ile	Val	His	Leu	Pro	Thr	Thr		
	210				215		220										
aaa	aac	ggg	cac	tct	aga	gat	gtg	ccg	ctt	tcg	caa	aga	gct	gtt	gcg	720	
Lys	Asn	Gly	His	Ser	Arg	Asp	Val	Pro	Leu	Ser	Gln	Arg	Ala	Val	Ala		
225				230			235		240								
cta	att	tta	aaa	atg	aaa	gag	gta	gaa	aat	gga	gat	ctt	gtg	ttt	cag	768	
Leu	Ile	Leu	Lys	Met	Lys	Glu	Val	Glu	Asn	Gly	Asp	Leu	Val	Phe	Gln		
		245			250		255										
acc	acg	cct	gaa	tca	tta	agc	acc	acg	ttt	aga	gtg	tta	aag	aaa	gag	816	
Thr	Thr	Pro	Glu	Ser	Leu	Ser	Thr	Thr	Phe	Arg	Val	Leu	Lys	Lys	Glu		
		260			265		270										
cat	ttt	cat	gat	acg	aga	agg	gaa	gcg	ttg								

Cys Gly Leu Glu His Leu His Phe His Asp Thr Arg Arg Glu Ala Leu
275 280 285
acg aga tta tct aag aaa gta gat gta atg act cta gcc aaa att agc 912
Thr Arg Leu Ser Lys Lys Val Asp Val Met Thr Leu Ala Lys Ile Ser
290 295 300
gga cat aga gat tta aga att tta caa aac aca tat tac gca ccg aat 960
Gly His Arg Asp Leu Arg Ile Leu Gln Asn Thr Tyr Tyr Ala Pro Asn
305 310 315 320
atg agt gaa gtg gca aac ttg ttg gat ta 989
Met Ser Glu Val Ala Asn Leu Leu Asp
325
<210> 113
<211> 329
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida
<400> 113
Met Ala Thr Ile Arg Lys Arg Gly Asn Ser Tyr Arg Ala Glu Ile Ser
1 5 10 15
Lys Asn Gly Val Arg Lys Ser Ala Thr Phe Lys Thr Lys Ser Glu Ala
20 25 30
Asn Ala Trp Ala Val Asp Glu Glu Arg Lys Leu Ala Asp Leu Ala Lys
35 40 45
Gly Ile Ala Pro Asp Ile Ile Phe Arg Asp Val Ile Glu Arg Tyr Gln
50 55 60
Asn Glu Val Ser Ile Thr Lys Lys Gly Ala Arg Asn Glu Ile Ile Arg
65 70 75 80
Leu Asn Arg Phe Leu Arg Tyr Asp Ile Ser Asn Leu Tyr Ile Arg Asp
85 90 95
Leu Arg Lys Glu Asp Phe Glu Glu Trp Ile Arg Ile Arg Leu Thr Glu
100 105 110
Val Ser Asp Ala Ser Val Arg Arg Glu Leu Val Thr Ile Ser Ser Val
115 120 125
Leu Thr Thr Ala Ile Asn Lys Trp Gly Tyr Ile Ser Arg His Pro Met
130 135 140
Thr Gly Ile Glu Lys Pro Lys Asn Ser Ala Glu Arg Lys Glu Arg Tyr
145 150 155 160
Ser Glu Gln Asp Ile Lys Thr Ile Leu Glu Thr Ala Arg Tyr Cys Glu
165 170 175
Asp Lys Leu Pro Ile Thr Leu Lys Gln Arg Val Ala Ile Ala Met Leu
180 185 190
Phe Ala Ile Glu Thr Ala Met Arg Ala Gly Glu Ile Ala Ser Ile Lys
195 200 205
Trp Asp Asn Val Phe Leu Glu Lys Arg Ile Val His Leu Pro Thr Thr
210 215 220
Lys Asn Gly His Ser Arg Asp Val Pro Leu Ser Gln Arg Ala Val Ala
225 230 235 240
Leu Ile Leu Lys Met Lys Glu Val Glu Asn Gly Asp Leu Val Phe Gln
245 250 255
Thr Thr Pro Glu Ser Leu Ser Thr Thr Phe Arg Val Leu Lys Lys Glu
260 265 270

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

<210> 114

<211> 1190

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<223> sopE

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1188)

<400> 114

atg tct gaa gaa tat cta cat ggt gtc aaa gtc aca gaa atc aat caa	48
Met Ser Glu Glu Tyr Leu His Gly Val Lys Val Thr Glu Ile Asn Gln	
1 5 10 15	
gca att cgc aca att caa agt cta tca acc gca gtc atc ggt att gtc	96
Ala Ile Arg Thr Ile Gln Ser Leu Ser Thr Ala Val Ile Gly Ile Val	
20 25 30	
tgt act gca aat gac gca gac aat gaa aca ttc cca ctc aat gaa ccc	144
Cys Thr Ala Asn Asp Ala Asp Asn Glu Thr Phe Pro Leu Asn Glu Pro	
35 40 45	
gtt ctc atc aca aac gtg gca gcg gca att ggc aag gct gga aaa caa	192
Val Leu Ile Thr Asn Val Ala Ala Ala Ile Gly Lys Ala Gly Lys Gln	
50 55 60	
ggc acg ctt tca cgt gcg ctt gac ggg att tct gat gta gtc aat tgc	240
Gly Thr Leu Ser Arg Ala Leu Asp Gly Ile Ser Asp Val Val Asn Cys	
65 70 75 80	
aaa gtg att gtt gtg cga gtg caa gaa agt gcg caa gaa gac gaa gaa	288
Lys Val Ile Val Val Arg Val Gln Glu Ser Ala Gln Glu Asp Glu Glu	
85 90 95	
aca aaa gca agt gaa atg aac acg gca att att ggc aca atc aca gaa	336
Thr Lys Ala Ser Glu Met Asn Thr Ala Ile Ile Gly Thr Ile Thr Glu	
100 105 110	
gaa ggg cag tac aca ggc ttg aag gcg tta ttg att gcg aaa aac aaa	384
Glu Gly Gln Tyr Thr Gly Leu Lys Ala Leu Leu Ile Ala Lys Asn Lys	
115 120 125	
ttc ggt atc aaa cca cgt att tta tgt gtg cca aaa ttc gac aca aaa	432
Phe Gly Ile Lys Pro Arg Ile Leu Cys Val Pro Lys Phe Asp Thr Lys	
130 135 140	
gaa gtc gcc aca gag ctt gca agt atc gcc gcc aaa ctc aac gca ttt	480
Glu Val Ala Thr Glu Leu Ala Ser Ile Ala Ala Lys Leu Asn Ala Phe	
145 150 155 160	
gct tac att tca tgt caa ggg tgt aaa acg aaa gaa caa gcg gtg caa	528
Ala Tyr Ile Ser Cys Gln Gly Cys Lys Thr Lys Glu Gln Ala Val Gln	

	165	170	175	
tat aaa cgc aac ttc tca caa cgt gaa gtc atg ctg atc atg ggc gat	576			
Tyr Lys Arg Asn Phe Ser Gln Arg Glu Val Met Leu Ile Met Gly Asp				
	180	185	190	
ttt ctg tca ttt aat gtc aac aca tca aaa gtt gag att gac tat gcc	624			
Phe Leu Ser Phe Asn Val Asn Thr Ser Lys Val Glu Ile Asp Tyr Ala				
	195	200	205	
gtc act cgt gcg gcg gca atg cgt gca tat ctt gat aaa gaa cag ggc	672			
Val Thr Arg Ala Ala Ala Met Arg Ala Tyr Leu Asp Lys Glu Gln Gly				
	210	215	220	
tgg cat acg tct att tca aat aaa ggc att aat ggc gtg agc ggt gtc	720			
Trp His Thr Ser Ile Ser Asn Lys Gly Ile Asn Gly Val Ser Gly Val				
225	230	235	240	
aca caa cca ctc tat ttt gac att aac gac agc tcg act gat gtg aac	768			
Thr Gln Pro Leu Tyr Phe Asp Ile Asn Asp Ser Ser Thr Asp Val Asn				
	245	250	255	
tat ctc aat gaa caa ggc atc acg tgt tgc gtg aat cat aat ggc ttt	816			
Tyr Leu Asn Glu Gln Gly Ile Thr Cys Cys Val Asn His Asn Gly Phe				
	260	265	270	
cgt ttt tgg ggc tta cgc acg act gca gaa gat cca tta ttc aag ttt	864			
Arg Phe Trp Gly Leu Arg Thr Thr Ala Glu Asp Pro Leu Phe Lys Phe				
	275	280	285	
gaa gtg tac acc cgc act gca caa atc tta aaa gat acg att gca ggg	912			
Glu Val Tyr Thr Arg Thr Ala Gln Ile Leu Lys Asp Thr Ile Ala Gly				
	290	295	300	
gcg ttt gat tgg gca gtg gat aaa gat att tct gtc acg cta gtg aaa	960			
Ala Phe Asp Trp Ala Val Asp Lys Asp Ile Ser Val Thr Leu Val Lys				
305	310	315	320	
gat att att gaa gca atc aat gcg aag tgg cgt gat tac acc aca aaa	1008			
Asp Ile Ile Glu Ala Ile Asn Ala Lys Trp Arg Asp Tyr Thr Thr Lys				
	325	330	335	
ggc tac tta att ggc ggt aaa gcg tgg ctt aat aaa gag ctt aac agt	1056			
Gly Tyr Leu Ile Gly Gly Lys Ala Trp Leu Asn Lys Glu Leu Asn Ser				
	340	345	350	
gca acg aat tta aaa gat gcg aag ttg ttg atc tct tat gat tat cac	1104			
Ala Thr Asn Leu Lys Asp Ala Lys Leu Leu Ile Ser Tyr Asp Tyr His				
	355	360	365	
cca gta cca ccg ctc gaa cag cta ggc ttt aat cag tac att tct gat	1152			
Pro Val Pro Pro Leu Glu Gln Leu Gly Phe Asn Gln Tyr Ile Ser Asp				
	370	375	380	
gaa tac ctt gtt gat ttt tca aat cgt tta gca tcg ta	1190			
Glu Tyr Leu Val Asp Phe Ser Asn Arg Leu Ala Ser				
385	390	395		

<210> 115

<211> 396

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 115

Met Ser Glu Glu Tyr Leu His Gly Val Lys Val Thr Glu Ile Asn Gln

1

5

10

15

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

<210> 116

<211> 2204

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<223> unkk

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(2202)

<400> 116

atg aat aaa aat cgc tat aaa ctc att ttt agt aaa act aaa ggc tgt	48
Met Asn Lys Asn Arg Tyr Lys Leu Ile Phe Ser Lys Thr Lys Gly Cys	
1 5 10 15	
ctt gta cct gtt gct gaa acg att aat tct gca gta gga aat gcc tca	96
Leu Val Pro Val Ala Glu Thr Ile Asn Ser Ala Val Gly Asn Ala Ser	
20 25 30	
tca aaa gac gtt tct gac acc gag ata agt gct tct caa cca gcg ctc	144
Ser Lys Asp Val Ser Asp Thr Glu Ile Ser Ala Ser Gln Pro Ala Leu	
35 40 45	
aac tcg ccg ctt tcg acc ctt tct gta tta gtc aaa acc gca ttt aat	192
Asn Ser Pro Leu Ser Thr Leu Ser Val Leu Val Lys Thr Ala Phe Asn	
50 55 60	
ccg gtt tca aca ttg atg tcg ttg act tgg aaa gaa tac gcc gtt tta	240
Pro Val Ser Thr Leu Met Ser Leu Thr Trp Lys Glu Tyr Ala Val Leu	
65 70 75 80	
tta tta agt gtg gtg tct ttt cct ctt atg gca caa gcc tct gat aca	288
Leu Leu Ser Val Val Ser Phe Pro Leu Met Ala Gln Ala Ser Asp Thr	
85 90 95	
gat tca gtg gta caa aga aaa cct gaa tta act gat gtg acg aat agc	336
Asp Ser Val Val Gln Arg Lys Pro Glu Leu Thr Asp Val Thr Asn Ser	
100 105 110	
aac agc tat cat gtg gaa tta gat aga gag cat cat aaa ggg gag cat	384
Asn Ser Tyr His Val Glu Leu Asp Arg Glu His His Lys Gly Glu His	
115 120 125	
caa aca aaa atc aaa cat act gag aat aat gtc atc att gtt gat att	432
Gln Thr Lys Ile Lys His Thr Glu Asn Asn Val Ile Ile Val Asp Ile	
130 135 140	
gca aaa cca aac caa aag ggc att tca gat aac cgt ttt aaa cac ttc	480
Ala Lys Pro Asn Gln Lys Gly Ile Ser Asp Asn Arg Phe Lys His Phe	
145 150 155 160	
aac atc cca aat ggg gcg gta ttt aac aat agc gcc aag gaa aaa cgc	528
Asn Ile Pro Asn Gly Ala Val Phe Asn Asn Ser Ala Lys Glu Lys Arg	
165 170 175	
tca cag tta gtg ggg tat ttg cca ggt aac cag aat tta acg gaa ggt	576
Ser Gln Leu Val Gly Tyr Leu Pro Gly Asn Gln Asn Leu Thr Glu Gly	
180 185 190	
agt gaa gca aaa gcg atc tta aat cag gtg act gga ccg gat gcc agt	624
Ser Glu Ala Lys Ala Ile Leu Asn Gln Val Thr Gly Pro Asp Ala Ser	
195 200 205	
aaa att gaa ggc gcc ctt gaa att tta ggg caa aaa gcc gat ttg gtg	672
Lys Ile Glu Gly Ala Leu Glu Ile Leu Gly Gln Lys Ala Asp Leu Val	
210 215 220	

att gcg aac caa aat ggc att gtg ctt aat ggg gta aaa acc att aat	720
Ile Ala Asn Gln Asn Gly Ile Val Leu Asn Gly Val Lys Thr Ile Asn	
225 230 235 240	
gcc aat cgt ttt gtg gca aca acc agt agt acc att gat cct gag caa	768
Ala Asn Arg Phe Val Ala Thr Thr Ser Ser Thr Ile Asp Pro Glu Gln	
245 250 255	
atg cag tta aat gtc acg caa ggt aca gtg aca att ggg gtg gat gga	816
Met Gln Leu Asn Val Thr Gln Gly Thr Val Thr Ile Gly Val Asp Gly	
260 265 270	
ttt gcc aca gat ggc tta cct tat ttg gat atc att gcc aaa aag att	864
Phe Ala Thr Asp Gly Leu Pro Tyr Leu Asp Ile Ile Ala Lys Lys Ile	
275 280 285	
gaa caa aaa caa gcg att aca aaa gaa aga aca gga aat tcc gaa acc	912
Glu Gln Lys Gln Ala Ile Thr Lys Glu Arg Thr Gly Asn Ser Glu Thr	
290 295 300	
gat atc act ttt gtc gca ggt aac agt aaa tat gat tta aag aca cat	960
Asp Ile Thr Phe Val Ala Gly Asn Ser Lys Tyr Asp Leu Lys Thr His	
305 310 315 320	
caa gtg aca gaa aag cat acc gct gag gca caa ggt gaa att gcg att	1008
Gln Val Thr Glu Lys His Thr Ala Glu Ala Gln Gly Glu Ile Ala Ile	
325 330 335	
agc ggt gcg agt acc ggt gca atg tac ggt aaa aat atc aaa tta atc	1056
Ser Gly Ala Ser Thr Gly Ala Met Tyr Gly Lys Asn Ile Lys Leu Ile	
340 345 350	
gta acg gat aaa ggc gct ggg gta aaa cat gat ggc att att tta tct	1104
Val Thr Asp Lys Gly Ala Gly Val Lys His Asp Gly Ile Ile Leu Ser	
355 360 365	
gag gcg gat att caa att gaa acc cat gag ggc gat gtt gaa tta ggc	1152
Glu Ala Asp Ile Gln Ile Glu Thr His Glu Gly Asp Val Glu Leu Gly	
370 375 380	
aat aca aaa aat aat cag aat gag aat tat gcc aaa gct cat gcg gaa	1200
Asn Thr Lys Asn Asn Gln Asn Glu Asn Tyr Ala Lys Ala His Ala Glu	
385 390 395 400	
ggg aat ttt acg gtt aaa ggc ggt aag cac gtt att att ggt aag gaa	1248
Gly Asn Phe Thr Val Lys Gly Gly Lys His Val Ile Ile Gly Lys Glu	
405 410 415	
gtt aaa gcc aac aaa gcg gtc gat att caa gca caa gaa aca aca gta	1296
Val Lys Ala Asn Lys Ala Val Asp Ile Gln Ala Gln Glu Thr Thr Val	
420 425 430	
aga caa aat gcg aaa tta act gcc aaa acg agt gcc aaa att aca gca	1344
Arg Gln Asn Ala Lys Leu Thr Ala Lys Thr Ser Ala Lys Ile Thr Ala	
435 440 445	
agt aag agt gtg aat ctt gaa gat aac gcg aaa ctt att gct aat gag	1392
Ser Lys Ser Val Asn Leu Glu Asp Asn Ala Lys Leu Ile Ala Asn Glu	
450 455 460	
ctg agc aca aca acc aat aaa tta acc aat aaa ggt agc att tac ggc	1440
Leu Ser Thr Thr Thr Asn Lys Leu Thr Asn Lys Gly Ser Ile Tyr Gly	
465 470 475 480	
aag aaa gtg acg cta gat gct gat aat tta gtc aat agt aaa gaa atc	1488
Lys Lys Val Thr Leu Asp Ala Asp Asn Leu Val Asn Ser Lys Glu Ile	

	485	490	495	
tat gcg tct agc gaa ctt gat att caa acc aaa ggt cgt gat ctt tta	1536			
Tyr Ala Ser Ser Glu Leu Asp Ile Gln Thr Lys Gly Arg Asp Leu Leu				
500	505	510		
ctt gag gat ggg gtt aat caa cca ctg agt ttc tta aaa ggc gct tca	1584			
Leu Glu Asp Gly Val Asn Gln Pro Leu Ser Phe Leu Lys Gly Ala Ser				
515	520	525		
ttg tta gcg ccg ggg ttt gtc aac act ggg cta att cac agt aac ggt	1632			
Leu Leu Ala Pro Gly Phe Val Asn Thr Gly Leu Ile His Ser Asn Gly				
530	535	540		
aat gcc aag ctc act ttt aaa gat gac acc agt ttt gtg act gaa gga	1680			
Asn Ala Lys Leu Thr Phe Lys Asp Asp Thr Ser Phe Val Thr Glu Gly				
545	550	555	560	
aat aac ttt atc aca gca aaa gac aac tta gaa atc acg gca aaa aat	1728			
Asn Asn Phe Ile Thr Ala Lys Asp Asn Leu Glu Ile Thr Ala Lys Asn				
565	570	575		
gtt caa att gat caa gcg aaa aat att caa tta aac gcg aat atc acg	1776			
Val Gln Ile Asp Gln Ala Lys Asn Ile Gln Leu Asn Ala Asn Ile Thr				
580	585	590		
atc aat acc aag tct ggt ttt gtg aat tac ggt acc tta gca agt gct	1824			
Ile Asn Thr Lys Ser Gly Phe Val Asn Tyr Gly Thr Leu Ala Ser Ala				
595	600	605		
caa aat tta acg att aat acc gaa caa ggc agc att tat aac ata ggc	1872			
Gln Asn Leu Thr Ile Asn Thr Glu Gln Gly Ser Ile Tyr Asn Ile Gly				
610	615	620		
ggg atc ttg ggg gcg ggt aaa agt ttg aat ctg agc gcg aaa aga gga	1920			
Gly Ile Leu Gly Ala Gly Lys Ser Leu Asn Leu Ser Ala Lys Arg Gly				
625	630	635	640	
gaa aac caa gga gga tat ctt att aat caa ggt aag agt cta ctc cat	1968			
Glu Asn Gln Gly Gly Tyr Leu Ile Asn Gln Gly Lys Ser Leu Leu His				
645	650	655		
tct gaa ggc gcc atg aac ctc aca gcg gat cgc acg gtg tac aat tta	2016			
Ser Glu Gly Ala Met Asn Leu Thr Ala Asp Arg Thr Val Tyr Asn Leu				
660	665	670		
ggg aat att ttt gct aaa ggt gac gcg acg atc aat gca aac gcg tta	2064			
Gly Asn Ile Phe Ala Lys Gly Asp Ala Thr Ile Asn Ala Asn Ala Leu				
675	680	685		
att aat gat gtt act ctc aca ggt cgt ctt gag tat caa gat ctg aaa	2112			
Ile Asn Asp Val Thr Leu Thr Gly Arg Leu Glu Tyr Gln Asp Leu Lys				
690	695	700		
aaa gat tat acg cgt tat tat cgt atc aat gaa acg gca aaa cat ggt	2160			
Lys Asp Tyr Thr Arg Tyr Tyr Arg Ile Asn Glu Thr Ala Lys His Gly				
705	710	715	720	
tgg cat aat aac ttc tat gaa tta aac gtc gac aga gtt tct tg	2204			
Trp His Asn Asn Phe Tyr Glu Leu Asn Val Asp Arg Val Ser				
725	730			

<210> 117

<211> 734

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 117

```

Met Asn Lys Asn Arg Tyr Lys Leu Ile Phe Ser Lys Thr Lys Gly Cys
 1           5           10           15
Leu Val Pro Val Ala Glu Thr Ile Asn Ser Ala Val Gly Asn Ala Ser
           20           25           30
Ser Lys Asp Val Ser Asp Thr Glu Ile Ser Ala Ser Gln Pro Ala Leu
           35           40           45
Asn Ser Pro Leu Ser Thr Leu Ser Val Leu Val Lys Thr Ala Phe Asn
           50           55           60
Pro Val Ser Thr Leu Met Ser Leu Thr Trp Lys Glu Tyr Ala Val Leu
           65           70           75           80
Leu Leu Ser Val Val Ser Phe Pro Leu Met Ala Gln Ala Ser Asp Thr
           85           90           95
Asp Ser Val Val Gln Arg Lys Pro Glu Leu Thr Asp Val Thr Asn Ser
           100          105          110
Asn Ser Tyr His Val Glu Leu Asp Arg Glu His His Lys Gly Glu His
           115          120          125
Gln Thr Lys Ile Lys His Thr Glu Asn Asn Val Ile Ile Val Asp Ile
           130          135          140
Ala Lys Pro Asn Gln Lys Gly Ile Ser Asp Asn Arg Phe Lys His Phe
           145          150          155          160
Asn Ile Pro Asn Gly Ala Val Phe Asn Asn Ser Ala Lys Glu Lys Arg
           165          170          175
Ser Gln Leu Val Gly Tyr Leu Pro Gly Asn Gln Asn Leu Thr Glu Gly
           180          185          190
Ser Glu Ala Lys Ala Ile Leu Asn Gln Val Thr Gly Pro Asp Ala Ser
           195          200          205
Lys Ile Glu Gly Ala Leu Glu Ile Leu Gly Gln Lys Ala Asp Leu Val
           210          215          220
Ile Ala Asn Gln Asn Gly Ile Val Leu Asn Gly Val Lys Thr Ile Asn
           225          230          235          240
Ala Asn Arg Phe Val Ala Thr Thr Ser Ser Thr Ile Asp Pro Glu Gln
           245          250          255
Met Gln Leu Asn Val Thr Gln Gly Thr Val Thr Ile Gly Val Asp Gly
           260          265          270
Phe Ala Thr Asp Gly Leu Pro Tyr Leu Asp Ile Ile Ala Lys Lys Ile
           275          280          285
Glu Gln Lys Gln Ala Ile Thr Lys Glu Arg Thr Gly Asn Ser Glu Thr
           290          295          300
Asp Ile Thr Phe Val Ala Gly Asn Ser Lys Tyr Asp Leu Lys Thr His
           305          310          315          320
Gln Val Thr Glu Lys His Thr Ala Glu Ala Gln Gly Glu Ile Ala Ile
           325          330          335
Ser Gly Ala Ser Thr Gly Ala Met Tyr Gly Lys Asn Ile Lys Leu Ile
           340          345          350
Val Thr Asp Lys Gly Ala Gly Val Lys His Asp Gly Ile Ile Leu Ser
           355          360          365
Glu Ala Asp Ile Gln Ile Glu Thr His Glu Gly Asp Val Glu Leu Gly
           370          375          380
Asn Thr Lys Asn Asn Gln Asn Glu Asn Tyr Ala Lys Ala His Ala Glu

```

385					390				395				400			
Gly	Asn	Phe	Thr	Val	Lys	Gly	Gly	Lys	His	Val	Ile	Ile	Gly	Lys	Glu	
				405				410				415				
Val	Lys	Ala	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Ile	Gln	Ala	Gln	Glu	Thr	Thr	Val	
				420				425				430				
Arg	Gln	Asn	Ala	Lys	Leu	Thr	Ala	Lys	Thr	Ser	Ala	Lys	Ile	Thr	Ala	
				435				440				445				
Ser	Lys	Ser	Val	Asn	Leu	Glu	Asp	Asn	Ala	Lys	Leu	Ile	Ala	Asn	Glu	
				450				455				460				
Leu	Ser	Thr	Thr	Thr	Asn	Lys	Leu	Thr	Asn	Lys	Gly	Ser	Ile	Tyr	Gly	
465				470				475				480				
Lys	Lys	Val	Thr	Leu	Asp	Ala	Asp	Asn	Leu	Val	Asn	Ser	Lys	Glu	Ile	
				485				490				495				
Tyr	Ala	Ser	Ser	Glu	Leu	Asp	Ile	Gln	Thr	Lys	Gly	Arg	Asp	Leu	Leu	
				500				505				510				
Leu	Glu	Asp	Gly	Val	Asn	Gln	Pro	Leu	Ser	Phe	Leu	Lys	Gly	Ala	Ser	
				515				520				525				
Leu	Leu	Ala	Pro	Gly	Phe	Val	Asn	Thr	Gly	Leu	Ile	His	Ser	Asn	Gly	
530				535				540								
Asn	Ala	Lys	Leu	Thr	Phe	Lys	Asp	Asp	Thr	Ser	Phe	Val	Thr	Glu	Gly	
545				550				555				560				
Asn	Asn	Phe	Ile	Thr	Ala	Lys	Asp	Asn	Leu	Glu	Ile	Thr	Ala	Lys	Asn	
				565				570				575				
Val	Gln	Ile	Asp	Gln	Ala	Lys	Asn	Ile	Gln	Leu	Asn	Ala	Asn	Ile	Thr	
				580				585				590				
Ile	Asn	Thr	Lys	Ser	Gly	Phe	Val	Asn	Tyr	Gly	Thr	Leu	Ala	Ser	Ala	
595				600				605								
Gln	Asn	Leu	Thr	Ile	Asn	Thr	Glu	Gln	Gly	Ser	Ile	Tyr	Asn	Ile	Gly	
610				615				620								
Gly	Ile	Leu	Gly	Ala	Gly	Lys	Ser	Leu	Asn	Leu	Ser	Ala	Lys	Arg	Gly	
625				630				635				640				
Glu	Asn	Gln	Gly	Gly	Tyr	Leu	Ile	Asn	Gln	Gly	Lys	Ser	Leu	Leu	His	
				645				650				655				
Ser	Glu	Gly	Ala	Met	Asn	Leu	Thr	Ala	Asp	Arg	Thr	Val	Tyr	Asn	Leu	
				660				665				670				
Gly	Asn	Ile	Phe	Ala	Lys	Gly	Asp	Ala	Thr	Ile	Asn	Ala	Asn	Ala	Leu	
675				680				685								
Ile	Asn	Asp	Val	Thr	Leu	Thr	Gly	Arg	Leu	Glu	Tyr	Gln	Asp	Leu	Lys	
690				695				700								
Lys	Asp	Tyr	Thr	Arg	Tyr	Tyr	Arg	Ile	Asn	Glu	Thr	Ala	Lys	His	Gly	
705				710				715				720				
Trp	His	Asn	Asn	Phe	Tyr	Glu	Leu	Asn	Val	Asp	Arg	Val	Ser			
				725				730								

<210> 118

<211> 251

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

 $\langle 220 \rangle$

<223> unk0

 $\langle 220 \rangle$

<221> CDS

<222> (1)..(249)

<400> 118

atg	aaa	att	act	att	aca	cga	aat	cat	cca	gaa	gta	ttt	caa	gaa	tcc	48
Met	Lys	Ile	Thr	Ile	Thr	Arg	Asn	His	Pro	Glu	Val	Phe	Gln	Glu	Ser	
1				5				10				15				
gct	cgt	tta	gta	gcc	gaa	aag	ttc	att	aaa	gcc	caa	tgt	gta	gaa	gca	96
Ala	Arg	Leu	Val	Ala	Glu	Lys	Phe	Ile	Lys	Ala	Gln	Cys	Val	Glu	Ala	
		20					25				30					
tta	aca	ttg	gct	ttg	att	gag	ggg	gtc	gag	cac	ttt	gtg	ctg	gaa	ggg	144
Leu	Thr	Leu	Ala	Leu	Ile	Glu	Gly	Val	Glu	His	Phe	Val	Leu	Glu	Gly	
		35				40				45						
gag	gag	gaa	agc	aaa	agg	gga	cat	agt	att	aag	gtt	gta	tta	aaa	gga	192
Glu	Glu	Glu	Ser	Lys	Arg	Gly	His	Ser	Ile	Lys	Val	Val	Leu	Lys	Gly	
	50					55				60						
agt	cac	gaa	gtt	att	aag	tca	gag	gtg	aat	aca	aat	gaa	aaa	aat	cat	240
Ser	His	Glu	Val	Ile	Lys	Ser	Glu	Val	Asn	Thr	Asn	Glu	Lys	Asn	His	
	65				70				75					80		
tgt	aat	cat	ta													251
Cys	Asn	His														

<210> 119

<211> 83

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 119

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

<210> 120

<211> 548

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<223> unkP

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(546)

<400> 120

atg	cgt	gca	tat	ctt	gat	aaa	gaa	cag	ggc	tgg	cat	acg	tct	att	tca	48
Met	Arg	Ala	Tyr	Leu	Asp	Lys	Glu	Gln	Gly	Trp	His	Thr	Ser	Ile	Ser	
1				5				10				15				
aat	aaa	ggc	att	aat	ggc	gtg	agc	ggg	gtc	aca	caa	cca	ctc	tat	ttt	96

```

Asn Lys Gly Ile Asn Gly Val Ser Gly Val Thr Gln Pro Leu Tyr Phe
      20              25              30
gac att aac gac agc tcg act gat gtg aac tat ctc aat gaa caa ggc 144
Asp Ile Asn Asp Ser Ser Thr Asp Val Asn Tyr Leu Asn Glu Gln Gly
      35              40              45
atc acg tgt tgc gtg aat cat aat ggc ttt cgt ttt tgg ggc tta cgc 192
Ile Thr Cys Cys Val Asn His Asn Gly Phe Arg Phe Trp Gly Leu Arg
      50              55              60
acg act gca gaa gat cca tta ttc aag ttt gaa gtg tac acc cgc act 240
Thr Thr Ala Glu Asp Pro Leu Phe Lys Phe Glu Val Tyr Thr Arg Thr
      65              70              75              80
gca caa atc tta aaa gat acg att gca ggg gcg ttt gat tgg gca gtg 288
Ala Gln Ile Leu Lys Asp Thr Ile Ala Gly Ala Phe Asp Trp Ala Val
      85              90              95
gat aaa gat att tct gtc acg cta gtg aaa gat att att gaa gca atc 336
Asp Lys Asp Ile Ser Val Thr Leu Val Lys Asp Ile Ile Glu Ala Ile
      100             105             110
aat gcg aag tgg cgt gat tac acc aca aaa ggc tac tta att ggc ggt 384
Asn Ala Lys Trp Arg Asp Tyr Thr Thr Lys Gly Tyr Leu Ile Gly Gly
      115             120             125
aaa gcg tgg ctt aat aaa gag ctt aac agt gca acg aat tta aaa gat 432
Lys Ala Trp Leu Asn Lys Glu Leu Asn Ser Ala Thr Asn Leu Lys Asp
      130             135             140
gcg aag ttg ttg atc tct tat gat tat cac cca gta cca ccg ctc gaa 480
Ala Lys Leu Leu Ile Ser Tyr Asp Tyr His Pro Val Pro Pro Leu Glu
      145             150             155             160
cag cta ggc ttt aat cag tac att tct gat gaa tac ctt gtt gat ttt 528
Gln Leu Gly Phe Asn Gln Tyr Ile Ser Asp Glu Tyr Leu Val Asp Phe
      165             170             175
tca aat cgt tta gca tcg ta 548
Ser Asn Arg Leu Ala Ser
      180
<210> 121
<211> 182
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida
<400> 121
Met Arg Ala Tyr Leu Asp Lys Glu Gln Gly Trp His Thr Ser Ile Ser
  1           5           10           15
Asn Lys Gly Ile Asn Gly Val Ser Gly Val Thr Gln Pro Leu Tyr Phe
      20              25              30
Asp Ile Asn Asp Ser Ser Thr Asp Val Asn Tyr Leu Asn Glu Gln Gly
      35              40              45
Ile Thr Cys Cys Val Asn His Asn Gly Phe Arg Phe Trp Gly Leu Arg
      50              55              60
Thr Thr Ala Glu Asp Pro Leu Phe Lys Phe Glu Val Tyr Thr Arg Thr
      65              70              75              80
Ala Gln Ile Leu Lys Asp Thr Ile Ala Gly Ala Phe Asp Trp Ala Val
      85              90              95
Asp Lys Asp Ile Ser Val Thr Leu Val Lys Asp Ile Ile Glu Ala Ile

```

100 105 110
 Asn Ala Lys Trp Arg Asp Tyr Thr Thr Lys Gly Tyr Leu Ile Gly Gly
 115 120 125
 Lys Ala Trp Leu Asn Lys Glu Leu Asn Ser Ala Thr Asn Leu Lys Asp
 130 135 140
 Ala Lys Leu Leu Ile Ser Tyr Asp Tyr His Pro Val Pro Pro Leu Glu
 145 150 155 160
 Gln Leu Gly Phe Asn Gln Tyr Ile Ser Asp Glu Tyr Leu Val Asp Phe
 165 170 175
 Ser Asn Arg Leu Ala Ser
 180

<210> 122

<211> 69

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> apvA-or1

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(69)

<400> 122

atg ttt tat gtc atg ctt gcc aat agg acg tct ata att tca tca atc 48
 Met Phe Tyr Val Met Leu Ala Asn Arg Thr Ser Ile Ile Ser Ser Ile
 1 5 10 15
 gat aag ttt aag ata ctt agc 69
 Asp Lys Phe Lys Ile Leu Ser
 20

<210> 123

<211> 23

<212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 123

Met Phe Tyr Val Met Leu Ala Asn Arg Thr Ser Ile Ile Ser Ser Ile
 1 5 10 15
 Asp Lys Phe Lys Ile Leu Ser
 20

<210> 124

<211> 64

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> apvA-or2

<220>

<221> CDS

<222> (3)..(62)

<400> 124

ag cta agt atc tta aac tta tcg att gat gaa att ata gac gtc cta 47
 Leu Ser Ile Leu Asn Leu Ser Ile Asp Glu Ile Ile Asp Val Leu
 1 5 10 15
 ttg gca agc atg aca ta 64

Leu Ala Ser Met Thr
20

<210> 125

<211> 20

<212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 125

Leu Ser Ile Leu Asn Leu Ser Ile Asp Glu Ile Ile Asp Val Leu Leu
1 5 10 15
Ala Ser Met Thr
20

<210> 126

<211> 653

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> apvB

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(651)

<400> 126

tta att agc ttt cct ttt att act ttt gca agt aat gtt aat gga gcc	48
Leu Ile Ser Phe Pro Phe Ile Thr Phe Ala Ser Asn Val Asn Gly Ala	
1 5 10 15	
gaa att gga ttg gga gga gcc cgt gag agt agt att tac tat tct aaa	96
Glu Ile Gly Leu Gly Gly Ala Arg Glu Ser Ser Ile Tyr Tyr Ser Lys	
20 25 30	
cat aaa gta gca aca aat ccc ttt tta gca ctt gat ctt tct tta ggt	144
His Lys Val Ala Thr Asn Pro Phe Leu Ala Leu Asp Leu Ser Leu Gly	
35 40 45	
aat ttt tat atg aga ggg act gca gga att agc gaa ata gga tat gaa	192
Asn Phe Tyr Met Arg Gly Thr Ala Gly Ile Ser Glu Ile Gly Tyr Glu	
50 55 60	
caa tct ttc act gac aat ttc agc gta tca ctg ttt gtt aac cca ttt	240
Gln Ser Phe Thr Asp Asn Phe Ser Val Ser Leu Phe Val Asn Pro Phe	
65 70 75 80	
gat ggt ttt tca att aaa gga aaa gac ttg tta cct gga tat caa agt	288
Asp Gly Phe Ser Ile Lys Gly Lys Asp Leu Leu Pro Gly Tyr Gln Ser	
85 90 95	
att caa act cgc aaa act caa ttt gcc ttt ggt tgg gga tta aat tat	336
Ile Gln Thr Arg Lys Thr Gln Phe Ala Phe Gly Trp Gly Leu Asn Tyr	
100 105 110	
aat ttg gga ggt tta ttc ggc tta aat gat act ttt ata tcc ttg gaa	384
Asn Leu Gly Gly Leu Phe Gly Leu Asn Asp Thr Phe Ile Ser Leu Glu	
115 120 125	
gga aaa agc gga aaa cgt ggt gcg agt agt aat gtc agc tta ctt aaa	432
Gly Lys Ser Gly Lys Arg Gly Ala Ser Ser Asn Val Ser Leu Leu Lys	
130 135 140	
tcg ttt aat atg acg aaa aat tgg aaa gtt tca cca tat att ggc tca	480
Ser Phe Asn Met Thr Lys Asn Trp Lys Val Ser Pro Tyr Ile Gly Ser	

145									150									155									160	
agt	tat	tat	tca	tct	aaa	tat	aca	gat	tat	tac	ttt	ggg	att	aaa	caa		528											
Ser	Tyr	Tyr	Ser	Ser	Lys	Tyr	Thr	Asp	Tyr	Tyr	Phe	Gly	Ile	Lys	Gln													
				165				170				175																
tcc	gaa	tta	ggg	aat	aaa	att	aca	tcc	gta	tat	aaa	cct	aaa	gca	gct		576											
Ser	Glu	Leu	Gly	Asn	Lys	Ile	Thr	Ser	Val	Tyr	Lys	Pro	Lys	Ala	Ala													
				180				185				190																
tat	gca	aca	cac	ata	ggg	att	aat	act	gat	tat	gct	ttc	acg	aac	aat		624											
Tyr	Ala	Thr	His	Ile	Gly	Ile	Asn	Thr	Asp	Tyr	Ala	Phe	Thr	Asn	Asn													
				195				200				205																
ctt	ggc	atg	ggg	tta	tct	gtc	ggg	tgg	at										653									
Leu	Gly	Met	Gly	Leu	Ser	Val	Gly	Trp																				
				210				215																				

<210> 127

<211> 217

<212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 127

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

<210> 128

$\langle 211 \rangle$ 242

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> apvC

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(240)

<400> 128

atg tgg cgg atg gga gat ttt atg tct aaa aaa gag agg ctg aat gat	48
Met Trp Arg Met Gly Asp Phe Met Ser Lys Lys Glu Arg Leu Asn Asp	
1 5 10 15	
atg gct cgc cag att tta tca gcg gcg gag ttg ctc att gca aag gaa	96
Met Ala Arg Gln Ile Leu Ser Ala Ala Glu Leu Leu Ile Ala Lys Glu	
20 25 30	
ggg ttg caa aat tta tgc atg agg aaa atc gca agt gaa gcc ggt atc	144
Gly Leu Gln Asn Leu Ser Met Arg Lys Ile Ala Ser Glu Ala Gly Ile	
35 40 45	
gca aca ggc acg ctt tat ctc tat ttc aaa acg aaa gac gag tta ctg	192
Ala Thr Gly Thr Leu Tyr Leu Tyr Phe Lys Thr Lys Asp Glu Leu Leu	
50 55 60	
gat tgt ttg gcg gaa caa tta cat gaa cga tat tat cgt tat ctg aat	240
Asp Cys Leu Ala Glu Gln Leu His Glu Arg Tyr Tyr Arg Tyr Leu Asn	
65 70 75 80	
at	242

<210> 129

<211> 80

<212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 129

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

<210> 130

<211> 527

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> apvD

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(525)

<400> 130

aat att caa aaa aca gtt att gct agc ggc aca ttg caa gcg act gaa	48
Asn Ile Gln Lys Thr Val Ile Ala Ser Gly Thr Leu Gln Ala Thr Glu	
1 5 10 15	

```

caa gta gat att ggt gca caa gta tct ggg cag att aag cat att tta 96
Gln Val Asp Ile Gly Ala Gln Val Ser Gly Gln Ile Lys His Ile Leu
      20              25              30
gta caa gaa gga cag aag gtt aaa aaa ggt gag cta tta gct gta att 144
Val Gln Glu Gly Gln Lys Val Lys Lys Gly Glu Leu Leu Ala Val Ile
      35              40              45
gat cca cgt ctg gct gaa acg gaa tta aaa cta gca aaa gct gag cta 192
Asp Pro Arg Leu Ala Glu Thr Glu Leu Lys Leu Ala Lys Ala Glu Leu
      50              55              60
gca aat gct tct gct aat ttg gat aca aaa aaa att aat ctt aag caa 240
Ala Asn Ala Ser Ala Asn Leu Asp Thr Lys Lys Ile Asn Leu Lys Gln
      65              70              75              80
ctg caa tca gat tgg gaa cgt cat caa cgt ttg ata cga acc aat gcg 288
Leu Gln Ser Asp Trp Glu Arg His Gln Arg Leu Ile Arg Thr Asn Ala
      85              90              95
aca agc caa aag gaa aca gaa gaa gca aaa agt aga tta aat acg gcc 336
Thr Ser Gln Lys Glu Thr Glu Glu Ala Lys Ser Arg Leu Asn Thr Ala
      100             105             110
aaa gca gaa ctt caa att gcg caa aat aat cta gat atc gct aaa atc 384
Lys Ala Glu Leu Gln Ile Ala Gln Asn Asn Leu Asp Ile Ala Lys Ile
      115             120             125
aga gtg gaa aaa gct gaa acc gaa cta gga tat aca gaa att cgt tct 432
Arg Val Glu Lys Ala Glu Thr Glu Leu Gly Tyr Thr Glu Ile Arg Ser
      130             135             140
cca ctt gat gca aca gta att tca gta ttt gcg caa aat ggt caa act 480
Pro Leu Asp Ala Thr Val Ile Ser Val Phe Ala Gln Asn Gly Gln Thr
      145             150             155             160
tta gtc acc acc caa caa gta cca gtg ctg atg aaa tta gct aat at 527
Leu Val Thr Thr Gln Gln Val Pro Val Leu Met Lys Leu Ala Asn
      165             170             175

```

<210> 131

<211> 175

<212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 131

```

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

```

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

<210> 132

<211> 867

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> atpG

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(864)

<400> 132

atg gca ggt gcg aaa gag ata aga acc aaa att gca agt gtg aaa aat	48
Met Ala Gly Ala Lys Glu Ile Arg Thr Lys Ile Ala Ser Val Lys Asn	
1 5 10 15	
act caa aaa atc acc aaa gca atg gaa atg gtt gct acc tct aaa atg	96
Thr Gln Lys Ile Thr Lys Ala Met Glu Met Val Ala Thr Ser Lys Met	
20 25 30	
cgt aaa acg caa gag cgt atg gct gcc agt cgt cct tat tcg gaa aca	144
Arg Lys Thr Gln Glu Arg Met Ala Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Glu Thr	
35 40 45	
atc cgt aag gtg att agc cat att gcg aaa gga agc att ggt tat aag	192
Ile Arg Lys Val Ile Ser His Ile Ala Lys Gly Ser Ile Gly Tyr Lys	
50 55 60	
cac ccg ttt tta act gaa cgt gat att aaa aaa gta ggc tat ctt gtc	240
His Pro Phe Leu Thr Glu Arg Asp Ile Lys Lys Val Gly Tyr Leu Val	
65 70 75 80	
gtt tcg acc gat cgc ggt tta tgc ggt ggc ctt aat atc aat tta ttc	288
Val Ser Thr Asp Arg Gly Leu Cys Gly Gly Leu Asn Ile Asn Leu Phe	
85 90 95	
aaa gcg act ttg aat gaa ttt aaa acg tgg aaa gat aaa gac gtt agt	336
Lys Ala Thr Leu Asn Glu Phe Lys Thr Trp Lys Asp Lys Asp Val Ser	
100 105 110	
gtt gag ctt ggt tta gta ggg tcg aaa ggc gta agc ttt tac caa aat	384
Val Glu Leu Gly Leu Val Gly Ser Lys Gly Val Ser Phe Tyr Gln Asn	
115 120 125	
cta ggc tta aac gtg aga tct caa gta acg gga tta ggc gat aat ccg	432
Leu Gly Leu Asn Val Arg Ser Gln Val Thr Gly Leu Gly Asp Asn Pro	
130 135 140	
gaa atg gaa cgt atc gtg ggc gca gtt aat gaa atg att aat gcg ttc	480
Glu Met Glu Arg Ile Val Gly Ala Val Asn Glu Met Ile Asn Ala Phe	
145 150 155 160	
cga aac gga gaa gtg gat gcg gtt tac gtc gct tac aac cgt ttt gaa	528
Arg Asn Gly Glu Val Asp Ala Val Tyr Val Ala Tyr Asn Arg Phe Glu	
165 170 175	

```

aat acg atg tca caa aaa cct gtt atc gca cag tta ctt ccg tta cct 576
Asn Thr Met Ser Gln Lys Pro Val Ile Ala Gln Leu Leu Pro Leu Pro
      180      185      190
aaa cta gat gac gat gaa tta gat acg aaa ggt tca tgg gat tat att 624
Lys Leu Asp Asp Asp Glu Leu Asp Thr Lys Gly Ser Trp Asp Tyr Ile
      195      200      205
tat gaa ccg aat cca caa gtt tta ttg gat agt tta ctt gtt cgt tat 672
Tyr Glu Pro Asn Pro Gln Val Leu Leu Asp Ser Leu Leu Val Arg Tyr
      210      215      220
tta gaa act cag gta tac caa gca gtt gta gat aac cta gct tct gaa 720
Leu Glu Thr Gln Val Tyr Gln Ala Val Val Asp Asn Leu Ala Ser Glu
      225      230      235      240
caa gcc gct cga atg gta gcg atg aaa gcc gca aca gat aat gcg ggt 768
Gln Ala Ala Arg Met Val Ala Met Lys Ala Ala Thr Asp Asn Ala Gly
      245      250      255
aca tta atc gat gaa tta caa tta gtg tat aac aaa gct cgc caa gca 816
Thr Leu Ile Asp Glu Leu Gln Leu Val Tyr Asn Lys Ala Arg Gln Ala
      260      265      270
agc att aca aat gaa tta aac gaa att gtt gcg ggt gcc gca gca att 864
Ser Ile Thr Asn Glu Leu Asn Glu Ile Val Ala Gly Ala Ala Ala Ile
      275      280      285
taa 867
<210> 133
<211> 288
<212> PRT
<213> Actinobacillus pleuropneumoniae
<400> 133
Met Ala Gly Ala Lys Glu Ile Arg Thr Lys Ile Ala Ser Val Lys Asn
  1      5      10      15
Thr Gln Lys Ile Thr Lys Ala Met Glu Met Val Ala Thr Ser Lys Met
      20      25      30
Arg Lys Thr Gln Glu Arg Met Ala Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Glu Thr
      35      40      45
Ile Arg Lys Val Ile Ser His Ile Ala Lys Gly Ser Ile Gly Tyr Lys
      50      55      60
His Pro Phe Leu Thr Glu Arg Asp Ile Lys Lys Val Gly Tyr Leu Val
      65      70      75      80
Val Ser Thr Asp Arg Gly Leu Cys Gly Gly Leu Asn Ile Asn Leu Phe
      85      90      95
Lys Ala Thr Leu Asn Glu Phe Lys Thr Trp Lys Asp Lys Asp Val Ser
      100      105      110
Val Glu Leu Gly Leu Val Gly Ser Lys Gly Val Ser Phe Tyr Gln Asn
      115      120      125
Leu Gly Leu Asn Val Arg Ser Gln Val Thr Gly Leu Gly Asp Asn Pro
      130      135      140
Glu Met Glu Arg Ile Val Gly Ala Val Asn Glu Met Ile Asn Ala Phe
      145      150      155      160
Arg Asn Gly Glu Val Asp Ala Val Tyr Val Ala Tyr Asn Arg Phe Glu
      165      170      175
Asn Thr Met Ser Gln Lys Pro Val Ile Ala Gln Leu Leu Pro Leu Pro

```

180							185					190			
Lys	Leu	Asp	Asp	Asp	Glu	Leu	Asp	Thr	Lys	Gly	Ser	Trp	Asp	Tyr	Ile
195							200					205			
Tyr	Glu	Pro	Asn	Pro	Gln	Val	Leu	Leu	Asp	Ser	Leu	Leu	Val	Arg	Tyr
210							215					220			
Leu	Glu	Thr	Gln	Val	Tyr	Gln	Ala	Val	Val	Asp	Asn	Leu	Ala	Ser	Glu
225							230					235			
Gln	Ala	Ala	Arg	Met	Val	Ala	Met	Lys	Ala	Ala	Thr	Asp	Asn	Ala	Gly
245							250					255			
Thr	Leu	Ile	Asp	Glu	Leu	Gln	Leu	Val	Tyr	Asn	Lys	Ala	Arg	Gln	Ala
260							265					270			
Ser	Ile	Thr	Asn	Glu	Leu	Asn	Glu	Ile	Val	Ala	Gly	Ala	Ala	Ala	Ile
275							280					285			

<210> 134

<211> 534

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

 $\langle 220 \rangle$

<223> atpH

 $\langle 220 \rangle$

<221> CDS

$\langle 222 \rangle$ (1) . . (531)

<400> 134

atg	tca	gaa	tta	agt	aca	gta	gct	cgc	ccc	tac	gct	aaa	gca	gct	ttt	48
Met	Ser	Glu	Leu	Ser	Thr	Val	Ala	Arg	Pro	Tyr	Ala	Lys	Ala	Ala	Phe	
1				5					10					15		
gat	ttt	gct	tta	gaa	caa	ggt	cag	ttg	gac	aaa	tggt	caa	gaa	atg	tta	96
Asp	Phe	Ala	Leu	Glu	Gln	Gly	Gln	Leu	Asp	Lys	Trp	Gln	Glu	Met	Leu	
			20					25					30			
cag	ttt	tcg	gca	ttc	gtt	gct	gaa	aac	gaa	caa	gtg	gcg	gaa	tat	att	144
Gln	Phe	Ser	Ala	Phe	Val	Ala	Glu	Asn	Glu	Gln	Val	Ala	Glu	Tyr	Ile	
		35					40					45				
aat	tct	tcc	ctt	gca	agc	ggt	cag	att	tct	gaa	act	ttt	atc	aaa	atc	192
Asn	Ser	Ser	Leu	Ala	Ser	Gly	Gln	Ile	Ser	Glu	Thr	Phe	Ile	Lys	Ile	
	50					55				60						
tgc	ggc	gac	caa	ctt	gat	caa	tat	ggg	caa	aat	ttt	att	cgt	gta	atg	240
Cys	Gly	Asp	Gln	Leu	Asp	Gln	Tyr	Gly	Gln	Asn	Phe	Ile	Arg	Val	Met	
65					70				75						80	
gct	gaa	aat	aaa	cgt	ctg	gct	gtg	ttg	cct	atg	gtt	ttt	gat	act	ttc	288
Ala	Glu	Asn	Lys	Arg	Leu	Ala	Val	Leu	Pro	Met	Val	Phe	Asp	Thr	Phe	
			85					90					95			
gta	tca	tta	cga	gcg	gaa	cat	gaa	gcg	gta	aaa	gat	gta	aca	att	gtt	336
Val	Ser	Leu	Arg	Ala	Glu	His	Glu	Ala	Val	Lys	Asp	Val	Thr	Ile	Val	
			100					105					110			
tcg	gca	aac	gaa	tta	agt	caa	gca	caa	gaa	gat	aaa	atc	gca	aaa	gcg	384
Ser	Ala	Asn	Glu	Leu	Ser	Gln	Ala	Gln	Glu	Asp	Lys	Ile	Ala	Lys	Ala	
		115					120				125					
atg	gaa	aaa	cgc	tta	ggt	caa	aaa	gtt	cgt	tta	acc	aac	caa	atc	gat	432
Met	Glu	Lys	Arg	Leu	Gly	Gln	Lys	Val	Arg	Leu	Thr	Asn	Gln	Ile	Asp	
	130					135				140						

```

aac agc ctg att gca ggc gta att att aaa tac gat gat gtt gtt att 480
Asn Ser Leu Ile Ala Gly Val Ile Ile Lys Tyr Asp Asp Val Val Ile
145      150      155      160
gat ggt agt agc cgc ggt cag tta aat cgc tta gcg tca gcg ttg agc 528
Asp Gly Ser Ser Arg Gly Gln Leu Asn Arg Leu Ala Ser Ala Leu Ser
      165      170      175

ttg taa 534
Leu
<210> 135
<211> 177
<212> PRT
<213> Actinobacillus pleuropneumoniae
<400> 135
Met Ser Glu Leu Ser Thr Val Ala Arg Pro Tyr Ala Lys Ala Ala Phe
 1      5      10      15
Asp Phe Ala Leu Glu Gln Gly Gln Leu Asp Lys Trp Gln Glu Met Leu
      20      25      30
Gln Phe Ser Ala Phe Val Ala Glu Asn Glu Gln Val Ala Glu Tyr Ile
      35      40      45
Asn Ser Ser Leu Ala Ser Gly Gln Ile Ser Glu Thr Phe Ile Lys Ile
      50      55      60
Cys Gly Asp Gln Leu Asp Gln Tyr Gly Gln Asn Phe Ile Arg Val Met
      65      70      75      80
Ala Glu Asn Lys Arg Leu Ala Val Leu Pro Met Val Phe Asp Thr Phe
      85      90      95
Val Ser Leu Arg Ala Glu His Glu Ala Val Lys Asp Val Thr Ile Val
      100      105      110
Ser Ala Asn Glu Leu Ser Gln Ala Gln Glu Asp Lys Ile Ala Lys Ala
      115      120      125
Met Glu Lys Arg Leu Gly Gln Lys Val Arg Leu Thr Asn Gln Ile Asp
      130      135      140
Asn Ser Leu Ile Ala Gly Val Ile Ile Lys Tyr Asp Asp Val Val Ile
      145      150      155      160
Asp Gly Ser Ser Arg Gly Gln Leu Asn Arg Leu Ala Ser Ala Leu Ser
      165      170      175

Leu
<210> 136
<211> 321
<212> DNA
<213> Actinobacillus pleuropneumoniae
<220>
<223> dksA
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(318)
<400> 136
gca tgg cat gtg caa att atg gac gaa gct gag cgt aca aaa aac caa 48
Ala Trp His Val Gln Ile Met Asp Glu Ala Glu Arg Thr Lys Asn Gln
 1      5      10      15
atg cag gaa gaa gtc gct aat ttc gcc gat cct gcg gac cgc gcc act 96

```

```

Met Gln Glu Glu Val Ala Asn Phe Ala Asp Pro Ala Asp Arg Ala Thr
      20              25              30
cag gaa gaa gaa ttc agt ctt gaa tta aga aac cgt gac cgt gag cgt 144
Gln Glu Glu Glu Phe Ser Leu Glu Leu Arg Asn Arg Asp Arg Glu Arg
      35              40              45
aaa ttg ctt aag aag att gag caa acg tta aat agc att gcc gaa gac 192
Lys Leu Leu Lys Lys Ile Glu Gln Thr Leu Asn Ser Ile Ala Glu Asp
      50              55              60
gaa tac ggc tat tgc gaa act tgc ggt gtt gaa atc ggt tta cgt cgt 240
Glu Tyr Gly Tyr Cys Glu Thr Cys Gly Val Glu Ile Gly Leu Arg Arg
      65              70              75              80
tta gaa gcg cgc ccg acc gcg gat atg tgt atc gat tgc aaa aca ctt 288
Leu Glu Ala Arg Pro Thr Ala Asp Met Cys Ile Asp Cys Lys Thr Leu
      85              90              95
gcg gaa atc cgt gaa aag caa atg ggc tta taa 321
Ala Glu Ile Arg Glu Lys Gln Met Gly Leu
      100              105

```

<210> 137
 <211> 106
 <212> PRT
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae
 <400> 137

```

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

```

<210> 138
 <211> 33
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae
 <220>

<223> dnaK

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(30)

<400> 138

```

gct gag ttt gaa gaa gtg aaa gat aat aaa taa 33
Ala Glu Phe Glu Glu Val Lys Asp Asn Lys
  1              5              10

```

<210> 139

```

<211> 10
<212> PRT
<213> Actinobacillus pleuropneumoniae
<400> 139
Ala Glu Phe Glu Glu Val Lys Asp Asn Lys
  1             5             10
<210> 140
<211> 453
<212> DNA
<213> Actinobacillus pleuropneumoniae
<220>
<223> exbB
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(450)
<400> 140
atg gaa caa atg ctt gaa ctt tta caa ggt cat gtt gat tat att att 48
Met Glu Gln Met Leu Glu Leu Leu Gln Gly His Val Asp Tyr Ile Ile
  1             5             10             15
tta ggc tta tta cta tta atg agt gtt gtg ttg gta tgg aaa att att 96
Leu Gly Leu Leu Leu Leu Met Ser Val Val Leu Val Trp Lys Ile Ile
             20             25             30
gaa cgc gta ctt ttc tac aaa caa ttg gat gtg acc aaa tat gac acg 144
Glu Arg Val Leu Phe Tyr Lys Gln Leu Asp Val Thr Lys Tyr Asp Thr
             35             40             45
cta caa gat ttg gaa att gat acc act cgc aat tta accacc att tcc 192
Leu Gln Asp Leu Glu Ile Asp Thr Thr Arg Asn Leu Thr Thr Ile Ser
  50             55             60
act atc ggt gcc aac gcc cct tat atc ggt tta tta gga acc gta tta 240
Thr Ile Gly Ala Asn Ala Pro Tyr Ile Gly Leu Leu Gly Thr Val Leu
  65             70             75             80
ggg atc tta ctt acc ttc tat cat tta ggg cat tcc ggc ggt gat att 288
Gly Ile Leu Leu Thr Phe Tyr His Leu Gly His Ser Gly Gly Asp Ile
             85             90             95
gac gcc gca tcc att atg gtt cac ctt tcg ctt gca tta aaa gca acc 336
Asp Ala Ala Ser Ile Met Val His Leu Ser Leu Ala Leu Lys Ala Thr
             100             105             110
gca gcc ggt atc tta gtc gct att ccg gca atg atg ttc tac agc ggt 384
Ala Ala Gly Ile Leu Val Ala Ile Pro Ala Met Met Phe Tyr Ser Gly
             115             120             125
ttt aac cgt aaa gtg gat gaa agc aaa ctt aaa tgg caa gcg att caa 432
Phe Asn Arg Lys Val Asp Glu Ser Lys Leu Lys Trp Gln Ala Ile Gln
             130             135             140
gct cgt aaa gcc aat caa taa 453
Ala Arg Lys Ala Asn Gln
145             150
<210> 141
<211> 150
<212> PRT
<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

```

<400> 141

```

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

```

<210> 142

<211> 720

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> fkpA

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(717)

<400> 142

```

atg tta aaa aat aaa ctt tct gtt ctt gca atc gta gcc ggt acg ttc      48
Met Leu Lys Asn Lys Leu Ser Val Leu Ala Ile Val Ala Gly Thr Phe
 1          5          10          15
gtt tca gct caa act gca ttt gca gcg gat caa aaa ttc att gac gat      96
Val Ser Ala Gln Thr Ala Phe Ala Ala Asp Gln Lys Phe Ile Asp Asp
          20          25          30
tca tca tat gca gtc ggc gta ttg atg ggt aaa aat atc gaa ggc gtc      144
Ser Ser Tyr Ala Val Gly Val Leu Met Gly Lys Asn Ile Glu Gly Val
          35          40          45
gtt gaa tca caa aaa gaa att ttt tct tat aac caa gat aaa atc ttg      192
Val Glu Ser Gln Lys Glu Ile Phe Ser Tyr Asn Gln Asp Lys Ile Leu
          50          55          60
gcg ggt gtc caa gat acc atc aaa aaa acc ggt aaa tta acc gat gaa      240
Ala Gly Val Gln Asp Thr Ile Lys Lys Thr Gly Lys Leu Thr Asp Glu
          65          70          75          80
gat cta caa aaa caa tta aaa tcg ctt gat act tat ctt gca agt caa      288
Asp Leu Gln Lys Gln Leu Lys Ser Leu Asp Thr Tyr Leu Ala Ser Gln
          85          90          95
gaa agc aaa att gcg gcg gag aaa agc aaa gca acc gta gaa gcc ggt      336

```

Glu Ser Lys Ile Ala Ala Glu Lys Ser Lys Ala Thr Val Glu Ala Gly	
100 105 110	
aat aaa ttt cgt acc gac tac gaa aaa caa agc ggc gtg aaa aaa acc	384
Asn Lys Phe Arg Thr Asp Tyr Glu Lys Gln Ser Gly Val Lys Lys Thr	
115 120 125	
gct tcc ggt tta ctt tat aaa att gaa aaa gcc ggc acg ggc gaa tcg	432
Ala Ser Gly Leu Leu Tyr Lys Ile Glu Lys Ala Gly Thr Gly Glu Ser	
130 135 140	
cct aaa gcg gaa gat acc gtt aaa gtt cac tat aaa ggg aca tta acc	480
Pro Lys Ala Glu Asp Thr Val Lys Val His Tyr Lys Gly Thr Leu Thr	
145 150 155 160	
gat ggt acg gta ttc gat agc tca tac gat cgc ggt gag ccg att gaa	528
Asp Gly Thr Val Phe Asp Ser Ser Tyr Asp Arg Gly Glu Pro Ile Glu	
165 170 175	
ttc caa tta aac caa tta att ccg ggt tgg att gaa gcg att cca atg	576
Phe Gln Leu Asn Gln Leu Ile Pro Gly Trp Ile Glu Ala Ile Pro Met	
180 185 190	
ttg aaa aaa ggc gga aaa atg gaa atc gtc gtt ccg cct gaa ctt ggt	624
Leu Lys Lys Gly Gly Lys Met Glu Ile Val Val Pro Pro Glu Leu Gly	
195 200 205	
tac ggc gaa cgc caa gca ggt aag att ccg gca agt tca acc tta aaa	672
Tyr Gly Glu Arg Gln Ala Gly Lys Ile Pro Ala Ser Ser Thr Leu Lys	
210 215 220	
ttc gag att gaa ttg tta gat ttc aaa gcg gcc gaa gcg aaa aaa taa	720
Phe Glu Ile Glu Leu Leu Asp Phe Lys Ala Ala Glu Ala Lys Lys	
225 230 235	

<210> 143

<211> 239

<212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 143

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

145					150					155					160
Asp	Gly	Thr	Val	Phe	Asp	Ser	Ser	Tyr	Asp	Arg	Gly	Glu	Pro	Ile	Glu
				165					170					175	
Phe	Gln	Leu	Asn	Gln	Leu	Ile	Pro	Gly	Trp	Ile	Glu	Ala	Ile	Pro	Met
				180					185					190	
Leu	Lys	Lys	Gly	Gly	Lys	Met	Glu	Ile	Val	Val	Pro	Pro	Glu	Leu	Gly
				195					200					205	
Tyr	Gly	Glu	Arg	Gln	Ala	Gly	Lys	Ile	Pro	Ala	Ser	Ser	Thr	Leu	Lys
				210					215					220	
Phe	Glu	Ile	Glu	Leu	Leu	Asp	Phe	Lys	Ala	Ala	Glu	Ala	Lys	Lys	
				225					230					235	

$\langle 210 \rangle$ 144

<211> 290

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

 $\langle 220 \rangle$

<223> HI0379

 $\langle 220 \rangle$

<221> CDS

<222> (3) . . (287)

$\langle 400 \rangle$ 144

[illegible]

<210> 145

<211> 95

<212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 145

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

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

<210> 146

<211> 273

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> hupA

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(270)

<400> 146

atg aac aaa act gag tta atc gat gca atc gca gct ggt gca gag tta 48
 Met Asn Lys Thr Glu Leu Ile Asp Ala Ile Ala Ala Gly Ala Glu Leu
 1 5 10 15
 agc aag aaa gac gcg aaa gcg gca tta gaa gcg act tta aat gcg atc 96
 Ser Lys Lys Asp Ala Lys Ala Ala Leu Glu Ala Thr Leu Asn Ala Ile
 20 25 30
 tct gaa agc cta aaa aat ggc gac acc gtt cag tta atc ggc ttc ggt 144
 Ser Glu Ser Leu Lys Asn Gly Asp Thr Val Gln Leu Ile Gly Phe Gly
 35 40 45
 act ttt aaa gta aac gag cgt aat gca cgt acg ggt cgt aac ccg cgt 192
 Thr Phe Lys Val Asn Glu Arg Asn Ala Arg Thr Gly Arg Asn Pro Arg
 50 55 60
 acc ggc gaa gaa atc aaa atc gca gca tct aaa gtg ccg gcg ttt gtt 240
 Thr Gly Glu Glu Ile Lys Ile Ala Ala Ser Lys Val Pro Ala Phe Val
 65 70 75 80
 gca ggt aaa gca tta aaa gat tta gta aaa taa 273
 Ala Gly Lys Ala Leu Lys Asp Leu Val Lys
 85 90

<210> 147

<211> 90

<212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 147

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

Ala Gly Lys Ala Leu Lys Asp Leu Val Lys
85 90

<210> 148

<211> 551

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> lpdA

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(549)

<400> 148

atg agc aaa gaa atc aaa acg caa gtc gtg gta ctt ggt gcg ggt cct	48
Met Ser Lys Glu Ile Lys Thr Gln Val Val Val Leu Gly Ala Gly Pro	
1 5 10 15	
gcc ggt tat tca gcg gca ttc cgt tgt gcc gac tta ggc tta gaa aca	96
Ala Gly Tyr Ser Ala Ala Phe Arg Cys Ala Asp Leu Gly Leu Glu Thr	
20 25 30	
gta att gtc gaa cgt tat tca act ttg ggc ggt gta tgc tta aac gta	144
Val Ile Val Glu Arg Tyr Ser Thr Leu Gly Gly Val Cys Leu Asn Val	
35 40 45	
ggt tgt att ccg tct aaa gca tta tta cac gtt gca aaa gtt atc gaa	192
Gly Cys Ile Pro Ser Lys Ala Leu Leu His Val Ala Lys Val Ile Glu	
50 55 60	
gaa gca aaa cac gca gag aaa aac ggt att act ttc ggt gag ccc aac	240
Glu Ala Lys His Ala Glu Lys Asn Gly Ile Thr Phe Gly Glu Pro Asn	
65 70 75 80	
att gat tta gat aaa gtg cgt gcg ggt aaa gaa gcg gtt gtt tct aaa	288
Ile Asp Leu Asp Lys Val Arg Ala Gly Lys Glu Ala Val Val Ser Lys	
85 90 95	
tta acc ggc ggt tta gcg ggt atg gct aaa gca cgt aaa gta aca gta	336
Leu Thr Gly Gly Leu Ala Gly Met Ala Lys Ala Arg Lys Val Thr Val	
100 105 110	
gtg gaa ggt tta gcg gcg ttt acc gat ccg aat act tta gta gct cgt	384
Val Glu Gly Leu Ala Ala Phe Thr Asp Pro Asn Thr Leu Val Ala Arg	
115 120 125	
gac cgt gac ggt aat ccg aca acg att aaa ttt gat tat gca att att	432
Asp Arg Asp Gly Asn Pro Thr Thr Ile Lys Phe Asp Tyr Ala Ile Ile	
130 135 140	
gca gcc ggt tct cgt ccg att cag ctt ccg ttc att cca cac gaa gat	480
Ala Ala Gly Ser Arg Pro Ile Gln Leu Pro Phe Ile Pro His Glu Asp	
145 150 155 160	
ccg cgt gtg tgg gat tct acg gat gca ctt aaa tta aaa gaa gta ccc	528
Pro Arg Val Trp Asp Ser Thr Asp Ala Leu Lys Leu Lys Glu Val Pro	
165 170 175	
gaa aaa att act cat tat ggg cc	551
Glu Lys Ile Thr His Tyr Gly	
180	

<210> 149

<211> 183

<212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 149

```

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

```

<210> 150

<211> 1095

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> Omp5-2

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1092)

<400> 150

```

atg aaa aaa tca tta gtt gct tta aca gta tta tcg gct gca gcg gta   48
Met Lys Lys Ser Leu Val Ala Leu Thr Val Leu Ser Ala Ala Ala Val
 1           5           10           15
gct caa gca gcg cca caa caa aat act ttc tac gca ggt gcg aaa gca   96
Ala Gln Ala Ala Pro Gln Gln Asn Thr Phe Tyr Ala Gly Ala Lys Ala
          20           25           30
ggt tgg gcg tca ttc cat gat ggt atc gaa caa tta gat tca gct aaa   144
Gly Trp Ala Ser Phe His Asp Gly Ile Glu Gln Leu Asp Ser Ala Lys
          35           40           45
aac aca gat cgc ggt aca aaa tac ggt atc aac cgt aat tca gta act   192
Asn Thr Asp Arg Gly Thr Lys Tyr Gly Ile Asn Arg Asn Ser Val Thr
          50           55           60
tac ggc gta ttc ggc ggt tac caa att tta aac caa gac aaa tta ggt   240

```

Tyr	Gly	Val	Phe	Gly	Gly	Tyr	Gln	Ile	Leu	Asn	Gln	Asp	Lys	Leu	Gly	
65					70					75					80	
tta	gcg	gct	gaa	tta	ggt	tat	gac	tat	ttc	ggt	cgt	gtg	cgc	ggt	tct	288
Leu	Ala	Ala	Glu	Leu	Gly	Tyr	Asp	Tyr	Phe	Gly	Arg	Val	Arg	Gly	Ser	
				85					90					95		
gaa	aaa	cca	aac	ggt	aaa	gcg	gac	aag	aaa	act	ttc	cgt	cac	gct	gca	336
Glu	Lys	Pro	Asn	Gly	Lys	Ala	Asp	Lys	Lys	Thr	Phe	Arg	His	Ala	Ala	
				100					105					110		
cac	ggt	gcg	aca	atc	gca	tta	aaa	cct	agc	tac	gaa	gta	tta	cct	gac	384
His	Gly	Ala	Thr	Ile	Ala	Leu	Lys	Pro	Ser	Tyr	Glu	Val	Leu	Pro	Asp	
				115					120					125		
tta	gac	gtt	tac	ggt	aaa	gta	ggt	atc	gca	tta	gta	aac	aat	aca	tat	432
Leu	Asp	Val	Tyr	Gly	Lys	Val	Gly	Ile	Ala	Leu	Val	Asn	Asn	Thr	Tyr	
				130					135					140		
aaa	aca	ttc	aat	gca	gca	caa	gag	aaa	gtg	aaa	act	cgt	cgt	ttc	caa	480
Lys	Thr	Phe	Asn	Ala	Ala	Gln	Glu	Lys	Val	Lys	Thr	Arg	Arg	Phe	Gln	
145					150					155					160	
agt	tct	tta	att	tta	ggt	gcg	ggt	gtt	gag	tac	gca	att	ctt	cct	gaa	528
Ser	Ser	Leu	Ile	Leu	Gly	Ala	Gly	Val	Glu	Tyr	Ala	Ile	Leu	Pro	Glu	
				165						170					175	
tta	gcg	gca	cgt	gtt	gaa	tac	caa	tgg	tta	aac	aac	gca	ggt	aaa	gca	576
Leu	Ala	Ala	Arg	Val	Glu	Tyr	Gln	Trp	Leu	Asn	Asn	Ala	Gly	Lys	Ala	
				180						185				190		
agc	tac	tct	act	tta	aat	cgt	atg	ggt	gca	act	gac	tac	cgt	tcg	gat	624
Ser	Tyr	Ser	Thr	Leu	Asn	Arg	Met	Gly	Ala	Thr	Asp	Tyr	Arg	Ser	Asp	
				195					200					205		
atc	agt	tcc	gta	tct	gca	ggt	tta	agc	tac	cgt	ttc	ggt	caa	ggt	gcg	672
Ile	Ser	Ser	Val	Ser	Ala	Gly	Leu	Ser	Tyr	Arg	Phe	Gly	Gln	Gly	Ala	
				210						215				220		
gca	ccg	gtt	gca	gct	ccg	gca	gtt	gaa	act	aaa	aac	ttc	gca	ttc	agc	720
Ala	Pro	Val	Ala	Ala	Pro	Ala	Val	Glu	Thr	Lys	Asn	Phe	Ala	Phe	Ser	
225						230					235				240	
tct	gac	gta	tta	ttc	gca	ttc	ggt	aaa	tca	aac	tta	aaa	ccg	gct	gcg	768
Ser	Asp	Val	Leu	Phe	Ala	Phe	Gly	Lys	Ser	Asn	Leu	Lys	Pro	Ala	Ala	
				245						250				255		
gca	aca	gca	tta	gat	gca	atg	caa	acc	gaa	atc	aat	aac	gca	ggt	tta	816
Ala	Thr	Ala	Leu	Asp	Ala	Met	Gln	Thr	Glu	Ile	Asn	Asn	Ala	Gly	Leu	
				260						265				270		
tca	aat	gct	gcg	atc	caa	gta	aac	ggt	tac	acg	gac	cgt	atc	ggt	aaa	864
Ser	Asn	Ala	Ala	Ile	Gln	Val	Asn	Gly	Tyr	Thr	Asp	Arg	Ile	Gly	Lys	
				275					280					285		
gaa	gct	tca	aac	tta	aaa	ctt	tca	caa	cgt	cgt	gcg	gaa	aca	gta	gct	912
Glu	Ala	Ser	Asn	Leu	Lys	Leu	Ser	Gln	Arg	Arg	Ala	Glu	Thr	Val	Ala	
				290							300					
aac	tac	atc	gtt	tct	aaa	ggt	gct	ccg	gca	gct	aac	gta	act	gca	gta	960
Asn	Tyr	Ile	Val	Ser	Lys	Gly	Ala	Pro	Ala	Ala	Asn	Val	Thr	Ala	Val	
305						310					315				320	
ggt	tac	ggt	gaa	gca	aac	cct	gta	acc	ggc	gca	aca	tgt	gac	aaa	gtt	1008
Gly	Tyr	Gly	Glu	Ala	Asn	Pro	Val	Thr	Gly	Ala	Thr	Cys	Asp	Lys	Val	
				325						330					335	

```

aaa ggt cgt aaa gca tta atc gct tgc tta gca ccg gat cgt cgt gtt 1056
Lys Gly Arg Lys Ala Leu Ile Ala Cys Leu Ala Pro Asp Arg Arg Val
      340      345      350

gaa gtt caa gtt caa ggt act aaa gaa gta act atg taa 1095
Glu Val Gln Val Gln Gly Thr Lys Glu Val Thr Met
      355      360

<210> 151
<211> 364
<212> PRT
<213> Actinobacillus pleuropneumoniae
<400> 151
Met Lys Lys Ser Leu Val Ala Leu Thr Val Leu Ser Ala Ala Ala Val
  1      5      10      15
Ala Gln Ala Ala Pro Gln Gln Asn Thr Phe Tyr Ala Gly Ala Lys Ala
      20      25      30
Gly Trp Ala Ser Phe His Asp Gly Ile Glu Gln Leu Asp Ser Ala Lys
      35      40      45
Asn Thr Asp Arg Gly Thr Lys Tyr Gly Ile Asn Arg Asn Ser Val Thr
      50      55      60
Tyr Gly Val Phe Gly Gly Tyr Gln Ile Leu Asn Gln Asp Lys Leu Gly
      65      70      75      80
Leu Ala Ala Glu Leu Gly Tyr Asp Tyr Phe Gly Arg Val Arg Gly Ser
      85      90      95
Glu Lys Pro Asn Gly Lys Ala Asp Lys Lys Thr Phe Arg His Ala Ala
      100      105      110
His Gly Ala Thr Ile Ala Leu Lys Pro Ser Tyr Glu Val Leu Pro Asp
      115      120      125
Leu Asp Val Tyr Gly Lys Val Gly Ile Ala Leu Val Asn Asn Thr Tyr
      130      135      140
Lys Thr Phe Asn Ala Ala Gln Glu Lys Val Lys Thr Arg Arg Phe Gln
      145      150      155      160
Ser Ser Leu Ile Leu Gly Ala Gly Val Glu Tyr Ala Ile Leu Pro Glu
      165      170      175
Leu Ala Ala Arg Val Glu Tyr Gln Trp Leu Asn Asn Ala Gly Lys Ala
      180      185      190
Ser Tyr Ser Thr Leu Asn Arg Met Gly Ala Thr Asp Tyr Arg Ser Asp
      195      200      205
Ile Ser Ser Val Ser Ala Gly Leu Ser Tyr Arg Phe Gly Gln Gly Ala
      210      215      220
Ala Pro Val Ala Ala Pro Ala Val Glu Thr Lys Asn Phe Ala Phe Ser
      225      230      235      240
Ser Asp Val Leu Phe Ala Phe Gly Lys Ser Asn Leu Lys Pro Ala Ala
      245      250      255
Ala Thr Ala Leu Asp Ala Met Gln Thr Glu Ile Asn Asn Ala Gly Leu
      260      265      270
Ser Asn Ala Ala Ile Gln Val Asn Gly Tyr Thr Asp Arg Ile Gly Lys
      275      280      285
Glu Ala Ser Asn Leu Lys Leu Ser Gln Arg Arg Ala Glu Thr Val Ala
      290      295      300
Asn Tyr Ile Val Ser Lys Gly Ala Pro Ala Ala Asn Val Thr Ala Val

```

```

305          310          315          320
Gly Tyr Gly Glu Ala Asn Pro Val Thr Gly Ala Thr Cys Asp Lys Val
          325          330          335
Lys Gly Arg Lys Ala Leu Ile Ala Cys Leu Ala Pro Asp Arg Arg Val
          340          345          350
Glu Val Gln Val Gln Gly Thr Lys Glu Val Thr Met
          355          360
<210> 152
<211> 1110
<212> DNA
<213> Actinobacillus pleuropneumoniae
<220>
<223> Omp5
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1107)
<400> 152
atg aaa aaa tca tta gtt gct tta gca gta tta tcg gct gca gca gta 48
Met Lys Lys Ser Leu Val Ala Leu Ala Val Leu Ser Ala Ala Ala Val
  1          5          10          15
gct caa gca gct cca caa caa aat act ttc tac gca ggt gcg aaa gtt 96
Ala Gln Ala Ala Pro Gln Gln Asn Thr Phe Tyr Ala Gly Ala Lys Val
          20          25          30
ggt caa tca tca ttt cac cac ggt gtt aac caa tta aaa tct ggt cac 144
Gly Gln Ser Ser Phe His His Gly Val Asn Gln Leu Lys Ser Gly His
          35          40          45
gat gat cgt tat aat gat aaa aca cgt aag tat ggt atc aac cgt aac 192
Asp Asp Arg Tyr Asn Asp Lys Thr Arg Lys Tyr Gly Ile Asn Arg Asn
          50          55          60
tct gta act tac ggt gta ttc ggc ggt tac caa atc tta aac caa aat 240
Ser Val Thr Tyr Gly Val Phe Gly Gly Tyr Gln Ile Leu Asn Gln Asn
          65          70          75          80
aac ttc ggt tta gca gct gaa tta ggc tat gac tac tac ggt cgc gta 288
Asn Phe Gly Leu Ala Ala Glu Leu Gly Tyr Asp Tyr Tyr Gly Arg Val
          85          90          95
cgt ggt aac gta gat gaa ttc cgt aca gtt aaa cac tct gct cac ggt 336
Arg Gly Asn Val Asp Glu Phe Arg Thr Val Lys His Ser Ala His Gly
          100          105          110
tta aac tta gcg tta aaa cca agc tac gaa gta tta cct gac tta gac 384
Leu Asn Leu Ala Leu Lys Pro Ser Tyr Glu Val Leu Pro Asp Leu Asp
          115          120          125
gtt tac ggt aaa gta ggt att gcg gtt gtt cgt aat gac tat aaa aaa 432
Val Tyr Gly Lys Val Gly Ile Ala Val Val Arg Asn Asp Tyr Lys Lys
          130          135          140
tat ggt gcg gaa aac act aac gaa tca aca aca aaa ttc cac aaa tta 480
Tyr Gly Ala Glu Asn Thr Asn Glu Ser Thr Thr Lys Phe His Lys Leu
          145          150          155          160
aaa gca tca act att tta ggt gca ggt gtt gag tac gca att ctt cct 528
Lys Ala Ser Thr Ile Leu Gly Ala Gly Val Glu Tyr Ala Ile Leu Pro
          165          170          175

```

gaa tta gcg gca cgt gtt gaa tac caa tac tta aac aaa gcg ggt aac 576
 Glu Leu Ala Ala Arg Val Glu Tyr Gln Tyr Leu Asn Lys Ala Gly Asn
 180 185 190
 tta aat aaa gca tta gtt cgt tca ggc aca caa gat gtg gac ttc caa 624
 Leu Asn Lys Ala Leu Val Arg Ser Gly Thr Gln Asp Val Asp Phe Gln
 195 200 205
 tat gct cct gat atc cac tct gta aca gca ggt tta tca tac cgt ttc 672
 Tyr Ala Pro Asp Ile His Ser Val Thr Ala Gly Leu Ser Tyr Arg Phe
 210 215 220
 ggt caa ggc gct gta gca cca gtt gtt gag cca gaa gtt gta act aaa 720
 Gly Gln Gly Ala Val Ala Pro Val Val Glu Pro Glu Val Val Thr Lys
 225 230 235 240
 aac ttc gca ttc agc tca gac gtt tta ttt gat ttc ggt aaa tca agc 768
 Asn Phe Ala Phe Ser Ser Asp Val Leu Phe Asp Phe Gly Lys Ser Ser
 245 250 255
 tta aaa cca gca gca gca aca gct tta gac gca gct aac act gaa atc 816
 Leu Lys Pro Ala Ala Ala Thr Ala Leu Asp Ala Ala Asn Thr Glu Ile
 260 265 270
 gct aac tta ggt tta gca act cca gct atc caa gtt aac ggt tat aca 864
 Ala Asn Leu Gly Leu Ala Thr Pro Ala Ile Gln Val Asn Gly Tyr Thr
 275 280 285
 gac cgt atc ggt aaa gaa gct tca aac tta aaa ctt tca caa cgc cgt 912
 Asp Arg Ile Gly Lys Glu Ala Ser Asn Leu Lys Leu Ser Gln Arg Arg
 290 295 300
 gca gaa act gta gct aac tac tta gtt tct aaa ggt caa aac cct gca 960
 Ala Glu Thr Val Ala Asn Tyr Leu Val Ser Lys Gly Gln Asn Pro Ala
 305 310 315 320
 aac gta act gca gta ggt tac ggt gaa gca aac cca gta acc ggc gca 1008
 Asn Val Thr Ala Val Gly Tyr Gly Glu Ala Asn Pro Val Thr Gly Ala
 325 330 335
 aca tgt gat gca gtt aaa ggt cgt aaa gca tta atc gct tgc tta gca 1056
 Thr Cys Asp Ala Val Lys Gly Arg Lys Ala Leu Ile Ala Cys Leu Ala
 340 345 350
 ccg gat cgt cgt gtt gaa gtt caa gta caa ggt gct aaa aac gta gct 1104
 Pro Asp Arg Arg Val Glu Val Gln Val Gln Gly Ala Lys Asn Val Ala
 355 360 365
 atg taa 1110
 Met
 <210> 153
 <211> 369
 <212> PRT
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae
 <400> 153
 Met Lys Lys Ser Leu Val Ala Leu Ala Val Leu Ser Ala Ala Ala Val
 1 5 10 15
 Ala Gln Ala Ala Pro Gln Gln Asn Thr Phe Tyr Ala Gly Ala Lys Val
 20 25 30
 Gly Gln Ser Ser Phe His His Gly Val Asn Gln Leu Lys Ser Gly His
 35 40 45
 Asp Asp Arg Tyr Asn Asp Lys Thr Arg Lys Tyr Gly Ile Asn Arg Asn

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

Met

<210> 154

<211> 1076

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> pnp new

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1074)

<400> 154

aat att aaa gaa ttc gta aaa gaa gcg ggt aaa ccg cgt tgg gat tgg	48
Asn Ile Lys Glu Phe Val Lys Glu Ala Gly Lys Pro Arg Trp Asp Trp	
1 5 10 15	
gtt gcg ccg gaa ccg aat acc gca tta atc aac caa gtt aaa gcg tta	96
Val Ala Pro Glu Pro Asn Thr Ala Leu Ile Asn Gln Val Lys Ala Leu	
20 25 30	
gcg gaa gcg cgt atc ggc gat gcg tat cgt att aca gaa aaa caa gcg	144
Ala Glu Ala Arg Ile Gly Asp Ala Tyr Arg Ile Thr Glu Lys Gln Ala	
35 40 45	
cgt tac gaa caa atc gat gca att aaa gcg gat gtt atc gca caa tta	192
Arg Tyr Glu Gln Ile Asp Ala Ile Lys Ala Asp Val Ile Ala Gln Leu	
50 55 60	
acc gca caa gac gaa acc gtt tct gaa ggt gcg att att gat att att	240
Thr Ala Gln Asp Glu Thr Val Ser Glu Gly Ala Ile Ile Asp Ile Ile	
65 70 75 80	
acc gca tta gaa agt tct att gtt cgc ggt cgt att att gcc ggc gaa	288
Thr Ala Leu Glu Ser Ser Ile Val Arg Gly Arg Ile Ile Ala Gly Glu	
85 90 95	
ccg cgt att gac ggt cgt acg gta gat acg gtt cgt gca tta gac att	336
Pro Arg Ile Asp Gly Arg Thr Val Asp Thr Val Arg Ala Leu Asp Ile	
100 105 110	
tgc acc ggc gta tta cct cgt acg cac ggt tct gca atc ttt act cgc	384
Cys Thr Gly Val Leu Pro Arg Thr His Gly Ser Ala Ile Phe Thr Arg	
115 120 125	
ggt gaa aca caa gca tta gcg gtt gca acc tta ggt act gag cgc gat	432
Gly Glu Thr Gln Ala Leu Ala Val Ala Thr Leu Gly Thr Glu Arg Asp	
130 135 140	
gca caa att gtt gac gaa tta acc ggc gag aaa tca gac cgt ttc tta	480
Ala Gln Ile Val Asp Glu Leu Thr Gly Glu Lys Ser Asp Arg Phe Leu	
145 150 155 160	
ttc cac tat aac ttc cct ccg tac tct gtc ggt gaa acc ggt cgt atc	528
Phe His Tyr Asn Phe Pro Pro Tyr Ser Val Gly Glu Thr Gly Arg Ile	
165 170 175	
ggt tcg ccg aaa cgt cgt gaa atc ggc cac ggt cgt tta gcg aaa cgc	576
Gly Ser Pro Lys Arg Arg Glu Ile Gly His Gly Arg Leu Ala Lys Arg	
180 185 190	
ggt gta tta gcg gta atg ccg act gct gaa gaa ttc ccg tat gta gtg	624
Gly Val Leu Ala Val Met Pro Thr Ala Glu Glu Phe Pro Tyr Val Val	
195 200 205	
cgc gta gta tct gaa att acc gaa tca aac ggt tct tct tca atg gct	672
Arg Val Val Ser Glu Ile Thr Glu Ser Asn Gly Ser Ser Ser Met Ala	
210 215 220	
tcc gta tgc ggc gca tct tta gcg tta atg gac gca ggc gta ccg att	720
Ser Val Cys Gly Ala Ser Leu Ala Leu Met Asp Ala Gly Val Pro Ile	
225 230 235 240	
aaa gcg gcg gtt gcg ggt atc gca atg ggc tta gtg aaa gaa gaa gaa	768
Lys Ala Ala Val Ala Gly Ile Ala Met Gly Leu Val Lys Glu Glu Glu	
245 250 255	
aaa ttt gtg gtg ctt tca gac atc tta ggt gac gaa gac cat tta ggc	816
Lys Phe Val Val Leu Ser Asp Ile Leu Gly Asp Glu Asp His Leu Gly	

gat atg gac ttc aaa gta gcc ggt acg cgt gaa ggt gta acc gca ctt	260	265	270	864
Asp Met Asp Phe Lys Val Ala Gly Thr Arg Glu Gly Val Thr Ala Leu				
caa atg gat att aaa atc gaa ggt atc acg cct gaa att atg caa atc	275	280	285	912
Gln Met Asp Ile Lys Ile Glu Gly Ile Thr Pro Glu Ile Met Gln Ile				
gca tta aat caa gcg aaa ggt gcg cgt atg cac atc tta agc gtg atg	290	295	300	960
Ala Leu Asn Gln Ala Lys Gly Ala Arg Met His Ile Leu Ser Val Met				
gaa caa gcg att cct gca cct cgt gcc gat att tcc gat ttt gcg cct	305	310	315	320
Glu Gln Ala Ile Pro Ala Pro Arg Ala Asp Ile Ser Asp Phe Ala Pro				1008
cgt att cat acg atg aag atc gat ccg aag aaa atc aaa gac gtg atc	325	330	335	1056
Arg Ile His Thr Met Lys Ile Asp Pro Lys Lys Ile Lys Asp Val Ile				
ggg aaa ggc ggt gcg gtt at	340	345	350	1076
Gly Lys Gly Gly Ala Val				
355				
<210> 155				
<211> 358				
<212> PRT				
<213> Actinobacillus pleuropneumoniae				
<400> 155				
Asn Ile Lys Glu Phe Val Lys Glu Ala Gly Lys Pro Arg Trp Asp Trp				
1 5 10 15				
Val Ala Pro Glu Pro Asn Thr Ala Leu Ile Asn Gln Val Lys Ala Leu				
20 25 30				
Ala Glu Ala Arg Ile Gly Asp Ala Tyr Arg Ile Thr Glu Lys Gln Ala				
35 40 45				
Arg Tyr Glu Gln Ile Asp Ala Ile Lys Ala Asp Val Ile Ala Gln Leu				
50 55 60				
Thr Ala Gln Asp Glu Thr Val Ser Glu Gly Ala Ile Ile Asp Ile Ile				
65 70 75 80				
Thr Ala Leu Glu Ser Ser Ile Val Arg Gly Arg Ile Ile Ala Gly Glu				
85 90 95				
Pro Arg Ile Asp Gly Arg Thr Val Asp Thr Val Arg Ala Leu Asp Ile				
100 105 110				
Cys Thr Gly Val Leu Pro Arg Thr His Gly Ser Ala Ile Phe Thr Arg				
115 120 125				
Gly Glu Thr Gln Ala Leu Ala Val Ala Thr Leu Gly Thr Glu Arg Asp				
130 135 140				
Ala Gln Ile Val Asp Glu Leu Thr Gly Glu Lys Ser Asp Arg Phe Leu				
145 150 155 160				
Phe His Tyr Asn Phe Pro Pro Tyr Ser Val Gly Glu Thr Gly Arg Ile				
165 170 175				
Gly Ser Pro Lys Arg Arg Glu Ile Gly His Gly Arg Leu Ala Lys Arg				
180 185 190				
Gly Val Leu Ala Val Met Pro Thr Ala Glu Glu Phe Pro Tyr Val Val				
195 200 205				

Arg Val Val Ser Glu Ile Thr Glu Ser Asn Gly Ser Ser Ser Met Ala
 210 215 220
 Ser Val Cys Gly Ala Ser Leu Ala Leu Met Asp Ala Gly Val Pro Ile
 225 230 235 240
 Lys Ala Ala Val Ala Gly Ile Ala Met Gly Leu Val Lys Glu Glu Glu
 245 250 255
 Lys Phe Val Val Leu Ser Asp Ile Leu Gly Asp Glu Asp His Leu Gly
 260 265 270
 Asp Met Asp Phe Lys Val Ala Gly Thr Arg Glu Gly Val Thr Ala Leu
 275 280 285
 Gln Met Asp Ile Lys Ile Glu Gly Ile Thr Pro Glu Ile Met Gln Ile
 290 295 300
 Ala Leu Asn Gln Ala Lys Gly Ala Arg Met His Ile Leu Ser Val Met
 305 310 315 320
 Glu Gln Ala Ile Pro Ala Pro Arg Ala Asp Ile Ser Asp Phe Ala Pro
 325 330 335
 Arg Ile His Thr Met Lys Ile Asp Pro Lys Lys Ile Lys Asp Val Ile
 340 345 350
 Gly Ls Gly Gly Ala Val
 355

<210> 156

<211> 1055

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> potD

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1053)

<400> 156

atg aaa aaa tta gcg ggt tta ttt gca gca ggt tta gcg aca gtt gca	48
Met Lys Lys Leu Ala Gly Leu Phe Ala Ala Gly Leu Ala Thr Val Ala	
1 5 10 15	
tta aca gcg tgt aat gaa gaa aag cca aaa gcg gct gaa gca gcg gct	96
Leu Thr Ala Cys Asn Glu Glu Lys Pro Lys Ala Ala Glu Ala Ala Ala	
20 25 30	
caa ccg gca gca gcg gga aca gtt cac ctt tat act tgg act gaa tat	144
Gln Pro Ala Ala Ala Gly Thr Val His Leu Tyr Thr Trp Thr Glu Tyr	
35 40 45	
gtg cct gaa ggc ttg tta gat gaa ttt aca aag caa acc ggt atc aaa	192
Val Pro Glu Gly Leu Leu Asp Glu Phe Thr Lys Gln Thr Gly Ile Lys	
50 55 60	
gta gag gtt tca agc ctt gaa tct aac gaa acc atg tat gcg aaa tta	240
Val Glu Val Ser Ser Leu Glu Ser Asn Glu Thr Met Tyr Ala Lys Leu	
65 70 75 80	
aaa tta caa ggt aaa gac ggc ggt tac gat gtt atc gca cct tct aac	288
Lys Leu Gln Gly Lys Asp Gly Gly Tyr Asp Val Ile Ala Pro Ser Asn	
85 90 95	
tac ttc gtt tca aaa atg gcg aaa gaa ggt atg tta gcg gaa tta gat	336
Tyr Phe Val Ser Lys Met Ala Lys Glu Gly Met Leu Ala Glu Leu Asp	

	100		105		110	
cac gca aaa ctt cct gta atc aaa gag tta aac caa gat tgg tta aac	384					
His Ala Lys Leu Pro Val Ile Lys Glu Leu Asn Gln Asp Trp Leu Asn						
115	120	125				
aaa cct tat gac caa ggt aac aaa tac tct tta ccg caa tta tta ggt	432					
Lys Pro Tyr Asp Gln Gly Asn Lys Tyr Ser Leu Pro Gln Leu Leu Gly						
130	135	140				
gca ccg ggt atc gca ttt aac tca aat gag tat aag ggc gat gcg ttc	480					
Ala Pro Gly Ile Ala Phe Asn Ser Asn Asp Tyr Lys Gly Asp Ala Phe						
145	150	155	160			
act tct tgg ggt gat tta tgg aaa cct gag ttt gcg aat aaa gta caa	528					
Thr Ser Trp Gly Asp Leu Trp Lys Pro Glu Phe Ala Asn Lys Val Gln						
165	170	175				
tta tta gat gac gca cgt gaa gta ttt aac att gcg tta tta aaa tta	576					
Leu Leu Asp Asp Ala Arg Glu Val Phe Asn Ile Ala Leu Leu Lys Leu						
180	185	190				
ggt aaa aac cct aat aca acc aat ccg gaa gag att aaa gcg gct tac	624					
Gly Lys Asn Pro Asn Thr Thr Asn Pro Glu Glu Ile Lys Ala Ala Tyr						
195	200	205				
gaa gag tta aga aaa tta cgt cca aac gta ctt tct ttc act tca gac	672					
Glu Glu Leu Arg Lys Leu Arg Pro Asn Val Leu Ser Phe Thr Ser Asp						
210	215	220				
aac cca gcg aac tca ttt atc gca ggt gaa gta tct gta ggt caa tta	720					
Asn Pro Ala Asn Ser Phe Ile Ala Gly Glu Val Ser Val Gly Gln Leu						
225	230	235	240			
tgg aac ggt tct gta cgt att gcg aaa aaa gaa caa gcg ccg gta aac	768					
Trp Asn Gly Ser Val Arg Ile Ala Lys Lys Glu Gln Ala Pro Val Asn						
245	250	255				
atg gtg ttc cca aaa gaa ggt cct gta ctt tgg gtt gat acg tta gcc	816					
Met Val Phe Pro Lys Glu Gly Pro Val Leu Trp Val Asp Thr Leu Ala						
260	265	270				
att ccg gcg aat gcg aaa aac aaa gaa aat gcg cat aag tta atc aac	864					
Ile Pro Ala Asn Ala Lys Asn Lys Glu Asn Ala His Lys Leu Ile Asn						
275	280	285				
tac tta tta agc gca ccg gtt gcg gaa aaa tta acg tta gaa atc ggt	912					
Tyr Leu Leu Ser Ala Pro Val Ala Glu Lys Leu Thr Leu Glu Ile Gly						
290	295	300				
tat ccg act tca aac gta gaa gcg tta aaa aca tta cca aaa gag att	960					
Tyr Pro Thr Ser Asn Val Glu Ala Leu Lys Thr Leu Pro Lys Glu Ile						
305	310	315	320			
acc gaa gat ccg gca atc tat ccg aca gct gat gtg tta aaa gcg gca	1008					
Thr Glu Asp Pro Ala Ile Tyr Pro Thr Ala Asp Val Leu Lys Ala Ala						
325	330	335				
caa tgg caa gac gat gta ggt aat gca atc gaa ctt tac gaa aaa ta	1055					
Gln Trp Gln Asp Asp Val Gly Asn Ala Ile Glu Leu Tyr Glu Lys						
340	345	350				

<210> 157
 <211> 351
 <212> PRT
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 157

```

Met Lys Lys Leu Ala Gly Leu Phe Ala Ala Gly Leu Ala Thr Val Ala
 1          5          10          15
Leu Thr Ala Cys Asn Glu Glu Lys Pro Lys Ala Ala Glu Ala Ala Ala
          20          25          30
Gln Pro Ala Ala Ala Gly Thr Val His Leu Tyr Thr Trp Thr Glu Tyr
          35          40          45
Val Pro Glu Gly Leu Leu Asp Glu Phe Thr Lys Gln Thr Gly Ile Lys
          50          55          60
Val Glu Val Ser Ser Leu Glu Ser Asn Glu Thr Met Tyr Ala Lys Leu
 65          70          75          80
Lys Leu Gln Gly Lys Asp Gly Gly Tyr Asp Val Ile Ala Pro Ser Asn
          85          90          95
Tyr Phe Val Ser Lys Met Ala Lys Glu Gly Met Leu Ala Glu Leu Asp
          100          105          110
His Ala Lys Leu Pro Val Ile Lys Glu Leu Asn Gln Asp Trp Leu Asn
          115          120          125
Lys Pro Tyr Asp Gln Gly Asn Lys Tyr Ser Leu Pro Gln Leu Leu Gly
          130          135          140
Ala Pro Gly Ile Ala Phe Asn Ser Asn Asp Tyr Lys Gly Asp Ala Phe
145          150          155          160
Thr Ser Trp Gly Asp Leu Trp Lys Pro Glu Phe Ala Asn Lys Val Gln
          165          170          175
Leu Leu Asp Asp Ala Arg Glu Val Phe Asn Ile Ala Leu Leu Lys Leu
          180          185          190
Gly Lys Asn Pro Asn Thr Thr Asn Pro Glu Glu Ile Lys Ala Ala Tyr
          195          200          205
Glu Glu Leu Arg Lys Leu Arg Pro Asn Val Leu Ser Phe Thr Ser Asp
          210          215          220
Asn Pro Ala Asn Ser Phe Ile Ala Gly Glu Val Ser Val Gly Gln Leu
225          230          235          240
Trp Asn Gly Ser Val Arg Ile Ala Lys Lys Glu Gln Ala Pro Val Asn
          245          250          255
Met Val Phe Pro Lys Glu Gly Pro Val Leu Trp Val Asp Thr Leu Ala
          260          265          270
Ile Pro Ala Asn Ala Lys Asn Lys Glu Asn Ala His Lys Leu Ile Asn
          275          280          285
Tyr Leu Leu Ser Ala Pro Val Ala Glu Lys Leu Thr Leu Glu Ile Gly
          290          295          300
Tyr Pro Thr Ser Asn Val Glu Ala Leu Lys Thr Leu Pro Lys Glu Ile
305          310          315          320
Thr Glu Asp Pro Ala Ile Tyr Pro Thr Ala Asp Val Leu Lys Ala Ala
          325          330          335
Gln Trp Gln Asp Asp Val Gly Asn Ala Ile Glu Leu Tyr Glu Lys
          340          345          350

```

<210> 158

<211> 525

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> rpmF

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(522)

<400> 158

```

atg caa aag gta aaa cta ccc ctc acc att gac cca tat aaa gac gct 48
Met Gln Lys Val Lys Leu Pro Leu Thr Ile Asp Pro Tyr Lys Asp Ala
  1          5          10          15
cag cgt cga atg gat tac gaa ggc tac atc tca cgt agt ctg ctt aat 96
Gln Arg Arg Met Asp Tyr Glu Gly Tyr Ile Ser Arg Ser Leu Leu Asn
          20          25          30
cgt ttg ggt gaa tct gtg agc aat gtg cta agc gat gca caa gtt act 144
Arg Leu Gly Glu Ser Val Ser Asn Val Leu Ser Asp Ala Gln Val Thr
          35          40          45
ctc tcg tta tat atc gat ccg caa cgc tta acc gtt att aaa ggt acg 192
Leu Ser Leu Tyr Ile Asp Pro Gln Arg Leu Thr Val Ile Lys Gly Thr
          50          55          60
gcg aca gtg gaa gtg gaa ttc gat tgc caa cga tgc ggt aac ccg ttt 240
Ala Thr Val Glu Val Glu Phe Asp Cys Gln Arg Cys Gly Asn Pro Phe
  65          70          75          80
aca caa acg ctt gac tgt tcg ttt tgt ttc agt ccg gtg tcc aat atg 288
Thr Gln Thr Leu Asp Cys Ser Phe Cys Phe Ser Pro Val Ser Asn Met
          85          90          95
gat cag gcg gac aat ttg ccc gaa att tat gaa cca atc gaa gta aac 336
Asp Gln Ala Asp Asn Leu Pro Glu Ile Tyr Glu Pro Ile Glu Val Asn
          100          105          110
gag ttc ggt gaa gta aat tta cta gat atg atc gaa gat gga ttt atc 384
Glu Phe Gly Glu Val Asn Leu Leu Asp Met Ile Glu Asp Gly Phe Ile
          115          120          125
atc gaa ttg cct cta gtc ccg atg cat agt gaa gaa cac tgt gaa gtg 432
Ile Glu Leu Pro Leu Val Pro Met His Ser Glu Glu His Cys Glu Val
          130          135          140
tcc gtg agt gaa cag gtg ttt ggc gaa ttg cct gaa gaa ttg gcg aaa 480
Ser Val Ser Glu Gln Val Phe Gly Glu Leu Pro Glu Glu Leu Ala Lys
 145          150          155          160
aaa cct aac ccg ttc gct gta tta gct aat tta aag aaa aac tag 525
Lys Pro Asn Pro Phe Ala Val Leu Ala Asn Leu Lys Lys Asn
          165          170

```

<210> 159

<211> 174

<212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 159

```

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

```

```

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

```

<210> 160

<211> 1302

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> tig

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1299)

<400> 160

```

atg tca att tct att gaa act tta gaa ggc tta caa cgc cgc gta act   48
Met Ser Ile Ser Ile Glu Thr Leu Glu Gly Leu Gln Arg Arg Val Thr
  1              5              10              15
att acc gta gct gct gat aaa atc gaa gcg gct tac aaa gag caa tta   96
Ile Thr Val Ala Ala Asp Lys Ile Glu Ala Ala Tyr Lys Glu Gln Leu
      20              25              30
aaa ggc tat gcg aaa aac gct cgt gta gac ggt ttc cgt aaa ggt aaa  144
Lys Gly Tyr Ala Lys Asn Ala Arg Val Asp Gly Phe Arg Lys Gly Lys
      35              40              45
gta ccg cac gca att atc gaa caa cgt ttc ggt tta gcg gct cgc caa  192
Val Pro His Ala Ile Ile Glu Gln Arg Phe Gly Leu Ala Ala Arg Gln
      50              55              60
gac gta tta tcc gat gaa atg caa cgt gcg ttc ttt gat gcg gta atc  240
Asp Val Leu Ser Asp Glu Met Gln Arg Ala Phe Phe Asp Ala Val Ile
  65              70              75              80
gct gag aaa att aac ctt gcc ggt cgt cct acc ttc aca ccg aac aac  288
Ala Glu Lys Ile Asn Leu Ala Gly Arg Pro Thr Phe Thr Pro Asn Asn
      85              90              95
tac caa ccg agt caa gaa ttc agc ttc act gca act ttt gaa gta ttc  336
Tyr Gln Pro Ser Gln Glu Phe Ser Phe Thr Ala Thr Phe Glu Val Phe
      100             105             110
ccg gaa gtt gaa tta aaa ggc tta gaa aat atc gaa gtt gaa aaa ccg  384
Pro Glu Val Glu Leu Lys Gly Leu Glu Asn Ile Glu Val Glu Lys Pro
      115             120             125
gtt gta gaa atc aca gaa gct gat tta gac aaa atg atc gat gtg tta  432

```

Val	Val	Glu	Ile	Thr	Glu	Ala	Asp	Leu	Asp	Lys	Met	Ile	Asp	Val	Leu	
130						135					140					
cgt	aaa	caa	caa	gcg	act	tgg	gct	gaa	tct	caa	gca	gcg	gca	caa	gcg	480
Arg	Lys	Gln	Gln	Ala	Thr	Trp	Ala	Glu	Ser	Gln	Ala	Ala	Ala	Gln	Ala	
145					150					155					160	
gaa	gac	cgt	ggt	gta	atc	gac	ttc	gta	ggt	tct	gta	gac	ggt	gaa	gag	528
Glu	Asp	Arg	Val	Val	Ile	Asp	Phe	Val	Gly	Ser	Val	Asp	Gly	Glu	Glu	
				165					170						175	
ttt	gaa	ggc	ggt	aaa	gcg	aca	gac	ttc	act	tta	gca	atg	ggt	caa	agt	576
Phe	Glu	Gly	Gly	Lys	Ala	Thr	Asp	Phe	Thr	Leu	Ala	Met	Gly	Gln	Ser	
			180					185					190			
cgt	atg	atc	cct	ggt	ttt	gaa	gaa	ggt	atc	ggt	ggt	cac	aaa	gcc	ggc	624
Arg	Met	Ile	Pro	Gly	Phe	Glu	Glu	Gly	Ile	Val	Gly	His	Lys	Ala	Gly	
			195				200					205				
gaa	caa	ttc	gat	atc	gat	ggt	act	ttc	cct	gaa	gaa	tac	cac	gct	gaa	672
Glu	Gln	Phe	Asp	Ile	Asp	Val	Thr	Phe	Pro	Glu	Glu	Tyr	His	Ala	Glu	
			210			215				220						
aac	tta	aaa	ggt	aaa	gcg	gcg	aaa	ttc	gca	att	aca	ctt	aag	aaa	gta	720
Asn	Leu	Lys	Gly	Lys	Ala	Ala	Lys	Phe	Ala	Ile	Thr	Leu	Lys	Lys	Val	
225					230					235					240	
gaa	aat	atc	gta	tta	cct	gaa	tta	acc	gaa	gaa	ttc	gtg	aaa	aaa	ttc	768
Glu	Asn	Ile	Val	Leu	Pro	Glu	Leu	Thr	Glu	Glu	Phe	Val	Lys	Lys	Phe	
			245						250				255			
ggt	tca	gca	aaa	act	gta	gaa	gat	tta	cgt	gcg	gaa	att	aag	aaa	aat	816
Gly	Ser	Ala	Lys	Thr	Val	Glu	Asp	Leu	Arg	Ala	Glu	Ile	Lys	Lys	Asn	
			260					265					270			
atg	caa	cgt	gaa	ctt	aaa	aac	gca	gta	acc	gca	cgc	ggt	aaa	aac	caa	864
Met	Gln	Arg	Glu	Leu	Lys	Asn	Ala	Val	Thr	Ala	Arg	Val	Lys	Asn	Gln	
			275				280						285			
gta	atc	aac	ggt	tta	atc	gca	caa	aat	gaa	att	gaa	gtg	ccg	gct	gca	912
Val	Ile	Asn	Gly	Leu	Ile	Ala	Gln	Asn	Glu	Ile	Glu	Val	Pro	Ala	Ala	
			290			295					300					
gcg	gta	gcg	gaa	gaa	gtg	gac	gta	tta	cgt	cgt	caa	gcg	ggt	caa	cgt	960
Ala	Val	Ala	Glu	Glu	Val	Asp	Val	Leu	Arg	Arg	Gln	Ala	Val	Gln	Arg	
305					310					315					320	
ttc	ggt	ggt	aaa	ccg	gaa	atg	gct	gca	caa	tta	ccg	gcg	gaa	tta	ttc	1008
Phe	Gly	Gly	Lys	Pro	Glu	Met	Ala	Ala	Gln	Leu	Pro	Ala	Glu	Leu	Phe	
			325						330					335		
gaa	gcg	gat	gca	aaa	cgt	cgt	ggt	caa	gta	ggt	tta	tta	ctt	tca	acc	1056
Glu	Ala	Asp	Ala	Lys	Arg	Arg	Val	Gln	Val	Gly	Leu	Leu	Leu	Ser	Thr	
			340					345					350			
gta	atc	ggt	act	aac	gaa	tta	aaa	ggt	gat	gaa	aaa	cgt	ggt	gaa	gaa	1104
Val	Ile	Gly	Thr	Asn	Glu	Leu	Lys	Val	Asp	Glu	Lys	Arg	Val	Glu	Glu	
			355				360					365				
acg	att	gca	gaa	atc	gct	tca	gct	tac	gaa	caa	ccg	gcg	gaa	ggt	ggt	1152
Thr	Ile	Ala	Glu	Ile	Ala	Ser	Ala	Tyr	Glu	Gln	Pro	Ala	Glu	Val	Val	
			370			375					380					
gct	cat	tat	gcg	aaa	aac	cgt	caa	tta	acc	gaa	aat	atc	cgt	aac	gta	1200
Ala	His	Tyr	Ala	Lys	Asn	Arg	Gln	Leu	Thr	Glu	Asn	Ile	Arg	Asn	Val	
385					390					395					400	

```

gtg tta gaa gag caa gcg gtt gaa gtt gta ctt gcg aaa gca aaa gta 1248
Val Leu Glu Glu Gln Ala Val Glu Val Val Leu Ala Lys Ala Lys Val
      405      410      415

act gaa aaa gcg act tct ttt gat gaa gta atg gct caa caa gct caa 1296
Thr Glu Lys Ala Thr Ser Phe Asp Glu Val Met Ala Gln Gln Ala Gln
      420      425      430

ggc taa 1302
Gly
<210> 161
<211> 433
<212> PRT
<213> Actinobacillus pleuropneumoniae
<400> 161
Met Ser Ile Ser Ile Glu Thr Leu Glu Gly Leu Gln Arg Arg Val Thr
  1      5      10      15
Ile Thr Val Ala Ala Asp Lys Ile Glu Ala Ala Tyr Lys Glu Gln Leu
      20      25      30
Lys Gly Tyr Ala Lys Asn Ala Arg Val Asp Gly Phe Arg Lys Gly Lys
      35      40      45
Val Pro His Ala Ile Ile Glu Gln Arg Phe Gly Leu Ala Ala Arg Gln
      50      55      60
Asp Val Leu Ser Asp Glu Met Gln Arg Ala Phe Phe Asp Ala Val Ile
      65      70      75      80
Ala Glu Lys Ile Asn Leu Ala Gly Arg Pro Thr Phe Thr Pro Asn Asn
      85      90      95
Tyr Gln Pro Ser Gln Glu Phe Ser Phe Thr Ala Thr Phe Glu Val Phe
      100      105      110
Pro Glu Val Glu Leu Lys Gly Leu Glu Asn Ile Glu Val Glu Lys Pro
      115      120      125
Val Val Glu Ile Thr Glu Ala Asp Leu Asp Lys Met Ile Asp Val Leu
      130      135      140
Arg Lys Gln Gln Ala Thr Trp Ala Glu Ser Gln Ala Ala Ala Gln Ala
      145      150      155      160
Glu Asp Arg Val Val Ile Asp Phe Val Gly Ser Val Asp Gly Glu Glu
      165      170      175
Phe Glu Gly Gly Lys Ala Thr Asp Phe Thr Leu Ala Met Gly Gln Ser
      180      185      190
Arg Met Ile Pro Gly Phe Glu Glu Gly Ile Val Gly His Lys Ala Gly
      195      200      205
Glu Gln Phe Asp Ile Asp Val Thr Phe Pro Glu Glu Tyr His Ala Glu
      210      215      220
Asn Leu Lys Gly Lys Ala Ala Lys Phe Ala Ile Thr Leu Lys Lys Val
      225      230      235      240
Glu Asn Ile Val Leu Pro Glu Leu Thr Glu Glu Phe Val Lys Lys Phe
      245      250      255
Gly Ser Ala Lys Thr Val Glu Asp Leu Arg Ala Glu Ile Lys Lys Asn
      260      265      270
Met Gln Arg Glu Leu Lys Asn Ala Val Thr Ala Arg Val Lys Asn Gln
      275      280      285
Val Ile Asn Gly Leu Ile Ala Gln Asn Glu Ile Glu Val Pro Ala Ala

```

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

Gly

<210> 162

<211> 316

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> tRNA-glu

<400> 162

```

aatattgcg c tcaaattggca aagcggagag catctttaaa tgttgtcccc atcgtctaga 60
ggcctaggac atcgcccttt cacggcggta accgggggttc gaatccccgt ggggacgccca 120
tttaaagatg acttttgttg tctgaattgt tctttaaaaa attggaaaca agctgaaaac 180
tgagagattt tcgaaagaaa gtctgagtag taaaagataa gtaattatct tgaaaatctt 240
agctgaacaa aagcagctaa gtgttttagt gaataaagta tcgcgttgaa tgcgttcaaa 300
taaaatttga aaatat                                     316

```

<210> 163

<211> 85

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> tRNA-leu

<400> 163

```

gctctggtgg tggaattggt agacacgcta tcttgagggg gtagtgtcca taggatgtgc 60
gagttcgagt ctcgccaga gcacc                                     85

```

<210> 164

<211> 623

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> yaeE

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(621)

<400> 164

```

atg caa gaa ctc aca cct caa atg tgg ggc tta gtc ggc act tca acg 48
Met Gln Glu Leu Thr Pro Gln Met Trp Gly Leu Val Gly Thr Ser Thr
  1          5          10          15
ctt gaa acg ctc tat atg ggc ttt gcg gcg act tta ctt gct gtg gta 96
Leu Glu Thr Leu Tyr Met Gly Phe Ala Ala Thr Leu Leu Ala Val Val
          20          25          30
gtc ggt ttg ccg atc ggt ttt ctg gca ttt tta acc ggt aaa gga gag 144
Val Gly Leu Pro Ile Gly Phe Leu Ala Phe Leu Thr Gly Lys Gly Glu
          35          40          45
att tta gag aat ccg cgt tta cat caa gta tta gat gtg att att aat 192
Ile Leu Glu Asn Pro Arg Leu His Gln Val Leu Asp Val Ile Ile Asn
          50          55          60
atc ggt cgt tcc gta ccg ttt att att ttg tta gtc gtg ttg tta cct 240
Ile Gly Arg Ser Val Pro Phe Ile Ile Leu Leu Val Val Leu Leu Pro
          65          70          75          80
ttt acg cgt tta ttg gtc ggg aca acg ctc ggt act acg gcg gcg att 288
Phe Thr Arg Leu Leu Val Gly Thr Thr Leu Gly Thr Thr Ala Ala Ile
          85          90          95
gtg ccg tta agc gtt tcg gca att ccg ttt ttt gcg cgt tta act tca 336
Val Pro Leu Ser Val Ser Ala Ile Pro Phe Phe Ala Arg Leu Thr Ser
          100          105          110
aat gcg tta tta gaa atc cca gca ggt tta acc gaa gcg gcg aaa tcg 384
Asn Ala Leu Leu Glu Ile Pro Ala Gly Leu Thr Glu Ala Ala Lys Ser
          115          120          125
atg ggc gca acg aat tgg caa gtg gtc agt aaa ttt tat tta ccg gaa 432
Met Gly Ala Thr Asn Trp Gln Val Val Ser Lys Phe Tyr Leu Pro Glu
          130          135          140
tca ctg ccg att tta atc aat ggt atc aca tta act tta gtc gct tta 480
Ser Leu Pro Ile Leu Ile Asn Gly Ile Thr Leu Thr Leu Val Ala Leu
          145          150          155          160
atc ggt tat tcg gca atg gcg ggt gcg gtc ggc ggc ggc ggt ttg ggt 528
Ile Gly Tyr Ser Ala Met Ala Gly Ala Val Gly Gly Gly Gly Leu Gly
          165          170          175
aac ctt gcc atc agt tac ggt gaa cac cga aat atg gtc tat gta aaa 576
Asn Leu Ala Ile Ser Tyr Gly Glu His Arg Asn Met Val Tyr Val Lys
          180          185          190
tgg atc tca aca att att atc gta gcg att gtg atg atc agt caa aa 623
Trp Ile Ser Thr Ile Ile Ile Val Ala Ile Val Met Ile Ser Gln
          195          200          205
<210> 165
<211> 207
<212> PRT
<213> Actinobacillus pleuropneumoniae
<400> 165
Met Gln Glu Leu Thr Pro Gln Met Trp Gly Leu Val Gly Thr Ser Thr
  1          5          10          15
Leu Glu Thr Leu Tyr Met Gly Phe Ala Ala Thr Leu Leu Ala Val Val
          20          25          30
Val Gly Leu Pro Ile Gly Phe Leu Ala Phe Leu Thr Gly Lys Gly Glu
          35          40          45

```

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

<210> 166
<211> 4
<212> PRT
<213> Artificial sequence

<220>
<223>
<400> 166
Cys Ser Thr Met

1
<210> 167
<211> 4
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223>
<400> 167
His Phe Trp Tyr

1
<210> 168
<211> 4
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223>
<400> 168
Asn Gln Asp Glu

1
<210> 169
<211> 5
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220

<223>

<400> 169

Ala Leu Ile Val Pro

1

5