

19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 535 961**

51 Int. Cl.:

C07K 14/285 (2006.01)

C07K 16/12 (2006.01)

A61K 39/102 (2006.01)

A61K 35/74 (2015.01)

C12N 1/21 (2006.01)

C12N 15/31 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **06.04.2000 E 10181686 (6)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **04.03.2015 EP 2281834**

54 Título: **Bacteria pasteurelácea atenuada que tiene una mutación en un gen de virulencia**

30 Prioridad:

09.04.1999 US 128689 P

10.09.1999 US 153453 P

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

19.05.2015

73 Titular/es:

ZOETIS P&U LLC (100.0%)
100 Campus Drive
Florham Park, NJ 07932, US

72 Inventor/es:

LOWERY, DAVID E.;
KENNEDY, MICHAEL J. y
FULLER, TROY E.

74 Agente/Representante:

CARPINTERO LÓPEZ, Mario

ES 2 535 961 T3

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

DESCRIPCIÓN

Bacteria pasteurelácea atenuada que tiene una mutación en un gen de virulencia

Campo de la invención

- 5 La presente invención se refiere de forma general a la identificación de genes responsables de la virulencia de las bacterias *Pasteurella multocida* y *Actinobacillus pleuropneumoniae*, permitiendo por lo tanto la producción de nuevas cepas mutantes atenuadas útiles en vacunas y la identificación de agentes antibacterianos nuevos que tiene como objetivo los genes de virulencia y sus productos.

Antecedentes de la invención

- 10 La familia de las pasteureláceas abarca varios patógenos significativos que infectan una amplia diversidad de animales. Además de *P. multocida*, miembros destacados de la familia incluyen *Pasteurella haemolytica*, *Actinobacillus pleuropneumoniae* y *Haemophilus somnus*. *P. multocida* es un cocobacilo gram-negativo, carente de motilidad que se encuentra en la flora normal de muchos animales salvajes y domésticos y se sabe que es la causa de enfermedad en numerosas especies animales en todo el mundo [Biberstein, In M. Kilian, W. Frederickson y E. L. Biberstein (ed.), *Haemophilus, Pasteurella* und *Actinobacillus*. Academic Press. Londres, páginas 61-73 (1981)]. Las manifestaciones morbosas tras la infección incluyen septicemias, bronconeumonías, rinitis e infecciones de heridas [revisado en Shewen y cols., In C. L. Gyles y C. O. Thoen (ed.), *Pathogenesis of Bacterial Infections in Animals*. Iowa State University Press, Ames, p. 216-225 (1993), incorporado a la presente memoria por referencia].

- 20 La infección por *P. multocida* resulta generalmente de la invasión durante periodos de estrés, pero la transmisión puede ocurrir también por aerosol o por exposición por contacto, o por medio de pulgas y garrapatas vectores. En aves de corral, la infección por *P. multocida* da lugar a septicemia de aguda a peraguda, particularmente prevalente en pavos domésticos y aves acuáticas salvajes en condiciones de estrés asociadas con hacinamiento, puesta, muda, o cambio climático grave. En ganado, una septicemia hemorrágica similar sigue a la infección y manifiesta afecciones que incluyen fiebre alta y depresión, seguidas generalmente por muerte rápida. La transmisión es contacto con aerosol más probable, pero la infección puede surgir durante periodos de cambio climático significativo. En conejos, la infección da lugar a rinitis purulenta recurrente, generalmente seguida por conjuntivitis, otitis media, sinusitis, abscesos subcutáneos y bronconeumonía crónica. En infecciones graves, la mortalidad de conejos surge de bronconeumonía fibrinosa aguda, septicemia, o endotoxemia. Los estados morbosos normalmente surgen durante periodos de estrés. En cerdos, los estados morbosos de *P. multocida* comunes incluyen rinitis atópica y neumonía bacteriana. Afecciones pulmonares similares también se detectan en perros, gatos, cabras y ovejas. *P. multocida* se detecta comúnmente en la flora oral de muchos animales y es por lo tanto un contaminante común en heridas de mordiscos y de arañazos.

- 30 Las cepas de *P. multocida* se designan normalmente por los serogrupos capsular y somático. Se distinguen cinco serogrupos capsulares (A, B, D, E y F) y 16 serotipos somáticos por expresión de antígenos térmicamente estables característicos. La mayoría de las cepas son específicas de huésped y raramente infectan más de uno o dos animales. La existencia de serotipos diferentes presenta un problema para vacunación debido a que las células bacterianas completas muertas proporcionan normalmente solo protección específica de serotipo. Sin embargo, se ha demostrado que la infección natural con un serotipo puede conducir a protección inmunológica contra serotipos múltiples [Shewen y cols., In C. L. Gyles y C. O. Thoen (Ed.), *Pathogenesis of Bacterial Infections in Animals*. Iowa State University Press, Ames, p. 216-225 (1993)] y se puede estimular protección cruzada usando bacterias inactivadas in vivo [Rimler y cols., *Am J Vet Res.* 42: 2117-2121 (1981)]. Una cepa de *P. multocida* mutante espontánea se ha utilizado como una vacuna y se ha mostrado que estimula una respuesta inmune fuerte [Davis, *Poultry Digest.* 20: 430-434 (1987), Schlink y cols., *Avian Dis.* 31 (1): 13-21 (1987)]. Esta cepa atenuada, sin embargo, ha mostrado revertir a un estado virulento o causar mortalidad si el receptor de la vacuna está estresado [Davis, *Poultry Digest.* 20: 430-434 (1987), Schlink y cols., *Avian Dis.* 31 (1): 13-21 (1987)];

- 45 Otro miembro de la familia de las pasteureláceas, *A. pleuropneumoniae* muestra especificidad de huésped estricta para cerdos y es el agente causante de pleuroneumonía porcina altamente contagiosa. La infección surge normalmente en condiciones de cría intensiva y se cree que ocurre por un modo directo de transmisión. La infección es a menudo fatal y como resultado conduce a pérdida económica grave en la industria de producción porcina. Una infección de pleuroneumonía puede ser aguda o crónica y la infección se caracteriza por una bronconeumonía hemorrágica, necrótica con pleuritis fibrinosa acompañante. Hasta la fecha, la virulencia bacteriana se ha atribuido a proteínas estructurales, incluyendo polisacáridos capsulares específicos de serotipo, lipopolisacáridos y proteínas de superficie, así como a toxinas citolíticas extracelulares. A pesar de la purificación y en algunos casos clonación, de estos factores de virulencia, el papel exacto de estos factores de virulencia en una infección de pleuroneumonía se entiende pobremente.

- 50 Se han identificado doce serotipos de *A. pleuropneumoniae* basándose en diferencias antigénicas en polisacáridos vasculares y en producción de toxinas extracelulares. Los serotipos 1, 5 y 7 son más relevantes para infección de *A. pleuropneumoniae* en los Estados Unidos, mientras que los serotipos 1, 2, 5, 7 y 9 son predominantes en Europa. Estas son al menos tres toxinas extracelulares significativas de *A. pleuropneumoniae* que son miembros de la familia de las hemolisinas y se refieren como toxinas RTX. Las toxinas RTX se producen por muchas bacterias gram

negativas, incluyendo *E. coli*, *Proteus vulgaris* y *Pasteurella haemolytica* y las proteínas muestran generalmente características estructurales y funcionales. Las toxinas a partir de los diversos serotipos difieren, sin embargo, en especificidad de huésped, células objetivo y actividades biológicas.

Las toxinas de *A. pleuropneumoniae* RTX principales incluyen ApxI, ApxII y ApxIII. ApxI y ApxII tienen actividad hemolítica, con ApxI siendo más potente. ApxIII no muestra ninguna actividad hemolítica, pero es citotóxica para macrófagos alveolares y neutrófilos. La mayoría de los serotipos de *A. pleuropneumoniae* producen dos de estas tres toxinas. Por ejemplos, los serotipos 1, 5, 9 y 11 expresan ApxI y ApxII y los serotipos 2, 3, 4, 6 y 8 expresan ApxII y ApxIII. El serotipo 10, sin embargo, produce solo ApxI y serotipos 7 y 12 expresan solo ApxII. Aquellos serotipos de *A. pleuropneumoniae* que producen tanto ApxI como ApxII son las cepas más virulentas de las bacterias.

Las toxinas de Apx se demostró que eran factores de virulencia en modelos murinos e infección porcina usando bacterias de tipo silvestre mutadas al azar [Tascon y cols., Mol. Microbiol. 14: 207-216 (1994)]. Otros mutantes de *A. pleuropneumoniae* se han generado también con mutagénesis dirigida para inactivar el gen que codifica la proteína de virulencia de membrana exterior de AopA [Mulks y Buysee, Gene 165: 61-66 (1995)].

En intentos de producir composiciones de vacunas, las células bacterianas completas muertas tradicionales han proporcionado solo protección de serotipos [MacInnes y Smart, supra], sin embargo, se ha demostrado que la infección natural con un serotipo altamente virulento puede estimular fuerte inmunidad protectora contra serotipos múltiples [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)]. Una cepa de vacuna atenuada viva definida que produce una forma inactiva de la toxina de ApxII ha mostrado promesa de protección cruzada en puercos [Prideaux y cols., Infection & Immunity 67: 1962-1966 (1999)], mientras que otros mutantes atenuados vivos no definidos han mostrado también promesa [Inzana y cols., Infect Immun. 61: 1682-6 (1993); Paltineanu y cols., en International Pig Veterinary Society, 1992, p. 214; Utrera y cols., en International Pig Veterinary Society, 1992, p. 213].

Debido a los problemas asociados con formulaciones de vacuna que comprenden cepas bacterianas con mutaciones espontáneas, indefinidas, existe una necesidad en la técnica para construcción racional de cepas bacterianas atenuadas vivas para usar en vacunas que estimularán de forma segura la inmunidad protectora contra serotipos de *P. multocida* y de *A. pleuropneumoniae* homólogos y heterólogos. Existe adicionalmente una necesidad para identificar cepas bacterianas atenuadas y genes requeridos para virulencia bacteriana, facilitando de este modo el desarrollo de procedimientos para identificar agentes antibacterianos.

El documento WO94/11024 divulga vacunas para proteger a un animal contra pasteurelisis asociada con *P. multocida* proporcionando un mutante que tiene al menos un gen de virulencia modificado genéticamente por mutagénesis de transposón. El gen de virulencia está localizado en el fragmento EcoRV de 9,4 kb del genoma de *P. multocida*.

El documento WO97/41823 divulga pasteureláceas modificadas genéticamente útiles como vacunas.

Fernández De Henestroda y cols., FEMS Microbiology Letters, Amsterda, NL, vol. 154, 1 de enero de 1997, páginas 311-316, muestra que galE es importante para la virulencia de *P. multocida* y que un mutante defectivo en galE está altamente atenuado.

Ward et al, J. Bacteriology, Vo., 180m n° 22, 1 de noviembre de 1998, páginas 6013-6022, divulga una secuencia de codificación de ORF para proteínas segregadas a partir de *Haemophilus ducreyi* (LspA y LspB). La secuencia de nucleótidos que codifica LspB es en un 65% idéntica a la SEQ ID NO: 19 en una superposición de 597 nt. La proteína es en un 53% idéntica a la SEQ ID NO: 20

Sumario de la invención

Un primer aspecto de la presente invención es una bacteria atenuada de *Pasteurella multocida* que comprende una mutación en un gen representado por una secuencia polinucleotídica que codifica un polipéptido *fhaC*

(i) en el que la secuencia polinucleotídica hibrida al complemento de SEC ID N.º: 19 en condiciones restrictivas, comprendiendo tales condiciones un lavado final en tampón que comprende SSC 2X/SDS al 0,1 %, a 35 °C hasta 45 °C, o

(ii) en el que el polipéptido comprende una secuencia de aminoácidos al menos idéntica en un 80 % (preferentemente al menos idéntica en un 90 %, más preferentemente al menos idéntica en un 95 %, lo más preferentemente al menos idéntica en un 99 %) a la SEC ID N.º: 20;

en la que la atenuación de la bacteria está causada por dicha mutación.

Un segundo aspecto de la invención es una composición inmunogénica que comprende una bacteria de la invención.

Un tercer aspecto de la invención es una composición vacunal que comprende una composición inmunogénica de la invención y un vehículo farmacéuticamente aceptable.

Un cuarto aspecto de la invención es un polinucleótido purificado y aislado que comprende una secuencia nucleotídica

que codifica un polipéptido que tiene SEC ID N.º: 19, o de la secuencia SEC ID N.º: 20, por ejemplo como ADN.

Un quinto aspecto de la invención es un polipéptido purificado que comprende la SEC ID N.º: 20.

En una bacteria atenuada de la invención, la mutación inhibe o abole la expresión y/o la actividad biológica de un producto génico codificado (es decir, el polipéptido codificado por un gen), dando como resultado la mutación funcional una virulencia atenuada de la cepa bacteriana. Las mutaciones funcionales que modulan (es decir incrementan o disminuyen) la expresión y/o la actividad biológica de un producto génico incluyen inserciones o deleciones en la región codificante de la proteína del gen en sí mismo o en secuencias responsables de, o implicadas en, el control de la expresión génica. Las mutaciones de delección incluyen aquellas en las que se deleciona todo o parte de una secuencia génica específica. Con el fin de que una cepa modificada sea efectiva en una formulación vacunal, la atenuación debe ser suficientemente significativa para evitar que el patógeno provoque síntomas clínicos graves, pero también ser suficientemente insignificante para permitir replicación limitada y crecimiento de bacterias en el huésped.

Los polinucleótidos de la invención incluyen ADN, tal como ADN complementario, ADN genómico que incluye ADN complementario o antisentido y ADN sintetizado totalmente o parcialmente; ARN, incluyendo cadenas sentido y antisentido; y ácidos nucleicos peptídicos según se describen, por ejemplo, en Corey TIBTECH 15: 224-229 (1997).

Un polipéptido codificado por un polinucleótido de la invención se puede producir cultivando una célula huésped de la invención en condiciones que permitan y preferentemente promuevan, la expresión de un producto génico codificado por el polinucleótido y aislar el producto génico de la célula huésped o del medio de su crecimiento.

Descripción detallada de la invención

Los "genes de virulencia", como se usan en el presente documento, son genes cuya función o productos se requieren para el establecimiento y/o mantenimiento exitoso de la infección bacteriana en un animal huésped. Así, los genes de virulencia y/o las proteínas codificadas de este modo están implicados en patogénesis en el organismo huésped, pero no son necesariamente para crecimiento.

La "mutagénesis marcada por firma (STM)", como se usa en el presente documento, es un procedimiento descrito generalmente en la Publicación de Patente Internacional N.º WO 96/17951 e incluye, por ejemplo, un procedimiento para identificar genes bacterianos requeridos para virulencia en un modelo murino de bacteremia. En este procedimiento, las cepas bacterianas que tienen cada una una mutación aleatoria en el genoma se producen usando integración de transposón; cada mutación insercional lleva una marca de firma de ADN diferente que permite a los mutantes diferenciarse unos de otros. Las marcas comprenden regiones centrales variables de 40 pares de bases flanqueadas por "brazos" invariables de 20 pares de bases que permiten a las porciones centrales co-amplificarse por reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Las cepas mutantes marcadas están ensambladas en placas de microvaloración, después se combinan para formar "reservas de inóculo" para estudios de infección. En un tiempo apropiado después de la inoculación, las bacterias se aíslan de los animales y se almacenan para formar la "reserva recuperada". Las marcas en la reserva recuperada y las marcas en la reserva de inóculo se amplifican, se etiquetan y después se usan para probar filtros dispuestas con todas las marcas diferentes que representan los mutantes en el inóculo. Las cepas mutantes con virulencia atenuada son aquellas que no pueden recuperarse del animal infectado, es decir, cepas con marcas que dan señales de hibridación cuando se ensayan con marcas de la reserva de inóculo pero no cuando se ensayan con marcas de la reserva recuperada. En una variación de este procedimiento, se pueden usar los procedimientos de detección no radiactiva tales como quimioluminiscencia.

La mutagénesis marcada con firma permite que se rastree un gran número de cepas mutantes insercionales simultáneamente en un animal individual para pérdida de virulencia. El rastreo de diecinueve reservas de cepas mutantes de *P. multocida* dio como resultado la identificación de más de 60 cepas con virulencia reducida, muchas de las cuales se confirmó que estaban atenuadas en virulencia por determinación subsiguiente de una DL₅₀ aproximada para los mutantes individuales. La secuencia de nucleótidos de la fase de lectura abierta desbaratada por la inyección de transposón se determinó secuenciando ambas hebras y se dedujo una secuencia aminoacídica codificada. La novedad de tanto las secuencias nucleotídicas como las secuencias aminoacídicas se determinó por comparación de las secuencias con secuencias de bases de datos de ADN y proteínas.

La identificación de genes de virulencia de *P. multocida* proporciona microorganismos que presentan virulencia reducida (es decir, cepas atenuadas), que son útiles en vacunas. Tales microorganismos incluyen mutantes de pasteureláceas que contienen al menos una mutación funcional que inactiva un gen representado por SEC ID N.º: 19. El trabajador de habilidad ordinaria en la técnica se dará cuenta de que una "mutación funcional" puede ocurrir en regiones codificantes de proteína de un gen de la invención, así como en regiones reguladoras que modulan transcripción del ARN del gen de virulencia.

El trabajador con conocimientos normales apreciará también que las cepas de *P. multocida* atenuadas de la invención incluyen aquellas que llevan más de una mutación funcional. Más de una mutación puede resultar en grados de atenuación aditivos o sinérgicos. Se pueden preparar mutaciones múltiples por diseño o pueden surgir fortuitamente de un evento de delección deseado originalmente para introducir una mutación individual. Un ejemplo de cepa atenuada con deleciones múltiples es una cepa de *Salmonella typhimurium* en la que los genes *cya* y *crp* están eliminados funcionalmente. Esta cepa de *S. typhimurium* mutante ha mostrado promesa como una vacuna viva.

La identificación de genes de virulencia en *P. multocida* puede proporcionar información con respecto a genes similares, es decir, especies homólogas, en otras especies patógenas. Como un ejemplo, la identificación del gen *aroA* condujo a la identificación de genes conservados en un número diverso de patógenos, incluyendo *P. haemolytica*, *Aeromonas hydrophila*, *Aeromonas salmonicida*, *Salmonella typhimurium*, *Salmonella enteritidis*, *Salmonella dublin*, *Salmonella gallinarum*, *Bordetella pertussis*, *Yersinia enterocolitica*, *Neisseria gonorrhoeae* y *Bacillus anthracis*. En muchas de estas especies, las cepas bacterianas atenuadas que llevan mutaciones en el gen *aroA* ha demostrado ser efectivas en formulaciones vacunales. Usando las secuencias de genes de virulencia identificadas en *P. multocida*, se pueden identificar genes similares u homólogos en otros organismos, particularmente dentro de la familia de *Pasteurella*, así como *A. pleuropneumoniae* y *Haemophilus somni*. La hibridación de Southern usando los genes de *P. multocida* y de *A. pleuropneumoniae* como sondas pueden identificar estos genes relacionados en bibliotecas cromosómicas derivadas de otros organismos. Alternativamente, PCR puede ser igualmente efectiva en identificación de genes a través de límites entre especies. Como aún otra alternativa, la complementación de, por ejemplo, un mutante de *P. multocida* con una biblioteca cromosómica de otras especies se puede usar para identificar genes que tienen la misma virulencia o virulencia relacionada. La identificación de genes de virulencia relacionados puede conducir por lo tanto a una cepa atenuada del otro organismo que puede ser útil como aún otra formulación vacunal. Ejemplos de genes de *P. multocida* que han demostrado existir en otras especies (por ejemplo *P. haemolytica*, *A. pleuropneumoniae* y *H. somni*) incluyen genes *exxB*, *atpG* y *pnp*.

Las cepas de *P. multocida* atenuadas identificadas usando STM son mutantes insercionales en los que un gen de virulencia se ha vuelto no funcional por inserción de secuencias de transposones bien en la fase de lectura abierta o bien en secuencias de ADN reguladoras. En un aspecto, por lo tanto, las cepas de *P. multocida* atenuadas, así como otras cepas bacterianas mutantes gram-negativas de la invención pueden llevar una o más mutaciones que dan como resultado una inserción en el gen, con la inserción causando expresión disminuida de un producto génico codificado con el gen mutante y/o la expresión de un producto génico inactivo codificado por el gen mutado. Estos mutantes insercionales contienen aún toda la información genética requerida para virulencia bacteriana y puede revertir posiblemente a un estado patógeno por delección del transposón insertado. Por lo tanto, en preparar una formulación vacunal, es deseable tomar la información deducida de la cepa atenuada y crear una cepa mutante de delección en la que algo, la mayoría, o toda la secuencia del gen de virulencia se retira, excluyendo por lo tanto la posibilidad de que la bacteria revierta a un estado virulento. Las cepas de *P. multocida* atenuadas, así como otras cepas bacterianas mutantes gram-negativas incluyen por lo tanto aquellas que llevan una o más mutaciones que dan como resultado delección de al menos aproximadamente el 10 %, al menos aproximadamente 20 %, al menos aproximadamente 30 %, al menos aproximadamente 40 %, al menos aproximadamente 50 %, al menos aproximadamente 60 %, al menos aproximadamente 70 %, al menos aproximadamente 80 %, al menos aproximadamente 90 %, al menos aproximadamente 95 %, al menos aproximadamente el 98 %, o al menos aproximadamente el 99 % del gen de virulencia.

Las propiedades de vacuna de un mutante insercional adecuado identificado usando STM se espera que sean las mismas o similares a aquellas de una bacteria que lleva una delección en el mismo gen. Sin embargo, es posible que una mutación de inserción pueda ejercer efectos "polares" en secuencias génicas colindantes y como resultado, el mutante de inserción puede poseer características distintas de una cepa mutante con una delección en la misma secuencia génica. Los mutantes de delección pueden construirse usando cualquiera de un número de técnicas bien conocidas y practicadas rutinariamente en la técnica.

En un ejemplo, se puede emplear una estrategia usando marcadores seleccionados en contra que se ha utilizado para eliminar genes en muchas bacterias. Para una revisión, véase, por ejemplo, Reyrat y cols., *Infection and Immunity* 66: 4011-4017 (1998), incorporado en el presente documento por referencia. En esta técnica, se puede emplear a menudo una estrategia de selección doble en la que un plásmido se construye codificando tanto un marcador seleccionable como un marcador seleccionable en contra, con secuencias de ADN flanqueantes derivadas de ambos lados de la delección deseada. El marcador seleccionable se usa para seleccionar bacterias en las que el plásmido se ha integrado en el genoma en la localización y manera apropiadas. El marcador seleccionable en contra se usa para seleccionar el porcentaje muy pequeño de bacterias que han eliminado espontáneamente el plásmido integrado. Una fracción de estas bacterias contendrá solo la delección deseada con ningún otro ADN extraño presente. La clave para el uso de esta técnica es la disponibilidad de un marcador seleccionable en contra.

En otra técnica, el sistema cre-lox se usa para recombinación específica de sitio de ADN. El sistema consiste en secuencias lox de 34 pares de bases que se reconocen por el gen de la recombinasa cre bacteriano. Si los sitios lox están presentes en el ADN en una orientación apropiada, el ADN flanqueado por los sitios lox se escindirá por la recombinasa cre, dando como resultado la delección de todas las secuencias salvo para una copia que queda de la secuencia lox. Usando técnicas de recombinación estándar, es posible deleccionar el gen de interés marcado en el genoma de *P. multocida* y reemplazarlo con un marcador seleccionable (por ejemplo, un gen que codifica resistencia a kanamicina) que está flanqueado por los sitios lox. La expresión transitoria (por electroporación de un plásmido suicida que contiene el gen cre sometido al control de un promotor que funciona en *P. multocida*) de la recombinasa cre daría como resultado la eliminación eficiente del marcador flanqueado por lox. Este procedimiento sería el resultado en un mutante conteniendo la mutación de delección deseada y una copia de las secuencias de lox.

En otro enfoque, es posible reemplazar directamente una secuencia delecionada deseada en el genoma de *P. multocida* con un gen marcador, tal como proteína fluorescente verde (GFP), p-galactosidasa, o luciferasa. En esta

técnica, los segmentos de ADN que flanquean una delección deseada se preparan por PCR y se clonan en un vector suicida (no replicante) de *P. multocida*. Un casete de expresión, que contiene un promotor activo en *P. multocida* y el gen marcador apropiado, se clona entre las secuencias flanqueantes. El plásmido se introduce en *P. multocida* de tipo silvestre. Las bacterias que incorporan y expresan el gen marcador (probablemente a una frecuencia muy baja) se aíslan y examinan para el evento de recombinación apropiado (es decir, reemplazo del gen de tipo silvestre con el gen marcador).

La virulencia reducida de estos organismos y su inmunogenicidad se puede confirmar por administración a un animal sujeto. Mientras que es posible para un microorganismo no virulento de la invención administrarse solo, uno o más de tales microorganismos mutantes se administran preferentemente en una composición de vacuna que contiene coadyuvante(s) adecuado(s) y diluyente(s) o vehículo(s) farmacéuticamente aceptable(s). El/los vehículo(s) deben ser "aceptable(s)" en el sentido de ser compatible(s) con el microorganismo no virulento de la invención y no perjudicial(es) para el sujeto a inmunizarse. Normalmente, los vehículos serán agua o solución salina que será estéril y libre de pirógeno. El sujeto a inmunizarse es un sujeto que necesita protección de una enfermedad causada por una forma virulenta de *P. multocida*, *A. pleuropneumoniae*, u otros microorganismos patógenos.

Se apreciará que la vacuna de la invención puede ser útil en los campos de la medicina humana y de la medicina veterinaria. Así, el sujeto a inmunizarse puede ser un ser humano u otro animal, por ejemplo, animales de granja incluyendo vacas, ovejas, cerdos, caballos, cabras y aves de corral (por ejemplo, pollos, pavos, patos y gansos), animales de compañía tales como gatos y perros; animales exóticos y de zoo; y animales de laboratorio que incluyen ratones, ratas, conejos, conejillos de Indias y hámsters.

Las secuencias de ADN que codifican polipéptidos de virulencia que hibridarían a ello pero no lo hacen debido a la degeneración del código genético están contempladas por la invención. Condiciones restrictivas altas a modo de ejemplo incluyen un lavado final en tampón que contiene 0,2X SSC/0,1% SDS, de 65 °C a 75 °C, mientras que las condiciones restrictivas moderadas incluyen un lavado final en tampón que comprende 2X SSC/0,1% SDS, de 35 °C a 45 °C. Se entiende en la técnica que las condiciones de restricción equivalentes se pueden lograr con la variación de la temperatura y del tampón, o la concentración de sal como se describe en Ausubel y cols. (Eds.), *Protocols in Molecular Biology*, John Wiley & Sons (1994), páginas 6.0.3 to 6.4.10. Se pueden determinar empíricamente o se pueden calcular de forma precisa modificaciones en condiciones de hibridación basadas en la longitud y en el porcentaje de apareamiento de bases de guanosina/citosina (GC) de la sonda. Las condiciones de hibridación se pueden calcular según se describe en Sambrook y cols., (Eds.), *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, Cold Spring Harbor Laboratory Press). Cold Spring Harbor, Nueva York (1989), páginas 9.47 a 9.51.

Se proporcionan también construcciones de expresión recombinante que se replican autónomamente tales como plásmidos y vectores de ADN víricos que incorporan secuencias de genes de virulencia. Se proporcionan también construcciones de expresión en las que polinucleótidos que codifican polipéptidos de virulencia están unidos operativamente a una secuencia de ADN de control de expresión endógena o exógena. Los genes de virulencia pueden clonarse por PCR, usando ADN genómico de *P. multocida* como la plantilla. Para facilidad de insertar el gen en vectores de expresión, se eligen cebadores de PCR de tal forma que el gen amplificado de PCR tiene un sitio de enzimas de restricción en el extremo 5' precediendo al codón de iniciación ATG y un sitio de enzima de restricción en el extremo 3' después del codón de terminación TAG, TGA o TAA. Si es deseable, los codones en el gen se cambian, sin cambiar los aminoácidos, de acuerdo con la preferencia de codones de *E. coli* descrita por Grosjean y Fiers, *Gene*, 18: 199-209 (1982) y Konigsberg y Godson, *Proc. Natl. Acad. Sci. EE.UU.* 80: 687-691 (1983). La optimización de uso de codón puede conducir a un incremento en el producto génico cuando se produce en *E. coli*. Si el producto génico es para producirse extracelularmente, bien en el periplasma de *E. coli* o de otras bacterias, o bien en el medio de cultivo celular, el gen se clona sin su codón de iniciación y se sitúa dentro de un vector de expresión detrás de una secuencia señal.

De acuerdo con otro aspecto de la invención, se proporcionan células huésped, incluyendo células procariotas o eucariotas, transformadas, transfectadas, o sometidas a electroporación bien de forma estable o bien de forma transitoria con secuencias polinucleótidas de la invención en una manera que permite la expresión de polipéptidos de virulencia de la invención. Los sistemas de expresión de la invención incluyen sistemas bacterianos, de levaduras, fúngicos, víricos, de invertebrados y de células de mamíferos. Las células huésped de la invención son una fuente variable de inmunógenos para el desarrollo de anticuerpos específicamente inmunorreactivos con el producto génico de virulencia. Las células huésped de la invención son perceptiblemente útiles en procedimientos para producción a gran escala en los que las células se cultivan en un medio de cultivo adecuado y los productos polipeptídicos deseados se aíslan de las células o del medio en el que las células se cultivan, por ejemplo, por purificación por inmutafinidad o por cualquiera de la multitud de técnicas de purificación bien conocidas y puestas en práctica rutinariamente en la técnica. Cualquier célula huésped adecuada se puede usar para expresión del producto génico, tal como *E. coli*, otras bacterias, incluyendo *P. multocida*, *Bacillus* y *S. aureus*, levaduras, incluyendo *Pichia pastoris* y *Saccharomyces cerevisiae*, células de insecto, o células de mamíferos, incluyendo células CHO, utilizando vectores adecuados conocidos en la técnica. Las proteínas se pueden producir directamente o se pueden fusionar a un péptido o polipéptido y pueden hacerlo bien intracelularmente o bien extracelularmente por secreción en el espacio periplásmico de una célula bacteriana o dentro del medio de cultivo celular. La secreción de una proteína requiere un péptido señal (también conocido como pre-secuencia); se sabe que un número de secuencias señal de procariotas o eucariotas funcionan para la secreción de proteínas recombinantes. Durante los procedimientos de secreción de proteínas, el

péptido señal se retira por peptidasa señal para producir la proteína madura.

Para simplificar el procedimiento de purificación proteico, se puede añadir una marca de purificación bien en el extremo 5' o bien en el extremo 3' de la secuencia codificante de genes. Las marcas de purificación usadas comúnmente incluyen un tramo de seis residuos de histidina (Patentes de los EE.UU. N.ºs 5.284.933 y 5.310.663), una

marca de afinidad de estreptavidina descrita por Schmidt y Skerra, Protein Engineering, 6: 109-122 (1993), un péptido FLAG [Hopp y cols., Biotechnology, 6: 1205-1210 (1988)], glutatión S-transferasa [Smith y Johnson, Gene, 67: 31-40 (1988)] y tioredoxina [LaVallie y cols., Bio/Technology, 11: 187-193 (1993)]. Para eliminar estos péptidos o polipéptidos, se puede insertar un sitio de reconocimiento de escisión proteolítica en la unión de fusión. Proteasas usadas comúnmente son factor Xa, trombina y enterocinasa.

La invención se refiere también a polipéptidos, es decir, homólogos o heterólogos de especie, que tienen una identidad de al menos aproximadamente el 99% al menos aproximadamente el 95%, al menos aproximadamente el 90%, al menos aproximadamente el 85%, al menos aproximadamente el 80%, al menos aproximadamente el 75%, al menos aproximadamente el 70%, al menos aproximadamente el 65%, al menos aproximadamente el 60%, al menos aproximadamente el 55% y al menos aproximadamente el 50% y/o "identidad" de secuencia de aminoácidos en porcentaje con respecto a los polipéptidos preferidos de la invención se define en el presente documento como el porcentaje de residuos de aminoácidos en una secuencia candidata que son idénticos a los residuos en la secuencia del producto génico de virulencia después de alinear ambas secuencias y de introducir los huecos, si es necesario, para lograr el porcentaje máximo de identidad de secuencia y para no considerar cualesquiera sustituciones conservadoras como parte de la identidad de secuencia. "Homología" de secuencia en porcentaje con respecto a los polipéptidos preferidos de la invención se define como el porcentaje de residuos de aminoácidos en la secuencia candidata que son idénticos a los residuos de aminoácidos en uno de la de las secuencias polipeptídicas de virulencia después de alinear las secuencias y de introducir huecos, si es necesario, para lograr el porcentaje máximo de identidad de secuencia y también para considerar cualesquiera sustituciones conservadoras como parte de la identidad de secuencia. Las secuencias conservadoras se pueden definir como se establece en las tablas A y B.

25

Tabla A

Sustituciones conservadoras I

<u>CARACTERÍSTICA CADENA</u>		<u>AMINOÁCIDOS</u>
<u>LATERAL</u>		
Alifática	No polar	G A P
		I L V
	Polar no cargada	C S T M
		N Q
	Polar-cargada	D E
		K R
Aromática		H F W Y
Otros		N Q D E

Los polipéptidos de la invención pueden aislarse de fuentes celulares bacterianas naturales o pueden sintetizarse químicamente, pero se producen preferentemente por procedimientos recombinantes que implican células huésped de la invención. Los productos de genes de virulencia de la invención pueden ser polipéptidos de longitud total, fragmentos biológicamente activos, o variantes de los mismos que mantienen actividad biológica o inmunológica específica. Las variantes pueden comprender análogos polipeptídicos de virulencia en los que uno o más de los aminoácidos especificados (es decir, codificados de forma natural) está deletado o sustituido o en el que se añade uno o más de los aminoácidos no especificados: (1) sin pérdida de una o más de las actividades biológicas o características inmunológicas específicas para el producto génico de virulencia; o (2) con inactivación específica de una actividad biológica particular del producto génico de virulencia. Las variantes de delección contempladas incluyen también porciones de fijación de fragmentos del polipéptido no esenciales para actividad biológica y las variantes de inserción incluyen polipéptidos de fusión en los que el polipéptido de tipo silvestre o el fragmento distinto se ha condensado a otro polipéptido.

Los polipéptidos de virulencia variantes incluyen aquellos en los que las sustituciones conservadoras se han introducido por modificación de polinucleótidos que codifican polipéptidos de la invención. Las sustituciones conservadoras se reconocen en la técnica para clasificar aminoácidos de acuerdo con sus propiedades físicas relacionadas y se pueden definir en la técnica como se establece en la Tabla A (a partir del documento WO 97/09433, página 10, publicado el 13 de marzo, 1997 (PCT/GB96/02197, presentado el 6/9/96). Alternativamente, los aminoácidos conservadores se pueden agrupar según se define en Lehninger, [Biochemistry, Segunda Edición; Worth Publishers, Inc. NY: NY (1975), páginas 71-77] como se expone en la Tabla B.

Tabla B

Sustituciones conservadoras II	
CARACTERÍSTICA CADENA	AMINOÁCIDOS
<u>LATERAL</u>	
No polar (hidrófoba)	
A. Alifática:	A L I V P
B. Aromática:	F W
C. Conteniendo azufre:	M
D. Límite:	G
Polar no cargada	
A. Hidroxilo:	S T Y
B. Amidas:	N Q
C. Sulfhidrilo:	C
D. Límite:	G
Cargada positivamente (básica):	K R H
Cargada negativamente (ácida):	D E

Los productos de virulencia variantes de la invención incluyen productos génicos de virulencia maduros, es decir, en los que las secuencias líder o las secuencias señal se retiran, teniendo residuos aminoterminales adicionales. Se contemplan los productos génicos de virulencia que tienen un residuo de metionina adicional en la posición -1, como que son productos de virulencia que tienen residuos de metionina y de lisina adicionales en las posiciones -2 y -1. Las variantes de estos tipos son particularmente útiles para producción de proteínas recombinantes en tipos celulares bacterianos. Las variantes de la invención también incluyen productos génicos en los que se han introducido secuencias aminoterminales derivadas de otras proteínas, así como variantes que comprenden secuencias aminoterminales que no se encuentran en proteínas de origen natural.

La invención también abarca polipéptidos variantes que tienen residuos aminoacídicos adicionales que resultan del uso de sistemas de expresión específicos. Por ejemplo, el uso de vectores comercialmente disponibles que expresan un polipéptido deseado como una proteína de fusión con glutatión-S-transferasa (GST) proporciona el polipéptido deseado que tiene un residuo de glicina adicional en la posición -1 tras la escisión del componente de GST del polipéptido deseado. Las variantes que resultan de la expresión usando otros sistemas vectores se contemplan también.

La información de las secuencias de ADN y aminoácidos provista por la presente invención también hace posible el análisis sistemático de la estructura y función de los genes de virulencia y sus productos de genes codificados. El conocimiento de un polinucleótido que codifica un producto génico de virulencia de la invención también hace que sean disponibles polinucleótidos antisentido que reconocen e hibridan con polinucleótidos que codifican un polipéptido de virulencia de la invención. Se proporcionan polinucleótidos antisentido de longitud total o en fragmentos. El trabajador con saber hacer habitual apreciará que las moléculas antisentido en fragmentos de la invención incluyen (i) las que reconocen e hibridan específicamente con un ARN específico (como lo determina la comparación de secuencias de ADN que codifica un polipéptido de virulencia de la invención con ADN que codifica otras moléculas) así como (ii) las que reconocen e hibridan con ARN que codifica variantes de la familia de proteínas de virulencia. Los polinucleótidos antisentido que hibridan con ARN que codifica otros miembros de la familia de virulencia de proteínas también pueden ser identificados mediante comparación de secuencias para identificar secuencias características o de firma para la familia de moléculas.

Cualquier coadyuvante conocido en la técnica se puede usar en la composición vacunal, incluyendo coadyuvantes basados en aceites tales como Coadyuvante Completo de Freund y Coadyuvante Incompleto de Freund, coadyuvantes basado en micolato (por ejemplo, dimicolato de trehalosa), lipopolisacáridos bacterianos (LPS), peptidoglucanos (es decir, mureínas, micopéptidos, oligoproteínas tales como N-Opaca, dipéptido de muramilo [MDP], o análogos de MDP), proteoglucanos (por ejemplo, extraídos de *Klebsiella pneumoniae*), preparaciones estreptocócicas (por ejemplo, OK432), Biotim™ (por ejemplo, 01K2), los complejos "Iscoms" de los documentos EP 109 942, EP 180 564 y EP 231 039, hidróxido de aluminio, saponina, DEAE-dextrano, aceites neutrales (tales como migliol), aceites vegetales (tales como aceite de cacahuete), liposomas, polioles Pluronic®, el sistema coadyuvante de Ribi (véase, por ejemplo documento GB-A-2 189 141), o interleucinas, particularmente aquellas que estimulan inmunidad mediada por células. Un coadyuvante alternativo que consta de extractos de *Amycolata*, un género bacteriano en el orden actinomycetales, se ha descrito en la Patente de los EE.UU. N.º: 4.877.612. Adicionalmente, las

mezclas de coadyuvantes patentadas están disponibles comercialmente. El coadyuvante usado dependerá, en parte, del organismo receptor. La cantidad de coadyuvante a administrar dependerá del tipo y del tamaño del animal. Las dosificaciones óptimas pueden determinarse fácilmente por procedimientos de rutina.

- Las composiciones de vacunas pueden incluir opcionalmente diluyentes líquidos, semisólidos, o sólidos farmacéuticamente aceptables compatibles con vacunas (es decir, estériles y no tóxicos) que sirven como vehículos, excipientes o medios farmacéuticos. Puede usarse cualquier diluyente conocido en la técnica. Los diluyentes ejemplares incluyen, pero no se limitan a, monolaurato de polioxietileno sorbitán, estearato de magnesio, metil y propilhidroxibenzoato, talco, alginatos, almidones, lactosa, sacarosa, sorbitol, manitol, goma arábica, fosfato de calcio, aceite mineral, manteca de cacao y aceite de teobroma.
- Las composiciones de vacunas pueden envasarse en formas convenientes para administración. Las composiciones pueden estar encerradas dentro de una cápsula, un comprimido oblongo, un sobre, sello, gelatina, papel u otro contenedor. Estas formas de administración se prefieren cuando son compatibles con la entrada de la composición inmunogénica dentro del organismo receptor y en particular, cuando la composición inmunogénica se administra en forma de dosificación unitaria. Las unidades de dosificación pueden envasarse, por ejemplo, en comprimidos, cápsulas, supositorios o sellos.

Las composiciones de vacunas pueden introducirse dentro del sujeto a inmunizarse por cualquier procedimiento convencional incluyendo, por ejemplo, por inyección intravenosa, intradérmica, intramuscular, intramamaria, intraperitoneal, o subcutánea; por administración oral, sublingual, nasal, anal, o vaginal. El tratamiento puede constar de una dosis individual o de varias dosis durante un periodo de tiempo.

- La invención también comprende el uso de cepa bacteriana atenuada de la invención para elaboración de un medicamento de vacuna para evitar o aliviar la infección bacteriana y/o síntomas asociados con ella.

La presente invención se ilustra por los siguientes ejemplos. El ejemplo 1 describe construcciones de mutantes de *P. multocida*. El ejemplo 2 se refiere a rastreo para mutantes de *P. multocida*. El ejemplo 3 aborda procedimientos para determinar la virulencia de los mutantes de *P. multocida*. El ejemplo 4 describe clonación de genes de virulencia de *P. multocida*.

Ejemplo 1

Construcción de una biblioteca de mutantes de *P. multocida* marcados con transposón.

- Se construyó una biblioteca de mutantes marcados con transposón en el vector parental pLOF/Km [Herrero y cols., J Bacteriol. 172: 6557-67 (1990)] que se ha demostrado anteriormente que es funcional y aleatoria en *P. multocida* [Lee y cols., Vet Microbiol. 50: 143-8 (1996)]. El plásmido pLOF/Km se construyó como una modificación del vector suicida pGP704 e incluye un gen de transposasa sometido al control del promotor Tac así como el elemento transponible mini-Tn10 que codifica resistencia a kanamicina. El plásmido pTEF-1 se construyó como se describe más adelante modificando pLOF/Km aceptando marcas de secuencia que contienen una secuencia [NK]₃₅ semialeatoria.

- El plásmido pLOF/Km se modificó primero eliminando el sitio de restricción de KpnI único en la región de clonación múltiple y después introduciendo un sitio de KpnI nuevo en la región mini-Tn10. El plásmido se digirió con KpnI y los extremos salientes resultantes se cargaron en ellos con polimerasa Klenow de acuerdo con el protocolo sugerido por el fabricante. Las digestiones de restricción y ligaduras descritas en el presente documento se llevaron cabo de acuerdo con protocolos sugeridos por el fabricante (Gibco BRL, Gaithersburg, MD y Boehringer Mannheim, Indianápolis, IN). El producto de extremo romo se utilizó produciendo un plásmido designado pLOF/Km-KpnI que se transformó en *E. coli* DH5α:λpir para amplificación. *E. coli* DH5α: (λpir Φ80dlacZAM 15, recA1, endA1, gyrA96, thi-1, hsdR17(rk, mk, supE44, relA1, deoR, A(lacZYA-argF)U169, se propagó a 37 °C en medio Luria-Bertani (LB). Los plásmidos se prepararon usando QIAGEN SpinPreps a partir de QIAGEN Inc. (Santa Clarita, CA) y se digirieron con SfiI que corta en un sitio único dentro del elemento transponible mini-Tn10. Un adaptador SfiI-KpnI-SfiI se preparó fusionando oligonucleótidos TEF1 (SEC ID N.º: 86) y TEF3 (SEC ID N.º: 87) y el adaptador de doble hebra resultante se ligó en el sitio SfiI creando plásmido pTEF-1. Los oligonucleótidos TEF 1 y TEF3 (así como otros oligonucleótidos descritos en el presente documento) se sintetizaron por Genosys Biotechnologies (The Woodlands, TX).

TEF1 5'-AGGCCGGTACCGGCCGCT SEC ID N.º: 86

TEF3 5'-CGGCCGGTACCGGCCTAGG SEC ID N.º: 87

- Las marcas de secuencia única para inserción en el sitio KpnI de pTEF-1 se prepararon como sigue. El PCR se llevó a cabo generando marcas de ADN de cadena doble usando un kit de PCR GeneAmp XL (PE Applied Biosystems, Foster City, CA) en condiciones que incluyen 250 μM cada dNTP. Mg(OAc)₂ 1,5 mM, 100 pmol cada cebador TEF14 (SEC ID N.º: 88 y SEC ID N.º: 89) y 1 ng de RabG-R (SEC ID N.º: 90) como ADN de plantilla y 2,5 unidades de polimerasa XL de ADN *Tth* recombinante.

TEF14 5'-CATGGTACCCATTCTAAC SEC ID N.º: 88

TEF15 5'-CTAGGTACCTACAACCTC SEC ID N.º: 89

TEF26

SEC ID N.º: 90

5'-CTAGGTACCTACAACCTCAAGCTT-[NK]₃₅-

AAGCTTGGTTAGAAATGGGTACCATG

5 Las condiciones de reacción incluyeron una incubación inicial a 95 °C durante un minuto, seguidas por treinta ciclos de 30 segundos a 95 °C, 45 segundos a 45 °C y 15 segundos a 72 °C, seguidos por una incubación final a 72 °C durante dos minutos. Los productos de PCR se digirieron con *KpnI* y se purificaron usando un kit de retirada de nucleótidos de QIAGEN (QIAGEN, Inc., Chatsworth, GA) de acuerdo con el protocolo sugerido del fabricante. Las secuencias de marca únicas se ligaron en el elemento mini-Tn 10 de pTEF-1 linealizado, previamente digerido con *KpnI* y defosforilado con fosfatasa alcalina intestinal de ternera (Boehringer Mannheim) usando procedimientos estándar. La biblioteca de plásmido resultante se transformó en *E. coli* DH5a:Ap^r. El análisis de bandas de colonias se llevó a cabo de acuerdo con el documento DIG User's Guide (Boehringer-Mannheim) con hibridación y detección llevadas a cabo como sigue.

15 Las hibridaciones se llevaron a cabo esencialmente de acuerdo con el documento Genius Non-Radioactive User's Guide (Boehringer Mannheim Biochemicals), la lámina de producto para el kit de marcaje de DIG-PCR y la lámina del producto para CSPD (Boehringer Mannheim Biochemicals). Para preparación de sondas, se estableció una reacción de PCR primaria de 100 µl usando tampón de PCR de Amplitaq (PE Applied Biosystems), dNTP 200 µM, 140 pmol cada uno de los cebadores TEF5 (SEC ID N.º: 91 y SEC ID N.º: 92), MgCl₂ 2 mM, 2,5 unidades de Amplitaq (PE Applied Biosystems) y 1 ng de ADN plasmídico.

20 TEF5 5'-TACCTACAACCTCAAGCT SEC ID N.º: 91

TEF6 5'-TACCCATTCTAACCAAGC SEC ID N.º: 92

25 Condiciones de ciclo incluyeron una incubación inicial a 95 °C durante dos minutos, seguida por 35 ciclos de 95 °C durante 30 segundos, 50 °C durante 45 segundos, 72 °C durante 15 segundos y una incubación final a 72 °C durante tres minutos. Los productos de amplificación se separaron usando electroforesis en un gel de NuSieve GTG (FMC BioProducts, Rockland, ME, EE.UU.) al 2 %:Agarosa 3:1 y el producto de 109 pares de bases se escindió y purificó. Las extracciones de gel se llevaron a cabo usando un kit de extracción de gel QIAGEN (QIAGEN). Aproximadamente 15 ng del producto primario se marcaron en una reacción de PCR de 50 µl usando el kit de PCR de DIG, 50 pmol de cada uno de los cebadores TEF24 y TEF25 y una mezcla 1:1 de mezcla de síntesis de sonda de DIG con solución de reserva de dNTP 2 mM.

30 TEF24 5'-TACCTACAACCTCAAGCTT SEC ID N.º: 93

TEF25 5'-TACCCATTCTAACCAAGCTT SEC ID N.º: 94

35 Las condiciones de PCR incluyeron una incubación inicial a 95 °C durante cuatro minutos, seguida por 25 ciclos de 95 °C durante 30 segundos, 50 °C durante 45 segundos, 72 °C durante 15 segundos y una incubación final a 72 °C durante tres minutos. El producto de PCR marcado se digirió con HindIII en un volumen de reacción total de 90 µl y se purificó a partir de los brazos de cebador constante usando un gel NuSieve GTG (FMC BioProducts) al 2 %:Agarosa 3:1. La región que contiene la marca variable etiquetada se escindió y la lámina de gel completa se disolvió y se desnaturalizó en 10 ml de DIG EasyHyb a 95 °C durante diez minutos.

40 Se prepararon inmunotransferencias usando una membrana Hybond®-N (Amersham-Pharmacia Biotech). El ADN objetivo para cada marca se preparó en placas de 96 pocillos usando aproximadamente 30 ng de producto de PCR. Se añadió un volumen equivalente de NaOH 0,1 N desnaturalizando la muestra y cada muestra se aplicó a la membrana con vacío mínimo usando un aparato de inmunotransferencia Minifold I™ de Schleicher y Schuell (Keene, NH, EE.UU.). Cada pocillo se lavó con 150 µl de solución de neutralización (Tris 0,5 M/NaCl 3 M, pH 7,5) y 150 µl de SSC 2X. Las membranas se UV-reticularon en un Stratalinker (Stratagene, La Jolla, CA, EE.UU.) y se prehibridaron durante una hora en 20 ml de tampón de DIG EasyHyb a 42 °C. La sonda desnaturalizada se añadió y la hibridación se llevó a cabo durante toda una noche a 42 °C. La membrana se lavó dos veces en SSC 2X conteniendo SDS al 0,1 % durante cinco minutos cada lavado. Dos lavados de alta restrictividad se llevaron a cabo en 50 ml de tampón de SSC 0,1X precalentado conteniendo SDS al 0,1 % a 68 °C durante 15 minutos antes de proceder con los protocolos de Genius Detection estándar (documento Genius Manual).

50 Es deseable usar un sistema de detección no radiactivo para seguridad, coste inferior, caso de uso y reducción de materiales de riesgo. En experimentos iniciales que usan procedimientos similares descritos anteriormente [Mei y cols., Mol Microbiol. 26: 399-407 (1997)], los niveles precedentes inaceptables de hibridación se obtuvieron en controles negativos. Con el fin de disminuir el fondo, la longitud de las marcas se incrementó en 30 pares de bases hasta un total de 70, los cebadores de amplificación se alargaron incluyendo la totalidad de la secuencia que flanquea la región variable, se usó una concentración menor de dig-dUTP y las secuencias conservadas que flanquean la región de marca de secuencia se eliminaron por purificación de gel. Más significativamente, PCR se usó generando marcas

55

de secuencia de [NK]₃₅ como el ADN objetivo en inmunotransferencias en lugar de los plásmidos completos que contienen los transposones marcados después de detectar la hibridación de fondo del transposón por sí mismo. Usando estas modificaciones se eliminó el fondo haciendo el rastreo quimioluminiscente/no radiactivo más efectivo.

Aproximadamente resultan cuatrocientos transformantes diferentes de la ligadura de pTEF-1 con las marcas de secuencia generadas con la PCR se rastrearon por análisis de bandas de colonias y las 96 colonias que hibridaron más fuertemente se ensamblaron en placas de microvaloración para uso adicional. Aunque la probabilidad de marcas duplicadas sea muy baja, la mitad de la placa de las marcas más importantes se sondeó frente a la otra confirmando que ninguna marca estaba duplicada. Los plásmidos que contienen estas marcas se purificaron y transformaron en *E. coli* S 17-1:λpir (*pir*, *recA*, *thi*, *pro*, *hsd*, (r-m+), RP4-2, (Tc::Mu), (Km::Tn7), [TnpR], [SmR]) y las bacterias transformadas se propagaron a 37 °C en medio Luria-Bertani (LB). Cada uno de los 96 transformantes de *E. coli* S 17-1:λpir que contienen el plásmido marcado pTEF-1 se usó en apareamientos conjugados generando mutantes de transposones de *P. multocida*. La cepa de *P. multocida* TF5 es un mutante resistente al ácido nalidíxico espontáneo derivado de UC6731, un aislado clínico bovino. Las cepas de *P. multocida* se cultivaron en medios de infusión (BHI) de cerebros y corazones (BHI) (Difco Laboratories, Detroit, MI, EE.UU.) a 37 °C y en CO₂ al 5 % cuando crecen en placas. Los apareamientos se establecieron cultivando cada clon de *E. coli* S17-1:λpir /pTEF1:[NK]₃₅ y la cepa de TF5 en la fase logarítmica tardía. Se mezclaron cincuenta mililitros de cultivo por cada clon de pTEF-1 marcado con 200 ml del cultivo de TF5 y 50 µl de cada mezcla de apareamiento se salpicaron sobre filtros de 0,22 mM previamente situados en placas de BHI que contienen IPTG 100 mM y MgSO₄ 10 mM. Tras incubación durante toda una noche a 37 °C con CO₂ al 5 %, las mezclas de apareamiento se separaron por lavado de cada filtro en 3 ml de PBS y se plaquearon 25 µl de cada uno en placas BHIN⁵⁰K¹⁰⁰. Tras cultivo durante toda una noche selectivo, las colonias se ensamblaron en placas de microvaloración por transferencia de palillo en 200 µl de BHIN⁵⁰K⁵⁰ haciendo seguro que cada pocillo en una placa de microvaloración contenía siempre un mutante de transposón con la misma marca de secuencia. Tras cultivo durante toda una noche se añadieron 50 µl de glicerol al 75 % a cada pocillo y las placas se almacenaron congeladas a -80 °C.

Se ensamblaron diecinueve reservas transfiriendo los mutantes de transposón a placas de microvaloración haciendo seguro que cada pocillo contenía un mutante de transposón con la marca apropiada para cada pocillo. En otras palabras, un pocillo específico en cada placa de microvaloración contiene siempre un mutante de transposón con la misma marca de secuencia aunque la localización del transposón dentro de esos mutantes puede ser diferente.

Ejemplo 2

Rastreo murino para mutantes de *P. multocida* atenuados

Se rastrearon diecinueve reservas de mutantes de transposones de *Pasteurella multocida* usando un modelo murino de septicemia. Las placas congeladas de mutantes de transposones de *Pasteurella multocida* almacenadas se retiraron de almacenamiento a -80 °C y se subcultivaron transfiriendo 10 µl de cada pocillo a una placa de fondo redondo de 96 pocillos nueva (Corning Costar, Cambridge, MA, EE.UU.) conteniendo 200 µl de infusión de cerebros y corazones (DIFCO) con ácido nalidíxico 50 µg/ml (Sigma) y kanamicina 50 µg/ml (Sigma) (BHIN⁵⁰K⁵⁰). Las placas se incubaron sin agitar durante toda una noche a 37 °C en CO₂ al 5 %. Las placas durante toda una noche se subcultivaron transfiriendo 10 µl de cada pocillo a una placa de 96 pocillos de fondo plano nueva (Corning Costar) conteniendo 100 µl de BHI por pocillo e incubando a 37 °C con agitación a aproximadamente 150 rpm. La D.O.₅₄₀ se monitorizó usando un lector de placas de microvaloración. A una D.O.₅₄₀ de aproximadamente 0,2 a 0,25, cada placa se almacenó formando la "reserva de entrada" combinando 100 µl de cada uno de los pocillos de la placa de microvaloración. El cultivo se diluyó apropiadamente en BHI a dosis de aproximadamente 104, 105, 106 U.C.F./ml y se usaron 0,2 ml de cada dilución infectando ratones BALB/c de 14-16 g hembras por administración intraperitoneal. A dos días después de la infección, uno o dos ratones supervivientes se sometieron a eutanasia y los bazo se recogieron. El bazo entero se homogeneizó en 1,0 ml de medio salino al 0,9 % estéril. Las diluciones del homogenado de 10⁻² a 10⁻⁵ se prepararon y plaquearon en placas de BHIN⁵⁰K⁵⁰. Tras cultivar durante toda una noche, al menos 20.000 colonias se almacenaron en caldo de BHI de 10 ml formando la "reserva recuperada" y 0,5 ml de la reserva recuperada se centrifugaron a 3.500 X g y el sedimento usado preparando ADN genómico de acuerdo con un protocolo previamente descrito [Wilson, In F. M. Ausubel y cols., (ed.), Current Protocols in Molecular Biology, vol. 1. John Wiley and Sons, Nueva York, páginas 2.4.1-2.4.5. (1997)].

Los experimentos iniciales con *P. multocida* de tipo silvestre virulento indicaron que podrían recuperarse organismos del bazo, los pulmones, los riñones y el hígado indicando un modelo verdaderamente septicémico de infección. Se llevaron a cabo inmunotransferencias tanto para las reservas "de entrada" como para las reservas "recuperadas" según se describe en el Ejemplo 1 y se evaluaron tanto por inspección visual como por análisis semicuantitativo. La hibridación se llevó a cabo como se describe en el Ejemplo 1 salvo porque se usaron como plantilla 5 µg de ADN genómico de reservas de entrada y recuperadas. Los análisis semicuantitativos indican si ha ocurrido una reducción significativa en un clon individual. Si un mutante es incapaz de sobrevivir dentro del huésped, después la señal recuperada debería ser muy baja comparada con la señal de entrada proporcionando una proporción de entrada/recuperada alta. La mayoría de los mutantes crecerán igual de bien in vivo que in vitro y por lo tanto una proporción de sus señales sería aproximadamente igual a 1. Los clones seleccionados por análisis cuantitativo reduciéndose altamente en la reserva recuperada se seleccionaron para estudio adicional. Los clones adicionales con proporciones de entrada/recuperada cuestionables se seleccionaron también después de evaluar visualmente

películas hechas a partir de las inmunotransferencias.

Ejemplo 3

Determinación de virulencia para mutantes candidatos de *P. multocida*

5 Cada mutante potencial que presentó recuperación reducida a partir de tejido esplénico se aisló a partir de la placa de reserva original y se usó individualmente en un experimento de puesta a prueba verificando y estimando aproximadamente la atenuación causada por la mutación de transposón. Los mutantes candidatos individuales de rastreos in vivo se cultivaron en placas de agar de sangre de oveja durante toda una noche en CO₂ al 5 % a 37 °C. Se inocularon aproximadamente seis colonias de cada mutante en caldo de BHI y se dejaron crecer durante seis horas. Las diluciones se prepararon y se infectaron cinco ratones cada uno como se describe anteriormente con 10², 10³, 10⁴ y 10⁵ U.C.F. La atenuación se determinó comparando la mortalidad seis días después en relación al tipo silvestre. Se presume que los ratones supervivientes están protegidos y después se les pone a prueba con una dosis de *P. multocida* de tipo silvestre a una concentración aproximadamente 200 veces mayor que la DL₅₀ para la cepa de tipo silvestre. La tasa de supervivencia se determinó después para cada grupo puesto a prueba de ratones.

15 Los resultados indicaron que 62 de 120 mutantes de transposones potenciales se atenuaron, teniendo aproximadamente DL₅₀ de al menos 10 veces mayor que la cepa de tipo silvestre. Los clones y sus valores de DL₅₀ aproximados se enumeran en la Tabla 1. Un experimento de control con la cepa de tipo silvestre se puso a funcionar en paralelo con cada grupo de puestas a prueba y en todos los casos la mortalidad en los grupos puestos a prueba con tipo silvestre fue del 100 %.

20 Además de los valores de DL₅₀, la Tabla 1 proporciona también datos de vacunación y de experimentos de puesta a prueba. Brevemente, los grupos de ratones (n = 5 a 10) se vacunaron por inyección intraperitoneal con las cepas de *P. multocida* individuales mostradas en la Tabla 1 a una dosis que era aproximadamente 200 veces mayor que la DL₅₀ de la cepa de tipo silvestre, virulenta. Los animales se observaron durante 28 días después de los que las figuras de la mortalidad se calcularon.

Tabla 1

Genes de virulencia de <i>P. multocida</i>					
SEC ID nucleotídica N.º:	Aislado representativo	Posible función génica	Número de supervivientes de vacunación/total	Número de supervivientes de puesta a prueba/total	DL ₅₀
--	tipo silvestre	-	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 (H10145)	10/10	5/10	> 2 x 10 ⁵
70	PM1BF6	yabK (H11020)	3/5, 8/10	9/9	> 2 x 10 ⁵
19	PM2G8	thaC	4/5, 9/10	9/9	> 4 x 10 ⁵
76	PM3C9	yiaO (H10146)	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

ES 2 535 961 T3

(continuación)

Genes de virulencia de <i>P. multocida</i>					
SEC ID nucleotídica N.º:	Aislado representativo	Posible función génica	Número de supervivientes de vacunación/total	Número de supervivientes de puesta a prueba/total	DL ₅₀
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	vigF (H10719)	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 (H11207)	3/5, 8/10, 8/10	8/8, 8/8	> 3 x 10 ⁵
25	PM10H10-T2	H11501	5/5		> 1 x 10 ⁴
72	PM11G8-T2	vgiK	5/5		> 2,4 x 10 ³
21	PM11G8-T4	greA	5/5		> 2,4 x 10 ³
84	PM12H6	yyam (H10687)	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	hxC	3/5		> 1,9 x 10 ⁵
35	PM16H8	lgtc	5/5, 10/10	10/10	> 2,4 x 10 ⁵
80	PM16H3	yleA (H10019)	5/5, 10/10		> 2,0 x 10 ⁵
49	PM17H6-T1	sopE	4/5		-6 x 10 ⁵
120	PM17H6	UnkP	4/5		-8 x 10 ⁵
5	PM18F5-T8	cap5E	5/5		> 2,4 x 10 ⁵
82	PM18F5-T10	yoyB (H10345)	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 (H10669)	3/5, 8/10	8/8	-2 x 10 ⁴
60	PM20C2	UnkD2	5/5, 10/10	10/10	> 8,2 x 10 ⁶

Ejemplo 4**Clonación e identificación de genes requeridos para virulencia de *P. multocida***

Cada mutante transposón que se verificó que se atenuaba se analizó adicionalmente determinando la identidad de la fase de lectura abierta desbaratada. El ADN de cada mutante se amplificó, se purificó y se digirió con enzimas de restricción que se sabe que no cortan dentro del transposón y que producen generalmente fragmentos de 4-8 kb que hibridan con el transposón. Usando selección para resistencia de kanamicina codificada por el transposón, se clonó al menos un fragmento para cada mutante de transposón.

La hibridación de Southern con enzimas de restricción múltiples se llevó a cabo para cada mutante atenuado usando un fragmento de *Mlu*I de 1,8 kb marcado a partir de pLOF/Km como una sonda identificando un fragmento de tamaño adecuado para clonar. El elemento mini-Tn10 y el ADN flanqueante de cada mutante se clonó en pUC19 y la secuencia flanqueante se determinó usando cebadores internos TEF32 y TEF40, secuenciación por paseos y en algunos casos cebadores pUC-19 universales.

TEF-32 GGCAGAGCATTACGCTGAC SEC ID N.º: 95

TEF-40 GTACCGGCCAGGCGGCCACGCGTATTC SEC ID N.º: 96

Las reacciones de secuenciación se llevaron a cabo usando el kit BigDye™ Dye Terminator Chemistry de PE Applied Biosystems (Foster City, CA) y continuando con un secuenciador de ADN ABI Prism 377. La secuencia de cadena doble para fases de lectura abiertas interrumpidas teóricas se obtuvo para cada clon. Se usó el programa informático Sequencer 3.0 (Genecodes, Corp., Ann Arbor, MI) ensamblando y analizando los datos de secuencias. Se usaron programas GCG [Devereux y cols., 1997, Wisconsin Package Version 9.0, 9.0 ed. Genetics Computer Group, Inc., Madison] para búsqueda de secuencias homólogas en bases de datos actualmente disponibles.

En el 37 % de los clones que se identificaron como que están atenuados, hubo inserciones múltiples del elemento transponible mini-Tn10. Cada inserción incluyendo su secuencia flanqueante se clonó individualmente en pGP704 y se apareó en la cepa de tipo silvestre produciendo mutantes nuevos de *P. multocida*, cada uno llevando solo una de las inserciones originales múltiples. Los mutantes individuales se volvieron a probar determinando la inserción responsable para el fenotipo adecuado. La secuencia de nucleótidos de la fase de lectura abierta, desbaratada, predicha se determinó secuenciando ambas hebras y la secuencia de aminoácidos predicha se usó buscando bases de datos disponibles actualmente para secuencias similares. Las secuencias bien se emparejaron con genes conocidos, con genes desconocidos y con fases de lectura abierta hipotéticas secuenciados previamente o bien no se emparejaron con ninguna secuencia previamente identificada. Para esos genes que tienen homología con secuencias previamente identificadas, se asignaron funciones potenciales como se expone en la Tabla 1.

Listado de secuencias

<110> Lowery, David E Fuller, Troy E Kennedy, Michael J

<120> COMPOSICIONES VACUNALES ANTIBACTERIANAS

<130> PC29940A Div3

<140> 09/545.199

<141> 6-4-2000

<150> 60/153.453

<151> 10-9-1999

<150> 60/128.689

<151> 9-4-1999

<160> 168

<170> PatentIn version 3.4

<210> 1

<211> 1112

<212> ADN

<213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<223> atpB

<220>

<221> CDS

<222> (210)..(1001)

ES 2 535 961 T3

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (1099)..(1099)
 <223> n es a, c, g, o t

5

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (1104)..(1104)
 <223> n es a, c, g, o t

10

<400> 1

gtcaacaaca ttttatggtg gagaggccgt taaatttata tccacaattt ttttgattgt	60
acttgcctttt aaactgttca attcaatgca ttttattgca ttttttggtg gatattttat	120
aacaatagtt ttaaacaata ttcttccatt ttttataagt aagtacttaa atataaagca	180
tttccataaa 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	

ES 2 535 961 T3

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	
taattttttta taaacaaaac cagaccttgg gtctaaattt caatcttatg gagaacatta	1061
tggaacactg taattactac aacaatcacc gcactctgnaa ttnttcttgc t	1112

ES 2 535 961 T3

<211> 264

<212> PROTEÍNA

<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

```

ES 2 535 961 T3

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

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<223> atpG

10

<220>

<221> CDS

<222> (364)..(1230)

<400>3

```

agcggggccat ttggtcagc tcggcttcgg attcctatga tgcacacgta agcaattatc      60
acatgggtcaa aaagtaactg aattattgaa acaaaaccaa tactctccgt tatctgtagc      120
acaacaagca ttagtggttat ttgcagtaga gtttggttac ttagaagaag tggacttaga      180
tcgtattggt tcatttgaat cagcactttt agagtatgct aaccataact atgctgattt      240
tatgcgtgag ttaacccaat ctggcaatta caatgatgaa attaaagagt cattaaaagg      300
cattttggat agcttcaaag caaacagtgc gtggtaagtt 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

```

ES 2 535 961 T3

aag cat cca ttt tta gtg gat cgc gaa gta aaa aaa gtg ggc atg att Lys His Pro Phe Leu Val Asp Arg Glu Val Lys Lys Val Gly Met Ile 65 70 75	600
gtt gtg tcc aca gat cgt ggt ctt tgt ggt ggc tta aac gtg aac ttg Val Val Ser Thr Asp Arg Gly Leu Cys Gly Gly Leu Asn Val Asn Leu 80 85 90 95	648
ttt aaa act gta tta aat gaa atg aaa gaa tgg aaa gaa aaa gat gtt Phe Lys Thr Val Leu Asn Glu Met Lys Glu Trp Lys Glu Lys Asp Val 100 105 110	696
tcc gtt caa ttg agt tta atc ggt tct aaa tct atc aac ttt ttc caa Ser Val Gln Leu Ser Leu Ile Gly Ser Lys Ser Ile Asn Phe Phe Gln 115 120 125	744
tct ttg gga att aaa att tta acc caa gat tca ggt att ggt gat act Ser Leu Gly Ile Lys Ile Leu Thr Gln Asp Ser Gly Ile Gly Asp Thr 130 135 140	792
ccc tct gtt gag cag tta att ggt tca gtc aat tct atg att gat gct Pro Ser Val Glu Gln Leu Ile Gly Ser Val Asn Ser Met Ile Asp Ala 145 150 155	840
tat aaa aaa ggg gaa gta gat gtt gtg tat tta gtt tat aac aaa ttt Tyr Lys Lys Gly Glu Val Asp Val Val Tyr Leu Val Tyr Asn Lys Phe 160 165 170 175	888
att aac acg atg tcg caa aag cca gta ttg gaa aaa tta att cca tta Ile Asn Thr Met Ser Gln Lys Pro Val Leu Glu Lys Leu Ile Pro Leu 180 185 190	936
cca gaa tta gat aat gat gaa tta ggc gaa aga aaa caa gtt tgg gat Pro Glu Leu Asp Asn Asp Glu Leu Gly Glu Arg Lys Gln Val Trp Asp 195 200 205	984
tat att tac gaa cct gat gcg aaa gta tta tta gat aat tta ttg gtt Tyr Ile Tyr Glu Pro Asp Ala Lys Val Leu Leu Asp Asn Leu Leu Val 210 215 220	1032
cgt tat tta gaa tct cag gtt tat caa gca gca gtt gaa aac ctt gct Arg Tyr Leu Glu Ser Gln Val Tyr Gln Ala Ala Val Glu Asn Leu Ala 225 230 235	1080
tct gag caa gcc gct cga atg gtc gcc atg aaa gca gca aca gat aac Ser Glu Gln Ala Ala Arg Met Val Ala Met Lys Ala Ala Thr Asp Asn 240 245 250 255	1128
gca ggt aac tta att aat gag tta cag tta gtc tat aac aaa gct cgt Ala Gly Asn Leu Ile Asn Glu Leu Gln Leu Val Tyr Asn Lys Ala Arg 260 265 270	1176
caa gca agt att aca aat gaa tta aat gaa att gtt gcc ggt gca gca Gln Ala Ser Ile Thr Asn Glu Leu Asn Glu Ile Val Ala Gly Ala Ala 275 280 285	1224
gca att taacaaatag aggatcggtg atggcaactg gaaaaattgt acaaatcatc Ala Ile	1280

ES 2 535 961 T3

```

ggtagcggtta ttgacgttga attcccacaa gatgcagtag caaaagtata tgatgcctta 1340
aatgttgaaa cagggttagt acttgaagtt caacaacaat taggtggtgg tgtagttcgc 1400
tgtatcgcaa tgggatcatc tgatggatta aaacgcggtt taagcgtaac aaatacgaat 1460
aaccacaattt 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 tggtagcgggt 1700
gtcggtaaaa ccgtcaatat gatggaatta atccgtaaca tcgcaattga gcactcaggt 1760
tactctgtct ttgcgggggt aggtgagcgt acgcgtgaag gtaacgactt ctatcatgag 1820
atgaaagact ctaacgtatt agataaagtg tctcttgttt atggtcaaat gaacgagcca 1880
ccaggtaacc gtttacgtgt ggcattaaca ggcttaacta tggcggaaaa attccgtgat 1940
gaaggtcgtg atgtcttatt cttcgttgat aa 1972

```

<210>4

<211> 289

<212> PROTEÍNA

5 <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

```


ES 2 535 961 T3

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
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
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> ADN

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<223> cap5E

10

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(813)

<400> 5

ES 2 535 961 T3

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	
145 150 155 160	
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	
165 170 175	
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	

ES 2 535 961 T3

```

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 actgggttcaa atgggttttat tgcgaaaaat ctgattcagt      873

ctttatctga ggaacaagat attgagattt tatgtttatca ccgtcaatcc tctgagaaaa      933

cgcttattca tcatgtattg agtgctgatt ggattattca tcttgccgggt gcgaatcgtc      993

cacctgaaga acaagaattt atgacatcaa atacacaatt gacggaaaaa atttgccgta     1053

ttttacagcg tcatcagaaa aaaacgcctt tgttatatatt ctctagcatt caagtagaaa     1113

gtcccaaaat aagtacttat tcgcaaacca aattagaaaag tgaatatcat gttcatcaat     1173

tacataaaga aaatggtaat ccgatttata tctgccgttt agctaattgtc tttggcaaat     1233

ggtcacgacc tcaactataac tcggtagtcg ccacattttg ccataactta attcatgatt     1293

taccatcgga aattcatgat catactgcag aaataaggct catTTtatatt gatgatgtcg     1353

ttga                                                                    1357

```

<210>6

<211> 271

<212> PROTEÍNA

5 <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

```

ES 2 535 961 T3

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
Leu Ala Lys Ala Ile 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
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> ADN

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<223> devB

<220>

10 <221> CDS

<222> (4032)..(4727)

<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 aagtgccttg gctttctacg caacgtcgtg gggcgccaga agcacaattg 300
 ttgtatcaag aaacagaaaa aagccttgaa caacgtgcga aaatggcgat tgcacgtaag 360
 attaatgcat taacgatgcc gcacccctgat cgtcgcccga ataaaaaaga gcggcgtgat 420
 ttattgaaat ttaaacatca agatagcttt tcatcttgat 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 tcatcaaaaa cttgctcggt gaaatgatgg tggcgaccag tttattgacg 720
 gcgacgttaa aatttgaagg ggatattact gttcaagtac aaggatgatg accattaaaa 780
 ttagcattag ttaatggcaa tcatcagcag caaatcgcg cattagcgcg tttacaagcg 840
 gatgtcagtg atgatatgag tttggcgcaa ttagtcggga aagggttatt agtgattacg 900
 attgcaccga cagaaggcga gcgttaccaa ggcgatgattg cgtagataa gccaacatt 960
 actgcctgtc ttgaagatta ttttgtgctg tcagaacaat tgcaaacca gcttattatt 1020
 cgtgctggcg aatttgaagg acaacctgtg gcagccggtg tgttggtaca aattatgccg 1080
 gacggttcag gttctccaga ggattttgaa cacttagcaa cattggcagc gacggtgaaa 1140
 gaggaagaac tatttggttt aacagcagaa gaattattgt accgtttata tcatgaagag 1200
 cgtgttgaaa tttcccttc acagccgatc tcatttttct gtggctgctc acaagaacgt 1260
 tctggtgccg cattgttggt gatttctgat gaagaattgg atgaagtctt ggcagagcat 1320
 aacggtacca ttgatatgca gtgtgaatgt tgtgggacgc attattttct caataaagca 1380
 gcgattatgc aattgaaagt agaaaaataa gtcttggtat tatggatttt gttgcaggct 1440
 atcaagatat ttgatagcct gtttttctt tgcagcaaac gattttatga gaaaaacgcc 1500
 gtcttctcac acagtagttt aggtattgca tagcatgaag cgggaaacta tgtttgccgc 1560
 ttgtctgttt aaaaagggtt tctatgtag cactttcacc atcattactt gaaaaaacac 1620
 ttgaaatcgc ggatcaagca ggagattttt taacgcgatt ttataccgac tcagggcaaa 1680
 atgcgttagc aattcaaacc aaacaagata acacgccagt gactgccgtg gatttatttt 1740
 tgagtcaatt ttttaattgaa aaattgaccg cactgacacc tgaggtcccg attctttccg 1800
 aagagagttg taaaatcccc ttacaagatc gtgcacattg ggcagaatat tggttaattg 1860
 acccactcga tggaacccaa caatttatta atcgaccga tcaattttcc attttgatta 1920

ES 2 535 961 T3

cacttgtcca acacaatcaa cccgtcttaa gcattacca tgcccctatt ttacaaacga 1980
 cctatttatgc tatgcagggc tttggtgctt acagaaggca gggcaatcaa caagaaaagc 2040
 taaacaacca agcgcgacct gagcagcgaa aaatcaaaat tgctgtggga gtcggggggcg 2100
 ttgaacggaa aattcagccc ttgttaaadc cagcttatca atatgaattt ttggtttatg 2160
 gttcaagtgg cttaaaaggc ggcttagtgg ccgatggcac ttgtgattgc tatattcgag 2220
 taggaaaaaac ggggtgaatgg gatacggggg cggctgaaat cctcttacgt gaaatgggag 2280
 gtgctgtgtt tgactttgct tttcaaccgc ttagctataa tcagagagaa agttttatta 2340
 atcccaattt tgtgatggta gcgaatacag aatttgattg gcagaaaatt tttcaatttc 2400
 attcgacta ggcattattt attataagat gcgatatctt atgacctcta tttttaacaa 2460
 acggattttca ggaaaaaaat gaaaattgaa gcagacaaca attgtattgt aatttttggg 2520
 gcatcaggtg atttaactta tcgtaaattg attcctgcac tgtataactt atataaaatc 2580
 ggtcgtttga ctgagcattt ctccgtgtta ggtgtggcaa gaacggaatt aagtgatgag 2640
 ggtttccgtg aaaaaatgcg ccaagcgttg atcaaaagtg aaaaagcgaa tggcgaaaca 2700
 ctcgatcaat tttgtagcca cctttattat caggcattaa ataccgcgga tgctgccgat 2760
 tatggcaagt taattcctcg tcttgatgac ttacatgata aatatcaaac ttgtggtaac 2820
 acactttact atttatctac gcgcgaagc ctttatggcg tgattccaga atgccttgcg 2880
 gcacatgggt taaatactga agagtttggc tggaagcggg taattgtgga aaaaccgttt 2940
 ggttatgata tacgcacggc aaaagaactc gatattcaaa ttcaccgttt ctttgatgaa 3000
 caccaaattt atcgtattga ccactatctt ggtaaaagaa cggttcaaaa tctgcttgtg 3060
 ttgcgttttt ctaatggatg gtttgaacca ctctggaacc gtaatttcac tgattatatt 3120
 gaaatcacgg gcgcagaatc tatcgggtga gaagagcgtg gtggttatta 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 agcggttaag ggctacttac aggaaaaagg tgtgccggca 3420
 gagtctaata cggaaactta catggcatta cgttgtgaaa ttgacaactg gcgttgggcg 3480
 ggtgtgccat tttatgtgcg tactgggaaa cggttaccaa gtcgagtgac cgaaattgtg 3540
 attcatttca aaaccacacc acatccggtt ttagccaaa aagcaccaga aaacaaatta 3600
 attatccgta ttcaaccgga tgaagcgatt tcgatgcgtt ttggtttgaa aaaaccggga 3660
 gcagggttttg aagcaaaaga agtgtcgatg gatttccgtt atgcggatct tgctcacca 3720
 agcttactga ccgcttatga gcgtttatta ttggattcta tgaaaggcga tgccactttg 3780

tttgcgcgta ctgatgcggt acatgcctgt tggcagtttg tggagccgat tttacaatat	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	

ES 2 535 961 T3

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 aggtctctcg tgaaaatggc gccatttagt gggtaagctt aaggttcgct	4867
cagacagcgc tatcaaaagg gtaaaagaat gtatcaactc tattttaate caccaaaatc	4927
ttcatggtca ttacgcgttt ggggtgttatt gaaagaactg gcaattcctt ttgagcctaa	4987
aattgtacgt tatttgatg atttaagtga acaacgccaa caatttaagg cgttttcgcc	5047
gacttcaaaa atcccagtat tgcatgctga tgggtgtgtc atttgggaca gtttagcgat	5107
tatcgagttt ttggcagaaa gttatccgca cgtgtgggcg caagataagg cgacaagagc	5167
gtggtcacgt tctgcttggt ctgaaatgca ctctggcttt gaaaatttgc gtgaaatgtg	5227
tgatttcgcc cctttagctc gcaaaccgtt acaagaaatg cccgctgtgt taagccaaga	5287
gctaacaagg cttaatcaat tattagaaga agggttaaca aatcacactg ggcgatttaa	5347
tgcaaacctc cagtgccttt ggtcgagtac aatcctcggt gtcttttttc cgtaattcct	5407
atgatgactt tgccgcttat cgtgcggtgt taaatcggtt aactggcttt catagcgca	5467
ttaaagcggc taatcgcca agcaaattag tgctcacaga aagtcgtcat gatattgggt	5527
ttcatgatct caacgtagag accccgcaag gaaaaacctt aattgacaag ctcaacctac	5587
aatttcctct cggtagatgg ttattaattc aaggacattc tgggtgtaggg aaaacaacct	5647
tgttaagaac cattgcggga ctatggcctt atgctagtgg gacaattcaa cgtccacaac	5707
aagatactct gtttctttct caaaaacctt atttgccaca aggtcgccta cttgatgccc	5767
tattttatcc tgaactggcg cctgaagacg tgaatgagca acaagttata gacatactcg	5827
cgaaagtaca actcgggcat ttaagcgata aactagaaca agaaaatgat tggacacggg	5887
tactctcttt aggtgaacaa caacgtctgt cgtttgctcg cattttattg cataaaccta	5947
ctgttggttt cttagatgaa gccactgcca gcatggatga aggactggaa gatgcgatgt	6007
accgcttact gaaagatgaa ctgcctcaga ttactgtgat cagtgttgga caccgttcga	6067
cgttaattcc gcaccattca cagcaattac acattcaata acaagacagg gcgttggtgga	6127
gtcga	6132

<210>8

<211> 232

<212> PROTEÍNA

5 <213> Pasteurella Multocida

<400> 8

ES 2 535 961 T3

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
145 150 155 160

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> ADN

5 <213> Pasteurella Multocida

ES 2 535 961 T3

<220>
<221> misc_feature
<223> dnaA

5 <220>
<221> CDS
<222> (1635)..(2396)

<400> 9

```

gacccaatgc ttgccaccgg cggctctatg attgcgacaa tcgatcttct aaaagcgaaa      60
ggctgtaaac acattaaagt gtcggtggtta gtcgccgcgc ctgaaggcat taaagcatta      120
gaagctgcgc accctgatat cgaattatat accgcatcag ttgatagtca cttaaataaa      180
caaggctata ttattccagg tcttggtgat gccggtgata aaatTTTTTgg cactaaataa      240
tcccaacaca agcggcatct tatgccgctt ttttccgttc aatttatagc gcttacaatc      300
ttaacagctt gaacactata aaatgaaaag ttaattcaga cagagagttg aaacttaaca      360
tgacaaatca aaatccccct gttcttctag aacaaaatca cgcaaaacaa gccttcggtg      420
ggctacaaat gctTTTTgtt gccttcggtg ctttagtcct tgttccccctg attacggggt      480
taaatagcaa tactgcctta ttgaccgcag ggattgggac actcttattc caactttgta      540
ctggacgcca agtcccaatt ttcttagcct cttcctttgc ttttattgca ccaattcaat      600
atggcggtggc aacatggggc attgctacta ctatgggggg gctggtgttt actggactgg      660
tttattttgc cctcagtacg ttagtcaaaa ttaaagggtgc tgggtgcttta caaaaagtct      720
ttccgccagt agttgttggg cccgttatta tcatcatcgg tatgggactt gccctgttg      780
ccgtggacat ggcattaggt aaaaacagca cttatcaata taacgatgcc gtattcgttt      840
cgatggcaac attattgaca acgttaggtg ttgcggtggt tgctaaaggc atgatgaaat      900
taattcctat catgtttggg attgtcgtcg gctatatcct ctgcttattc ttaggcttaa      960
ttaatttcca acctgtcatt gatgcacctt ggtttagtgt gccagaaatt actaccctg      1020
aatttaaatt agaagctatt ctttatttat taccgattgc tatcgcccca gcagttgagc      1080
atgtcggtgg 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 tgtggtaaag      1320

```

tccggggcttt cctctctacc attccaacta ttgtcatggg tggcattatg atgttagtgt	1380
ttggctctat cgcgtagtc ggtatgagta cactgatccg tggtaaagtg gatgtaacag	1440
aagcgcgtaa tctgtgtatt atttccgttg tgatgacgtt tggcatcggg ggtatgtttg	1500
tgaactttgg agaagtctcc ttaaaaggga ttagtttatg cgcggttgtc 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	

ES 2 535 961 T3

```

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> PROTEÍNA

5 <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

```

ES 2 535 961 T3

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 Arg Asp 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> ADN

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<223> dsbB

<220>

10 <221> CDS

<222> (856)..(1389)

<400> 11

```

gaattcttct tacgtatgct ccagtcacg ttgccagttc tcatttgtgg tttagtgacc      60
tgcttcttag tggaaaaatt tgggtgtattt ggctatggcg ccaaattgcc acgtaaagta    120
tggggcatct tggcaaagtt tgatcgcaat aatcaacaaa aaatgtcacg acaagatcgt    180
ttgaaacttt ttgtgcaagc tttaattggt atttggttgg ttgttggact cgcattccat    240
ctcgccgccg tcggtatcat tggtttaacg gtgattattt tggtacttcc attttgtggt    300
gtcaccagcg agcatgctat tggtaaagcc tttcaggaat ccttaccctt cacagcattg    360
ttagtgggtg tcttctcggt tgttgccgct atcattgacc aacatctgtt tgcgccaatt    420
attcagtttg tgcgtggtgc cagtgaacat actcagcttg ctcttttcta tatttttaac    480
ggtttgttat ccgccatttc agataatgtg tttgtggcca cagtttatat caatgaaacc    540

```

aaagcggcat tagaggctgg ctttaattgct caaccacaat atgaattact ggcagtagca	600
attaataaccg gtaccaatct tctttctggt gcaaccccaa atggtaagc 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 tcc 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 gcaggaatg	1479
tcttgctaataat aatcttgctt tacgctgctt taagegtttt aaacgtaatg cgcgtccttg	1539

ES 2 535 961 T3

tgataaacga tataatTTTT ttgtcggctt caaaaagctt ttacgtctcg ccatactctt 1599
 cctcttattg tgtcggttacg gttgtcgcta acgtatccgt ttctttcttg atttcgttga 1659
 tgttttctat ttcggcggct tgtgtatcta atgtttcttc aatttgtgct tgctgtaccc 1719
 gataataatg cacaatgctg ttcataaac gacggatatt ttccacatag tgatatgctt 1779
 catagcctcg cgcataaccg tattttaacc cegtgtataa gcgtttttct gctaatagtg 1839
 gcaaattctt cttcacatct aaccaattat cgggatcacc acctaggctc ttggttaaac 1899
 ggcgcgcatc taacaaatgc cctaattcca tattatacgc cgctaaggca aaccaaatac 1959
 gctcatcttc tttaatcgta tcaggcattt gcgtaataag ccaatgtaaa tattctgaac 2019
 cggctttaat actttgttcc ggatccgttc tgtcttgaat t 2060

<210> 12

<211> 178

<212> PROTEÍNA

5 <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				

ES 2 535 961 T3

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> ADN
5 <213> Pasteurella Multocida

<220>
<221> misc_feature
<223> exbB

10 <220>
<221> CDS
<222> (2756)..(3211)

<400> 13

gaattcttga cctgggtgtga ggctttttatt gacttccacc ccaattgcgc gttctttcac	60
tttattaata aagtcacgta ccactggtaa cgccacatcc gcttctaata atgccatgcg	120
gacttcacgt agcgtttctt taatattgtc atcagttaaa cgtccacgtc cactaatggt	180
acgtagcggt tttgacaagc gatccgacaa attctcaaac atgcaatctt cctatttaaat	240
ctcgaaaaaa ttgccctaata tatactgaaa tcccatagat tttcatcctt tgtaataaat	300
ttatagcgat ttcacagtga gaaagttaga atggacggag aacaaagggtg aggggaatttc	360
aatgtggcgt tcaatTTTTT ccgtgtTTTT ttatctattg agtgtcttac tcattacccc	420
tatgttggtt aaaattcaag cgggcgaacc cgcacggtt cccaatagga tgccTTTTTT	480
aacggcagca ttactcgcca ttcttctgca ctttatcaat cttattcctc tttttaccga	540
tttaaccagc ggtcaaaatt tctcgggttat cgaaatcagt tccttaatca gtgttatgac	600
agcaacgac gccacattag cgtTTTTTatt tcgcatacac actttatggt ttttattacc	660
gattatttat tctttcgcca tcattaatct ggtcctcagt accttaatgc cggcgcattt	720
tttatatcat cttaatacaag atatgggctt atttattcat gtaggcttat cactgttgac	780
ttattcggtc tggtcgattg tcgcggttata ttccattcag ttagtttgga tcgacgcgc	840
cttaaaaaat aaaaaactgc ctttttcacc aatgattcca ccgttaatga ccgtagagcg	900
ccattTTTTT cgtttaaatgc tgatagggtga aatattactc acgattgtcc tcatttcagg	960

ES 2 535 961 T3

gagctacccat ttatcgaaaa cctttgcccc acaagacatc cagaaaagctg ttttttcttt 1020
 cttggccttg atagtctttg ggagtgcact ggttggtcat tggaagctcc attggcgtgg 1080
 aaaaaaagtg gtgtattatg cgcttttagg tatcattctc ctgactatcg cctatttttg 1140
 tagtcgtgta atgcttgaaa tataaacaag atttatttat gctacgccat agtaaaagtg 1200
 cggttcaaaa aacgaaaaaa tgaccgcact tttegatttt tgattaactc gcaaaaggat 1260
 gcatttttga cagtattccc cttagtaccc tctttattac actcatcatc ttattgatca 1320
 tctctgctta tttttcaggc tctgaaaccg gtttgttgtc tgccaatcgt tatcgactac 1380
 gccatttagc cgaaaaaggg catagaggtg cgaaaaaagc ggaaaaatta ctgaaaaaaa 1440
 cagatgtttt gcttagcctg attttaattt gtaataactt agtcaatatt actgcttctg 1500
 ccattaccac gattatcggc atgcgcttat atggcgatgc gggagtcgcc attgcaactg 1560
 gggcattaac ctttgtgatg cttatttttg ccgaaatttt gccgaaaact atcgccgccc 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 caggtaatga cattgggggt attgatattg 1920
 acgatgattg gaaagccatt atgcgtcaac ttaaccatgc agcgcacggg cgtgttgtac 1980
 tgtataaagg aaatatggat gaaaatattt tggggatggt acgtgtacgt gaagcctatc 2040
 gcttaatgct cgataaaaat gaatttaaca aagaaacttt aatccgtgcc gccgatgaag 2100
 tgtattttat tcttgaaggc acgccactga atagccaatt attaaatttc cgcaacaata 2160
 aagaaaggat tggtttagtt gtagatgaat atggtgatat taaaggctta gtcaccttag 2220
 aagatatctt agaagagatt gtcggtgaat ttaccacttc aacagcccca tcaattaacg 2280
 atgaagttaa cccacaatca gacggttcgc ttatcattga gggatccgcc aatttacgtg 2340
 atttgaataa attatttgac tggaatctcg ataccgaaga tgcacgtacc ttcaacggct 2400
 taattttaga gcatttagaa gaaattccag aagaaggaac ggtatgtgaa attaatgggc 2460
 taaaaatcac gattctagaa gtgaatgaca acatgattaa acaagccaaa gtcattaaac 2520
 ttttaattcaa catctggcta agcgatgtca tcaagacatc gcttttttat tccgtacatg 2580
 aatgtttgat ccaacacaac atttattcaa cattggataa ataatcatcc taaatcgcac 2640
 gaatttctta tttaccccgct ttttggcttt tgctagaatc ttgcaattga aattaattct 2700
 caataccgta taatgttcaa cattattttg cgatacaaat taaaggatta ttaaa atg 2758

Met
1

ES 2 535 961 T3

cca caa tta ttc caa ttc tta caa caa tat att gat tac att att cta Pro Gln Leu Phe Gln Phe Leu Gln Gln Tyr Ile Asp Tyr Ile Ile Leu 5 10 15	2806
ggc tta ctt gcc ttc atg agc ttt att atg gtt tgg ctt gtg att gaa Gly Leu Leu Ala Phe Met Ser Phe Ile Met Val Trp Leu Val Ile Glu 20 25 30	2854
cgc ttt ctt ttc tta agt cgc gtc aac gtg gca tct tat gaa agc ata Arg Phe Leu Phe Leu Ser Arg Val Asn Val Ala Ser Tyr Glu Ser Ile 35 40 45	2902
cat gaa tta gac att gac tta caa cgc cac ctc aca gct atc tct aca His Glu Leu Asp Ile Asp Leu Gln Arg His Leu Thr Ala Ile Ser Thr 50 55 60 65	2950
atc ggt tct aat gca cct tat gta ggt ttg ctt ggt acc gtc att ggt Ile Gly Ser Asn Ala Pro Tyr Val Gly Leu Leu Gly Thr Val Ile Gly 70 75 80	2998
att ctc tta act ttc tat gaa tta ggt cac tcc ggt ggc gat att gat Ile Leu Leu Thr Phe Tyr Glu Leu Gly His Ser Gly Gly Asp Ile Asp 85 90 95	3046
gcg gcg gcc att atg gtg cac tta tca tta gcc tta aaa gcc aca gca Ala Ala Ala Ile Met Val His Leu Ser Leu Ala Leu Lys Ala Thr Ala 100 105 110	3094
gta ggt att tta gtc gcc att cct gca atg gtg tgt tac aac ggt tta Val Gly Ile Leu Val Ala Ile Pro Ala Met Val Cys Tyr Asn Gly Leu 115 120 125	3142
gga cgt aaa gtc gaa gtt aat cgt ttg aaa tgg ttt gcc tta aat gag Gly Arg Lys Val Glu Val Asn Arg Leu Lys Trp Phe Ala Leu Asn Glu 130 135 140 145	3190
aaa aaa gcc aaa caa caa gca tagggagccg tcatgaaaaa gtttgatgaa Lys Lys Ala Lys Gln Gln Ala 150	3241
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 taaagaaaaa	3601
gcattctcaat gatagataaa agtcgttctt gcacgagggt tgcaatttca ttgctttttc	3661
acgcaagttt tgtctctttc ctgtattgga ttgtacaaaa agacgatgac agcgcgaatg	3721
gatttgetgc cgatatcatc tcaactcata ttccatgga aatgctggcg gctaccgttt	3781
tagaagaacc agagccggaa ccagagccgg cgctccggt agtagaacct gaactgccaa	3841

ES 2 535 961 T3

```

aagaagtagt cgcagatccg acggtaaaac ctgagccacc aaaagaaccc gaaaaaccaa 3901
aagagcctga aaagccaaaa gagaaaccga aagaaaaacc aaaagaaaag ccgaaaaaac 3961
cgaagaaaga acaacgtgat ttaccaaagt cagatcgcca aattgattct aattcatcga 4021
tcaatcaaca agcgaccaca acaggcaaca tcacaaccaa taatccgaat ctggtcggta 4081
aaggtaatag cacagatgaa gtcaatgctt atcgctcggc tttacgcaga gaaattgaaa 4141
aacataaacg ctatccaaac cgtgcacgca tgatgcgcaa acaagggtgtg gtaacaatca 4201
cgttccatct taataatgcc ggcgtaatta gtaatgcgcg aatcagcaaa tcttccggct 4261
cagaagaatt agataacgct gcactggtag ctgtcaataa tgcccgtcca attggtccac 4321
tgcctgttgg tatgccaaat gaagtgagcg ttcctgtcag tttcagaatc acaaattaaa 4381
aaagtgcggt aaaatttacc gcactttttt ctctctatta gaatt 4426

```

<210> 14

<211> 152

<212> PROTEÍNA

5 <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

```

ES 2 535 961 T3

130

135

140

Glu Lys Lys Ala Lys Gln Gln Ala
145 150

<210> 15
<211> 6876
<212> ADN
5 <213> Pasteurella Multocida

<220>
<221> CDS
<222> (534)..(6863)
<223> fhaB1

10 <400> 15

```

agatgcgtga tctgatecct caactcagca aaagttcgat 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 catcaataca acctattaat      300
ttccccctcg caaaaataag gttatcaagt gagaaatcac catgagtgc gactgaatcc      360
ggtgagaatg gcaaaagctt atgcatttct ttccagactt gttcaacagg ccagccatta      420
cgctcgtcat caaaatcact cgcatacaacc aaaccgttat tcattcgtga ttgcgcctga      480
gcgagacgaa atacgcgatc 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

```

ES 2 535 961 T3

85	90	95	
caa gaa caa gat aaa acc gat att Gln Glu Gln Asp Lys Thr Asp 100	aaa gtt gtg Lys Val Val 105	aaa atg ggg gct atc Met Gly Ala Ile 110	872
cgt tct gat ggt gat ttt gac ttt Arg Ser Asp Gly Asp Phe Asp 115	aag gga ata Lys Gly Ile 120	aag gcg aca tca tca Lys Ala Thr Ser Ser 125	920
gaa tca aaa ccg cag tta att aat cat gga tta att aat gtc aaa gga Glu Ser Lys Pro Gln Leu Ile Asn His Gly Leu Ile Asn Val Lys Gly 130	135	140	968
aca ttt aat gcg gaa gct gat caa gtg gtg aac caa atg aaa gcg ttt Thr Phe Asn Ala 150	155	160	1016
aac caa aat gca tta gca agc gtg ttt aag aat cca gcg aaa atc acg Asn Gln Asn Ala Leu Ala Ser Val Phe Lys Asn Pro Ala Lys Ile Thr 165	170	175	1064
atg tac tat caa cca ctt act cgt tat att tgg aca cca tta tcg ggt Met Tyr Tyr Gln Pro Leu Thr Arg Tyr Ile Trp Thr 180	185	190	1112
aat gca tcg cgt gaa ttt aac aat tta gag tct ttc ctc gat gcc ttg Asn Ala Ser Arg Glu Phe Asn Asn Leu Glu Ser Phe Leu Asp Ala Leu 195	200	205	1160
ttt ggc tca aca aca atc tta aaa tca agt ttc tat agt acg gaa aat Phe Gly Ser Thr Thr Ile Leu Lys Ser Ser Phe Tyr Ser Thr Glu Asn 210	215	220	1208
ttt agt gct tat cag ctt cta tct cat att cag cat tca cca atg tac Phe Ser Ala Tyr Gln Leu Leu Ser His Ile Gln His Ser Pro Met Tyr 230	235	240	1256
caa aaa gcg atg gca caa gtg ttt ggt gca gag tgg cat agt aaa tcc Gln Lys Ala Met Ala Gln Val Phe Gly Ala Glu Trp His Ser Lys Ser 245	250	255	1304
tat gat gag atg cga aac aaa tgg aaa agc ttt aaa gaa aat cca aca Tyr Asp Glu Met Arg Asn Lys Trp Lys Ser Phe Lys Glu Asn Pro Thr 260	265	270	1352
gat ttc att tat tac cca tca gaa aaa gca aaa atc cta gcg gga aaa Asp Phe Ile Tyr Tyr Pro Ser Glu Lys Ala Lys Ile Leu Ala Gly Lys 275	280	285	1400
cta gaa ggt aag ctt aca acg cta caa aat ggt gaa tat gcc gaa cgt Leu Glu Gly Lys Leu Thr Thr Leu Gln Asn Gly Glu Tyr Ala Glu Arg 290	295	300	1448
ggg aag ttt gat gag agt atc caa att ggt aaa cac caa tta tcg cta Gly Lys Phe Asp Glu Ser Ile Gln Ile Gly Lys His Gln Leu Ser Leu 310	315	320	1496
cca tca gta gag ctt aaa gcg gag ttt agt gat aaa gaa cgt ttg gaa Pro Ser Val Glu Leu Lys Ala Glu Phe Ser Asp Lys Glu Arg Leu Glu 325	330	335	1544

ES 2 535 961 T3

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

ES 2 535 961 T3

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

ES 2 535 961 T3

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	ggg	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	ggg	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	ggg	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		3605	
Lys	Asn	Ile	Lys	His	Val	Glu	Lys	Glu	Glu	Tyr	Ser	Ser	Gln	Leu			
	1010				1015					1020							
ttt	gct	tca	gca	cac	gcg	agt	ggg	ggg	ggc	acc	tca	gtt	cgt	tat		3650	
Phe	Ala	Ser	Ala	His	Ala	Ser	Gly	Gly	Gly	Thr	Ser	Val	Arg	Tyr			
	1025				1030					1035							
gac	tat	aac	agc	caa	gat	ggg	ggc	aac	gcc	tct	gtt	ggg	gtt	ccg		3695	
Asp	Tyr	Asn	Ser	Gln	Asp	Gly	Gly	Asn	Ala	Ser	Val	Gly	Val	Pro			
	1040				1045					1050							
aca	aac	cat	act	gga	gtt	ggg	gca	gag	gca	gga	atg	tca	ttc	acc		3740	
Thr	Asn	His	Thr	Gly	Val	Gly	Ala	Glu	Ala	Gly	Met	Ser	Phe	Thr			

ES 2 535 961 T3

1055		1060		1065		
cat	acc aaa gac aaa gaa	aca ctg ctc act cac	acc aat agt gaa	3785		
His	Thr Lys Asp Lys Glu	Thr Leu Leu Thr His	Thr Asn Ser Glu			
1070		1075	1080			
tta	caa gtc aaa cat ggg	aaa tta cat gtg ctt	ggt tat gcc gat	3830		
Leu	Gln Val Lys His Gly	Lys Leu His Val Leu	Gly Tyr Ala Asp			
1085		1090	1095			
att	ggt gga gta gat att	aat act aaa cta cca	gaa gat gca caa	3875		
Ile	Gly Gly Val Asp Ile	Asn Thr Lys Leu Pro	Glu Asp Ala Gln			
1100		1105	1110			
agc	aaa gca cag aaa gag	ata gcg gct agc aag	cca gag aag acc	3920		
Ser	Lys Ala Gln Lys Glu	Ile Ala Ala Ser Lys	Pro Glu Lys Thr			
1115		1120	1125			
gag	caa tct gca cag gat	gtg gct caa gct caa	tca aat gcc aat	3965		
Glu	Gln Ser Ala Gln Asp	Val Ala Gln Ala Gln	Ser Asn Ala Asn			
1130		1135	1140			
aag	gat aag gaa aat aaa	gcc cca gaa ata aaa	gaa tta tca gag	4010		
Lys	Asp Lys Glu Asn Lys	Ala Pro Glu Ile Lys	Glu Leu Ser Glu			
1145		1150	1155			
gct	gaa atc gcg gat ctc	atg tca gaa aaa tca	aaa gcg tat ttt	4055		
Ala	Glu Ile Ala Asp Leu	Met Ser Glu Lys Ser	Lys Ala Tyr Phe			
1160		1165	1170			
gat	gat ttt gca gag caa	gcg aaa aaa gca cct	gaa aac aat cga	4100		
Asp	Asp Phe Ala Glu Gln	Ala Lys Lys Ala Pro	Glu Asn Asn Arg			
1175		1180	1185			
ttt	gaa ttg tct gcg aaa	gaa att aag tcg agc	aaa caa aaa gac	4145		
Phe	Glu Leu Ser Ala Lys	Glu Ile Lys Ser Ser	Lys Gln Lys Asp			
1190		1195	1200			
caa	tat gat cat gag tct	gaa cgg acg act ttt	aaa gtt gga cct	4190		
Gln	Tyr Asp His Glu Ser	Glu Arg Thr Thr Phe	Lys Val Gly Pro			
1205		1210	1215			
gaa	gcg gag gct cat tct	gcg gtt gcc gat atg	gtg agc cat tta	4235		
Glu	Ala Glu Ala His Ser	Ala Val Ala Asp Met	Val Ser His Leu			
1220		1225	1230			
gtg	aaa gaa tat aga gat	gca caa aat ggg act	aaa caa gac ggt	4280		
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	4325		
Thr	Val Ala Leu Gln His	Ala Ser Asp Val Leu	Asn Ile Val Thr			
1250		1255	1260			
ggg	gat tta gcg ggg agt	tca gct aaa ttg tct	gtt gaa aga aca	4370		
Gly	Asp Leu Ala Gly Ser	Ser Ala Lys Leu Ser	Val Glu Arg Thr			
1265		1270	1275			
cat	gag aca aaa cga acg	aca gaa acg ggg gat	att gtt act aag	4415		
His	Glu Thr Lys Arg Thr	Thr Glu Thr Gly Asp	Ile Val Thr Lys			
1280		1285	1290			

ES 2 535 961 T3

att Ile 1295	ggg Gly	ggc Gly	aat Asn	gtc Val	aca Thr	ctg Leu	tca Ser	gca Ala	cgc Arg	agt Ser	ggg Gly	agt Ser	gtg Val	aac Asn	4460
					1300					1305					
ctt Leu 1310	aaa Lys	aat Asn	gta Val	caa Gln	agt Ser	gat Asp	gaa Glu	caa Gln	gct Ala	aat Asn	ttg Leu	acc Thr	tta Leu	aga Arg	4505
					1315					1320					
gca Ala 1325	aaa Lys	gaa Glu	gat Asp	gtg Val	aat Asn	gtg Val	ctg Leu	tct Ser	ggg Gly	gaa Glu	aaa Lys	aca Thr	cga Arg	gaa Glu	4550
					1330					1335					
acc Thr 1340	aca Thr	gaa Glu	aca Thr	gta Val	tca Ser	aga Arg	cag Gln	aaa Lys	ctt Leu	tct Ser	cat His	ggg Gly	gtg Val	aac Asn	4595
					1345					1350					
gca Ala 1355	ggg Gly	tgc Cys	agt Ser	atg Met	atg Met	agt Ser	ggc Gly	gcc Ala	tgt Cys	act Thr	gcc Ala	ggg Gly	gtt Val	agc Ser	4640
					1360					1365					
aca Thr 1370	tca Ser	ctt Leu	gaa Glu	gga Gly	aat Asn	gaa Glu	agc Ser	tat Tyr	acg Thr	tca Ser	gaa Glu	cgt Arg	gaa Glu	acg Thr	4685
					1375					1380					
gct Ala 1385	caa Gln	aat Asn	aac Asn	agt Ser	ttc Phe	tta Leu	aaa Lys	gca Ala	cgc Arg	aac Asn	atg Met	aaa Lys	gtt Val	gaa Glu	4730
					1390					1395					
gca Ala 1400	ggg Gly	cgc Arg	gat Asp	ttt Phe	aat Asn	gtt Val	gtc Val	agt Ser	tgc Ser	aat Asn	att Ile	gat Asp	gca Ala	gat Asp	4775
					1405					1410					
aag Lys 1415	ctc Leu	gat Asp	ctc Leu	cac His	gtt Val	aaa Lys	gga Gly	aaa Lys	acg Thr	aat Asn	gtg Val	gta Val	tcc Ser	aaa Lys	4820
					1420					1425					
caa Gln 1430	gat Asp	acg Thr	tta Leu	caa Gln	aaa Lys	gtg Val	acg Thr	cat His	gga Gly	gtt Val	gac Asp	tat Tyr	aat Asn	ctt Leu	4865
					1435					1440					
tcc Ser 1445	gct Ala	ggc Gly	gtt Val	gca Ala	ctt Leu	tct Ser	agt Ser	gca Ala	aca Thr	att Ile	gct Ala	acc Thr	cca Pro	acc Thr	4910
					1450					1455					
ggg Gly 1460	aat Asn	gtt Val	ggg Gly	ttc Phe	ggg Gly	tat Tyr	acc Thr	aat Asn	gag Glu	acc Thr	gaa Glu	agc Ser	aag Lys	cgg Arg	4955
					1465					1470					
acg Thr 1475	gtt Val	aat Asn	caa Gln	caa Gln	gca Ala	ggg Gly	att Ile	aaa Lys	gcg Ala	aat Asn	aaa Lys	att Ile	aca Thr	ggg Gly	5000
					1480					1485					
caa Gln 1490	acg Thr	cat His	gac Asp	tta Leu	aat Asn	ctt Leu	gag Glu	ggg Gly	gga Gly	tat Tyr	ctt Leu	gtc Val	agc Ser	aac Asn	5045
					1495					1500					
gat Asp 1505	aag Lys	gat Asp	aat Asn	cag Gln	ctg Leu	aaa Lys	gtt Val	acc Thr	ggc Gly	gat Asp	gtc Val	aca Thr	act Thr	aaa Lys	5090
					1510					1515					

ES 2 535 961 T3

gcc Ala 1520	ctt Leu	cac His	gat Asp	caa Gln	cat His 1525	gat Asp	aaa Lys	gat Asp	ggt Gly	gga Gly 1530	aca Thr	ttt Phe	ggt Gly	tta Leu	5135
tct Ser 1535	gtg Val	ggt Gly	atc Ile	agt Ser	gaa Glu 1540	cgt Arg	ggt Gly	act Thr	acc Thr	gcc Ala 1545	ttt Phe	aat Asn	gta Val	cga Arg	5180
ggt Gly 1550	ggg Gly	cga Arg	gct Ala	gaa Glu	cag Gln 1555	aaa Lys	cac His	tat Tyr	aat Asn	gca Ala 1560	acg Thr	cag Gln	aaa Lys	tcc Ser	5225
act Thr 1565	ctt Leu	tct Ser	ggc Gly	gtg Val	gat Asp 1570	acc Thr	tct Ser	caa Gln	gcg Ala	aat Asn 1575	gta Val	tca Ser	ggt Gly	caa Gln	5270
gtg Val 1580	aat Asn	aca Thr	gat Asp	tta Leu	acc Thr 1585	aag Lys	gca Ala	aaa Lys	gct Ala	gtc Val 1590	aca Thr	cgt Arg	gat Asp	gat Asp	5315
act Thr 1595	tac Tyr	gca Ala	agt Ser	acg Thr	caa Gln 1600	ttt Phe	agt Ser	ttt Phe	gaa Glu	gtg Val 1605	gca Ala	gat Asp	att Ile	gtg Val	5360
gaa Glu 1610	tta Leu	gga Gly	cag Gln	aga Arg	gcg Ala 1615	aaa Lys	aac Asn	aag Lys	ctg Leu	tca Ser 1620	gca Ala	cca Pro	aac Asn	aat Asn	5405
gac Asp 1625	acc Thr	gat Asp	atg Met	gcg Ala	tca Ser 1630	ggc Gly	tcc Ser	aca Thr	tta Leu	cgc Arg 1635	tcg Ser	cgt Arg	tct Ser	act Thr	5450
aca Thr 1640	gaa Glu	gaa Glu	gca Ala	gat Asp	gta Val 1645	cca Pro	aca Thr	aca Thr	aga Arg	tcg Ser 1650	cgt Arg	gta Val	acg Thr	gat Asp	5495
gag Glu 1655	gcg Ala	gat Asp	tct Ser	gta Val	tcc Ser 1660	gtg Val	aaa Lys	aat Asn	ccg Pro	att Ile 1665	tat Tyr	gaa Glu	agt Ser	gca Ala	5540
gat Asp 1670	gct Ala	gtt Val	gta Val	cca Pro	aca Thr 1675	cca Pro	cgt Arg	agt Ser	aga Arg	aat Asn 1680	gtg Val	gac Asp	agt Ser	acc Thr	5585
gat Asp 1685	ctt Leu	gtg Val	gac Asp	aat Asn	cca Pro 1690	ctg Leu	tat Tyr	gct Ala	agt Ser	gcc Ala 1695	act Thr	aca Thr	aaa Lys	gca Ala	5630
aac Asn 1700	atc Ile	cat His	gat Asp	tat Tyr	gaa Glu 1705	gaa Glu	att Ile	cca Pro	gcc Ala	gtt Val 1710	tat Tyr	agc Ser	aaa Lys	gtc Val	5675
ggt Gly 1715	gat Asp	aac Asn	aat Asn	gct Ala	gat Asp 1720	ctt Leu	gtt Val	cgt Arg	cat His	aaa Lys 1725	acg Thr	gca Ala	act Thr	agt Ser	5720
gat Asp 1730	gag Glu	cat His	ctt Leu	tat Tyr	gca Ala 1735	gag Glu	att Ile	aat Asn	gaa Glu	cca Pro 1740	aca Thr	tat Tyr	agc Ser	cgt Arg	5765
gtt 1750	ggt 1755	gat 1760	aaa 1765	aat 1770	gca 1775	gat 1780	atg 1785	aga 1790	cgt 1795	cat 1800	aac 1805	gcg 1810	gca 1815	ggt 1820	5810

ES 2 535 961 T3

Val 1745	Gly Asp Lys Asn Ala 1750	Asp Met Arg Arg His 1755	Asn Ala Ala Gly	
aca 1760	aca gac tat gcc gat 1765	gtc gtg caa gca cat 1770	aca aga aag gca Thr Arg Lys Ala	5855
gat 1775	gat cca cta cca gca 1780	tta ccg aat cag ggt 1785	aaa gca aga acg Lys Ala Arg Thr	5900
gta 1790	aac gac ggt tca gag 1795	cat att tat act gat 1800	att agc gac gtg Ile Ser Asp Val	5945
ggc 1805	act caa act aaa gct 1810	att gat agt act tat 1815	gca aca gta ggc Ala Thr Val Gly	5990
atg 1820	ccg aaa gcg aat gcc 1825	gtt aac ttg ata ggg 1830	caa aat ggc tta Gln Asn Gly Leu	6035
ggc 1835	agc att tat cac agc 1840	cca gac agt gct tat 1845	aaa aca tgg caa Lys Thr Trp Gln	6080
ttg 1850	ctt gat caa ttt gcc 1855	aac aaa ggc gga gat 1860	gcg gtc ttc tta Ala Val Phe Leu	6125
cgc 1865	cct gca aca gaa atg 1870	aaa tgt gca ggt gca 1875	cct tta aaa tat Pro Leu Lys Tyr	6170
acc 1880	ttt atc gtg cgt gat 1885	tat ttg ctc aga cgc 1890	cat acc tta gat His Thr Leu Asp	6215
aaa 1895	tca aga tta ttt tat 1900	aac gca cat aat aaa 1905	acc tta ttt agc Thr Leu Phe Ser	6260
gtg 1910	cct atc gtt gat gca 1915	aaa gtc aaa atg ctg 1920	ttt gct gaa aaa Phe Ala Glu Lys	6305
aat 1925	atc caa gtc aat tac 1930	gat cgt agc ctt aca 1935	gcc att gat ctg Ala Ile Asp Leu	6350
agt 1940	aaa cgt att gcg acc 1945	ttt aat agc cca gaa 1950	gga gtt gta gaa Gly Val Val Glu	6395
gtc 1955	cct tat gat ttt att 1960	aat gtg gta cct cca 1965	atg cga gca cct Met Arg Ala Pro	6440
gat Asp	gcc gtt cgt caa tca Ala Val Arg Gln Ser	gca ctc gcg tgg caa Ala Leu Ala Trp Gln	gaa gga aaa tgg Glu Gly Lys Trp	6485

ES 2 535 961 T3

1970	1975	1980	
gct aac gat ggt tgg gtt Ala Asn Asp Gly Trp Val 1985	gaa gta gaa aaa cat Glu Val Glu Lys His 1990	acc ttg cgt cac Thr Leu Arg His 1995	6530
cgt cgt tat gcc aat gtg Arg Arg Tyr Ala Asn Val 2000	ttt gct gtg ggt gat Phe Ala Val Gly Asp 2005	gtg gca ggg gtc Val Ala Gly Val 2010	6575
cca aaa ggc aaa acg gct Pro Lys Gly Lys Thr Ala 2015	gcc agt gtc aaa tgg Ala Ser Val Lys Trp 2020	caa gtt cct gtt Gln Val Pro Val 2025	6620
gca gtg gca cat tta ctc Ala Val Ala His Leu Leu 2030	gca gaa tta gag ggc Ala Glu Leu Glu Gly 2035	aaa cct tgt gat Lys Pro Cys Asp 2040	6665
gaa att tac aac ggt tat Glu Ile Tyr Asn Gly Tyr 2045	aca tct tgt cca tta Thr Ser Cys Pro Leu 2050	att act caa tta Ile Thr Gln Leu 2055	6710
gga aag ggg atg cta gta Gly Lys Gly Met Leu Val 2060	gaa ttt gat tat aac Glu Phe Asp Tyr Asn 2065	aac cac tta aca Asn His Leu Thr 2070	6755
cct tct ttc ccc ggt gta Pro Ser Phe Pro Gly Val 2075	ata gcg cca tta gaa Ile Ala Pro Leu Glu 2080	gaa ctg tgg gca Glu Leu Trp Ala 2085	6800
aca tgg gca att aaa aca Thr Trp Ala Ile Lys Thr 2090	tta ggt tta aaa ccc Leu Gly Leu Lys Pro 2095	act tat tta ggt Thr Tyr Leu Gly 2100	6845
atg tta cgt gga tta gct Met Leu Arg Gly Leu Ala 2105	taaggagcgt tga 2110		6876

<210> 16

<211> 2110

<212> PROTEÍNA

5 <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

ES 2 535 961 T3

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	

ES 2 535 961 T3

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
 Ser Pro Ile Glu Asp Leu Asp Glu Glu Pro Arg Lys Asn Leu Asp Ile
 370 375 380
 Glu Glu Ser His Ser Asn Ser Ser Asp Asp Val Leu Ser Met Asn Asp
 385 390 395 400
 Asp Glu Ser Asp Thr Asp Asp Ser Lys Trp Ser Met Gly Asn Asp Glu
 405 410 415
 Lys Glu Met Pro Asp Asp Lys Leu Gly Ile Ser Arg Asp Asp Arg Gly
 420 425 430
 Asn Lys Pro Pro Arg Thr Asp Pro Thr Val Asp Tyr Leu Asn Pro Asp
 435 440 445
 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

ES 2 535 961 T3

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

ES 2 535 961 T3

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
 865 870 875 880

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
 945 950 955 960

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
 1010 1015 1020

Leu Phe Ala Ser Ala His Ala Ser Gly Gly Gly Thr Ser Val Arg
 1025 1030 1035

ES 2 535 961 T3

Tyr	Asp	Tyr	Asn	Ser	Gln	Asp	Gly	Gly	Asn	Ala	Ser	Val	Gly	Val
1040						1045					1050			
Pro	Thr	Asn	His	Thr	Gly	Val	Gly	Ala	Glu	Ala	Gly	Met	Ser	Phe
1055						1060					1065			
Thr	His	Thr	Lys	Asp	Lys	Glu	Thr	Leu	Leu	Thr	His	Thr	Asn	Ser
1070						1075					1080			
Glu	Leu	Gln	Val	Lys	His	Gly	Lys	Leu	His	Val	Leu	Gly	Tyr	Ala
1085						1090					1095			
Asp	Ile	Gly	Gly	Val	Asp	Ile	Asn	Thr	Lys	Leu	Pro	Glu	Asp	Ala
1100						1105					1110			
Gln	Ser	Lys	Ala	Gln	Lys	Glu	Ile	Ala	Ala	Ser	Lys	Pro	Glu	Lys
1115						1120					1125			
Thr	Glu	Gln	Ser	Ala	Gln	Asp	Val	Ala	Gln	Ala	Gln	Ser	Asn	Ala
1130						1135					1140			
Asn	Lys	Asp	Lys	Glu	Asn	Lys	Ala	Pro	Glu	Ile	Lys	Glu	Leu	Ser
1145						1150					1155			
Glu	Ala	Glu	Ile	Ala	Asp	Leu	Met	Ser	Glu	Lys	Ser	Lys	Ala	Tyr
1160						1165					1170			
Phe	Asp	Asp	Phe	Ala	Glu	Gln	Ala	Lys	Lys	Ala	Pro	Glu	Asn	Asn
1175						1180					1185			
Arg	Phe	Glu	Leu	Ser	Ala	Lys	Glu	Ile	Lys	Ser	Ser	Lys	Gln	Lys
1190						1195					1200			
Asp	Gln	Tyr	Asp	His	Glu	Ser	Glu	Arg	Thr	Thr	Phe	Lys	Val	Gly
1205						1210					1215			
Pro	Glu	Ala	Glu	Ala	His	Ser	Ala	Val	Ala	Asp	Met	Val	Ser	His
1220						1225					1230			
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
1250						1255					1260			

ES 2 535 961 T3

Thr Gly	Asp Leu Ala Gly	Ser	Ser Ala Lys Leu Ser	Val Glu Arg
1265		1270		1275
Thr His	Glu Thr Lys Arg Thr	Thr Glu Thr Gly	Asp	Ile Val Thr
1280		1285		1290
Lys Ile	Gly Gly Asn Val Thr	Leu Ser Ala Arg	Ser	Gly Ser Val
1295		1300		1305
Asn Leu	Lys Asn Val Gln Ser	Asp Glu Gln Ala	Asn	Leu Thr Leu
1310		1315		1320
Arg Ala	Lys Glu Asp Val Asn	Val Leu Ser Gly	Glu	Lys Thr Arg
1325		1330		1335
Glu Thr	Thr Glu Thr Val Ser	Arg Gln Lys Leu	Ser	His Gly Val
1340		1345		1350
Asn Ala	Gly Cys Ser Met Met	Ser Gly Ala Cys	Thr	Ala Gly Val
1355		1360		1365
Ser Thr	Ser Leu Glu Gly Asn	Glu Ser Tyr Thr	Ser	Glu Arg Glu
1370		1375		1380
Thr Ala	Gln Asn Asn Ser Phe	Leu Lys Ala Arg	Asn	Met Lys Val
1385		1390		1395
Glu Ala	Gly Arg Asp Phe Asn	Val Val Ser Ser	Asn	Ile Asp Ala
1400		1405		1410
Asp Lys	Leu Asp Leu His Val	Lys Gly Lys Thr	Asn	Val Val Ser
1415		1420		1425
Lys Gln	Asp Thr Leu Gln Lys	Val Thr His Gly	Val	Asp Tyr Asn
1430		1435		1440
Leu Ser	Ala Gly Val Ala Leu	Ser Ser Ala Thr	Ile	Ala Thr Pro
1445		1450		1455
Thr Gly	Asn Val Gly Phe Gly	Tyr Thr Asn Glu	Thr	Glu Ser Lys
1460		1465		1470
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

ES 2 535 961 T3

1490	1495	1500
Asn Asp 1505	Lys Asp Asn Gln Leu 1510	Lys Val Thr Gly Asp 1515
Lys Ala 1520	Leu His Asp Gln His 1525	Asp Lys Asp Gly Gly 1530
Leu Ser 1535	Val Gly Ile Ser Glu 1540	Arg Gly Thr Thr Ala 1545
Arg Gly 1550	Gly Arg Ala Glu Gln 1555	Lys His Tyr Asn Ala 1560
Ser Thr 1565	Leu Ser Gly Val Asp 1570	Thr Ser Gln Ala Asn 1575
Gln Val 1580	Asn Thr Asp Leu Thr 1585	Lys Ala Lys Ala Val 1590
Asp Thr 1595	Tyr Ala Ser Thr Gln 1600	Phe Ser Phe Glu Val 1605
Val Glu 1610	Leu Gly Gln Arg Ala 1615	Lys Asn Lys Leu Ser 1620
Asn Asp 1625	Thr Asp Met Ala Ser 1630	Gly Ser Thr Leu Arg 1635
Thr Thr 1640	Glu Glu Ala Asp Val 1645	Pro Thr Thr Arg Ser 1650
Asp Glu 1655	Ala Asp Ser Val Ser 1660	Val Lys Asn Pro Ile 1665
Ala Asp 1670	Ala Val Val Pro Thr 1675	Pro Arg Ser Arg Asn 1680
Thr Asp 1685	Leu Val Asp Asn Pro 1690	Leu Tyr Ala Ser Ala 1695
Ala Asn 1700	Ile His Asp Tyr Glu 1705	Glu Ile Pro Ala Val 1710
Val Gly 1715	Asp Asn Asn Ala Asp 1720	Leu Val Arg His Lys 1725

ES 2 535 961 T3

Ser	Asp	Glu	His	Leu	Tyr	Ala	Glu	Ile	Asn	Glu	Pro	Thr	Tyr	Ser
1730						1735					1740			
Arg	Val	Gly	Asp	Lys	Asn	Ala	Asp	Met	Arg	Arg	His	Asn	Ala	Ala
1745						1750					1755			
Gly	Thr	Thr	Asp	Tyr	Ala	Asp	Val	Val	Gln	Ala	His	Thr	Arg	Lys
1760						1765					1770			
Ala	Asp	Asp	Pro	Leu	Pro	Ala	Leu	Pro	Asn	Gln	Gly	Lys	Ala	Arg
1775						1780					1785			
Thr	Val	Asn	Asp	Gly	Ser	Glu	His	Ile	Tyr	Thr	Asp	Ile	Ser	Asp
1790						1795					1800			
Val	Gly	Thr	Gln	Thr	Lys	Ala	Ile	Asp	Ser	Thr	Tyr	Ala	Thr	Val
1805						1810					1815			
Gly	Met	Pro	Lys	Ala	Asn	Ala	Val	Asn	Leu	Ile	Gly	Gln	Asn	Gly
1820						1825					1830			
Leu	Gly	Ser	Ile	Tyr	His	Ser	Pro	Asp	Ser	Ala	Tyr	Lys	Thr	Trp
1835						1840					1845			
Gln	Leu	Leu	Asp	Gln	Phe	Ala	Asn	Lys	Gly	Gly	Asp	Ala	Val	Phe
1850						1855					1860			
Leu	Arg	Pro	Ala	Thr	Glu	Met	Lys	Cys	Ala	Gly	Ala	Pro	Leu	Lys
1865						1870					1875			
Tyr	Thr	Phe	Ile	Val	Arg	Asp	Tyr	Leu	Leu	Arg	Arg	His	Thr	Leu
1880						1885					1890			
Asp	Lys	Ser	Arg	Leu	Phe	Tyr	Asn	Ala	His	Asn	Lys	Thr	Leu	Phe
1895						1900					1905			
Ser	Val	Pro	Ile	Val	Asp	Ala	Lys	Val	Lys	Met	Leu	Phe	Ala	Glu
1910						1915					1920			
Lys	Asn	Ile	Gln	Val	Asn	Tyr	Asp	Arg	Ser	Leu	Thr	Ala	Ile	Asp
1925						1930					1935			
Leu	Ser	Lys	Arg	Ile	Ala	Thr	Phe	Asn	Ser	Pro	Glu	Gly	Val	Val
1940						1945					1950			

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
1970			1975			1980		
Trp Ala	Asn Asp	Gly Trp	Val	Glu Val	Glu Lys	His	Thr Leu	Arg
1985			1990			1995		
His Arg	Arg Tyr	Ala Asn	Val	Phe Ala	Val Gly	Asp	Val Ala	Gly
2000			2005			2010		
Val Pro	Lys Gly	Lys Thr	Ala	Ala Ser	Val Lys	Trp	Gln Val	Pro
2015			2020			2025		
Val Ala	Val Ala	His Leu	Leu	Ala Glu	Leu Glu	Gly	Lys Pro	Cys
2030			2035			2040		
Asp Glu	Ile Tyr	Asn Gly	Tyr	Thr Ser	Cys Pro	Leu	Ile Thr	Gln
2045			2050			2055		
Leu Gly	Lys Gly	Met Leu	Val	Glu Phe	Asp Tyr	Asn	Asn His	Leu
2060			2065			2070		
Thr Pro	Ser Phe	Pro Gly	Val	Ile Ala	Pro Leu	Glu	Glu Leu	Trp
2075			2080			2085		
Ala Thr	Trp Ala	Ile Lys	Thr	Leu Gly	Leu Lys	Pro	Thr Tyr	Leu
2090			2095			2100		
Gly Met	Leu Arg	Gly Leu	Ala					
2105			2110					

<210> 17

<211> 3247

<212> ADN

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<223> fhaB2

<220>

10 <221> CDS

<222> (1479)..(3245)

<400> 17

gtcgaccttg cgggtgaaaa ggtatctcta aattttggcg atatcattca tgcttaccaa

60

ES 2 535 961 T3

```

aaccagcccc tatcaacaaa agttgttttt caattagtga aagatttgac ggaagtttta 120
taccgtttctg gctacgtgac aagtgcattt ggtttaaaaa attcaaaaat cagcaatggc 180
gatcttgaat ttattgtact gtggggaaga actcgcgac tgtttgtaa tggggagaaa 240
ccaacccgtt ttagagataa aacaatgtta tcagtcctac ccaatttaat cggaaatcgc 300
ttaagtattc acgacattga ccagttgac gaaatcttaa atactacgaa taaaaaagcc 360
acagtgaatg tgggtgcaag tgaagaaaaa ggcagctcaa atctaaatat tgaagacaa 420
tatgatgttt ttccgcaagt gagtgctgga ttcaataatt caggtgctgg caataatgcc 480
aatgggcgta atcaagctac attgaatatt gcttgagtg atctattagg cacgaatgat 540
cgttgaggtt tctcgagtag ttaccgttta tataaaaaatc 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 ttgattggg 840
aaatatcaca ataataaagt gagcgtaggg ttatcttaca tgactaattt tgcttacggg 900
aagctttaca gcgacattgc ttacgcgaat gggttgagat ggtttggggc gaattattca 960
gcatatgatg caaatcgtga aaaaacctta aaattattgt caggaagtat taattggcag 1020
cgtccaatat ccctgtttga acgtgcgatg aattatcaat tacgtattgg tgcccaatat 1080
ggttttgata gtttgtattc tgaaaatcaa ttttcaattg gtgatgaata tacagtaaga 1140
ggattttaaag gtggtgcggg ttctggtgat agtggtgcgt atttatcaca aacactgacg 1200
gttccttttt atccacaaaa agcatattta tctcaggtat ccccttttat tggatttgat 1260
atgggtaaag tacatattaa atcaaagcat aaaacaacca ctttagtcgg ttttgccta 1320
ggcttgaaaa cgcaaataaa gttattttca ttatcattaa cctatgcaca accaatgaat 1380
gggtgtgagt gtgttacgca acatcgtcaa aaaccgattt attatttctc aggatcactt 1440
tctttttaat ctcttttaag ttttaaggatt 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

```

ES 2 535 961 T3

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 tgg aaa 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 ggt 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
cgt ttt gaa aaa ttt aat att cca aat agc gcg 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 gcg 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 gcg 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
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

ES 2 535 961 T3

gat aat tca gaa gca aaa aca gat gtc act ctt att gcg ggt tcc agt Asp Asn Ser Glu Ala Lys Thr Asp Val Thr Leu Ile Ala Gly Ser Ser 295 300 305 310	2408
gaa tat gat tta agc aaa cat gag ctg aaa aaa acg agc ggt gaa aat Glu Tyr Asp Leu Ser Lys His Glu Leu Lys Lys Thr Ser Gly Glu Asn 315 320 325	2456
gta tct aat gat gtt att gct atc acg gga tct agt aca ggc gca atg Val Ser Asn Asp Val Ile Ala Ile Thr Gly Ser Ser Thr Gly Ala Met 330 335 340	2504
cat ggt aaa aat att aag ttg att gtg aca gat aaa ggt gca ggc gta His Gly Lys Asn Ile Lys Leu Ile Val Thr Asp Lys Gly Ala Gly Val 345 350 355	2552
aaa cat gat gga att att ttg tct gaa aat gat att cag att gaa atg Lys His Asp Gly Ile Ile Leu Ser Glu Asn Asp Ile Gln Ile Glu Met 360 365 370	2600
aat gaa ggt gac tta gaa ctt ggc aat acg att cag caa aca gtg gta Asn Glu Gly Asp Leu Glu Leu Gly Asn Thr Ile Gln Gln Thr Val Val 375 380 385 390	2648
aaa aaa gac cga aat att cga gcc aag aaa aaa att gaa gtg aaa aac Lys Lys Asp Arg Asn Ile Arg Ala Lys Lys Lys Ile Glu Val Lys Asn 395 400 405	2696
gct aat cgt gtt ttt gtt ggt agt caa acg aaa tca gat gaa att tcg Ala Asn Arg Val Phe Val Gly Ser Gln Thr Lys Ser Asp Glu Ile Ser 410 415 420	2744
tta gag gcg aaa caa gtt aaa atc aga aaa aac gca gag att agg agt Leu Glu Ala Lys Gln Val Lys Ile Arg Lys Asn Ala Glu Ile Arg Ser 425 430 435	2792
acg aca caa gcc aaa atc gta gca aag ggt gcc ctg tct att gag caa Thr Thr Gln Ala Lys Ile Val Ala Lys Gly Ala Leu Ser Ile Glu Gln 440 445 450	2840
aat gcg aag ctc gtc gct aaa aag ata gat gtg gca aca gaa act cta Asn Ala Lys Leu Val Ala Lys Lys Ile Asp Val Ala Thr Glu Thr Leu 455 460 465 470	2888
act aat gct ggg cgt att tat ggt cga gag gtt aag ctt gac act aat Thr Asn Ala Gly Arg Ile Tyr Gly Arg Glu Val Lys Leu Asp Thr Asn 475 480 485	2936
aat ttg att aat gat aaa gaa att tat gct gaa cgg aaa ttg agt att Asn Leu Ile Asn Asp Lys Glu Ile Tyr Ala Glu Arg Lys Leu Ser Ile 490 495 500	2984
ttg acg aaa gga aaa gat ctt gaa att att caa gat aga tat ttg tct Leu Thr Lys Gly Lys Asp Leu Glu Ile Ile Gln Asp Arg Tyr Leu Ser 505 510 515	3032
cca ctg atg cgc gta aaa agt agt gtc cgc ttt tta ggc tct ccg ttt Pro Leu Met Arg Val Lys Ser Ser Val Arg Phe Leu Gly Ser Pro Phe 520 525 530	3080

ES 2 535 961 T3

```

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 ggt 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> PROTEÍNA

5 <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

```

ES 2 535 961 T3

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
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
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

ES 2 535 961 T3

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> ADN

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<223> fhaC

<220>

10 <221> CDS

<222> (1)..(1446)

<400> 19

ES 2 535 961 T3

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

ES 2 535 961 T3

Glu 225	Lys	Glu	Leu	Arg	Gly 230	Ile	Asn	Thr	His	Ser 235	Ser	His	Gly	Lys	Thr 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	atg	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	

ES 2 535 961 T3

465	470	475	480	
tct ttt taatctcttt taagtttaag gattaactta atatgaacaa aaatcgttac				1496
Ser Phe				
aaactcattt ttagtcaagt caaaggttgt ctcgttcctg tggcagaatg tattaactca				1556
gctattagca atgggttcac tgattcaaca tccacatcag aacaagttga agaggaacct				1616
ttccttctag aacaatattc actttcctcc gtgtctttat tagtaaaaag cacgttcaat				1676
cctgtttcgt atgcaatgca attgacttgg aaacagcttt ctattttatt ttttaactgtg				1736
atctctgttc ctgttttggc tgagggaaaa ggggatgaaa gaaatcaatt aacagtgatt				1796
gataatagcg atcatattaa attagatgca tctaactcttg ctggtaatga taaaacaaaa				1856
atctatcaag cagaaaataa agttctggtt attgatattg ctaaaccaaa tgggaaaggg				1916
atctcagata accgttttga aaaatttaat attccaaata gcgcggtgtt taataataat				1976
gggactgaag cgcaggcaag atcaacatta attggttaca ttccgcaaaa tcaaaattta				2036
aggggagggg aagaagctga tgttatatta aatcaagtga caggctcctca agaaagtaaa				2096
attggtggcg cgcttgaagt attaggtaaa aaagctgata tcgtcattgc aaaccaaaat				2156
gggtattacct taaatgggtg aagaacaata aattcagatc gttttgttgc cactacgagt				2216
gagcttatag atccgaatca gatgatgtta aagggttaca aaggaaatgt gatcattgat				2276
attgatgggt tttcgacaga tggattaaag tatttagata ttattgctaa aaaaattgaa				2336
caaaagcaat caattacatc aggggataat tcagaagcaa aaacagatgt cactcttatt				2396
gcgggttcca gtgaatatga ttttaagcaaa catgagctga aaaaaacgag cggtgaaaat				2456
gtatctaata atgttattgc tatcacggga tctagtacag gcgcaatgca tggtaaaaat				2516
attaagttga ttgtgacaga taaaggtgca ggcgtaaaac atgatggaat tattttgtct				2576
gaaaatgata ttcagattga aatgaatgaa ggtgacttag aacttggcaa tacgattcag				2636
caaacagtggt taaaaaaaga ccgaaatatt cgagccaaga aaaaaattga agtgaaaaac				2696
gctaatacgtg tttttgttgg tagtcaaacg aaatcagatg aaatttcgtt agaggcgaaa				2756
caagttaaaa tcagaaaaaa cgcagagatt aggagtagca cacaagccaa aatcgtagca				2816
aagggtgccc tgtctattga gcaaaatgcg aagctcgtcg ctaaaaagat agatgtggca				2876
acagaaactc taactaatgc tgggcgtatt tatggctcag aggttaagct tgacactaat				2936
aatttgatta atgataaaga aatttatgct gaacggaaat tgagtatttt gacgaaagga				2996
aaagatcttg aaattattca agatagatat ttgtctccac tgatgcgcgt aaaaagtagt				3056
gtccgctttt taggctctcc gtttttctca atatctccgt cgatgctcgc aagccttagt				3116
gcacagttta agcctgggtt tgtgaataag ggactcattg aaagtgcggg gagtgcagaa				3176
tttaactttta aagaaaaaac cagtttttta acagagggca ataattttat tagagctaaa				3236
gatgcgttaa c				3247

ES 2 535 961 T3

<210> 20
 <211> 482
 <212> PROTEÍNA
 <213> Pasteurella Multocida

5 <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
  
```


ES 2 535 961 T3

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

ES 2 535 961 T3

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> ADN

5 <213> Pasteurella multocida

<220>

<221> misc_feature

<223> greA

<220>

10 <221> CDS

<222> (639)..(1022)

<400>21

```

gtcaacaaac ggcaaccact tcggcaaaaa gcgattgcgc ttgtgttctg ctetaagctc      60
aagcgttggg atcgcgcgaa ttgcgttgac cactggtgag atcgggggtca cctgtaaaac      120
gtacgataag atcgccatgc atttcattgt tttttatattt tccattgggtt aatagactgg      180
tttcaaattg aaattgggtca cttagtagca gtttggcggt taaggcggtg agcacttttt      240
gtgtactggc gggtaacata aaggtactgg cttggtgcgc tacaattttt tcattacgat      300
ttaagttttt agccacaaaa cctaggctgg tcccttcggg taaatgagcg ttgatttcag      360
caagatcaat ctacgcataa ctgaaatgac tgacgagtaa actacatata agtatcgttc      420
gtttgaaaag gcgtaaaagc gtggcagtaa aaaaagaaga tattttatac ataattggct      480
cgagcagttg ctattttttt attgtcgaac aataatagta tttgaaccct cgagagtaaa      540
tcctttttctc gttaaactct ttttttttta ttcaactacg gcattgtttt tacaatgttg      600
tggtttttggt 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

```

ES 2 535 961 T3

```

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> PROTEÍNA

5 <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

```

ES 2 535 961 T3

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> ADN

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<223> guaB

<220>

10 <221> CDS

<222> (980)..(2440)

<400> 23

```

aacacatgaa cctcttcccc aaaatacgca tccatatctc gccaatcttg gcgaaatgct      60
tcatacaattc ctgcttggtc aaaatgttgt aaacgtgcaa tcaacttttt acctaattct      120
gcgatcaattt tattccgata aatcggttgtt aatacttcaa tcagctctgc ccaagggtga      180
tcaatttgct gtgtttgttt tgggaaagac aaattaatgc caaagccaat cactgagatta      240
tgttgattat tctgacgatt ggcgatttcg accaaaatcc ctgctaattt gcgcccattg      300
aatagcacat catttggtcca ttttaaatcca atgttcaaag cacctgcttg ctttagcggt      360
tctgcgattg ccatacccaac tactaaactc aagccttcta aattgacctt ttggtcacat      420
gccaataaca aactcataat cacttggtcca gcaaaaggag aaagccattg acgaccacgt      480
cgtccacgtc ccgcagtttg atattctgct aagcaaatac cgcctttttc caaatgtgca      540
atattgtcaa gcaagaattg attggctcgag ttaataatcg gcttaataata aagtgggtaa      600
ggtgctaacg cttgcgtcaa ataagattca ttttaagcgac ttaattgagg tatgagacga      660
aaatgttgga cttgctgttc tatttgtatc ccttggttgtt tcaatttttc gatatttgtt      720
aagatatctt gttctgaata acctaaaagt gcagtcaatt ctgctaaaga aagttgttga      780
tagctagcga gtaatgcaag tacgttttgc ataaaaatcc ttatttatat aaccaagag      840
aggcaactta ttatagacaa tgattttctc gaaaatcgat aaaaaaatcc attttcaaac      900
agcaacgaaa tctgtataat gcgaccgcaa ttttttttac ccttttattt 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

```

ES 2 535 961 T3

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	
ggg 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 ggt 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 ggt atc att act ggt 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 ggt 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 ggt cgt tta cgt	1636
Ser Glu Gln Lys Pro Gln Ala Cys Lys Asp Glu Phe Gly Arg Leu Arg	
205 210 215	
gtc ggt gct gca gta gga gca gga cct ggt 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 ggt gtg tta caa cgt gtg cgt gaa act cgt gcg aaa	1780

ES 2 535 961 T3

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 ggt 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 ggt 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 ggt atc cgt ttc tct ggt 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 ggt tcc atg	2068
Ser Lys Ala Ile Ala Ala Gly Ala Ser Cys Val Met Val Gly Ser Met	
350 355 360	
ttt gca ggt aca gaa gaa gca cca ggt gaa atc gaa ctt tat caa ggt	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 tcg 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 cctaagttta ttttaaataa caacgttaat agagaagctt	2510

atttttatgt atggcattaa aattaaaaat gttattaaac tttttctatt aaagttttta	2570
agaaaataaat atcgatataa aatcaatatt caacatcatc tcattagtat tgaaggaaaa	2630
tgcggtgagt ttgatttaag ccagctaaac tatgtttatt tggtgaaaga tcctgagata	2690
agaaaataatc gactgacact gtacttgaat gattttttca aaattggggt aaattatcat	2750
ggatttactc aaatgtatca gacactatca tccaagtatg gttttgatga cgcaacgttt	2810
tttgaatatc tttgtaagaa agggcctttt tctattcaaa tttggcgtaa aaaacaaact	2870
caaaattatg tgattcttga tgaagcctat actgactata cacaaggttt tgaaattcaa	2930
tctcctgaaa aaatatttat tccttggggg actacttatg aagccttatt tcagcagaca	2990
caattttaaag aaaaaggaat ctcttatgac tttatcttcc ctattcggat agggcgttta	3050
ttactcaagg atgtgtggat cacaccaagt gtccgaaaag atgtaccgat tttagcgtta	3110
tacactgagt gctatcatga atccgcgaca gaaaaaagtt atcaggaatt aaccgcccga	3170
ttacgtgaga 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 tttagtgatt	3410
gaggcgcaaa atttaataaa aatggattat accgataatt ccattattaa aocgcgacca	3470
ccaaaaataa aagaaaagtt tcgtgatgca caaagcctga tttggacaga tgatctcaat	3530
cataaaatcg gttttaccag tgatgaccgc gctatcgtct ttgataaagc ggacattgaa	3590
tcctttactc tggcaaatat agagacaacc cgaagacata atcgcagttc actcagcatc	3650
tgttttgtgg ataaaaataa ggaagccatc actgtatttc tagctgaaca tcattttctg	3710
ataccctatg tggataaaat aaaaacactg acacaaaaag aggtgttgtt tcttgaagaa	3770
tatatagagg atgtttaaaa aaccgataac atcttgatgt catcgcaaat tcaaactcct	3830
tttacacaat atattttaaac ttttaaccga ttttaataatt acgtaaaaac aactaagaga	3890
acttaaataa acaacattca caaccataaa atttttaattt tggacttcgg ttcacaatat	3950
accagttga ttgcccgcgg tgtacgtgaa attggcgtgt actgcgaact ttgggcatgg	4010
gatgtatccg aagccgatat tcgtgagttt aatccaactg ggattattct ttctgggtgt	4070
cctgaaagta ccaactgaaga aaacagccca cgagctcccg aatacgtatt caacgccggt	4130
gtaccggtat tagggatctg ttatgggatg caaaccatgg cgatgcaact aggtggttta	4190
actgaaactt ctactcaccg agaatttggt tatgcattcag tgaattctaa agccgcggac	4250
gcgttatttg ctcaattaaa tgatgatgtc gcaagttcac agcccaaatt agacgtttgg	4310
atgagccatg gcgataaagt gacgcgtttg ccagatcatt tccaagtcac cgcaatgacc	4370

ES 2 535 961 T3

tcaacctgtc caatcgcagc tatgtcggat gaacgtcgtc gtttttatgg tgtccaattc 4430
 caccagaag tgactcatac aaaaagcggg cttgaattat taacgaattt tgtgggtgaag 4490
 atctgtggtt gtgaacgtaa ctggacacca gaaaatatca ttgaagatgc cgttgctcgt 4550
 cttaaagcac aagtgggcca tgatgaagtg attttaggct tatctggtgg cgttaactgc 4610
 cgtataggca gcttagaaaa agtgtccgcg ctcacgttaa tccccgtaag cgttga 4666

<210> 24

<211> 487

<212> PROTEÍNA

5 <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

ES 2 535 961 T3

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	320
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	400
Arg	Tyr	Phe	Gln	Ser	Asp	Asn	Ala	Ala	Asp	Lys	Leu	Val	Pro	Glu	Gly	405	410	415	

ES 2 535 961 T3

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
465 470 475 480

Ala Pro Asn Tyr Arg Met Gly
485

<210> 25

<211> 2364

<212> ADN

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<223> Hi1501

<220>

10 <221> CDS

<222> (191)..(1828)

<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

ES 2 535 961 T3

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

ES 2 535 961 T3

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

ES 2 535 961 T3

```

catgatagtg ccatcgcaag agctacaaca atcgcgagat tatctagtct tgagatgacg 1988
aatgatattt ataaatcaat ggaagttgcc aaaaaagagg gtaagagctt tacacaatgg 2048
aaaaaagact tggtaagtga gtttgagaaa aaaggctggg tattcgggca tgataaatct 2108
atcagtcgcg gtatcgacgg aaaactgttg gctgatccga aaacaggcga atattttggt 2168
acaccgcgtc ggctgaatac aatttatcgt acaaacgtgc aagccgcata ttctgcggcg 2228
cgctatcagc gcatgatgga taatattgat catcgccctt attggcaata ttccgctgtc 2288
agcgatgagc gtacacgacc ctctcatctt gcactaaacg gtcgaattta tcgctatgat 2348
gacccgtttt ggtcga 2364

```

<210> 26

<211> 546

<212> PROTEÍNA

5 <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

```

ES 2 535 961 T3

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

ES 2 535 961 T3

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> ADN
 <213> Pasteurella Multocida

5

<220>
 <221> misc_feature
 <223> hmbR

<220>
 <221> CDS
 <222> (2)..(1351)

10

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (375)..(375)
 <223> n es a, c, g, o t

15

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (399)..(399)
 <223> n es a, c, g, o t

20

<220>
 <221> misc_feature

<222> (423)..(423)
<223> n e s a, c, g, o t

<220>

5 <221> misc_feature

<222> (453)..(453)

<223> n e s a, c, g, o t

<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	

ES 2 535 961 T3

gac gac att aag att ggc gaa ttg cta cat ctc gga ttg ggc ggt cgg Asp Asp Ile Lys Ile Gly Glu Leu Leu His Leu Gly Leu Gly Gly Arg 180 185 190	577
tgg gat cac tat aac tat aag cca tta tta aat tct cag cat aat atc Trp Asp His Tyr Asn Tyr Lys Pro Leu Leu Asn Ser Gln His Asn Ile 195 200 205	625
aac agg aca cag aga tta cct tat cca aaa aca tca tcc aaa ttt tcg Asn Arg Thr Gln Arg Leu Pro Tyr Pro Lys Thr Ser Ser Lys Phe Ser 210 215 220	673
tat caa ttg agt tta gag tat caa tta cat cca tca cat caa att gca Tyr Gln Leu Ser Leu Glu Tyr Gln Leu His Pro Ser His Gln Ile Ala 225 230 235 240	721
tac cgt tta agt acc ggt ttt agg gtt ccc cgt gtt gaa gat ctt tat Tyr Arg Leu Ser Thr Gly Phe Arg Val Pro Arg Val Glu Asp Leu Tyr 245 250 255	769
ttt gaa gac cga gga aaa agt tct tca caa ttt ctt cct aac ccc gat Phe Glu Asp Arg Gly Lys Ser Ser Ser Gln Phe Leu Pro Asn Pro Asp 260 265 270	817
cta caa ccg gaa act gca ctg aat cat gaa ata agt tac cgt ttc caa Leu Gln Pro Glu Thr Ala Leu Asn His Glu Ile Ser Tyr Arg Phe Gln 275 280 285	865
aat caa tat gcc cat ttc agc gtc ggg ctt ttc cgt aca cgt tat cat Asn Gln Tyr Ala His Phe Ser Val Gly Leu Phe Arg Thr Arg Tyr His 290 295 300	913
aac ttt att caa gaa cgt gag atg acc tgt gat aaa att cca tat gag Asn Phe Ile Gln Glu Arg Glu Met Thr Cys Asp Lys Ile Pro Tyr Glu 305 310 315 320	961
tat aat agg act tat gga tat tgc acg cat aat act tat gta atg ttt Tyr Asn Arg Thr Tyr Gly Tyr Cys Thr His Asn Thr Tyr Val Met Phe 325 330 335	1009
gtt aat gaa cct gaa gcc gtg att aaa ggg gtt gaa gta agc ggt gct Val Asn Glu Pro Glu Ala Val Ile Lys Gly Val Glu Val Ser Gly Ala 340 345 350	1057
tta aat ggg tcg gca ttc gga ctt tcc gac ggt tta act ttc cgt ctc Leu Asn Gly Ser Ala Phe Gly Leu Ser Asp Gly Leu Thr Phe Arg Leu 355 360 365	1105
aaa ggg agc tac agc aaa ggt caa aat cat gac ggc gat ccg tta aaa Lys Gly Ser Tyr Ser Lys Gly Gln Asn His Asp Gly Asp Pro Leu Lys 370 375 380	1153
tct att caa cca tgg aca gtg gta acc ggt att gat tac gaa act gaa Ser Ile Gln Pro Trp Thr Val Val Thr Gly Ile Asp Tyr Glu Thr Glu 385 390 395 400	1201
ggg tgg agc gtg agt ttg agc ggg cgt tat agt gcg gct aaa aaa gcc Gly Trp Ser Val Ser Leu Ser Gly Arg Tyr Ser Ala Ala Lys Lys Ala 405 410 415	1249
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
Gln Val
      450

```

<210> 28

<211> 450

<212> PROTEÍNA

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<222> (125)..(125)

<223> El 'Xaa' en la localización 125 representa Tyr, Cys, Ser, o Phe.

10 <220>

<221> misc_feature

<222> (133)..(133)

<223> El 'Xaa' en la localización 133 representa Lys, Arg, Thr, o Met.

<220>

15 <221> misc_feature

<222> (141)..(141)

<223> El 'Xaa' en la localización 141 representa His, Arg, Pro, o Leu.

<220>

<221> misc_feature

20 <222> (151)..(151)

<223> El 'Xaa' en la localización 151 representa Lys, Arg, Thr, o Ile.

<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

```

ES 2 535 961 T3

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
 305 310 315 320
 Tyr Asn Arg Thr Tyr Gly Tyr Cys Thr His Asn Thr Tyr Val Met Phe
 325 330 335

ES 2 535 961 T3

Val Asn Glu Pro Glu Ala Val Ile Lys Gly Val Glu Val Ser Gly Ala
340 345 350

Leu Asn Gly Ser Ala Phe Gly Leu Ser Asp Gly Leu Thr Phe Arg Leu
355 360 365

Lys Gly Ser Tyr Ser Lys Gly Gln Asn His Asp Gly Asp Pro Leu Lys
370 375 380

Ser Ile Gln Pro Trp Thr Val Val Thr Gly Ile Asp Tyr Glu Thr Glu
385 390 395 400

Gly Trp Ser Val Ser Leu Ser Gly Arg Tyr Ser Ala Ala Lys Lys Ala
405 410 415

Lys Asp Ala Ile Glu Thr Glu Tyr Thr His Asp Lys Lys Val Val Lys
420 425 430

Gln Trp Pro His Leu Ser Pro Ser Tyr Phe Val Val Asp Phe Thr Gly
435 440 445

Gln Val
450

<210> 29

<211> 4936

<212> ADN

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<223> hxC

<220>

10 <221> CDS

<222> (1078)..(2769)

<400> 29

```
gtcaacaaca aagcgcacag gcattacttc atgccacaca catcatacag aaagtacgta      60
ccgattttaac gcaaattaat gccgtcaaca ttcattctttt cctatcataa agcggtttcat    120
catggctagc attctagcaa aaattagttg aggaaaatag cggctctgtt ttgcttaaaa      180
aacaaccacac cccgtagggc acggctgttt ctttttgaga aattacgctt cttcatcttg      240
atctttttttc aagatctcat cttcattgag ttttaaaaga cgggcaatcg cattgcggta      300
ggagatttca aggctttctc gactagtagc aatgacacct tgatcgatta agaaaccgtc      360
attgacatca taaacccaac catgtaatga gagttttttc ccatttttcc acgcgggattt      420
```

aatgattgac gagcgaccta agttataaac ttgctctgcg acgttaattt tcgtcagcat	480
atcagcccggt ttttcaggcg gtaaattgcc aagtaaataga ctatgcttat accaaatatac	540
gcgtaagtgg agtaaccagt tattaattaa acctaaatct tgatccgccca ttgcggcttt	600
aattccacca cagtttgat gtccacaaat aataatgtgt tcaatattta agacctcaac	660
ggcatattgc acaacagata aacagtttaa atcgggtgtga atgacttgat ttgcaacatt	720
acgatgcaca aacagctcac ccggtcctaa atttggttaat ttttctgcag gaacacggct	780
atccgagcaa ccaatccaaa gatagctcgg ggtttgatga tcagccaatt ctttaaagta	840
agaggagttt tcctctttca tccgtaacgc ccagctataa ttattggcaa aaagttgttc	900
aatttttttc attagagtga ttctataacc gcaaaaataa gggggctagt atagcttaga	960
aatagacagt gggtaaagaa aggcaaaaaa ttgtatagga taacttggtt tttattgccca	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 75 80	
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	

ES 2 535 961 T3

145	150	155	160	
ttg aaa gaa aat cag aaa ata ggt gga tta ttt aaa tat gga aat aat Leu Lys Glu Asn Gln Lys Ile Gly Gly Leu Phe Lys Tyr Gly Asn Asn 165 170 175				1605
agc aat aat aac caa aaa act tat agt aca gcc cta gtt tta cag aat Ser Asn Asn Asn Gln Lys Thr Tyr Ser Thr Ala Leu Val Leu Gln Asn 180 185 190				1653
gaa caa aaa aat att gat ttg tta tta ttt ggt tct gta aga aat gca Glu Gln Lys Asn Ile Asp Leu Leu Leu Phe Gly Ser Val Arg Asn Ala 195 200 205				1701
agc aat tat aca aga cct gat aaa agt aaa att ctt ttt tca aaa aac Ser Asn Tyr Thr Arg Pro Asp Lys Ser Lys Ile Leu Phe Ser Lys Asn 210 215 220				1749
aat caa aaa agt gga tta ata aaa gta aat tgg caa att act cct gaa Asn Gln Lys Ser Gly Leu Ile Lys Val Asn Trp Gln Ile Thr Pro Glu 225 230 235 240				1797
cat tta tta act tta tcc agt gtt tat ggc att cat aaa ggg tgg gaa His Leu Leu Thr Leu Ser Ser Val Tyr Gly Ile His Lys Gly Trp Glu 245 250 255				1845
cct tgg gca gca aaa aga gat gtg atg tcg aga cca aca gaa aca gaa Pro Trp Ala Ala Lys Arg Asp Val Met Ser Arg Pro Thr Glu Thr Glu 260 265 270				1893
ata aaa cac tat ggg att gat gtt gcg tgg aaa cgt aaa ctt gtt tat Ile Lys His Tyr Gly Ile Asp Val Ala Trp Lys Arg Lys Leu Val Tyr 275 280 285				1941
cga gat caa aaa gat gaa agt tat tca ttg aaa tat cgc tat tta cct Arg Asp Gln Lys Asp Glu Ser Tyr Ser Leu Lys Tyr Arg Tyr Leu Pro 290 295 300				1989
gaa aat aat aag tgg att aat ttg tct gtt cag ctg agt tat agt aaa Glu Asn Asn Lys Trp Ile Asn Leu Ser Val Gln Leu Ser Tyr Ser Lys 305 310 315 320				2037
aca gag cag aat gat act cgc cat gag aaa gtc act tct tca ttc cta Thr Glu Gln Asn Asp Thr Arg His Glu Lys Val Thr Ser Ser Phe Leu 325 330 335				2085
ggt aca tta gga aat aaa agt tgg ata act tat tca gat ctt act ttt Gly Thr Leu Gly Asn Lys Ser Trp Ile Thr Tyr Ser Asp Leu Thr Phe 340 345 350				2133
gat ata agt aac aca agt act cta aat att ggg cgt gct gag cat gaa Asp Ile Ser Asn Thr Ser Thr Leu Asn Ile Gly Arg Ala Glu His Glu 355 360 365				2181
cta cta ttt ggt tta cag tgg tta aaa aat aaa aga aat acc ctt atg Leu Leu Phe Gly Leu Gln Trp Leu Lys Asn Lys Arg Asn Thr Leu Met 370 375 380				2229
tat cat aaa ggg gga gtc aag aag gca gac tat aat tat ggc tat ttt Tyr His Lys Gly Gly Val Lys Lys Ala Asp Tyr Asn Tyr Gly Tyr Phe 385 390 395 400				2277

ES 2 535 961 T3

cag cct tat tat atg cct tct gga cgc cag tat aca caa gca ttt tat Gln Pro Tyr Tyr Met Pro Ser Gly Arg Gln Tyr Thr Gln Ala Phe Tyr 405 410 415	2325
tta caa gat caa ata aaa tgg cag aat ttc ctc ttt aca gga ggg ata Leu Gln Asp Gln Ile Lys Trp Gln Asn Phe Leu Phe Thr Gly Gly Ile 420 425 430	2373
aga tat gac cat atc aat aat ata ggg cag aaa aat tta gcg cca cga Arg Tyr Asp His Ile Asn Asn Ile Gly Gln Lys Asn Leu Ala Pro Arg 435 440 445	2421
tat aat gat atc tct gca gga cat gat tat agc cag aaa aat tat aat Tyr Asn Asp Ile Ser Ala Gly His Asp Tyr Ser Gln Lys Asn Tyr Asn 450 455 460	2469
ggg tgg tct tat tat tta ggt ctt aag tat gat gta aat cat tat tta Gly Trp Ser Tyr Tyr Leu Gly Leu Lys Tyr Asp Val Asn His Tyr Leu 465 470 475 480	2517
agt tta ttt acg aat ttt agt aaa act tgg cga gcc cct gtt att gat Ser Leu Phe Thr Asn Phe Ser Lys Thr Trp Arg Ala Pro Val Ile Asp 485 490 495	2565
gaa cag tat gag aca caa tat agt caa gct tct gta tct gcg act tct Glu Gln Tyr Glu Thr Gln Tyr Ser Gln Ala Ser Val Ser Ala Thr Ser 500 505 510	2613
tta aat tta gaa aaa gaa atg att aat caa acc aga gtg ggt gga att Leu Asn Leu Glu Lys Glu Met Ile Asn Gln Thr Arg Val Gly Gly Ile 515 520 525	2661
att act ctc aat cat cta ttt cag gaa aat gat gct ttt caa ttt aga Ile Thr Leu Asn His Leu Phe Gln Glu Asn Asp Ala Phe Gln Phe Arg 530 535 540	2709
act act tat ttt tac aat cgc ggc aag aat gaa atc ttc aaa acg aga Thr Thr Tyr Phe Tyr Asn Arg Gly Lys Asn Glu Ile Phe Lys Thr Arg 545 550 555 560	2757
ggg gtt aac cgt tagagttggt tgaaatgact gaaaaattag acctatacgt Gly Val Asn Arg	2809
tactgttaaa ggtggcggta tttctggtca agcgggtgca atccgtcacg gtatcactcg	2869
tgcatthaatc gaatatgatg agagtttacg ctctgtatta cgcgcagctg gtttcggttac	2929
tcgcgatgca cgtcaagttg aacgtaaaaa agtgggttta cgcaaagcgc gtcgtcgtcc	2989
acaattctca aaacgttaaat tttcttttta cgttttatat tcagattgca agcccaaaag	3049
gcttgcaatt tttttatctc aataaaattt acgataatct ttggaaatca gtgggcgatt	3109
tgtggtagaa taaacgccca ttttttatat aaaatcatgc cagaatcagg caaagtttaa	3169
taaattttaa ttcatttttag agctgtcgga ggaatagatg acaagcgctg caaataaacg	3229
ttcaataatg acactttttt cagataaaac agatatttat tgccaccaag taaggattgt	3289

ES 2 535 961 T3

```

tttggctgaa aaggggtgttg cttatgaaac ggaagttgta gatcctcaag tcgtatcaga 3349
agattttaatg gaattaaatc cgtatggcac gttgccgaca ttagttgatc gtgatttagt 3409
gttattttaat tcacgtatta ttatggaata tcttgatgag cgtttccctc atccaccttt 3469
gatgcctggt tatccagtgg cacgtgggaa aagccgttta ttaatgttac gtattgagca 3529
agattggtac ccagtattag caaaagctga aaaaggcacg gacgcagaac gtgctgtcgc 3589
attaaaacaa ttaagagaag agatttttagc gattgcgcct attttcacgc agatgcctta 3649
ttttatgagc gaagagttta gtttagtaga ttgttatatc gccccattat tatggcgat 3709
gcaagaactg ggtgtggatt tcagtggggc gggtagcaaa gcaattaaag cttacatggc 3769
acgtgttttt gaacgcgatt cttttatgca atcttttagc gtgtcggctc cgaaaaactt 3829
aatggatgag aaataatcag tatgctacat aaatcatcac caaagcgcc ttacttggtta 3889
agagcgtatt atgattgggt agtggataat gatttcaccc cttatttagt ggtggacgcg 3949
acttatgttg gtgtgaaagt ccctgtggaa tatgtcaaag atgggcaa atgtcctcaat 4009
ttatctgcga atgcgacagg taatctggta ctaagcaatg aaagtattca gtttagcgcg 4069
cgttttcgtg gtatttcaca agatattttt attcctatgg gggctgcgtt agccatttat 4129
gctcgtgaaa atggtgatgg tgtactgttt gaacctgaag cgatttatga tgagctcgca 4189
acacaaaata ttggtattga gcagccactg agctttgttg aggctgtcga taaacaaaaa 4249
accagtgaga atactcaaaa aagcacaac aaagacaaaa cgacggaaaa aaaagcgact 4309
tctcatttaa gaattattaa ataaaagagg ttttctttct tcataaaaaa acacgctttt 4369
acgcgtgttt ttttggtgcg gacagtttat tgtgccattt tttttgcggc ttttaagaag 4429
ccttgccac tcgtgtagat gtcactttta ttctgtgccg ctaaaatcat atccgacatt 4489
tcacgaaagg ccccttgctc acctttcagg cttagtacgt gatcagcgtg cattttgata 4549
taagcggcgc atcttgact gcaaaggcaa caccacagcg gcaaaagcag gcagatcaac 4609
gctgtcatca ccaatataag ccgtttcttg cgacagaca ttggcttggt gtatcaattc 4669
aagacagcg ctttcttttt ccaatttgcc gaggaaaaag tgttggtatgc ctagatctgc 4729
aatacgtttg cgtagaatcg ggaatctcg ccccgagagt accgcgactt gaatgccaga 4789
ttccattaac attctgatcc ccaagccatc acgaacatga aaggttttga aagcttcacc 4849
atgggcatcg taatgcaaag agccgtcggc cagtacaccg tcgatatctg taatcacaaa 4909
tttaattttt ttgagttttt ccgttga 4936

```

<210> 30

<211> 564

<212> PROTEÍNA

5 <213> Pasteurella Multocida

<400> 30

ES 2 535 961 T3

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	Leu	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

ES 2 535 961 T3

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
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
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

ES 2 535 961 T3

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
545 550 555 560

Gly Val Asn Arg

<210>31

<211> 9814

<212> ADN

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<223> iroA

<220>

10 <221> CDS

<222> (4762)..(7662)

<400> 31

```

gtcgacctgc agcagacaat gtccactgtg taatagtcca acgactgtta taaaaatctt      60
ccgctgcttt ttctaattgt tgtacacggg gtttttcaaa ttcttccaaa ttcttggttg      120
gttggaactaa aagttgttca gccgccgctt taaaattggc gacaaaatcc gattgtttga      180
ttaaaccata ggattttgct tggatttgtg cgccggctgc ttcaccaat ttatcgaaaa      240
attcaggcgt ataagtcacg tttgggatcg taggcgcgat gatctgatta acaccagcct      300
gttgtaatgc tccccattgc tgtgccatcg tttgtgccat ggttttaata ctggctaaca      360
cgtaggcttg tttctcttca ggtgttgtct tcgttactgc tgttgctaata actgtcgcca      420
aatcattacc acctgccccat agaatatgta aagcttcttt ttgactggc gcatgtaaat      480
actcgttgat ctgcttttct agtgctaaat gaggttggtc tgctgttcta gtattatgtg      540
caccaacaat caccaccacg ctgtacgcgt agttcaaacc accttggtga gaaggatta      600
atTTTTTccc aaatgcttga gctaaatatt catcataaag gtgatgatag tttccatcag      660

```

ES 2 535 961 T3

cctttaaata agaggctttc ttattccaac ctgtttgccc catatcactt aaactatcac	720
caaacacgac aacatcttgt gccagagcag ccgaacttag tgaacaaaat aatgcgaatg	780
aaagtgtatt aattttcaca ataatgtcct tcaattatlc atcgtcagtc aaaaatttgc	840
gtcatcatac gttgattata ggaagatacc tagccagacc actactggta tgaacagaag	900
tcaatgttta atcacataaa aaagcctctg tgctttcaca cagaggcttt tatgtccatt	960
cacctactca aattacatcg cttgagtaaa ggtacgcgta atcacgtctt gttgttggtc	1020
tttggttaac gagttaaaagc gtactgcata acccgaaaca cgaatgggta attgtggata	1080
tttctccgga ttttccattg catctaaca catttccagg ttcattgacgt tcacgtttaa	1140
gtgttggtccg ccttcaatcg ttgcttcatg gtggaagtaa ccgtccatta gacctgcaag	1200
gttacgtttt tgtgcttcgt aatctttacc taaggcattt ggtacgattg agaaggata	1260
agaaatacca tctttcgcat aagcaaattg caatttcgca acagaagtta acgatgctac	1320
tgcacctttt tggtcacgac cgtgcattgg gttcgcaccc ggtccaaatg gtgcaccaga	1380
acgacgacca tctgggggtg tacctgtttt cttaccataa accacgttag atgtaatagt	1440
aagtacagat tgtgtcgggtg tcgcattacg ataagtaacc aatttttgga ttttcttcat	1500
aaagcgttca actaaatcac aagcgatttc atcaacacgg ttatcgttgt taccgaattg	1560
tggtatattcg ccttcaattt caaagtcgat tgccacatct tttgcaatac caaccacttc	1620
acccgcttta tttttgattt cgatatcacc acgaactggg ttcactttcg catatttaat	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 ttcgctggta attggatcgg ttttcggtcc	1920
tacttgggtca cctgattttc catccacacc gccattgatt gcgtataaca aggttttcgc	1980
taagttggca cgtgcaccga agaattgcat cattttaccc acgatcattg gcgatacaca	2040
gcatgcaatc gcatagtcat cgttttgga gtcaggacgc attaagtcac cgttttcata	2100
ctgaacagaa gacgtatcga tagacacttt tgccgcataa cgtttgaaac cttctggtaa	2160
tttttcagac caaagaatcg ttaagtttgg ctctggtgac ggtcccatcg tataaagggg	2220
gtgtaagata cggaagctgt ttttggttac taaagtacga ccactaagc ccataccgc	2280
taaggtttcc gttgccaca ttgggtcgcc cgagaataat tgatcgtaact ctgggggtacg	2340
taagaaacgc accatacgta atttcatgac taagtgggtca attaattctt gtgcttcttg	2400
ttctgtaatt ttgcctgctt ttaaatacag ctcaatataa atatctaaga aagtcgatac	2460

acgaccaa	aat gacatggcag	caccgttttg	tgatttcact	gcagcggtag	gactttgcac	2520
agttatcgga	agataattga	aatcataacc	agcaacaaat	gtcagccgtt	ctatttcttc	2580
tgaagaatat	cggcgattgc	gttctggcgg	aatggctggg	tttttcacat	tcttgagatg	2640
attttctttc	aagtattttc	attctgtgat	tgctgtcgta	ataatgtgcg	aaagagtatt	2700
ccattctcta	agcacacttg	ccgcactaac	ttgtgaaagt	cgttcacac	gccactgcac	2760
aaagtgatgt	tcttgtaa	cgattaatct	cacgtagaa	atcggcatat	ttagcaagcg	2820
aagtaaacgc	aacttttcag	cacgatagcc	ctttttat	atgctcactt	ctttgatata	2880
tttatcgaca	agttgtgcaa	aagtgatgtc	gggaatatca	gtgaatacac	cgtttatgat	2940
tttttgttct	atgtctaacg	cccacgcttg	cgcacagct	ttagtccgaa	atgttgctga	3000
tttatagaca	ccttttttgc	gaatttgaac	tcgccaacct	gatttttgtt	tggtaaaagt	3060
cgccacgcct	aactaccatt	aattttgcac	aattcgttgt	gcaattttgt	gcaattttat	3120
ttcttaaatg	atgttttagcg	gatcataaat	gaagaaaaaa	cagaagtaaa	acactatata	3180
aaaaaacagt	atattttttg	ttgaagtgct	taatgtagtt	tgtaacttat	tgatttttaa	3240
atattaaaga	taaagaaaaa	gccgacaaaa	gtcggctttc	tttttttatg	ctgtttatca	3300
atggtgccta	gggccggact	cgaaccggca	caccogaagg	cggttgattt	tgaatcaact	3360
gcgtctacca	atttcgccac	ccaggcta	attgataaag	agcatcaa	ataggtctgta	3420
ttataccttt	tcattgatag	gttacaagca	aaaaatgatt	ttagatattc	aattgtcttt	3480
attttcatca	gtgtggctgt	tctctcttac	tttattcagg	tgcaagtgaag	taaccttata	3540
aaaataaagg	ttttttgttt	aaatttttaa	taactttttt	gtaaaaagat	cgcagtttct	3600
tttgaaaaaa	agaccgatta	caaataata	taaaaactat	tatcaatatt	gataataatg	3660
ggattttaac	catgacattt	ataaggataa	agtcaagatg	atgctaaaag	cacaaattgc	3720
agattatatt	acacaaaatc	cactggcaat	tactttggat	atggcttcgc	actttggcaa	3780
acctgaagg	gaaattttat	gtgctttacc	tgatgagttt	gttcgagtgt	ttcctgcgga	3840
acgtgcggag	gaagtgcttg	ctgagatcag	tagttggggg	attttcacga	ccattattga	3900
aaaagaagga	tcgatltttg	aaattaaaga	ccgttttccg	accgggatgg	ttgggcgtgg	3960
ttattataat	ttgaatatga	aagatgaaga	aggcacgctt	catggtcacc	ttaaattaga	4020
taacatcagc	aaaattgcct	ttgtgagttt	accgtttcgc	ggtaaagaaa	gttataacat	4080
cgcatttatt	gcgaataatg	ggcaaaactat	ttttaagtt	tatttggggc	gcgatgctga	4140
gcgtcaatta	tttcagaa	aagttcaaaa	atttaaagca	tttatttaga	aggttaaaaa	4200
agtaatgaca	acaaatcgtc	aagaagtatt	acaaaatcgt	ttaggtccag	aaattcaaga	4260
gttaaaggca	caatgtaaaa	cagtcatgct	cgtactgtc	ggtgaagatg	gtaatcccaa	4320

tgtgagttat ggcgcatttg caattaataa tggggaatac caagtccttta tttctactat	4380
tgacgctcat gcacgtaatc tacaagaagt accaaaagtt tctttaatgt tgatcgaaga	4440
tgaaagttaa agtcgtcaga tttttgctcg tcgctgcttta tcttttgatg cggttgcgcg	4500
tgttgtcgag agagaaagtg aagaatggca ttctggtggt gaggcactca aagcaagaca	4560
tggtgcatta atggatgaat tgtctcggt gaaagatttt catttgctta gttttaagcc	4620
ctcacaaggg ttatttgtaa aagggttttg tcaagctttc caagtgcgta atgatgattt	4680
agtgagcttt gttcacttgg ttgaaggaca ccaagaataa attttgctaa 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 ggt 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 ggt gtg act gtg gta gaa gct gga cgt ttt ggt tcg	5031
Arg Tyr Glu Thr Gly Val Thr Val Val Glu Ala Gly Arg Phe Gly Ser	
75 80 85 90	
agc ggt tat gcc att cgt ggt 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 ggt 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 ggt 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 ggt agt ggt 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	

ES 2 535 961 T3

175	180	185	
aaa gcg ggc tac tca acg gca gat aat cag gga tta aat gca gtg act Lys Ala Gly Tyr Ser Thr Ala Asp Asn Gln Gly Leu Asn Ala Val Thr 190 195 200			5367
ctt gca ggt cgc tat caa atg ttt gat gca ttg att atg cat tct aag Leu Ala Gly Arg Tyr Gln Met Phe Asp Ala Leu Ile Met His Ser Lys 205 210 215			5415
cga cat gga cat gaa tta gaa aat tat gac tat aaa aat ggc aga gat Arg His Gly His Glu Leu Glu Asn Tyr Asp Tyr Lys Asn Gly Arg Asp 220 225 230			5463
att caa ggg aaa gaa aga gag aaa gcg gat cct tat acg att acg aaa Ile Gln Gly Lys Glu Arg Glu Lys Ala Asp Pro Tyr Thr Ile Thr Lys 235 240 245 250			5511
gaa agt aca tta gtg aaa ttc tct ttt tcg cca aca gaa aat cat cgt Glu Ser Thr Leu Val Lys Phe Ser Phe Ser Pro Thr Glu Asn His Arg 255 260 265			5559
ttt aca gtc gct tct gat act tat ctt cag cat tcc cgc gga cat gat Phe Thr Val Ala Ser Asp Thr Tyr Leu Gln His Ser Arg Gly His Asp 270 275 280			5607
ctt tca tat aat ctt gtt gca aca aca cat att cag tta gat gag aaa Leu Ser Tyr Asn Leu Val Ala Thr Thr His Ile Gln Leu Asp Glu Lys 285 290 295			5655
gaa tct cgt cat gca aat gat ttg aca aaa cgt aaa aat gtt tcc ttt Glu Ser Arg His Ala Asn Asp Leu Thr Lys Arg Lys Asn Val Ser Phe 300 305 310			5703
act tat gaa aat tat act gtt acg cca ttt tgg gat acg ctc aag tta Thr Tyr Glu Asn Tyr Thr Val Thr Pro Phe Trp Asp Thr Leu Lys Leu 315 320 325 330			5751
agc tat tca caa caa aga att aca aca aga gca aga aca gaa gat tat Ser Tyr Ser Gln Gln Arg Ile Thr Thr Arg Ala Arg Thr Glu Asp Tyr 335 340 345			5799
tgt gat gga aat gag tta tgt gat tct tat aaa aat cca tta ggt ctc Cys Asp Gly Asn Glu Leu Cys Asp Ser Tyr Lys Asn Pro Leu Gly Leu 350 355 360			5847
caa ttt aaa gat ggt cag att ctt gat cct gca ggg aat aaa att aaa Gln Phe Lys Asp Gly Gln Ile Leu Asp Pro Ala Gly Asn Lys Ile Lys 365 370 375			5895
cta cag ggg tct gga ttg agc act cag att gta gat gaa aat gga aaa Leu Gln Gly Ser Gly Leu Ser Thr Gln Ile Val Asp Glu Asn Gly Lys 380 385 390			5943
cca ttt cct aca aca aca ggt act aat aat gct gct ttt agt aat aat Pro Phe Pro Thr Thr Thr Gly Thr Asn Asn Ala Ala Phe Ser Asn Asn 395 400 405 410			5991
tta cga ctc agg cct aca ggt ttt tgg tta gat tgc tcg gtt ttt gac Leu Arg Leu Arg Pro Thr Gly Phe Trp Leu Asp Cys Ser Val Phe Asp 415 420 425			6039

ES 2 535 961 T3

tgt aat aaa cca ttc act gtt tat aat att agt aat gga aca tat caa Cys Asn Lys Pro Phe Thr Val Tyr Asn Ile Ser Asn Gly Thr Tyr Gln 430 435 440	6087
gca aga gag gtt cta ctg tct gaa gag ata act gtg gat ggt aaa tta Ala Arg Glu Val Leu Leu Ser Glu Glu Ile Thr Val Asp Gly Lys Leu 445 450 455	6135
tac aaa aca gct aag gaa gaa gga ggg ctt cca aat tat ttg att tta Tyr Lys Thr Ala Lys Glu Glu Gly Gly Leu Pro Asn Tyr Leu Ile Leu 460 465 470	6183
cct aat tct aaa ggt tat ctt cct tat gat tat aaa gaa agg gat ctt Pro Asn Ser Lys Gly Tyr Leu Pro Tyr Asp Tyr Lys Glu Arg Asp Leu 475 480 485 490	6231
aat acg aat aca aaa caa att aat tta gat tta act aaa aca ttt tta Asn Thr Asn Thr Lys Gln Ile Asn Leu Asp Leu Thr Lys Thr Phe Leu 495 500 505	6279
act ttc aac atc gaa aat aat ctg tca tat ggt gga gtt tat tct cgg Thr Phe Asn Ile Glu Asn Asn Leu Ser Tyr Gly Gly Val Tyr Ser Arg 510 515 520	6327
ata gag aaa gaa atg att aat aaa gct ggt tat gag ggg aga aat cct Ile Glu Lys Glu Met Ile Asn Lys Ala Gly Tyr Glu Gly Arg Asn Pro 525 530 535	6375
act tgg tgg gct gat aga att tta ggg caa agt agt tac tgt ggt tat Thr Trp Trp Ala Asp Arg Ile Leu Gly Gln Ser Ser Tyr Cys Gly Tyr 540 545 550	6423
aat gca ttg aag tgt ccg aaa cat gag cca tta acg tca ttt tta att Asn Ala Leu Lys Cys Pro Lys His Glu Pro Leu Thr Ser Phe Leu Ile 555 560 565 570	6471
cca gtt gaa gca acg aca cag tca tta tat ttt gca aat att ctt aag Pro Val Glu Ala Thr Thr Gln Ser Leu Tyr Phe Ala Asn Ile Leu Lys 575 580 585	6519
gta cat aat atg att agc ata gat tta gga tat cgt tat gat cat att Val His Asn Met Ile Ser Ile Asp Leu Gly Tyr Arg Tyr Asp His Ile 590 595 600	6567
aaa tat aac cct gaa tac act cca gga gta act cca aaa att cca gat Lys Tyr Asn Pro Glu Tyr Thr Pro Gly Val Thr Pro Lys Ile Pro Asp 605 610 615	6615
gat atg gta aaa ggt ttg ttt att cct atg cca aaa gag cca cag cta Asp Met Val Lys Gly Leu Phe Ile Pro Met Pro Lys Glu Pro Gln Leu 620 625 630	6663
aag gat ttt gat tat aac tat gct aaa ttt ggt gag gcc tat aaa aaa Lys Asp Phe Asp Tyr Asn Tyr Ala Lys Phe Gly Glu Ala Tyr Lys Lys 635 640 645 650	6711
tgg aaa gaa tat ctg cca aaa aat gcg gaa gaa aat att gct tac att Trp Lys Glu Tyr Leu Pro Lys Asn Ala Glu Glu Asn Ile Ala Tyr Ile 655 660 665	6759

ES 2 535 961 T3

gct caa gat aag aca ttt aaa aaa cat tct tat tct ctt ggt gca act Ala Gln Asp Lys Thr Phe Lys Lys His Ser Tyr Ser Leu Gly Ala Thr 670 675 680	6807
ttc gat cct ctg aat ttt tta cga gta caa gta aaa tat tca aaa ggg Phe Asp Pro Leu Asn Phe Leu Arg Val Gln Val Lys Tyr Ser Lys Gly 685 690 695	6855
ttt aga gcc ccg act tcg gat gaa ctt tat ttt acc ttt aag cat cca Phe Arg Ala Pro Thr Ser Asp Glu Leu Tyr Phe Thr Phe Lys His Pro 700 705 710	6903
gat ttt acg att tta ccg aac ccc gtg ttg aaa cca gag gaa gca aaa Asp Phe Thr Ile Leu Pro Asn Pro Val Leu Lys Pro Glu Glu Ala Lys 715 720 725 730	6951
aat caa gag att gca tta aca gtg cac gat aat tgg gga ttt gtt agc Asn Gln Glu Ile Ala Leu Thr Val His Asp Asn Trp Gly Phe Val Ser 735 740 745	6999
aca agt gtt ttc caa aca aag tat cgt cat ttt att gat tta gcg tat Thr Ser Val Phe Gln Thr Lys Tyr Arg His Phe Ile Asp Leu Ala Tyr 750 755 760	7047
tta ggt tca aga aat tta tcg aat tcc gtg gga ggg cag gca caa gca Leu Gly Ser Arg Asn Leu Ser Asn Ser Val Gly Gly Gln Ala Gln Ala 765 770 775	7095
aga gat ttc caa gtt tat caa aat gtc aat gtc gat aat gcc aaa gtt Arg Asp Phe Gln Val Tyr Gln Asn Val Asn Val Asp Asn Ala Lys Val 780 785 790	7143
aaa gga ctt gaa att aat gca cgt ttg aat ttg gga tat ttt tgg cat Lys Gly Leu Glu Ile Asn Ala Arg Leu Asn Leu Gly Tyr Phe Trp His 795 800 805 810	7191
gtg ttg gat gga ttt aat acg agc tat aaa ttc act tac caa cgt ggt Val Leu Asp Gly Phe Asn Thr Ser Tyr Lys Phe Thr Tyr Gln Arg Gly 815 820 825	7239
cgt ttg gat ggc gat cgt cca atg aat gcg att cag cct aaa gct tct Arg Leu Asp Gly Asp Arg Pro Met Asn Ala Ile Gln Pro Lys Ala Ser 830 835 840	7287
gtt ttt ggt ttg ggc tac gat cat aaa gaa aat aaa ttt ggc gct gat Val Phe Gly Leu Gly Tyr Asp His Lys Glu Asn Lys Phe Gly Ala Asp 845 850 855	7335
tta tat att aca cgt gtg agt gag aaa aaa gcg aaa gac act tat aat Leu Tyr Ile Thr Arg Val Ser Glu Lys Lys Ala Lys Asp Thr Tyr Asn 860 865 870	7383
atg ttc tat aaa gaa cag gga tat aaa gat agt gct gtt cgt tgg aga Met Phe Tyr Lys Glu Gln Gly Tyr Lys Asp Ser Ala Val Arg Trp Arg 875 880 885 890	7431
agt gat gac tat acg cta gtt gat gcg gtt ggt tat att aaa ccg att Ser Asp Asp Tyr Thr Leu Val Asp Ala Val Gly Tyr Ile Lys Pro Ile 895 900 905	7479
aag aat tta acg tta cag ttt ggc gtt tat aat ttg aca gac cgt aaa	7527

ES 2 535 961 T3

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	ggg	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	ggg	cgt	aac	ttt	aaa	ctc	agt	gcc	gaa	atc	acc	ttc	taata	ctaag		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	ctcactttgc	aacgcacaaa											7972
aaagaccacc	acggtcgtcg	tggtttattg	cgtatggttt	ctcgtcgtcg	taaactttta											8032
gattacttaa	aacgtactaa	tcttgagctt	tacacttcaa	ctatcgctcg	tttaggttta											8092
cgtcgcta	at	ttgtattagg	atttattcca	aacaaaaaac	ccttgataat	tttatcaagg										8152
gttttctttt	ttctgcatac	taggcatggt	taaattatcg	caaaacacac	cgcacatttc											8212
gtggaaaagt	gcggtcattt	ttttaattta	ttttacttct	ttaaacaatga	tctcacttgg											8272
gattactgaa	ccttgccagt	aaagctcagt	agcgactttt	tcagctaatt	gcataaacga											8332
ttgggcaatg	tcgctttcag	gtgcggcgac	aacggttggg	atacctttgt	ctaaatcttc											8392
acgtaagcga	atatgtaatg	cctgttgctc	taaaactttg	acattatatt	tttgtgcaat											8452
gcgctcagca	ccgcctgttc	cgaaaatcgt	ttcttgatga	ccacaattgc	tacaaaatag											8512
catcgacata	ttttcgataa	tgcctaaaaac	gggtacagaa	acacgctcaa	acatcgccac											8572
acctttaatc	gcattccagta	aagcaatata	ttgtgggtgt	gtcaccacga	ccgcccccg											8632
cactggaatt	tgttgagaaa	gggtcagctg	gatatccct	gtaccgggtg	gcataatcaat											8692
gactaaataa	tctaaatcag	gccataaggt	ttcttgcaaa	agctgactta	aggcactgct											8752
tgccattgga	ccgcgccaaa	tcgtagcatt	gtccgggttc	attaagaaac	caatggaatt											8812
ggcaaaaata	tgatgtgctt	gaattggggg	aatgtgctgg	ttatctggcg	aagttggggc											8872
ttgatcagca	accctaaca	tgtgtggaat	agatggacca	taaatatcgg	catctaaaat											8932
tccaacacga	gcacctgtc	tttgtaaggc	aagagcaaga	ttgacggaaa	tagtagat											8992
tcctacacca	cctttaccgc	atgtcacggc	aataatattt	tttaccctt	ttacggctgg											9052

ES 2 535 961 T3

```

gtggctatta gcgcgtttta atgtcgcgat ttgataattt aattgccatt tgatgtcttt 9112
gcattctgct aatgtgagaa gttctgtgga gagagcgcgc ttgagttggt cgaatgcagt 9172
attccaagca aacggcatgc tgatttcaat acgtaacgtc tcaccgcctt tttcaatttt 9232
tttgatagca tttaggctga cgagatcttt ttgtaagcta ggatgttgaa attgttgaaa 9292
tgtgttttgg atagcttggt tttgactgtc cgttaaactg tcagaaaata aaattcccat 9352
tgattttatc ccgttatattt tgggtggctaa ttaaagccct agttaatcac tcaactatat 9412
ttaaccacga agctgtagaa ctgttaagca gaaatgtgga aaagcgcggt taaagtagaa 9472
aaaatactgc gaataaggta acataagcgc caattttttg atgaaaaata ggaatgataa 9532
catggcaaat tcggcacgcg atatttttgt cacttgccgc ttaccttatg caaatggtgc 9592
aattcattta gggcatttat tagaacatat tcaagcagat atttgggtgc gttccaacgt 9652
atgcgtagggc ataaagtgc ttttatttgt gcagatgatg cccatggcac accaatcatg 9712
ttaaatgcga taaattaggt attacaccaa agcattaatt gtcctcga agcagaacat 9772
gtggcggatt tgaaggctta atattagcta tgataatata at 9814

```

<210> 32

<211> 967

<212> PROTEÍNA

5 <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

```

ES 2 535 961 T3

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

ES 2 535 961 T3

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

ES 2 535 961 T3

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			

ES 2 535 961 T3

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> ADN
 5 <213> Pasteurella Multocida

<220>
 <221> misc_feature
 <223> kdtB

10 <220>
 <221> CDS
 <222> (1106)..(1564)

<400> 33

gtcaaccctt ttggctttga gttgtgctaa taaagcatcg tcaaatgca agccggcagt	60
tggtgccgca accgcgccag ggactttggt ataaacggtt tgataacggt ctttatccgc	120
ttcttcgtca gggcgatcaa tataaggggg caatggcata tgcccaattt gctgtaacac	180
gtctaaaagt gcggtctggt ttgcgcgat ttctaattca aataaggtat catggcgcg	240
aaccatgatc attttgacac catgatgttc acctaaacta tcttcgccta accacagttc	300
tgcccccttct ttcggtgctt ttgaggagcg cacatgggct aaaaagcgtg tgtcggataa	360

aatccgctcg accaactt ccaccttacc gccactggct ttacgtccaa acatccttgc	420
aggaatcacg cgcgtgttat taaaaattaa taagtcgcct tcatgaattt gatcaaggat	480
atcagcaaaa gtgcggtggg taatctcacc attttcgcgcg ttaagttgta ataagcgact	540
agcgggtgcga tccggttttg ggtaacgagc aatcagctca tcgggtaaat caaaataaaa	600
gtcagaaaca cgcataaata ggggttataaa aagttatcta aaaaatcgtg ggcgtaagtc	660
tagtgtgaat tccgctcttg cacaaggaaa aatccagatt ttgttgttta gtatcgaatt	720
gagatgattt tggacaaaaa aaaagccctt tcaagaaaga cgaaagggcg aaaatatatt	780
tggagtcata ctttttaggg tatgtgtcgg attatacaca caaaaataac aaatgcaaca	840
tttttttaac aatcatatgt aagcgtattg tgtgagaacg agcgtaaaaa tgaacgcatt	900
ctaaaggatg atttatttag cctattaaaa aaacacatga gatgagagtt tgcgagagcg	960
gtaataaaaag tgcgggtgggt tttagaaaag ttttgaatag gatcacaaat taaacaaagt	1020
ttgtgaaata ccaagtagta gtttttaagt atatgatgaa tcatatgcta aagttttaaac	1080
ccgttaaata accaagaggt ggaag atg aca gaa gaa aat aaa gga aag aga	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 ggt 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 cgg ggg 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 ggt 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 65 70	
aaa gaa gta aag cgt tac acg agt gtc gag gag ttt aaa cag atg aac	1372
Lys Glu Val Lys Arg Tyr Thr Ser Val Glu Glu Phe Lys Gln Met Asn	
75 80 85	
cca gct tgt tgt aca tta acc acc ttt att gat gaa gga ggc gat ggc	1420
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

ES 2 535 961 T3

Tyr	Thr	Pro	Cys	Gly	Glu	Leu	Arg	Glu	Glu	Ala	Ala	Phe	Ser	Lys	Asn	
		140					145					150				
taagagtgag	gtgaagaaat	ggcattacca	acagcaacaa	taatgaggaa	tttatcttta											1624
tctaaaaatc	aattcactct	gaaagggatg	gaatgcgtag	attccctatt	tcaagcatgc											1684
agtaatatgg	atcatgggta	ctgaggtgga	agatggcaga	agaaaataaa	ggaaagagat											1744
atTTTTtatg	gttcatattg	tttatccttt	caatctatTT	atttattacc	atacaagaaa											1804
gacgaggtta	ttgttttgac	aaatgggaat	atatccataa	cctttatacc	gagcaagagt											1864
tgatcgatag	aggggttgaa	tatgtggtat	ccaccatgcc	gtcaggtggt	tttgaaccag											1924
atggcacaaC	aaccgaaata	aaacgttatg	ctagtgttga	ggagtTtaa	cagatgaacc											1984
ctgattgttg	taaattaaca	agatttatta	atgaaggaat	agatggctat	ccagatgatg											2044
atggatatgg	ttatataaga	attgaatatt	taagacatta	tggtgggaat	tttaaacctg											2104
atcatagagt	gctttatctc	gaatatacgc	cttgtggaga	attaagggaa	gaggtttctt											2164
tttaaaaaat	aaataatagt	gaggtgaaga	aatggcatta	ccaacagcaa	cagaaatcac											2224
aaatgcatat	ttatataaaa	ataaattaac	tcctaaagcg	gaggaaagag	tagattcaat											2284
acaaattctt	gaaaaaggag	atgaacattt	cgaagtaa	tttaattgat	caaagtactc											2344
tattgattga	aggaaaaaca	gtggaattaa	tggcaggtat	ggcagtttct	gcggaaatta											2404
aaacaggtaa	acgcagtgta	ttagattact	tatttagccc	attaaaaacc	acaaaataat											2464
attaaggaga	ataatatgtc	gtataataaa	tatactgttg	ctttgattac	gttctcaaca											2524
gggatctgta	ttccggcaat	atgctacgct	ctaaattcgc	tgggatacag	atcctgtttg											2584
agactatgta	gaaaagacta	aactttgtgt	ggttaactgg	gcttcggtaa	aattctggaa											2644
acaaatgggc	ttaacccgcg	tgatcttata	ccgtgagctt	tcgcttgatg	aaattgccga											2704
aattcgctcag	caagtgccag	aaatggaaat	tgaagtgttc	gtgcatgggg	cattatgcat											2764
ggcgtattct	ggacgttggt	tattatcagg	ctatattaat	aaacgtgatc	caaatcaagg											2824
cacctgtacc	aatgcgtgcc	gttggaata	cagtgttaacc	gaagccaaag	aagatgagat											2884
cggcaacatt	gtgaatgtgg	gtgaagaaat	tccagtga	aatgtagcac	cgacacttgg											2944
cgaaggcgac	accaccagta	aagtattttt	attagcagaa	agtcga												2990

<210> 34

<211> 153

<212> PROTEÍNA

5 <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	

ES 2 535 961 T3

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> ADN
- 5 <213> Pasteurella Multocida
- <220>
- <221> misc_feature
- <223> lgtC
- <220>
- 10 <221> CDS
- <222> (325)..(1230)
- <220>
- <221> misc_feature
- <222> (981)..(981)
- 15 <223> n es a, c, g, o t
- <220>
- <221> misc_feature
- <222> (1000)..(1000)
- <223> n es a, c, g, o t
- 20 <220>
- <221> misc_feature
- <222> (1129)..(1129)
- <223> n es a, c, g, o t
- <220>
- 25 <221> misc_feature
- <222> (1134)..(1134)
- <223> n es a, c, g, o t

```

<220>
<221> misc_feature
<222> (1144)..(1144)
<223> n e s a, c, g, o t

5  <220>
    <221> misc_feature
    <222> (1423)..(1423)
    <223> n e s a, c, g, o t

10 <220>
    <221> misc_feature
    <222> (1665)..(1665)
    <223> n e s a, c, g, o t

15 <220>
    <221> misc_feature
    <222> (1667)..(1667)
    <223> n e s a, c, g, o t

<400> 35

    atatcaaagt ctcattggcaa gaaaattaga aaagagcgat caattattat ttgcaagatt      60
    tgggtattat tcataggcta ggtgaaagat atatttttcc atgatattaa aacgattcag      120
    gcagaactgg ctagcttata acttttagat aattgtatta ttaaaagaag ctgtatgatt      180
    gttattctat cattagtga taataaatat tctttatttt ttgagagata aaaacaattc      240
    atatttcaat agaaaacaga aaataaagat tatcaaaaga attatccgtc cttataaata      300
    tgagtcctgta 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

```

ES 2 535 961 T3

caa att agt tat att tct tta gca aca tat gca agg cta aaa gcg gca Gln Ile Ser Tyr Ile Ser Leu Ala Thr Tyr Ala Arg Leu Lys Ala Ala 75 80 85	591
gag tat ttg ccg gat aat tta aat aaa att att tat tta gat gtt gat Glu Tyr Leu Pro Asp Asn Leu Asn Lys Ile Ile Tyr Leu Asp Val Asp 90 95 100 105	639
gtt ttg gtt ttt aac tca tta gaa atg tta tgg aat gtt gat gtt aat Val Leu Val Phe Asn Ser Leu Glu Met Leu Trp Asn Val Asp Val Asn 110 115 120	687
aat ttt ctt acc gca gcc tgt tat gat tct ttc atc gaa aat gaa aag Asn Phe Leu Thr Ala Ala Cys Tyr Asp Ser Phe Ile Glu Asn Glu Lys 125 130 135	735
tct gag cat aaa aaa tcg att tca atg tca gat aag gaa tat tat ttt Ser Glu His Lys Lys Ser Ile Ser Met Ser Asp Lys Glu Tyr Tyr Phe 140 145 150	783
aat gca gga gta atg cta ttt aat tta gat gaa tgg cgg aag atg gat Asn Ala Gly Val Met Leu Phe Asn Leu Asp Glu Trp Arg Lys Met Asp 155 160 165	831
gta ttc tca aga gct tta gac ctg tta gct atg tat cct aat caa atg Val Phe Ser Arg Ala Leu Asp Leu Leu Ala Met Tyr Pro Asn Gln Met 170 175 180 185	879
att tat cag gat caa gat ata ttg aat atc ctt ttt agg aat aaa gtc Ile Tyr Gln Asp Gln Asp Ile Leu Asn Ile Leu Phe Arg Asn Lys Val 190 195 200	927
tgt tat tta gat tgc aga ttt aat ttc atg cca aat caa ctt gaa aga Cys Tyr Leu Asp Cys Arg Phe Asn Phe Met Pro Asn Gln Leu Glu Arg 205 210 215	975
ata aan caa tac cat aaa gga aaa ntg agc aac tta cat tct tta gaa Ile Xaa Gln Tyr His Lys Gly Lys Xaa Ser Asn Leu His Ser Leu Glu 220 225 230	1023
aaa aca acg atg cct gtc gtt att tca cat tat tgt ggt cca gaa aaa Lys Thr Thr Met Pro Val Val Ile Ser His Tyr Cys Gly Pro Glu Lys 235 240 245	1071
gcg tgg cat gcg gat tgt aaa cat ttt aat gta tat ttc tat cag aaa Ala Trp His Ala Asp Cys Lys His Phe Asn Val Tyr Phe Tyr Gln Lys 250 255 260 265	1119
ata tta gca naa atn tcg aga ggc ncg gat aaa gaa cgc gta tta tct Ile Leu Ala Xaa Xaa Ser Arg Gly Xaa Asp Lys Glu Arg Val Leu Ser 270 275 280	1167
ata aaa act tat ctc aag gcc ttg att aga agg att aga tat aaa ttc Ile Lys Thr Tyr Leu Lys Ala Leu Ile Arg Arg Ile Arg Tyr Lys Phe 285 290 295	1215
aaa tat caa gtc tat taactattga atttttgcaa atgagataag agtatagtgc Lys Tyr Gln Val Tyr 300	1270

ES 2 535 961 T3

```

tgattttcttc aaagcgaaaa ggaggaaata gcttggttcta atttattaca ataatggttg 1330
tattcatctt gattttgaag gaaagagagt gttttttgta taaaagcatt ttcgtcacct 1390
aaatttacta atcctccaaa ttctcctcct cgnagaattt ctttcggacc ggtagggcag 1450
tccatggata ttacaggtgt accgcaagcc atgcttttcta ggataactgt cggtaacccc 1510
tctttcaaag aggtgtgtaa aaatagctta gcatttttta ttaatggata cggattatct 1570
ttatttccta aaagaaaaca atcttcttgt agattgagtg attctatttg tttctcta 1630
ttttctcgac actcaccatc ccaaacaata tatancnttt cttggatacc tcc 1683

```

<210> 36

<211> 302

<212> PROTEÍNA

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<222> (219)..(219)

<223> El 'Xaa' en la localización 219 representa Lys, o Asn.

10 <220>

<221> misc_feature

<222> (226)..(226)

<223> El 'Xaa' en la localización 226 representa Met, Val, o Leu.

<220>

15 <221> misc_feature

<222> (269)..(269)

<223> El 'Xaa' en la localización 269 representa Lys, Glu, o Gln.

<220>

<221> misc_feature

20 <222> (270)..(270)

<223> El 'Xaa' en la localización 270 representa Ile, o Met.

<220>

<221> misc_feature

<222> (274)..(274)

25 <223> El 'Xaa' en la localización 274 representa Thr, Ala, Pro, o Ser.

<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

```

ES 2 535 961 T3

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> ADN

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature
 <223> mglB

 <220>
 5 <221> CDS
 <222> (2)..(499)

 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (98)..(98)
 10 <223> n es a, c, g, o t

 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (296)..(296)
 <223> n es a, c, g, o t

 15 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (302)..(302)
 <223> n es a, c, g, o t

 <220>
 20 <221> misc_feature
 <222> (928)..(928)
 <223> n es a, c, g, o t

 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1007)..(1007)
 25 <223> n es a, c, g, o t

 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1740)..(1740)
 30 <223> n es a, c, g, o t

 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1808)..(1808)
 <223> n es a, c, g, o t

 35 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1816)..(1816)
 <223> n es a, c, g, o t

 <220>
 40 <221> misc_feature
 <222> (1820)..(1820)
 <223> n es a, c, g, o t

 <400> 37

ES 2 535 961 T3

c tta aat aaa gcc ggt aaa att caa tac gtt tta tta aaa ggt aac caa Leu Asn Lys Ala Gly Lys Ile Gln Tyr Val Leu Leu Lys Gly Asn Gln 1 5 10 15	49
gga cac cca gat gca gaa gct cgt aca aaa ttc gtc att aaa gaa tta Gly His Pro Asp Ala Glu Ala Arg Thr Lys Phe Val Ile Lys Glu Leu 20 25 30	97
nat aat aaa ggc att caa gat gag caa tta ttc atc gac acg ggg atg Xaa Asn Lys Gly Ile Gln Asp Glu Gln Leu Phe Ile Asp Thr Gly Met 35 40 45	145
tgg gat gcc gct tta gcg aaa gat aaa atg gat gca tgg tta tct agc Trp Asp Ala Ala Leu Ala Lys Asp Lys Met Asp Ala Trp Leu Ser Ser 50 55 60	193
tct aaa gca aat caa att gaa gtg atc atc gct aac aac gat ggt atg Ser Lys Ala Asn Gln Ile Glu Val Ile Ile Ala Asn Asn Asp Gly Met 65 70 75 80	241
gcg atg ggg gca ttg gaa gcc acg aaa gca cat ggt aaa aaa tta cca Ala Met Gly Ala Leu Glu Ala Thr Lys Ala His Gly Lys Lys Leu Pro 85 90 95	289
atc ttc ngf gta nat gcg tta cca gaa gtc ctc caa tta atc aaa aaa Ile Phe Xaa Val Xaa Ala Leu Pro Glu Val Leu Gln Leu Ile Lys Lys 100 105 110	337
ggt gaa att gca ggt acg gtg tta aat gac ggt gtg aac caa ggt aaa Gly Glu Ile Ala Gly Thr Val Leu Asn Asp Gly Val Asn Gln Gly Lys 115 120 125	385
gcc gtt gtt caa tta agt aat aat ctt gca aaa gga aaa cct gcc act Ala Val Val Gln Leu Ser Asn Asn Leu Ala Lys Gly Lys Pro Ala Thr 130 135 140	433
gaa ggc aca aaa tgg cag tta aaa cga tcg tgt cct acg tat ccc tta Glu Gly Thr Lys Trp Gln Leu Lys Arg Ser Cys Pro Thr Tyr Pro Leu 145 150 155 160	481
tgt tgg tgt gga tgc gga taacttaaac gagttcctaa aataataaac Cys Trp Cys Gly Cys Gly 165	529
tataacaaaa caagamgttg taattctcgg ggaggtatac cctccccctt tttatgtgag	589
gttg gatatg acaactcaaa ttccaaatca agacagtga atactgctca caatgaccaa	649
cgtctgtaaa tcctttcccg gtgttaaagc gttagacaat gcaaacctaa ctgtgcgctc	709
gcattctgtc catgccttaa tgggcgaaaa tggggcgggc aaatcgacct tattaataatg	769
cttatttggt atttacagta aagatgaagg tgacatcctt ttcttaggca agccagtcaa	829
ctttaaaacg tcgaaagaag ccttagagaa cgggattttc atggtgcacc aagaacttaa	889
cttggttaaa caatgtactg taatggataa tcctttggnt aggacgttat ccattaaaag	949
caggctttgt 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 tatttcgcac aaaatggacg aaatcttcaa aatttgtgac 1249
gaaattacga ttttacgcga tggtaaattg atcaatacgg tcgctgttaa aggcaccaca 1309
atggatcaga ttgtatccat gatggttggg cgtgaactca cgcaacgttt cccacaaaaa 1369
accaataccc caaaagaaac catcttaacg gtggaaaatc tgaccgcact taatcagcca 1429
tctattcaag atgttagttt tgaattacgc aaaggcgaag tgctcggcat tgcgggactg 1489
gttggggcaa aacggtaccg atattgtgga aacgatcttc ggggtgcgtg aacgtaaadc 1549
tggtgtgatt aaactacacg ataaggaaat gaaaaaccgg aatgcgttcg aagccattaa 1609
caatggtttt gccttggcca cggaagaacg tcgctctaca gggatttatg cgaatctcag 1669
tattgagttt aactcattaa tttctaacat gaagaaatcc tatatcagca agttaggttt 1729
attgagtaac ncaaaaatga aaagcgacac gcaatggggc cattgattcc atgaatgtga 1789
aaacgccatc acaaaacna tattggntca ntatctgggg tggtaaccaa caaaaagtgg 1849
tcattggtcg ttggttatta acccacctg aaatcttgat gttagacgaa ccaacacgtg 1909
gtatcgacat tgggtcgaaa tatgaaattt atcagctgat tatggagtta gccaaaaaag 1969
ataaaggat catcatgatt tcattctaaag gccagagtta ttaggggtac tgaccgaatt 2029

```

<210> 38

<211> 166

<212> PROTEÍNA

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<222> (33)..(33)

<223> El 'Xaa' en la localización 33 representa Asn, Asp, His, o Tyr.

10 <220>

<221> misc_feature

<222> (99)..(99)

<223> El 'Xaa' en la localización 99 representa Ser, Gly, Arg, o Cys.

<220>

15 <221> misc_feature

<222> (101)..(101)

<223> El 'Xaa' en la localización 101 representa Asn, Asp, His, o Tyr.

<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

```

ES 2 535 961 T3

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> ADN

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<223> mioC

<220>

10 <221> CDS

<222> (326)..(766)

<220>

<221> misc_feature

<222> (1839)..(1839)

15 <223> n es a, c, g, o t

<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 taatatttat tccctataca	786
Gln Trp Leu Pro Gln Phe Leu Ser Gln Leu	
140 145	
atggcatatg taaatcaa atgccatttt tcatctcgat caagcataat atttaaccaa	846
tcaaatcaat attttctctg tggataacta agatcaaaac tgtataaaag ctgtttttat	906
tccctgaata agattgaatg ttttttattc tgtggataac taaagaagtt attcacagtt	966
ttttctggtg ccaaattgag atcttaacaa cttaaaaaat gatctaagtt attcatttaa	1026
aaaaagaaaa ggatcttaat cacagcacta taggatccta ataatcataa taataagatc	1086
tctttatata aaaagatcct atctttatta actcagatc tttttcacga tcatcgtaca	1146
gtcttgatca aaaatgtttc tttcatggat ccataaattt cagtagaata gccaccagc	1206

ES 2 535 961 T3

aaaaaggatc aaaagatcca taaaatccga gataaattaa caaggttact atgttttata 1266
 ctgaaaatta tgatgttatt gtgatcgggtg gtggacacgc aggtactgaa gctgcacttg 1326
 caccggcacg catgggactc aagaccctat tattaacca 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 tgttgttact aaaatgggtt 1686
 taaaatttca cgcaaaagca gtgattttta cagccggtag tttcctttct ggtaagatcc 1746
 acattgggtt agaaaattat acaggtggac gcgcggtga tcctgcttca gtgatgttag 1806
 ccgatcgttt aagagaactg aatttacgtg tanatcgttt 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 gcaactgcaag cagatttaag 2226
 cgaaatggca aagaaaaacc gcaatcaagc gttgattgca ggtgggtattg gcggtggcat 2286
 tgttgcatgc 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 caacctgga 2586
 tgagattcaa aactcggatt taaaagcaca agataaagtc ga 2628

<210> 40

<211> 147

<212> PROTEÍNA

5 <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

ES 2 535 961 T3

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> ADN

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<223> mreB

<220>

10 <221> CDS

<222> (3203)..(4255)

<400> 41

ctgcagtacc aaccacccaa atgttgtgct tctgctgtaa ttcacgcaa gtgcgcgcga 60

ggttggttac acggattaat ggcacgactt cagcggcacc acaagctact ttacgtgcga 120

tagcggtaa ttgggcagat ttatcttttg gtactatcac agcacacacg cccgctgcat 180

ccgcagtacg caaacaagca cctaagttat gtggatcagt cacaccatct aacactaata 240

gcaacggatt ggactgattt tgtaaaagcg tatctaaatc tgcttcattc aattctttcg 300

ES 2 535 961 T3

ctggctgaac acgtgccatg atgccttggt gtacttcgcc ctctgctttt ttatcaaggg	360
tttggcgatt aacaaattgg atagtaatac ccaaccgatg aagttcattg agcaaagggt	420
gtaaacgttt atcgtcgcgc cctttgagtg cataaacttc aattaaacgc tctggcgcg	480
tgtttaaaaa ggcacttact gcatgaatgc cataaatatt ttcactcatc tactttctct	540
ttttagctga tttcttactg gcttttttcg tgggtgttga tggtttaaca acgcttggtt	600
ttcttaccgc acttttactg gtgcttggtt tacgtttatg gcgttggttt tcgagacttt	660
cagcgtagcg tgcatttttc ttgagcttgt ctttggtctgt tttgccttct cgtaatgggt	720
tacgctcact cgacactaaa gaaaaatcca cttggcggtt ttcaaggcta actgcttcca	780
cacggatttt taccttatcg ccaatgcggt agatcatacc actattttca ccgattaaac	840
gttgctgagc gagatcaaat tggtagtagt cgttatctaa ggtagaaatg tggactaagc	900
catcaataaa gaggtcatct aagcggacaa ataagccaaa acctgtcaca gatgaaatca	960
cacctgtaaa ttcttcgcct acatgatctt gcatatattc gcatttttagc cagtctgcaa	1020
catcacgagt ggcacatcg gcccgtcgtt ctgtcatgga gcagtggtcg cctaatacat	1080
ccatgtcatc aagtgtatag tgataccctc ccgtatcagt ggttctccgt ttcgagcctt	1140
ttagtttggc taacaagtat ttaatccac gatgcaaagt caaatcagga taacggcgaa	1200
ttggcggaagt aaaatgcgca tattcttcga gtgcaagccc aaagtgccca atattgtcag	1260
gatgataaac ggcttgactt aacgaacgta atacatgggt tgcaataact catgatctgg	1320
acgttcgcga atttgctcca ataatttagc gtagtctgog gtacttggtt tactgccacc	1380
ttcaaggctt aaaccacatt cactgaggaa ttggcggaag cccgtcactt tttcttcgct	1440
tggaccgcga tgaatacggg aaagggctgg ctcttgatgt tttccataa agtttgccgc	1500
cgcaatattg gcgaggatca tacattcttc aatgatttta tgcgcatcat tacgaataac	1560
aggctcaatc cgttcgattc gccccatttc attaaacaca aacttacttt caatggtttc	1620
aaagtcaatg gcgccacgtt gatgacgggc ttccactaag gcttggtaca ttacatggag	1680
ttcttttaaa tggggaacca gtgcttgata acgagtacaa agttcttcat cgteectctaa	1740
aatacgagca actttggtat aggttaagcg agcatgagag ttcatgaccg cttcataaaa	1800
ttcatagcct gtgattttac cttttgctga aacattcagc tcacagacca tacataagcg	1860
atcgacttgt gggtttaatg aacaaagtc attggagagg atttcggta gcataggaac	1920
aacgcgattt gggaaatata ccgagtttcc acgcgcagt gtctcggtat caagggcagt	1980
acgtaaacga acatagtagc tgacatcggc aatggcaacc cacagtctcc aaccgcctcc	2040
acgttttttc tggcaaaaaa ccgcacgtc aaaatcgga gcattctcac catcaatgggt	2100
gactaacgga agatggcgta aatcaatacg tcttgatttg gcttcttccg gtacttcttc	2160

actcagttta gaaacttggt tgaggaccgc gtctggaaaa acatggggaa tatcatgatt	2220
acggatagca atttccacct ccattccctt tgccatattt tcaccgagaa tttcgcta	2280
cattccaaca ggttggttaa atgttgcggt acgtgggttt aattcaacta caaccacttg	2340
tcccatacga gcgccttggc ggtgttcatt cggaattaaa atgtcgcgat taattcgact	2400
atcgtcagggt actacataac caataccatc ttctaagaaa aaacgaccaa caatctgttt	2460
tttacgctgt tgtaagacgc ggacaatccg cacttcttgg cgaccacgac ggtcaaaacc	2520
gctagggttg gcgaggacat agtcaccgtg cattactcgc tgcatttggc tgttgggtat	2580
aaaccaatcg ctgtctttac cttcgacttg taaaaaacca taaccatcac gatgacctaa	2640
tacggtccct ttaataaat ccagtttttc cggtaaagcg tagcgtttac gtttagtgaa	2700
aaccaattgt ccgtcatttt ccattcgctc taagcgacgg cgcatggctt cttgttggtc	2760
ttcattttga atagcaaagtg tggtcagtaa ttcttctttt gagatagggtg cattatgttg	2820
acgaattgta tcaagaataa attcgcgact tgggatcggg ttctcatatt ttgcgagttc	2880
ttcttgatag tttggatctt gcaaagtgtg attgtttttg atttttgcca taatgactcc	2940
ctttgagaat ggaaatacgc attcgtttta tgacctcaag tttgacactc tgatttgttg	3000
aaagcaagta aaaaacctgt tcgtgactga aacaatctgt actcgcggga tttgtcgtgc	3060
atgaaagcgt aaagacaaag caaatttcga 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 ggt gca tta aaa agc att gct gcg gtt ggt 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	

ES 2 535 961 T3

				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	ggg	4096			
Pro	Glu	His	Ala	Ala	Asp	Ile	Phe	Glu	Arg	Gly	Met	Val	Leu	Thr	Gly				
285								290				295							
ggc	ggg	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											
ggg	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							
ggg	ggg	ggc	gag	gca	tta	gag	atg	atc	gat	atg	cac	ggg	ggg	gat	att	4240			
Gly	Gly	Gly	Glu	Ala	Leu	Glu	Met	Ile	Asp	Met	His	Gly	Gly	Asp	Ile				
				335				340				345							

ES 2 535 961 T3

```

ttt agt gac gat atc taatatgatt taaaagtgcg gtgatattag accgcacttt      4295
Phe Ser Asp Asp Ile
350

tacttctctt ttattgctga caaggctagc ctaattcgta tatgaaacct atttttggaa      4355

aagcacctcc tttaggtctt cgcttaattc tggcgatttt agcatccatt gcattgattg      4415

tttcggacgg tcaatccaat gcgatgatta aagcacgcag tattatggaa accgcagtag      4475

gcgggctgta ttatcttgcc aatacaccga gaacggtatt ggatgggggtt tcagataatt      4535

tggttgatac caataaattg caaattgaaa accgagtttt gcgtgatcaa ctgcgtgaaa      4595

aaaatgcaga tttattggtg ttagatcaac tcaaagtaga aaatcaacgc ctgcgcttat      4655

tgcttaattc cctctacgt acagatgagt ataaaaaat tgctgaagtt ttaacggcag      4715

aaactgatgt gtatcgtaag 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 gggattttatt agtcacttct ggattaggtg      5015

ggcgtttttt agaaggttat cctgttgcca ttgtggaatc cgtatcacgt gatgggcaaa      5075

attattttgc tactgtaaca gcaaagccat tagcttcgat tgaacgttta cgctatgttt      5135

tgctttttatg gccgacgaat gaagagatgc gcaaagtcca gtctatttca cctgca      5191

```

<210> 42

<211> 351

<212> PROTEÍNA

5 <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

```

ES 2 535 961 T3

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

ES 2 535 961 T3

<210> 43
 <211> 2172
 <212> ADN
 <213> Pasteurella Multocida

5 <220>
 <221> misc_feature
 <223> pnp

<220>
 <221> CDS

10 <222> (1)..(1464)

<400> 43

acc cgc 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 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

ES 2 535 961 T3

Thr 145	Gly	Glu	Arg	Ser	Asp 150	His	Phe	Leu	Phe	His 155	Tyr	Asn	Phe	Pro	Pro 160	
tat	tct	gtg	ggg	gaa	acc	ggg	atg	att	ggg	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	ggg	cat	ggg	cgt	tta	gcg	aaa	cgc	ggg	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	ggg	tct	tct	tct	atg	gca	tcg	gtt	tgt	ggg	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	ggg	gta	cca	att	aaa	gcg	gcg	gtt	gca	ggg	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	ggg	gat	gaa	gat	cac	tta	ggg	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			
ggg	aca	cgt	acg	ggg	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				
ggg	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	ggg	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	ggg	aaa	ggg	ggg	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	ggg	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				
ggg	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	ggg	gca	gtg	1200
Met	Ala	Arg	Ile	Glu	Asp	Ile	Thr	Ala	Glu	Val	Glu	Ala	Gly	Ala	Val	

ES 2 535 961 T3

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 gagcatgagg tgatgggtgc gcaaattagc gaattgttac				1734
ttgttaaagg gttaaaaaaa gaagaacgtg cgattttaca ttttgagcga ggcgtgctgt				1794
acgatagctt aggattgtgg gcattggcgc gttatgattt tgaccaaaaca ttagcggtgt				1854
atccaaagtt ggcagcagcg ttttaattatt taggtttata tttattgtta gaggaagatt				1914
acagcgcatac tctagatata tttaatgtgt tgtttgaact tgatcctcaa tatgagtatg				1974
cattcctaaa tagagggcta aatttttatt acgtcggacg ttatgaatta gctcagcggg				2034
attttcttca attttatcaa gccgataaat cagatccata ccgcacttta tggctttatt				2094
taaatgaatt aaagcataat cctcaggatg cttctaaaaa tcttgctcaa cgagcaatgg				2154
ggctttctga tgaatatt				2172

<210> 44

<211> 488

<212> PROTEINA

5 <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		

ES 2 535 961 T3

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

ES 2 535 961 T3

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> ADN

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature
<223> purF

<220>

5 <221> CDS

<222> (2)..(631)

<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

ggg 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 ctg 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
Tyr Leu
          210

```

10 <210> 46

ES 2 535 961 T3

<211> 210
 <212> PROTEÍNA
 <213> Pasteurella Multocida

5 <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> ADN
 <213> Pasteurella Multocida

10

<220>

<221> misc_feature
<223> rci

<220>
<221> CDS

5 <222> (1)..(876)

<220>
<221> misc_feature
<222> (3084)..(3084)
<223> n e s a, c, g, o t

10 <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	ggc	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	tacttctttt	ttctaatagaa	actggggatg											976	
gaaagtcttg	gcgggtaata	atatgacgag	atgtgtaatt	gtaagaacga	ttaatcatga											1036	
tagaaatgtc	ttcaatacta	agaagaactg	gactatcttc	tttaagttga	gctaaggctc											1096	
caaacctcac	agagcgtagc	acttcatctt	gttgtttctt	tgttagagaa	atattttcca											1156	
tttttacctc	acttaaataa	aaaagccgtc	atggacggct	taataaagca	tttcgctata											1216	
cagttctttt	gaggtgtacc	caatategaa	cttgatttga	ttgttttggt	ttgcgatttc											1276	
cagtgtttct	tttcgatcaa	caaattcttc	gaagttggta	ataacaccct	gtttcttacc											1336	

aattagcgga tattgtgtac cgttctcaat agatttaatt tgtttacgca taaacatgtc 1396
atagtgtctc gcgccagtc ctaaataag ttcttttggt gtgtaatctt caagctcgca 1456
cgcagcgcag acgattaatt ctggacgac tccattttc ctatctccga gcatttttca 1516
tagcctcaaa ccaagcttgt gcgtctcctt cactgtaaaa taatgaaccg ctttctagca 1576
tttttctgtg cttatctcta ttagcatcaa aatagaatct aataattggt gagttacctc 1636
ttttaagac ctcttgattg tgggtgtgtg ttttgattgg agcgggcaaa gtaagcgta 1696
ctgttgggag tggttcttcc cacattccga ctatatcaaa tggattttct aaatgcggat 1756
atttgttatg ttcaaaaaa gaagatccat caatcgcca agaatttctc tcaaatgtg 1816
tcttgctctt gccaatgtga aatacacctt gatataagaa agtggtgaac ggaaagaact 1876
ttgaataatc agcagttaca taccctttac ttccatttct aagcacaact ggctcaccgg 1936
ttaatgcttt ttctaagtca aatgctttca ttttttactc tccagcttgc tcatcaataa 1996
gctcatcaat ccattctcga atttcagatt ggaaattttc taacgaatta ttttcattaa 2056
aataatctgc ttcttttaac ttactcaccg ctgttttact aaagcattta taaaaaagac 2116
gcttttcttc aaacaaatca tcttttgaga ttgcgcatac ttttctacg ccctctatac 2176
ttttgtcttg aataaaacta ttaaaaagaa cctcttcttg ctgcttggtt tctactaaaa 2236
tagaaatcgt atattttttt ggatattcca tttttaatcc tttcttttag ataacaaaaa 2296
accgcatttc tgcgggttatt ctgtgtattt atttaaaata ttacttatag ttccagcatc 2356
ttctaattgt aatttagaat agcttgaggt ctttttctt ttaacggcaa tctcaattc 2416
ttccagcttt aagctataca agtagtcttt ttatcttcta taaatacgac cgtacaccat 2476
tccggataat ttaccttctt cataccatt agataaattg atctttctat ctgcaccgag 2536
cactctaatt gttaaatatt ttcttccaat ttttaagact tcagcctcat gttcaatggt 2596
tgagcgcag agtggttcta aaaaatatac ggtatcgcca actttaagat ttttaatcca 2656
atctttattc ataaatcccc ttatacttcc ggtggcagtg gaagtgggtg ccaatgagtt 2716
actgaagata gatggttaagt acgaagagac ataaagaaaa catcatctcg ccacgcgatt 2776
tttatttccc ctctatctgt ataaatcaga atatctctc tctcactggg caatctatct 2836
tttactactaa tccagccatc atcttgcgaa aattccacaa tttctggctt ttcaagcacc 2896
aaatcagagc cgtaatcttc ttttctctct tccgtcaact gcttttctct gcagtcagcc 2956
ttgccaaagga cgacaccgta cagggcataa ggtaaatcat tcaacgcaaa atcctcatga 3016
tcacacatat catctcgcaa ctcatgagct tctactgcac catctaaaca actttgctta 3076
gcttgatnta atgtttcgtg taagttaacg atatgtatgt cattagatac atctactgag 3136
aaaaattttt tttctgttcc tatcatagtt aaattcctta ttcttttatt aatgggcgag 3196

ES 2 535 961 T3

```

gaatcgggttg ccagtgtgta acgttaatag ctagatcata aattggacca ttctgattta 3256
tagctaccca aaaatattca ccacagcaa tttctcttga tgcaattgcg taatgctcgc 3316
catattcacc ttcacaaaaa gcaatgactg gtgtttcaac ttctggtaac ttgtcatcaa 3376
cactaatcca gttgctatat tcccaatgaa aattaagctt ctcatagcca ttgatgactt 3436
gatctaacgc aggtcttaat tgggtttctc caacaataat atgtgttgtt atcttaatct 3496
ctgggattcc atctattact tcacaccagt ttttttcaat aaagtccaat ctttttttat 3556
ctgctaaaag actttcatat tctgcttttg tgattgttac tgtttctgtc atagttaaata 3616
tctcatgat aaattccatg tttatttacc ttttttctgg cacaaaaaa cagcgtattg 3676
cgtgctgtct tgattgatat aatcaattaa tctaagccca atccatttca taactggaac 3736
agccatactg ttccaattg ctttgtatcg tggagaatca gggcattcat ctattgattt 3796
gttgcgatat gggatttttag tgtaatcgtc tggaaatccc tgtaatcttt cacactcacg 3856
cggcgtagt tttctaaca ctgattctac tgataaagca acgcaaggaa cattattacc 3916
accagttccc attcttgctt ttaagggttg tgaaatatca tcgtgaatac gacaagcttc 3976
ttcaccccta acctcaaata gaatattttc caatcctcca tttcttccaa tgcaatgcgc 4036
tgtattttta gaaatgattg gatcttgtga accgtgaaca acaaaagttt cactaccgcc 4096
agcaagaact ccaccgcttg ctcttaatgt tcccgcaca tcggatttgc gatattgagc 4156
aaagcttgtc tcaataaagg cggcaatata ttttgccctgc 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
gggtggatagc acaccggaa cgttttccca cagagaatg cacggtgggtt tgttgtcatt 4516
gaatctaaca tagtcgatcg cttctaaaat ttttaattaaa actaacgtga gatttcctcg 4576
ctcatcgtct aaactttgac gattgccagc aactgaaaaa gattgacaag gaggaccacc 4636
aactaaaacg tctggtgccg gaatttcacg atctaataat ttctgttgca attcagtcac 4696
atcaccaaga ttgggaacgt tagggtaatg gtaagctaata actgcgcttg ggaattgctc 4756
aatctcagaa aaccagagtg gctctgcgaa tt 4788

```

<210> 48

<211> 292

<212> PROTEÍNA

5 <213> Pasteurella Multocida

<400> 48

ES 2 535 961 T3

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

ES 2 535 961 T3

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> ADN

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<223> sopE

<220>

10 <221> CDS

<222> (2)..(1195)

<400> 49

g ggc gat cta tgt ctg aaa ata tct aca tgg tgt caa agt cac aga atc 49
Gly Asp Leu Cys 5 Lys Ile Ser Thr Trp Cys Gln Ser His Arg Ile
1 5 10 15

aat caa gca att cgc aca att caa agt cta tca acc gca 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

ES 2 535 961 T3

Thr	Glu	Glu	Gly	Gln	Tyr	Thr	Gly	Leu	Lys	Ala	Leu	Leu	Ile	Ala	Lys		
		115					120					125					
aac	aaa	ttc	ggt	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		
ggt	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		

ES 2 535 961 T3

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 ctcggcgaag tcacggaagt gactcaacca aaattagcaa tgaaaatcga			1315
agaatttcgc gcgggcggta tgattggttc ggtggatgtc aatctcgggc ttgaaaagct			1375
cgaagcggaa tttaaagccg gtggctacat ggtcgaatta attaaaaaat tcggcgggtc			1435
aatcaacggc attccattgc gttttcttgg ctcatatcag cgtgatgaca cagaagaagt			1495
cacatctgtt gagcttgtga tgcaaggtcg atttactgaa attgacagcg gaaacagcaa			1555
agtgggcgat gacactgaac aaacattcaa agtgccttta acgtattaca aaatcattgt			1615
tga			1618

<210> 50

<211> 398

<212> PROTEÍNA

5 <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	

ES 2 535 961 T3

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
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

ES 2 535 961 T3

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> ADN

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<223> C1 desconocido

<220>

10 <221> CDS

<222> (1)..(351)

<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

15 <211> 117

<212> PROTEÍNA

<213> Pasteurella Multocida

<400> 52

ES 2 535 961 T3

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> ADN

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<223> C2 desconocido

<220>

10 <221> CDS

<222> (1)..(507)

<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

ES 2 535 961 T3

```

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
Glu Glu Asn Cys Phe Glu Tyr Tyr Asn Glu Arg Asn Glu Pro Thr Phe
      50              55              60

tct tcc ttt gga ttt gaa ggg ttt gag aca gag cgg tct agc gcc tct      240
Ser Ser Phe Gly Phe Glu Gly Phe Glu Thr Glu Arg Ser Ser Ala Ser
      65              70              75              80

ctt gaa aat ata tat gct cag tat att tat gat gat cca atc tat ggt      288
Leu Glu Asn Ile Tyr Ala Gln Tyr Ile Tyr Asp Asp Pro Ile Tyr Gly
      85              90              95

tat gaa cat gtg tat tct ttt ggt agt act ggc gag gga cat ttt atc      336
Tyr Glu His Val Tyr Ser Phe Gly Ser Thr Gly Glu Gly His Phe Ile
      100             105             110

tgt ttt gat tat cgt gat gat cca aaa ggt gat gaa ccc aaa atc tgt      384
Cys Phe Asp Tyr Arg Asp Asp Pro Lys Gly Asp Glu Pro Lys Ile Cys
      115             120             125

atc gtg att cac gat gaa tat gat gaa aaa aca ggg aaa atg cga ctg      432
Ile Val Ile His Asp Glu Tyr Asp Glu Lys Thr Gly Lys Met Arg Leu
      130             135             140

ttt cct ata gca gag aat ttt gaa gcg ttt tta gat agt ttg aaa tca      480
Phe Pro Ile Ala Glu Asn Phe Glu Ala Phe Leu Asp Ser Leu Lys Ser
      145             150             155             160

ttt gat gaa atg ata gag aag tat tcg ta      509
Phe Asp Glu Met Ile Glu Lys Tyr Ser
      165

```

<210> 54

<211> 169

<212> PROTEÍNA

5 <213> Pasteurella Multocida

<400> 54

```

Met Lys Asn Phe Arg Asn Ile Asn Ile Tyr Ser Asp Tyr Gly Lys Val
 1              5              10              15

Asp Lys Glu Ile Ile Leu Glu Phe Glu Asn Glu Phe Asn Ile Lys Leu
      20              25              30

Pro Ser Leu Tyr Ile Asp Leu Ile Thr Ala His Asn Ala Pro Lys Ser
      35              40              45

Glu Glu Asn Cys Phe Glu Tyr Tyr Asn Glu Arg Asn Glu Pro Thr Phe
      50              55              60

Ser Ser Phe Gly Phe Glu Gly Phe Glu Thr Glu Arg Ser Ser Ala Ser

```

ES 2 535 961 T3

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

<210> 55
 <211> 443
 <212> ADN
 5 <213> Pasteurella Multocida

<220>
 <221> misc_feature
 <223> C3 desconocido

10 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(441)

<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		
ggt	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		

ES 2 535 961 T3

```

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> PROTEÍNA

5 <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                     80

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> ADN
 <213> Pasteurella Multocida

5 <220>
 <221> misc_feature
 <223> C desconocido
 <400> 57

gaattcgaat taagcgagaa aattgctgaa acactagaac aaagtcaatt aaatattagt	60
caattatcaa ttgttgaaat ttatcctttc aatgaagaac aagggatacg ttttcataat	120
aaaagtgtgg tacaacttaa accagaagag gtggaatggc catcaatcca ttatcctttc	180
tttgctggcg atattcagca agtcgctcat ctgcgaaaag ccgcagaaat gggttgcgtg	240
gtgattgata tgaaagggat ttgtgccagc ttgcaagacg tccctgtggc gataccggga	300
gtaaatcagg aaaaattggc agatttacgt cagcgtaata ttgtgtcctt agccgatcca	360
caagtgcac aacttgcat agtcacgccc tcgttgatgt caaatcacga aatcaaagac	420
attgccgtaa cctcggtatt acctgcacat tatactaacg gagaaacggc aggtaaatta	480
gcgggacaaa cagcgcgatt gttaaatggc attccacttg atgaaggcga acaacgttta	540
gcttttgatg ttttccttac gctgcacgct catttaata tgcaaattca caagatcttt	600
ccacaattag ataatgtcgt atttcattct atccaagtgc ctgttttcta cgggatgggg	660
caaattggtg gcgtattatc ggattatgca ttagatcctc aatcttgctt agcgagctgg	720
actgacaatc cggtgatgac ttatcatgca gaaaaatatt gcacccagc gacgaatggc	780
gaacaggaaa tggcagaaga gcaagcagca aaattacata taagtgggtt aagtgcgggtg	840
gaaaatggtc tacaattttg gtcggttgca gatgaacagc gctttaatct tgctttattg	900
agtgttacgc ttgcagagtt aatttactcg caaggttatt aatttaaatg tgtttttgca	960
cgatattttt atcttgaact ttgagagcgc actcgttttt gacgagtgcg tttttgttaa	1020
aacattcgtt tgaaagacag tgaatgaata gcggagttat tgataagaat caatttatac	1080
aaaagcaact gaatgttatt aatcgaggca ataaacctat tgatagtttt agtggcgcc	1140
ataatacata aactgtactt aataatatgc aatcaatacc tagaaatatt catgacgtaa	1200
tccaacatat cggggagggg attttaagtg atggtagaaa aaacatttag aaatctaaaa	1260

ES 2 535 961 T3

atatatgatg attatgggtc tgtctctcag gaaattattt ttaattttga aaaagagttt 1320
 gatataaaac tccctttatc ctatatctca cttgtgaaaa agtataatgg cgtttggttt 1380
 aaggaaaagtg attttgaata tttatctcaa aatgggaaaa gaataataag ctcatagagt 1440
 tttgatagtt ttgagacaaa agataatatc gaaccaatga ataatatatt aagacaatat 1500
 atttatgatg atgaaattta tggatataag aatgtttatt cctttgggta cactggaaat 1560
 ggtgactttg tctgttttga ttatcgtgat gacccaaaag gtgatgagcc caaaatctgt 1620
 atcgtgattc atgatgaata tgatgaaaaa acaggcaagc gtttggttatt gcctgtggca 1680
 gaaaattttg aggcattttt agatatgctt tacgattttg atgaacgcta tccgaatggg 1740
 tatgaatagg tattttgttta aataatgtgt tgtatttttt aagcattatt tacaactaac 1800
 attttaagtg cggctcaattt tgaaaaagtt ttgggctttg agaattgggc gcattttttt 1860
 tgaaatattc ttcaatgatg agcactaatt atggattaga taatgggaat tatcgagata 1920
 tggatggtaa taaaggatgg aggctagatt ttgatcctga gaaagttggt catgtaaata 1980
 tttttgactt tactaaaggt aaaggactag gtaaaagcagt taaaaagtca ttctttttga 2040
 tagtactgaa caagagtttg aaaaatttta aagcaattaa ataaggaaga taaaatgaca 2100
 ttatttgatg aatgtaaatt agctcttaga gacgatttta atctaatttg tgatgaagag 2160
 aaggattgtg taatggataa gttttatttc tatttcttgg aaaagaaaga ggaatttaat 2220
 tttcaagatt attcatttga agaaatgtat atattttcaa aaatggaacc tgtgtatggt 2280
 ttatgtgata gctctaatat acctttgttt aggagtaatt ggggaattgat tatcaataat 2340
 atatatgatg ttgtctgttt atctacaaaa gtattttttc tagatgatga aaagttaatg 2400
 atggaattat ttctgaaga taaagtaaga gtcactata aaagataatt accccttgat 2460
 cgcgctcgtg tcagcacgag ttgcgtttca ttaaagctct cgttaaagac tagcactagc 2520
 agtgagggtg atcgtaatca atttactgaa gaacagttaa ttaaaattaa taagaggctt 2580
 gataaaatag agggatttac atggcatcat aactcacaaa gtagtcccca aaatatgtag 2640
 ttaataccta caccaattca taaggctggt cagcatatag gtgaaggcgc ttttaagtga 2700
 ggaaagtgat aaaatgaaaa attttaggaa tataaatatt tatagtgatt atggaaaggt 2760
 tgataaggaa attatattag aattcgaaaa tgaatttaat ataaagcttc cttctttata 2820
 catagattta attacggcgc ataatgctcc gaagagtga gagaaattgct ttgaatatta 2880
 caatgagcgt aatgagccca cgttttcttc ctttggattt gaagggtttg agacagagcg 2940
 gtctagcgcc tctcttgaaa atatatatgc tcagtatatt tatgatgatc caatctatgg 3000
 ttatgaacat gtgtattctt ttggtagtac tggcgaggga cattttatct gttttgatta 3060
 tcgtgatgat ccaaaaggtg atgaacccaa aatctgtatc gtgattcacg atgaatatga 3120

tgaaaaaaca gggaaaatgc gactgtttcc tatagcagag aattttgaag cgtttttaga	3180
tagtttgaaa tcatttgatg aaatgataga gaagtattcg taatgtctcc gttcatatct	3240
catagcgatg ctctctcccc tgattttatg gaaattttgt tttaaattagg agggcactaa	3300
aatgaaaaaa ttttatttaa tttttttatt attcctaagt ggatgttttt atcatgatgg	3360
atgtatctat actcctcaga tggtaaattg ttttgttgat aaaggagata tatttccatc	3420
aatatctcgg tatcaaaagc cttatagtct aggaaaaacc aattcagaac agcgttgga	3480
ggatgttatg ttttgtggag gtaaatatgg tgattataaa ttagagaata taaaaacagt	3540
ggaacaatcg gataaattac atcattgtat gacccaaaaa gggatatatcc atttaactcc	3600
cgcagaatgt ggataccaaa atcctaaatg ggataaaggc gtttghtaatt tataagtgtt	3660
ttggatttta ctttacgaat tttttttgaa aaaagttacc gcaggatatgt ttttaatcaa	3720
agcccagggtg gcgcttggtg gatgtgttat tcgcatagta gttattatgc ggaagtgcta	3780
aatgaattca ttattaaaaa tggaattaaa gagcgtaatt agcaccgttt gcggtgagtg	3840
atttaatttc tctgatgtt atggaaatat ttttaagtt aggaggtgat taggatgaaa	3900
aagttgttat tgttcagttt attattactt ttaaattggat gcctatatcc ttttgaagag	3960
gagtgtttta gaccgttaat tcagggtggg tcactctgctt gtcataagaa taaaggagat	4020
atatttccat caatagcacg tttccaaaaa gtagagaaca tcggaaaaac tgatgccaa	4080
caacgttgga aagatgcggg tgattgtgga agtaagtatg gcgatgaaga tttaatatat	4140
ataaatgata ataatttata tagcattttt cactcctgta tggttaaaaa aggatataaa	4200
aagtttcatc ccgcagaatg tgataccaa aatcctaaat gggataaggg tatttghtaat	4260
ttataagtgt tttgaatttt actttacaaa ctttttttga aaaatgttac cgctggtatg	4320
tctgttttta gggataaaga ttcgttcatt ttcttttaaat ttaggcacgg tataaaagag	4380
cttgattatc aaataataat atcgtgttcg tgtccacacg agtagggttt gattaaagta	4440
ctcctcaaaa gcgagtgcta gctgtgggg aaacgggtgg aaagaaagta aagagtatat	4500
aaaccaattg accgcataac gtgcggtcaa tttctaagat ttatgagttc cagaaaaata	4560
gaccgaaaag tgcggtaaag gggtaacgaa acacaaaaaa taaaaatatg acagcaagct	4620
gtgtcattaa accccagaaa aaaacttgac cgattgttgc actgctgaaa atggcaaaaa	4680
gtaagccgat ttcatagggg agcattgcaa taaaccagat taatccactt ggatgatcac	4740
ttttcattac ggactcctta tttatggctg ataacttaac acttgtattg aaaattaaag	4800
cagattttaa caatgcgttg agcgatttta aagcgcttaa aacggaattg caacgcgcag	4860
gcgtggagtc tatcagtaag taactcgcca gtttttgcaa tcatttatca tattcacaaa	4920

gccgtaatgc atattggaga aggttaagtg taagtgaagg aagataaaat gaaatttaga 4980
 catTTtTggca tttattatga ttatggcgta gtttcccaag agattatTTt agattttgag 5040
 gaaacgTTtg gtattaaatt accaaaattg tatattgagt tgatcacaaa acataattcc 5100
 ccaagattga atagagatca tttcaattat tatgatttct ctacgagtga ggaagaagga 5160
 acggaattta tattcaaagg atttgaaaca gaaagtaata ggcatgcgcc gccagaaaat 5220
 atttatgcac aatatcttta tgatgatgaa atatatggtt atgaacatgt gtattctTTt 5280
 ggcagtaccg ctagtggTga ctttgtctgt tttgattacc gagataatcc gaaaggcagt 5340
 gaacctaaaa tttgtctTgt gattcatgat gaatatgatg aagaaacagg caagcattta 5400
 ttgtttcctg tggcagaaaa ttttgaggta tttttagata tgctttacga ttttgatgaa 5460
 cgctatccga atggttatga ataggTattt aaataatgta ttgtattTTt taagcgTtat 5520
 ttaataacgt ttttaagtgcg gtcaatttca aaaaagtTTt gctttgagga attgaccgtt 5580
 tttgtatcat ggatatgatg tgagcaattg atatcctgtt tgtgttaact ggcatgtggt 5640
 aaagcattcg tcaaagacga gctctagtgg tgagggacta atcatgaatg aactattgga 5700
 cttttataga aatataactt tttttgaaga atatgatgaa aactcattca taggaagatg 5760
 gcttgattac tcggaatgga atgataaaga atattggaaa ttagagaaaag atttactgaa 5820
 aattgctcaa atgtatagaa ctactaatga agtttttcca gatattttta taggggttat 5880
 gcgtatcatt gaattattaa tgatacctaa ctggaatagt tttataatat ctaattcaga 5940
 aagtgttgat atttatgata gatatgaacg atttaaatat ataatttcaa tacttttcaa 6000
 taataaagat gttagactag atggcttttc atatacagaa aagaatgatg atgtatttta 6060
 taatgaatag aaaaattaaa agtaagctaa tttgtagaaa taataaaagt ctcgcttgta 6120
 tttttcttt gagatcgtgc ttgagtccac acgagtgcta gctgtaggca gagtgtcttg 6180
 gtgattataa aaagttaagg atagtattgt tgatatgaaa gaaaagacta aatattcaat 6240
 ggggaatcaa agtgataaaa aataaatttt atatttcttg gttaggattt tcaatatcat 6300
 tatatgtttt gcttttatgt agagatttgt tttattctct ttatatgttt tttattatga 6360
 tgtatttgTc ttaaaatttt cttttaagga ggcgtttttt actatcttta tttttattgt 6420
 gctatgtttc attattcatt attcattatt cattattcat tattcattat tcattatttt 6480
 atatataaat atggtaaaag gtctgaatgc caaaaaaga aaccattaag tgaaaaatgta 6540
 acatacaata aaaggtagta ggaataaata aatatattag aataacagaa tgataaaata 6600
 tttagagggga aatattaact cgtttatata gccattaggt aaaaacgaaa gtaataaaga 6660
 tatttttaaaa ttagtagaaa tagtttcttc agattttgaa gtggatgaac taagtcataa 6720
 agatgaacac gagatatatt atttgtttta taagaggggt gttgaatttt gttttaaaag 6780

ES 2 535 961 T3

```

aatagatgaa gagtatgtct tatattcggg tttctttttc ttggtagagg ttgataatta 6840
tttttcatgc ccattttattc atgaattaat atgtgatctt aaacacggat tctcaataga 6900
ggatattata aggttttttag gggagccaaa ttttaaagggt agtggctggg taagatattc 6960
ttataatgga agaaatattc atttcgaatt taatgaatct aatgaattat cccagattag 7020
cattttttatt taataattta ggattgggaa cgctctcgtg ttcacacaag tgcggtttga 7080
ttaaagcact tgtcaaaggc gagatccagc tgtgggagat ttgatagaga aatggctctc 7140
aggattgacg ttagtagagg gagcataaat caagaaaaaa catttaaaat aggaacatta 7200
ggtggtgagt aatggaaatc actcgtttta aaatcctact tattgccttg attatattag 7260
gtaatgggta tgtgtttctt ggtggaccag ctaaaaaaca attcgtata gaagcagaaa 7320
caaggcggat ttatcgtact ttaacgaaag aaattatttt tatgaatgga gaatataaac 7380
aatttgagg gcgagttatt caaggattta ctttagtcat ttctttttct cattcaagta 7440
cagaaaaccg cattaaagatt ttagaaaaaa ttaaagagat gggatttgat tcaaaaaata 7500
aaacatcaaa accgagtctt catctttttt gtcaaggaga aagtggtttt ttgatcgag 7560
aaaaacctga atttagaata gattatgaga aaaagatgac ttattgtttg gagtagcaaa 7620
ggaaggcaat gataagtgtg ttttctaatac agatttaatt taagtattaa agtgcggtca 7680
attttgaaaa cgttttactt tgaaaaattg accgtttttt tacatgagag agtgaaagta 7740
caccacctta ggcaatgtgg ttgtggataa ggtgattaag gaatacccaa atgggggtta 7800
tgaagcgagg gtgctgatcc ctaaccgaa agcgaaaacc gatcctgatg cgccgaaatt 7860
tttgagagaaa aggggaaatg aagggtgtatc cacaatgttt ccaagaacat ggacagagga 7920
taggttgaaa gtggagttag agcatgcgtt taataataga gtaccaatgg aaaagtttga 7980
aaataaatgg gaaggataa caaaatcagg cgtgaaagta gaatgggttc tggatagaaa 8040
tggtaaagtg ttgactctat tttgttaatt ttctgtgtct ttttgtaaaa aataagttgt 8100
tgaaataaca tttttctcta taatcaaatc ttaatgataa ttaatatcat taaataagaa 8160
tggtacttta gatgaggatt atatgaaaga tttatcaaaa atgacctgcc ttgaagactt 8220
acgccgtgtt gcgcaacgta aagtgccaaa aatgttttat gactatgtag tttcaggatc 8280
ttggagcgaa agcacattgc atgccaaccg taatgatattt caagcaatta agctacgtcg 8340
acctgtggcg attttgccca tttctgcatt cagctctgca attcgtcgtt tgtgctgttc 8400
tggtgcgcg ccaagctctc ttgtcgactt gccttttcta attgggcttg ttgctcccaa 8460
taacgtgagg tcgccacatc cactttacgt agtgttga 8498

```

<210> 58

<211> 5798

<212> ADN

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc. feature
<223> D1 desconocido

<220>

5 <221> CDS
<222> (2686)..(4446)

<400> 58

```

gtcgacaaga ataaaacgaa acagcaaata gaattagaat tactacttat taacaataat      60
ccttttttaa agattctagc tgttttagat aaaaatatac gtgtgaagct tttggtcaca     120
ttattattat caggcctata ttatttataa 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 acaggatcct 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 aatgagggtta tttccaaatg ttttttaa ataccaagaa     720
aatcgttttt gttagtttag ctttatctgt cgttggttgt tctaccatt ctcagcaagg     780
catgacacag aaaagtatgt catctgaaac aataacggca aaagagactt tatatgaaag     840
tacgcaaaat tattcggcac tcatttcact gtatcgcgat gtgttgaaag ccaaagaaga     900
tccttcaata cgctataaat tagcgaagac atactatcag cgaggtgaca gcaaatcttc     960
tttactttat ttaacgcat tactgaatga taatacgaag cttgctacac aagcgaaaat    1020
attacagata aaaaatctaa ttcaattaaa taatttccaa gaagcaattt ctgtcgcaaa    1080
tgaactctta ttaaaatcac ctaatgaagg agaagtatat aatttaagag gtatcgctta    1140
tgcgcaaaat ggaatttggt tgaatgcccg aaatgatatc aataaagcaa gagagtcttt    1200
tattaatgat aatgttgcta ttaataattt agccatgcta aatattatta atggcgattt    1260
taataatgct gtttctttac tgttgccaca atatttaa atggcgttaaga attctcgatt    1320
gattcataat cttgtttttg ctttagttaa aaatggtgat cttgattatg caaaagatat    1380
cattgttaaa gagcgtttaa atacttcacc agatgattta attaatgcat tgaaaaaaac    1440

```

ES 2 535 961 T3

tacacatgta tcaaaagggtg taactcggta acactaagga tttgatatga aaaagtttct	1500
atcaaatata aaaggaacct cgtcaattga atttgctttg acgatagcgt tctattttatt	1560
tgttgtgatg tttatttttg aattttgtcg attagcgggtt gcgacagctt attgggattt	1620
agctataacg gaaagtgtca gaattgcgaa gaatgaacaa gcaatttctg gaaattatga	1680
agaagcattt aggaaagctc ttacaaagca aaaaaaattc catgatgaat cgacaattgg	1740
atatttggcg ttgttagaag ataataaatt tgatgtaaaa gtccaatatg tggattgtga	1800
taaagaaaacg gaatgtatta aaaatcttct gcttaataaa tttcgccaac cacaaaaaaa	1860
tcataaagga gagttaatct ctctacggg gagtcgcgcg actttagcac aatattcttt	1920
aacttataaa tataagttaa tgggtgccgtt agtatatttatt cctgagtctt ggtctcaagt	1980
agtgctgaac cgtgaatttg ttgttgtaca 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 tgctcatat acattagtta	2280
gtattctccg tgaacgtaca cagttgtacg atagagttgc acaaattaat attgatgatc	2340
ataagcaatt tgaagagctt gctaagaaac tgatttatgg tgatcagaat agtaataaaa	2400
ggatcgatgt tgttttagaa tattgggcac aagacgggtc tggacggagg attccaaata	2460
tcattggcga ttgtacgcct taaaaaaac tttctgattt atcctattta tctctcgcct	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	

ES 2 535 961 T3

gct gaa aac aat gac tac cga gaa aat aaa aaa cat ggt gat gtt aat Ala Glu Asn Asn Asp Tyr Arg Glu Asn Lys Lys His Gly Asp Val Asn 70 75 80	2937
cgg caa gta gta tcg cct caa gac aaa gca aaa ttt ggt ggt aat gaa Arg Gln Val Val Ser Pro Gln Asp Lys Ala Lys Phe Gly Gly Asn Glu 85 90 95 100	2985
ttt atg gcg aaa caa gaa aag cgt aat caa gag ctt atc cag ggt att Phe Met Ala Lys Gln Glu Lys Arg Asn Gln Glu Leu Ile Gln Gly Ile 105 110 115	3033
gcc aaa ctt tat tta cgt tca gaa aat gcg aat gct tca tct gat gca Ala Lys Leu Tyr Leu Arg Ser Glu Asn Ala Asn Ala Ser Ser Asp Ala 120 125 130	3081
cca atc act att gat aaa cct ttt cat tat tca tgt gag gag tta gat Pro Ile Thr Ile Asp Lys Pro Phe His Tyr Ser Cys Glu Glu Leu Asp 135 140 145	3129
tta cct aca gct aat gag tat gca cgt cgt aaa cct att gtt tgt gaa Leu Pro Thr Ala Asn Glu Tyr Ala Arg Arg Lys Pro Ile Val Cys Glu 150 155 160	3177
gtg caa ggt ggc gtc aat cgt aaa ttt tgg ctt cct gtc agt gaa tcg Val Gln Gly Gly Val Asn Arg Lys Phe Trp Leu Pro Val Ser Glu Ser 165 170 175 180	3225
tta gtt agt gaa gat aaa ctg aaa aaa gat cga gtt aga ctg gaa tcc Leu Val Ser Glu Asp Lys Leu Lys Lys Asp Arg Val Arg Leu Glu Ser 185 190 195	3273
gat acc agt tat gcg att aaa gaa aaa ggc atc gtg att cct gtg gag Asp Thr Ser Tyr Ala Ile Lys Glu Lys Gly Ile Val Ile Pro Val Glu 200 205 210	3321
cta atg ctt gtt tcg gat tat tct ggt tcg atg aat agt cat tta cag Leu Met Leu Val Ser Asp Tyr Ser Gly Ser Met Asn Ser His Leu Gln 215 220 225	3369
gat aaa aac ggt aga tct cta gga aaa gct aaa att act att tta aga Asp Lys Asn Gly Arg Ser Leu Gly Lys Ala Lys Ile Thr Ile Leu Arg 230 235 240	3417
gaa gtg gtt agt gaa att tcg aaa att tta ttg cca gaa gat gtt agc Glu Val Val Ser Glu Ile Ser Lys Ile Leu Leu Pro Glu Asp Val Ser 245 250 255 260	3465
gaa ggt gtg agc cct ttc aac cgt att ggc ttt acg act ttt tct ggc Glu Gly Val Ser Pro Phe Asn Arg Ile Gly Phe Thr Thr Phe Ser Gly 265 270 275	3513
ggt gtt aga caa cgg gat gtc act gaa ggc tgt gtg ctt cca tat gaa Gly Val Arg Gln Arg Asp Val Thr Glu Gly Cys Val Leu Pro Tyr Glu 280 285 290	3561
gga aaa ata tca caa act tct cga aaa tta act att cgt tat tgg att Gly Lys Ile Ser Gln Thr Ser Arg Lys Leu Thr Ile Arg Tyr Trp Ile 295 300 305	3609
acg ggt aat aat aca cct tgg aaa ttt aat gct ggg aga tgg gag aga	3657

ES 2 535 961 T3

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 tat 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	

ES 2 535 961 T3

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 tggtatttca aataagcaat aaccatggta ctgagaaaga agatgagtgc			4716
cgtaataaag tagaagcgat ttttcttttg gctgaaaggt ggtgtagcc ttttccggt			4776
aaagaaaata gtagcaacgg caatataaag ggcgataaag agcattttgt aaatgaacca			4836
tggtgttaca ttttgctgaa aaagaagaaa tagcccaatt cccgaacaga acaacagcgt			4896
atcacttaag tgcggtaaga tttttaatac ttttctgtct cgccaatttt tgccgtgttaa			4956
ttgcatcatg ccacggataa taaatagact gaggctgaga aaggcacagg caatgtgtag			5016
ataaataaga taatatgcca tcgatttttt tcctaagata aagaaagcag tagcgaggct			5076
actgctttaa aataatatcg tatttagtga atgaatttaa ctttctgcgc tttcgaccgc			5136
actttcgctc gcatcactct caatgtcttc ttcacgcaca tcacaaacga gttgtaatcc			5196
aaccagtgtt tcaactttcac ttgttcggat gagacgtact ccttgtgtat ttcgaccgat			5256
aatattgatt tcgtttacgc gagtacgtac tagcgtaccg gcatcagtaa tgagcataat			5316
ttgatcgctt tctcaactt gtgttgctgc aacgacttta ccgttacgct cactcacttt			5376
aatcgagatc acgccttttg tggtacgtga tttagttggg tattccgcta attcagtacg			5436
tttaccataa ccgttttgtg tggcgggttaa aatggcgcct tcattttttg gaataacaag			5496
tgacacgact ttatcaatat tgagatccaa ggcatcatta gtattctcat cagagatctc			5556
ttccatateg accgcacttt catcatccga caaatcattc gttaacgcca gtttaatacc			5616
gcgtacacct gttgctgcac gcccacatggc 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> PROTEÍNA

5 <213> Pasteurella Multocida

<400> 59

ES 2 535 961 T3

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

ES 2 535 961 T3

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

ES 2 535 961 T3

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> ADN

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<223> D2 desconocido

<220>

10 <221> CDS

<222> (698)..(1468)

<400> 60

```

gtcgacaaga ataaaacgaa acagcaaata gaattagaat tactacttat taacaataat      60
ccttttttaa agattctagc tgtttttagat 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 cacaagcgtt acaggatctt tcgatctcat tgccaacaac agaaataaga    480
atgttttgta ctgttttaca acagagttta aattttgggtt cttcaattta ttctcactta    540

```

attcagttgt ctgcagatat cagggagata caattattaa tcattgagga aaagtttaggt	600
acattatcag ctaaaatgag tatccatttg 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	

ES 2 535 961 T3

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 ctcgtaatt gaatttgctt tgacgatagc	1548
gttctattta tttgttgtga tgtttatttt 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 aatttcgcc	1848
accacaaaaa aatcataaag gagagttaat ctctcctacg gggagtcgag cgactttagc	1908
acaatattct ttaacttata aatataagtt tatggtgccc ttagtattta ttccctgagtc	1968
ttggtctcaa gtagtgctga accgtgaatt tgttgttgta caggaatttg agcgttctca	2028
atttatgtta ggagcaaaac caagttctct tgggacgaat ccatagaaaa tttactcatt	2088
atttcgagct atatatgaaa gagtcaggtt tagttaaatt caagcatttt tggaaaaata	2148
aaaagggcgc agtgacgata gagttccttt ttatgtcaat gtttctgatt gtgctatttg	2208
catttctctt cgatttagta atgttacgtt ctacattagg caagtttagat aatgcctcat	2268
atacattagt tagtattctc cgtgaacgta cacagttgta cgatagagtt gcacaaatta	2328
atattgatga tcataagcaa tttgaaaagc ttgctaagaa actgatttat ggtgatcaga	2388
atagtaataa aaggatcgat gttgttttag aatattgggc acaagacggt tctggacgga	2448
ggattccaaa tatcattggc gattgtacgc cttacaaaaa actttctgat ttatcctatt	2508
tatctcctcg ctccagaactc aataatgaaa gaaaaatacc gctttatcaa attactcttt	2568
gtgttgaaac tcagggcttg tttgaaacaa tattactgga taagtctgag cgttcaacgg	2628
ggctgattag atcatcgtca atgtcagtat cagcataaat tctcgttagg gaactttatg	2688
aaaaaacttt atttaattcg ttcttgctat gattcagtc gaaaatttta tgagaatgag	2748
ctaggtgttt atacagtaat gactgcatta ctacatttc cattattagt tttgattgga	2808
tttacggttg atggaactgg ggttgtgctt gataaagcac gtttagctca aggaatggat	2868
caagctgctt tagcttttgt tgetgaaaac aatgactacc gagaaaataa aaaacatggt	2928
gatgttaatc ggcaagtagt atcgccctcaa gacaaagcaa aatttggtgg taatgaattt	2988

atggcgaaac aagaaaagcg taatcaagag cttatccagg gtattgccaa actttattta	3048
cgttcagaaa atgcgaatgc ttcattctgat gcaccaatca ctattgataa accttttcat	3108
tattcatgtg aggagttaga ttacctaca gctaattgagt atgcacgtcg taaacctatt	3168
gtttgtgaag tgcaagggtg cgtcaatcgt aaattttggc ttctgtcag tgaatcgta	3228
gttagtgaag ataaactgaa aaaagatcga gttagactgg aatccgatac cagttatgcg	3288
attaaagaaa aaggcatcgt gattcctgtg gagctaattgc ttgtttcgga ttattctggt	3348
tcgatgaata gtcatttaca ggataaaaac ggtagatctc taggaaaagc taaaattact	3408
attttaagag aagtggttag tgaaatttcg aaaattttat tgccagaaga tgttagcgaa	3468
ggtgtgagcc ctttcaaccg tattggcttt acgacttttt ctggcggtgt tagacaacgg	3528
gatgtcactg aaggctgtgt gcttccatat gaaggaaaaa taccacaaac ttctcgaaaa	3588
ttaactattc gttattggat tacgggtaat aatacacctt ggaaatttaa tgctgggaga	3648
tgggagagaa gtacagtgtc ttccaggag cattataaag gctattatga caaattccat	3708
tcttcaactt gtagaggctc agggagctct agaactgtc aaattgatgc aaatcctaag	3768
aaaattatgg attatgcact aaaaattaat gactggacga caattagaga attatttaat	3828
acttatatag atgtaagtgg gacgattgac caaatttccc agtttgatgg ttcaaacaga	3888
cgttatgata tgggtgtttac tgatgaagaa cgggtgtctg gcggaaatat tggtagaaga	3948
acaactcgag cttggtttga tcaaaaaaat aaagatatta caagagagtt gaatattggt	4008
cgtccttctg gttggacttc tgcattctcg gggcttcttg ttggagctaa tatcatgatg	4068
gacgagaata agaattctga tgcgcaacct tcgaaactcg ggacaaatat tcaacgtggt	4128
atcttagtat tatctgatgg tgaagataac tggccaactt atagtacatt aacgactctt	4188
ttaacaatg gtatgtgtga caaaattcga gaacaattgg gcaagttaca agatccaaat	4248
ttacgagagt taccaggaag aattgcgttt gttgcgtttg gctatagtcc accagcaaac	4308
caagttgccg cttggaaaaa atgtgtaggt gatcaatatt atacggctta ttcgaaagaa	4368
gagttgtag atagtttcaa acaattatt ggatttgaag aagagggtgg gcgttcttca	4428
tctcataaac cgaaatttta agattgtcca aggataacgc taaaaaatct cttagcacag	4488
gctaagagat ttttttatgt gtttttcaaa ttttatctac tgggtgatttt aattcattac	4548
ataacataac ttttctgtga ataatacaga atagacaaca ataagaatta aaacgctcaa	4608
ggcatagagg cttagtcgaa caaactaagc tattttgcgc gattgattgg gatatagatg	4668
ttatttcaaa taagcaataa ccatgggtact gagaaagaag atgagtgccg taataaagta	4728
gaagcgattt ttcttttggc tgaaagggtg tgtagcctt ttctcgctaa agaaaatagt	4788

ES 2 535 961 T3

```

agcaacggca atataaaggc cgataaagag cattttgtaa atgaaccatg ttgttacatt 4848
ttgctgaaaa agaagaaata gcccaattcc cgaacagaac aacagcgtat cacttaagtg 4908
cggtaagatt ttttaatactt ttctgtctcg ccaatttttg cctgttaatt gcatcatgcc 4968
acggataata aatagactga ggctgagaaa ggcacaggca atgtgtagat aaataagata 5028
atatgccatc gatttttttc ctaagataaa gaaagcagta gcgaggctac tgctttaaaa 5088
taatatcgta tttagtgaat gaatttaact ttctgcgctt tcgaccgcac tttcgctcgc 5148
atcactctca atgtcttctt catcgacatc acaaacgagt tgtaatccaa ccagtgtttc 5208
actttcactt gttcggatga gacgtactcc ttgtgtatct cgaccgataa tattgatttc 5268
gtttacgcga gtacgtacta gcgtaccggc atcagtaatg agcataatct gatcgttttc 5328
ctcaacttgt gttgctgcaa cgactttacc gttacgctca ctcaacttaa tcgagatcac 5388
goccttggtg ttacgtgatt tagttgggta ttccgctaatt tcagtacggt taccataacc 5448
gttttgtgtg gcggttaaaa tggcgcttc attttttggg ataacaagt acacgacttt 5508
atcaatattg agatccaagg catcattagt attctcatca gagatctctt ccatatcgac 5568
cgcactttca tcatccgaca aatcattcgt taacgccagt ttaataccgc gtacacctgt 5628
tgctgcacgc cccatggcac gcacagcatt ttactaaag cgaactacac gtccttgtgc 5688
ggagaagagc atgatttcat ttgaccatc ggtgatatcc acaccgataa gttcgtcttc 5748
atcacgcaag ttgagtgcga taatgcctgt tgaacgagga cgactgaatt 5798

```

<210>61

<211> 257

<212> PROTEÍNA

5 <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

```


ES 2 535 961 T3

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
145 150 155 160

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
225 230 235 240

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> ADN
<213> Pasteurella Multocida

5

<220>
<221> misc_feature
<223> k desconocido

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(600)

10

<400> 62

ES 2 535 961 T3

gtc aac act ggg cta att cac agt aac ggt aat gcc aag ctc act ttt Val Asn Thr Gly Leu Ile His Ser Asn Gly Asn Ala Lys Leu Thr Phe 1 5 10 15	48
aaa gat gac acc agt ttt gtg act gaa gga aat aac ttt atc aca gca Lys Asp Asp Thr Ser Phe Val Thr Glu Gly Asn Asn Phe Ile Thr Ala 20 25 30	96
aaa gac aac tta gaa atc acg gca aaa aat gtt caa att gat caa gcg Lys Asp Asn Leu Glu Ile Thr Ala Lys Asn Val Gln Ile Asp Gln Ala 35 40 45	144
aaa aat att caa tta aac gcg aat atc acg atc aat acc aag tct ggt Lys Asn Ile Gln Leu Asn Ala Asn Ile Thr Ile Asn Thr Lys Ser Gly 50 55 60	192
ttt gtg aat tac ggt acc tta gca agt gct caa aat tta acg att aat Phe Val Asn Tyr Gly Thr Leu Ala Ser Ala Gln Asn Leu Thr Ile Asn 65 70 75 80	240
acc gaa caa ggc agc att tat aac ata ggc ggt atc ttg ggg gcg ggt Thr Glu Gln Gly Ser Ile Tyr Asn Ile Gly Gly Ile Leu Gly Ala Gly 85 90 95	288
aaa agt ttg aat ctg agc gcg aaa aga gga gaa aac caa gga gga tat Lys Ser Leu Asn Leu Ser Ala Lys Arg Gly Glu Asn Gln Gly Gly Tyr 100 105 110	336
ctt att aat caa ggt aag agt cta ctc cat tct gaa ggc gcc atg aac Leu Ile Asn Gln Gly Lys Ser Leu Leu His Ser Glu Gly Ala Met Asn 115 120 125	384
ctc aca gcg gat cgc acg gtg tac aat tta ggg aat att ttt gct aaa Leu Thr Ala Asp Arg Thr Val Tyr Asn Leu Gly Asn Ile Phe Ala Lys 130 135 140	432
ggt gac gcg acg atc aat gca aac gcg tta att aat gat gtt act ctc Gly Asp Ala Thr Ile Asn Ala Asn Ala Leu Ile Asn Asp Val Thr Leu 145 150 155 160	480
aca ggt cgt ctt gag tat caa gat ctg aaa aaa gat tat acg cgt tat Thr Gly Arg Leu Glu Tyr Gln Asp Leu Lys Lys Asp Tyr Thr Arg Tyr 165 170 175	528
tat cgt atc aat gaa acg gca aaa cat ggt tgg cat aat aac ttc tat Tyr Arg Ile Asn Glu Thr Ala Lys His Gly Trp His Asn Asn Phe Tyr 180 185 190	576
gaa tta aac gtc gac aga gtt tct tgatttggtgc atcaattttg taaccaccgg Glu Leu Asn Val Asp Arg Val Ser 195 200	630
ttaataaaac accagcaatt tcaacgccat tcatggcaga taatgccgct gcgacgatca	690
catcaggacg atccgcggaa gtgacaagta aacttccaac gcggaaatgt tccaccatat	750
tggtcaaatt acgtgcacag aaagtgatgc cacgaatgcg acgttcattg atcgcgcctt	810

ES 2 535 961 T3

```

catgaataat ggcagcacct aaatgtttgg ctaaataaat ggcacgagtc gcaattaatt      870
ctgcgctcca aggaatacat gccaaagattt taattgggct tttctcaaat aaatgataaa      930
tctcagatac ttgattttgt gtgtgttga aagaatcaaa aatttctgcc aagtcagggc      990
gagtacgacc agattcatca atcggcgcat taaatttatt gatcacaaca ccaagtaaatt    1050
tagggttatt tttgctgcca aataatgagg ctgcggcttt gatgcgttct ttgagttctg    1110
ccggtgtttc cgctcgccgt gctgcaacaa gaatgatttc cgcacaaagt gcttgagcaa    1170
tttcatagtt aatgctattg gcataagaat gcttacgcgt agggattaaa ccttcacca    1230
cgacaatttc attgtttttg gcgagttgtt gatgattttc aacaattttt tctagtacca    1290
catcagattg attttgaccg atgagtgatt cagctacact taacataaat gggtcactgg    1350
tttcaatggg ggtactgggt cgaataattg atgttgtgct atcaatcata tcttcacctg    1410
agttcggctg agaaattggg ttcataaagc cgactttcgc ccctttttgc tccagtgcatt    1470
gtgttaaacc taagctgaca ctggttaagc ctacaccagc actaatcggg ataaggataa    1530
ttgtacgtga cataataaac cctaattttg tgataattta tacaaaaaga aactgccgat    1590
gaatcggcag ttaattgatc tttacgcgat gcaaaggcgc gcggtatctt gtgcaataac    1650
aagttcttca ttcgttggga tcaccatggc aacaggcgta ttgtctgctg taatcacccc    1710
ttcatgacca aagcgagccg ctttgttttt atctgaatcc acttgataac cgaacagttt    1770
taaattggttt aaggttga                                     1788

```

<210> 63

<211> 200

<212> PROTEÍNA

5 <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

```

ES 2 535 961 T3

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> ADN

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<223> o desconocido

<220>

10 <221> CDS

<222> (108)..(278)

<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

ES 2 535 961 T3

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
40 45 50

agc aaa agg gga cat agt 278
Ser Lys Arg Gly His Ser
55

<210> 65

<211> 57

<212> PROTEÍNA

5 <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

10 <212> ADN

<213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<223> P desconocido

15 <220>

<221> CDS

<222> (1)..(597)

<223> P desconocido

<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 ggc 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

20

ES 2 535 961 T3

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	
ggg 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 cgg 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 aaaatggcctt taccacgcaa	627
Phe Ser Asn Arg Leu Ala Ser	
195	
acttaaattg atgaatttaa tcatcgacgg taacaaatat ctggcggaag tcacggaagt	687
gactcaacca aaattagcaa tgaaaatcga agaatttcgc gcgggcggta tgattgggtc	747
gggtgatgtc aatctcgggc ttgaaaagct cgaagcggaa tttaaagccg gtggctacat	807
ggtcgaatta attaaaaaat tcggcgggtc aatcaacggc attccattgc gttttcttgg	867
ctcatatcag cgtgatgaca cagaagaagt cacatctgtt gagcttgtga tgcaaggctc	927
atttactgaa attgacagcg gaaacagcaa agtgggcgat gacactgaac aaacattcaa	987
agtgccttta acgtattaca aaatcattgt tga	1020

<210> 67

<211> 199

<212> PROTEÍNA

5 <213> Pasteurella Multocida

<400> 67

ES 2 535 961 T3

```

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> ADN
 <213> Pasteurella Multocida

<220>
 <221> misc_feature
 <223> xyla

<220>
 <221> CDS
 <222> (1042)..(2286)

<400> 68

ES 2 535 961 T3

gtcgaccagc ttagatTTTg cgacgggggtt aatttcttct atcgTTTcaa tcattgcgtt	60
taccattatt ttatggaatc tctctggacc gatgaccatt gccaatattg aaattcctca	120
cgcgatggtc tttttggtct ttatttacgt gctgttttagc agtattgtgg catttaaaat	180
cggtcgcccg ttaattcagc tcaattttgc caatgaacgc ttaaacgccca actaccgtta	240
ttcacttatc cgtctgaaag aatatgctga aagcattgct ttttatcgtg gtgaaaaaat	300
ggaaaaacgt ctattgacca cacaatttaa tcaggtgatt gataacgttt ggcaagtaat	360
ctaccgcacc ttgaaattat ccggttttaa cttaatcatt acgcagattt cggtgggtttt	420
tccgctgggtg attcaagtga cacgttatTTt tCGtCGacaa taggtgcata tgagggtggt	480
agaatagcga tactttctgt tggaaaagta aactctTTaa tataaataga aatcgcttga	540
atgattctcg ggcaaaaaat aatgtactca tttgcgatct catactgata atggcgaagt	600
aaatatcttc ttacaatatt atggtaatta tcaggttaata ccgtatagcc atagattcca	660
gttctatTTt gttttgctaa ataattgatg agcatttgag gcgcaggtaa atccatatct	720
gcaacagaca ttgaaatcat atccttgccg tattttacgag taattgccca tttagcacta	780
tgacaatctg atctatcagt aaaaacatca aacaaattat ccgtcataca tgttctccaa	840
tattggattt atataaactt tagaacttga ggtagattgt tgggaattgtt aaatctggta	900
tttctattac gttttttctt ttttgtgata taagccacaa taaccaataa tcttaattgt	960
taagtgaaat 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	

ES 2 535 961 T3

tca tta gca ggt gca aaa caa aaa gca gat atc gct ttt gaa ttt ttc Ser Leu Ala Gly Ala Lys Gln Lys Ala Asp Ile Ala Phe Glu Phe Phe 75 80 85 90	1311
agt aaa tta ggc ata cct tat tat tgt ttt cat gat gtt gat gtt gcg Ser Lys Leu Gly Ile Pro Tyr Tyr Cys Phe His Asp Val Asp Val Ala 95 100 105	1359
cca gaa ggt cat tca ttt aaa gaa tat ttg tgg aac ttt aat aca atg Pro Glu Gly His Ser Phe Lys Glu Tyr Leu Ser Asn Phe Asn Thr Met 110 115 120	1407
atc gat gtt tta gcg cag aaa caa gaa gaa aca ggc gtc aaa ttg ttg Ile Asp Val Leu Ala Gln Lys Gln Glu Glu Thr Gly Val Lys Leu Leu 125 130 135	1455
tgg ggg act gca aat tgt ttt aca cac cct cgt tat atg tct ggt gct Trp Gly Thr Ala Asn Cys Phe Thr His Pro Arg Tyr Met Ser Gly Ala 140 145 150	1503
gca aca aat ccg aat cca gaa att ttt gct tgg gct gct gca caa gta Ala Thr Asn Pro Asn Glu Ile Phe Ala Trp Ala Ala Ala Gln Val 155 160 165 170	1551
ttt act gcc atg ggg gca act cag cgt tta ggt ggt gaa aat tat gtt Phe Thr Ala Met Gly Ala Thr Gln Arg Leu Gly Gly Glu Asn Tyr Val 175 180 185	1599
ttg tgg gga gga cgt gaa gga tat gaa acg tta tta aat acc aat tta Leu Trp Gly Gly Arg Glu Gly Tyr Glu Thr Leu Leu Asn Thr Asn Leu 190 195 200	1647
aaa cag gag cga gag caa att gga cgt ttc atg caa atg gtg gtt gag Lys Gln Glu Arg Glu Gln Ile Gly Arg Phe Met Gln Met Val Val Glu 205 210 215	1695
cat aaa tat aaa atc ggt ttt aac ggg act ttg ctg att gaa cca aag His Lys Tyr Lys Ile Gly Phe Asn Gly Thr Leu Leu Ile Glu Pro Lys 220 225 230	1743
cca caa gag cca acg aaa cat caa tat gac tat gat gtg gcg acc gtt Pro Gln Glu Pro Thr Lys His Gln Tyr Asp Tyr Asp Val Ala Thr Val 235 240 245 250	1791
tat ggc ttt tta aag cag ttt ggt tta gaa aaa gaa att aaa gtg aat Tyr Gly Phe Leu Lys Gln Phe Gly Leu Glu Lys Glu Ile Lys Val Asn 255 260 265	1839
att gaa gct aat cac gca aca tta gct gga cac act ttc cag cat gaa Ile Glu Ala Asn His Ala Thr Leu Ala Gly His Thr Phe Gln His Glu 270 275 280	1887
gtc gcc atg gct aca gcg tta gat att ttt ggt tct att gat gca aat Val Ala Met Ala Thr Ala Leu Asp Ile Phe Gly Ser Ile Asp Ala Asn 285 290 295	1935
cgt ggt gat cca caa tta ggt tgg gat acc gat caa ttc cct aat agc Arg Gly Asp Pro Gln Leu Gly Trp Asp Thr Asp Gln Phe Pro Asn Ser 300 305 310	1983
gta gaa gaa aat act ttg gtc ata tat gaa att ctc aaa gca ggg ggc	2031

ES 2 535 961 T3

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 cggtttacgc cagacatcta gacgattgaa	2326
Leu Thr Lys Val Leu	
415	
taatttcaat attgtctccg cacgtaattc aaaggctttg tgtatgtgcg aatgatattc	2386
acaacaaaagt tctgcaaaat cttgaattgc gtgaggtaat ttaaagcgct gacataagcg	2446
tcttgtcggc atgacaccag ctttttcatg tccataatga tgtggcaata tttcttttgg	2506
tgttaaggct tttcctaaat catgacaaat tgcagcaaaa cgtaccgcac ttttgtcact	2566
gtccgtgttt tctgtcga	2584

<210> 69

<211> 415

<212> PROTEÍNA

5 <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

ES 2 535 961 T3

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

ES 2 535 961 T3

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> ADN
 5 <213> Pasteurella Multocida

<220>
 <221> misc_feature
 <223> yabk

10 <220>
 <221> CDS
 <222> (298)..(1905)

<400> 70

gaattcgagg aagggggcgt attacaaatt gaaacggctg cacgtgtagc acaacatgat	60
aatgcctgtg cggatcattt ccttgccttt ttacttcata cagaagcaca agggcattta	120
gtcaagaata atgtgatgtt accggtgatt aataccaata ttgaaccgca ctttgatgcc	180
cttagagcca cccaaatgaa cacgaaagtg ctcgatacct caaaagtgaa tgccgaacaa	240
gtcaaaaaat ggattgctgt ttggcaaacg accctaaccc 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

ES 2 535 961 T3

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	ggg	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	ggg	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	ggg	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	ggg	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	ggg	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	ggg	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	

ES 2 535 961 T3

275	280	285	
aaa tta tgg caa cgt atg atc att gtg tgt gcg aca gta ttt atc tta Lys Leu Trp Gln Arg Met Ile Ile Val Cys Ala Thr Val Phe Ile Leu 290 295 300			1209
tta ccg cta ctc aat acg cta gtt tct gct ttg ctt tcg tct cag ttt Leu Pro Leu Leu Asn Thr Leu Val Ser Ala Leu Leu Ser Ser Gln Phe 305 310 315 320			1257
ttt acc ttg tgg tta caa cct caa tta tgg aaa gca tta ggt tac tcg Phe Thr Leu Trp Leu Gln Pro Gln Leu Trp Lys Ala Leu Gly Tyr Ser 325 330 335			1305
ctc acc atc gcc ccc act tct gca ttg ctc gct tta gta ctg tct ttt Leu Thr Ile Ala Pro Thr Ser Ala Leu Leu Ala Leu Val Leu Ser Phe 340 345 350			1353
gcc tta tta ttg ctt gcc aga gaa tta cat tgg cga cat tat cgc agc Ala Leu Leu Leu Leu Ala Arg Glu Leu His Trp Arg His Tyr Arg Ser 355 360 365			1401
tta tcc cat gtg att tta aat atc ggt gcg acc att tta gcc att cca Leu Ser His Val Ile Leu Asn Ile Gly Ala Thr Ile Leu Ala Ile Pro 370 375 380			1449
acg tta gtg tta gct att ggt tta ttc att tta tta cgt gag atc gat Thr Leu Val Leu Ala Ile Gly Leu Phe Ile Leu Leu Arg Glu Ile Asp 385 390 395 400			1497
ttt tct cca tac cat ctt ttt ggg gtt gtg gta tgc tgt aac gcg tta Phe Ser Pro Tyr His Leu Phe Gly Val Val Val Cys Cys Asn Ala Leu 405 410 415			1545
gct gct atg cct ttt gtg ttg cgt att ttg gct tta ccg atg cat aac Ala Ala Met Pro Phe Val Leu Arg Ile Leu Ala Leu Pro Met His Asn 420 425 430			1593
aat atg att tat tat gaa aaa tta tgc caa tca ctt aac ctg cgt ggt Asn Met Ile Tyr Tyr Glu Lys Leu Cys Gln Ser Leu Asn Leu Arg Gly 435 440 445			1641
tgg caa cgt ttt cga ttg att gaa tgg cac aag ctt cgt gcg cca atg Trp Gln Arg Phe Arg Leu Ile Glu Trp His Lys Leu Arg Ala Pro Met 450 455 460			1689
aaa tac gcc ttt gca ctg gct tgt gcg tta tca tta ggc gat ttc acc Lys Tyr Ala Phe Ala Leu Ala Cys Ala Leu Ser Leu Gly Asp Phe Thr 465 470 475 480			1737
gca atc gcg tta ttt ggt cag gct gac ttc aca tcg tta ccg cat ttg Ala Ile Ala Leu Phe Gly Gln Ala Asp Phe Thr Ser Leu Pro His Leu 485 490 495			1785
ttg tat caa caa ttg ggg cat tat cgt agt cag gaa gcg gca gta aca Leu Tyr Gln Gln Leu Gly His Tyr Arg Ser Gln Glu Ala Ala Val Thr 500 505 510			1833
gcg ttt att tta ttg gtt ttt tgt ttg agt gtt ttt atg att att gaa Ala Phe Ile Leu Leu Val Phe Cys Leu Ser Val Phe Met Ile Ile Glu 515 520 525			1881

ES 2 535 961 T3

```

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 tctgtctcaa caaaaagttg ctattattgg 1995

cgccagtggc gcaggaaga 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 cctttttctg ccttagatcc cgatttacgg gcagaaatgt tgcatttatt 2415

gttacagttg tgtgatgaaa aaaaattaac actcctgac gtgacacatc aagtgaacga 2475

attacagcag aaaatggatc gtatgattcg ttttgaacat ggtaggatga gtgagtcac 2535

cattttgaag gataatttta acgaaaaaca gaccgcactt taggcggctt attaattaga 2595

taaggaaaga gaaaaatatg acaacggcaa cggcatttga gattcgtaca cttactcctc 2655

accgcacctt agaattattg tctgtgtgta aaattgaagc cctgtttgag accccttttt 2715

tagattttgt 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 tgtggtacct ttggtttatt gcaagatggg atggcagaag 3075

atttaaaaga agcgggtttg gattattata accataatct cgatacagcc ccagaacact 3135

acggtaatgt gattggtacc cgtcaatttg atgacgtat taatacgtta ggtaaagtgc 3195

gtaaagctgg cttaaaagtg tgctgtggcg ggattattgg catgaatgaa acccgtaaag 3255

aaagagcagg attaatgct agcttagcta atttagaccc gcaaccgaa tcgggtgccga 3315

ttaatcaatt agtgaaagtg gaaggtaccc ctttagccga tgcggcagaa ttagactgga 3375

cagaatttgt gcgcactatt gcggtggcgc gtattaccat gccgaaaagc tatgtacgtt 3435

tatcagcagg gcgtcaaggc atgtcggaag aaatgcaagc catgtgcttt atggctggcg 3495

cgaatt 3501

```

<210>71

<211> 536

<212> PROTEÍNA

<213> Pasteurella Multocida

5

<400> 71

ES 2 535 961 T3

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
210 215 220

ES 2 535 961 T3

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

ES 2 535 961 T3

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> ADN

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<223> ygiK

<220>

10 <221> misc_feature

<222> (452)..(452)

<223> n es a, c, g, o t

<220>

<221> CDS

15 <222> (1544)..(2809)

<400> 72

```
aactactaag gagttatgta tgaatattag aaaatcatta ctattaatat ccctagcaag      60
cttcatgtca ctttcagttt cagctgcaga aattaatttg aaatttgaaa gttcgaattt      120
tgcaggagaa aaagtttatg aaatccaaaa agaatggact gacaatattg aaaaagcttc      180
caatgggaga ataagtatag agttattacc tctcgactca gtcttaaaat ctagtgacat      240
gctttctggt gttcgaaata aaattattga tggagcgggt gcaacagcgg caatgtatgc      300
aggcactgac cctggattcg gattaattgg tgatactatt tctgcttgga accatgacga      360
agatatttta aatttttact ataatggagg tggttttgaa gttgttgata atattttcca      420
acaatatggt gccaaactca ttggtgtatc anttacggga gcagaatcat taccatcgaa      480
agtaaaaaata gctaatactg aagattttta aggtataaaa attcgggctc cctctggtcc      540
tatccaaaaa ttgtttgcaa gattaggagc cgctcctggt ggtcttcctg gttcagaaat      600
ctatactagt ttagaaaaag gtattattga tgctgccgat ttctcaacgt ttgcaaataa      660
```

tcaagcaciaa ggagtcacatg atattgcaaa atatccaatc tatccgggaa ttcattcttc	720
accagccgtt catatgatta tgaatcataa aacttgaggt agcttaactc catcggtatca	780
agcattctta attgcttact ttaaagggtat ggctctcgat actctgactc gtgctcatta	840
tgaagataaa ctagcatata aagaagcact tgagaaagga gtacaaccag tttcttgtaa	900
tcaacaagaa attacaaaag ttcgttctat cgctaaagaa atttggcaag agatagctca	960
acaatctgaa ataggtaatc aagtattatc aagtattaat gaaattccta gaatctcaag	1020
gaatgctgca ataatcgtca agatggataa gacgatatcg tcttatccat taaggagtaa	1080
aacatgctta tttctaaata tttattatgg ctctgtaata agctagatca aatattcatt	1140
aaagtaggtt attacgtttc ttatattttt ctattagttg ttatcattgg ttttacgagg	1200
ttgttgctcg gtattttatc tctagcccaa cactttgggt tcatgaagta acaacatttt	1260
taataagtct atcattactt tatggtggag tagcttggtta cgccagtaat aaacatattg	1320
ccatgacatt tattagacaa aaattacctc ataagatcaa atgggttacta gaactcttag	1380
ttgaaatact tatttttate ttctttattt tgcttagtta cggagcatac ttatcagcta	1440
gagaagcatt atttactcca tcaggaaaat tcaaaatgca aacttctgga agtgtattag	1500
acatgccatt tccagcaatt gaaaaaagtt 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 Ser 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	

ES 2 535 961 T3

atg cga gtc att ggc ggt cga tta cga ggt gga att gca att caa tcg Met Arg Val Ile Gly Gly Arg Leu Arg Gly Gly Ile Ala Ile Gln Ser 120 125 130	1939
atg ttt gtt gca gtt cta ctt gct acg atg tca ggt att atc ggt gga Met Phe Val Ala Val Leu Leu Ala Thr Met Ser Gly Ile Ile Gly Gly 135 140 145	1987
gaa act gtt tta tta ggc atg ttg gca tta cca caa atg tta cgc tta Glu Thr Val Leu Leu Gly Met Leu Ala Leu Pro Gln Met Leu Arg Leu 150 155 160	2035
ggc tat aat aaa aac tta gct ata gga act gtt gta gca gga gga gca Gly Tyr Asn Lys Asn Leu Ala Ile Gly Thr Val Val Ala Gly Gly Ala 165 170 175 180	2083
ttg ggt aca atg gtt cct cca agt atc gtg ttg att att tac gga atg Leu Gly Thr Met Val Pro Pro Ser Ile Val Leu Ile Ile Tyr Gly Met 185 190 195	2131
acc gca aat gtt tct att gga gaa cta ttt ctt gca gca att cca gcc Thr Ala Asn Val Ser Ile Gly Glu Leu Phe Leu Ala Ala Ile Pro Ala 200 205 210	2179
tcc tta cta ctt tct aca ttc tat att tta tat att cta gta ctt tgc Ser Leu Leu Leu Ser Thr Phe Tyr Ile Leu Tyr Ile Leu Val Leu Cys 215 220 225	2227
tac ttc aaa cct agc tat ggc cct gca atg cct agc tca gaa aat cat Tyr Phe Lys Pro Ser Tyr Gly Pro Ala Met Pro Ser Ser Glu Asn His 230 235 240	2275
aca tta acg aaa gaa gat att aaa aaa att att cat gat att gca att Thr Leu Thr Lys Glu Asp Ile Lys Lys Ile Ile His Asp Ile Ala Ile 245 250 255 260	2323
cca gta gct atc gcc aca tgg att tta gga agt att tat ggc ggg ata Pro Val Ala Ile Ala Thr Trp Ile Leu Gly Ser Ile Tyr Gly Gly Ile 265 270 275	2371
gca tca atc act gaa tct gcc tgt gtt ggt gta gtt ggg gta ata tta Ala Ser Ile Thr Glu Ser Ala Cys Val Gly Val Val Gly Val Ile Leu 280 285 290	2419
gca gca ttc tat cga aaa gaa tta aat ttc aaa ata gta caa gaa tca Ala Ala Phe Tyr Arg Lys Glu Leu Asn Phe Lys Ile Val Gln Glu Ser 295 300 305	2467
cta aaa cat aca atc aat act gtt ggt atg ata atc tgg gtc ggc att Leu Lys His Thr Ile Asn Thr Val Gly Met Ile Ile Trp Val Gly Ile 310 315 320	2515
ggc gca aca atg att ata ggt att tat aat cta atg ggt ggg gac cga Gly Ala Thr Met Ile Ile Gly Ile Tyr Asn Leu Met Gly Gly Asp Arg 325 330 335 340	2563
ttt ata gct aac tta ttc gct agc tta gat gcc tct cca att tat act Phe Ile Ala Asn Leu Phe Ala Ser Leu Asp Ala Ser Pro Ile Tyr Thr 345 350 355	2611
atc att att atg atg gtt att tta tta ata ctt ggt atg ttc tta gat	2659

ES 2 535 961 T3

```

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 tagtaaact tgcgcgatac gaataaacgc attgatggca ttgctccgt      2859
Thr Phe

tttgtggatc gactgccgca tgagcagatt tgccaaaaaa ttcaattaca tacttcccaa      2919

tcccttttct ttcgttaacg tttccactta gattgccag aagccgatct gtctgaatgg      2979

gaacaagtgt tataccaaga agcgaatcca acaggtgaag tggatgatcgg tatggtgggt      3039

aaatacactg aattaccgga tgcctacaaa tcggttaatg aagccttgaa acacgcaggc      3099

ttaaaaaacc gtcttagcgt gcaaatcaaa tatattgatt cacaagatgt ggaaacaaaa      3159

ggcacagaag tgtagaagg cgt                                          3182

```

<210> 73

<211> 422

<212> PROTEÍNA

5 <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

```

ES 2 535 961 T3

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
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
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
Trp	Val	Gly	Ile	Gly	Ala	Thr	Met	Ile	Ile	Gly	Ile	Tyr	Asn	Leu	Met	325	330	335

ES 2 535 961 T3

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> ADN

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<223> yhcJ

<220>

10 <221> CDS

<222> (463)..(936)

<400> 74

gttaacacac catgattaat gatgccggtt gaagccactg caacgtaatc gaattgtccg 60

gcatacaaag caagaatggt ggccagtgtg tcatgcatcg cattggcagc atcagcttgt 120

ggcgttgcaa tctgttggcg ttgttctatt ttgccgtctg ttacaatagc cgaggcaatt 180

tttgttccac caatatctaa tgctaaacag cgcataggct ctccttctgt gatgacttat 240

tttgccgatt tgacggcatc ggcaaaccag cttacgatat gttcgaggcg agtcagcgca 300

gacccatagg tgacagagta agcaccaatc tcaattgcgg ttttcgccaa ttctgggggtg 360

ttatagcgcc cttctgccat cactcggcag ccagcagcat tcaaattctt gactaactga 420

taatccgggtt 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 tct 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 tct 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 tct 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 tct 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 taatcttaga attaaaaaat aacaacccaaa ataataaaaa	1016
tttgagatct ttgtcgcata tttattcata gggaatagac agcttaattt tagttatgat	1076
ttgtcaatcc ttgtatttt ttgtgtttgc tggtttgcca tacactgttc taatattgct	1136
ttgagcactt gataaccttg ctcatataaa tgtaatccgt cggtaaaaag gcgtaaatcc	1196
agttcaccgt tagaatcaca aaagtatttt tgtgtttcaa cgtaagtcac gtctgacgga	1256
caatgtttgtt taaataggt attgagcctg tgaatttgtg cgtagtgac cgtattaatc	1316
tgattgaccg gtgtggcttc taataaaaag tagtgggacg taggagaaat ggtgtgtagg	1376
tgagtcagaa tgtcatttaa ctatcgcatg acttgcccg gtgaatacgt ttcttcctta	1436
caaatatcat tgacgcctaa aaaaagaaaa acagattgtc caagttgttg aatccgttta	1496
ggtttaacga taacatccaa atattgtcgc gtactgacgc cagaaagtcc taaattggcg	1556
acggtttgtc ccgctaattg aggtgtgcct gctacctgtt cgtcccacat gtcaaaaagt	1616
gaatgaccaa ttaagctgat attggcaggt ttggaaaatt ccgccatttt gctctgatag	1676

ES 2 535 961 T3

```

cgttgataaa tatcctgata acttagcatg tgtggacctc tattttgaaa taaaacgcta 1736
agtattatat aaaacctgat atgccggtaa acagtaaact tatcttccgt aggggtaaat 1796
attcaatttt gtgacgaacc tatcatttat gaaataaaac ttcattttct atataaaaaa 1856
tagttttttc actttagaat gccaaacgtg tgaaatttat ttcacatca ttttaacgta 1916
atcccaacgt aaccaataga ggagaactca taatgaaatt taaaaaacta ctacttgcat 1976
ctttatgttt aggtgtttca gcttctgtat ttgcagcaga ttacgatctt aaattcggta 2036
tggttgccgg tccaagctca aacgaatata aagcagtaga attctttgcg aaagaagtga 2096
aagaaaaatc caatggcaaa attgatgtgg ctattttccc tagctcacag ttaggtgatg 2156
accgtgtgat gattaaacaa ttaaaagacg gtgcattaga ctttacgta ggtgaatcag 2216
cacgtttcca aatttacttc ccagaagcag aagtatttgc gttgccttat atgattccta 2276
attttgaaac ctctaaaaaa gcgttgctcg acacaaaatt tggtaagggt ttattgaaaa 2336
aaattgataa agagttaaac gtacaagtgt tatctgtggc gtataacggt acacgtcaaa 2396
caacttctaa ccgtgcaatc aacagcattg aagacatgaa agggttaaaa 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
atttacaaaa agtggttaaa gatgcagcag cgaaagccgc tgaatatcac actaaactct 2756
tcgttgacgg tgagaacagc ttagttgaat t 2787

```

<210> 75

<211> 158

<212> PROTEÍNA

5 <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

```

ES 2 535 961 T3

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> ADN

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<223> yiaO

<220>

10 <221> CDS

<222> (1949)..(2785)

<400> 76

gttaacacac catgattaat gatgccggtt gaagccactg caacgtaatc gaattgtccg	60
gcatacaaaag caagaatggt 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
gacacctacgg tgacagagta agcaccaatc tcaattgagg ttttcgcca ttctggggtg	360
ttatagcgcc cttctgcat cactcggcag ccagcagcat tcaaattctt gactaactga	420
taatccggtt cagctggaat ttcaccgcca gtataaccag acatggtgct accaataatt	480
tctacccta agttgtggca atacatccct tcttcaaat tagaacaatc cgccatggct	540
aaacaacctt attctttgat tcgtttaata atggcttcac gtgtagttgg acggacgcga	600
tcggtaccat caaaagcaat aatatcggcg cctgctgcgg ctaactcttc aatgtcttgt	660

aaaaatgggc taatacgaac gggactgtca ggtaaatcgc gtttaacgat accaataatc	720
ggtacattga cgacggttacg cgtggctttt aaattttcga tcccttcaat acgtaacccg	780
gcagcaccac cgataacgga tgcttgccgc atggcgccaa caattttctgg cgagtccatt	840
ggcccattat ctacgggctg gcaagatgcg attaagccat atttaatttg ttctaaaact	900
tgccgatgtg atagttttga catattaact ccagtctaaa tttatcaaaa gaagattgac	960
tccaatttgc atagggttaat cttagaatta aaaaataaca accaaaataa taaaaatttg	1020
agatctttgt cgcataattta ttcataggga atagacagct taattttagt tatgatttgt	1080
caatccttgc tattttttgt gtttgctggg ttgcgataca ctgttctaatt attgctttga	1140
gcacttgata accttgctca ttaaaatgta atccgtcggg acaaaggcgt aaatccagtt	1200
caecgttaga atcacaaaag tattttttgtg tttcaacgta agtcacgtct gacggacaat	1260
gttgttttaa atagggtattg agcctgtgaa tttgtgcgtt agtgaccgta ttaatctgat	1320
tgaccgggtg ggcttctaatt aaaaagtagt gggacgtagg agaaatgggtg tgtaggtgag	1380
tcagaatgtc atttaactat cgcatgactt gcgcgggtga atacgtttct tccttacaaa	1440
tatcattgac gcctaaaaaa agaaaaacag attgtccaag ttgttgaatc cgtttagggt	1500
taacgataac atccaaatat tgtcgcgtac tgacgccaga aagtcctaaa ttggcgacgg	1560
tttgccccgc taattgaggt gtgcctgcta cctgttcgtc ccacatgtca aaaagtgaat	1620
gaccaattaa gctgatattg gcaggtttgg aaaattccgc cattttgctc tgatagcggt	1680
gataaatatc ctgatcactt agcatgtgtg gacctctatt ttgaaataaa acgctaagta	1740
ttatataaaa cctgatatgc cggtaaacag taaacttata ttccgtaggg gtaaatatc	1800
aattttgtga cgaacctatc atttatgaaa taaaacttca ttttctatat aaaaaatagt	1860
tttttcactt 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	

ES 2 535 961 T3

60	65	70	
atg att aaa caa tta aaa gac ggt gca tta gac ttt acg tta ggt gaa Met Ile Lys Gln Leu Lys Asp Gly Ala Leu Asp Phe Thr Leu Gly Glu 75 80 85			2212
tca gca cgt ttc caa att tac ttc cca gaa gca gaa gta ttt gcg ttg Ser Ala Arg Phe Gln Ile Tyr Phe Pro Glu Ala Glu Val Phe Ala Leu 90 95 100			2260
cct tat atg att cct aat ttt gaa acc tct aaa aaa gcg ttg ctc gac Pro Tyr Met Ile Pro Asn Phe Glu Thr Ser Lys Lys Ala Leu Leu Asp 105 110 115 120			2308
aca aaa ttt ggt caa ggt tta ttg aaa aaa att gat aaa gag tta aac Thr Lys Phe Gly Gln Gly Leu Leu Lys Lys Ile Asp Lys Glu Leu Asn 125 130 135			2356
gta caa gtg tta tct gtg gcg tat aac ggt aca cgt caa aca act tct Val Gln Val Leu Ser Val Ala Tyr Asn Gly Thr Arg Gln Thr Thr Ser 140 145 150			2404
aac cgt gca atc aac agc att gaa gac atg aaa ggg tta aaa tta cgt Asn Arg Ala Ile Asn Ser Ile Glu Asp Met Lys Gly Leu Lys Leu Arg 155 160 165			2452
gta cct aac gcg gca acc aac ctt gct tat gca aaa tac gtg ggt gca Val Pro Asn Ala Ala Thr Asn Leu Ala Tyr Ala Lys Tyr Val Gly Ala 170 175 180			2500
gcg cca aca cca atg gca ttc tct gaa gtt tac ctt gcg ctt caa aca Ala Pro Thr Pro Met Ala Phe Ser Glu Val Tyr Leu Ala Leu Gln Thr 185 190 200			2548
aac tct gtg gat ggt caa gaa aac cca tta ccg aca atc caa gca caa Asn Ser Val Asp Gly Gln Glu Asn Pro Leu Pro Thr Ile Gln Ala Gln 205 210 215			2596
aaa ttc tat gaa gta caa aaa tac tta gcg tta act aac cac atc tta Lys Phe Tyr Glu Val Gln Lys Tyr Leu Ala Leu Thr Asn His Ile Leu 220 225 230			2644
aat gac caa ctt tac tta atc agt aac gat acg ttg gca gat tta cca Asn Asp Gln Leu Tyr Leu Ile Ser Asn Asp Thr Leu Ala Asp Leu Pro 235 240 245			2692
gaa gat tta caa aaa gtg gtt aaa gat gca gca gcg aaa gcc gct gaa Glu Asp Leu Gln Lys Val Val Lys Asp Ala Ala Ala Lys Ala Ala Glu 250 255 260			2740
tat cac act aaa ctc ttc gtt gac ggt gag aac agc tta gtt gaa tt Tyr His Thr Lys Leu Phe Val Asp Gly Glu Asn Ser Leu Val Glu 265 270 275			2787

<210> 77

<211> 279

<212> PROTEÍNA

<213> Pasteurella Multocida

5

<400> 77

ES 2 535 961 T3

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	240

ES 2 535 961 T3

Asn Asp Thr Leu Ala Asp Leu Pro Glu Asp Leu Gln Lys Val Val Lys
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> ADN

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<223> yigF

<220>

10 <221> CDS

<222> (908)..(1294)

<400> 78

ctgcaggctc gattagtg	ggg gcaccgaaag	aaaaaacctg	gcaaattatt	cacgccgcag	60
aacagcagcc acgcggttat	tacacgggga	tttttggtct	gttcgatggt	gagtcgttac	120
aaagtgcggt ggcaattcgt	tttattgagc	aagtggacga	gaaattgatt	ttccgcagcg	180
gtggcgggat tacgatctta	agcgagctag	aagacgagta	ccaagaattg	atccaaaaag	240
tgtatgtacc agtaggataa	gcgatgacat	ttcctttatt	tgagacgac	gctattgtga	300
acgggtgaaat tcagcacctt	gccctgcac	aacaacgtta	tgccgcaagt	ttggcgacct	360
tttacggcga gaaaggagcg	aaagtacagg	atcttgcgaa	aattattcag	attccgaccg	420
cacttgaaca cactcaacat	gcgccgataa	tccgttgtcg	gattgattac	aatcagcaag	480
actgtgacgt gcattat	ttt ccctatcaac	gcaaaattta	ccgcactttt	cagcctgtca	540
tttgcgatga aattaactat	gatctgaaat	atgctgatcg	ggcattatta	aatcagttat	600
ttgctcagcg tagggattgt	gatgagatta	tgattatcaa	acacggcaag	gtgacggatt	660
gcagtattgg taatctggtg	tttcgccaa	gtgagcaatg	gttcacgcca	gatagcccgt	720
tattttacgg cacacaacga	gcctggttat	tacaacaagg	caaaattcaa	gcccgttcca	780
tcttattgca agagatcgca	caatttgaag	aaattcgggt	aattaatgca	ctaaatccgc	840
tgtaaat	ttt ccttgaacag	cgtaaaataa	aacaactttt	tcagtcagat	900
aaaaggagat					
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			

ggt cct tat gta caa gcg gta gat tta ggt aat atg ctg tta acc tct Gly Pro Tyr Val Gln Ala Val Asp Leu Gly Asn Met Leu Leu Thr Ser 15 20 25 30	997
ggg caa att cca gtg aat cca aaa acc ggt gaa gtg cca gcg gat atc Gly Gln Ile Pro Val Asn Pro Lys Thr Gly Glu Val Pro Ala Asp Ile 35 40 45	1045
gta gca caa gca cgt caa tcg tta gaa aac gtg aaa gcg att gtg gaa Val Ala Gln Ala Arg Gln Ser Leu Glu Asn Val Lys Ala Ile Val Glu 50 55 60	1093
caa gcg gga tta caa gtc gca aat atc gtg aaa acc acg gtg ttt gtg Gln Ala Gly Leu Gln Val Ala Asn Ile Val Lys Thr Thr Val Phe Val 65 70 75	1141
aaa gat tta aat gac ttt gca gcg gtc aat gcg gag tat gaa cgt ttc Lys Asp Leu Asn Asp Phe Ala Ala Val Asn Ala Glu Tyr Glu Arg Phe 80 85 90	1189
ttt aaa gag aac aat cac cct agc ttc cct gct cgt tca tgt gtg gaa Phe Lys Glu Asn Asn His Pro Ser Phe Pro Ala Arg Ser Cys Val Glu 95 100 105 110	1237
gtg gca cgt ttg ccg aaa gat gtg ggg att gaa atc gag gca atc gct Val Ala Arg Leu Pro Lys Asp Val Gly Ile Glu Ile Glu Ala Ile Ala 115 120 125	1285
gta aaa gcc taatgaatag cttgcattta tcttagtcgt agcaaaacaa Val Lys Ala	1334
tctcttttca cttgctctct tcaaagcaag ttgataagtg atttttattg ggcgtttttc	1394
tattgatagc caaaaacgcc ctttactgat agagaataaa ctatgcaaaa tcaagtcac	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
attcgctga ttgaaagcag tttaaaatcg gtgatcatgc tcccgacaca ggcaatccat	1754
gcactacgca accattatcc tcaataaaat caacaaccgc acccaatcag tgcggtcatt	1814
ttttcttact ttttcagtgc taagggaaaa acaacgatag tggacgttgt ttaatcaatt	1874
tccaaacaca ttgcgcgata tcacaccaac tctcaatttc tgtttctaaa gaacgcagcg	1934
caacccataa cgcgataaag aaactgacaa tcaaattcac cataccaatc aataacacga	1994
acactaaacc ttgtaagaac atctgccaaag taaacgcgcc actgatcgcc atatagccca	2054
aattcgcaga agaaaacgcc acatggcgaa tatctaacgg taaattaagc aaatacccg	2114
ctaaccctgt taaaccaagc aataaaacaa aacacagatt tcccataatc gaaccgtaat	2174
tatcatgccca gtattctgca aatttgtagc gcatattacg ggtcaacaga cggcgtaaaa	2234

taggggtgatt tcttagtcgc atttttaagt tcaaataatt actacgatta tcaaaataac 2294
 cagaaataat cccagaaaag aataaccaga aaccgcgaat ggcgggcaaac cataaggacc 2354
 ctttcatcgg -atcaagggat ttttgttggt aggcaatctc cgcgtcactc aataaagggtg 2414
 taccaacata atgttgatag cctagcgcaa gcaaacaagc cacagaaatc gctaaagtga 2474
 cattacccaa gactgccact gtttgcgagc gaaacacatc gatcagcagt tgagctaatt 2534
 gcagattaac ggatttgcct tgtccattat ccaccgtttc tgcaaaacgt gctgca 2590

<210> 79

<211> 129

<212> PROTEÍNA

5 <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> ADN

<213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<223> yleA

15 <220>

<221> CDS

<222> (463)..(1884)

ES 2 535 961 T3

<400> 80

aaccagctc agataagttt aattctggct atggaaagtg gaccaaattcc ttcgatctcc	60
caggttttcta aggcgcgata cgggcaaata cgagtatttt cgatatactg ccaagcacct	120
agttgtttta agagattaac ggaagcaaca ctgatcgag aaatgcgaag atcgtaaggc	180
gaattaggtt gaaactgtgg gagtggggcg tgttcgataa gctggacttg atgtccttgt	240
ttacgtaagc caagcgcaca 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	

ES 2 535 961 T3

att gaa aaa ttc gac cgt tta cca gaa ccg cgt gca gaa ggt cca act Ile Glu Lys Phe Asp Arg Leu Pro Glu Pro Arg Ala Glu Gly Pro Thr 135 140 145	906
gct ttc gta tcc att atg gaa ggc tgt aat aaa tat tgc tca ttc tgt Ala Phe Val Ser Ile Met Glu Gly Cys Asn Lys Tyr Cys Ser Phe Cys 150 155 160	954
gtc gtg cct tat acg cgt ggt gaa gaa gtc agt cgt cca gtg gat gat Val Val Pro Tyr Thr Arg Gly Glu Glu Val Ser Arg Pro Val Asp Asp 165 170 175 180	1002
gta tta ttt gaa att gca cag ttg gca gag caa ggc gtg cgt gaa gtg Val Leu Phe Glu Ile Ala Gln Leu Ala Glu Gln Gly Val Arg Glu Val 185 190 195	1050
aat tta tta gga caa aac gtg aac gct tat cgt ggt gca act cat gat Asn Leu Leu Gly Gln Asn Val Asn Ala Tyr Arg Gly Ala Thr His Asp 200 205 210	1098
gac ggt att tgt act ttt gcg gaa ttg tta cgt tta gta gcc gct att Asp Gly Ile Cys Thr Phe Ala Glu Leu Leu Arg Leu Val Ala Ala Ile 215 220 225	1146
gat ggt att gac cgt tta cgt ttt acc acc agt cac cca att gag ttc Asp Gly Ile Asp Arg Leu Arg Phe Thr Thr Ser His Pro Ile Glu Phe 230 235 240	1194
act gat gac att att gat gtg tac cgt gat acg cca gag ttg gtg agt Thr Asp Asp Ile Ile Asp Val Tyr Arg Asp Thr Pro Glu Leu Val Ser 245 250 255 260	1242
ttc tta cac tta cct gta caa agt ggt tct gat cgt gtg tta tct atg Phe Leu His Leu Pro Val Gln Ser Gly Ser Asp Arg Val Leu Ser Met 265 270 275	1290
atg aaa cgc aat cat acg gca tta gaa tat aaa tcg att att cgg aag Met Lys Arg Asn His Thr Ala Leu Glu Tyr Lys Ser Ile Ile Arg Lys 280 285 290	1338
tta aga gcg gtg cgt cca gag att caa att agc tca gat ttt att gtc Leu Arg Ala Val Arg Pro Glu Ile Gln Ile Ser Ser Asp Phe Ile Val 295 300 305	1386
ggt ttc ccg ggc gaa aca gca gaa gat ttc gag caa acc atg aat tta Gly Phe Pro Gly Glu Thr Ala Glu Asp Phe Glu Gln Thr Met Asn Leu 310 315 320	1434
att gca caa gta aat ttt gat atg agt ttc agc ttc att tat tca gca Ile Ala Gln Val Asn Phe Asp Met Ser Phe Ser Phe Ile Tyr Ser Ala 325 330 335 340	1482
cgt cca ggc acg cca gca gca gat atg cct gat gat gtg aca gaa gaa Arg Pro Gly Thr Pro Ala Ala Asp Met Pro Asp Asp Val Thr Glu Glu 345 350 355	1530
gag aag aaa caa cgt tta tat gtg ttg caa caa cgc att aac aat caa Glu Lys Lys Gln Arg Leu Tyr Val Leu Gln Gln Arg Ile Asn Asn Gln 360 365 370	1578
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	
ggt 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 cggttatttt ttatgaaaaa tttttgataa attgaccgct	1974
cttttttattg cttcatttta tgatagacag cgtgttttct gttattcacc gtattttctt	2034
ttatttcact tcattaataa attattaaat ttcaattgct tatcaaaatt gttgtttttt	2094
gctttttttc tatttatagc atggttattt ttatacaca catggcgtat ttctccatat	2154
ttttacaaaa aactgtgact tcactctaac tattgttctc tcgtgcttta ctccatttta	2214
taaggcggtt agtttagatc atgttgtttt tacaacatat tttagaggttg ttggaagggt	2274
gagcttattt tatagttgag gtgatgatga aaaaatttaa tcctagtata ttggcgttgt	2334
ccatatcaag tctgctactc acatccacat tgacctttgg tcaaaccag caacaagata	2394
aagcactctt tgggtgtgaaa gaacatcaag aaagcctact ctttcatcag agcttagtag	2454
aacaaggtag tgataatgtg ccaatttggc gcattccgtc tttattaaga acaaaaagacg	2514
gtgtattaat tgccgcgcga gataagcgtt ggcaacaccg tggtgactgg ggcgatattg	2574
ataccgcaat ccgaattagt catgatgatg ggaaaacatg gggaaatatt acaacgattt	2634
tggatttgcc atcaaagaat ggggaaaaat ccccatcagc accagatcct gtaacattca	2694
acgcgtgggg agatagacaa aattgtacaa cttactgtaa ttctgctttt ttgatcgatg	2754
ctcagatggt acaagataaa cgtaatggta gaattttttt agcagttgat atgtttgccg	2814
atggagcagg tttttttggt gtaaaagaca gtggtaatgg gcgcattaat attgatggta	2874
aacagtatcc tatttttaaat gaaaagcaat cgggtcgaca ttgaaccctg tgttcttaac	2934

tctttcactt gctcaacggt caccggaatc acgcgggtcaa taaaagtcgg tttccagttt	2994
aaaccggtt gaacaatagc gtgtaattca ccaaaacgca tcaccacgcc acgttctgct	3054
tctttgacag tataaaaacc gctaacgccc cagacaattg caccaatcac cgctgcaatt	3114
ggcaataatt taccaagatt taacgatcca ccagaatgcg agttattgcg tttaccgcca	3174
ttccctgaac cgcctaattt tttcagcaga ttattaaaaa tctcttcaat atcagggtgt	3234
gattgctctt gattgttttg cttacgacct gactgggttat cattccaatt cggctgaccg	3294
ccttcattat caggacgctg actctcaggt tttttctgtc cgggtttgcc ccaaggatct	3354
tgatctgaac cgttcaatga cattacgttc tccatttgte aaaaaattgt tacttgttta	3414
aacaaattcc cacagtctaa acaaaatgtt ggattaagtc taacgaaact cgttactaaa	3474
tggggatatt ttttatgatt taaagtgcgc ccaataaaaa cgcacaatgg tctcattttt	3534
acggcttact acctgacttt tgtcctatcg ctttgtcggc catgtttttt cattcacctt	3594
ataataaatg gcgtcgtgta aggtggtttc cgctaataatt cccctctgcc aagtaaaata	3654
gtgcacatct aagcactgtg tttggttaat aaaaaaagcc aagtaaaacg gcaagcgggtg	3714
actaaagagg agttaactaa gtttctgtat gctagcgtac tattgactct tcttgactg	3774
tgtttgggtt ttattgcggt gaatgaaacc ctacgctgta tttctttgtt attgttggt	3834
tatttaagcg ttagecaggt attatttgcg ctgcggttgt tgggcgtgat catgaatttg	3894
agctattact attatctctt gagtatccct ttattacata aatctttctt actcatggga	3954
gtaggcacgc ttctggcact agttacgttt gttttatcac gttataacaa ggcaccgcag	4014
gcaacattac aagctgaatc gcacaatacg tttcaaccac aaacaatgtt acgtaaaaaa	4074
ctaggattca ctttggttgc gacatgtttg attgcctttg ccacgaatta tactattcat	4134
aaatatgaag atattttaac gaatggtgag tcaattatth taaaaacggc acccgttgat	4194
ccgcgttctt tgatgcaagg ggattatatg acgttgaact atgaaatctt ggcagacatt	4254
agtgaggaat ggggaaaaaa tttagaagag gaaaaaacac agtatthtgt ttatgcgttg	4314
ttaaaacgag acagcctagg gattgctacc ttgtgtcgtc ttgaaaccaa agcacctaca	4374
acatttgacg ggtgtacacc aaatatttac ttaccggtga atgtcgcgat gtggtggccg	4434
cgttttacca gtcaagacta cttttttgcc gagggaaaag gtgaatatta tgcacaagct	4494
gaatatgccg aatatcgctt taaaggggga aaagcgttgt tgttccgctt actagataaa	4554
aatttaaaag cattataaaa caaaaggcgg tagtgaaccg cttttatgtt gtatgccact	4614
tacttcaccg caatcattga gc'caaaatta aagcattgaa accataattc cacttggtga	4674
aaaccgactt cagctaaacg cattttatgg gcttgaatgc tgtctgtacg catcacattt	4734
tcaagtgcgg tgcgtttttg gctgacttca agttcactgt atccattcgc gcgtttaaat	4794

tgatgatgta aatcaatcaa caaggcattc atgttttgat cttcaaaatg aaattttctcg 4854
 gatagtlacca agatcccatt cggttgtaag ccttggtaaa tcttacttaa taaggctcga 4914
 cgatcttcag gtggcagaaa ttgcaaagtg aaatttaaaa ttacccatgaa ggcatttttcg 4974
 atttcgatat ggcgtatata atcacaaata atgtccacag gtattgtact ttgataggca 5034
 ctaacatgct ggcgacaacg atcgaccatg gggtgtgagt tatcaacacc aatgatcttg 5094
 acgccggggtt gattaatatg acgacgtgca gataatgttg ccgcaccgcg cgagcacccc 5154
 agatcataga cgttgctatt cgccgtaaca aagcgtgatg ccaacatccc aatagcggta 5214
 atgatgttgg catagccggg aatagagcgt tggatcatgt cgggaaagac ttcagctacg 5274
 ctttcaccaa aagtaaaatc ccccaattta gcaatgggga gtcgaaaata gagtatcttt 5334
 tgtcataatg tattaagac cgagaaaaag tgcggctcatt ttagaagaag ttcgacctta 5394
 tcacaaataa attatgattt cggaataaa tgcgccatgg cactttcttc ttgtttaata 5454
 cgcacgccta ggataagcaa ataatgggt aatccaatca atgcggtata ttttgccttg 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
 atcgcgcgga 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
 tggaaatacg cctttatttt gaacgttcat cgcttttctt tttctttatt ggttgatttg 6054
 taagcataaa taaccttttt atctctcttg gttttccgct ataattgagt gaatttttga 6114
 gcataattaa gagtacaaag gattttgaaa tgatgcgtac acattattgc ggtgcattaa 6174
 accgtgacaa tatcggaaca gaagtaacat tgagtgggtg ggtgcacgt cgccgtgatt 6234
 taggtgggtt aatttttatt gatatgcgtg atcgtgaagg gattgtacaa gtgtgtttcg 6294
 atccaatata tcaagaagca ctaccacag cagcaagttt acgtaatgag ttttgtattc 6354
 aaattaaagg cgaagtgatt gccgcccag ataatcaaat caacaaaaat atggcaacag 6414
 gcgaagtgga agtggttagca aaatccctgt ctatttataa cagcgcagag ccattacctc 6474
 tcgactttta ccaaaataat acggaagaac agcgttttaa ataccgttat ttagacttac 6534
 gtcgcccaga aatggcgcaa cgttttaaaa cagagccaa aattaccagc tttgtgcgtc 6594
 gctttatgga cgaacatggt ttcttagata ttgaaacacc gatgttga 6642

ES 2 535 961 T3

<211> 474

<212> PROTEÍNA

<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          80

Gly Gly Cys Val Ala Ser Gln Glu Gly Glu His Ile Arg Thr Arg Ala
          85          90          95

Pro Tyr Val Asp Ile Ile Phe Gly Pro Gln Thr Leu His Arg Leu Pro
          100          105          110

Glu Met Ile Asn Gln Ile Arg Gly Gly Lys Ser Ser Val Val Asp Val
          115          120          125

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          160

Cys Ser Phe Cys Val Val Pro Tyr Thr Arg Gly Glu Glu Val Ser Arg
          165          170          175

Pro Val Asp Asp Val Leu Phe Glu Ile Ala Gln Leu Ala Glu Gln Gly
          180          185          190

Val Arg Glu Val Asn Leu Leu Gly Gln Asn Val Asn Ala Tyr Arg Gly
          195          200          205

```

ES 2 535 961 T3

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
 225 230 235 240
 Pro Ile Glu Phe Thr Asp Asp Ile Ile Asp Val Tyr Arg Asp Thr Pro
 245 250 255
 Glu Leu Val Ser Phe Leu His Leu Pro Val Gln Ser Gly Ser Asp Arg
 260 265 270
 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
 305 310 315 320
 Thr Met Asn Leu Ile Ala Gln Val Asn Phe Asp Met Ser Phe Ser Phe
 325 330 335
 Ile Tyr Ser Ala Arg Pro Gly Thr Pro Ala Ala Asp Met Pro Asp Asp
 340 345 350
 Val Thr Glu Glu Glu Lys Lys Gln Arg Leu Tyr Val Leu Gln Gln Arg
 355 360 365
 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
 385 390 395 400
 Thr Gly Arg Thr Glu Thr Asn Arg Ile Val Asn Phe Val Gly Thr Pro
 405 410 415
 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> ADN
 <213> Pasteurella Multocida

5 <220>
 <221> misc_feature
 <223> yojB

<220>
 <221> CDS
 10 <222> (407)..(1156)

<400> 82

```

gtcaacgacg gggcggtct tagaacattg gcatacgggt acgatgacac gccgtgtccc      60
agagctccat cgctccttcc caaataactt ggtttggatg caccatttag atgcgaaaaa      120
acgtgggttta cgtcatggcg ataaagtga gatcagctca cgtcgtggcg aaatgatttc      180
tcacttagat acccgtggac gtaataaagt cccacaaggc ttagtttaca ccactttctt      240
tgatgcaggt cagttagcaa actatctcac tttagatgcg acagacccaa tttcaaaaga      300
aacggacttc aaaaaatgtg cgggtcaaagt ggaaaaagcg taacacgtta aatttaatga      360
ggaacgaccg cactttgctt tcagtaaagt gcggttgaa 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
    
```


ES 2 535 961 T3

85	90	95	
tgt gaa atg tgt gtg gat att cct tgt gca aaa gcc tgc cca acc ggt Cys Glu Met Cys Val Asp Ile Pro Cys Ala Lys Ala Cys Pro Thr Gly 100 105 110 115			751
gca ttg gat aat caa gca aca gaa atc gat gat gcg cgt atg ggg tta Ala Leu Asp Asn Gln Ala Thr Glu Ile Asp Asp Ala Arg Met Gly Leu 120 125 130			799
gct gtc ctg cta gat cat gaa act tgt ctg aac tgg caa ggt tta cgc Ala Val Leu Leu Asp His Glu Thr Cys Leu Asn Trp Gln Gly Leu Arg 135 140 145			847
tgt gat gtg tgt tat cgc gtc tgt ccg ctg att aat aaa gcg att acg Cys Asp Val Cys Tyr Arg Val Cys Pro Leu Ile Asn Lys Ala Ile Thr 150 155 160			895
tta gtg atg cat cgt aat gag cgt acg ggt aag cac gcc gtc ttt atc Leu Val Met His Arg Asn Glu Arg Thr Gly Lys His Ala Val Phe Ile 165 170 175			943
cca aca gtg cat tcc gaa gcc tgt aca gga tgt ggc aaa tgt gaa gaa Pro Thr Val His Ser Glu Ala Cys Thr Gly Cys Gly Lys Cys Glu Glu 180 185 190 195			991
gct tgc gtt cta gaa gaa gcg gca atc aaa gtg tta ccg atg gca tta Ala Cys Val Leu Glu Glu Ala Ala Ile Lys Val Leu Pro Met Ala Leu 200 205 210			1039
gcg aaa ggc atg tta ggt aaa cat tac cgt tta ggt tgg gaa gag aaa Ala Lys Gly Met Leu Gly Lys His Tyr Arg Leu Gly Trp Glu Glu Lys 215 220 225			1087
gaa aaa gcc ggg cat tcc ctt gcg cca gaa ggc att att tct ctc ccg Glu Lys Ala Gly His Ser Leu Ala Pro Glu Gly Ile Ile Ser Leu Pro 230 235 240			1135
act cgg tta ccg gag agc ttg taatggcaaaa ttcaccaaaa tatgcgggta Thr Arg Leu Pro Glu Ser Leu 245 250			1186
aagaagcacg agaaaagtta ggctgggtgg acgccaatcg ctttttgttc tggcgacgtt			1246
taaccacgct gagtattctt gccatgtttt taagcggacc ttattttggg gtgtggatct			1306
tgaaaggcaa ttacagtagt agtcttttgc ttgatttgat cccgatgact gatcctttga			1366
ttatggcaga aagtctcgcg accggtttta tgcctaccat gaccgcgttg ttgggtgccc			1426
tgattgtggg ggtgctttat gccatttttag ggagtcgcgt tttctgtgct tgggtttgtc			1486
cgtaaacaat cgtgacagat gcgtccgctt ggctcagacg taaattagaa attcgtcaat			1546
cggcaaaaact cccacgaagt ttacgctatg cgatcttagt gatgattttg ttaggcagtg			1606
cgctaagcgg gttattactt tgggaatggc tcaatccggg tgcagcacta ggctcgtgcgt			1666
taatttacgg tttcgggtgcg acagtttggc ttgtttttgc ggtgttttta tttgatttat			1726
ttattgtcga gcatgggttg tgtgggcatt tatgccaat aggtgcagcc tatgggtgtga			1786

ttggtgcgaa	aggacttttt	cgtatcaaag	ttgagcatcg	ccaacaatgt	gataattgca	1846
tggattgcta	taacgtctgt	ccagaaccac	aagtgttacg	cgatccatta	catgcaaaaa	1906
agagtgaaag	cccacttggt	ctttcaaaag	attgtatcag	ctgtggacgt	tgtatcgacg	1966
tttgccctga	aaaagtattt	atttttacaa	cacgatttaa	tcattcagtt	aatcattcgg	2026
gggagtgatc	aaaatgaaaa	aaacaatgct	aattttgacc	gcactttttg	ccttcacggt	2086
caatgccaat	gaagtcaaag	tgggcaaaag	tttacaagat	tcacctgaaa	atatcgcgcc	2146
agccttccac	aatacaccaa	aagaaagtgg	cttggcgccg	ttaaactatg	tgaaccaacc	2206
accgatggtg	ccacacgga	cgaaaaacta	tcaggtgacg	aaaaatatca	accaatgttt	2266
aacttgatcat	agcccagaag	cctcacgtgt	tactggtgca	acacgcatca	gtccaaccca	2326
ctttatggat	cgtgatggta	acattgtcgg	aggcacctca	cctcgccgtt	acttctgttt	2386
acaatgccat	gtctctcaat	ctgatgttga	gcccattatt	caaatgaat	ttaaaccgat	2446
ggctggtttt	ggtaaataag	ttaaggacgg	aactatgttg	aacttaatta	aacgcttttg	2506
gaaatggttt	cgtcgcccca	gtcgtattgc	cgttggtagc	ttgattacco	ttgcttttat	2566
tgcaggtatt	gtctcttggg	ttgggtttta	ttatggctta	gagcaaacca	atacagagga	2626
attctgtggt	agttgtcaca	gtaatgatgt	gtatccagaa	tatttacata	cggcgcatta	2686
tttaaatacg	agtggagtaa	aagccacttg	tcctgattgc	catgtaccgc	acgaatttat	2746
tccaaaaatg	atccgtaaag	tccaagccag	tcgagaagtg	tatgcgcata	ttatgggtta	2806
tacggatacc	attgataaat	ttaactcccg	tcgtttgcat	atggcagaac	gtgaatgggc	2866
acgattaaaa	gccaataact	cgcaggaatg	cgttaactgc	cataactttg	agaatatgga	2926
tttttagtcag	caaaaaacgg	tggcggaaaa	aatgcatgca	cttgctataa	aagaagaaaa	2986
aacctgtatt	gactgtcaca	aagggattgc	gcaccaatta	ccggatatga	gcgggtgttg	3046
gtcgggtttt	agtacggaac	aaaaataaca	cttttcttgt	tctcccacag	gaaatctgca	3106
tcgtattcag	gtgcagatgt	ttttattttt	acgatcatcc	tcacaacctt	ttcgttgata	3166
aataggatac	aacgctagct	acacgctatc	ttgctgcttt	ttgtgttggt	gtgagggatt	3226
atgtcatctt	atctgcctct	tttattacgt	ttgttacaaa	ttccgcgttt	gggttcgctg	3286
gcgatccagc	gtttattgga	gcacatcagt	ccagcggaat	taatggaata	tgatacaaaa	3346
gcctttcaac	agataggctg	gacggcacag	cagattcagc	gttggttttac	gcctgagaac	3406
cgttatattg	atcccgcggt	agcctgggta	aacgaacaac	aacatattgt	ggattggttt	3466
gatcctcatt	atcctccctt	gttaaagcaa	acagaagagg	caccacttgt	cttgtttgtg	3526
aaaggggaag	tggctacgct	atctgcacag	caagtggcga	tcgtgggcag	tcgtcattgt	3586

```

tcacgttatg gggaatactg ggcaaattat ttcgccactc aactggctta tgccgatatt 3646
gtggtgacca gtggttttagc gttaggtatt gatggtttct cacatcaagc ggtagtggtat 3706
atccacggga agacgattgc agtattaggc agtggttttag aggtcattta tccgaaaaaa 3766
caccgaggtt tagccgaaaa aattattgaa catcaagggtg cgttagtgtc tgaattttta 3826
cctttccaac cccctgtggc agaaaatttt ccacgtcgta atcgcatat tagtggttta 3886
tctttgggga cattagtcac tgaagcctca gaaaacagt gttctttaat tactgcccgc 3946
tatgcttttag agcaaaatcg agatgttttt gcgttacggg ggcagattca gcatggattt 4006
agccaagggtt gtcataaact gattaacacag ggggcaatat tagtcgaaag tattcaggat 4066
attttagaac atctctcgcc ttattcgcat 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
atgagaaagg actgtgttga aacggctatc aacatcagtc cttgcagtat attatctcat 4426
atgacacgag acggcagttt catgagatta atagagacta aacgcttgta aatacggtag 4486
tttgccctcg tgtagcattt tctcaatatt gcctttgtga tcatcacgac ctaagcctcg 4546
tagctcaata ttgataccaa tacttttgtc ataaaaaatt tgattcgccg tttggttttc 4606
tttgctggtc aactacgtc gggcaccaac attaatcgcc caacagcaag tgctgtattc 4666
tagtcccaaa tattgtctaa caggctttct caacgcaaga tcttgataat gacgtgctac 4726
caccgcccac tgatccgtga gtgcccatgc cacagttaga ccaagctgtt ttatgtcttg 4786
tccgtagcgg ttcgccgctg aggtgaggtt ttggtcaata tattgttga 4835

```

<210> 83

<211> 250

<212> PROTEÍNA

5 <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 Gln Ser Leu Ala Arg Glu Gly Val Ala Leu Arg Pro
35             40             45

```

ES 2 535 961 T3

```

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> ADN

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<223> yyaM

<220>

10 <221> CDS

<222> (2411)..(2719)

<400> 84

gtcaacgatac cgaatacgcac ggaagaaaac tatatgcaag tcatttatgg caagactgcg	60
cgtctattcg aagctgcgcac gcattgcgcc gcgatacttg ctcatgcgcac ggaagcccaa	120
gaaaatgctt tacgcgaata tggttgttat ctaggcacag cttttcaatt agtcgatgat	180
attttagatt atagtgcaga tgcaaaagca ctcggaacaa atattggtga tgatttagcg	240
gaaggtaaac caacattacc gttattacac gccatgcatac acggcaatcc agcacaagca	300
aaattgattc gcgaagcgat tgagcaaggg ggtaagcgtg atattttaga ggatgtactg	360
acaattatga cagaacataa atccctcgac tatgcgatga tgcgcgctaa acaagaagca	420
caaaaagccg ttgatgcgat tgcattattg cctgaaaatg aatataaaca agcgttaatt	480
tcattagctt acttatccgt cgatcgcgct tattaaccac ttaataaggc gagacatggt	540
agcgtaaaga ccgcctaaag tgcggtcatt tatttagtaa ttttaaaccac gacaatgaca	600
gaacaaaaca tccctacgaa aaaaacacgc aaaggcaag atcctcacgc gccttttgta	660
cgcgaaaaat tatccctacc aaatgggcat aacaaattgt tattgcattc ttgttgcgcg	720
ccttgctcgg gagaagtaat ggaggcaatt catgcttcag gtattgaatt tactatttac	780
ttctacaacc caaacattca cccattaaaa gaatatctca ttcgtaaaga agaaaaatatt	840
cgttttgcgg aaaaaatgggg cattccgttt attgatgccg attatgatcg tcaagaatgg	900
tttgaccgtg ccaaaggcat ggaagatgag ccagagcgtg gtattcgttg cactatgtgc	960
tttgatatgc gttttgaaaa agccgcagaa tatgcacaca acaatgggtt ccccgatatt	1020
actagctgct taggtatttc acgttggaac gacatgaacc aaatcaacgg ttgtggacac	1080
cgtgccgccc aaaaatatga tgatgtagtg tattgggatt ataactggcg taaagggtgt	1140
ggctcacaac gtatgattga aatcagtaag cgtgaacgtt tttaccagca agaataattgc	1200
ggttgtgtgt attctttgcg tgacacgaat aaatggcgtg aagcaaacgg acgcaaaaaa	1260
attgaaattg gcaaattgta ttattccgcc gattaaaaca accaagtaaa ccatcgtgcc	1320
gtcatataac atggcgccac ttttttaggc tttatatatg caacgttttc gccaatcttt	1380
cgaaacctaa tgctaacgcc tcttcactaa tatttaatgc tggggcaaaa cgcaatacat	1440
taggacccgc cactaaaatc attaaagcat tatctgctgc ttttttgaca aattcgctcg	1500
ctcttcctg atattgctcg ataagttctg caccaattaa caaaccttcg ccacggattt	1560
ctttaaataa gccacattgc tgattaattt cttgcagctt ttgcataaat ttttcagaag	1620

tgcgctgaat tttttgcaag aatgggtggg ctgaaatgat atcaatcaact ttttctgcca	1680
cggcacaagc gagaggattg ccaccaaagg tgggtgccatg cagccaggt gcaaaacttt	1740
tggcgatctc atgcgttgtc 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 cgtaactgctc tcgtgttagg cgcaccttt	2100
aatcatgcgt ggacaaaact aggacaagtt ttaccgcagc ttgaatttga tattaagat	2160
gaaattattg gtcgtggggg aaggaggtta aaataccgtc cagctggagc aaaaagttgg	2220
tgggtggccat ttggtcgtgc tgaaggcagt agcggactga aaacagggtac 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 Tyr	
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 ggc 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 tgaccttcg atttttgata	2739
Tyr Val Thr Ile Ser Thr Leu Asn Arg Val	
95 100	
gtcaaagact actgagtaac gcttgtagtc gcgtgaatcg actgttacat aagccgatat	2799
gtcagaataa gtactgccgg tatatcgctt taatctaaga ttaagcttgc cacttttggt	2859
cgataaagcg tcaaacgaaa gcacgacttt accgtccttg acttccacct gatcttcaat	2919
gagcacttga cttagtgcga ccaatcgacc gttggcagtc agtgtcgcaa tgccgtgate	2979

ES 2 535 961 T3

cgtatcaagc gttacaccgc tattttttcc ccagttttta ttgagctttt cactatgttt 3039
 cagtaagttt ctgccaccaa tctgcaactg attaaactta gtttcaagcg tttcactctt 3099
 gactgcaagc gacttgtttt cattgctaac cgtctgctca agtgctgtga ttttgatgt 3159
 taaatctaac ttagttgcat tgacttcate agtccattct gactttaact cttttctcgc 3219
 aagtgacgcc acttcactct tgctagcttt cgtttctttt aagtcagaaa tgccactagt 3279
 attttgcgcc actttagaat cgagcggtttc tagttttgta gagaaagatt tgtctttttc 3339
 gctagccggt ttttgaatta gctgtatttc actttcgctc aatccaactc tagcagttag 3399
 actgtctagc ttgtcagcag tagatttatt cacagtcgct tgtgattgct tgtgttgaat 3459
 aatatccgcg cttacttccg agatagccac gtcga 3494

<210> 85

<211> 103

<212> PROTEÍNA

5 <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> ADN

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Descripción de Secuencia Artificial: cebador

<400> 86

15 aggccggtac cggccgcct 19

<210> 87

<211> 19
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

 <220>
 5 <223> Descripción de Secuencia Artificial: cebador

 <400> 87
 cggccggtac cggcctagg 19

 <210> 88
 <211> 18
 10 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

 <220>
 <223> Descripción de Secuencia Artificial: cebador

 <400> 88
 15 catggtaccc attctaac 18

 <210> 89
 <211> 18
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

 20 <220>
 <223> Descripción de Secuencia Artificial: cebador

 <400> 89
 ctaggtacct acaacctc 18

 <210> 90
 25 <211> 119
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

 <220>
 <223> Descripción de Secuencia Artificial: inserto de transposón

 30 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (25)..(25)
 <223> n es a, c, g, o t

 <220>
 35 <221> misc_feature
 <222> (27)..(27)
 <223> n es a, c, g, o t

 <220>
 40 <221> misc_feature
 <222> (29)..(29)
 <223> n es a, c, g, o t

 <220>
 45 <221> misc_feature
 <222> (31)..(31)
 <223> n es a, c, g, o t

 <220>
 50 <221> misc_feature
 <222> (33)..(33)
 <223> n es a, c, g, o t

 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (35)..(35)
 <223> n es a, c, g, o t

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (37)..(37)
 <223> n es a, c, g, o t
 5 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (39)..(39)
 <223> n es a, c, g, o t
 10 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (41)..(41)
 <223> n es a, c, g, o t
 15 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (43)..(43)
 <223> n es a, c, g, o t
 20 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (45)..(45)
 <223> n es a, c, g, o t
 25 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (47)..(47)
 <223> n es a, c, g, o t
 30 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (49)..(49)
 <223> n es a, c, g, o t
 35 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (51)..(51)
 <223> n es a, c, g, o t
 40 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (53)..(53)
 <223> n es a, c, g, o t
 45 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (55)..(55)
 <223> n es a, c, g, o t
 50 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (57)..(57)
 <223> n es a, c, g, o t
 55 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (59)..(59)
 <223> n es a, c, g, o t
 60 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (61)..(61)
 <223> n es a, c, g, o t
 65 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (63)..(63)

<223> n es a, c, g, o t
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (65)..(65)
 5 <223> n es a, c, g, o t
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (67)..(67)
 <223> n es a, c, g, o t
 10 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (69)..(69)
 <223> n es a, c, g, o t
 <220>
 15 <221> misc_feature
 <222> (71)..(71)
 <223> n es a, c, g, o t
 <220>
 <221> misc_feature
 20 <222> (73)..(73)
 <223> n es a, c, g, o t
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (75)..(75)
 25 <223> n es a, c, g, o t
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (77)..(77)
 <223> n es a, c, g, o t
 30 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (79)..(79)
 <223> n es a, c, g, o t
 <220>
 35 <221> misc_feature
 <222> (81)..(81)
 <223> n es a, c, g, o t
 <220>
 <221> misc_feature
 40 <222> (83)..(83)
 <223> n es a, c, g, o t
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (85)..(85)
 45 <223> n es a, c, g, o t
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (87)..(87)
 <223> n es a, c, g, o t
 50 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (89)..(89)
 <223> n es a, c, g, o t
 <220>

<221> misc_feature
 <222> (91)..(91)
 <223> n es a, c, g, o t

 <220>
 5 <221> misc_feature
 <222> (93)..(93)
 <223> n es a, c, g, o t

 <400> 90

 ctaggtacct acaacctcaa gcttnknknk nknknknknk nknknknknk nknknknknk 60
 nknknknknk nknknknknk nknknknknk nknkaagctt ggtagaatg ggtaccatg 119

 10 <210>91
 <211> 18
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

 <220>
 15 <223> Descripción de Secuencia Artificial: cebador

 <400> 91
 tacctacaac ctcaagct 18

 <210> 92
 <211> 18
 20 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

 <220>
 <223> Descripción de Secuencia Artificial: cebador

 <400> 92
 25 taccattct aaccaagc 18

 <210> 93
 <211> 19
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

 30 <220>
 <223> Descripción de Secuencia Artificial: cebador

 <400> 93
 tacctacaac ctcaagctt 19

 <210> 94
 35 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

 <220>
 <223> Descripción de Secuencia Artificial: cebador

 <400> 94
 40 taccattct aaccaagctt 20

 <210> 95
 <211> 19
 <212> ADN
 45 <213> Secuencia Artificial

 <220>
 <223> Descripción de Secuencia Artificial: cebador

 <400> 95

ggcagagcat tacgctgac 19

<210> 96
<211> 27
<212> ADN
5 <213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Descripción de Secuencia Artificial: cebador

<400> 96
gtaccggcca ggcggccacg cgtattc 27

10 <210> 97
<211> 531
<212> ADN
<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

15 <220>
<221> misc_feature
<223> atpG

<400> 97

tgttgagctt ggttttagtag ggtcgaagagg cgtaagcttt taccaaaatc taggcttaaa	60
cgtgagatct caagtaacgg gattaggcga taatccggaa atggaacgta tcgtgggagc	120
agttaatgaa atgattaatg cgttcgaaa cggagaagtg gatgcggttt acgtcgctta	180
caaccgtttt gaaaatacga tgtcacaaaa acctgttata gcacagttac ttccggttacc	240
taaactagat gacgatgaat tagatacga aggttcatgg gattatatatt atgaaccgaa	300
tccacaagtt ttattggata gtttacttgt tcgttattta gaaactcagg tataccaagc	360
agttgtagat aacctagctt ctgaacaagc cgctcgaatg gtagcgatga aagccgcaac	420
agataatgag ggtacattaa tcgatgaatt acaattagtg tataacaaag ctgcgcaagc	480
aagcattaca aatgaattaa acgaaattgt tgcgggtgcc gcagcaattt a	531

20 <210> 98
<211> 25
<212> ADN
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Descripción de Secuencia Artificial: cebador

25 <400> 98
tctccattcc cttgctcgg cacc 25

<210> 99
<211> 20
<212> ADN
30 <213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Descripción de Secuencia Artificial: cebador

<400> 99
ggattacagc cgatccggg 20

35 <210> 100
<211> 1034
<212> ADN
<213> Pasteurella multocida

<220>
<221> misc_feature
<223> cap5E

5 <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	

ES 2 535 961 T3

210	215	220	
aaa gcc ccc gca gca acc att ggt acc ctt gcc aaa gca att acc gaa Lys Ala Pro Ala Ala Thr Ile Gly Thr Leu Ala Lys Ala Ile Thr Glu 225 230 235 240			720
tta tta tct gtc cca aat cac cct att tcc att ata ggt acg cgt cat Leu Leu Ser Val Pro Asn His Pro Ile Ser Ile Ile Gly Thr Arg His 245 250 255			768
gga gag aaa gca ttc gaa gct tta tta agc cgt gaa gaa atg gtt cat Gly Glu Lys Ala Phe Glu Ala Leu Leu Ser Arg Glu Glu Met Val His 260 265 270			816
gca att aat gaa ggt aat tat tat cgc atc cca gcc gat caa cgc agt Ala Ile Asn Glu Gly Asn Tyr Tyr Arg Ile Pro Ala Asp Gln Arg Ser 275 280 285			864
tta aat tac agt aaa tat gtc gaa aaa ggg gaa cca aaa att acc gaa Leu Asn Tyr Ser Lys Tyr Val Glu Lys Gly Glu Pro Lys Ile Thr Glu 290 295 300			912
gtc acc gac tac aac tca cat aat act gag cgt ttg act gtc aag gaa Val Thr Asp Tyr Asn Ser His Asn Thr Glu Arg Leu Thr Val Lys Glu 305 310 315 320			960
atg aag cag tta ctg ctt aaa ctt gaa ttc ata cag aaa atg att gag Met Lys Gln Leu Leu Leu Lys Leu Glu Phe Ile Gln Lys Met Ile Glu 325 330 335			1008
ggt gaa tac atc tca ccg gag gta ta Gly Glu Tyr Ile Ser Pro Glu Val 340			1034

<210> 101

<211> 344

<212> PROTEÍNA

5 <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	

ES 2 535 961 T3

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

<211> 4931
 <212> ADN
 <213> Pasteurella Multocida

<220>

5 <221> misc_feature
 <223> fhaB2

<220>

<221> CDS
 <222> (1)..(4929)

10 <220>

<221> misc_feature
 <222> (4894)..(4894)
 <223> n e s a, c, g, o t

<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 tgc 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

15

ES 2 535 961 T3

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		
					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	ctg	aaa		960
Leu	Ile	Ala	Gly	Ser	Ser	Glu	Tyr	Asp	Leu	Ser	Lys	His	Glu	Leu	Lys		
					310					315				320			
aaa	acg	agc	ggt	gaa	aat	gta	tct	aat	gat	ggt	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		

ES 2 535 961 T3

370	375	380	
att cag caa aca gtg gta aaa aaa gac cga aat att cga gcc aag aaa Ile Gln Gln Thr Val Val Lys Lys Asp Arg Asn Ile Arg Ala Lys Lys 385 390 395 400			1200
aaa att gaa gtg aaa aac gct aat cgt gtt ttt gtt ggt agt caa acg Lys Ile Glu Val Lys Asn Ala Asn Arg Val Phe Val Gly Ser Gln Thr 405 410 415			1248
aaa tca gat gaa att tcg tta gag gcg aaa caa gtt aaa atc aga aaa Lys Ser Asp Glu Ile Ser Leu Glu Ala Lys Gln Val Lys Ile Arg Lys 420 425 430			1296
aac gca gag att agg agt acg aca caa gcc aaa atc gta gca aag ggt Asn Ala Glu Ile Arg Ser Thr Thr Gln Ala Lys Ile Val Ala Lys Gly 435 440 445			1344
gcc ctg tct att gag caa aat gcg aag ctc gtc gct aaa aag ata gat Ala Leu Ser Ile Glu Gln Asn Ala Lys Leu Val Ala Lys Lys Ile Asp 450 455 460			1392
gtg gca aca gaa act cta act aat gct ggg cgt att tat ggt cga gag Val Ala Thr Glu Thr Leu Thr Asn Ala Gly Arg Ile Tyr Gly Arg Glu 465 470 475 480			1440
gtt aag ctt gac act aat aat ttg att aat gat aaa gaa att tat gct Val Lys Leu Asp Thr Asn Asn Leu Ile Asn Asp Lys Glu Ile Tyr Ala 485 490 495			1488
gaa cgg aaa ttg agt att ttg acg aaa gga aaa gat ctt gaa att att Glu Arg Lys Leu Ser Ile Leu Thr Lys Gly Lys Asp Leu Glu Ile Ile 500 505 510			1536
caa gat aga tat ttg tct cca ctg atg cgc gta aaa agt agt gtc cgc Gln Asp Arg Tyr Leu Ser Pro Leu Met Arg Val Lys Ser Ser Val Arg 515 520 525			1584
ttt tta ggc tct ccg ttt ttc tca ata tct ccg tcg atg ctc gca agc Phe Leu Gly Ser Pro Phe Phe Ser Ile Ser Pro Ser Met Leu Ala Ser 530 535 540			1632
ctt agt gca cag ttt aag cct ggt ttt gtg aat aag gga ctc att gaa Leu Ser Ala Gln Phe Lys Pro Gly Phe Val Asn Lys Gly Leu Ile Glu 545 550 555 560			1680
agt gcg ggg agt gca gaa tta act ttt aaa gaa aaa acc agt ttt tta Ser Ala Gly Ser Ala Glu Leu Thr Phe Lys Glu Lys Thr Ser Phe Leu 565 570 575			1728
aca gag ggc aat aat ttt att aga gct aaa gat gcg tta act att aac Thr Glu Gly Asn Asn Phe Ile Arg Ala Lys Asp Ala Leu Thr Ile Asn 580 585 590			1776
gcc caa aat att gaa att gat aaa aat caa gat att caa ttg ggt gct Ala Gln Asn Ile Glu Ile Asp Lys Asn Gln Asp Ile Gln Leu Gly Ala 595 600 605			1824
aat ata acg ttg aat gtg gaa gaa aac ttt gtt aat cgt gca gga aca Asn Ile Thr Leu Asn Val Glu Glu Asn Phe Val Asn Arg Ala Gly Thr 610 615 620			1872

ES 2 535 961 T3

ctg gca act ggt aaa aca ctg aca att aat acc gaa agt ggc agt att Leu Ala Thr Gly Lys Thr Leu Thr Ile Asn Thr Glu Ser Gly Ser Ile 625 630 635 640	1920
tac aat ctt ggt ggg aca tta ggt gct gga aaa tca tta aaa ctg act Tyr Asn Leu Gly Gly Thr Leu Gly Ala Gly Lys Ser Leu Lys Leu Thr 645 650 655	1968
gct aaa tca acg gaa gaa ggt atg gga aat att gtt aac caa gaa aac Ala Lys Ser Thr Glu Glu Gly Met Gly Asn Ile Val Asn Gln Glu Asn 660 665 670	2016
ggt tta ttc cat aca ctc ggt aat atg atg tta gaa gca gag cgt tct Gly Leu Phe His Thr Leu Gly Asn Met Met Leu Glu Ala Glu Arg Ser 675 680 685	2064
gtt tat aat att ggc gat att tat gcg agt aaa aaa tta aca gtt cat Val Tyr Asn Ile Gly Asp Ile Tyr Ala Ser Lys Lys Leu Thr Val His 690 695 700	2112
act cat aat ttg att aat gat gtg cgt tta tct ggc aat gtg agt tat Thr His Asn Leu Ile Asn Asp Val Arg Leu Ser Gly Asn Val Ser Tyr 705 710 715 720	2160
aag cct atc ggt tca agt cgt gat tat gat atc agt cgt gtt gcg gta Lys Pro Ile Gly Ser Ser Arg Asp Tyr Asp Ile Ser Arg Val Ala Val 725 730 735	2208
cat ggt tgg cac aat aat gtt tat aag ctc aac tta aat ctg caa gaa His Gly Trp His Asn Asn Val Tyr Lys Leu Asn Leu Asn Leu Gln Glu 740 745 750	2256
caa gat aaa acc gat att aaa gtt gtg aaa atg ggg gct atc cgt tct Gln Asp Lys Thr Asp Ile Lys Val Val Lys Met Gly Ala Ile Arg Ser 755 760 765	2304
gat ggt gat ttt gac ttt aag gga ata aag gcg aca tca tca gaa tca Asp Gly Asp Phe Asp Phe Lys Gly Ile Lys Ala Thr Ser Ser Glu Ser 770 775 780	2352
aaa ccg cag tta att aat cat gga tta att aat gtc aaa gga aca ttt Lys Pro Gln Leu Ile Asn His Gly Leu Ile Asn Val Lys Gly Thr Phe 785 790 795 800	2400
aat gcg gaa gct gat caa gtg gtg aac caa atg aaa gcg ttt aac caa Asn Ala Glu Ala Asp Gln Val Val Asn Gln Met Lys Ala Phe Asn Gln 805 810 815	2448
aat gca tta gca agc gtg ttt aag aat cca gcg aaa atc acg atg tac Asn Ala Leu Ala Ser Val Phe Lys Asn Pro Ala Lys Ile Thr Met Tyr 820 825 830	2496
tat caa cca ctt act cgt tat att tgg aca cca tta tcg ggt aat gca Tyr Gln Pro Leu Thr Arg Tyr Ile Trp Thr Pro Leu Ser Gly Asn Ala 835 840 845	2544
tcg cgt gaa ttt aac aat tta gag tct ttc etc gat gcc ttg ttt ggc Ser Arg Glu Phe Asn Asn Leu Glu Ser Phe Leu Asp Ala Leu Phe Gly 850 855 860	2592

ES 2 535 961 T3

tca aca aca atc tta aaa tca agt ttc tat agt acg gaa aat ttt agt Ser Thr Thr Ile Leu Lys Ser Ser Phe Tyr Ser Thr Glu Asn Phe Ser 865 870 875 880	2640
gct tat cag ctt cta tct cat att cag cat tca cca atg tac caa aaa Ala Tyr Gln Leu Leu Ser His Ile Gln His Ser Pro Met Tyr Gln Lys 885 890 895	2688
gcg atg gca caa gtg ttt ggt gca gag tgg cat agt aaa tcc tat gat Ala Met Ala Gln Val Phe Gly Ala Glu Trp His Ser Lys Ser Tyr Asp 900 905 910	2736
gag atg cga aac aaa tgg aaa agc ttt aaa gaa aat cca aca gat ttc Glu Met Arg Asn Lys Trp Lys Ser Phe Lys Glu Asn Pro Thr Asp Phe 915 920 925	2784
att tat tac cca tca gaa aaa gca aaa atc cta gcg gga aaa cta gaa Ile Tyr Tyr Pro Ser Glu Lys Ala Lys Ile Leu Ala Gly Lys Leu Glu 930 935 940	2832
ggt aag ctt aca acg cta caa aat ggt gaa tat gcc gaa cgt ggt aag Gly Lys Leu Thr Thr Leu Gln Asn Gly Glu Tyr Ala Glu Arg Gly Lys 945 950 955 960	2880
ttt gat gag agt atc caa att ggt aaa cac caa tta tcg cta cca tca Phe Asp Glu Ser Ile Gln Ile Gly Lys His Gln Leu Ser Leu Pro Ser 965 970 975	2928
gta gag ctt aaa gcg gag ttt agt gat aaa gaa cgt ttg gaa gag gac Val Glu Leu Lys Ala Glu Phe Ser Asp Lys Glu Arg Leu Glu Glu Asp 980 985 990	2976
ggg gta gat tta tcc tcg atc gcc gaa ctc tta gaa atg cca aac tta Gly Val Asp Leu Ser Ser Ile Ala Glu Leu Leu Glu Met Pro Asn Leu 995 1000 1005	3024
ttt att gat aat agt atc caa tta gaa aag aaa aag ttg tct cct Phe Ile Asp Asn Ser Ile Gln Leu Glu Lys Lys Lys Leu Ser Pro 1010 1015 1020	3069
att gag gat cta gat gaa gaa cca cgt aaa aat ctg gat ata gaa Ile Glu Asp Leu Asp Glu Glu Pro Arg Lys Asn Leu Asp Ile Glu 1025 1030 1035	3114
gaa agc cat tct aat tca tcg gat gac gtg ctt agc atg aat gat Glu Ser His Ser Asn Ser Ser Asp Asp Val Leu Ser Met Asn Asp 1040 1045 1050	3159
gat gag tct gat aca gac gat agc aag tgg agt atg ggc aat gat Asp Glu Ser Asp Thr Asp Asp Ser Lys Trp Ser Met Gly Asn Asp 1055 1060 1065	3204
gag aaa gag atg ccc gat gat aag ctg ggt ata agt cgt gat gat Glu Lys Glu Met Pro Asp Asp Lys Leu Gly Ile Ser Arg Asp Asp 1070 1075 1080	3249
cgt gga aat aaa cca cct cgt act gat cct aca gtt gat tat ctt Arg Gly Asn Lys Pro Pro Arg Thr Asp Pro Thr Val Asp Tyr Leu 1085 1090 1095	3294
aac cct gat gaa ttc ttt gaa aat ggt tat ctc ttg aat gag cta	3339

ES 2 535 961 T3

Asn Pro 1100	Asp Glu Phe Phe 1105	Glu Asn Gly Tyr Leu Leu 1110	Asn Glu Leu	
cta cag Leu Gln 1115	gag ctt gga gaa gag Glu Leu Gly Glu 1120	ccg tta cta aaa gaa Pro Leu Leu Lys Glu 1125	ggg gaa gat Gly Glu Asp	3384
cat ttt His Phe 1130	aaa cgt tct acc aat Lys Arg Ser Thr Asn 1135	cta gtc cgt cta ggc Leu Val Arg Leu Gly 1140	gag aga gat Glu Arg Asp	3429
agg caa Arg Gln 1145	aat aga gaa aag aga Asn Arg Glu Lys Arg 1150	gaa aaa gag ggg tat Glu Lys Glu Gly Tyr 1155	ttt gat ctg Phe Asp Leu	3474
cct ggt Pro Gly 1160	aca tta gat atg aaa Thr Leu Asp Met Lys 1165	ctg cag gag tta ttc Leu Gln Glu Leu Phe 1170	gaa aaa aga Glu Lys Arg	3519
aaa caa Lys Gln 1175	aaa cac gaa gca gaa Lys His Glu Ala Glu 1180	cag aaa gca aga ata Gln Lys Ala Arg Ile 1185	gaa aaa gca Glu Lys Ala	3564
ctt cta Leu Leu 1190	caa aaa tca gaa caa Gln Lys Ser Glu Gln 1195	caa gaa aaa cgt gtt Gln Glu Lys Arg Val 1200	gaa gaa cgt Glu Glu Arg	3609
aag caa Lys Gln 1205	gag gaa aaa cgt caa Glu Glu Lys Arg Gln 1210	gcg caa gat aaa att Ala Gln Asp Lys Ile 1215	gct aag caa Ala Lys Gln	3654
gta gaa Val Glu 1220	att gca aaa gaa atg Ile Ala Lys Glu Met 1225	caa cgg gta gaa gaa Gln Arg Val Glu Glu 1230	att cgc cag Ile Arg Gln	3699
aga gaa Arg Glu 1235	aaa caa ctt gcg atc Lys Gln Leu Ala Ile 1240	caa ctg caa gaa gaa Gln Leu Gln Glu Glu 1245	gag aag aaa Glu Lys Lys	3744
caa caa Gln Gln 1250	gaa gaa aaa cat tta Glu Glu Lys His Leu 1255	tcc gag gag aaa aaa Ser Glu Glu Lys Lys 1260	caa gct gaa Gln Ala Glu	3789
cag aaa Gln Lys 1265	caa aaa gct gag gag Gln Lys Ala Glu Glu 1270	aaa gtt gca caa gaa Lys Val Ala Gln Glu 1275	aga tta gac Arg Leu Asp	3834
att gaa Ile Glu 1280	caa cag aaa gcg tat Gln Gln Lys Ala Tyr 1285	gaa gaa atg gcg aag Glu Glu Met Ala Lys 1290	cga gag gca Arg Glu Ala	3879
gag gca Glu Ala 1295	tca aaa aat gtt tta Ser Lys Asn Val Leu 1300	ttg aaa gcg att gat Leu Lys Ala Ile Asp 1305	gaa gaa cgt Glu Glu Arg	3924
cca aaa Pro Lys 1310	gtg gaa act gat cca Val Glu Thr Asp Pro 1315	ctt ttc cgt aca aaa Leu Phe Arg Thr Lys 1320	ttg aaa tat Leu Lys Tyr	3969
atc aat Ile Asn	caa gat gac tat gct Gln Asp Asp Tyr Ala	ggg gca aat tat ttc Gly Ala Asn Tyr Phe	ttc aat aaa Phe Asn Lys	4014

ES 2 535 961 T3

1325							1330							1335							
ggt	ggt	tta	aat	aca	aaa	ggt	cat	caa	aaa	gta	aat	gtg	tta	ggg	4059						
Val	Gly	Leu	Asn	Thr	Lys	Gly	His	Gln	Lys	Val	Asn	Val	Leu	Gly							
1340							1345							1350							
gat	aac	tat	ttt	gat	cat	caa	gtg	att	act	cgc	tcg	att	gag	aaa	4104						
Asp	Asn	Tyr	Phe	Asp	His	Gln	Val	Ile	Thr	Arg	Ser	Ile	Glu	Lys							
1355							1360							1365							
aaa	gta	gat	aac	cac	ctt	aac	caa	aaa	tac	aat	ctc	agc	gat	gtg	4149						
Lys	Val	Asp	Asn	His	Leu	Asn	Gln	Lys	Tyr	Asn	Leu	Ser	Asp	Val							
1370							1375							1380							
gaa	tta	ggt	aaa	cag	ctg	atg	gac	aat	tcc	aca	aca	caa	gcg	cag	4194						
Glu	Leu	Val	Lys	Gln	Leu	Met	Asp	Asn	Ser	Thr	Thr	Gln	Ala	Gln							
1385							1390							1395							
gag	ttg	gat	ttg	aaa	cta	ggt	gcg	gca	tta	act	aaa	gaa	caa	caa	4239						
Glu	Leu	Asp	Leu	Lys	Leu	Gly	Ala	Ala	Leu	Thr	Lys	Glu	Gln	Gln							
1400							1405							1410							
gct	aac	ttg	acc	caa	gat	atc	gtt	tgg	tat	gtc	aaa	acg	aag	gta	4284						
Ala	Asn	Leu	Thr	Gln	Asp	Ile	Val	Trp	Tyr	Val	Lys	Thr	Lys	Val							
1415							1420							1425							
aag	ggc	aaa	gat	gtg	ttt	gtt	cca	aag	gtt	tat	ttc	gct	tct	gaa	4329						
Lys	Gly	Lys	Asp	Val	Phe	Val	Pro	Lys	Val	Tyr	Phe	Ala	Ser	Glu							
1430							1435							1440							
acg	ctc	gta	gaa	gcc	caa	aaa	tta	caa	ggt	tta	ggc	act	ggg	act	4374						
Thr	Leu	Val	Glu	Ala	Gln	Lys	Leu	Gln	Gly	Leu	Gly	Thr	Gly	Thr							
1445							1450							1455							
atc	aga	gtt	ggt	gaa	gct	aag	att	aaa	gcc	aaa	gat	gtg	gtg	aat	4419						
Ile	Arg	Val	Gly	Glu	Ala	Lys	Ile	Lys	Ala	Lys	Asp	Val	Val	Asn							
1460							1465							1470							
acc	ggg	aca	tta	gct	ggg	aga	aaa	ctc	aat	gtt	gaa	gcg	agt	aat	4464						
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	4509						
Lys	Ile	Lys	Asn	Gln	Gly	Ser	Ile	Leu	Ser	Thr	Gln	Glu	Thr	Arg							
1490							1495							1500							
tta	gtc	ggg	cgt	aaa	ggt	att	gaa	aac	gta	tct	cgt	tca	ttt	gca	4554						
Leu	Val	Gly	Arg	Lys	Gly	Ile	Glu	Asn	Val	Ser	Arg	Ser	Phe	Ala							
1505							1510							1515							
aat	gat	gaa	tta	gga	gtc	act	gca	caa	cgc	tca	gaa	atc	aaa	acg	4599						
Asn	Asp	Glu	Leu	Gly	Val	Thr	Ala	Gln	Arg	Ser	Glu	Ile	Lys	Thr							
1520							1525							1530							
gaa	ggt	cat	tta	cat	ctt	gaa	aca	gat	aag	gat	tca	act	att	gat	4644						
Glu	Gly	His	Leu	His	Leu	Glu	Thr	Asp	Lys	Asp	Ser	Thr	Ile	Asp							
1535							1540							1545							
gta	caa	gca	tcg	gat	att	aaa	gca	aaa	aca	agc	ttt	gtg	aag	act	4689						
Val	Gln	Ala	Ser	Asp	Ile	Lys	Ala	Lys	Thr	Ser	Phe	Val	Lys	Thr							
1550							1555							1560							

ES 2 535 961 T3

```

ggt gat  gtg aat ctc aaa aat  aca tac aat act aaa  cat gcc tac      4734
Gly Asp  Val Asn Leu Lys Asn   Thr Tyr Asn Thr Lys   His Ala Tyr
1565                      1570                      1575

cgt gag  aaa ttc tcg ccg agt  gca cta caa gtt gca  gaa ctt gat      4779
Arg Glu   Lys Phe Ser Pro Ser  Ala Leu Gln Val Ala  Glu Leu Asp
1580                      1585                      1590

gtg gca  ggg ctt aaa gtc cca  ctt tta ggc gtg tcc  gtc tcc atc      4824
Val Ala  Gly Leu Lys Val Pro  Leu Leu Gly Val Ser  Val Ser Ile
1595                      1600                      1605

cag ttt  att cag agc ata cta  gtg agg caa ctt caa  gag gga tca      4869
Gln Phe   Ile Gln Ser Ile Leu  Val Arg Gln Leu Gln  Glu Gly Ser
1610                      1615                      1620

atc ttc  gaa gta ggg cac tta  cat ntt gcg gta gac  aga aga tgt      4914
Ile Phe   Glu Val Gly His Leu  His Xaa Ala Val Asp  Arg Arg Cys
1625                      1630                      1635

gaa cca  agc ggg gag ta
Glu Pro  Ser Gly Glu
1640

```

<210> 103

<211> 1643

<212> PROTEÍNA

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<222> (1632)..(1632)

<223> El 'Xaa' en la localización 1632 representa Ile, Val, Leu, o Phe.

10 <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

```

ES 2 535 961 T3

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

ES 2 535 961 T3

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 Thr Ile Asn

ES 2 535 961 T3

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			
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			
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			
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		

ES 2 535 961 T3

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
 1010 1015 1020

Ile Glu Asp Leu Asp Glu Glu Pro Arg Lys Asn Leu Asp Ile Glu
 1025 1030 1035

Glu Ser His Ser Asn Ser Ser Asp Asp Val Leu Ser Met Asn Asp
 1040 1045 1050

Asp Glu Ser Asp Thr Asp Asp Ser Lys Trp Ser Met Gly Asn Asp
 1055 1060 1065

ES 2 535 961 T3

Glu	Lys	Glu	Met	Pro	Asp	Asp	Lys	Leu	Gly	Ile	Ser	Arg	Asp	Asp
1070						1075					1080			
Arg	Gly	Asn	Lys	Pro	Pro	Arg	Thr	Asp	Pro	Thr	Val	Asp	Tyr	Leu
1085						1090					1095			
Asn	Pro	Asp	Glu	Phe	Phe	Glu	Asn	Gly	Tyr	Leu	Leu	Asn	Glu	Leu
1100						1105					1110			
Leu	Gln	Glu	Leu	Gly	Glu	Glu	Pro	Leu	Leu	Lys	Glu	Gly	Glu	Asp
1115						1120					1125			
His	Phe	Lys	Arg	Ser	Thr	Asn	Leu	Val	Arg	Leu	Gly	Glu	Arg	Asp
1130						1135					1140			
Arg	Gln	Asn	Arg	Glu	Lys	Arg	Glu	Lys	Glu	Gly	Tyr	Phe	Asp	Leu
1145						1150					1155			
Pro	Gly	Thr	Leu	Asp	Met	Lys	Leu	Gln	Glu	Leu	Phe	Glu	Lys	Arg
1160						1165					1170			
Lys	Gln	Lys	His	Glu	Ala	Glu	Gln	Lys	Ala	Arg	Ile	Glu	Lys	Ala
1175						1180					1185			
Leu	Leu	Gln	Lys	Ser	Glu	Gln	Gln	Glu	Lys	Arg	Val	Glu	Glu	Arg
1190						1195					1200			
Lys	Gln	Glu	Glu	Lys	Arg	Gln	Ala	Gln	Asp	Lys	Ile	Ala	Lys	Gln
1205						1210					1215			
Val	Glu	Ile	Ala	Lys	Glu	Met	Gln	Arg	Val	Glu	Glu	Ile	Arg	Gln
1220						1225					1230			
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
1250						1255					1260			
Gln	Lys	Gln	Lys	Ala	Glu	Glu	Lys	Val	Ala	Gln	Glu	Arg	Leu	Asp
1265						1270					1275			
Ile	Glu	Gln	Gln	Lys	Ala	Tyr	Glu	Glu	Met	Ala	Lys	Arg	Glu	Ala
1280						1285					1290			

ES 2 535 961 T3

Glu Ala	Ser Lys Asn Val	Leu	Leu Lys Ala Ile	Asp	Glu Glu Arg
1295		1300		1305	
Pro Lys	Val Glu Thr Asp	Pro	Leu Phe Arg Thr	Lys	Leu Lys Tyr
1310		1315		1320	
Ile Asn	Gln Asp Asp Tyr	Ala	Gly Ala Asn Tyr	Phe	Phe Asn Lys
1325		1330		1335	
Val Gly	Leu Asn Thr Lys	Gly	His Gln Lys Val	Asn	Val Leu Gly
1340		1345		1350	
Asp Asn	Tyr Phe Asp His	Gln	Val Ile Thr Arg	Ser	Ile Glu Lys
1355		1360		1365	
Lys Val	Asp Asn His Leu	Asn	Gln Lys Tyr Asn	Leu	Ser Asp Val
1370		1375		1380	
Glu Leu	Val Lys Gln Leu	Met	Asp Asn Ser Thr	Thr	Gln Ala Gln
1385		1390		1395	
Glu Leu	Asp Leu Lys Leu	Gly	Ala Ala Leu Thr	Lys	Glu Gln Gln
1400		1405		1410	
Ala Asn	Leu Thr Gln Asp	Ile	Val Trp Tyr Val	Lys	Thr Lys Val
1415		1420		1425	
Lys Gly	Lys Asp Val Phe	Val	Pro Lys Val Tyr	Phe	Ala Ser Glu
1430		1435		1440	
Thr Leu	Val Glu Ala Gln	Lys	Leu Gln Gly Leu	Gly	Thr Gly Thr
1445		1450		1455	
Ile Arg	Val Gly Glu Ala	Lys	Ile Lys Ala Lys	Asp	Val Val Asn
1460		1465		1470	
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
1490		1495		1500	
Leu Val	Gly Arg Lys Gly	Ile	Glu Asn Val Ser	Arg	Ser Phe Ala
1505		1510		1515	
Asn Asp	Glu Leu Gly Val Thr	Ala	Gln Arg Ser Glu	Ile	Lys Thr

ES 2 535 961 T3

1520	1525	1530
Glu Gly His Leu His Leu Glu Thr Asp Lys Asp Ser Thr Ile Asp		
1535	1540	1545
Val Gln Ala Ser Asp Ile Lys Ala Lys Thr Ser Phe Val Lys Thr		
1550	1555	1560
Gly Asp Val Asn Leu Lys Asn Thr Tyr Asn Thr Lys His Ala Tyr		
1565	1570	1575
Arg Glu Lys Phe Ser Pro Ser Ala Leu Gln Val Ala Glu Leu Asp		
1580	1585	1590
Val Ala Gly Leu Lys Val Pro Leu Leu Gly Val Ser Val Ser Ile		
1595	1600	1605
Gln Phe Ile Gln Ser Ile Leu Val Arg Gln Leu Gln Glu Gly Ser		
1610	1615	1620
Ile Phe Glu Val Gly His Leu His Xaa Ala Val Asp Arg Arg Cys		
1625	1630	1635
Glu Pro Ser Gly Glu		
1640		

<210> 104
 <211> 2009
 <212> ADN
 5 <213> Pasteurella Multocida

<220>
 <221> misc_feature
 <223> hmbR

10 <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	

ES 2 535 961 T3

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

ES 2 535 961 T3

ttt tta gaa aat atg aat aag cat ttt acg ttt cgg ccg tgg caa atc Phe Leu Glu Asn Met Asn Lys His Phe Thr Phe Arg Pro Trp Gln Ile 290 295 300	912
aat aga ttc aga caa caa ggt cga aat aac tat aca gaa gtg ttt ccc Asn Arg Phe Arg Gln Gln Gly Arg Asn Asn Tyr Thr Glu Val Phe Pro 305 310 315 320	960
gtt aaa tcc cga gag ttt tct ttt tct ctt atg gac gac att aag att Val Lys Ser Arg Glu Phe Ser Phe Ser Leu Met Asp Asp Ile Lys Ile 325 330 335	1008
ggc gaa ttg cta cat ctc gga ttg ggc ggt cgg tgg gat cac tat aac Gly Glu Leu Leu His Leu Gly Leu Gly Arg Trp Asp His Tyr Asn 340 345 350	1056
tat aag cca tta tta aat tct cag cat aat atc aac agg aca cag aga Tyr Lys Pro Leu Leu Asn Ser Gln His Asn Ile Asn Arg Thr Gln Arg 355 360 365	1104
tta cct tat cca aaa aca tca tcc aaa ttt tcg tat caa ttg agt tta Leu Pro Tyr Pro Lys Thr Ser Ser Lys Phe Ser Tyr Gln Leu Ser Leu 370 375 380	1152
gag tat caa tta cat cca tca cat caa att gca tac cgt tta agt acc Glu Tyr Gln Leu His Pro Ser His Gln Ile Ala Tyr Arg Leu Ser Thr 385 390 395 400	1200
ggg ttt agg gtt ccc cgt gtt gaa gat ctt tat ttt gaa gac cga gga Gly Phe Arg Val Pro Arg Val Glu Asp Leu Tyr Phe Glu Asp Arg Gly 405 410 415	1248
aaa agt tct tca caa ttt ctt cct aac ccc gat cta caa ccg gaa act Lys Ser Ser Ser Gln Phe Leu Pro Asn Pro Asp Leu Gln Pro Glu Thr 420 425 430	1296
gca ctg aat cat gaa ata agt tac cgt ttc caa aat caa tat gcc cat Ala Leu Asn His Glu Ile Ser Tyr Arg Phe Gln Asn Gln Tyr Ala His 435 440 445	1344
ttc agc gtc ggg ctt ttc cgt aca cgt tat cat aac ttt att caa gaa Phe Ser Val Gly Leu Phe Arg Thr Arg Tyr His Asn Phe Ile Gln Glu 450 455 460	1392
cgt gag atg acc tgt gat aaa att cca tat gag tat aat agg act tat Arg Glu Met Thr Cys Asp Lys Ile Pro Tyr Glu Tyr Asn Arg Thr Tyr 465 470 475 480	1440
gga tat tgc acg cat aat act tat gta atg ttt gtt aat gaa cct gaa Gly Tyr Cys Thr His Asn Thr Tyr Val Met Phe Val Asn Glu Pro Glu 485 490 495	1488
gcc gtg att aaa ggg gtt gaa gta agc ggt gct tta aat ggg tcg gca Ala Val Ile Lys Gly Val Glu Val Ser Gly Ala Leu Asn Gly Ser Ala 500 505 510	1536
ttc gga ctt tcc gac ggt tta act ttc cgt ctc aaa ggg agc tac agc Phe Gly Leu Ser Asp Gly Leu Thr Phe Arg Leu Lys Gly Ser Tyr Ser 515 520 525	1584
aaa ggt caa aat cat gac ggc gat ccg tta aaa tct att caa cca tgg	1632

ES 2 535 961 T3

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> PROTEÍNA

5 <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

ES 2 535 961 T3

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	Glu	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
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
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

ES 2 535 961 T3

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

ES 2 535 961 T3

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> ADN

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<223> lgtC

<220>

10 <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

ES 2 535 961 T3

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> PROTEÍNA

5 <213> Pasteurella Multocida

<400> 107

ES 2 535 961 T3

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

ES 2 535 961 T3

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> ADN

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<223> pnp

<220>

10 <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

ES 2 535 961 T3

100	105	110	
cca ttt aat ggc cct atc ggt gcg gca cgt gtt ggt ttt att gat gat Pro Phe Asn Gly Pro Ile Gly Ala Ala Arg Val Gly Phe Ile Asp Asp 115 120 125			384
caa ttt gtg tta aac cca acc atg aac gag caa aaa caa agc cgt tta Gln Phe Val Leu Asn Pro Thr Met Asn Glu Gln Lys Gln Ser Arg Leu 130 135 140			432
gac ttg gtt gtc gcg gga aca gat aaa gcg gtg tta atg gtg gaa tct Asp Leu Val Val Ala Gly Thr Asp Lys Ala Val Leu Met Val Glu Ser 145 150 155 160			480
gaa gcc gat gta tta acc gaa gaa caa atg tta gct gcg gtg gtg ttt Glu Ala Asp Val Leu Thr Glu Glu Gln Met Leu Ala Ala Val Val Phe 165 170 175			528
ggt cat cag caa caa caa gtg gtg att gac gcg atc aaa gaa ttt acc Gly His Gln Gln Gln Gln Val Val Ile Asp Ala Ile Lys Glu Phe Thr 180 185 190			576
gca gaa gcc ggt aaa ccg cgt tgg gat tgg gtg gca cct gaa cca aat Ala Glu Ala Gly Lys Pro Arg Trp Asp Trp Val Ala Pro Glu Pro Asn 195 200 205			624
acc gcg tta att gaa aaa gtg aaa gcg att gca gaa gcg cgt tta ggc Thr Ala Leu Ile Glu Lys Val Lys Ala Ile Ala Glu Ala Arg Leu Gly 210 215 220			672
gaa gca tac cgt atc act gaa aaa caa gca cgt tat gaa caa att gat Glu Ala Tyr Arg Ile Thr Glu Lys Gln Ala Arg Tyr Glu Gln Ile Asp 225 230 235 240			720
gcg att aaa gct gat gtg att gca caa atc aca gct gaa gta gca gaa Ala Ile Lys Ala Asp Val Ile Ala Gln Ile Thr Ala Glu Val Ala Glu 245 250 255			768
ggc gaa gac atc agt gaa ggg aaa att gtc gat att ttc acc gca ctt Gly Glu Asp Ile Ser Glu Gly Lys Ile Val Asp Ile Phe Thr Ala Leu 260 265 270			816
gaa agc caa atc gta cgt agc cgt atc att gct ggt gaa cca cgt att Glu Ser Gln Ile Val Arg Ser Arg Ile Ile Ala Gly Glu Pro Arg Ile 275 280 285			864
gat ggt cgt aca gtg gat act gtt cgt gca tta gat att tgt act ggt Asp Gly Arg Thr Val Asp Thr Val Arg Ala Leu Asp Ile Cys Thr Gly 290 295 300			912
gtt tta cca cgt aca cac ggt tct gcg att ttc acc cgt ggt gaa aca Val Leu Pro Arg Thr His Gly Ser Ala Ile Phe Thr Arg Gly Glu Thr 305 310 315 320			960
cag gcg tta gct gtc gcg aca tta ggt aca gaa cgt gat gca caa att Gln Ala Leu Ala Val Ala Thr Leu Gly Thr Glu Arg Asp Ala Gln Ile 325 330 335			1008
att gat gaa tta aca ggt gag cgt tca gat cac ttc tta ttc cac tac Ile Asp Glu Leu Thr Gly Glu Arg Ser Asp His Phe Leu Phe His Tyr 340 345 350			1056

aac ttc ccg cca tat tct gtg ggt gaa acc ggt atg att ggt tca cca Asn Phe Pro Pro Tyr Ser Val Gly Glu Thr Gly Met Ile Gly Ser Pro 355 360 365	1104
aaa cgt cgt gaa att ggt cat ggt cgt tta gcg aaa cgc ggt gta gct Lys Arg Arg Glu Ile Gly His Gly Arg Leu Ala Lys Arg Gly Val Ala 370 375 380	1152
gca gtg atg cca aca ctt gcc gag ttc ccg tat gtg gta cgt gtt gtc Ala Val Met Pro Thr Leu Ala Glu Phe Pro Tyr Val Val Arg Val Val 385 390 395 400	1200
tct gaa atc aca gaa tca aat ggt tct tct tct atg gca tcg gtt tgt Ser Glu Ile Thr Glu Ser Asn Gly Ser Ser Ser Met Ala Ser Val Cys 405 410 415	1248
ggt gcg tct tta gca tta atg gat gcg ggt gta cca att aaa gcg gcg Gly Ala Ser Leu Ala Leu Met Asp Ala Gly Val Pro Ile Lys Ala Ala 420 425 430	1296
gtt gca ggt att gca atg ggc tta gtc aaa gaa gac gaa aaa ttt gtg Val Ala Gly Ile Ala Met Gly Leu Val Lys Glu Asp Glu Lys Phe Val 435 440 445	1344
gtg ctt tca gac atc tta ggt gat gaa gat cac tta ggt gac atg gac Val Leu Ser Asp Ile Leu Gly Asp Glu Asp His Leu Gly Asp Met Asp 450 455 460	1392
ttc aaa gtc gcg ggt aca cgt acg ggt gtg acg gca tta caa atg gat Phe Lys Val Ala Gly Thr Arg Thr Gly Val Thr Ala Leu Gln Met Asp 465 470 475 480	1440
atc aaa atc gaa ggt atc aca gca gaa atc atg caa att gcg tta aac Ile Lys Ile Glu Gly Ile Thr Ala Glu Ile Met Gln Ile Ala Leu Asn 485 490 495	1488
caa gcg aaa agc gca cgt tta cac att tta ggt gtg atg gag caa gcg Gln Ala Lys Ser Ala Arg Leu His Ile Leu Gly Val Met Glu Gln Ala 500 505 510	1536
atc cca gcg cca cgt gcg gat att tct gat ttt gca ccg cgt att tac Ile Pro Ala Pro Arg Ala Asp Ile Ser Asp Phe Ala Pro Arg Ile Tyr 515 520 525	1584
act atg aaa att gat ccg aag aaa atc aaa gat gtg atc ggt aaa ggt Thr Met Lys Ile Asp Pro Lys Lys Ile Lys Asp Val Ile Gly Lys Gly 530 535 540	1632
ggt gca acc att cgt gcc tta aca gaa gaa aca ggt acc tca att gat Gly Ala Thr Ile Arg Ala Leu Thr Glu Glu Thr Gly Thr Ser Ile Asp 545 550 555 560	1680
atc gat gat gat ggt acg gtg aag att gct gcg gtt gat ggc aat tca Ile Asp Asp Asp Gly Thr Val Lys Ile Ala Ala Val Asp Gly Asn Ser 565 570 575	1728
gca aaa gag gtg atg gcg cgt att gaa gat att act gca gaa gtt gaa Ala Lys Glu Val Met Ala Arg Ile Glu Asp Ile Thr Ala Glu Val Glu 580 585 590	1776

ES 2 535 961 T3

```

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> PROTEÍNA

5 <213> Pasteurella Multocida

<400> 109

```

Met 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

```

ES 2 535 961 T3

115																			
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					240				
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					320				
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							

ES 2 535 961 T3

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
 385 390 395 400
 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
 465 470 475 480
 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
 545 550 555 560
 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

ES 2 535 961 T3

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> ADN

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<223> purF

<220>

10 <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

ES 2 535 961 T3

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	

ES 2 535 961 T3

340	345	350	
acc att gct tca gaa ttt aaa gat aag aat gtg tta tta gtt gac gac Thr Ile Ala Ser Glu Phe Lys Asp Lys Asn Val Leu Leu Val Asp Asp 355 360 365			1104
tcg att gta cgt ggt acc acg tct gaa caa att gtc gaa atg gcg aga Ser Ile Val Arg Gly Thr Thr Ser Glu Gln Ile Val Glu Met Ala Arg 370 375 380			1152
gcg gca ggt gcg aag aaa att tat ttt gcc tct gct gca cca gaa att Ala Ala Gly Ala Lys Lys Ile Tyr Phe Ala Ser Ala Ala Pro Glu Ile 385 390 400			1200
cgt tat cca aat gtg tat ggt att gat atg cca acc aaa aat gaa ttg Arg Tyr Pro Asn Val Tyr Gly Ile Asp Met Pro Thr Lys Asn Glu Leu 405 410 415			1248
atc gct tat ggt cgt gat gta gat gaa att gct aac tta att ggt gtg Ile Ala Tyr Gly Arg Asp Val Asp Glu Ile Ala Asn Leu Ile Gly Val 420 425 430			1296
gat aaa ttg att ttc caa gat ttg gat gcg tta act ggt tct gtg caa Asp Lys Leu Ile Phe Gln Asp Leu Asp Ala Leu Thr Gly Ser Val Gln 435 440 445			1344
caa gaa aat cca agt att caa gac ttt gat tgt tcg gtg ttt aca ggg Gln Glu Asn Pro Ser Ile Gln Asp Phe Asp Cys Ser Val Phe Thr Gly 450 455 460			1392
gtt tat gtg acg ggc gat att aca cct gaa tat ctg gat aat att gca Val Tyr Val Thr Gly Asp Ile Thr Pro Glu Tyr Leu Asp Asn Ile Ala 465 470 475 480			1440
gaa cag cgt aat gat atc gcc aag aaa aag cgt gaa aaa gat gct acc Glu Gln Arg Asn Asp Ile Ala Lys Lys Lys Arg Glu Lys Asp Ala Thr 485 490 495			1488
aat ctt gaa atg cac aat gaa aaa ta Asn Leu Glu Met His Asn Glu Lys 500			1514

<210> 111

<211> 504

<212> PROTEÍNA

5 <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

ES 2 535 961 T3

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

ES 2 535 961 T3

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> ADN
 <213> Pasteurella Multocida

5

<220>
 <221> misc_feature
 <223> rci
 <220>

ES 2 535 961 T3

<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	
ggt 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 ggt 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 ggt 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	

ES 2 535 961 T3

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	
tgt gga ctt gaa cat ctc cat ttt cat gat acg aga agg gaa gcg ttg	864
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> PROTEÍNA

5 <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	

ES 2 535 961 T3

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> ADN
 <213> Pasteurella Multocida

<220>

5 <221> misc_feature
 <223> sopE

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1188)

10 <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	

ES 2 535 961 T3

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 ggc	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> PROTEÍNA

5 <213> Pasteurella Multocida

<400> 115

ES 2 535 961 T3

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				

ES 2 535 961 T3

```

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> ADN

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<223> unkK

<220>

10 <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

```


ES 2 535 961 T3

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

ES 2 535 961 T3

atg cag tta aat gtc acg caa ggt aca gtg aca att ggg gtg gat gga Met Gln Leu Asn Val Thr Gln Gly Thr Val Thr Ile Gly Val Asp Gly 260 265 270	816
ttt gcc aca gat ggc tta cct tat ttg gat atc att gcc aaa aag att Phe Ala Thr Asp Gly Leu Pro Tyr Leu Asp Ile Ile Ala Lys Lys Ile 275 280 285	864
gaa caa aaa caa gcg att aca aaa gaa aga aca gga aat tcc gaa acc Glu Gln Lys Gln Ala Ile Thr Lys Glu Arg Thr Gly Asn Ser Glu Thr 290 295 300	912
gat atc act ttt gtc gca ggt aac agt aaa tat gat tta aag aca cat Asp Ile Thr Phe Val Ala Gly Asn Ser Lys Tyr Asp Leu Lys Thr His 305 310 315 320	960
caa gtg aca gaa aag cat acc gct gag gca caa ggt gaa att gcg att Gln Val Thr Glu Lys His Thr Ala Glu Ala Gln Gly Glu Ile Ala Ile 325 330 335	1008
agc ggt gcg agt acc ggt gca atg tac ggt aaa aat atc aaa tta atc Ser Gly Ala Ser Thr Gly Ala Met Tyr Gly Lys Asn Ile Lys Leu Ile 340 345 350	1056
gta acg gat aaa ggc gct ggg gta aaa cat gat ggc att att tta tct Val Thr Asp Lys Gly Ala Gly Val Lys His Asp Gly Ile Ile Leu Ser 355 360 365	1104
gag gcg gat att caa att gaa acc cat gag ggc gat gtt gaa tta ggc Glu Ala Asp Ile Gln Ile Glu Thr His Glu Gly Asp Val Glu Leu Gly 370 375 380	1152
aat aca aaa aat aat cag aat gag aat tat gcc aaa gct cat gcg gaa Asn Thr Lys Asn Asn Gln Asn Glu Asn Tyr Ala Lys Ala His Ala Glu 385 390 395 400	1200
ggg aat ttt acg gtt aaa ggc ggt aag cac gtt att att ggt aag gaa Gly Asn Phe Thr Val Lys Gly Gly Lys His Val Ile Ile Gly Lys Glu 405 410 415	1248
gtt aaa gcc aac aaa gcg gtc gat att caa gca caa gaa aca aca gta Val Lys Ala Asn Lys Ala Val Asp Ile Gln Ala Gln Glu Thr Val 420 425 430	1296
aga caa aat gcg aaa tta act gcc aaa acg agt gcc aaa att aca gca Arg Gln Asn Ala Lys Leu Thr Ala Lys Thr Ser Ala Lys Ile Thr Ala 435 440 445	1344
agt aag agt gtg aat ctt gaa gat aac gcg aaa ctt att gct aat gag Ser Lys Ser Val Asn Leu Glu Asp Asn Ala Lys Leu Ile Ala Asn Glu 450 455 460	1392
ctg agc aca aca acc aat aaa tta acc aat aaa ggt agc att tac ggc Leu Ser Thr Thr Thr Asn Lys Leu Thr Asn Lys Gly Ser Ile Tyr Gly 465 470 475 480	1440
aag aaa gtg acg cta gat gct gat aat tta gtc aat agt aaa gaa atc Lys Lys Val Thr Leu Asp Ala Asp Asn Leu Val Asn Ser Lys Glu Ile 485 490 495	1488
tat gcg tct agc gaa ctt gat att caa acc aaa ggt cgt gat ctt tta	1536

ES 2 535 961 T3

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	
ggt 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 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> PROTEÍNA

5 <213> Pasteurella Multocida

<400> 117

ES 2 535 961 T3

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	

ES 2 535 961 T3

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

ES 2 535 961 T3

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

ES 2 535 961 T3

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> ADN

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> misc_feature

<223> unkO

<220>

10 <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 ggt gtc gag cac ttt gtg ctg gaa ggt	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

15 <211> 83

<212> PROTEÍNA

<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

ES 2 535 961 T3

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> ADN

5 <213> Pasteurella Multocida

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(546)

<223> unkP

10 <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 ggt 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 ggc ggc 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

ES 2 535 961 T3

```

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> PROTEÍNA

5 <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

```

ES 2 535 961 T3

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> ADN

5 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<221> misc_feature

<223> apvA-or1

<220>

10 <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

15 <211> 23

<212> PROTEÍNA

<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

20 <210> 124

<211> 64

<212> ADN

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

25 <221> misc_feature

<223> apvA-or2

<220>

<221> CDS

<222> (3)..(62)

30 <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> PROTEÍNA

5 <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

10 <212> ADN

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<221> misc_feature

<223> apvB

15 <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

ES 2 535 961 T3

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 ggt 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 ggt 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 ggt 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 ggt tta tct gtc ggt tgg at				653
Leu Gly Met Gly Leu Ser Val Gly Trp	210	215		

<210> 127

<211> 217

<212> PROTEÍNA

5 <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

ES 2 535 961 T3

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 Ser Val Gly Trp
210 215

<210> 128
<211> 242
<212> ADN

5 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
<221> misc_feature
<223> apvC

10 <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

ES 2 535 961 T3

```

Met Ala Arg Gln Ile Leu Ser Ala Ala Glu Leu Leu Ile Ala Lys Glu
      20              25              30

ggt ttg caa aat tta tcg 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> PROTEÍNA

5 <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

10 <212> ADN

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<221> misc_feature

<223> apvD

15 <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

```

ES 2 535 961 T3

```

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> PROTEÍNA

5 <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

```

ES 2 535 961 T3

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
145 150 155 160

Leu Val Thr Thr Gln Gln Val Pro Val Leu Met Lys Leu Ala Asn
165 170 175

<210> 132

<211> 867

<212> ADN

5 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<221> misc_feature

<223> atpG

<220>

10 <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	

ES 2 535 961 T3

atc cgt aag gtg att agc cat att gcg aaa gga agc att ggt tat aag Ile Arg Lys Val Ile Ser His Ile Ala Lys Gly Ser Ile Gly Tyr Lys 50 55 60	192
cac ccg ttt tta act gaa cgt gat att aaa aaa gta ggc tat ctt gtc His Pro Phe Leu Thr Glu Arg Asp Ile Lys Lys Val Gly Tyr Leu Val 65 70 75 80	240
gtt tgc acc gat cgc ggt tta tgc ggt ggc ctt aat atc aat tta ttc Val Ser Thr Asp Arg Gly Leu Cys Gly Gly Leu Asn Ile Asn Leu Phe 85 90 95	288
aaa gcg act ttg aat gaa ttt aaa acg tgg aaa gat aaa gac gtt agt Lys Ala Thr Leu Asn Glu Phe Lys Thr Trp Lys Asp Lys Asp Val Ser 100 105 110	336
gtt gag ctt ggt tta gta ggg tgc aaa ggc gta agc ttt tac caa aat Val Glu Leu Gly Leu Val Gly Ser Lys Gly Val Ser Phe Tyr Gln Asn 115 120 125	384
cta ggc tta aac gtg aga tct caa gta acg gga tta ggc gat aat ccg Leu Gly Leu Asn Val Arg Ser Gln Val Thr Gly Leu Gly Asp Asn Pro 130 135 140	432
gaa atg gaa cgt atc gtg ggc gca gtt aat gaa atg att aat gcg ttc Glu Met Glu Arg Ile Val Gly Ala Val Asn Glu Met Ile Asn Ala Phe 145 150 155 160	480
cga aac gga gaa gtg gat gcg gtt tac gtc gct tac aac cgt ttt gaa Arg Asn Gly Glu Val Asp Ala Val Tyr Val Ala Tyr Asn Arg Phe Glu 165 170 175	528
aat acg atg tca caa aaa cct gtt atc gca cag tta ctt ccg tta cct Asn Thr Met Ser Gln Lys Pro Val Ile Ala Gln Leu Leu Pro Leu Pro 180 185 190	576
aaa cta gat gac gat gaa tta gat acg aaa ggt tca tgg gat tat att Lys Leu Asp Asp Asp Glu Leu Asp Thr Lys Gly Ser Trp Asp Tyr Ile 195 200 205	624
tat gaa ccg aat cca caa gtt tta ttg gat agt tta ctt gtt cgt tat Tyr Glu Pro Asn Pro Gln Val Leu Leu Asp Ser Leu Leu Val Arg Tyr 210 215 220	672
tta gaa act cag gta tac caa gca gtt gta gat aac cta gct tct gaa Leu Glu Thr Gln Val Tyr Gln Ala Val Val Asp Asn Leu Ala Ser Glu 225 230 235 240	720
caa gcc gct cga atg gta gcg atg aaa gcc gca aca gat aat gcg ggt Gln Ala Ala Arg Met Val Ala Met Lys Ala Ala Thr Asp Asn Ala Gly 245 250 255	768
aca tta atc gat gaa tta caa tta gtg tat aac aaa gct cgc caa gca Thr Leu Ile Asp Glu Leu Gln Leu Val Tyr Asn Lys Ala Arg Gln Ala 260 265 270	816
agc att aca aat gaa tta aac gaa att gtt gcg ggt gcc gca gca att Ser Ile Thr Asn Glu Leu Asn Glu Ile Val Ala Gly Ala Ala Ala Ile 275 280 285	864
taa	867

<210> 133

<211> 288

<212> PROTEÍNA

5 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

ES 2 535 961 T3

<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
225 230 235 240

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> ADN

5 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<221> misc_feature

<223> atpH

<220>

10 <221> CDS

<222> (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 tgg 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

ES 2 535 961 T3

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> PROTEÍNA

5 <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	

ES 2 535 961 T3

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> ADN

5 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<221> misc_feature

<223> dksA

<220>

10 <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

15 <211> 106

<212> PROTEÍNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 137

ES 2 535 961 T3

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> ADN

5 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<221> misc_feature

<223> dnaK

<220>

10 <221> CDS

<222> (1)..(30)

<400> 138

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

33

<210> 139

15 <211> 10

<212> PROTEÍNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 139

Ala Glu Phe Glu Glu Val Lys Asp Asn Lys
1 5 10

20 <210> 140

<211> 453

<212> ADN

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

25 <221> misc_feature

<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 acc acc 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> PROTEÍNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 141

ES 2 535 961 T3

```

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> ADN
 5 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <221> misc_feature
 <223> fkpA

<220>
 10 <221> CDS
 <222> (1)..(717)

<400> 142

ES 2 535 961 T3

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	
ggt 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	
ggt 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 Leu 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> PROTEÍNA

5 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 143

ES 2 535 961 T3

```

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

```

<210> 144
 <211> 290
 <212> ADN

5 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <221> misc_feature
 <223> HI0379

5 <220>
 <221> CDS
 <222> (3)..(287)

<400> 144

tg cat agc gtg aga ggt ccg ggc ggc ggt tat caa ctc ggt aag caa	47
His Ser Val Arg Gly Pro Gly Gly Gly Tyr Gln Leu Gly Lys Gln	
1 5 10 15	
cct gaa gag att agt gtg ggg atg att att gcg gcg gtg aat gaa aat	95
Pro Glu Glu Ile Ser Val Gly Met Ile Ile Ala Ala Val Asn Glu Asn	
20 25 30	
ctc gac gta acc aaa tgt aaa ggt agc ggc aac tgt agc aaa aac tct	143
Leu Asp Val Thr Lys Cys Lys Gly Ser Gly Asn Cys Ser Lys Asn Ser	
35 40 45	
cag tgc tta acc cat cat tta tgg gaa cgt tta gaa gaa caa atc ggt	191
Gln Cys Leu Thr His His Leu Trp Glu Arg Leu Glu Glu Gln Ile Gly	
50 55 60	
gtg ttt tta aat acg att act tta gcg gaa ctt gtt gaa gaa cat tcg	239
Val Phe Leu Asn Thr Ile Thr Leu Ala Glu Leu Val Glu Glu His Ser	
65 70 75	
gat cac gat tgt gaa aaa gaa cat tgc cac gat cat tca cac aaa cat	287
Asp His Asp Cys Glu Lys Glu His Cys His Asp His Ser His Lys His	
80 85 90 95	
taa	290

10 <210> 145
 <211> 95
 <212> PROTEÍNA
 <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> ADN
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

5 <220>
 <221> misc_feature
 <223> hupA

<220>
 <221> CDS
 10 <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
 15 <212> PROTEÍNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae
 <400> 147

ES 2 535 961 T3

```

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> ADN

5 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<221> misc_feature

<223> lpdA

<220>

10 <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

ggg 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

```

ES 2 535 961 T3

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> PROTEÍNA

5 <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	

ES 2 535 961 T3

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> ADN

5 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<221> misc_feature

<223> Omp5-2

<220>

10 <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

ES 2 535 961 T3

tta gcg gct gaa tta ggt tat gac tat ttc ggt cgt gtg cgc ggt tct Leu Ala Ala Glu Leu Gly Tyr Asp Tyr Phe Gly Arg Val Arg Gly Ser 85 90 95	288
gaa aaa cca aac ggt aaa gcg gac aag aaa act ttc cgt cac gct gca Glu Lys Pro Asn Gly Lys Ala Asp Lys Lys Thr Phe Arg His Ala Ala 100 105 110	336
cac ggt gcg aca atc gca tta aaa cct agc tac gaa gta tta cct gac His Gly Ala Thr Ile Ala Leu Lys Pro Ser Tyr Glu Val Leu Pro Asp 115 120 125	384
tta gac gtt tac ggt aaa gta ggt atc gca tta gta aac aat aca tat Leu Asp Val Tyr Gly Lys Val Gly Ile Ala Leu Val Asn Asn Thr Tyr 130 135 140	432
aaa aca ttc aat gca gca caa gag aaa gtg aaa act cgt cgt ttc caa Lys Thr Phe Asn Ala Ala Gln Glu Lys Val Lys Thr Arg Arg Phe Gln 145 150 155 160	480
agt tct tta att tta ggt gcg ggt gtt gag tac gca att ctt cct gaa Ser Ser Leu Ile Leu Gly Ala Gly Val Glu Tyr Ala Ile Leu Pro Glu 165 170 175	528
tta gcg gca cgt gtt gaa tac caa tgg tta aac aac gca ggt aaa gca Leu Ala Ala Arg Val Glu Tyr Gln Trp Leu Asn Asn Ala Gly Lys Ala 180 185 190	576
agc tac tct act tta aat cgt atg ggt gca act gac tac cgt tct gat Ser Tyr Ser Thr Leu Asn Arg Met Gly Ala Thr Asp Tyr Arg Ser Asp 195 200 205	624
atc agt tcc gta tct gca ggt tta agc tac cgt ttc ggt caa ggt gcg Ile Ser Ser Val Ser Ala Gly Leu Ser Tyr Arg Phe Gly Gln Gly Ala 210 215 220	672
gca ccg gtt gca gct ccg gca gtt gaa act aaa aac ttc gca ttc agc Ala Pro Val Ala Ala Pro Ala Val Glu Thr Lys Asn Phe Ala Phe Ser 225 230 235 240	720
tct gac gta tta ttc gca ttc ggt aaa tca aac tta aaa ccg gct gcg Ser Asp Val Leu Phe Ala Phe Gly Lys Ser Asn Leu Lys Pro Ala Ala 245 250 255	768
gca aca gca tta gat gca atg caa acc gaa atc aat aac gca ggt tta Ala Thr Ala Leu Asp Ala Met Gln Thr Glu Ile Asn Asn Ala Gly Leu 260 265 270	816
tca aat gct gcg atc caa gta aac ggt tac acg gac cgt atc ggt aaa Ser Asn Ala Ala Ile Gln Val Asn Gly Tyr Thr Asp Arg Ile Gly Lys 275 280 285	864
gaa gct tca aac tta aaa ctt tca caa cgt cgt gcg gaa aca gta gct Glu Ala Ser Asn Leu Lys Leu Ser Gln Arg Arg Ala Glu Thr Val Ala 290 295 300	912
aac tac atc gtt tct aaa ggt gct ccg gca gct aac gta act gca gta Asn Tyr Ile Val Ser Lys Gly Ala Pro Ala Ala Asn Val Thr Ala Val 305 310 315 320	960
ggt tac ggt gaa gca aac cct gta acc ggc gca aca tgt gac aaa gtt	1008

ES 2 535 961 T3

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> PROTEÍNA

5 <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	

ES 2 535 961 T3

```

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> ADN
 5 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <221> misc_feature
 <223> Omp5

10 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1107)
 <400> 152

ES 2 535 961 T3

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

ES 2 535 961 T3

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> PROTEÍNA

5 <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	

ES 2 535 961 T3

Ser Val Thr Tyr Gly Val Phe Gly Gly Tyr Gln Ile Leu Asn Gln Asn
 65 70 75 80
 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
 145 150 155 160
 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
 225 230 235 240
 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

ES 2 535 961 T3

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

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> ADN

5 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<221> misc_feature

<223> nuevo pnp

<220>

10 <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

ES 2 535 961 T3

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 tgc 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	
260 265 270	
gat atg gac ttc aaa gta gcc ggt acg cgt gaa ggt gta acc gca ctt	864
Asp Met Asp Phe Lys Val Ala Gly Thr Arg Glu Gly Val Thr Ala Leu	
275 280 285	
caa atg gat att aaa atc gaa ggt atc acg cct gaa att atg caa atc	912
Gln Met Asp Ile Lys Ile Glu Gly Ile Thr Pro Glu Ile Met Gln Ile	
290 295 300	
gca tta aat caa gcg aaa ggt gcg cgt atg cac atc tta agc gtg atg	960
Ala Leu Asn Gln Ala Lys Gly Ala Arg Met His Ile Leu Ser Val Met	
305 310 315 320	
gaa caa gcg att cct gca cct cgt gcc gat att tcc gat ttt gcg cct	1008
Glu Gln Ala Ile Pro Ala Pro Arg Ala Asp Ile Ser Asp Phe Ala Pro	
325 330 335	
cgt att cat acg atg aag atc gat ccg aag aaa atc aaa gac gtg atc	1056
Arg Ile His Thr Met Lys Ile Asp Pro Lys Lys Ile Lys Asp Val Ile	

ES 2 535 961 T3

340

345

350

ggt aaa ggc ggt gcg gtt at
Gly Lys Gly Gly Ala Val
355

1076

<210> 155

<211> 358

<212> PROTEÍNA

5 <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

ES 2 535 961 T3

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 Lys Gly Gly Ala Val
355

<210> 156
<211> 1055
<212> ADN

5 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
<221> misc_feature
<223> potD

10 <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

ES 2 535 961 T3

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	ggg	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	ggg	aaa	gac	ggc	ggg	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	ggg	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	ggg	aac	aaa	tac	tct	tta	ccg	caa	tta	tta	ggg	432
Lys	Pro	Tyr	Asp	Gln	Gly	Asn	Lys	Tyr	Ser	Leu	Pro	Gln	Leu	Leu	Gly	
		130				135					140					
gca	ccg	ggg	atc	gca	ttt	aac	tca	aat	gac	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	ggg	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			
ggg	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	ggg	gaa	gta	tct	gta	ggg	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	ggg	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	

ES 2 535 961 T3

	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> PROTEÍNA

5 <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		

ES 2 535 961 T3

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> ADN

5 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<221> misc_feature

<223> rpmF

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(522)

5 <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> PROTEÍNA

10 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 159

ES 2 535 961 T3

```

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> ADN
 5 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <221> misc_feature
 <223> tig

10 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1299)

<400> 160

ES 2 535 961 T3

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

ES 2 535 961 T3

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	gtt	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	gtt	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	gtt	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	gtt	gat	gaa	aaa	cgt	gtt	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	gtt	gtt	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> PROTEÍNA

5 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 161

ES 2 535 961 T3

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

ES 2 535 961 T3

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
305 310 315 320

Phe Gly Gly Lys Pro Glu Met Ala Ala Gln Leu Pro Ala Glu Leu Phe
325 330 335

Glu Ala Asp Ala Lys Arg Arg Val Gln Val Gly Leu Leu Leu Ser Thr
340 345 350

Val Ile Gly Thr Asn Glu Leu Lys Val Asp Glu Lys Arg Val Glu Glu
355 360 365

Thr Ile Ala Glu Ile Ala Ser Ala Tyr Glu Gln Pro Ala Glu Val Val
370 375 380

Ala His Tyr Ala Lys Asn Arg Gln Leu Thr Glu Asn Ile Arg Asn Val
385 390 395 400

Val Leu Glu Glu Gln Ala Val Glu Val Val Leu Ala Lys Ala Lys Val
405 410 415

Thr Glu Lys Ala Thr Ser Phe Asp Glu Val Met Ala Gln Gln Ala Gln
420 425 430

Gly

<210> 162

<211> 316

<212> ADN

5 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<221> misc_feature

<223> ARNt-glu

<400> 162

ES 2 535 961 T3

```

aatattgcgc tcaaatggca aagcggagag catctttaaa tgttgcccc atcgtctaga      60
ggcctaggac atcgcccttt cacggcggta accgggggttc gaatccccgt ggggacgcca      120
tttaaagatg acttttggtg tctgaattgt tctttaaaaa attggaaaca agctgaaaac      180
tgagagatgt tcgaaagaaa gtctgagtag taaaagataa gtaattatct tgaaaatctt      240
agctgaacaa aagcagctaa gtgtttagtt gaataaagta tcgcgttgaa tgcgttcaaa      300
taaaatttga aaatat                                     316

```

<210> 163

<211> 85

<212> ADN

5 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<221> misc_feature

<223> ARNt-leu

<400> 163

```

gctctggtgg tggaattggt agacacgcta tcttgagggg gtagtgtcca taggatgtgc      60

```

10

```

gagttcgagt ctcgcccaga gcacc                                     85

```

<210> 164

<211> 623

<212> ADN

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

15

<220>

<221> misc_feature

<223> yaeE

<220>

<221> CDS

20 <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

```

ES 2 535 961 T3

```

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> PROTEÍNA

5 <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

```

ES 2 535 961 T3

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> 24
<212> ADN
<213> Artificial

5

<220>
<223> Cebador

<400> 166
gacgttccc gttgaatatg gctc 24

10

<210> 167
<211> 26
<212> ADN
<213> Artificial

15

<220>
<223> Cebador

<400> 167
gccggatccg ggatcatatg acaaga 26

20

<210> 168
<211> 24
<212> ADN
<213> Artificial

<220>
<223> Cebador

25

<400> 168
gacaagatgt gtatccacct taac 24

REIVINDICACIONES

1. Una bacteria atenuada de *Pasteurella multocida*, que comprende una mutación en un gen representado por una secuencia polinucleotídica que codifica un polipéptido *fhaC*
- 5 (i) en la que la secuencia polinucleotídica hibrida con el complemento de la SEC ID N.O: 19 en condiciones restrictivas, comprendiendo tales condiciones un lavado final en tampón que comprende SSC 2X/SDS al 0,1 %, a 35°C hasta 45°C, o
- (ii) en la que el polipéptido comprende una secuencia de aminoácidos al menos idéntica en un 80 % a la SEC ID NO: 20,
- 10 en la que la atenuación de la bacteria está causada por dicha mutación.
2. La bacteria de la reivindicación 1, en la que dicha mutación da como resultado la expresión disminuida de un producto génico codificado por el gen mutado.
3. La bacteria de la reivindicación 1, en la que dicha mutación da como resultado la expresión de un producto génico inactivo codificado por el gen.
- 15 4. La bacteria de la reivindicación 1, en la que dicha mutación da como resultado la delección de todo o parte de dicho gen.
5. La bacteria de la reivindicación 1, en la que dicha mutación da como resultado una inserción en dicho gen.
6. La bacteria de la reivindicación 1, en la que la mutación está en la secuencia polinucleotídica de SEC ID NO: 19.
7. Una composición inmunogénica que comprende la bacteria de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 6.
- 20 8. Una composición vacunal que comprende una composición inmunogénica de la reivindicación 7 y un vehículo farmacéuticamente aceptable.
9. La composición vacunal de la reivindicación 8, que comprende adicionalmente un coadyuvante.
10. Un polinucleótido purificado y aislado que comprende una secuencia nucleotídica que codifica un polipéptido que tiene SEC ID NO: 20.
- 25 11. El polinucleótido de la reivindicación 10, que comprende SEC ID NO: 19.
12. Un polipéptido purificado que comprende SEC ID NO: 20.