(19) OFICINA ESPAÑOLA DE PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA

(11) Número de publicación: **2 730 275**

(51) Int. CI.:

A61K 39/085 (2006.01)
A61K 39/116 (2006.01)
A61P 31/04 (2006.01)

(12) TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA T3

(96) Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **20.09.2005 E 15153661 (2)**

(97) Fecha y número de publicación de la concesión europea: **06.03.2019 EP 2893938**

(54) Título: **Composición inmunógena para uso en vacunación contra estafilococos**

(30) Prioridad:

22.09.2004 GB 0421082
22.09.2004 GB 0421078
22.09.2004 GB 0421081
22.09.2004 GB 0421079
15.02.2005 GB 0503143

(45) Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:
11.11.2019

(73) Titular/es:

GLAXOSMITHKLINE BIOLOGICALS SA (100.0%)
Rue de l'Institut 89
1330 Rixensart, BE

(72) Inventor/es:

CASTADO, CINDY;
LECRENIER, NICOLAS PIERRE FERNAND;
NEYT, CECLIE ANNE y
POOLMAN, JAN

(74) Agente/Representante:

PONS ARIÑO, Ángel

Observaciones:

Véase nota informativa (Remarks, Remarques o Bemerkungen) en el folleto original publicado por la Oficina Europea de Patentes

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

Composición inmunógena para uso en vacunación contra estafilococos

Campo de la técnica

La presente invención se refiere al campo de las composiciones inmunógenas y vacunas contra estafilococos, a su fabricación y al uso de dichas composiciones en medicina. Más particularmente, se refiere a composiciones de vacuna que comprenden una combinación de antígenos para el tratamiento o prevención de la infección por estafilococos. También se proporcionan procedimientos de uso de dichas vacunas en medicina y procedimientos para su preparación.

Antecedentes

El número de infecciones adquiridas en la comunidad y adquiridas en el hospital ha aumentado en los últimos años con el creciente uso de dispositivos intravasculares. Las infecciones adquiridas en el hospital (nosocomiales) son una causa principal de morbididad y mortalidad, más particularmente en EE.UU., donde afecta a más de 2 millones de pacientes anualmente. Siguiendo varios estudios, aproximadamente el 6 por ciento de los pacientes de EE.UU. adquirirá una infección durante su estancia en el hospital. La carga económica en EE.UU. se estimó en más de 4,5 billones de dólares americanos en 1992 (Emori and Gaynes, 1993, Clin. Microbiol. Rev. 6; 428). Las infecciones más frecuentes son infecciones del tracto urinario (ITU, 33 % de las infecciones), seguidas de neumonía (15,5 %), infecciones en el área quirúrgica (14,8 %) e infecciones primarias en la circulación sanguínea (13 %) Emori y Gaynes, 1993, Clin. Microbiol. Rev. 6; 428).

Los patógenos nosocomiales pricipales son *Staphylococcus aureus,* estafilococos negativos a la coagulasa (principalmente *Staphylococcus epidermidis), Enterococcus* spp, *Esherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa.* Aunque dichos patógenos casi producen el mismo número de infecciones, la gravedad de los trastornos que pueden producir junto con la frecuencia de los aislados resistentes a antibióticos cuadran esta clasificación hacia *S. aureus* y *S. epidermidis* como los patógenos nosocomiales más significativos.

Staphylococcus aureus es la causa más frecuente de infecciones nosocomiales con una morbididad y mortalidad significativa (Romero-Vivas et al. 1995, Infect. Dis. 21; 1417). Es la causa de algunos casos de osteomielitis, endocarditis, artritis séptica, neumonía, abscesos y síndrome del shock tóxico.

S. epidermidis es un comensal normal de la piel que también es un patógeno oportunista importante responsable de infecciones de dispositivos médicos implantados y de infecciones en las zonas de cirugía. Los dispositivos médicos infectados por *S. epidermidis* incluyen marcapasos cardíacos, derivaciones de líquido cefalorraquídeo, catéteres para diálisis peritoneal ambulatoria continua, dispositivos ortopédicos y válvulas cardíacas protésicas.

Las infecciones producidas por *S. aureus* y *S. epidermidis* se tratan con antobióticos con la penicilina siendo el fármaco de elección, mientras que la vancomicina se usa para los aislados resistentes a meticilina. El porcentaje de cepas de estafilococos que exhiben resistencia de amplio espectro a los antibióticos se ha convertido en cada vez más prevalente desde la década de 1980 (Panlilo et al. 1992, Infect.Control. Hosp. Epidemiol. 13; 582), suponiendo una amenaza para la terapia antimicrobiana eficaz. Además, la reciente aparición de la cepa de *S. aureus* resistente a la vancomicina ha aumentado el miedo de aparición y avance de cepas de *S. aureus* resistentes a meticilina para las que no se dispone de un tratamiento eficaz.

Se ha investigado un enfoque alternativo del uso de anticuerpos contra antígenos de estafilococos en la inmunoterapia pasiva. Se esta desarrollando una terapia que implica la administración de antisueros policlonales (documentos WO 00/15238, WO 00/12132) así como el tratamiento con un anticuerpo monoclonal contra el ácido lipoteicoico (documento WO 98/57994).

Un enfoque alternativo sería el uso de la vacunación activa para generar una respuesta inmunitaria contra estafilococos. Se han identificado varios candidatos para incluir como componentes de la vacuna. Estos incluyen proteína de unión a fibronectina (documento US5840846), análogo del MHC II (documento US5648240), proteína de unión a fibrinógeno (documento US6008341), GehD (documento US 2002/0169288), proteína de unión a colágeno (documento US6288214), SdrF, SdrG y SdrH (documento WO 00/12689), SEA mutante y exotoxinas de SEB (documento WO 00/02523) y la proteína de unión a vitronectina de 52 kDa (documento WO 01/60852). También se han desarrollado vacunas de múltiples componentes que comprenden determinadas combinaciones de proteínas de unión bacterianas ("MSCRAMM") (documento US6703025). Entre las realizaciones divulgadas en el documento US6703025 se encuentran las composiciones que comprenden el factor de agrupamiento A ("ClfA") o el factor de agrupamiento B ("CLfB").

Se ha secuenciado el genoma de *S. aureus* y se han identificado muchas de las secuencias de codificación (documentos EP786519, WO02/094868). Lo mismo es cierto para *S. epidermidis* (documento WO 01/34809). Como un perfeccionamiento de este abordaje, otros han identificado proteínas que son reconocidas por suero

hiperinmunitario de pacientes que han sufrido una infección por estafilococos (documentos WO01/98499, WO 02/059148).

La primera generación de vacunas dirigidas contra *S. aureus* o contra las exoproteínas que produce ha tenido un éxito limitado (Lee 1996 Trends Microbiol. 4; 162). Existe la necesidad de desarrollar vacunas eficaces contra infecciones producidas por estafilococos.

De acuerdo con ello la presente invención proporciona una composición inmunógena que comprende:

- ClfA estafilocócico aislado o un fragmento inmunógeno del mismo; y
- SitC estafilocócico aislado o un fragmento inmunógeno del mismo.

Descripción de las figuras

Figura 1 – Secuencias polipeptídicas de proteínas preferidas. La Tabla 1 proporciona información sobre qué proteína está representada por cada SEC ID.

Figura 2 – Secuencias nucleotídicas que codifican proteínas preferidas. La Tabla 1 proporciona información sobre qué proteína está codificada por cada SEC ID.

Figura 3. Purificación de la toxina alfa en condiciones nativas. El panel A muestra un SDS-PAGE teñido con azul de Coomassie de las muestras preparadas durante la purificación de la toxina alfa. Calle 1- marcadores de peso molecular, calle 2 – fracción soluble que contiene la toxina alfa sobreexpresada, calle 3 – flujo que atraviesa la columna de Ni-NTA, calle 4 – fracciones eluidas con 10 % de tampón B, calle 5 – fracciones eluidas con 20 % de tampón B, calle 6 - fracciones eluidas con 30 % de tampón B, calle 7 - fracciones eluidas con 50 % de tampón B, calle 8 - fracciones eluidas con 75 % de tampón B, calle 9 y calle 10 fracciones eluidas con 100 % de tampón B, calle 11 bacterias a T= 0 antes de la inducción, calle 12 – bacterias a T= 4 horas tras la inducción, calle 13 – lisado celular, calle 14 – fracción soluble, calle 15 – fracción insoluble.
El panel B muestra un SDS-PAGE teñido con azul de Coomassie de 10, 5, 2 y 1 µl de la toxina alfa purificada.

Figura 4. Purificación de SdrC en condiciones desnaturalizantes. El panel A muestra un SDS-PAGE teñido con azul de Coomassie de muestras preparadas durante la purificación de la toxina alfa. Calle M- marcadores de peso molecular, calle Inicio- sobrenadante formado a partir de la fracción insoluble que contiene SdrC sobreexpresado, calle FT1- caudal a través de la columna de Ni-NTA, calle C- fracciones eluidas con tampón de lavado C, calle D- fracciones eluidas con tampón D, calle E – fracciones eluidas con tampón E. El panel B muestra un SDS-PAGE teñido con azul de Coomassie de 1, 2, 5 y 10 µl del SdrC purificado.

Figura 5 – Resultados de ELISA de antisueros contra proteínas de estafilococos en placas revestidas con proteínas purificadas.
Conjunto de ratones pre – resultado usando sueros combinados extraídos de ratones antes de la inoculación. Conjunto de ratones Post III – resultado usando sueros de ratón combinados extraídos después de la inmunización. Conjunto de conejos pre – resultado usando sueros combinados extraídos de conejos antes de la inoculación. Conjunto de conejos Post III – resultado usando sueros de conejo combinados extraídos después de la inmunización. Blc- Control negativo.

Figura 6 – Resultados de ELISA de antisueros de ratón producidos contra proteínas de estafilococos en placas revestidas con estafilococos muertos.
El panel A usa placas revestidas con células enteras muertas de *S. aureus* de serotipo 5. El panel B usa placas revestidas con células enteras muertas de *S. aureus* de serotipo 8. El panel C usa placas revestidas con células enteras muertas de *S. epidermidis*.
La línea marcada con signos cuadrados muestra el resultado de ELISA usando antisueros de ratones inmunizados tres veces con la proteína de estafilococos indicada. La línea marcada con los signos en rombo muestra el resultado de ELISA para los sueros de ratón antes de la inmunización.

Figura 7 – Resultados de ELISA de antisueros de conejo producidos contra proteínas de estafilococos en placas revestidas con estafilococos muertos.

El panel A usa placas revestidas con células enteras muertas de *S. aureus* de serotipo 5. El panel B usa placas revestidas con células enteras muertas de *S. aureus* de serotipo 8. El panel C usa placas revestidas con células enteras muertas de *S. epidermidis*.

La línea marcada con cuadrados muestra el resultado de ELISA usando antisueros de conejos inmunizados tres veces con la proteína de estafilococos indicada (a excepción de HarA, en los que solo se administró una inmunización). La línea marcada con los signos en rombo muestra el resultado de ELISA para los sueros de conejo antes de la inmunización.

Descripción detallada

La presente invención divulga combinaciones concretas de antígenos de estafilococos que cuando se combinan conducen a la producción de una composición inmunógena que es eficaz en tratar o impedir infecciones producidas por estafilococos. Las composiciones inmunógenas de la invención incorporan adecuadamente antígenos que están implicados en diferentes funciones de los estafilococos. Dichas composiciones inmunógenas están dirigidas a la respuesta inmunitaria hacia diferentes aspectos de la función estafilocócica y por tanto son capaces de inducir una respuesta inmunitaria particularmente eficaz.

Las infecciones por estafilococos progresan por diferentes estadios. Por ejemplo, el ciclo de vida de los estafilococos implica colonización de comensales, inicio de infección mediante el acceso a los tejidos adyacentes o la circulación sanguínea, multiplicación anaerobia en la sangre, interacción entre los determinantes de la virulencia de *S. aureus* y los mecanismos de defensa del huésped e inducción de complicaciones, incluyendo endocarditis, formación de abscesos metastásicos y síndrome séptico. Diferentes moléculas sobre la superficie de las bacterias estarán implicadas en diferentes etapas del ciclo de infección. Al dirigir la respuesta inmunitaria contra una cantidad eficaz de una combinación de antígenos concretos implicados en diferentes procesos de infección por estafilococos, se puede lograr una composición inmunógena o vacuna con una mayor eficacia.

En particular, combinaciones de determinados antígenos de diferentes clases, algunos de los cuales están implicados en la adhesión a células huésped, algunas de las cuales están implicadas en la adquisición de hierro u otras funciones de transporte, algunas de las cuales son toxinas o reguladores de la virulencia y antígenos inmunodominantes pueden lograr una respuesta inmunitaria que proteja contra múltiples estadios de infección. Más específicamente, las composiciones inmunógenas de la invención comprenden:

- ClfA estafilocócico aislado o un fragmento inmunógeno del mismo; y
- SitC estafilocócico aislado o un fragmento inmunógeno del mismo.

La eficacia de la respuesta inmunitaria se puede medir bien en ensayos de modelos animales como se ha descrito en los ejemplos y/o bien usando un ensayo opsonofagocítico como se describe en los ejemplos.

Una ventaja adicional de la invención es que a la combinación de antígenos de la invención de diferentes familias de proteínas en una composición inmunógena permitirá protección contra una gama más amplia de cepas.

Por tanto, la invención se refiere a composiciones inmunógenas que comprenden una pluralidad de proteínas seleccionadas de al menos dos categorías diferentes de proteínas que tienen diferentes funciones en los estafilococos. Ejemplos de dichas categorías de proteínas son las proteínas de unión extracelular, proteínas transportadoras tales como proteínas de adquisición de Fe, toxinas o reguladores de la virulencia y otras proteínas inmunodominantes. Las combinaciones de vacuna de la divulgación son eficaces contra cepas de estafilococos homólogas (cepas de las que derivan los antígenos) y preferentemente también contra cepas de estafilococos heterólogas.

Una composición inmunógena de la invención puede comprender una serie de proteínas igual o mayor de 2, 3, 4, 5 o 6 seleccionadas de 2 o 3 de los grupos siguientes:

- grupo a) al menos una proteína de unión al componente extracelular de estafilococos o fragmento inmunógeno del mismo, seleccionada del grupo que consiste en el receptor de laminina, la proteína de unión a SitC/MntC/saliva, EbhA, EbhB, proteínas de unión a elastina (EbpS), EFB (FIB), SBI, autolisina, ClfA, SdrC, SdrG, SdrH, Lipasa GehD, SasA, FnbA, FnbB, Cna, ClfB, FbpA, Npasa, IsaA/PisA, SsaA, EPB, SSP-1, SSP-2, HBP, proteína de unión a vitronectina, proteína de unión a fibrinógeno, coagulasa, Fig y MAP;
- grupo b) al menos una proteína transportadora de estafilococos o fragmento inmunógeno del mismo seleccionada del grupo que consiste en el transportador de ABC inmunodominante, IsdA, IsdB, transportador de Mg^{2+}, SitC y transportador de Ni ABC; y
- grupo c) al menos un regulador estafilocócico de la virulencia, toxina o fragmento inmunógeno del mismo seleccionado del grupo que consiste en la toxina alfa (Hia), mutante H35R de toxina alfa, proteína activadora de ARN III (RAP).

Por ejemplo, una primera proteína se selecciona de los grupos a), b) o c) y una segunda proteína se selecciona de un grupo seleccionado de los grupos a), b) y c) que no incluya la segunda proteína. En una realización preferida, la composición inmunógena de la invención contiene al menos una proteína seleccionada del grupo a) y una proteína adicional seleccionada del grupo b) y/o del grupo c). En una realización adicional, la composición inmunógena de la invención contiene al menos un antígeno seleccionado del grupo b) y una proteína adicional seleccionada del grupo c) y/o del grupo a). En una realización adicional, la composición inmunógena de la invención contiene al menos un antígeno seleccionado del grupo c) y una proteína adicional seleccionada del grupo a) y/o del grupo b). No obstante, las composiciones inmunógenas deben comprender:

- ClfA estafilocócico aislado o un fragmento inmunógeno del mismo; y
- SitC estafilocócico aislado o un fragmento inmunógeno del mismo.

La composición inmunógena de la invención contiene adecuadamente proteínas de *S. aureus,* y/o *S. epidermidis.*

Proteínas

Las composiciones inmunógenas de la divulgación comprenden una proteína aislada que comprende una secuencia de aminoácidos que tiene una identidad de al menos un 85 %, preferentemente identidad de al menos un 90 %, más preferentemente una identidad de al menos un 95 %, lo más preferentemente una identidad de al menos un 97 - 99 % o exacta, con cualquier secuencia de la figura 1.

Cuando una proteína se menciona específicamente en el presente documento, preferentemente es una referencia a una proteína de longitud completa, nativa o recombinante, u opcionalmente una proteína madura en la que se ha eliminado toda secuencia señal. La proteína se puede aislar directamente de la cepa de estafilococos o producirse mediante técnicas de ADN recombinante. Los fragmentos inmunógenos de la proteína se pueden incorporar en la composición inmunógena de la invención. Estos son fragmentos que comprenden al menos 10 aminoácidos, preferentemente 20 aminoácidos, más preferentemente 30 aminoácidos, más preferentemente 40 aminoácidos o 50 aminoácidos, lo más preferentemente 100 aminoácidos, tomados de forma contigua a la secuencia de aminoácidos de la proteína. Además, dichos fragmentos inmunógenos son inmunológicamente reactivos con los anticuerpos generados contra las proteínas de estafilococos o con los anticuerpos generados mediante la infección de un huésped mamífero con estafilococos. Los fragmentos inmunógenos también incluyen fragmentos que, cuando se administran a una dosis eficaz (solos o como un hapteno unido a un vehículo), producen una respuesta inmunitaria protectora contra la infección por estafilococos, más preferentemente es protectora contra la infección por *S. aureus* y/o *S. epidermidis*. Dicho fragmento inmunógeno puede incluir, por ejemplo, la proteína que carece de una secuencia líder en N-terminal, y/o un dominio transmembrana y/o un dominio de unión en C-terminal. En un aspecto preferido el fragmento inmunógeno de acuerdo con la invención comprende sustancialmente todo el dominio extracelular de una proteína que tiene una identidad de al menos un 85 %, preferentemente una identidad de al menos un 95 %, lo más preferentemente una identidad de al menos un 97 – 99 % %, con la de una secuencia seleccionada de la Figura 1 sobre la longitud completa de la secuencia del fragmento.

En las composiciones inmunógenas de la invención también se incluyen proteínas de fusión compuestas por proteínas de estafilococos, o fragmentos inmunógenos de proteínas de estafilococos. Dichas proteínas de fusión se pueden preparar de forma recombinante y pueden comprender una porción de al menos 2, 3, 4, 5 o 6 proteínas de estafilococos. Como alternativa, una proteína de fusión puede comprender múltiples porciones de al menos 2, 3, 4 o 5 proteínas de estafilococos. Estas pueden combinar diferentes proteínas de estafilococos o fragmentos inmunógenos de las mismas en la misma proteína. Como alternativa, la invención también incluye proteínas de fusión individuales de proteínas de estafilococos o fragmentos inmunógenos de las mismas, como una proteína de fusión con secuencias heterólogas, tales como un proveedor de epítopos de linfocitos T o marcadores de purificación, por ejemplo. β-galactosidasa, glutatión-S-transferasa, proteínas fluorescentes verdes (GFP), marcadores de epítopos tales como FLAG, myc tag, poli histidina o proteínas de la superficie vírica, tales como la hemaglutinina del virus de la gripe, o proteínas bacterianas, tales como el toxoide del tétanos, el toxoide diftérico, CRM197.

Tabla 1

En la tabla siguiente se exponen los números de SEC. ID de las secuencias proteicas preferidas y secuencias de ADN que se encuentran en la Figura 1 y en la Figura 2, respectivamente. SA indica una secuencia de *S. aureus* y SE indica una secuencia de *S. epidermidis.*

Nombre	**Secuencia de proteínas**	**Secuencia de ADN**
Transportador de ABC inmunodominante		
SA	SEC. ID 1	SEC. ID 34
SE	SEC. ID 2	SEC. ID 35
Receptor de laminina		
SA	SEC. ID 3	SEC. ID 36
SE	SEC. ID 4	SEC. ID 37
Antígeno secretor A SsaA		
SA 1	SEC. ID 5	SEC. ID 38
SA 2	SEC. ID 6	SEC. ID 39
SE	SEC. ID 7	SEC. ID 40

(continuación)

SitC **SA** **SE**		
	SEC. ID 8	SEC. ID 41
	SEC. ID 9	SEC. ID 42
saA / PisA (IssA) **SA** **SE**		
	SEC. ID 10	SEC. ID 43
	SEC. ID 11	SEC. ID 44
EbhA / B **SA EbhA** **SA EbhB** **SE EbhA** **SE EbhB**		
	SEC. ID 12	SEC. ID 45
	SEC. ID 13	SEC. ID 46
	SEC. ID 14	SEC. ID 47
	SEC. ID 15	SEC. ID 48
Pro Aap asociado con acumulación **SA** **SE**		
	SEC. ID 16	SEC. ID 49
	SEC. ID 17	SEC. ID 50
Proteína de activación de ARN III RAP **SA** **SE**		
	SEC. ID 18	SEC. ID 51
	SEC. ID 19	SEC. ID 52
FIG / SdrG **SA** **SE**		
	SEC. ID 20	SEC. ID 53
	SEC. ID 21	SEC. ID 54
Proteína de unión a elastina EbpS **SA** **SE**		
	SEC. ID 22	SEC. ID 55
	SEC. ID 23	SEC. ID 56
Proteína extracelular EFB **SA**	SEC. ID 24	SEC. ID 57
Toxina alfa **SA**	SEC. ID 25	SEC. ID 58
SBI **SA**	SEC. ID 26	SEC. ID 59
IsdA **SA**	SEC. ID 27	SEC. ID 60
IsdB **SA**	SEC. ID 28	SEC. ID 61
SdrC **SA**	SEC. ID 29	SEC. ID 62
ClfA **SA**	SEC. ID 30	SEC. ID 63
FnbA **SA**	SEC. ID 31	SEC. ID 64
ClfB **SA**	SEC. ID 32	SEC. ID 65
Coagulasa **SA**	SEC. ID 33	SEC. ID 66
FnbB **SA**	SEC. ID 67	SEC. ID 71
MAP **SA**	SEC. ID 68	SEC. ID 72
SdrC **SA**	SEC. ID 69	SEC. ID 73
SdrG **SA**	SEC. ID 70	SEC. ID 74

Proteínas de unión al componente extracelular

Las proteínas de unión al componente extracelular son proteínas que se unen a los componentes extracelulares del huésped. El término incluye, entre otros, adhesinas.

Ejemplos de proteínas de unión al componente extracelular incluyen el receptor de laminina (Naidu et al. J. Med. Microbiol. 1992, 36; 177), la proteína de unión a SitC/MntC/saliva (documento US5801234, Wiltshire y Foster Infec. Immun. 2001, 69; 5198), EbhA (Williams et al. Infect. Immun. 2002, 70; 6805), EbhB, proteína de unión a la elastina (EbpS) (Park et al. 1999, J. Biol. Chem. 274; 2845), EFB (FIB) (Wastfelt y Flock 1995, J. Clin. Microbiol. 33; 2347), SBI (Zhang et al. FEMS Immun. Med. Microbiol. 2000, 28; 211), autolisina (Rupp et al. 2001, J. Infect. Dis. 183;

1038), ClfA (documento US6008341, McDevitt et al. Mol. Microbiol. 1994, 11; 237), SdrC, SdrG (McCrea et al. Microbiology 2000, 146; 1535), SdrH (McCrea et al. Microbiology 2000, 146; 1535), Lipasa GehD (documento US2002/0169288), SasA, FnbA (Flock et al. Mol Microbiol. 1994, 12; 599, documento US6054572), FnbB (documento WO 97/14799, Booth et al. 2001 Infec. Immun. 69; 345), proteína de unión al colágeno Cna (Visai et al. 2000, J. Biol. Chem. 275; 39837), ClfB (documento WO 99/27109), FbpA (Phonimdaeng et al. 1988 J. Gen Microbiol.134; 75), Npasa (Flock 2001 J. Bacteriol. 183; 3999), IsaA/PisA (Lonenz et al. FEMS Immuno. Med. Microbiol. 2000, 29; 145), SsaA (Lang et al. FEMS Immunol. Med. Microbiol. 2000, 29; 213), EPB (Hussain y Hermann symposium on Staph Denmark 14 – 17ª 2000), SSP-1 (Veenstra et al. 1996, J. Bacteriol. 178; 537), SSP-2 (Veenstra et al. 1996, J. Bacteriol. 178; 537), proteína de unión a la heparina de 17 kDa HBP (Fallgren et al. 2001, J. Med. Microbiol. 50; 547), proteína de unión a la vitronectina (Li et al. 2001, Curr. Microbiol. 42; 361), proteína de unión al fibrinógeno, coagulasa, Fig (documento WO 97/48727) y MAP (documento US5648240).

Proteína de unión a Sitc/MntC/saliva

Esta es una proteína transportadora de ABC que es un homólogo de la adhesina PsaA en *S. pneumoniae.* Es una lipoproteína de 32 kDa altamente inmunógena que está distribuida por la pared celular bacteriana (Cockayne et al. Infect. Immun. 1998 66; 3767). Se expresa en *S. aureus* y *S. epidermidis* como lipoproteína de 32 kDa y está presente un homólogo de 40 kDa en *S. hominis.* En *S. epidermidis,* es un componente de un operón regulado por hierro. Muestra una homología considerable con ambas adhesinas, incluyendo FimA de *Streptococcus parasanguis* y con lipoproteínas de una familia de transportadores de ABC con funciones de transporte de hierro metálico probado o teórico. Por tanto SitC está incluido como una proteína de unión extracelular y como transportador de iones metálicos.

La proteína de unión a saliva divulgada en el documento US5.801.234 también es una forma de SitC y se puede incluir en una composición inmunógena de la invención.

ClfA y ClfB

Estas dos proteínas tienen actividad de unión a fibrinógeno y desencadenan que *S. aureus* forme grumos en presencia de plasma. Contienen un motivo LPXTG a las proteínas asociadas con la pared.

ClfA se describe en el documento US6008341 y ClfB se describe en el documento WO 99/27109.

Coagulasa (FbpA)

Esta es una proteína de unión al fibrinógeno que desencadena que *S. aureus* forme grumos en presencia de plasma. Se describe en las referencias relacionadas con la coagulasa: Phonimdaeng et al. (J. Gen. Microbio. 1988, 134:75 - 83), Phonimdaeng et al. (Mol Microbiol 1990; 4:393 - 404), Cheung et al. (Infect Immun 1995; 63:1914 - 1920) y Shopsin et al. (J. Clin. Microbiol. 2000; 38:3453 - 3456).

Fragmentos preferidos para la inclusión en la composición inmunógena de la invención incluyen la proteína madura en la que el péptido señal se ha eliminado (los aminoácidos 27 al extremo C).

La coagulasa tiene tres dominios distintos. Los aminoácidos 59 – 297, que es una región de hélice superenrollada, los aminoácidos 326 – 505, que es una ´región rica en prolina y glicina y el domino en el extremo C desde el aminoácido 506 al 645, que tiene una conformación en lámina beta. Cada uno de estos dominios es un fragmento preferido de la invención.

SdrG- Fbe - EfB/FIG

Fbe es una proteína de unión a fibrinógeno que se encuentra en muchos aislados de *S. epidermidis* y tiene un peso molecular deducido de 119 kDa (Nilsson et al. 1998. Infect. Immun. 66; 2666). Su secuencia está relacionada con la del factor de agrupamiento de S. *aureus* (ClfA). Los anticuerpos contra Fbe pueden bloquear la unión de *S. epidermidis* a placas revestidas con fibrinógeno y a catéteres (Pei y Flock 2001, J. Infect. Dis. 184; 52). Esta proteína también se describe como SdrG en el documento WO 00/12689. SdrG se encuentra en los estafilococos negativos a la coagulasa y es una proteína asociada a la pared celular que contiene una secuencia LPXTG.

SdrG contiene un péptido señal (aminoácidos 1 - 51), una región que contiene sitios de unión a fibrinógeno y sitios de unión a colágeno (aminoácidos 627 - 698 y 738 - 809), una región de repetición SD (aminoácidos 825 - 1000) y un dominio de unión (aminoácidos 1009 - 1056).

Fbe tiene una secuencia señal teórica con un sitio de escisión entre los aminoácidos 51 y 52. Por tanto un fragmento preferido de Fbe contiene la forma madura de Fbe que se extiende desde el aminoácido 52 al extremo C (aminoácido 1.092).

El dominio de Fbe desde el aminoácido 52 al aminoácido 825 es responsable de la unión al fibrinógeno. Por

consiguiente un fragmento preferido de Fbe consiste en o contiene los aminoácidos 52 - 825.

La región entre los aminoácidos 373 y 516 de Feb muestra la mayor conservación entre Fbe y ClfA. El fragmento preferido contendrá por tanto los aminoácidos 373 - 516 de Fbe.

Los aminoácidos 825 -1041 de Fbe contienen una región altamente repetitiva compuesta por residuos de ácido aspártico y serina repetidos en tándem.

Los fragmentos preferidos de SdrG incluyen los polipéptidos en los que el péptido señal y/o las repeticiones SD y el dominio de unión se han eliminado. Estos incluyen polipéptidos que comprenden o consisten en los aminoácidos 50 - 825, los aminoácidos 50 - 633, los aminoácidos 50 – 597 (SEC. ID N.º: 2 del documento WO 03/76470), los aminoácidos 273 - 597 (SEC. ID N.º: 4 del documento WO 03/76470), los aminoácidos 273 - 577 (SEC. ID N.º: 6 del documento WO 03/76470), los aminoácidos 1 - 549, los aminoácidos 219 - 549, los aminoácidos 225 - 549, los aminoácidos 219 - 528, los aminoácidos 225 - 528 de SEC. ID N.º: 70.

Preferentemente, un polipéptido SdrG que tiene una secuencia con una homología de al menos el 80 %, 85 %, 90 %, 92 %, 95 %, 97 %, 98 %, 99 % o 100 % con la secuencia SEC. ID 70, 20 o 21 se incorpora en la composición inmunógena de la invención.

Las composiciones de la invención comprenden opcionalmente un fragmento de los polipéptidos SdrG descritos anteriormente.

Los fragmentos preferidos tienen el péptido señal y/o el dominio de repetición SD y/o el dominio de unión delecionado. Por ejemplo las secuencias correspondientes a los aminoácidos 1 - 713 , 1 - 549, 225 - 549, 225 - 529, 24 - 717, 1 - 707, 1 - 690, 1 - 680, 1 - 670, 1 - 660, 1 - 650, 1 - 640, 1 - 630, 1 - 620, 1 - 610, 1 - 600, 34 - 707, 44 - 697, 36 - 689 de SEC. ID 76 o secuencias que tienen una identidad del 85 %, 90 %, 92 %, 95 %, 97 %, 98 %, 99 % o 100 % con la SEC. ID 70 o 20 o 21.

El fragmento preferido con el péptido señal delecionado tienen un residuo de metionina en el extremo N del fragmento para garantizar la traducción correcta.

Un fragmento más preferido tiene la secuencia siguiente:-

MEENSVQDVKDSNTDDELSDSNDQSSDEEKNDVINNNQSINTDDNNQIIKKEETNNYDGIEKRSEDRTESTTN
VDENEATFLQKTPQDNTHLTEEEVKESSSVESSNSSIDTAQQPSHTTINREESVQTSDNVEDSHVSDFANSKI
KESNTESGKEENTIEQPNKVKEDSTTSQPSGYTNIDEKISNQDE
LLNLPINEYENKARPLSTTSAQPSIKRVTVNQLAAEQGSNVNHLIKVTDQSITEGYDDSEGVIKAHDAENLIY
DVTFEVDDKVKSGDTMTVDIDKNTVPSDLTDSFTIPKIKDNSGEIIATGTYDNKNKQITYTFTDYVDKYENIK
AHLKLTSYIDKSKVPNNNTKLDVEYKTALSSVNKTITVEYQRPNENRTANLQSMFTNIDTKNHTVEQTIYINP
LRYSAKETNVNISGNGDEGST
IIDDSTIIKVYKVGDNQNLPDSNRIYDYSEYEDVTNDDYAQLGNNNDVNINFGNIDSPYIIKVISKYDPNKDD
YTTIQQTVTMQTTINEYTGEFRTASYDNTIAFSTSSGQGQGDLPPEKTYKIGDYVWEDVDKDGIQNTNDNEKP
LSNVLVTLTYPDGTSKSVRTDEDGKYQFDGLKNGLTYKITFETPEGYTPTLKHSGTNPALDSEGNSVWVTING
QDDMTIDSGFYQTPKYSLGNY
VWYDTNKDGIQGDDEKGISGVKVTLKDENGNIISTTTTDENGKYQFDNLNSGNYIVHFDKPSGMTQTTTDSGD
DDEQDADGEEVHVTITDHDDFSIDNGYYDDE

EbhA y EbhB

EbhA y EbhB son proteínas que se expresan en *S. aureus* y *S. epidermidis* (Clarke y Foster Infect. Immun. 2002, 70; 6680, Williams et al. Infect. Immun. 2002, 20; 6805) y que se unen a la fibronectina. Dado que la fibronectina es un componente importante de la matriz extracelular, EbhA y EbhB tienen una función importante en la adhesión de los estafilococos a la matriz extracelular del huésped.

Las proteínas Ebh son grandes y tienen un peso molecular de 1,1 megadalton. Supone una ventaja usar un fragmento de la proteína Ebh en lugar de la secuencia completa debido a la facilidad de producción y formulación. La región central de la proteína contiene repeticiones imperfectas que contienen sitios de unión a la fibronectina. Los fragmentos que contienen uno o más de los dominios de repetición descritos más adelante son fragmentos

preferidos para incorporar en la composición inmunógena de la invención.

Las proteínas Ebh contienen unidades de repetición imperfectas de 127 aminoácidos de longitud que se caracterizan porque contienen la secuencia consenso:-

L.G.{10}A.{13}Q.{26}L...M..L.{33}A

Preferentemente
.{19}L.G.{10}A.{13}Q.{26}L...M..L.{33}A.{12}

Más preferentemente
.....I/V..A...I/V..AK.ALN/DG..NL..AK..A.{6}L..LN.AQK..L..QI/V..A..V..
V.{6}A..LN/D.AM..L...I/V.D/E...TK.S.NY/F.N/DAD..K..AY/F..AV..A..I/V.N /D.....

Donde '.' significa cualquier aminoácido y '.{10}' significa 10 aminoácidos cualesquiera y I/V indica elecciones alternativas de aminoácidos.

Por referencia a la secuencia divulgada en Kuroda et al. (2001) Lancet 357; 1225 - 1240 y la Tabla 2, las secuencias de repetición dentro de las proteínas Ebh se deducen fácilmente.

Los fragmentos preferidos a incluir en la composición inmunógena de la invención incluyen polipéptidos que contienen uno, dos, tres, cuatro, cinco, seis, siete, ocho, nueve, diez o más de 10 de las 127 unidades de repetición de aminoácidos. Dichos fragmentos pueden consistir en 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 o más repeticiones de la región de repetición de 127 aminoácidos o puede consistir en 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 o más repeticiones con residuos de aminoácidos adicionales presentes en cualquiera o ambos extremos del fragmento. Un fragmento preferido adicional es el polipéptido H2 de aproximadamente 44 kDa que abarca tres repeticiones (3202 – 3595 aminoácidos) como se describe en Clarke et al. Infection and Immunity 70, 6680 - 6687, 2002. Dichos fragmentos podrán preferentemente unirse a fibronectina y/o lograr anticuerpos que son reactivos contra la proteína Ebh entera.

Los polipéptidos Ebh son capaces de unirse a la fibronectina. Los fragmentos preferidos de estas secuencias polipeptídicas conservan la capacidad para unirse a la fibronectina. La unión a la fibronectina se puede evaluar mediante ELISA, como describen Clarke et al. (Infection and Immunity 70; 6680 - 6687 2002).

Otros fragmentos preferidos adicionales son aquellos que comprenden un epítopo para linfocitos B o linfocitos T colaboradores, por ejemplo los fragmentos/péptidos descritos en las Tablas 3 y 4.

TABLA 2. Secuencias de repetición en la secuencia de longitud completa de Ebh.

La secuencia completa de Ebh se divulga en Kuroda et al. (2001) Lancet 357; 1225 - 1240. La siguiente tabla muestra los residuos de aminoácidos en los que las repeticiones de 127 aminoácidos comienzan y terminan dentro de la secuencia de longitud completa.		
	Comienzo	Fin
1	3204	3330
2	3331	3457
3	3457	3583
4	3583	3709
5	3709	3835
6	3835	3961
7	3961	4087
8	4200	4326
9	4326	4452
10	4452	4578
11	4578	4704
12	4704	4830
13	4830	4956
14	4956	5082
15	5082	5208
16	5208	5334

(continuación)

La secuencia completa de Ebh se divulga en Kuroda et al. (2001) Lancet 357; 1225 - 1240. La siguiente tabla muestra los residuos de aminoácidos en los que las repeticiones de 127 aminoácidos comienzan y terminan dentro de la secuencia de longitud completa.		
	Comienzo	Fin
17	5334	5460
18	5460	5586
19	5585	5711
20	5711	5837
21	5837	5963
22	5963	6089
23	6089	6215
24	6215	6341
25	6341	6467
26	6467	6593
27	6593	6719
28	6719	6845
29	6845	6971
30	6971	7097
31	7097	7223
32	7223	7349
33	7349	7475
34	7475	7601
35	7601	7727
36	7727	7853
37	7852	7978
38	7978	8104
39	8104	8230
40	8230	8356
41	8356	8482
42	8482	8608
43	8604	8730
44	8858	8984

Tabla 3. Predicción del epítopo de los linfocitos B para una repetición de 127 aminoácidos:

La secuencia de longitud completa se divulga en Kuroda et al (2001) Lancet 357; 1225 - 1240. Una de estas repeticiones, codificada por los aminoácidos 3204 - 3331 de la secuencia de longitud completa se eligió para llevar a cabo una predicción de epítopo:-				
MDVNTVNQKAASVKSTKDALDGQQNLQRAKTEATNAITHASDLNQAQKNALTQ QVNSAQNVHAVNDIKQTTQSLNTAMTGLKRGVANHNQVVQSDNYVNADTNKK NDYNNAYNHANDIINGNAQHPVI				
Comienzo	**Fin**	**Secuencia del epítopo**	**Incio**	**Terminación**
5	10	TVNQKA	3208	3213
14	19	KSTKDA	3217	3222
21	33	DGQQNLQRAKTEA	3224	3236
42	51	DLNQAQKNAL	3245	3254
66	74	DIKQTTQSL	3269	3277
100	112	ADTNKKNDYNNAY	3303	3315
117	123	DIINGNA	3320	3326

ES 2 730 275 T3

- Las columnas “Comienzo" y "Fin" presentan la posición de los epítopos de linfocitos B previstos en la repetición de 127 aminoácidos
- Las columnas “Inicio" y "Terminación" presentan la posición de los epítopos de linfocitos B previstos en la secuencia de longitud completa Ebh

Tabla 4- Predicción de epítopos de linfocitos T colaboradores en Ebh

La secuencia de longitud completa se divulga en la base de datos TrEMBL, referencia de la secuencia Q8NWQ6. Una de estas repeticiones, codificada por los aminoácidos 3204 - 3331 de la secuencia de longitud completa se eligió para llevar a cabo una predicción del epítopo:-		
MDVNTVNQKAASVKSTKDALDGQQNLQRAKTEATNAITHASDLNQAQKNALTQ QVNSAQNVHAVNDIKQTTQSLNTAMTGLKRGVANHNQVVQSDNYVNADTNKK NDYNNAYNHANDIINGNAQHPVI		
Posición de la repetición	**Secuencia del epítopo**	**Posición de la secuencia**
1	MDVNTVNQK	3204
3	VNTVNQKAA	3206
6	VNQKAASVK	3209
26	LQRAKTEAT	3229
37	ITHASDLNQ	3240
43	LNQAQKNAL	3246
51	LTQQVNSAQ	3254
55	VNSAQNVHA	3258
61	VHAVNDIKQ	3264
64	VNDIKQTTQ	3267
67	IKQTTQSLN	3270
74	LNTAMTGLK	3277
78	MTGLKRGVA	3281
81	LKRGVANHN	3284
85	VANHNQWQ	3288
91	WQSDNYVN	3294
92	VQSDNYVNA	3295
97	YVNADTNKK	3301
98	VNADTNKKN	3302
108	YNNAYNHAN	3311
112	YNHANDIIN	3315
118	IINGNAQHP	3321
119	INGNAQHPV	3322

- La columna “Posición de la repetición" presenta la posición de los epítopos de linfocitos T previstos en la repetición
- La columna “Posición de la secuencia" presenta la posición de los epítopos de linfocitos T previstos en la secuencia de longitud completa de Ebh

Los fragmentos de los polipéptidos de la invención se pueden emplear para producir el polipéptido de longitud completa correspondiente mediante síntesis peptídica; por tanto, estos fragmentos se pueden emplear como productos intermedios para la producción de los polipéptidos de longitud completa de la invención.

Particularmente preferidas son las variantes en las que varios, 5 - 10, 1 - 5, 1 - 3, 1 - 2 o 1 aminoácidos se sustituyen, eliminan, o añaden en cualquier combinación.

Proteína de unión a elastina (EbpS)

EbpS es una proteína que contiene 486 aminoácidos con un peso molecular de 83 kDa. Se asocia con la membrana citoplásmica de *S. aureus* y tiene tres regiones hidrófobas que mantienen a la proteína en la membrana (Downer et al. 2002, J. Biol. Chem. 277; 243; Park et al. 1996, J. Biol. Chem. 271; 15803).

Dos regiones entre los aminoácidos 1 - 205 y 343 - 486 se exponen en la superficie en la cara externa de la membrana citoplasmática. El dominio de unión al ligando de EbpS se localiza entre los residuos 14 - 34 en el extremo N (Park et al. 1999, J. Biol. Chem. 274; 2845).

Un fragmento preferido a incorporarse en la composición inmunógena de la invención sería el fragmento expuesto en la superficie que contiene la región de unión a elastina (aminoácidos 1 - 205). Algunos ejemplos preferidos no contienen el bucle entero expuesto pero deberían contener la región de unión a elastina (aminoácidos 14 - 34). Un fragmento alternativo que podría usarse consiste en aminoácidos que forman el segundo bucle expuesto en la superficie (aminoácidos 343 - 486). Los fragmentos alternativos que contienen hasta 1, 2, 5, 10, 20, 50 aminoácidos menos en uno o los dos extremos también son posibles.

Receptores de laminina

El receptor de laminina de *S. aureus* desempeña un importante papel en la patogenicidad. Un rasgo característico de la infección es la invasión de la corriente sanguínea que permite la formación de abscesos metastásicos extendida. La invasión de la corriente sanguínea requiere la capacidad para extravasarse a través de la membrana basal vascular. Esto se consigue mediante la unión a la laminina a través del receptor de la laminina (Lopes et al. Science 1985, 229; 275).

Los receptores de laminina se exponen en la superficie y están presentes en muchas cepas de estafilococos, incluidos *S. aureus* y *S. epidermidis.*

SBI

Sbi es una proteína que tiene una región de unión a IgG y un dominio de unión a la apolipoproteína H y se expresa en la mayoría de las cepas de *S. aureus* (Zhang et al. 1998, Microbiology 144; 985).

El extremo N de la secuencia de Sbi tiene una secuencia señal típica con un sitio de escisión tras el aminoácido 29. Por tanto, un fragmento preferido de Sbi a incorporarse en una composición inmunógena de la invención comienza en el residuo de aminoácidos 30, 31, 32 o 33 y sigue hasta el extremo C de Sbi, por ejemplo de SEC. ID N.º: 26.

El dominio de unión a IgG de Sbi se ha identificado como una región hacia el extremo N de la proteína desde los aminoácidos 41 - 92. Este dominio es homólogo a los dominios de unión a IgG de la proteína A.

El dominio de unión a IgG de Sbi contiene la secuencia siguiente:-

```
QTTQNNYVTDQQKAFYQVLHLKGITEEQRNQYIKTLREHPERAQEVFSESLK
          **  ***   *          ***   *   *    *         *   *
```

* - indica los aminoácidos que son similares entre dominios de unión a IgG

El fragmento preferido de Sbi a incluir en la composición inmunógena de la invención contiene un dominio de unión a IgG. Este fragmento contiene la secuencia consenso para un dominio de unión a IgG como se designa con * como se muestra en la secuencia anterior. Preferentemente el fragmento contiene o consiste en la secuencia completa mostrada anteriormente. Más preferentemente, el fragmento contiene o consiste en los aminoácidos 30 - 92, 33 - 92, 30 - 94, 33 - 94, 30 - 146, 33 - 146, 30 - 150, 33 - 150, 30 - 160, 33 - 160, 33 - 170, 33 - 180, 33 - 190, 33 - 200, 33 - 205 o 33 - 210 de Sbi, por ejemplo de SEC. ID N.º: 26.

El fragmento preferido puede contener 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 sustituciones de aminoácidos de las secuencias indicadas.

Fragmentos preferidos pueden contener múltiples repeticiones (2, 3, 4, 5, 6, 7,8, 9 o 10) del dominio de unión a IgG.

EFB – FIB

Fib es una proteína de unión a fibrinógeno de 19 kDa que *S. aureus* secreta al medio extracelular. Es producida por todos los aislados de *S. aureus* analizados (Wastfelt y Flock 1995, J. Clin. Microbiol. 33; 2347).

S. aureus se agrupa en presencia de fibrinógeno y se une a las superficies recubiertas con fibrinógeno. Esta capacidad facilita la colonización por estafilococos de los catéteres y células endoteliales.

Fib contiene una secuencia señal en el extremo N de la proteína con un sitio de escisión teórico aproximadamente en el aminoácido 30. Por tanto un fragmento preferido que se va a introducir en la composición inmunógena de la invención contendría la secuencia de la proteína madura (desde aproximadamente el aminoácido 30 al extremo C de la proteína).

IsaA/PisA

IsaA es una proteína de 29 kDa, también conocida como PisA, que se ha demostrado que es una proteína estafilocócica inmunodominante durante la sepsis en pacientes hospitalizados (Lorenz et al. 2000, FEMS Immunol. Med. Microb. 29; 145).

Se piensa que los primeros 29 aminoácidos de la secuencia de IsaA son una secuencia señal. Por tanto, un fragmento preferido de IsaA que se va a incluir en una composición inmunógena de la invención contendría los residuos de aminoácidos desde el 30 hacia adelante, hasta el final de la secuencia codificada.

Proteínas de unión a fibronectina

La proteína A de unión a fibronectina (FnbA) se describe en el documento US5320951 y Schennings et al. (1993, Microb. Pathog. 15; 227). La proteína A de unión a fibronectina contiene varios dominios que están implicados en la unión a fibronectina (documento WO 94/18327). Estos se denominan D1, D2, D3 y D4. Fragmentos preferidos de la proteína A o B de unión a fibronectina comprenden o consisten en D1, D2, D3, D4, D1-D2, D2-D3, D3-D4, D1-D3, D2-D4 o D1-D4 (como se describe en el documento WO 94/18327).

La proteína de unión a fibronectina contiene una secuencia señal de 36 aminoácidos. Por ejemplo:

VKNNLRYGIRKHKLGAASVFLGTMIVVGMGQDKEAA

Opcionalmente, la proteína madura sin esta secuencia señal está incluida en la composición inmunógena de la invención.

Proteínas transportadoras

La pared celular de las bacterias grampositivas actúa como barrera que impide la difusión libre de metabolitos al interior de la bacteria. Una familia de proteínas orquesta el paso de nutrientes esenciales a la bacteria y por tanto, son esenciales para la viabilidad de la bacteria. La expresión proteína transportadora abarca las proteínas implicadas en la etapa inicial de unión a metabolitos, tales como hierro, así como las implicadas en el transporte real del metabolito al interior de la bacteria.

El hierro molecular es un cofactor esencial para el crecimiento bacteriano. Se secretan sideróforos que se unen al hierro libre y después se capturan por receptores de la superficie bacteriana que liberan hierro para su transporte a través de la membrana citoplasmática. La adquisición de hierro es crítica para el establecimiento de infecciones humanas de modo que la generación de una respuesta inmunitaria contra esta clase de proteínas conduce a una pérdida de la viabilidad de los estafilococos.

Ejemplos de proteínas transportadoras incluyen el transportador de ABC inmunodominante (Burnie et al. 2000 Infect. Imun. 68; 3200), IsdA (Mazmanian et al. 2002 PNAS 99; 2293), IsdB (Mazmanian et al. 2002 PNAS 99; 2293), transportador de Mg^{2+}, SitC (Wiltshire y Foster 2001 Infect. Immun. 69; 5198) y transportador de Ni ABC.

Transportador de ABC inmunodominante

El transportador de ABC inmunodominante es una proteína bien conservada que puede ser capaz de generar una respuesta inmunitaria que ofrece protección cruzada contra diferentes cepas de estafilococos (Mei et al. 1997, Mol. Microbiol. 26; 399). Los anticuerpos contra esta proteína se han hallado en pacientes con septicemia (Burnie et al.

2000, Infect. Immun. 68; 3200).

Los fragmentos preferidos del transportador de ABC inmunodominante incluirán los péptidos DRHFLN, GNYD, RRYPF, KTTLLK, GVTTSLS, VDWLR, RGFL, más preferentemente KIKVYVGNYDFWYQS, TVIVVSHDRHFLYNNV y/o TETFLRGFLGRMLFS, ya que estas secuencias contienen epítopos que son reconocidos por el sistema inmunológico humano.

IsdA-IsdB

Los genes isd (determinante de superficie regulado por hierro) de *S. aureus* codifican proteínas responsables de la unión a hemoglobina y el paso del hierro de hemo al citoplasma, donde actúa como un nutriente esencial. IsdA e IsdB se localizan en la pared celular de los estafilococos. Parece que IsdA está expuesta sobre la superficie de la bacteria ya que es susceptible a la digestión con proteinasa K. ISDb se digirió parcialmente, lo que sugiere que está parcialmente expuesta sobre la superficie de la bacteria (Mazmanian et al. 2003 Science 299; 906).

IsdA e IsdB son ambas proteínas de 29 kDa que se unen al grupo hemo. Su expresión está regulada por la disponibilidad del hierro a través del represor Fur. Su expresión será alta durante la infección en un huésped en el que la concentración será baja.

También se conocen como FrpA y FrpB (Morrissey et al. 2002, Infect. Immun. 70; 2399). FrpA y FrpB son las proteínas de superficie principales con una carga elevada. Se ha demostrado que proporcionan una contribución fundamental a la adhesión a plástico.

En una realización, la composición inmunógena de la invención comprende un fragmento de IsdA y/o IsdB que se describe en el documento WO 01/98499 o el documento WO 03/11899.

Toxinas y reguladores de virulencia

Los miembros de esta familia de proteínas incluyen toxinas, tales como la toxina alfa, hemolisina, enterotoxina B y TSST-1, así como las proteínas que regulan la producción de toxinas, tales como RAP.

Toxina alfa (Hla)

La toxina alfa es un determinante importante de la virulencia producida por la mayoría de las cepas de *S. aureus.* Es una toxina formadora de poros con actividad hemolítica. Se ha demostrado que los anticuerpos contra la toxina alfa neutralizan los efectos perjudiciales y letales de la toxina alfa en modelos animales (Adlam et al. 1977 Infect. Immun. 17; 250). Las plaquetas humanas, las células endoteliales y las células mononucleares son susceptibles a los efectos de la toxina alfa.

La elevada toxicidad de la toxina alfa requiere que se detoxifique antes de usar como un inmunógeno. Esto se puede conseguir por tratamiento químico, por ejemplo tratando con formaldehído, glutaraldehído de otros reactivos de reticulación o conjugándola químicamente a polisacáridos bacterianos, como se describe más adelante.

Un modo adicional de eliminar la toxicidad es introducir mutaciones puntuales que eliminen la toxicidad al tiempo que conservan la antigenicidad de la toxina. La introducción de una mutación puntual en el aminoácido 35 de la toxina alfa, en la que se sustituye un residuo de histidina por un residuo de leucina, tiene como resultado la eliminación de la toxicidad al tiempo que se conserva la inmunogenicidad (Menzies y Kernodle 1996; Infect. Immun. 64; 1839). La histidina 35 parece ser crítica para la adecuada oligomerización requerida para la formación de poros y la mutación de este residuo conduce a pérdida de toxicidad.

Cuando se incorpora en las composiciones inmnunogénicas de la invención, la toxina alfa se detoxifica, preferentemente, mediante la mutación de His 35 sustituyendo His 35 con Leu o Arg. En una realización alternativa, la toxina alfa se detoxifica mediante conjugación con otros componentes de la composición inmunógena, preferentemente polisacáridos capsulares, lo más preferentemente al polisacárido de tipo V de *S. aureus* y/o al polisacárido de tipo VIII de *S. aureus* y/o PNAG.

Proteína de activación de ARN III (RAP)

La RAP no es en sí misma una toxina, sino un regulador de la expresión de factores de virulencia. La RAP es producida y secretada por estafilococos. Activa el sistema regulador de agr de otros estafilococos y activa la expresión y la posterior liberación de factores de virulencia, tales como hemolisina, enterotoxina B y TSST-1.

Una respuesta inmunitaria generada contra RAP no mataría la bacteria pero interferiría en su patogenicidad. Esto tiene la ventaja de proporcionar menos presión selectiva para que aparezcan las nuevas cepas resistentes.

Tendría una segunda ventaja, la de producir una respuesta inmunitaria que sería instrumental en la reducción de la

morbididad de la infección.

Es particularmente ventajoso combinar RAP con otros antígenos en una vacuna, en particular cuando el antígeno adicional proporcionaría una respuesta inmunitaria que fuera capaz de matar la bacteria.

Otras proteínas

Proteína asociada con la acumulación (Aap)

La Aap es una proteína de 140 kDa que es esencial para la acumulación de cepas de *S. epidermidis* sobre las superficies (Hussain et al. Infect. Immun. 1997, 65; 519). Las cepas que expresan esta proteína produjeron cantidades significativamente más grandes de biopelículas y la Aap parece estar implicada en la formación de biopelículas. Los anticuerpos contra la Aap son capaces de inhibir la formación de biopelículas y de inhibir la acumulación de *S. epidermidis.*

Un fragmento preferido de la Aap es un dominio conservado que comprende o que consiste en los aminoácidos 550 - 1069.

Antígeno secretor estafilocócico SsaA

El SsaA es una proteína fuertemente inmunógena de 30 kDa hallada tanto en S*. aureus* como en *S. epidermidis* (Lang et al. 2000 FEMS Immunol. Med. Microbiol. 29; 213). Su expresión durante la endocarditis sugirió un papel de virulencia específico de la patogenia de la enfermedad infecciosa.

SsaA contiene una secuencia líder en el extremo N y un sitio de escisión para la peptidasa señal. Al péptido líder le sigue una región hidrófila de aproximadamente 100 aminoácidos, desde el residuo 30 al residuo 130.

Un fragmento preferido de SsaA a incorporar en la composición inmunógena de la invención está formado por la proteína madura (los aminoácidos 27 al extremo C o los aminoácidos 30 al extremo C).

Fragmentos preferidos adicionales contienen el área hidrofílica de SsaA desde el aminoácido 30 al aminoácido 130.

Composiciones inmunógenas preferidas de la invención no incluyen las secuencias proteicas divulgadas en el documento WO02/094868.

Combinaciones de tres proteínas

Una composición inmunógena preferida de la invención contiene tres componentes proteicos en una combinación de toxina alfa, una proteína de unión al componente extracelular que es ClfA o un fragmento inmunógeno del mismo y una proteína transportadora que es SitC o un fragmento inmunógeno de la misma.

En una combinación tal, la toxina alfa puede destoxificarse químicamente o destoxificarse genéricamente mediante la introducción de mutación(es) puntual(es), preferentemente la mutación puntual His35Leu. La toxina alfa está presente como una proteína libre o como alternativa está conjugada a un polisacárido o componente LTA de la composición inmunógena.

Selección de antígenos expresados en diferentes linajes clonales

El análisis de la aparición de factores de virulencia en relación con la estructura de la población de *Staphylococcus aureus* mostró una presencia variable de genes de virulencia en las poblaciones naturales de *S. aureus.*

Entre los aislados clínicos de *Staphylococcus aureus,* se demostró que al menos cinco linajes clonales eran altamente prevalentes (Booth et al., 2001 Infect Immun. 69(1):345 - 52). Se mostró que alfa-hemolisina (*hla*), proteína A de unión a fibronectina (*fnba*) y factor de agrupamiento A (*cofa*) estaban presentes en los aislados, con independencia de la identidad del linaje, lo que sugiere un papel importante de estas proteínas en la supervivencia de *S. aureus* (Booth et al., 2001 Infect Immun. 69(1):345 - 52). Además, de acuerdo con Peacock et al. 2002 las distribuciones de *fnba, clfa,* coagulasa, *spa, map, pvl* (leucocidina de Panton-Valentine), *hlg* (toxina gamma), toxina alfa e *ica* parecieron no estar relacionadas con la estructura clonal subyacente lo que sugiere una transferencia horizontal considerable de estos genes.

Por el contrario, otros genes de virulencia, tal como la proteína B de unión a fibronectina (*(fnbB),* betahemolisina (*hlb*), proteína de unión al colágeno (*cna*), TSST-1 *(tst)* y gen de resistencia a meticilina *(mecA)* están fuertemente asociados con linajes específicos (Booth et al., 2001 Infect Immun 69(1):345 - 52). De un modo similar, Peacock et al. 2002 (Infect Immun. 70(9):4987 - 96) mostraron que las distribuciones de las enterotoxinas, *tst,* las exfolatinas (*eta* and *etb*), las toxinas beta y delta, los genes *sdr* (*sdr*D, *sdr*E and *bbp*), *cna, ebp*S y *efb* en la población están alta y significativamente relacionados con los complejos clonales derivados de MLST.

Los datos de MLST no proporcionan ninguna evidencia de que las cepas responsables de enfermedad nosocomial representen una subpoblación distinta de las cepas causantes de enfermedades adquiridas en la comunidad o cepas recuperadas de portadores asintomáticos (Feil et al., 2003 J Bacteriol. 185(11):3307 - 16).

Las composiciones inmunógenas preferidas de la invención son eficaces contra estafilococos de diferentes linajes clonales.

En una realización, esto se consigue incluyendo 1, 2, 3, 4, preferentemente al menos 1, proteínas que se expresan en la mayoría de los aislados de estafilococos. Ejemplos de dichas proteínas incluyen alfa-hemolisina (*ha*), proteína A de unión a fibronectina (*fnba*) y factor de agupamiento (*clfa*), coagulasa, *spa, map, pvl* (leucocidina de Panton-Valentine), *hlg* (toxina gamma) e *ica.* Los autores de la invención también han identificado el transportador de ABC inmunodominante, RAP, autolisina (Rupp et al. 2001, J. Infect. Dis. 183; 1038), receptores de laminina, SitC, IsaA/PisA, SPOIIIE (), SsaA, EbpS, SasF (Roche et al. 2003, Microbiology 149; 643), EFB(FIB), SBI, ClfB, IsdA, IsdB, FnbB, Npasa, EBP, sialoproteína II de unión al hueso, IsaB/PisB (Lorenz et al. FEMS Immuno. Med. Microb. 2000, 29; 145), SasH (Roche et al. 2003, Microbiology 149; 643), MRPI, SasD (Roche et al. 2003, Microbiology 149; 643), SasH (Roche et al. 2003, Microbiology 149; 643), precursor de aureolisina (AUR)/Sepp1 y nueva autolisina.

En una realización alternativa, 2 o más proteínas que se expresan en diferentes conjuntos de cepas clonales están incluidas en la composición inmunógena de la invención. Preferentemente la combinación de antígenos permitirán la generación de una respuesta inmunitaria que es eficaz contra múltiples cepas clonales, lo más preferentemente contra todas las cepas clonales. Combinaciones preferidas incluyen FnbB y betahemolisina, FnbB y Cna, FnbB y TSST-1, FnbB y mecA, FnbB y SdrD, FnbB y SdrF, FnbB y EbpS, FnbB y Efb, beta-hemolisina y Cna, beta-hemolisina y TSST-1, beta-hemolisina y mecA, beta-hemolisina y SdrD, beta-hemolisina y SdrF, beta-hemolisina y EbpS, beta-hemolisina y Efb, Cna y TSST-1, Cna y mecA, Cna y SdrD, Cna y SdrF, Cna y EbpS, Cna y Efb, TSST-1 y mecA, TSST-1 y SdrD, TSST-1 y SdrF, TSST-1 y EbpS, TssT-1 y Efb, MecA y SdrD, MecA y SdrF, MecA y EbpS, MecA y Efb, SdrD y SdrF, SdrD y EbpS, SdeD y Efb, SdrF y EbpS, SdrF y Efb y EbpS y Efb.

Las combinaciones preferidas descritas con anterioridad se pueden combinar con componentes adicionales descritos más adelante.

Selección de antígenos expresados durante diferentes fases de crecimiento.

Los estafilococos atraviesan una fase de crecimiento exponencial durante la cual se expresarán un conjunto determinado de proteínas. Estas incluyen muchas de las proteínas de unión al componente extracelular y proteínas transportadoras. Después de un periodo de crecimiento exponencial, los estafilococos regresan a una fase post-exponencial durante la cual el crecimiento es más lento y se modula la expresión de proteínas. Muchas de estas proteínas expresadas durante la fase de crecimiento exponencial están reguladas por disminución mientras que otras proteínas, tales como enzimas y la mayoría de las toxinas, incluyendo la toxina alfa, se expresan a niveles más altos.

Las composiciones inmunógenas preferidas de la invención comprenden una proteína expresada a niveles más altos durante la fase de crecimiento exponencial y una proteína expresada a niveles más altos durante la fase de crecimiento postexponencial.

“Niveles más altos” hace referencia a que el nivel de expresión es más alto en una fase en comparación con la otra fase.

Polisacáridos

Las composiciones inmunógenas de la invención comprenden preferentemente de forma adicional polisacáridos capsulares que incluyen uno o más de PIA (también conocida como PNAG) y/o polisacárido capsular de tipo V y/o de tipo VIII de *S. aureus* y/o polisacárido capsular de tipo I y/o de tipo II y/o de tipo III de *S. epidermidis*.

PIA (PNAG)

Actualmente está claro que las diversas formas de polisacáridos de superficie de estafilococos identificados como PS/A, PIA y SAA son la misma entidad química - PNAG (Maira-Litran et al. Vaccine 22; 872 - 879 (2004)). Por tanto, el término PIA o PNAG abarca todos estos polisacáridos u oligosacáridos derivados de ellos.

PIA es una adhesina polisacarídica intercelular y está compuesta por un polímero de glucosamina unida por β-(1 →6) sustituida con sustituyentes N-acetilo y O-succinilo. Este polisacárido está presente tanto en *S. aureus* como en *S. epidermidis* y se puede aislar de cualquier fuente (Joyce et al. 2003, Carbohydrate Research 338; 903; Maira-Litran et al. 2002, Infect. Imun. 70; 4433). Por ejemplo, PNAG se puede aislar de la cepa de *S. aureus* MN8m (documento WO 04/43407).

La PIA, aislada de *S. epidermidis* es un constituyente integral de biopelícula. Es responsable de la participación en la adhesión célula-célula y probablemente también funciona para proteger la colonia en crecimiento de la respuesta inmunitaria del huésped.

Recientemente se ha mostrado que el polisacárido conocido anteriormente como poli-N-succinil-β-(1 → 6)-glucosamina (PNSG) no tiene la estructura prevista ya que la identificación de la N-succinilación era incorrecta (Maira-Litran et al. 2002, Infect. Imun. 70; 4433). Por tanto el polisacárido oficialmente conocido como PNSG y que actualmente se ha descubierto que es PNAG también entra dentro del término PIA.

PIA (o PNAG) puede tener diferentes tamaños que varían desde más de 400 kDa a entre 75 y 400 kDa a entre 10 y 75 kDa a oligosacáridos compuestos por hasta 30 unidades de repetición (de glucosamina β-(1 → 6)-unida sustituida con sustituyentes de N-acetilo o de O-succinilo). Cualquier tamaño de polisacárido u oligosacáridos PIA se puede usar en una composición inmunógena de la invención, aunque se prefiere un tamaño de más de 40 kDa. El tamaño se puede alcanzar por cualquier procedimiento conocido en la técnica, por ejemplo por microfluidización, irradiación ultrasónica o mediante escisión química (documentos WO 03/53462, EP497524, EP497525).

Los intervalos de tamaño preferidos de PIA (PNAG) son 40 – 400 kDa, 40 – 300 kDa, 50 – 350 kDa, 60 – 300 kDa, 50 – 250 kDa y 60 – 200 kDa.

PIA (PNAG) puede tener un grado de acetilación diferente debido a la sustitución sobre los grupos de amino con acetato. PIA producida *in vitro* está casi completamente sustituida en los grupos amino (95 - 100 %). Como alternativa, se puede usar una PIA desacetilada (PNAG) que tenga menos del 60 %, preferentemente menos del 50 %, 40 %, 30 %, 20 %, 10 % de acetilación. Se prefiere el uso de un PIA (PNAG) desacetilado, ya que los epítopos no acetilados de PNAG son eficientes en la mediación de la muerte por opsonización de bacterias grampositivas, preferentemente *S. aureus* y/o *S. epidermidis.* Lo más preferentemente, el PIA (PNAG) tiene un tamaño entre 40 kDa y 300 kDa y está desacetilado de modo que menos del 60 %, 50 %, 40 %, 30 % o 20 % de los grupos amino están acetilados.

El término PNAG desacetilado (dPNAG) hace referencia a un polisacárido u oligosacárido PNAG en el que menos del 60 %, 50 %, 40 %, 30 %, 20 % o 10 % de los grupos amino están acetilados.

En una realización, el PNAH se desacetila para formar dPNAG tratando químicamente el polisacárido nativo. Por ejemplo, el PNAG nativo se trata con una solución básica de modo que el pH aumenta por encima de 10. Por ejemplo, el PNAH se trata con NaOH, KOH o NH_4OH 0,1 - 5M, 0,2 - 4M, 0,3 - 3M, 0,5 - 2M, 0,75 - 1,5 M o 1 M. El tratamiento se realiza durante al menos 10 o 30 minutos o 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15 o 20 horas a una temperatura de 20 - 100, 25 - 80, 30 - 60 o 30 - 50 o 35 - 45 ° C. El dPNAG se puede preparar como se ha descrito en el documento WO 04/43405.

El o los polisacáridos incluidos en la composición inmunógena de la invención están preferentemente conjugados a una proteína transportadora como se describe más adelante o como alternativa no están conjugados.

Polisacáridos de tipo 5 y de tipo 8 de *S. aureus*

La mayoría de las cepas de *S. aureus* que causan infección en el ser humano contienen polisacáridos de tipo 5 o de tipo 8. Aproximadamente el 60 % de las cepas humanas son de tipo 8 y aproximadamente el 30 % son de tipo 5. Las estructuras de los antígenos polisacáridos capsulares de tipo 5 y de tipo 8 se describen en Moreau et al. Carbohydrate Res. 201; 285 (1990) y Fournier et al. Infect. Immun. 45; 87 (1984). Ambos tienen FucNAcp en su unidad de repetición así como ManNAcA que se pueden usar para introducir un grupo sulfhidrilo. Las estructuras se notificaron como:

Tipo 5
→4)-β-D-ManNAcA(30Ac)-(1 →4)-α-L-FucNAc(1 →3)-β-D-FucNAc-(1 →

Tipo 8
→3)-β-D-ManNACA(4OAc)-(1 →3)-α-L-FucNAc(1 →3)-(3-D-FucNAc-(1 →

Recientemente (Jones Carbohydrate Research 340, 1097 - 1106 (2005)), la espectroscopia RMN revisó las estructuras a:

Tipo 5
→4)-β-D-ManNAcA-(1 →4)-α-L-FucNAc(3OAc)-(1 →3)-β-D-FucNAc-(1 →

Tipo 8
→3)-β-D-ManNACA(40Ac)-(1 →3)-α-L-FucNAc(1 →3)-(α-D-FucNAc(1 →

Los polisacáridos se pueden extraer de la cepa adecuada de *S. aureus* usando un procedimiento bien conocido para

el experto, por ejemplo como se describe en el documento US6294177. Por ejemplo, ATCC 12902 es una cepa de *S. aureus* de tipo 5 y ATCC 12605 es una cepa de *S. aureus* de tipo 8.

Los polisacáridos son del tamaño nativo o como alternativa pueden dimensionarse por ejemplo por microfluidizacion, irradiación ultrasónica o por tratamiento químico. La invención también cubre los oligosacáridos derivados de los polisacáridos de tipo 5 y de tipo 8 de *S. aureus.*

Los polisacáridos de tipo 5 y de tipo 8 incluidos en la composición inmunógena de la invención están preferentemente conjugados a una proteína transportadora como se describe más adelante o como alternativa no están conjugados.

Las composiciones inmunogénicas de la invención contienen alternativamente bien el polisacárido de tipo 5 o bien el de tipo 8.

Antígeno 336 de *S. aureus*

En una realización, la composición inmunógena de la invención comprende el antígeno 336 de *S. aureus* descrito en el documento US6294177.

El antígeno 336 comprende hexosamina unida con β, no contiene grupos O-acetilo y específicamente se une a los anticuerpos para tipo 336 de *S. aureus* depositados en la ATCC con el número 55804.

En una realización, el antígeno 336 es un polisacárido que es de tamaño nativo o como alternativa pueden dimensionarse por ejemplo por microfluidizacion, irradiación ultrasónica o por tratamiento químico. La invención también cubre los oligosacáridos derivados del antígeno 336.

El antígeno 336, cuando está incluido en la composición inmunógena de la invención está preferentemente conjugado a una proteína transportadora como se describe más adelante o como alternativa no están conjugados.

Polisacáridos de tipo I, II y III de *S. epidermidis*

Las cepas ATCC-31432, SE-360 y SE-10 de *S. epidermidis* son características de tres tipos capsulares diferentes, I, II y III, respectivamente (Ichiman y Yoshida 1981, J. Appl. Bacteriol. 51; 229). Los polisacáridos capsulares extraídos de cada serotipo de *S. epidermidis* constituyen los polisacáridos de tipo I, II y III. Los polisacáridos se pueden extraer mediante varios procedimientos, incluyendo el procedimiento descrito en el documento US4197290 o como se describe en Ichiman et al. 1991, J. Appl. Bacteriol. 71; 176.

En una realización de la invención, la composición inmunógena comprende polisacáridos u oligosacáridos de tipo I y/o II y/o III de *S. epidermidis.*

Los polisacáridos son del tamaño nativo o como alternativa pueden dimensionarse por ejemplo por microfluidizacion, irradiación ultrasónica o por escisión química. La invención también cubre los oligosacáridos extraídos de cepas de *S. epidermidis*.

Estos polisacáridos no están conjugados o preferentemente están conjugados como se describe más adelante.

Conjugación de polisacáridos

Entre los problemas asociados con el uso de polisacáridos en vacunación, se encuentra el hecho de que los polisacáridos *per se* son malos inmunógenos. Estrategias, que se han diseñado para superar esta falta de inmunogenicidad, incluyen la unión del polisacárido a vehículos proteicos grandes, que proporcionan ayuda por los linfocitos T inespecíficos. Se prefiere que los polisacáridos usados en la invención estén ligados a un vehículo proteico que proporcione ayuda por los linfocitos T inespecíficos. Ejemplos de tales vehículos que pueden estar conjugados con inmunógenos polisacáridos incluyen los toxoides de difteria y tétanos (DT, DT CRM197 y TT, respectivamente), hemocianina de lapa californiana (KLH) y el derivado proteico purificado de la tuberculina (PPD), la exoproteína A de *Pseudomonas aeruginosa* (rEPA), la proteína D de *Haemophilus influenzae,* neumolisina o fragmentos de cualquiera de los anteriores. Fragmentos adecuados para usar incluyen fragmentos que abarcan los epítopos de linfocitos T colaboradores. En concreto, el fragmento de proteína D contiene, preferentemente, el 1/3 en el extremo N de la proteína. La proteína D es una proteína de unión a IgD de *Haemophilus influenzae* (documento EP 0 594 610 B1) y es un inmunógeno potencial.

Además, las proteínas estafilocócicas se pueden usar como proteína vehículo en los conjugados de polisacáridos de la invención. Las proteínas estafilocócicas descritas más adelante se pueden usar como proteína vehículo; por ejemplo el receptor de laminina, la proteína de unión a SitC/MntC/saliva, EbhA, EbhB, proteína de unión a elastina (EbpS), EFB (FIB), SBI, ClfA, SdrC, SdrG, SdrH, Lipasa GehD, SasA, FnbA, FnbB, Cna, ClfB, FbpA, Npasa, IsaA/PisA, SsaA, EPB, SSP-1, SSP-2, HBP, proteína de unión a vitronectina, proteína de unión a fibrinógeno,

coagulasa, Fig, MAP; transportador de ABC inmunodominante, IsdA, IsdB, transportador de Mg^{2+}, SitC, toxina alfa del transportador de Ni ABC (Hla), mutante H35R de la toxina alfa, proteína de activación de RNA III (RAP) o fragmentos de las mismas.

Una nueva proteína vehículo que sería particularmente ventajosa para usar en el contexto de una vacuna de estafilococos es el alfa toxoide de estafilococos. La forma nativa puede estar conjugada a un polisacárido ya que el proceso de conjugación reduce la toxicidad. Preferentemente una toxina alfa genéticamente destoxificada tal como las variantes His35Leu o His 35 Arg se usan como vehículos, ya que la toxicidad residual es menor. Como alternativa la toxina alfa se destoxifica químicamente mediante tratamiento con un reactivo de reticulación, formaldehído o glutaraldehído. Una toxina alfa destoxificada genéticamente se destoxifica químicamente opcionalmente, preferentemente mediante tratamiento con un reactivo de reticulación, formaldehído o glutaraldehído para reducir aún más la toxicidad.

Los polisacáridos pueden unirse a la(s) proteína(s) vehículo por cualquier procedimiento conocido (por ejemplo, por Likhite, Patente de EE.UU. 4.372.945 y por Armor *et al*., Patente de EE.UU. 4.474.757 y Jennings et al., Patente de EE.UU. 4.356.170). Preferentemente se lleva a cabo la química de conjugación CDAP (documento WO 95/08348).

En CDAP, el reactivo de cianilación tetrafluoroborato de 1–ciano-dimetilaminopiridinio (CDAP) se usa preferentemente para la síntesis de conjugados de polisacárido-proteína. La reacción de cianilación puede realizarse según condiciones relativamente suaves, que evitan la hidrólisis de los polisacáridos sensibles a la alcalinidad. Esta síntesis permite un acoplamiento directo con una proteína vehículo.

El polisacárido se solubiliza en agua o una solución salina. CDAP se disuelve en acetonitrilo y se añade inmediatamente a la solución de polisacáridos. El CDAP reacciona con los grupos hidroxilo del polisacárido para formar un éster de cianato. Después de la etapa de activación, se añade la proteína vehículo. Los grupos amino de la lisina reaccionan con el polisacárido activado para formar un enlace covalente de isourea. Después de la reacción de acoplamiento, se añade luego un gran exceso de glicina para inactivar los grupos funcionales activados residuales. Después el producto se hace pasar a través de una columna de permeación en gel para eliminar la proteína vehículo sin reaccionar y los reactivos residuales.

La conjugación implica preferentemente producir un enlace directo entre la proteína vehículo y el polisacárido. Opcionalmente se puede introducir un espaciador (tal como dihidruro adípico (ADH)) entre la proteína vehículo y el polisacárido.

Protección contra *S. aureus* y *S. epidermidis*

En una realización preferida de la invención la composición inmunógena proporciona una respuesta inmunitaria eficaz contra más de una cepa de estafilococos, preferentemente contra cepas tanto de *S.aureus* como de *S. epidermidis.* Más preferentemente, se genera una respuesta inmunitaria protectora contra los serotipos 5 y 8 de *S. aureus.* Más preferentemente, se genera una respuesta inmunitaria protectora contra múltiples cepas de *S. epidermidis,* por ejemplo a partir de cepas de al menos dos serotipos I, II y III de *S. epidermidis.*

Un uso de la composición inmunógena de la invención es prevenir las infecciones nosocomiales mediante la inoculación antes del tratamiento hospitalario. En esta etapa, es difícil predecir de forma precisa a qué cepas estafilocócicas estará expuesto el paciente. Por tanto, es ventajoso inocular una vacuna que sea capaz de generar una respuesta inmunitaria protectora eficaz contra varias cepas de estafilococos.

Una respuesta inmunitaria eficaz se define como una respuesta inmunitaria que confiere protección significativa en un modelo de exposición de ratones o ensayo de opsonofagocitosis como se describe en los ejemplos. Una protección significativa en un modelo de exposición de ratones, por ejemplo el del ejemplo 5, se define como un incremento de la DL_{50} en comparación con los ratones a los que se ha inoculado vehículo de al menos el 10 %, 20 %, 50 %, 100 % o 200 %. Una protección significativa en un modelo de exposición de rata algodonera, por ejemplo el del ejemplo 8, se define como una disminución del log UFC medio observado de al menos el 10 %, 20 %, 50 %, 70 % o 90 %. Se sabe que la presencia de anticuerpos de opsonizacion está correlacionada con la protección, por tanto una protección significativa viene indicada por una disminución del recuento bacteriano de al menos el 10 %, 20 %, 50 %, 70 % o 90 % en un ensayo de opsonofagocitosis, por ejemplo el del ejemplo 7.

Varias de las proteínas incluyendo el transportador de ABC inmunodominante, la proteína de activación de ARN III, los receptores de laminina, SitC, IsaA/PisA, SsaA, EbhA/EbhB, EbpS y Aap están bien conservados entre *S. aureus* y *S. epidermidis* y el ejemplo 8 muestra que IsaA, ClfA, IsdB, SdrG, HarA, FnbpA y Sbi pueden generar una respuesta inmunitaria de reacción cruzada (por ejemplo, reacción cruzada entre al menos una cepa de *S. aureus* y al menos una cepa de *S. epidermidis*). PIA también está bien conservado entre *S. aureus* y *S. epidermidis* y es capaz de inducir una respuesta inmunitaria de protección cruzada.

Por tanto en una realización preferida, la composición inmunógena de la invención comprenderá dos, tres o cuatro de las proteínas anteriores, que comprenden preferentemente además, PIA (PNAG).

Vacunas de polinucleótidos

También se hace referencia al uso de los polinucleótidos de la Figura 2 en el tratamiento, prevención o diagnóstico de infección por estafilococos. Dichos polinucleótidos incluyen polinucleótidos aislados que comprenden una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido que tiene una identidad de al menos un 70 %, preferentemente una identidad de al menos un 80 %, más preferentemente una identidad de al menos un 90 %, todavía más preferentemente una identidad de al menos un 95 % con la secuencia de aminoácidos de la figura 1, sobre la longitud completa de la secuencia. A este respecto, los polipéptidos que tienen una identidad de al menos un 97 % son altamente preferidos, mientras que aquellos con una identidad de al menos un 98 - 99 % son más altamente preferidos y aquellos con una identidad de al menos un 99 % son los más altamente preferidos.

Otros polinucleótidos que encuentran utilidad incluyen polinucleótidos aislados que comprenden una secuencia de nucleótidos que tiene una identidad de al menos el 70 %, preferentemente una identidad de al menos el 80 %, más preferentemente una identidad de al menos el 90 %, todavía más preferentemente una identidad de al menos el 95 %, con una secuencia de nucleótidos que codifica una proteína de la invención sobre la región de codificación completa. A este respecto, los polinucleótidos que tienen una identidad de al menos un 97 % son altamente preferidos, mientras que aquellos con una identidad de al menos un 98 - 99 % son más altamente preferidos y aquellos con una identidad de al menos un 99 % son los más altamente preferidos.

Otros polinucleótidos incluyen polinucleótidos aislados que comprenden una secuencia de nucleótidos que tiene una identidad de al menos un 70 %, preferentemente una identidad de al menos un 80 %, más preferentemente una identidad de al menos un 90 %, todavía más preferentemente una identidad de al menos un 95 %, con la secuencias de la figura 1. A este respecto, los polinucleótidos que tienen una identidad de al menos un 97 % son altamente preferidos, mientras que aquellos con una identidad de 98 -99 % son más altamente preferidos y aquellos con una identidad de al menos un 99 % son los más altamente preferidos. Dicho polinucleótido se puede insertar en un plásmido o vector de microorganismo recombinante adecuado y usar para inmunización (véase, por ejemplo, Wolff et al., Science 247:1465 - 1468 (1990); Corr et al., J. Exp. Med. 184:1555 - 1560 (1996); Doe et al., Proc. Natl. Acad. Sci. 93:8578 - 8583 (1996)).

También se hace referencia a un ácido nucleico que codifica las proteínas mencionadas anteriormente y a su uso en medicina. En un caso preferido los polinucleótidos aislados pueden ser monocatenarios (de codificación o antisentido) o bicatenarios y pueden ser moléculas de ADN (genómico, ADNc o sintético) o de ARN. Las secuencias codificantes y no codificantes adicionales pueden estar presentes dentro de un polinucleótido, aunque no es necesario. En otros casos relacionados, también se hace referencia a variantes polinucleotídicas que tienen una identidad sustancial con las secuencias divulgadas en el presente documento en la figura 2; los que comprenden una identidad de secuencia de al menos un 70 %, preferentemente al menos 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, o 99 % o mayor, la identidad de secuencia comparada con una secuencia de polinucleótidos en el presente documento usando los procedimientos descritos en el presente documento (p. ej., análisis BLAST usando parámetros convencionales). En un caso relacionado, el polinucleótido aislado comprenderá una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido que tiene una identidad de al menos un 90 %, preferentemente de un 95 % o superior, con la secuencia de aminoácidos de la figura 1, sobre la longitud completa de una secuencia de la Figura 1; o una secuencia de nucleótidos complementaria a dicho polinucleótido aislado.

También se hace referencia al uso de polinucleótidos que son complementarios con todos los polinucleótidos descritos anteriormente.

También se hace referencia al uso de un fragmento de un polinucleótido de la invención que cuando se administra a un sujeto tiene las mismas propiedades inmunógenas que un polinucleótido de la Figura 1.

También se hace referencia al uso de un polinucleótido que codifica un fragmento inmunológico de una proteína de la Figura 1 como se ha definido anteriormente en el presente documento. También se contempla el uso de fragmentos que tienen un nivel de actividad inmunógeno de al menos aproximadamente un 50 %, preferentemente de al menos aproximadamente un 70 % y más preferentemente, de al menos aproximadamente un 90 % del nivel de actividad inmunógena de una secuencia polipeptídica codificada por una secuencia de polinucleótidos expuesta en la Figura 2.
Los fragmentos polipeptídicos para dicho uso comprenden preferentemente al menos aproximadamente 5, 10, 15, 20, 25, 50, o 100 aminoácidos contiguos, o más, incluyendo todas las longitudes intermedias, de una composición polipeptídica expuesta en el presente documento, tal como las expuestas anteriormente.

Los polinucleótidos para usar se pueden obtener usando técnicas de clonación y detección selectiva estándar, de una biblioteca de ADNc derivada de ARNm en células de tejido tumoral o preneoplásico humano (por ejemplo, pulmón), (por ejemplo, Sambrook et al., Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 2ª Ed., Cold Spring harbor Laboratory Press, Cold Spring harbor, N.Y. (1989)). Los polinucleótidos también se pueden obtener de fuentes naturales tales como bibliotecas de ADN genómico o se pueden sintetizar usando técnicas bien conocidas y disponibles comercialmente.

Existen varios procedimientos disponibles y muy conocidos por los expertos en la técnica para obtener ADNc de longitud completa, o extender ADN cortos, por ejemplo los basados en los procedimientos de amplificación rápida de los extremos del ADNc (RACE) (véase, por ejemplo, Frohman *et al*., PNAS USA 85, 8998 - 9002, 1988). Modificaciones recientes de la técnica, ejemplificadas por la tecnología Marathon™ (Clontech Laboratories Inc.), por ejemplo, han simplificado significativamente la búsqueda de ADNc más largos. En la tecnología Marathon™, se preparan ADNc a partir de ARNm extraído de un tejido seleccionado y se liga en cada extremo una secuencia "adaptadora". A continuación se lleva a cabo la amplificación de los ácidos nucleicos (PCR) para amplificar el extremo 5' "que falta" del ADNc usando una combinación de cebadores de oligonucleótidos específicos del gen y específicos del adaptador. Después se repite la reacción de PCR usando cebadores "anidados", es decir, cebadores diseñados para hibridarse con el producto amplificado (normalmente un cebador específico del adaptador que se hibrida más allá de 3' en la secuencia adaptadora y un cebador específico del gen que se hibrtida más allá de 5' en la secuencia del gen conocida). Después los productos de esta reacción se pueden analizar mediante secuenciación del ADN y se puede construir un ADNc de longitud completa uniendo directamente el producto al ADNc existente para dar una secuencia completa o llevando a cabo una PCR de longitud completa separada usando la nueva información de la secuencia para el diseño del cebador 5'.

El sistema de expresión también puede ser un microorganismo vivo recombinante, tal como un virus o una bacteria. El gen de interés se puede insertar en el genoma de un virus o bacteria vivo recombinante. La inoculación y la infección *in vivo* con este vector vivo darán lugar a la expresión *in vivo* del antígeno y a la inducción de respuestas inmunitarias.

Por tanto, en ciertos casos, los polinucleótidos que codifican polipéptidos inmunógenos para usar como se ha tratado en el presente documento se introducen en células huésped de mamífero para expresión usando cualquiera de una serie de sistemas virales conocidos. En un caso ilustrativo, los retrovirus proporcionan una plataforma cómoda y eficaz para sistemas de liberación génica. Una secuencia de nucleótidos seleccionada que codifica un polipéptido para uso como se ha descrito se puede insertar en un vector y empaquetar como partículas retrovirales usando técnicas conocidas en la materia. A continuación, se puede aislar el virus recombinante y se puede liberar en un sujeto. Se ha descrito una serie de sistemas retrovirales ilustrativos (p. ej., la Patente de EE.UU. N.º: 5.219.740; Miller y Rosman (1989) BioTechniques 7:980 - 990; Miller, A. D. (1990) Human Gene Therapy 1:5 - 14; Scarpa et al. (1991) Virology 180:849 - 852; Burns et al. (1993) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 90:8033 - 8037; y Boris-Lawrie y Temin (1993) Cur. Opin. Genet. Develop. 3:102 – 109).

Además, también se han descrito numerosos sistemas ilustrativos basados en adenovirus. Al contrario que los retrovirus que se integran en el genoma huésped, los adenovirus persisten extracromosómicamente, de modo que se minimizan los riesgos asociados con mutagénesis de inserción (Haj-Ahmad y Graham (1986) J. Virol. 57:267 - 274; Bett et al. (1993) J. Virol. 67:5911 - 5921; Mittereder et al. (1994) Human Gene Therapy 5:717 - 729; Seth et al. (1994) J. Virol. 68:933 - 940; Barr et al. (1994) Gene Therapy 1:51 - 58; Berkner, K. L. (1988) BioTechniques 6:616 - 629; y Rich et al. (1993) Human Gene Therapy 4:461 - 476). También se han desarrollado diversos sistemas de vectores víricos adenoasociados (AAV) para liberación de polinucleótidos. Los vectores AAV pueden construirse fácilmente usando técnicas bien conocidas en la técnica. Véase, por ejemplo, las patentes de EE.UU. N.ºs: 5.173.414 y 5.139.941; las publicaciones internacionales N.ºs: WO 92/01070 y WO 93/03769; Lebkowski et al. (1988) Molec. Cell. Biol. 8:3988 - 3996; Vincent et al. (1990) Vaccines 90 (Cold Spring Harbor Laboratory Press); Carter, B. J. (1992) Current Opinion in Biotechnology 3:533 - 539; Muzyczka, N. (1992) Current Topics in Microbiol. and Immunol. 158:97 - 129; Kotin, R. M. (1994) Human Gene Therapy 5:793 - 801; Shelling y Smith (1994) Gene Therapy 1:165 - 169; y Zhou et al. (1994) J. Exp. Med. 179:1867 - 1875.

Vectores virales adicionales útiles para liberar las moléculas de ácido nucleico que codifican polipéptidos para usar por transferencia génica incluyen los derivados de la familia de poxvíridos, tales como el virus variolovacunal y los poxvirus aviares. A modo de ejemplo, los recombinantes del virus variolovacunal que expresan las moléculas de interés se pueden construir del siguiente modo. El ADN que codifica un polipéptido se inserta primero en un vector adecuado de modo que esté adyacente a un promotor variolovacunal y que flanquee las secuencias de ADN variolovacunales, tal como la secuencia que codifica la timidina cinasa (TK). Después, este vector se usa para transfectar células que se infectan de forma simultánea con el virus variolovacunal. La recombinación homóloga sirve para insertar el promotor variolovacunal más el gen que codifica el polipéptido de interés en el genoma viral. El recombinante TK.sup.(-) resultante se puede seleccionar cultivando de las células en presencia de 5-bromodesoxiuridina y escogiendo las placas virales resistentes en el mismo.

Un sistema de infección/transfección basado en el virus variolovacunal se puede usar de forma conveniente para proporcionar expresión o coexpresión inducible, transitoria de uno o más polipéptidos descritos en el presente documento en las células huésped de un organismo. En este sistema concreto, las células se infectaron primero *in vitro* con un virus variolovacunal recombinante que codifica la ARN polimerasa del bacteriófago T7. Esta polimerasa exhibe una especificidad exquisita en cuanto a que solo transcribe moldes que llevan promotores de T7. Tras la infección, las células se transfectan el polinucleótido o los polinucleótidos de interés dirigido(s) por un promotor de T7. La polimerasa expresada en el citoplasma del virus variolovacunal recombinante transcribe el ADN transfectado en ARN que después es traducido al polipéptido por la maquinaria de traducción del huésped. El procedimiento proporciona una producción citoplásmica transitoria y de alto nivel de grandes cantidades de ARN y sus productos

de traducción. Véanse, por ejemplo, Elroy-Stein y Moss, Proc. Natl. Acad. Sci. USA (1990) 87:6743 - 6747; Fuerst et al. Proc. Natl. Acad. Sci. USA (1986) 83:8122 - 8126.

Como alternativa, los poxvirus aviares, tales como los virus de la viruela aviar y de la viruela de canario, también se pueden usar para liberar las secuencias de codificación de interés. Se sabe que los virus de la viruela aviar recombinantes, que expresan inmunogenes de patógenos de mamífero, confieren inmunidad protectora cuando se administran a especies no aviares. El uso de un vector del virus de la viruela aviar es particularmente deseable en especies humanas y de otros mamíferos ya que los miembros del género Avipox solo se replican de forma productiva en especies de aves susceptibles y por tanto no son infectivos en células de mamífero. Los procedimientos para producir virus de la viruela aviar recombinante son conocidos en la técnica y emplean recombinación genética, como se ha descrito anteriormente con respecto a la producción de virus variolovacunales. Véase, por ejemplo, los documentos WO 91/12882, WO 89/03429 y WO 92/03545.

También se pueden usar cualquiera de una serie de vectores alfavirus para liberar composiciones de polinucleótidos para usar como se ha descrito en el presente documento, tales como los vectores descritos en las patentes de EE.UU. N.º: 5.843.723; 6.015.686; 6.008.035 y 6.015.694. Determinados vectores basados en la encefalitis equina venezolana (EEV) también se pueden usar y ejemplos ilustrativos de los mismos se pueden encontrar en las patentes de EE.UU. N.º: 5.505.947 y 5.643.576.

Además, también se pueden usar vectores conjugados moleculares, tales como los vectores quiméricos de adenovirus descritos en Michael et al. J. Biol. Chem. (1993) 268:6866 - 6869 y Wagner et al. Proc. Natl. Acad. Sci. USA (1992) 89:6099 - 6103, para la liberación génica conforme a la invención.

Información ilustrativa adicional sobre estos y otros sistemas de liberación basados en virus conocidos se pueden encontrar en, por ejemplo, Fisher-Hoch et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 86:317 - 321, 1989; Flexner et al., Ann. N.Y. Acad. Sci. 569:86 - 103, 1989; Flexner et al., Vaccine 8:17 - 21, 1990; las Patentes de EE.UU. N.ºs: 4.603.112, 4.769.330 y 5.017.487; el documento WO 89/01973; la patente de EE.UU. N.º: 4.777.127; el documento GB 2.200.651; el documento EP 0.345.242; el documento WO 91/02805; Berkner, Biotechniques 6:616 - 627, 1988; Rosenfeld et al., Science 252:431 - 434, 1991; Kolls et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 91:215 - 219, 1994; Kass-Eisler et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 90:11498 - 11502, 1993; Guzman et al., Circulation 88:2838 - 2848, 1993; y Guzman et al., Cir. Res. 73:1202 - 1207, 1993.

Los microorganismos vivos recombinantes descritos anteriormente pueden ser virulentos o pueden atenuarse de diversos modos para obtener vacunas con microorganismos vivos. Dichas vacunas con microorganismos vivos también forman parte de la invención.

En determinados casos, un polinucleótido se puede integrar en el genoma de una célula diana. Esta integración puede realizarse en una ubicación y orientación específicas mediante recombinación homóloga (sustitución génica) o puede integrarse en una ubicación inespecífica aleatoria (aumento génico). En otros casos adicionales, el polinucleótido puede mantenerse de forma estable en la célula como un segmento episómico separado de ADN. Dichos segmentos polinucleotídicos o “episomas" codifican secuencias suficientes para permitir el mantenimiento y replicación independiente o sincronizada con el ciclo de la célula huésped. El modo en que la construcción de la expresión se libera en una célula y donde permanece en la célula el polinucleótido depende del tipo de construcción de expresión usada.

En otro caso de la invención, se administra/libera un polinucleótido como ADN “desnudo”, por ejemplo como se describe en Ulmer et al., Science 259:1745 - 1749, 1993 y se revisa por Cohen, Science 259:1691 - 1692, 1993. La captación de ADN desnudo puede aumentarse recubriendo esferas biodegradables con el ADN, que se transportan de forma eficiente dentro de las células.

En otro caso más, se puede liberar una composición mediante un abordaje de bombardeo de partículas, muchos de las cuales se han descrito. En un ejemplo ilustrativo, se puede alcanzar aceleración de partículas dirigida por gas con dispositivos tales como los fabricados por Powderject Phanmaceuticals PLC (Oxford, Reino Unido) y Powderject Vaccines Inc. (Madison, WI), algunos ejemplos de los cuales se describen en las patentes de EE.UU. N.ºs: 5.846.796; 6.010.478; 5.865.796; 5.584.807; y la Patente EP N.º: 0500 799. Esto enfoque ofrece un abordaje de administración sin aguja en el que una formulación en polvo seco de partículas microscópicas, tal como un polinucleótido o partículas polipeptídicas, se acelera a alta velocidad en un chorro de gas helio generado por un dispositivo manual, que propulsa las partículas hacia un tejido diana de interés.

En una realización relacionada, otros dispositivos y procedimientos que pueden ser útiles para inyección sin aguja dirigida por gas de composiciones de la presente invención incluyen los proporcionados por

Bioject, Inc. (Portland, OR), algunos ejemplos de los cuales se describen en las patentes de EE.UU. N.ºs: 4.790.824; 5.064.413; 5.312.335; 5.383.851; 5.399.163, 5.520.639 y 5.993.412.

Vacunas

En una realización preferida, la composición inmunógena de la invención se mezcla con un excipiente farmacéuticamente aceptable, más preferentemente con un adyuvante para formar una vacuna. Por tanto, la presente invención proporciona una vacuna que comprende una composición inmunógena de la invención y un excipiente farmacéuticamente aceptable.

Las vacunas de la presente invención están preferentemente adyuvadas. Adyuvantes adecuados incluyen una sal de aluminio, tal como gel de hidróxido de aluminio (alumbre) o fosfato de aluminio, pero también puede ser una sal de calcio, magnesio, hierro o cinc, o pueden ser una suspensión insoluble de tirosina acilada o azúcares acilados, polisacáridos derivados catiónica o aniónicamente o polifosfacenos.

Se prefiere seleccionar el adyuvante de modo que sea un inductor preferente de una respuesta de tipo TH1 o TH2. Niveles elevados de citocinas de tipo TH1 tienden a favorecer la inducción de las respuestas inmunitarias celulares a un antígeno dado, mientras que niveles elevados de citocinas de tipo TH2 tienden a favorecer la inducción de respuestas inmunitarias humorales al antígeno.

Es importante recordar que la distinción entre las respuestas inmunitarias Th1 y Th2 no es absoluta. En realidad, un individuo soportará una respuesta inmunitaria que se describe como predominantemente Th1 o predominantemente Th2. No obstante, a menudo es conveniente considerar las familias de citocinas en términos de lo descrito en los clones de linfocitos T CD4 +ve por Mosmann y Coffman (Mosmann, T.R. y Coffman, R.L. (1989) TH1 and TH2 cells: different patterns of lymphokine secretion lead to different functional properties. Annual Review of Immunology, 7, pág. 145 - 173). Tradicionalmente, las respuestas de tipo Th1 se asocian con la producción de las citocinas INF-γ e IL-2 por parte de los linfocitos T. Otras citocinas a menudo asociadas directamente con la inducción de respuestas inmunitarias de tipo Th1 no son producidas por los linfocitos T, tales como la IL-12. En contraste con ello, las respuestas de tipo Th2 se asocian con la secreción de IL-4, IL-5, IL-6 e IL-10. Sistemas adyuvantes adecuados que estimulan una respuesta predominantemente de tipo TH1 incluyen: lípido A monofosforilo o un derivado del mismo, en particular el monofosforilo lípido A 3-des-O-acilado (3D-MPL) (para su preparación véase el documento GB 2220211 A); y una combinación de monofosforilo lípido A, preferentemente monofosforilo lípido A 3-des-O-acilado, junto con una sal de aluminio (por ejemplo, fosfato de aluminio o hidróxido de aluminio) o una emulsión de aceite en agua. En dichas combinaciones, el antígeno y el 3D-MPL están contenidos en las mismas estructuras particuladas, lo que permite una liberación más eficiente de las señales antigénicas e inmunoestimuladoras. En los estudios se ha demostrado que el 3D-MPL es capaz de potenciar adicionalmente la inmunogeneicidad de un antígeno adsorbido sobre alúmina [Thoelen et al. Vaccine (1998) 16:708 - 14; EP 689454-B1].

Un sistema mejorado implica la combinación de un monofosforil lípido A y un derivado de saponina, en particular la combinación de QS21 y 3D-MPL, como se divulga en el documento WO 94/00153, o una composición menos reactogénica en la que QS21 se inactiva con colesterol, como se divulga en el documento WO 96/33739. Una formulación de adyuvante particularmente potente que incluye QS21, 3D-MPL y tocoferol en una emulsión de aceite en agua se describe en el documento WO 95/17210 y es una formulación preferida. Preferentemente, la vacuna comprende adicionalmente una saponina, más preferentemente QS21. La formulación también puede comprender una emulsión de aceite en agua y tocoferol (documento WO 95/17210). Un procedimiento para producir una formulación de vacuna comprende mezclar una proteína descrita en el presente documento junto con un excipiente farmacéuticamente aceptable, tal como 3D-MPL Los oligonucleótidos que contienen CpG no metilada (documento WO 96/02555) también son inductores preferenciales de una respuesta TH1 y son adecuados para su uso en la presente invención.
Composiciones preferidas de la invención son las que forman una estructura de liposoma. Las composiciones en las que la fracción esterol/saponina inmunológicamente activa forma una estructura ISCOM también forman un aspecto de la invención.

La proporción QS21 : Esterol normalmente será del orden de 1 : 100 a 1: 1 en peso:peso. Preferentemente hay un exceso de esterol, siendo la proporción de QS21 : esterol de al menos 1: 2 en peso/peso. Normalmente para la administración a seres humanos QS21 y esterol estarán presentes en una vacuna en el intervalo de aproximadamente 1 µg a aproximadamente 100 µg, preferentemente de aproximadamente 10 µg a aproximadamente 50 µg por dosis.

Preferentemente los liposomas contienen un lípido neutro, por ejemplo fosfatidilcolina, que es preferentemente, no cristalino a temperatura ambiente, por ejemplo, fosfatidilcolina de yema de huevo, dioleoilfosfatidilcolina dilaurilfosfatidilcolina. Los liposomas pueden también contener un lípido cargado que aumenta la estabilidad de la estructura de liposoma-QS21 para liposomas compuestos por lípidos saturados. En estos casos, la cantidad de lípido cargado es, preferentemente, 1 - 20 % peso/peso, lo más preferentemente 5 - 10 %. La proporción entre esterol y fosfolípidos es 1 - 50 % (mol/mol), lo más preferentemente 20 - 25 %.

Preferentemente, las composiciones de la invención contienen MPL (monofosforilo lípido A 3-desacilado, también conocido como 3D-MPL). El 3D-MPL se conoce a partir del documento GB 2 220 211 (Ribi) como una mezcla de 3 tipos de monofosforil lípido A Des-O-acilado con 4, 5, o 6 cadenas aciladas y está fabricado por Ribi Immunochem.,

Montana. Una forma preferida se divulga en la solicitud de patente internacional 92/116556.

Las composiciones adecuadas de la invención son aquellas en las que los liposomas se preparan inicialmente sin MPL y después se añade MPL, preferentemente como partículas de 100 nm. Por tanto el MPL no está contenido dentro de la membrana de la vesícula (conocido como MPL externo). Las composiciones en las que el MPL está contenido dentro de la membrana de la vesícula (conocido como MPL interno) también forman un aspecto de la invención. El antígeno puede estar contenido dentro de la membrana de la vesícula o contenido fuera de la membrana de la vesícula. Preferentemente los antígenos solubles están fuera y los antígenos hidrófobos o lipidados están contenidos dentro o fuera de la membrana.

Las preparaciones de vacunas de la presente invención se pueden usar para proteger o tratar a un mamífero susceptible a infección estafilocócica, por medio de administrar dicha vacuna por medio de una vía sistémica o mucosal. Estas administraciones pueden incluir inyección por vía intramuscular, intraperitoneal, intradérmica o subcutánea; o mediante administración mucosal en los tractos oral/alimentario, respiratorio o genitourinario. Se prefiere la administración intranasal de las vacunas para el tratamiento de la neumonía o de la otitis media (ya que el transporte nasofaríngeo de los neumococos se puede prevenir con más eficacia y de este modo, se atenúa la infección en su estadio más temprano). Aunque la vacuna de la invención se puede administrar como una dosis única, los componentes de la misma también se pueden coadministrar juntos al mismo tiempo o a tiempos diferentes (por ejemplo, los polisacáridos neumocócicos se podrían administrar por separado, al mismo tiempo o 1-2 semanas después de la administración de cualquier componente de la proteína bacteriana de la vacuna para una coordinación óptima de las respuestas inmunitarias unas con respecto de otras). Para la administración conjunta, el adyuvante Th1 opcional puede estar presente en cualquiera o en todas las administraciones diferentes, aunque se prefiere que esté presente en combinación con el componente proteico bacteriano de la vacuna. Además de una única vía de administración, se pueden usar 2 vías de administración diferentes. Por ejemplo, los polisacáridos se pueden administrar por vía intramuscular (o intradérmica) y las proteínas bacterianas se pueden administrar por vía intranasal o intradérmica. Además, las vacunas de la invención se pueden administrar intramuscularmente para las dosis primeras e intranasalmente para las dosis de refuerzo.

La cantidad de antígeno conjugado en cada dosis de vacuna se selecciona como una cantidad que induce una respuesta inmunoprotectora sin efectos secundarios adversos, significativos en los vacunados típicos. Tal cantidad variará en función de qué inmunógeno específico se emplea y de la manera en que se presente. Generalmente cabe esperar que cada dosis comprenda 0,1-100 µg de cada polisacárido, preferentemente 0,1 - 50 µg para los conjugados de polisacáridos, preferentemente 0,1 - 10 µg, más preferentemente 1 - 10 µg, de los cuales 1 a 5 µg es un intervalo más preferido.

El contenido de antígenos proteicos en la vacuna normalmente estará en el intervalo de 1 - 100 µg, preferentemente 5 - 50 µg, lo más habitualmente en el intervalo de 5 – 25 µg. Tras una vacunación inicial, los sujetos pueden recibir una o varias inmunizaciones de refuerzo espaciadas adecuadamente.

La preparación de las vacunas está descrita en general en Vaccine Design (“The subunit and adjuvant approach (eds Powell M. F. & Newman M. J.) (1995) Plenum Press Nueva York”). La encapsulación en liposomas la describe Fullerton, en la Patente de EE.UU. 4.235.877.

Las vacunas de la presente invención se pueden almacenar en solución o liofilizadas. Preferentemente la solución está liofilizada en presencia de un azúcar, tal como sacarosa, trehalosa o lactosa. Todavía es más preferible que estén liofilizadas y se reconstituyan de forma extemporánea antes de usar. La liofilización puede tener como resultado una composición más estable (vacuna) y posiblemente, puede conducir a títulos de anticuerpos más altos en presencia de 3D-MPL y en ausencia de un adyuvante a base de aluminio.

Anticuerpos e inmunización pasiva

nción o tratamiento de la infección por estafilococos se puede preparar mediante un procedimiento que comprende las etapas de inmunizar un receptor con la vacuna de la invención y aislar la inmunoglobulina del receptor. Una composición farmacéutica que comprende la inmunoglobulina y un vehículo farmacéuticamente aceptable se podrían usar en la fabricación de un medicamento para el tratamiento o prevención de la enfermedad estafilocócica. Un procedimiento para el tratamiento o prevención de la enfermedad estafilocócica comprende administrar a un paciente una cantidad eficaz de la preparación farmacéutica.

Normalmente los inóculos para la producción de anticuerpos policlonales se preparan dispersando la composición antigénica en un diluyente fisiológicamente tolerable tal como solución salina u otros adyuvantes adecuados para uso humano con el fin de formar una composición acuosa. Una cantidad inmunoestimuladora del inóculo se administra a un mamífero y después el mamífero inoculado se mantiene durante un tiempo suficiente para que la composición antigénica induzca anticuerpos protectores.

Los anticuerpos se pueden aislar en la medida deseada mediante técnicas bien conocidas, tales como cromatografía de afinidad (Harlow and Lane Antibodies; a laboratory manual 1988).

Los anticuerpos pueden incluir preparaciones de antisueros a partir de diversos animales de uso habitual, por ejemplo cabras, primates, burros, cerdos, caballos, cobayas, ratas o seres humanos. Los animales se mezclan y se recupera el suero.

Una inmunoglobulina producida como se ha descrito en el presente documento puede incluir anticuerpos enteros, fragmentos o subfragmentos de anticuerpos. Los anticuerpos pueden ser inmunoglobulinas enteras de cualquier clase, por ejemplo IgG, IgM, IgA, IgD o IgE, anticuerpos quiméricos o anticuerpos híbridos con especificidad doble por dos o más antígenos descritos en el presente documento. También pueden ser fragmentos por ejemplo F(ab')2, Fab', Fab, Fv y similares incluyendo fragmentos híbridos. Una inmunoglobulina también incluye proteínas naturales, sintéticas o modificadas genéticamente que actúan como un anticuerpo por unión a antígenos específicos para formar un complejo.

Una vacuna de la presente invención se puede administrar a un receptor que después actúa como fuente de inmunoglobulina, producida en respuesta a la exposición de la vacuna específica. Un sujeto tratado de este modo donaría plasma del que se obtendría globulina hiperinmune mediante metodología de fraccionamiento en plasma. La globulina hiperinmune se administraría a otro sujeto con el fin de conferir resistencia contra una infección por estafilococos o tratar la misma. Las globulinas hiperinmunes son particularmente útiles para el tratamiento o prevención de la enfermedad estafilocócica en lactantes, individuos inmunocomprometidos o cuando se requiera tratamiento y no haya tiempo para que el individuo produzca anticuerpos en respuesta a la vacunación.

Una composición farmacéutica que comprende dos o más anticuerpos monoclonales (o fragmentos de los mismos; preferentemente humanos o humanizados) reactivos contra al menos dos constituyentes de la composición inmunógena de la invención podría usarse para tratar o prevenir la infección por bacterias grampositivas, preferentemente estafilococos, más preferentemente *S. aureus* o *S. epidermidis.*

Dichas composiciones farmacéuticas comprenden anticuerpos monoclonales que pueden ser inmunoglobulinas enteras de cualquier clase, por ejemplo IgG, IgM, IgA, IgD o IgE, anticuerpos quiméricos o anticuerpos híbridos con especificidad por dos o más antígenos a los que se ha hecho referencia. También pueden ser fragmentos, por ejemplo F(ab')2, Fab', Fab, Fv y similares incluyendo fragmentos híbridos.
En la técnica se conocen bien los procedimientos para fabricar anticuerpos monoclonales y pueden incluir la fusión de esplenocitos con células de mieloma (Kohler y Milstein 1975 Nature 256; 495; Antibodies - a laboratory manual Harlow y Lane 1988). Como alternativa, los fragmentos Fv monoclonales se pueden obtener mediante detección selectiva de una biblioteca de expresión en fagos adecuada (Vaughan TJ et al. 1998 Nature Biotechnology 16; 535). Los anticuerpos monoclonales pueden humanizarse o humanizarse parcialmente mediante procedimientos conocidos.

Procedimientos

La invención proporciona un procedimiento para preparar una vacuna que comprende las etapas de mezclar antígenos para hacer la composición inmunógena de la invención y añadir un excipiente farmacéuticamente aceptable.

Tratamiento

La invención también proporciona el uso de la composición inmunógena de la invención en la fabricación de una vacuna para el tratamiento o prevención de la infección por estafilococos. La infección por estafilococos, es particularmente infecciones nosocomiales adquiridas en hospital.

Esta composición inmunógena o vacuna de la invención es particularmente ventajosa para usar en los casos de cirugía programada. Dichos pacientes conocerán la fecha de la cirugía con antelación y se les podrá inocular antes. Dado que no se sabe si el paciente estará expuesto o no a la infección por *S.aureus* o *S. epidermidis*, se prefiere inocularles una vacuna de la invención que los proteja contra ambos, como se describe anteriormente. Preferentemente, los adultos mayores de 16 años de edad en espera de una cirugía programada son tratados con composiciones inmunógenas y vacunas de la invención.

También es ventajoso inocular a los profesionales sanitarios con la vacuna de la invención.

Las preparaciones de vacunas de la presente invención se pueden usar para proteger o tratar a un mamífero susceptible a infección estafilocócica por medio de administrar dicha vacuna por vía sistémica o mucosal. Estas administraciones pueden incluir inyección por vías intramuscular, intraperitoneal, intradérmica o subcutánea; o por administración mucosal en los tractos oral/alimentario, respiratorio o genitourinario.

La cantidad de antígeno en cada dosis de vacuna se selecciona como una cantidad que incluye una respuesta inmunoprotectora sin efectos secundarios adversos, significativos en las vacunas típicas. Tal cantidad variará dependiendo de que inmunógenos específicos se emplean y de como se presenten. El contenido de proteínas de la vacuna normalmente estará en el intervalo de 1 - 100 µg, preferentemente 5 - 50 µg, lo más habitualmente en el

intervalo de 10 – 25 µg. Generalmente, se espera que cada dosis comprenda 0,1-100 µg del polisacárido cuando esté presente, preferentemente 0,1 - 50 µg, preferentemente 0,1 - 10 µg, de los cuales 1 a 5 µg es el intervalo más preferido. Una cantidad óptima para una vacuna concreta se puede determinar mediante estudios convencionales que implican observación de respuestas inmunitarias adecuadas en los sujetos. Tras una vacunación inicial, los sujetos pueden recibir una o varias inmunizaciones de refuerzo espaciadas adecuadamente.

Aunque las vacunas de la presente invención se pueden administrar por cualquier vía, la administración de las vacunas descritas en la piel (i.d.) forma un caso. La piel humana comprende una cutícula externa “espinosa”, denominada estrato córneo, que reviste la epidermis. Debajo de esta epidermis hay una capa llamada la dermis que a su vez reviste el tejido subcutáneo. Los investigadores han demostrado que la inyección de una vacuna en la piel y en particular en la dermis, estimula una respuesta inmunitaria, que también puede estar asociada con una serie de ventajas adicionales. La vacunación intradérmica con las vacunas descritas en el presente documento es por tanto una vía preferida.

La técnica convencional de inyección intradérmica, el "procedimiento de mantoux”, comprende las etapas de limpiar la piel y después, estirando con una mano y con el bisel de una aguja de calibre estrecho (calibre 26 – 31) hacia arriba, se inserta la aguja en un ángulo de entre 10 - 15°. Una vez que el bisel de la aguja se ha insertado, se baja el émbolo y se hace avanzar proporcionando al mismo tiempo una ligera presión para elevarlo debajo de la piel. Después, el líquido se inyecta muy despacio formando una vesícula o bulto sobre la superficie de la piel, seguido de una lenta retirada de la aguja.

Más recientemente se han descrito dispositivos específicamente diseñados para administrar agentes líquidos en o a través de la piel, por ejemplo los dispositivos descritos en los documentos WO 99/34850 and EP 1092444, también los dispositivos de inyección de chorro descritos en, por ejemplo, los documentos WO 01/13977; US 5.480.381, US 5.599.302, US 5.334.144, US 5.993.412, US 5.649.912, US 5.569.189, US 5.704.911, US 5.383.851, US 5.893.397, US 5.466.220, US 5.339.163, US 5.312.335, US 5.503.627, US 5.064.413, US 5.520 , 639, US 4.596.556, US 4.790.824, US 4.941.880, US 4.940.460, WO 97/37705 y WO 97/13537. Procedimientos alternativos de administración intradérmica de las preparaciones de la vacuna pueden incluir jeringuillas y agujas convencionales diseñadas para administración balística de vacunas sólidas (documento WO 99/27961) o parches transdérmicos (documentos WO 97/48440; WO 98/28037); o aplicados a la superficie de la piel (administración transdérmica o transcutánea, documentos WO 98/20734; WO 98/28037).

Cuando las vacunas de la presente invención se van a administrar a la piel o, más específicamente en la dermis, la vacuna está en un volumen de líquido bajo, en particular un volumen entre aproximadamente 0,05 ml y 0,2 ml.

El contenido de antígenos en la piel o vacunas intradérmicas de la presente invención puede ser similar a las dosis convencionales como se encuentran en las vacunas intramusculares (véase anteriormente). No obstante, es una característica de las vacunas en la piel o intradérmicas que las formulaciones puedan ser de “dosis baja”. De acuerdo con lo anterior, los antígenos proteicos en las vacunas de “dosis baja” están presentes preferentemente en tan poco como de 0,1 a 10 µg, preferentemente de 0,1 a 5 µg por dosis; y los antígenos polisacáridos (preferentemente conjugados) pueden estar presentes en el intervalo de 0,0 1 - 1 µg y preferentemente, entre 0,0 1 a 0,5 µg de polisacárido por dosis.

Como se usa en el presente documento, la expresión "administración intradérmica” quiere decir la administración de la vacuna en la región de la dermis en la piel. No obstante, la vacuna no necesariamente se localizará exclusivamente en la dermis. La dermis es la capa de la piel localizada entre aproximadamente 1,0 y aproximadamente 2,0 mm de la superficie en la piel humana, pero existe una cierta cantidad de variación entre individuos y en diferentes partes del cuerpo. En general, se puede esperar alcanzar la dermis a 1,5 mm por debajo de la superficie de la piel. La dermis se localiza entre el estrato córneo y la epidermis en la superficie y la capa subcutánea de debajo. Dependiendo del modo de administración, la vacuna puede localizarse en última instancia única o principalmente dentro de la dermis, o en última instancia se puede distribuir en la epidermis y la dermis.

Una realización preferida de la invención es el uso de una composición inmunógena de la invención en la fabricación de una vacuna para impedir o tratar la infección por estafilococos mediante un procedimiento que comprende la etapa de administrar la vacuna a un paciente que lo necesite.

En una forma de realización preferida, el paciente está en espera de una cirugía electiva.

Una realización preferida adicional de la invención es un uso de la composición inmunógena de la invención en la fabricación de una vacuna para el tratamiento o prevención de la infección por estafilococos, preferentemente la infección por estafilococos posquirúrgica.

La expresión “infección por estafilococos” abarca la infección causada por *S. aureus* y/o *S. epidermidis* y otras cepas de estafilococos capaces de producir infección en un mamífero, preferentemente un huésped humano.

Los autores de la invención pretenden que las expresiones “que comprende”, “comprenden” y “comprende” en el

presente documento sean opcionalmente sustituibles por las expresiones “que consiste en”, “consisten en" y “consiste en”, respectivamente, en cada caso.

Con el fin de que esta invención se entienda mejor, se exponen los ejemplos siguientes. Estos ejemplos son con fines ilustrativos únicamente y no deben interpretarse como limitantes del ámbito de la invención de ningún modo.

Ejemplos

Ejemplo 1 Construcción de plásmido para expresar proteínas recombinantes

A: Clonación

Los sitios de restricción adecuados introducidos mediante ingeniería en los oligonucleótidos específicos del gen de estafilococos permitieron la clonación direccional del producto de la PCR en el plásmido de expresión en *E. coli* pET24d o pQE-30 de modo que se pudo expresar una proteína como proteína de fusión que contenía un marcador de (His)6 para la cromatografía de afinidad en el extremo N o C.

Los cebadores usados fueron:

Toxina alfa - 5'-CGCGGATCCGCAGATTCTGATATTAATATTAAAAC-3' y 5'CCCAAGCTTTTAATTTGTCATTTCTTCTTTTTC-3'
EbpS - 5'-CGCGGATCCGCTGGGTCTAATAATTTTAAAGATG-3' y 5'CCCAAGCTTTTATGGAATAACGATTTGTTG-3'
ClfA - 5'-CGCGGATCCAGTGAAAATAGTGTTACGCAATC-3' y 5'CCCAAGCTTTTACTCTGGAATTGGTTCAATTTC-3'
FnbA - 5'-CGCGGATCCACACAAACAACTGCAACTAACG-3' y 5'CCCAAGCTTTTATGCTTTGTGATTCTTTTTCAAAC3'
Sbi - 5'-CGCGGATCCAACACGCAACAAACTTC-3' y 5'GGAACTGCAGTTATTTCCAGAATGATAATAAATTAC-3'
SdrC - 5'-CGCGGATCCGCAGAACATACGAATGGAG-3' y 5'CCCAAGCTTTTATGTTTCTTCTTCGTAGTAGC-3'
SdrG - 5'-CGCGGATCCGAGGAGAATTCAGTACAAG-3' y 5'CCCAAGCTTTTATTCGTCATCATAGTATCCG-3'
Ebh - 5'-AAAAGTACTCACCACCACCACCACC-3' y 5'AAAAGTACTCACTTGATTCATCGCTTCAG-3'
Aaa - 5'-GCGCGCCATGGCACAAGCTTCTACACAACATAC-3' y 5'GCGCGCTCGAGATGGATGAATGCATAGCTAGA-3'
IsaA - 5'-GCATCCATGGCACCATCACCATCACCACGAAGTAAACGTTGATCAAGC-3' y 5'-AGCACTCGAGTTAGAATCCCCAAGCACCTAAACC-3'
HarA - 5'-GCACCCATGGCAGAAAATACAAATACTTC-3' and 5'TTTTCTCGAGCATTTTAGATTGACTAAGTTG-3'
Autolisina glucosaminidasa - 5'-CAAGTCCCATGGCTGAGACGACACAAGATCAAC-3' y 5'-CAGTCTCGAGTTTTACAGCTGTTTTTGGTTG-3'
Autolisina amidasa - 5'-AGCTCATATGGCTTATACTGTTACTAAACC-3' y 5'GCGCCTCGAGTTTATATTGTGGGATGTCG-3'
IsdA - 5'-CAAGTCCCATGGCAACAGAAGCTACGAACGCAAC-3' y 5'ACCAGTCTCGAGTAATTCTTTAGCTTTAGAGCTTG-3'
IsdB - 5'-TATTCTCGAGGCTTTGAGTGTGTCCATCATTTG-3' y 5' GAAGCCATGGCAGCAGCTGAAGAAACAGGTGG-3'
MRPII - 5'-GATTACACCATGGTTAAACCTCAAGCGAAA-3' y 5'AGGTGTCTCGAGTGCGATTGTAGCTTCATT-3'

Los productos de la PCR se introdujeron primero en el vector de clonación pGEM-T (Novagen) usando células bacterianas Top10 de acuerdo con las instrucciones del fabricante. Esta construcción intermedia se realizó para facilitar la posterior clonación en un vector de expresión. Los transformantes que contienen el inserto de ADN se seleccionaron mediante análisis con enzimas de restricción. Tras la digestión, un alícuota de ~20 µl de la reacción se analizó mediante electroforesis en gel de agarosa (0,8 % de agarosa en un tampón de Tris-acetato-EDTA (TAE). Los fragmentos de ADN se visualizaron mediante iluminación con UV después de la electroforesis en gel y tinción con bromuro de etidio. Un ADN de tamaño molecular estándar (marcador de 1 Kb, Life Technologies) se sometió a electroforesis en paralelo con las muestras problema y se usó para estimar el tamaño de los fragmentos de ADN, El plásmido purificado de los transformantes seleccionados para cada clonación se digirió después secuencialmente por completo con las enzimas de restricción adecuadas siguiendo las recomendaciones del fabricante (Life Technologies). Después el fragmento de ADN digerido se purificó usando columnas giratorias de gel de sílice antes de la unión en el plásmido pET24d o pQE-30. La clonación de Ebh (fragmento H2), AaA, IsdA, IsdB, HarA, Atl-amidasa, Atl-glucosamina, MRP, IsaA se llevó a cabo usando el plásmido pET24d y la clonación de ClfA, SdrC, SdrE, FnbpA, SdrG/Fbe, toxina alfa y Sbi se llevó a cabo usando el plásmido pQE-30.

B: Producción del vector de expresión

Para preparar el plásmido de expresión pET24d o pQE-30 para la unión, se digirió de manera similar por completo con las enzimas de restricción adecuadas. Se usó un exceso molar de aproximadamente 5 veces de los fragmentos digeridos para qye se usase el vector preparado para programar la reacción de unión. Se realizó una reacción de

unión estándar de ~ 20 µl (~ 16 ºC, ~ 16 horas), usando procedimientos bien conocidos en la técnica, usando la T4 ADN ligasa (~ 2,0 unidades/reacción, Life Technologies). Una alícuota de la unión (~5 µl) se usó para transformar células M15(pREP4) o BT21::DE3 electrocompetentes de acuerdo con procedimientos bien conocidos en al técnica. Después de un período de crecimiento de ~ 2 - 3 horas a 37 ºC en ~ 1,0 ml de caldo LB, las células transformadas se sembraron en placas de agar LB que contenían ampicilina (100 µg/ml) y/o kanamicina (30 µg/ml). En la selección se incluyeron antibióticos. Las placas se incubaron durante la noche a 37 ºC durante ~16 horas. Se escogieron colonias individuales ApR/KanR con mondadientes estériles y se usaron para inocular "parches" en placas de ApR/KanR en LB reciente así como ~ 1,0 ml de caldo de cultivo de Ap/Kan en LB. Tanto las placas de parche como el caldo de cultivo se incubaron durante toda la noche a 37 ºC en un incubador estándar (placas) o en un baño de agua en agitación. Se empleó un análisis de PCR basado en células enteras para verificar que los transformantes contenían el inserto de ADN. Aquí, el ~ 1,0 ml de caldo de cultivo de Ap/Kan en LB durante toda la noche se transfirió a un tubo de polipropileno de 1,5 ml y las células se recogieron mediante centrifugación en una microcentrífuga Beckmann (~ 3 minutos, temperatura ambiente, ~ 12.000 x g). El sedimento celular se suspendió en ~ 200 µl de agua estéril y se usó una alícuota de ~ 10 µl para programar una reacción de PCR de ~ 50 µl de volumen final que contenía cebadores de amplificación tanto directos como inversos. La etapa inicial de desnaturalización a 95ºC se incrementó hasta 3 minutos para asegurar la rotura térmica de las células bacterianas y la liberación del ADN del plásmido. Un ciclador térmico modelo 9700 de ABI y un perfil de amplificación térmica de tres etapas, 32 ciclos, es decir 95 ºC, 45 segundos, 55-58 ºC, 45 segundos, 72 ºC 1 minuto, se usaron para amplificar el fragmento de PCR BASB201 a partir de las muestras transformantes lisadas. Tras la amplificación térmica, una alícuota de ~20 µl de la reacción se analizó por electroforesis en gel de agarosa (0,8 % de agarosa en un tampón de Tris-acetato-EDTA (TAE)). Los fragmentos de ADN se visualizaron mediante iluminación con UV después de la electroforesis en gel y tinción con bromuro de etidio. En paralelo con las muestras problema se sometió a electroforesis un ADN de tamaño molecular estándar (marcador de 1 Kb, Life Technologies) y se usó para estimar el tamaño de los productos de la PCR, Los transformantes que producían el producto de PCR de tamaño previsto se identificaron como cepas que contenían una construcción de expresión proteica. El plásmido de expresión que contenía las cepas se analizó después para detectar expresión inducible de proteína recombinante.

C: Análisis de la expresión de los transformantes positivos en la PCR

Un alícuota del cultivo de siembra durante toda la noche (~ 1,0 ml) se inoculó en un matraz erlenmeyer de 125 ml que contenía ~ 25 ml de caldo de Ap/Kn en LB y se cultivó a 37ºC con agitación (~ 250 rpm) hasta que la turbidez del cultivo alcanzó una D. O. a 600 de ~ 0,5, es decir, fase semilogarítmica (usualmente aproximadamente 1,5-2,0 horas). En este momento aproximadamente la mitad del cultivo (~ 12,5 ml) se transfirió a un segundo matraz de 125 ml y se indujo la expresión de proteína recombinante mediante la adición de IPTG (solución madre 1,0 M preparada en agua estéril, Sigma) hasta una concentración final de 1,0 mM. La incubación de tanto los cultivos inducidos con IPTG como los no inducidos continuó durante ~ 4 horas adicionales a 37ºC con agitación. Las muestras (~1,0 ml) de cultivos tanto inducidos como no inducidos se retiraron después del período de inducción y las células se recogieron por centrifugación en una microcentrífuga a temperatura ambiente durante ~ 3 minutos. Los sedimentos celulares individuales se suspendieron en ~ 50 µl de agua estéril, después se mezclaron con un volumen igual de tampón de muestra de SDS-PAGE de Laemelli 2 x que contenía 2-mercaptoetanol y se introdujeron en un baño de agua en ebullición durante ~ 3 minutos para desnaturalizar la proteína. Volúmenes iguales (~ 15 µl) de lisados celulares tanto inducidos por IPTG en bruto como no inducidos se cargaron por duplicado en gel de poliacrilamida Tris/glicina al 12 % (Minigeles de 1 mm de espesor, Novex) en condiciones convencionales usando un tampón estándar. Las muestras de lisados inducidos y no inducidos se sometieron a electroforesis junto con marcadores de peso molecular preteñidos (SeeBlue, Novex) en condiciones convencionales usando un tampón de carrera SDS/Tris/glicina (Bio Rad). Tras la electroforesis, un gel se tiñó con azul brillante de Coomassie R250 (BioRad) y después se decoloró para visualizar las nuevas proteínas inducibles mediante IPTG. El segundo gel se sometió a electrotransferencia sobre una membrana de PVDF (tamaño de poro 0,4 micrómetros, Novex) durante ~ 2 horas a 4 ºC usando un aparato de transferencia Mini-Protean II de BioRad y tampón de transferencia de metanol (20 %) de Towbin. El bloqueo de las incubaciones de membrana y de anticuerpos se realizó de acuerdo con procedimientos bien conocidos en la técnica. Un anticuerpo monoclonal anti-RGS (His)3, seguido de un segundo anticuerpo anti-ratón de conejo conjugado con HPR (QiaGen) se usó para confirmar la expresión y la identidad de la proteína recombinante. La visualización del patrón reactivo del anticuerpo anti-His se logró bien usando un sustrato insoluble en ABT o bien usando Hyperfilm con el sistema de quimioluminiscencia ECL de Amersham.

Ejemplo 2: Producción de proteínas recombinantes

Cepa bacteriana

Para producir masa celular para la purificación de proteína recombinante se usó una cepa de expresión recombinante de *E. coli* M15(pREP4) que contenía un plásmido (pQE60) o BL21::DE3 que contenía el plásmido pET24d que codificaba la proteína estafilocócica.

Medios

El medio de fermentación usado para la producción de proteína recombinante consistió en caldo 2X YT (Difco) que

contenía 100 µg/ml de Ap y/o 30 µg/ml de Km. Se añadió antiespumante al medio para el fermentador a 0,25 ml/l (Antifoam 204, Sigma). Para inducir la expresión de la proteína recombinante se añadió al fermentador IPTG (isopropilo ß-D-Tiogalactopiranósido) (1 mM, final).

Producción de proteínas recombinantes

En condiciones nativas

El IPTG se añadió a una concentración final de 1mM y el cultivo se sembró durante 4 horas adicionales. El cultivo se centrifugó después a 6.000 rpm durante 10 minutos y el sedimento se suspendió en tampón fosfato (K2HPO4 50 mM, KH2PO4 pH 7) incluyendo un cóctel de inhibidores de la proteasa. Esta muestra se sometió a lisis con presión francesa usando una presión de 150 MPa (1500 bar) (2 ciclos). Tras la centrifugación durante 30 minutos a 15.000 rpm, el sobrenadante se reservó para purificación adicional y se añadió NaCl hasta 0,5 M. A continuación se cargó la muestra en una resina de Ni-NTA (columna XK 16 Pharmacia, resina de Ni-NTA Qiagen) acondicionada en K2HPO4 50 mM KH2PO4 pH 7. Después de cargar la muestra, la columna se lavó con tampón A (NaH2PO4 0,2 M pH 7, NaCl 0,3 M, 10 % de glicerol). Para eluir la proteína unida se usó un gradiente por etapas en el que al tampón A se añadieron diferentes proporciones de tampón B (NaH2PO4 0,2 M, pH 7, NaCl 0,3 M, glicerol al 10 % e imidazol 200 mM). La proporción del tampón B se aumentó gradualmente del 10 % al 100 %. Después de purificar, la fracción eluída que contiene la proteína se combinó, se concentró y se dializó frente a KH2PO4 0,002M /K2HPO4 pH7, NaCl 0,15M.

Este procedimiento se usó para purificar ClfA, SdrG, IsdA, IsaB, HarA, Atl-glucosamina y toxina alfa.

En condiciones desnaturalizantes

El IPTG se añadió a una concentración final de 1 mM y el cultivo se sembró durante 4 horas adicionales. El cultivo se centrifugó después a 6.000 rpm durante 10 minutos y el sedimento se suspendió en tampón fosfato (K2HPO4 50 mM, KH2PO4 pH 7) incluyendo un cóctel de inhibidores de la proteasa. Esta muestra se sometió a lisis con presión francesa usando una presión de 150 MPa (1500 bar) (2 ciclos). Tras la centrifugación durante 30 minutos a 15.000 rpm, el sedimento se lavó con tampón fosfato, incluyendo urea 1 M. La muestra se centrifugó durante 30 minutos a 15.000 rpm y el sedimento se resuspendió en urea 8 M, NaH2PO4 0,1 M, NaCl 0,5 M, Tris-HCl 0,01 M a pH 8 y se mantuvo durante la noche a temperatura ambiente. La muestra se centrifugó durante 20 minutos a 15000 rpm y el sobrenadante se recogió para su purificación adicional. Después se cargó la muestra en una resina de Ni-NTA (columna XK 16 Pharmacia, resina de Ni-NTA Qiagen) acondicionada en urea 8 M, NaH2PO4, 0,1 M, NaCl 0,5 M, Tris-HCl 0,01 M pH 8. Después del paso del caudal, la columna se lavó sucesivamente con tampón A (urea 8 M, NaH2PO4 0,1 M, NaCl 0,5 M, Tris 0,01 M, pH 8,0), tampón C (Urea 8 M, NaH2PO4 0,1 M, NaCl 0,5 M, Tris 0,01 M, pH 6,3), tampón D (Urea 8 M , NaH2PO4 0,1 M, NaCl 0,5 M, Tris 0,01 M, pH 5,9) y tampón E (Urea 8 M, NaH2PO4 0,1 M, NaCl 0,5 M, Tris 0,01 M, pH 4,5). La proteína recombinante se eluyó de la columna durante los lavados con tampón D y E. La proteína recombinante desnaturalizada se pudo solubilizar en una solución desprovista de urea. Para este fin, la proteína desnaturalizada contenida en urea 8 M se dializó sucesivamente contra urea 4 M, Na2PO4 0,1 M, Tris-HCl 0,01 M, pH 7,1, urea 2 M, NaH2PO4 0,1 M, Tris-HCl 0,01 M, pH 7,1, arginina 0,5 M y KH2PO4 0,002 M/K2HP pH 7,1, NaCl 0,15M, arginina 0,5 M.

Este procedimiento se usó para purificar Ebh (fragmento H2), AaA, SdrC, FnbpA, Sbi, Atl-amidasa e IsaA.

Las proteínas purificadas se analizaron mediante SDS-PAGE. Los resultados para una proteína en condiciones nativas (toxina alfa) y una proteína purificada en condiciones desnaturalizantes (SdrC) se muestran en las Figuras 3 y 4.

Ejemplo 3 - Preparación de polisacáridos

El PIA (PNAG) se prepara como se describe en Joyce et al. 2003, Carbohydrate Research 338; 903 - 922.

Los polisacáridos de tipo 5 y de tipo 8 se extraen de *S. aureus* como se describe en Infection and Immunity 58(7); 2367.

Química de activación y acoplamiento:

El polisacárido nativo se disuelve en NaCl 2 M o en agua. La concentración óptima del polisacárido se evalúa para todos los serotipos y está entre 2 mg/ml y 5 mg/ml.

De una solución madre de 100 mg/ml en acetonitrilo se añade CDAP (proporción CDAP/PS: 0,7 5 mg/mg PS) a la solución de polisacárido, 1,5 minutos después se añade trietilamina 0,2 M para obtener el pH de activación específico (pH 8,5 -10,0). La activación del polisacárido se realiza a este pH durante 2 minutos a 25 ºC. La proteína transportadora se añade al polisacárido activado en una cantidad suficiente para dar una proporción molar de 1/1 y la reacción de acoplamiento se realiza al pH específico durante 1 hora.

Después, la reacción se inactiva con glicina durante 30 minutos a 25 ºC y durante la noche a 4 ºC.

Los conjugados se purifican mediante filtración en gel usando una columna de filtración en gel Sephacryl 500HR equilibrada con NaCl 0,2 M.

Se determina el contenido de hidratos de carbono y proteínas de las fracciones eluidas. Los conjugados se combinan y se filtran en esterilidad en una membrana de esterilización de 0,22 µm. Se determinan las proporciones PS/Proteína en las preparaciones del conjugado.

Caracterización:

Cada conjugado se caracteriza para determinar el contenido de proteínas y polisacárido.
El contenido de polisacárido se mide mediante la prueba del resorcinol y el contenido de proteínas mediante la prueba de Lowry. La proporción final de PS/PD (peso/peso) se determina mediante la proporción de las concentraciones.

Contenido residual de DMAP (ng/ µg de PS):

La activación del polisacárido con CDAP introduce un grupo cianato en el polisacárido y se libera DMAP (4-dimetilaminopiridina). El contenido residual de DMAP se determina mediante un ensayo específico desarrollado y validado en GSK.

Contenido de polisacárido libre (%):

El contenido de polisacárido libre de los conjugados mantenidos a 4 ºC o almacenados 7 días a 37 ºC se determina en el sobrenadante obtenido tras la incubación con anticuerpos α-vehículo y sulfato amónico saturado, seguido de una centrifugación.

Se usa un ELISA de α-PS/α-PS para la cuantificación del polisacárido libre en el sobrenadante. La ausencia de conjugado también se controla mediante un ELISA de α-vehículo/α-PS.

Ejemplo 4 Formulación

Composiciones adyuvantes

La proteína, bien individualmente o bien de forma conjunta, de los ejemplos anteriores se puede formular con la combinación de polisacáridos de estafilococos y como adyuvante, la formulación puede comprender una mezcla de monofosforilo lípido A 3-O-desacilado (3D-MPL) e hidróxido de aluminio o de monofosforilo lípido A 3-O-desacilado (3D-MPL) y fosfato de aluminio, o 3D-MPL y/o QS21 opcionalmente en una emulsión de aceite/agua y formulado opcionalmente con colesterol, o sal de aluminio sola, preferentemente fosfato de aluminio.

3D-MPL: es una forma químicamente destoxificada del lipopolisacárido (LPS) de la bacteria gramnegativa *Salmonella minnesota.*
Los experimentos realizados en GSK Biologicals han demostrado que 3D-MPL combinado con varios vehículos potencia fuertemente la inmunidad humoral y la inmunidad celular de tipo Th1.

QS21: es una saponina purificada de un extracto en bruto de la corteza del árbol Quillaja Saponaria Molina, que tiene una fuerte actividad adyuvante: induce la linfoproliferación específica de antígeno y los LTC frente a varios antígenos.

La vacuna que contiene un antígeno de la invención que contiene 3D-MPL y alumbre se puede preparar de un modo análogo al descrito en los documentos WO93/19780 o 92/16231.
Los experimentos realizados en GSK Biologicals han demostrado un claro efecto sinérgico de las combinaciones de 3D-MPL y QS21 en la inducción de las respuestas inmunitarias tanto humoral como celular de tipo TH1. Las vacunas que contienen un antígeno, dichos antígenos se describen en el documento US 5750110.

Una emulsión de aceite/agua puede estar compuesta por 2 aceites (un tocoferol y un escualeno) y por PBS que contiene Tween 80 como emulsionante. La emulsión comprendía 5 % de escualeno, 5 % de tocoferol, 0,4 % de Tween 80 y tenía un tamaño medio de partícula de 180 nm y se conoce como SB62 (véase el documento WO 95/17210).

En los experimentos realizados en GSK Biologicals se ha demostrado que la unión de esta emulsión de Ac/A con MPL/QS21 incrementa de forma adicional sus propiedades de inmunoestimulación.

Preparación de la emulsión SB62 (concentrado por 2)

El Tween 80 se disuelve en solución salina tamponada con fosfato (PBS), para dar una solución al 2 % en PBS. Para proporcionar 100 ml, una emulsión concentrada multiplicada por dos, 5 g de DL alfa tocoferol y 5 ml de escualeno se agitan en vórtex para mezclar íntimamente. Se añaden 90 ml de la solución PBS/Tween y se mezclan completamente. La emulsión resultante se pasa después por una jeringuilla y por último, se microfluidiza usando una máquina M110S Microfluidics. Las gotas de aceite resultantes tienen un tamaño de aproximadamente 180 nm.

Ejemplo 5

Experimentos con animales.

Ratones CD-1 hembra de 8 a 10 semanas de edad se obtienen de Charles River Laboratories, Kingston, Mass. Para estudios de letalidad, cinco grupos de 9 a 11 ratones CD-1 se expusieron por vía intraperitoneal (i.p.) con diluciones en serie de *S. aureus* cultivados en placas de CSA. Los tamaños del inóculo varían de ~10^{10} to 10^8 UFC/ratón. La mortalidad se evalúa a diario durante 3 días. Las dosis letales al 50 % (DL_{50}) se estiman usando un modelo de probabilidad de la relación dosis-respuesta. La hipótesis nula de las DL_{50} comunes se analizó mediante la prueba del cociente de verosimilitudes. La bacteremia subletal se inicia exponiendo grupos de 8 a 20 ratones por vía intravenosa (i.v.) a ~ 2 x 10^6 UFC/ratón o por vía i.p. a ~ 2 x 10^7 UFC/ratón. Después de la inoculación, se extrae sangre en grupos separados de animales de la cola a tiempos especificados y se estiman los niveles de bacteremia mediante recuentos cuantitativos de las placas por duplicado en placas de agar de soja tríptica con 5 % de sangre bovina (Becton Dickinson Microbiology Systems). La significación estadística se determina con la modificación de Welch de la prueba t de Student no apareada.

Ejemplo 6

Metodología general de la determinación de respuestas de anticuerpos en varios mamíferos

Se analizaron los sueros para determinar los anticuerpos IgG frente a los polisacáridos de estafilococos mediante un ELISA. Brevemente, los polisacáridos capsulares purificados de la ATCC (Rockville, Md, 20852) se recubren en 25 µg/ml en solución salina tamponada con fosfato (PBS) en placas de microtitulación de unión alta (Nunc Maxisorp) durante la noche a 4 ºC. Las placas se bloquean con 10 % de suero bovino fetal (FCS), 1 hora a 37 ºC. Las muestras de suero se preincuban con 20 µg/ml del polisacárido de la pared celular (Statens Serum Institute, Copenhage) y 10 % de FCS a temperatura ambiente durante 30 minutos para neutralizar los anticuerpos frente a este antígeno. Después, las muestras se diluyen dos veces en la microplaca en 10 % de FCS en PBS y se equilibran a temperatura ambiente durante 1 hora con agitación. Después de lavar, las microplacas se equilibran con el anticuerpo monoclonal Fc IgG anti-humano marcado con peroxidasa (HP6043-HRP, Stratech Scientific Ltd) diluido a 1:4000 en 10 % de FCS en PBS durante 1 hora a temperatura ambiente con agitación. El ELISA se realiza para medir la IgG de rata usando IgG anti-rata de cabra AffiniPure conjugada con peroxidasa (H+L) (código 112 - 035 - 003) a 1:5000. Las curvas de titulación se relacionan con los sueros estándar para cada serotipo usando comparación log logística mediante SoftMax Pro. Las concentraciones del polisacárido usadas para revestir la placa de ELISA son 10 - 20 µg/ml. El color se desarrolla usando 4 mg de OPD (Sigma) por 10 ml a pH 4,5, tampón citrato 0,1 M con 14 µl de H_2O_2 durante 15 minutos en oscuridad a temperatura ambiente. La reacción se detiene con 50 µl de HCl y la densidad óptica se lee a 490 nm relativa a 650 nm. Las concentraciones de IgG se determinan mediante referencia de los puntos de titulación a la curva de calibración modelada usando una ecuación log logística de 4 parámetros calculada mediante el software SoftMax Pro.

El ELISA para medir la IgG murina y de rata a los polisacáridos de estafilococos es similar con las excepciones siguientes. IgG (H+L) anti-ratón de cabra affiniPure conjugada con peroxidasa de Jackson ImmunoLaboratories Inc. e IgG anti-rata de cabra AffiniPure (H+L) se usaron para detectar la IgG unida.

HP6043-HRP reacciona igual con IgG purificada de ser humano y de Rhesus, por lo que este reactivo se usa para el antisuero de Rhesus.

El ELISA de proteínas se realiza de un modo similar al ELISA del polisacárido con las modificaciones siguientes. La proteína se reviste durante la noche a 2,0 µg/ml en PBS. Las muestras de suero se diluyen en PBS que contiene 10 % de suero bovino fetal y 0,1 % de alcohol polivinílico. El anticuerpo humano unido se detecta usando anticuerpo purificado por afinidad de cabra conjugado con peroxidasa Sigma frente a la Fc de IgG humana (referencia A-2290).

Ejemplo 7

Ensayo de opsonofagocitosis.

La muerte por opsonofagocitosis *in vitro* de *S. aureus* mediante leucocitos polimorfonucleares (PMN) humanos se realiza como se describe en Xu et al. 1992 Infect. Immun. 60; 1358. Los PMN humanos se preparan a partir de sangre heparinizada mediante sedimentación en 3 % de dextrano T-250. La mezcla de reacción opsónica (1 ml)

contiene ~10^6 PMN en medio RPMI 1640 suplementado con 10 % de suero bovino fetal inactivado con calor, ~10^8 UFC de *S. aureus* y 0,1 ml del suero de ensayo o preparación de IgG. El suero hiperinmunizado de conejo se usa como control positivo y se usaron 0,1 ml de suero de conejo no inmune como una fuente completa para las muestras de IgG. Las mezclas de reacción se incuban a 37 ºC y las muestras bacterianas se transfieren a 0, 60 y 120 min en agua y después se diluyeron, se extendieron sobre placas de agar de soja tríptica y se incubaron a 37ºC para el recuento bacteriano tras la incubación durante la noche.

Ejemplo 8

Inmunogeneicidad de las proteínas estafilocócicas en ratones y conejos

Se inmunizó a los animales con proteínas estafilocócicas purificadas con el fin de generar sueros hiperinmunes. Se inmunizó a los ratones tres veces (días 0, 14 y 28) con 10 µg de cada proteína adyuvada en Specol. Se inmunizó a los conejos tres veces (días 0, 21 y 42) con 20 µg de cada proteína adyuvada en Specol. Los sueros inmunes se recogieron y se evaluaron en ELISA de células enteras anti-proteínas y anti-muertas.

ELISA antiproteína:

La proteína purificada se recubrió a 1 µg/ml en solución salina tamponada con fosfato (PBS) en placas de microtitulación de unión alta (Nunc MAXISORP) durante la noche a 4 ºC. Las placas se bloquearon con PBS-BSA 1 % durante 30 min a temperatura ambiente con agitación. Después las muestras de ensayo se diluyeron a 1/1000 y se incubaron a temperatura ambiente durante 1 hora con agitación. Después de lavar, el anticuerpo unido murino o de conejo se detectó usando IgG anti-ratón de cabra (H+L) affiniPure conjugado con peroxidasa de Jackson ImmunoLaboratories Inc. (ref: 115 - 035 - 003) o IgG anti-conejo de cabra (H+L) AffiniPure (ref: 11-035-003) diluida a 1:5000 en PBS-tween al 0,05 %. Los anticuerpos de detección se incubaron durante 30 minutos a temperatura ambiente con agitación. El color se desarrolló usando 4 mg de OPD (Sigma) + 5 µl de H_2O_2 por 10 ml a pH 4,5, tampón citrato 0,1 M durante 15 minutos en oscuridad a temperatura ambiente. La reacción se detuvo con 50 µl de HCl y la densidad óptica se leyó a 490 nm relativa a 650 nm. La DO para una dilución a 1/1000 de Post III se comparó con la DO obtenida con la misma dilución del suero preinmune.

Los resultados generados con sueros de ratón y de conejo se presentan en la Figura 5. Se observó una buena seroconversión contra cada antígeno. La evaluación de los sueros dirigidos contra SBI se alteró debido a la actividad de unión a Ig de esta proteína.

ELISA anti-células enteras muertas:

Las células enteras muertas (inactivadas con calor o con formaldehído) de *S. aureus* de tipo 5 u 8 o de la cepa Hay de S. *epidermidis* se recibieron a 20 µg/ml en solución salina tamponada con fosfato (PBS) en placas de microtitulación de unión alta (Nunc Maxisorp) durante la noche a 4 ºC con evaporación. Las placas se bloquearon con PBS-BSA 1 % durante 30 minutos a temperatura ambiente con agitación. La proteína A se neutralizó mediante la adición de 10 µg/ml de anti-proteína A de pollo purificada por afinidad (ICL ref.: CPA-65A-2) diluida en PBS-tween al 0,05 %, seguido de incubación durante 1 hora a temperatura ambiente. Después las muestras de ensayo se diluyeron dos veces en la microplaca en PBS al 0,05 % a partir de una dilución de partida a 1/10 y se incubaron durante 1 hora a temperatura ambiente con agitación. Después de lavar, el anticuerpo unido murino o de conejo se detectó usando IgG anti-ratón de cabra (H+L) affiniPure conjugada con peroxidadas de Jackson ImmunoLaboratories Inc. (ref: 115 - 035 - 003) o IgG anti-conejo de cabra (H+L) AffiniPure (ref: 11-035-003) diluida a 1:5000 en PBS-tween al 0,05 %. Estos anticuerpos de detección se incubaron durante 30 minutos a temperatura ambiente con agitación. El color se desarrolló usando 4 mg de OPD (Sigma) + 5 µl de H_2O_2 por 10 ml a pH 4,5, tampón citrato 0,1M durante 15 minutos en oscuridad a temperatura ambiente. La reacción se detuvo con 50 µl de HCl y la densidad óptica se leyó a 490 nm relativa a 650 nm.

Cabe destacar que los niveles de expresión de las proteínas en estafilococos variarán en función de las condiciones de cultivo. Por tanto, un resultado negativo puede reflejar la elección de condiciones de cultivo incorrectas en lugar de una falta de inmunogeneicidad.

Los resultados usando sueros de ratón se muestran en la Tabla 5 y algunos de los gráficos se muestran en la Figura 6. Se observa un débil reconocimiento de la cepa 5 de *S. aureus* con los sueros dirigidos contra SdrC, FnbpA, Ebh, Sbi e IsaA. El reconocimiento de la cepa 8 de *S. aureus* solo se observa con el suero dirigido contra Sbi. El débil reconocimiento de *S. epidermidis* Hay se observa con los sueros dirigidos contra Atl amidasa, MRP, IsdA, IsaA, Ebh, Aaa y Sbi.

Una selección de los resultados generados usando sueros de conejo se muestra en la Figura 7 y se resume en la Tabla 6. Se observó un reconocimiento muy bueno de las tres cepas con IsaA e IsdB. Un débil reconocimiento de las tres cepas se observó con HarA, aunque los animales solo recibieron una inyección en lugar de las tres inyecciones usadas para las otras proteínas.

Tabla 5

Nombre de la proteína	Reacción en SA5	Reacción en SA8	Reacción en SE Hay
IsaA	(+)	(+)	(+)
ClfA	-	(+)	(+)
Atl amidasa	-	-	++
SdrG	-	-	-
Glucosamidasa	-	-	-
IsdA	-	-	++
Toxina alfa	-	-	-
SrdC	++	(+)	-
Ebh	+	-	+
AaA	-	-	++
MRP	-	-	++
Sbi	++	++	+++
FnbpA	+	+	(+)

Tabla 6

Nombre de la proteína	Reacción en SA5	Reacción en SA8	Reacción en SE Hay
IsaA	+++	+++	+++
ClfA	+	++	++
Atl amidasa	-	++	+
IsdB	+++	+++	+++
SdrG	+	+	+
Glucosamidasa	-	-	-
HarA (1 inyección)	+	+	+
IsdA	-	-	-
Toxina alfa	-	-	+
SrdC	-	-	-
Ebh	-	+	-
AaA	-	-	-
MRP	-	-	++
Sbi	-	+++	-
FnbpA	-	++	++

Ejemplo 9

Eficacia de las combinaciones de proteínas estafilocócicas en un modelo de colonización nasal

Quince grupos de tres ratas algodoneras se inocularon con combinaciones de ocho antígenos de estafilococos y cinco ratas algodoneras que actuaron como controles se trataron sin antígeno. Estos dieciséis grupos son los siguientes:

Grupo 1 - Atl-glucosamina, Atl-amidasa, AAA, toxina alfa, SdrC, SdrG, Ebh, Sbi
Grupo 2 - Atl-glucosamina, Atl-amidasa, IsdA, IsdB, ClfA, SdrC, Ebh, FnbpA
Grupo 3 - Atl-glucosamina, Atl-amidasa, HarA, IsdA, MRP, IsdB, AAA, toxina alfa
Grupo 4 - Atl-glucosamina, HarA, IsdA, AAA, ClfA, IsaA, Ebh, Sbi
Grupo 5 - HarA, MRP, AAA, toxina alfa, ClfA, SdrC, Ebh, FnbpA
Grupo 6 - IsdA, IsdB, AAA, toxina alfa, ClfA, SdrG, Sbi, FnbpA
Grupo 7 - Atl-aminidasa, IsdA, MRP, AAA, IsaA, SdrG, Ebh, FnbpA
Grupo 8 - Control
Grupo 9 - Atl-glucosamina, IsdA, MRP, toxina alfa, IsaA, SdrC, Sbi, FnbpA
Grupo 10 - Atl-glucosamina, MRP, IsdB, AAA, ClfA, IsaA, SdrC, SdrG

Grupo 11 - Atl-aminidasa, MRP, IsdB, toxina alfa, ClfA, IsaA, Ebh, Sbi
Grupo 12 - Atl-glucosamina, HarA, IsdB, toxina alfa, IsaA, SdrG, Ebh, FnbpA
Grupo 13 - Atl-aminidasa, HarA, IsdB, AAA, IsaA, SdrC, Sbi, FnbpA
Grupo 14 - Atl-glucosamina, Atl-amidasa, HarA, MRP, ClfA, SdrG, Sbi, FnbpA
Grupo 15 - Atl-aminidasa, HarA, IsdA, toxina alfa, ClfA, IsaA, SdfC, SdrG
Grupo 16 - HarA, IsdA, MRP, IsdB, SdrC, SdrG, Ebh, Sbi

Cada mezcla de antígenos contenía 3 µg de cada antígeno mezclados con un adyuvante formado por liposomas que contienen MPL y QS21. Se inoculó a las ratas algodoneras tres veces los días 1, 14 y 28 del experimento. Dos semanas después de las inmunizaciones se evaluó la eficacia de las inmunizaciones usando un ensayo de colonización nasal como se describe en Kokai-Kun et al. (2003) Antimicrob. Agents. Chemother. 47; 1589 - 1597.

Se llevó a cabo un análisis de regresión lineal múltiple clásico con los datos usando el software "Design Expert 6". La presencia de un antígeno se codificó como +1 y la ausencia de un antígeno por -1. Usando la ecuación del modelo, fue posible determinar qué antígenos eran los antígenos fundamentales que produjeron una gran disminución del número de colonias por nariz.

Resultados

Los resultados del ensayo de colonización nasal se muestran en la Tabla 7. El grupo control tenía un log medio de UFC/nariz de 3,51335 y una disminución de la colonización nasal se pudo ver para todos los grupos de ratas algodoneras a las que se habían inoculado proteínas de estafilococos. Los grupos 4, 9 y 13 mostraron la mayor disminución en la colonización nasal con una disminución de más de 2 log en las UFC/nariz. Los grupos 12 y 16 también dieron buenos resultados, lo que muestra una disminución de aproximadamente 2 log en las UFC/nariz.

Tabla 7

Grupo	Log medio observado de UFC/nariz	Log medio previsto de UFC/nariz
1	1,77527	2,03560
2	2,90435	2,52684
3	1,96556	2,23033
4	1,27748	1,21872
5	1,67304	1,93128
6	2,79745	2,98193
7	2,21481	2,30705
8	3,51355	3,47317
9	1,22480	1,44080
10	2,03085	1,93204
11	2,02522	1,81581
12	1,53402	1,70996
13	1,36063	1,49100
14	2,31201	1,73909
15	2,22979	1,98223
16	1,58109	1,44004

La contribución de los antígenos específicos dentro de la mezcla antigénica se calculó usando un análisis de regresión múltiple de los datos de colonización nasal. El modelo final contiene los siete mejores antígenos. Los resultados para estos antígenos se muestran en la Tabla 8. Dentro del contexto de la mezcla de proteínas, la inclusión de HarA dio la mayor disminución de la colonización nasal, seguido de IsaA, Sbi, SdrC, autolisina-glucosamina, MRP y Ebh.

Tabla 8. Efectos en la diferencia del log de UFC/nariz y proporción de UFC/nariz para los siete mejores antígenos en el modelo y los correspondientes valores de p

Antígeno	prob >F	Estimación del efecto	Proporción de la reducción	Efecto acumulativo	Proporción acumulativa
HarA	0,033	-0,596	3,9	-0,596	3,9
IsaA	0,046	-0,558	3,6	-1,154	14,3

(continuación)

Antígeno	prob >F	Estimación del efecto	Proporción de la reducción	Efecto acumulativo	Proporción acumulativa
Sbi	0,077	-0,491	3,1	-1,645	44,2
SdrC	0,22	-0,337	2,2	-1,982	96,0
Atl-glucos	0,238	-0,324	2,1	-2,306	202,2
MRP	0,239	-0,323	2,1	-2,629	425,3
Ebh	0,297	-0,286	1,9	-2,914	821,0

LISTADO DE SECUENCIAS

<110> GlaxoSmithKline Biologicals S.A.

<120> COMPOSICIÓN INMUNÓGENA PARA USO EN VACUNACIÓN CONTRA ESTAFILOCOCOS

<130> N.1018371

<150> GB 0421082,9
<151> 2004 - 09 - 22

<150> GB 0421078,7
<151> 2004 - 09 - 22

<150> GB 0421081,1
<151> 2004 - 09 - 22

<150> GB 0421079,5
<151> 2004 - 09 - 22

<150> GB 0503143,0
<151> 2005 - 02 - 15

<160> 151

<170> FastSEC. for Windows Versión 4,0

<210> 1
<211> 533
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 1

```
Met Leu Gln Val Thr Asp Val Ser Leu Arg Phe Gly Asp Arg Lys Leu
 1               5                  10                  15
Phe Glu Asp Val Asn Ile Lys Phe Thr Glu Gly Asn Cys Tyr Gly Leu
            20                  25                  30
Ile Gly Ala Asn Gly Ala Gly Lys Ser Thr Phe Leu Lys Ile Leu Ser
        35                  40                  45
Gly Glu Leu Asp Ser Gln Thr Gly His Val Ser Leu Gly Lys Asn Glu
    50                  55                  60
Arg Leu Ala Val Leu Lys Gln Asp His Tyr Ala Tyr Glu Asp Glu Arg
65                  70                  75                  80
Val Leu Asp Val Val Ile Lys Gly His Glu Arg Leu Tyr Glu Val Met
                85                  90                  95
Lys Glu Lys Asp Glu Ile Tyr Met Lys Pro Asp Phe Ser Asp Glu Asp
            100                 105                 110
Gly Ile Arg Ala Ala Glu Leu Glu Gly Glu Phe Ala Glu Met Asn Gly
        115                 120                 125
Trp Asn Ala Glu Ala Asp Ala Ala Asn Leu Leu Ser Gly Leu Gly Ile
    130                 135                 140
Asp Pro Thr Leu His Asp Lys Lys Met Ala Glu Leu Glu Asn Asn Gln
145                 150                 155                 160
Lys Ile Lys Val Leu Leu Ala Gln Ser Leu Phe Gly Glu Pro Asp Val
                165                 170                 175
Leu Leu Leu Asp Glu Pro Thr Asn Gly Leu Asp Ile Pro Ala Ile Ser
            180                 185                 190
Trp Leu Glu Asp Phe Leu Ile Asn Phe Asp Asn Thr Val Ile Val Val
        195                 200                 205
Ser His Asp Arg His Phe Leu Asn Asn Val Cys Thr His Ile Ala Asp
    210                 215                 220
Leu Asp Phe Gly Lys Ile Lys Val Tyr Val Gly Asn Tyr Asp Phe Trp
225                 230                 235                 240
Tyr Gln Ser Ser Gln Leu Ala Gln Lys Met Ala Gln Glu Gln Asn Lys
                245                 250                 255
Lys Lys Glu Glu Lys Met Lys Glu Leu Gln Asp Phe Ile Ala Arg Phe
            260                 265                 270
Ser Ala Asn Ala Ser Lys Ser Lys Gln Ala Thr Ser Arg Lys Lys Gln
        275                 280                 285
Leu Glu Lys Ile Glu Leu Asp Asp Ile Gln Pro Ser Ser Arg Arg Tyr
    290                 295                 300
Pro Phe Val Lys Phe Thr Pro Glu Arg Glu Ile Gly Asn Asp Leu Leu
305                 310                 315                 320
Ile Val Gln Asn Leu Ser Lys Thr Ile Asp Gly Glu Lys Val Leu Asp
                325                 330                 335
Asn Val Ser Phe Thr Met Asn Pro Asn Asp Lys Ala Ile Leu Ile Gly
            340                 345                 350
Asp Ser Glu Ile Ala Lys Thr Thr Leu Leu Lys Ile Leu Ala Gly Glu
        355                 360                 365
Met Glu Pro Asp Glu Gly Ser Phe Lys Trp Gly Val Thr Thr Ser Leu
    370                 375                 380
Ser Tyr Phe Pro Lys Asp Asn Ser Glu Phe Phe Glu Gly Val Asn Met
385                 390                 395                 400
Asn Leu Val Asp Trp Leu Arg Gln Tyr Ala Pro Glu Asp Glu Gln Thr
                405                 410                 415
Glu Thr Phe Leu Arg Gly Phe Leu Gly Arg Met Leu Phe Ser Gly Glu
            420                 425                 430
Glu Val Lys Lys Lys Ala Ser Val Leu Ser Gly Gly Glu Lys Val Arg
        435                 440                 445
Cys Met Leu Ser Lys Met Met Leu Ser Ser Ala Asn Val Leu Leu Leu
    450                 455                 460
Asp Glu Pro Thr Asn His Leu Asp Leu Glu Ser Ile Thr Ala Val Asn
465                 470                 475                 480
Asp Gly Leu Lys Ser Phe Lys Gly Ser Ile Ile Phe Thr Ser Tyr Asp
                485                 490                 495
Phe Glu Phe Ile Asn Thr Ile Ala Asn Arg Val Ile Asp Leu Asn Lys
            500                 505                 510
Gln Gly Gly Val Ser Lys Glu Ile Pro Tyr Glu Glu Tyr Leu Gln Glu
        515                 520                 525
Ile Gly Val Leu Lys
    530
```

<210> 2
<211> 535
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 2

```
Met Leu Gln Val Thr Asp Val Ser Leu Arg Phe Gly Asp Arg Lys Leu
 1               5                  10                  15
Phe Glu Asp Val Asn Ile Lys Phe Thr Glu Gly Asn Cys Tyr Gly Leu
            20                  25                  30
Ile Gly Ala Asn Gly Ala Gly Lys Ser Thr Phe Leu Lys Ile Leu Ser
        35                  40                  45
Gly Glu Ile Asp Ser Gln Thr Gly His Val Ser Leu Gly Lys Asp Glu
    50                  55                  60
Arg Leu Ala Val Leu Lys Gln Asp His Phe Ala Tyr Glu Asp Glu Arg
65                  70                  75                  80
Val Leu Asp Val Val Ile Lys Gly His Glu Arg Leu Tyr Gln Val Met
                85                  90                  95
Lys Glu Lys Asp Glu Ile Tyr Met Lys Pro Asp Phe Ser Asp Glu Asp
            100                 105                 110
Gly Ile Arg Ala Ala Glu Leu Glu Gly Glu Phe Ala Glu Met Asn Gly
        115                 120                 125
Trp Asn Ala Glu Ala Asp Ala Ala Asn Leu Leu Ser Gly Leu Gly Ile
    130                 135                 140
Glu Pro Asp Leu His Asp Lys Asn Met Ser Glu Leu Glu Asn Asn Gln
145                 150                 155                 160
Lys Val Lys Val Leu Leu Ala Gln Ser Leu Phe Gly Asp Pro Asp Val
                165                 170                 175
Leu Leu Leu Asp Glu Pro Thr Asn Gly Leu Asp Ile Pro Ala Ile Ser
            180                 185                 190
Trp Leu Glu Asp Phe Leu Ile Asn Phe Glu Asn Thr Val Ile Val Val
        195                 200                 205
Ser His Asp Arg His Phe Leu Asn Asn Val Cys Thr His Ile Ala Asp
    210                 215                 220
Leu Asp Phe Gly Lys Ile Lys Leu Tyr Val Gly Asn Tyr Asp Phe Trp
225                 230                 235                 240
Tyr Gln Ser Ser Gln Leu Ala Gln Lys Met Ala Gln Glu Gln Asn Lys
                245                 250                 255
Lys Lys Glu Glu Lys Met Lys Glu Leu Gln Asp Phe Ile Ala Arg Phe
            260                 265                 270
Ser Ala Asn Ala Ser Lys Ser Lys Gln Ala Thr Ser Arg Lys Lys Gln
        275                 280                 285
Leu Glu Lys Ile Glu Leu Asp Asp Ile Gln Pro Ser Ser Arg Arg Tyr
    290                 295                 300
Pro Tyr Val Lys Phe Thr Pro Glu Arg Glu Ile Gly Asn Asp Leu Leu
305                 310                 315                 320
Thr Val Glu Asn Leu Ser Lys Thr Ile Asp Gly Glu Lys Val Leu Asp
                325                 330                 335
Asn Val Ser Phe Thr Met Asn Pro Asn Asp Lys Ala Ile Leu Val Gly
            340                 345                 350
Asp Ser Glu Ile Ala Lys Thr Thr Leu Leu Lys Ile Leu Ala Gly Glu
        355                 360                 365
Met Glu Pro Asp Glu Gly Thr Phe Lys Trp Gly Val Thr Thr Ser Leu
    370                 375                 380
Ser Tyr Phe Pro Lys Asp Asn Ser Glu Phe Phe Asp Gly Val Asp Met
385                 390                 395                 400
Asn Leu Val Glu Trp Leu Arg Gln Tyr Ala Pro Glu Asp Glu Gln Thr
                405                 410                 415
Glu Thr Phe Leu Arg Gly Phe Leu Gly Arg Met Leu Phe Ser Gly Glu
            420                 425                 430
Glu Val Lys Lys Lys Ala Ser Val Leu Ser Gly Gly Glu Lys Val Arg
        435                 440                 445
Cys Met Leu Ser Lys Met Met Leu Ser Ser Ala Asn Val Leu Leu Leu
    450                 455                 460
Asp Glu Pro Thr Asn His Leu Asp Leu Glu Ser Ile Thr Ala Val Asn
465                 470                 475                 480
Asp Gly Leu Lys Ser Phe Lys Gly Ser Ile Ile Phe Thr Ser Tyr Asp
                485                 490                 495
Phe Glu Phe Ile Asn Thr Ile Ala Asn Arg Val Ile Asp Leu Asn Gln
            500                 505                 510
Ala Gly Ala Leu Ser Lys Glu Val Pro Tyr Glu Glu Tyr Leu Gln Glu
        515                 520                 525
Ile Gly Val Leu Gln Asn Asn
    530                 535
```

<210> 3
<211>434
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 3

```
Met Pro Ile Ile Thr Asp Val Tyr Ala Arg Glu Val Leu Asp Ser Arg
 1               5                  10                  15
Gly Asn Pro Thr Val Glu Val Glu Val Leu Thr Glu Ser Gly Ala Phe
            20                  25                  30
Gly Arg Ala Leu Val Pro Ser Gly Ala Ser Thr Gly Glu His Glu Ala
        35                  40                  45
Val Glu Leu Arg Asp Gly Asp Lys Ser Arg Tyr Leu Gly Lys Gly Val
    50                  55                  60
Thr Lys Ala Val Glu Asn Val Asn Glu Ile Ile Ala Pro Glu Ile Ile
65                  70                  75                  80
Glu Gly Glu Phe Ser Val Leu Asp Gln Val Ser Ile Asp Lys Met Met
                85                  90                  95
Ile Ala Leu Asp Gly Thr Pro Asn Lys Gly Lys Leu Gly Ala Asn Ala
            100                 105                 110
Ile Leu Gly Val Ser Ile Ala Val Ala Arg Ala Ala Ala Asp Leu Leu
        115                 120                 125
Gly Gln Pro Leu Tyr Lys Tyr Leu Gly Gly Phe Asn Gly Lys Gln Leu
    130                 135                 140
Pro Val Pro Met Met Asn Ile Val Asn Gly Gly Ser His Ser Asp Ala
145                 150                 155                 160
Pro Ile Ala Phe Gln Glu Phe Met Ile Leu Pro Val Gly Ala Thr Thr
                165                 170                 175
Phe Lys Glu Ser Leu Arg Trp Gly Thr Glu Ile Phe His Asn Leu Lys
            180                 185                 190
Ser Ile Leu Ser Lys Arg Gly Leu Glu Thr Ala Val Gly Asp Glu Gly
        195                 200                 205
Gly Phe Ala Pro Lys Phe Glu Gly Thr Glu Asp Ala Val Glu Thr Ile
    210                 215                 220
Ile Gln Ala Ile Glu Ala Ala Gly Tyr Lys Pro Gly Glu Glu Val Phe
225                 230                 235                 240
Leu Gly Phe Asp Cys Ala Ser Ser Glu Phe Tyr Glu Asn Gly Val Tyr
                245                 250                 255
Asp Tyr Ser Lys Phe Glu Gly Glu His Gly Ala Lys Arg Thr Ala Ala
            260                 265                 270
Glu Gln Val Asp Tyr Leu Glu Gln Leu Val Asp Lys Tyr Pro Ile Ile
        275                 280                 285
Thr Ile Glu Asp Gly Met Asp Glu Asn Asp Trp Asp Gly Trp Lys Gln
    290                 295                 300
Leu Thr Glu Arg Ile Gly Asp Arg Val Gln Leu Val Gly Asp Asp Leu
305                 310                 315                 320
Phe Val Thr Asn Thr Glu Ile Leu Ala Lys Gly Ile Glu Asn Gly Ile
                325                 330                 335
Gly Asn Ser Ile Leu Ile Lys Val Asn Gln Ile Gly Thr Leu Thr Glu
            340                 345                 350
Thr Phe Asp Ala Ile Glu Met Ala Gln Lys Ala Gly Tyr Thr Ala Val
        355                 360                 365
Val Ser His Arg Ser Gly Glu Thr Glu Asp Thr Thr Ile Ala Asp Ile
    370                 375                 380
Ala Val Ala Thr Asn Ala Gly Gln Ile Lys Thr Gly Ser Leu Ser Arg
385                 390                 395                 400
Thr Asp Arg Ile Ala Lys Tyr Asn Gln Leu Leu Arg Ile Glu Asp Glu
                405                 410                 415
Leu Phe Glu Thr Ala Lys Tyr Asp Gly Ile Lys Ser Phe Tyr Asn Leu
            420                 425                 430
Asp Lys
```

<210> 4
<211>434
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 4

```
Met Pro Ile Ile Thr Asp Val Tyr Ala Arg Glu Val Leu Asp Ser Arg
 1               5                  10                  15
Gly Asn Pro Thr Val Glu Val Glu Val Leu Thr Glu Ser Gly Ala Phe
            20                  25                  30
Gly Arg Ala Leu Val Pro Ser Gly Ala Ser Thr Gly Glu His Glu Ala
        35                  40                  45
Val Glu Leu Arg Asp Gly Asp Lys Ser Arg Tyr Leu Gly Lys Gly Val
    50                  55                  60
Thr Lys Ala Val Glu Asn Val Asn Glu Met Ile Ala Pro Glu Ile Val
65                  70                  75                  80
Glu Gly Glu Phe Ser Val Leu Asp Gln Val Ser Ile Asp Lys Met Met
                85                  90                  95
Ile Gln Leu Asp Gly Thr His Asn Lys Gly Lys Leu Gly Ala Asn Ala
            100                 105                 110
Ile Leu Gly Val Ser Ile Ala Val Ala Arg Ala Ala Ala Asp Leu Leu
        115                 120                 125
Gly Gln Pro Leu Tyr Lys Tyr Leu Gly Gly Phe Asn Gly Lys Gln Leu
    130                 135                 140
Pro Val Pro Met Met Asn Ile Val Asn Gly Gly Ser His Ser Asp Ala
145                 150                 155                 160
Pro Ile Ala Phe Gln Glu Phe Met Ile Leu Pro Val Gly Ala Glu Ser
                165                 170                 175
Phe Lys Glu Ser Leu Arg Trp Gly Ala Glu Ile Phe His Asn Leu Lys
            180                 185                 190
Ser Ile Leu Ser Glu Arg Gly Leu Glu Thr Ala Val Gly Asp Glu Gly
        195                 200                 205
Gly Phe Ala Pro Arg Phe Glu Gly Thr Glu Asp Ala Val Glu Thr Ile
    210                 215                 220
Ile Lys Ala Ile Glu Lys Ala Gly Tyr Lys Pro Gly Glu Asp Val Phe
225                 230                 235                 240
Leu Gly Phe Asp Cys Ala Ser Ser Glu Phe Tyr Glu Asn Gly Val Tyr
                245                 250                 255
Asp Tyr Thr Lys Phe Glu Gly Glu His Gly Ala Lys Arg Ser Ala Ala
            260                 265                 270
Glu Gln Val Asp Tyr Leu Glu Glu Leu Ile Gly Lys Tyr Pro Ile Ile
        275                 280                 285
Thr Ile Glu Asp Gly Met Asp Glu Asn Asp Trp Glu Gly Trp Lys Gln
    290                 295                 300
Leu Thr Asp Arg Ile Gly Asp Lys Val Gln Leu Val Gly Asp Asp Leu
305                 310                 315                 320
Phe Val Thr Asn Thr Glu Ile Leu Ser Lys Gly Ile Glu Gln Gly Ile
                325                 330                 335
Gly Asn Ser Ile Leu Ile Lys Val Asn Gln Ile Gly Thr Leu Thr Glu
            340                 345                 350
Thr Phe Asp Ala Ile Glu Met Ala Gln Lys Ala Gly Tyr Thr Ala Val
        355                 360                 365
Val Ser His Arg Ser Gly Glu Thr Glu Asp Thr Thr Ile Ala Asp Ile
    370                 375                 380
Ala Val Ala Thr Asn Ala Gly Gln Ile Lys Thr Gly Ser Leu Ser Arg
385                 390                 395                 400
Thr Asp Arg Ile Ala Lys Tyr Asn Gln Leu Leu Arg Ile Glu Asp Glu
                405                 410                 415
Leu Tyr Glu Thr Ala Lys Phe Glu Gly Ile Lys Ser Phe Tyr Asn Leu
            420                 425                 430
Asp Lys
```

<210> 5
<211> 255
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 5

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

<210> 6
<211> 267
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 6

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

<210> 7
<211> 257

<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 7

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

<210> 8
<211> 309
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 8

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

<210> 9
<211> 309
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 9

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

<210> 10
<211> 233
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 10

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

<210> 11
<211> 235
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 11

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

<210> 12
<211> 3890
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 12

```
Met Asn Tyr Arg Asp Lys Ile Gln Lys Phe Ser Ile Arg Lys Tyr Thr
 1               5                  10                  15
```

```
Val Gly Thr Phe Ser Thr Val Ile Ala Thr Leu Val Phe Leu Gly Phe
            20                  25                  30
Asn Thr Ser Gln Ala His Ala Ala Glu Thr Asn Gln Pro Ala Ser Val
        35                  40                  45
Val Lys Gln Lys Gln Gln Ser Asn Asn Glu Gln Thr Glu Asn Arg Glu
    50                  55                  60
Ser Gln Val Gln Asn Ser Gln Asn Ser Gln Asn Ser Gln Ser Leu Ser
65                  70                  75                  80
Ala Thr His Glu Asn Glu Gln Pro Asn Asn Ser Gln Ala Asn Leu Val
                85                  90                  95
Asn Gln Lys Val Ala Gln Ser Ser Thr Thr Asn Asp Glu Gln Pro Ala
            100                 105                 110
Ser Gln Asn Val Asn Thr Lys Lys Asp Ser Ala Thr Ala Ala Thr Thr
        115                 120                 125
Gln Pro Asp Lys Glu Glu Ser Lys His Lys Gln Asn Glu Ser Gln Ser
    130                 135                 140
Ala Asn Lys Asn Gly Asn Asp Asn Arg Ala Ala His Val Glu Asn His
145                 150                 155                 160
Glu Ala Asn Val Val Thr Ala Ser Asp Ser Ser Asp Asn Gly Asn Val
                165                 170                 175
Gln His Asp Arg Asn Glu Leu Gln Ala Phe Phe Asp Ala Asn Tyr His
            180                 185                 190
Asp Tyr Arg Phe Ile Asp Arg Glu Asn Ala Asp Ser Gly Thr Phe Asn
        195                 200                 205
Tyr Val Lys Gly Ile Phe Asp Lys Ile Asn Thr Leu Leu Gly Ser Asn
    210                 215                 220
Asp Pro Ile Asn Asn Lys Asp Leu Gln Leu Ala Tyr Lys Glu Leu Glu
225                 230                 235                 240
Gln Ala Val Ala Leu Ile Arg Thr Met Pro Gln Arg Gln Gln Thr Ser
                245                 250                 255
Arg Arg Ser Asn Arg Ile Gln Thr Arg Ser Val Glu Ser Arg Ala Ala
            260                 265                 270
Glu Pro Arg Ser Val Ser Asp Tyr Gln Asn Ala Asn Ser Ser Tyr Tyr
        275                 280                 285
Val Glu Asn Ala Asn Asp Gly Ser Gly Tyr Pro Val Gly Thr Tyr Ile
    290                 295                 300
Asn Ala Ser Ser Lys Gly Ala Pro Tyr Asn Leu Pro Thr Thr Pro Trp
305                 310                 315                 320
Asn Thr Leu Lys Ala Ser Asp Ser Lys Glu Ile Ala Leu Met Thr Ala
                325                 330                 335
Lys Gln Thr Gly Asp Gly Tyr Gln Trp Val Ile Lys Phe Asn Lys Gly
            340                 345                 350
His Ala Pro His Gln Asn Met Ile Phe Trp Phe Ala Leu Pro Ala Asp
        355                 360                 365
Gln Val Pro Val Gly Arg Thr Asp Phe Val Thr Val Asn Ser Asp Gly
    370                 375                 380
Thr Asn Val Gln Trp Ser His Gly Ala Gly Ala Gly Ala Asn Lys Pro
385                 390                 395                 400
Leu Gln Gln Met Trp Glu Tyr Gly Val Asn Asp Pro Asp Arg Ser His
                405                 410                 415
Asp Phe Lys Ile Arg Asn Arg Ser Gly Gln Val Ile Tyr Ser Trp Pro
            420                 425                 430
Thr Val His Val Tyr Ser Leu Glu Asp Leu Ser Arg Ala Ser Asp Tyr
        435                 440                 445
Phe Ser Glu Ala Gly Ala Thr Pro Ala Thr Lys Ala Phe Gly Arg Gln
    450                 455                 460
Asn Phe Glu Tyr Ile Asn Gly Gln Lys Pro Ala Glu Ser Pro Gly Val
465                 470                 475                 480
Pro Lys Val Tyr Thr Phe Ile Gly Gln Gly Asp Ala Ser Tyr Thr Ile
                485                 490                 495
Ser Phe Lys Thr Gln Gly Pro Thr Val Asn Lys Leu Tyr Tyr Ala Ala
            500                 505                 510
Gly Gly Arg Ala Leu Glu Tyr Asn Gln Leu Phe Met Tyr Ser Gln Leu
        515                 520                 525
Tyr Val Glu Ser Thr Gln Asp His Gln Gln Arg Leu Asn Gly Leu Arg
    530                 535                 540
Gln Val Val Asn Arg Thr Tyr Arg Ile Gly Thr Thr Lys Arg Val Glu
545                 550                 555                 560
```

```
Val Ser Gln Gly Asn Val Gln Thr Lys Lys Val Leu Glu Ser Thr Asn
                565                 570                 575
Leu Asn Ile Asp Asp Phe Val Asp Asp Pro Leu Ser Tyr Val Lys Thr
            580                 585                 590
Pro Ser Asn Lys Val Leu Gly Phe Tyr Pro Thr Asn Ala Asn Thr Asn
        595                 600                 605
Ala Phe Arg Pro Gly Gly Val Gln Glu Leu Asn Glu Tyr Gln Leu Ser
    610                 615                 620
Gln Leu Phe Thr Asp Gln Lys Leu Gln Glu Ala Ala Arg Thr Arg Asn
625                 630                 635                 640
Pro Ile Arg Leu Met Ile Gly Phe Asp Tyr Pro Asp Gly Tyr Gly Asn
                645                 650                 655
Ser Glu Thr Leu Val Pro Val Asn Leu Thr Val Leu Pro Glu Ile Gln
            660                 665                 670
His Asn Ile Lys Phe Phe Lys Asn Asp Asp Thr Gln Asn Ile Ala Glu
        675                 680                 685
Lys Pro Phe Ser Lys Gln Ala Gly His Pro Val Phe Tyr Val Tyr Ala
    690                 695                 700
Gly Asn Gln Gly Asn Ala Ser Val Asn Leu Gly Gly Ser Val Thr Ser
705                 710                 715                 720
Ile Gln Pro Leu Arg Ile Asn Leu Thr Ser Asn Glu Asn Phe Thr Asp
                725                 730                 735
Lys Asp Trp Gln Ile Thr Gly Ile Pro Arg Thr Leu His Ile Glu Asn
            740                 745                 750
Ser Thr Asn Arg Thr Asn Asn Ala Arg Glu Arg Asn Ile Glu Leu Val
        755                 760                 765
Gly Asn Leu Leu Pro Gly Asp Tyr Phe Gly Thr Ile Arg Phe Gly Arg
    770                 775                 780
Lys Glu Gln Leu Phe Glu Ile Arg Val Lys Pro His Thr Pro Thr Ile
785                 790                 795                 800
Thr Thr Thr Ala Glu Gln Leu Arg Gly Thr Ala Leu Gln Lys Val Pro
                805                 810                 815
Val Asn Ile Ser Gly Ile Pro Leu Asp Pro Ser Ala Leu Val Tyr Leu
            820                 825                 830
Val Ala Pro Thr Asn Gln Thr Thr Asn Gly Gly Ser Glu Ala Asp Gln
        835                 840                 845
Ile Pro Ser Gly Tyr Thr Ile Leu Ala Thr Gly Thr Pro Asp Gly Val
    850                 855                 860
His Asn Thr Ile Thr Ile Arg Pro Gln Asp Tyr Val Val Phe Ile Pro
865                 870                 875                 880
Pro Val Gly Lys Gln Ile Arg Ala Val Val Tyr Tyr Asn Lys Val Val
                885                 890                 895
Ala Ser Asn Met Ser Asn Ala Val Thr Ile Leu Pro Asp Asp Ile Pro
            900                 905                 910
Pro Thr Ile Asn Asn Pro Val Gly Ile Asn Ala Lys Tyr Tyr Arg Gly
        915                 920                 925
Asp Glu Val Asn Phe Thr Met Gly Val Ser Asp Arg His Ser Gly Ile
    930                 935                 940
Lys Asn Thr Thr Ile Thr Thr Leu Pro Ser Gly Trp Thr Ser Asn Leu
945                 950                 955                 960
Thr Lys Ser Asp Asn Lys Asn Gly Ser Leu Ala Ile Thr Gly Arg Val
                965                 970                 975
Ser Met Asn Gln Ala Phe Asn Ser Asp Ile Thr Phe Lys Val Ser Ala
            980                 985                 990
Thr Asp Asn Val Asn Asn Thr Thr Asn Asp Ser Gln Ser Lys His Val
        995                 1000                1005
Ser Ile His Val Gly Lys Ile Ser Glu Asp Ala His Pro Ile Val Leu
    1010                1015                1020
Gly Asn Thr Glu Lys Val Val Val Val Asn Pro Thr Ala Val Ser Asn
1025                1030                1035                1040
Asp Glu Lys Gln Ser Ile Ile Thr Ala Phe Met Asn Lys Asn Gln Asn
                1045                1050                1055
Ile Arg Gly Tyr Leu Ala Ser Thr Asp Pro Val Thr Val Asp Asn Asn
            1060                1065                1070
Gly Asn Val Thr Leu His Tyr Arg Asp Gly Ser Ser Thr Thr Leu Asp
        1075                1080                1085
Ala Thr Asn Val Met Thr Tyr Glu Pro Val Val Lys Ser Glu Tyr Gln
    1090                1095                1100
```

```
Thr Ala Asn Ala Ala Lys Thr Ala Thr Val Thr Ile Ala Lys Gly Gln
1105                1110                1115                1120
Ser Phe Asn Ile Gly Asp Ile Lys Gln Tyr Phe Thr Leu Ser Asn Gly
                1125                1130                1135
Gln Ala Ile Pro Asn Gly Thr Phe Thr Asn Ile Thr Ser Asp Arg Thr
            1140                1145                1150
Ile Pro Thr Ala Gln Glu Val Ser Gln Met Asn Ala Gly Thr Gln Leu
        1155                1160                1165
Tyr His Ile Val Ala Ser Asn Ala Tyr His Lys Asp Thr Glu Asp Phe
    1170                1175                1180
Tyr Ile Ser Leu Lys Ile Val Asp Val Lys Gln Pro Glu Gly Asp Gln
1185                1190                1195                1200
Arg Val Tyr Arg Thr Ser Thr Tyr Asp Leu Thr Thr Asp Glu Ile Ser
                1205                1210                1215
Lys Val Lys Gln Ala Phe Ile Asn Ala Asn Arg Asp Val Ile Thr Leu
            1220                1225                1230
Ala Glu Gly Asp Ile Ser Val Thr Asn Thr Pro Asn Gly Ala Asn Val
        1235                1240                1245
Ser Thr Ile Thr Val Asn Ile Asn Lys Gly Arg Leu Thr Lys Ser Phe
    1250                1255                1260
Ala Ser Asn Leu Ala Asn Met Asn Phe Leu Arg Trp Val Asn Phe Pro
1265                1270                1275                1280
Gln Asp Tyr Thr Val Thr Trp Thr Asn Ala Lys Ile Ala Asn Arg Pro
                1285                1290                1295
Thr Asp Gly Gly Leu Ser Trp Ser Asp Asp His Lys Ser Leu Ile Tyr
            1300                1305                1310
Arg Tyr Asp Ala Thr Leu Gly Thr Gln Ile Thr Thr Asn Asp Ile Leu
        1315                1320                1325
Thr Met Leu Lys Ala Thr Thr Thr Val Pro Gly Leu Arg Asn Asn Ile
    1330                1335                1340
Thr Gly Asn Glu Lys Ala Gln Ala Glu Ala Gly Gly Arg Pro Asn Tyr
1345                1350                1355                1360
Arg Thr Thr Gly Tyr Ser Gln Ser Asn Ala Thr Thr Asp Gly Gln Arg
                1365                1370                1375
Gln Phe Thr Leu Asn Gly Gln Val Ile Gln Ile Leu Asp Ile Ile Asn
            1380                1385                1390
Pro Ser Asn Gly Tyr Gly Gly Gln Pro Val Thr Asn Ser Asn Thr Arg
        1395                1400                1405
Ala Asn His Ser Asn Ser Thr Val Val Asn Val Asn Glu Pro Ala Ala
    1410                1415                1420
Asn Gly Ala Gly Ala Phe Thr Ile Asp His Val Val Lys Ser Asn Ser
1425                1430                1435                1440
Thr His Asn Ala Ser Asp Ala Val Tyr Lys Ala Gln Leu Tyr Leu Thr
                1445                1450                1455
Pro Tyr Gly Pro Lys Gln Tyr Val Glu His Leu Asn Gln Asn Thr Gly
            1460                1465                1470
Asn Thr Thr Asp Ala Ile Asn Ile Tyr Phe Val Pro Ser Asp Leu Val
        1475                1480                1485
Asn Pro Thr Ile Ser Val Gly Asn Tyr Thr Asn His Gln Val Phe Ser
    1490                1495                1500
Gly Glu Thr Phe Thr Asn Thr Ile Thr Ala Asn Asp Asn Phe Gly Val
1505                1510                1515                1520
Gln Ser Val Thr Val Pro Asn Thr Ser Gln Ile Thr Gly Thr Val Asp
                1525                1530                1535
Asn Asn His Gln His Val Ser Ala Thr Ala Pro Asn Val Thr Ser Ala
            1540                1545                1550
Thr Ser Lys Thr Ile Asn Leu Leu Ala Thr Asp Thr Ser Gly Asn Thr
        1555                1560                1565
Ala Thr Thr Ser Phe Asn Val Thr Val Lys Pro Leu Arg Asp Lys Tyr
    1570                1575                1580
Arg Val Gly Thr Ser Ser Thr Ala Ala Asn Pro Val Arg Ile Ala Asn
1585                1590                1595                1600
Ile Ser Asn Asn Ala Thr Val Ser Gln Ala Asp Gln Thr Thr Ile Ile
                1605                1610                1615
Asn Ser Leu Thr Phe Thr Ser Asn Ala Pro Asn Arg Asn Tyr Ala Thr
            1620                1625                1630
Ala Ser Ala Asn Glu Ile Thr Ser Lys Thr Val Ser Asn Val Ser Arg
        1635                1640                1645
```

```
Thr Gly Asn Asn Ala Asn Val Thr Val Thr Val Thr His Gln Asp Gly
    1650                1655                1660
Thr Thr Ser Thr Val Thr Val Pro Val Lys His Val Ile Pro Glu Ile
1665                1670                1675                1680
Val Ala His Ser His Tyr Thr Val Gln Gly Gln Asp Phe Pro Ala Gly
                1685                1690                1695
Asn Gly Ser Ser Ala Ala Asp Tyr Phe Lys Leu Ser Asn Gly Ser Ala
            1700                1705                1710
Ile Pro Asp Ala Thr Ile Thr Trp Val Ser Gly Gln Ala Pro Asn Lys
        1715                1720                1725
Asp Asn Thr Arg Ile Gly Glu Asp Ile Thr Val Thr Ala His Ile Leu
    1730                1735                1740
Ile Asp Gly Glu Thr Thr Pro Ile Thr Lys Thr Ala Thr Tyr Lys Val
1745                1750                1755                1760
Val Arg Thr Val Pro Lys His Val Phe Glu Thr Ala Arg Gly Val Leu
                1765                1770                1775
Tyr Pro Gly Val Ser Asp Met Tyr Asp Ala Lys Gln Tyr Val Lys Pro
            1780                1785                1790
Val Asn Asn Ser Trp Ser Thr Asn Ala Gln His Met Asn Phe Gln Phe
        1795                1800                1805
Val Gly Thr Tyr Gly Pro Asn Lys Asp Val Val Gly Ile Ser Thr Arg
    1810                1815                1820
Leu Ile Arg Val Thr Tyr Asp Asn Arg Gln Thr Glu Asp Leu Thr Ile
1825                1830                1835                1840
Leu Ser Lys Val Lys Pro Asp Pro Pro Arg Ile Asp Ala Asn Ser Val
                1845                1850                1855
Thr Tyr Lys Ala Gly Leu Thr Asn Gln Glu Ile Lys Val Asn Asn Val
            1860                1865                1870
Leu Asn Asn Ser Ser Val Lys Leu Phe Lys Ala Asp Asn Thr Pro Leu
        1875                1880                1885
Asn Val Thr Asn Ile Thr His Gly Ser Gly Phe Ser Ser Val Val Thr
    1890                1895                1900
Val Ser Asp Ala Leu Pro Asn Gly Gly Ile Lys Ala Lys Ser Ser Ile
1905                1910                1915                1920
Ser Met Asn Asn Val Thr Tyr Thr Thr Gln Asp Glu His Gly Gln Val
                1925                1930                1935
Val Thr Val Thr Arg Asn Glu Ser Val Asp Ser Asn Asp Ser Ala Ser
            1940                1945                1950
Val Thr Val Thr Pro Gln Leu Gln Ala Thr Thr Glu Gly Ala Val Phe
        1955                1960                1965
Ile Lys Gly Gly Asp Gly Phe Asp Phe Gly His Val Glu Arg Phe Ile
    1970                1975                1980
Gln Asn Pro Pro His Gly Ala Thr Val Ala Trp His Asp Ser Pro Asp
1985                1990                1995                2000
Thr Trp Lys Asn Thr Val Gly Asn Thr His Lys Thr Ala Val Val Thr
                2005                2010                2015
Leu Pro Ser Gly Gln Gly Thr Arg Asn Val Glu Val Pro Val Lys Val
            2020                2025                2030
Tyr Pro Val Ala Asn Ala Lys Ala Pro Ser Arg Asp Val Lys Gly Gln
        2035                2040                2045
Asn Leu Thr His Gly Thr Asn Ala Ile Asp Tyr Ile Thr Phe Asp Pro
    2050                2055                2060
Asn Thr Asn Thr Asn Gly Ile Thr Ala Ala Trp Ala Asn Arg Gln Gln
2065                2070                2075                2080
Pro Asn Asn Gln Gln Ala Gly Val Gln His Leu Asn Val Asp Val Thr
                2085                2090                2095
Tyr Pro Gly Ile Ser Ala Ala Lys Arg Val Pro Val Thr Val Asn Val
            2100                2105                2110
Tyr Gln Phe Glu Phe Pro Gln Thr Thr Tyr Thr Thr Thr Val Gly Gly
        2115                2120                2125
Thr Leu Ala Ser Gly Thr Gln Ala Ser Gly Tyr Ala His Met Gln Asn
    2130                2135                2140
Ala Ser Gly Leu Pro Thr Asp Gly Phe Thr Tyr Lys Trp Asn Arg Asp
2145                2150                2155                2160
Thr Thr Gly Thr Asn Asp Ala Asn Trp Ala Ala Met Asn Lys Pro Asn
                2165                2170                2175
Thr Ala Gln Val Val Asn Ala Lys Tyr Asp Val Ile Tyr Asn Gly His
            2180                2185                2190
```

Thr Phe Ala Thr Ser Leu Pro Ala Lys Phe Val Val Lys Asp Val Gln
2195 2200 2205
Pro Ala Lys Pro Thr Val Thr Glu Thr Ala Ala Gly Ala Ile Thr Ile
2210 2215 2220
Ala Pro Gly Ala Asn Gln Thr Val Asn Thr His Ala Gly Asn Val Thr
2225 2230 2235 2240
Thr Tyr Ala Asp Lys Leu Val Ile Lys Arg Asn Gly Asn Val Val Thr
2245 2250 2255
Thr Phe Thr Arg Arg Asn Asn Thr Ser Pro Trp Val Lys Glu Ala Ser
2260 2265 2270
Ala Asp Asn Val Thr Gly Ile Val Gly Thr Asn Asn Gly Ile Thr Val
2275 2280 2285
Ala Ala Gly Thr Phe Asn Pro Ala Asp Thr Ile Gln Val Val Ala Thr
2290 2295 2300
Gln Gly Ser Gly Glu Thr Ile Ser Asp Glu Gln Arg Ser Asp Asp Phe
2305 2310 2315 2320
Thr Val Val Ala Pro Gln Pro Asn Gln Ala Thr Thr Lys Ile Trp Gln
2325 2330 2335
Asn Gly His Ile Asp Ile Thr Pro Asn Asn Pro Ser Gly His Leu Ile
2340 2345 2350
Asn Pro Thr Gln Ala Met Asp Ile Ala Tyr Thr Glu Lys Val Gly Asn
2355 2360 2365
Gly Ala Glu His Ser Lys Thr Ile Asn Val Val Arg Gly Gln Asn Asn
2370 2375 2380
Gln Trp Thr Ile Ala Asn Lys Pro Asp Tyr Val Thr Leu Asp Ala Gln
2385 2390 2395 2400
Thr Gly Lys Val Thr Phe Asn Ala Asn Thr Ile Lys Pro Asn Ser Ser
2405 2410 2415
Ile Thr Ile Thr Pro Lys Ala Gly Thr Gly His Ser Val Ser Ser Asn
2420 2425 2430
Pro Ser Thr Leu Thr Ala Pro Ala Ala His Thr Val Asn Thr Thr Glu
2435 2440 2445
Ile Val Lys Asp Tyr Gly Ser Asn Val Thr Ala Ala Glu Ile Asn Asn
2450 2455 2460
Ala Val Gln Val Ala Asn Lys Arg Thr Ala Thr Ile Lys Asn Gly Thr
2465 2470 2475 2480
Ala Met Pro Thr Asn Leu Ala Gly Gly Ser Thr Thr Thr Ile Pro Val
2485 2490 2495
Thr Val Thr Tyr Asn Asp Gly Ser Thr Glu Glu Val Gln Glu Ser Ile
2500 2505 2510
Phe Thr Lys Ala Asp Lys Arg Glu Leu Ile Thr Ala Lys Asn His Leu
2515 2520 2525
Asp Asp Pro Val Ser Thr Glu Gly Lys Lys Pro Gly Thr Ile Thr Gln
2530 2535 2540
Tyr Asn Asn Ala Met His Asn Ala Gln Gln Gln Ile Asn Thr Ala Lys
2545 2550 2555 2560
Thr Glu Ala Gln Gln Val Ile Asn Asn Glu Arg Ala Thr Pro Gln Gln
2565 2570 2575
Val Ser Asp Ala Leu Thr Lys Val Arg Ala Ala Gln Thr Lys Ile Asp
2580 2585 2590
Gln Ala Lys Ala Leu Leu Gln Asn Lys Glu Asp Asn Ser Gln Leu Val
2595 2600 2605
Thr Ser Lys Asn Asn Leu Gln Ser Ser Val Asn Gln Val Pro Ser Thr
2610 2615 2620
Ala Gly Met Thr Gln Gln Ser Ile Asp Asn Tyr Asn Ala Lys Lys Arg
2625 2630 2635 2640
Glu Ala Glu Thr Glu Ile Thr Ala Ala Gln Arg Val Ile Asp Asn Gly
2645 2650 2655
Asp Ala Thr Ala Gln Gln Ile Ser Asp Glu Lys His Arg Val Asp Asn
2660 2665 2670
Ala Leu Thr Ala Leu Asn Gln Ala Lys His Asp Leu Thr Ala Asp Thr
2675 2680 2685
His Ala Leu Glu Gln Ala Val Gln Gln Leu Asn Arg Thr Gly Thr Thr
2690 2695 2700
Thr Gly Lys Lys Pro Ala Ser Ile Thr Ala Tyr Asn Asn Ser Ile Arg
2705 2710 2715 2720
Ala Leu Gln Ser Asp Leu Thr Ser Ala Lys Asn Ser Ala Asn Ala Ile
2725 2730 2735

```
Ile Gln Lys Pro Ile Arg Thr Val Gln Glu Val Gln Ser Ala Leu Thr
            2740                2745                2750
Asn Val Asn Arg Val Asn Glu Arg Leu Thr Gln Ala Ile Asn Gln Leu
        2755                2760                2765
Val Pro Leu Ala Asp Asn Ser Ala Leu Arg Thr Ala Lys Thr Lys Leu
    2770                2775                2780
Asp Glu Glu Ile Asn Lys Ser Val Thr Thr Asp Gly Met Thr Gln Ser
2785                2790                2795                2800
Ser Ile Gln Ala Tyr Glu Asn Ala Lys Arg Ala Gly Gln Thr Glu Thr
                2805                2810                2815
Thr Asn Ala Gln Asn Val Ile Asn Asn Gly Asp Ala Thr Asp Gln Gln
            2820                2825                2830
Ile Ala Ala Glu Lys Thr Lys Val Glu Glu Lys Tyr Asn Ser Leu Lys
        2835                2840                2845
Gln Ala Ile Ala Gly Leu Thr Pro Asp Leu Ala Pro Leu Gln Thr Ala
    2850                2855                2860
Lys Thr Gln Leu Gln Asn Asp Ile Asp Gln Pro Thr Ser Thr Thr Gly
2865                2870                2875                2880
Met Thr Ser Ala Ser Val Ala Ala Phe Asn Asp Lys Leu Ser Ala Ala
                2885                2890                2895
Arg Thr Lys Ile Gln Glu Ile Asp Arg Val Leu Ala Ser His Pro Asp
            2900                2905                2910
Val Ala Thr Ile Arg Gln Asn Val Thr Ala Ala Asn Ala Ala Lys Thr
        2915                2920                2925
Ala Leu Asp Gln Ala Arg Asn Gly Leu Thr Val Asp Lys Ala Pro Leu
    2930                2935                2940
Glu Asn Ala Lys Asn Gln Leu Gln His Ser Ile Asp Thr Gln Thr Ser
2945                2950                2955                2960
Thr Thr Gly Met Thr Gln Asp Ser Ile Asn Ala Tyr Asn Ala Lys Leu
                2965                2970                2975
Thr Ala Ala Arg Asn Lys Val Gln Gln Ile Asn Gln Val Leu Ala Gly
            2980                2985                2990
Ser Pro Thr Val Asp Gln Ile Asn Thr Asn Thr Ser Ala Ala Asn Gln
        2995                3000                3005
Ala Lys Ser Asp Leu Asp His Ala Arg Gln Ala Leu Thr Pro Asp Lys
    3010                3015                3020
Ala Pro Leu Gln Asn Ala Lys Thr Gln Leu Glu Gln Ser Ile Asn Gln
3025                3030                3035                3040
Pro Thr Asp Thr Thr Gly Met Thr Thr Ala Ser Leu Asn Ala Tyr Asn
                3045                3050                3055
Gln Lys Leu Gln Ala Ala Arg Gln Lys Leu Thr Glu Ile Asn Gln Val
            3060                3065                3070
Leu Asn Gly Asn Pro Thr Val Gln Asn Ile Asn Asp Lys Val Ala Glu
        3075                3080                3085
Ala Asn Gln Ala Lys Asp Gln Leu Asn Thr Ala Arg Gln Gly Leu Thr
    3090                3095                3100
Leu Asp Arg Gln Pro Ala Leu Thr Thr Leu His Gly Ala Ser Asn Leu
3105                3110                3115                3120
Asn Gln Ala Gln Gln Asn Asn Phe Thr Gln Gln Ile Asn Ala Ala Gln
                3125                3130                3135
Asn His Ala Ala Leu Glu Thr Ile Lys Ser Asn Ile Thr Ala Leu Asn
            3140                3145                3150
Thr Ala Met Thr Lys Leu Lys Asp Ser Val Ala Asp Asn Asn Thr Ile
        3155                3160                3165
Lys Ser Gly Gln Asn Tyr Thr Asp Ala Thr Pro Ala Asn Lys Gln Ala
    3170                3175                3180
Tyr Asp Asn Ala Val Asn Ala Ala Lys Gly Val Ile Gly Glu Thr Thr
3185                3190                3195                3200
Asn Pro Thr Met Asp Val Asn Thr Val Asn Gln Lys Ala Ala Ser Val
                3205                3210                3215
Lys Ser Thr Lys Asp Ala Leu Asp Gly Gln Gln Asn Leu Gln Arg Ala
            3220                3225                3230
Lys Thr Glu Ala Thr Asn Ala Ile Thr His Ala Ser Asp Leu Asn Gln
        3235                3240                3245
Ala Gln Lys Asn Ala Leu Thr Gln Gln Val Asn Ser Ala Gln Asn Val
    3250                3255                3260
Gln Ala Val Asn Asp Ile Lys Gln Thr Thr Gln Ser Leu Asn Thr Ala
3265                3270                3275                3280
```

Met Thr Gly Leu Lys Arg Gly Val Ala Asn His Asn Gln Val Val Gln
3285 3290 3295
Ser Asp Asn Tyr Val Asn Ala Asp Thr Asn Lys Lys Asn Asp Tyr Asn
3300 3305 3310
Asn Ala Tyr Asn His Ala Asn Asp Ile Ile Asn Gly Asn Ala Gln His
3315 3320 3325
Pro Val Ile Thr Pro Ser Asp Val Asn Asn Ala Leu Ser Asn Val Thr
3330 3335 3340
Ser Lys Glu His Ala Leu Asn Gly Glu Ala Lys Leu Asn Ala Ala Lys
3345 3350 3355 3360
Gln Glu Ala Asn Thr Ala Leu Gly His Leu Asn Asn Leu Asn Asn Val
3365 3370 3375
Gln Arg Gln Asn Leu Gln Ser Gln Ile Asn Gly Ala His Gln Ile Asp
3380 3385 3390
Ala Val Asn Thr Ile Lys Gln Asn Ala Thr Asn Leu Asn Ser Ala Met
3395 3400 3405
Gly Asn Leu Arg Gln Ala Val Ala Asp Lys Asp Gln Val Lys Arg Thr
3410 3415 3420
Glu Asp Tyr Ala Asp Ala Asp Thr Ala Lys Gln Asn Ala Tyr Asn Ser
3425 3430 3435 3440
Ala Val Ser Ser Ala Glu Thr Ile Ile Asn Gln Thr Ala Asn Pro Thr
3445 3450 3455
Met Ser Val Asp Asp Val Asn Arg Ala Thr Ser Ala Val Thr Thr Asn
3460 3465 3470
Lys Asn Ala Leu Asn Gly Asp Glu Lys Leu Val Gln Ser Lys Thr Asp
3475 3480 3485
Ala Ala Arg Ala Ile Asp Ala Leu Pro His Leu Asn Asn Ala Gln Lys
3490 3495 3500
Ala Asp Val Lys Ser Lys Ile Asn Ala Ala Ser Asn Ile Ala Gly Val
3505 3510 3515 3520
Asn Thr Val Lys Gln Gln Gly Thr Asp Leu Asn Thr Ala Met Gly Asn
3525 3530 3535
Leu Gln Gly Ala Ile Asn Asp Glu Gln Thr Thr Leu Asn Ser Gln Asn
3540 3545 3550
Tyr Gln Asp Ala Thr Pro Ser Lys Lys Thr Ala Tyr Thr Asn Ala Val
3555 3560 3565
Gln Ala Ala Lys Asp Ile Leu Asn Lys Ser Asn Gly Gln Asn Lys Thr
3570 3575 3580
Lys Asp Gln Val Thr Glu Ala Met Asn Gln Val Asn Ser Ala Lys Asn
3585 3590 3595 3600
Asn Leu Asp Gly Thr Arg Leu Leu Asp Gln Ala Lys Gln Thr Ala Lys
3605 3610 3615
Gln Gln Leu Asn Asn Met Thr His Leu Thr Thr Ala Gln Lys Thr Asn
3620 3625 3630
Leu Thr Asn Gln Ile Asn Ser Gly Thr Thr Val Ala Gly Val His Thr
3635 3640 3645
Val Gln Ser Asn Ala Asn Thr Leu Asp Gln Ala Met Asn Thr Leu Arg
3650 3655 3660
Gln Ser Ile Ala Asn Asn Asp Ala Thr Lys Ala Ser Glu Asp Tyr Val
3665 3670 3675 3680
Asp Ala Asn Asn Asp Lys Gln Thr Ala Tyr Asn Asn Ala Val Ala Ala
3685 3690 3695
Ala Glu Thr Ile Ile Asn Ala Asn Ser Asn Pro Glu Met Asn Pro Ser
3700 3705 3710
Thr Ile Thr Gln Lys Ala Glu Gln Val Asn Ser Ser Lys Thr Ala Leu
3715 3720 3725
Asn Gly Asp Glu Asn Leu Ala Thr Ala Lys Gln Asn Ala Lys Thr Tyr
3730 3735 3740
Leu Asn Thr Leu Thr Ser Ile Thr Asp Ala Gln Lys Asn Asn Leu Ile
3745 3750 3755 3760
Ser Gln Ile Ser Ser Ala Thr Arg Val Ser Gly Val Asp Thr Val Lys
3765 3770 3775
Gln Asn Ala Gln His Leu Asp Gln Ala Met Ala Asn Leu Gln Asn Gly
3780 3785 3790
Ile Asn Asn Glu Ser Gln Val Lys Ser Ser Glu Lys Tyr Arg Asp Ala
3795 3800 3805
Asp Thr Asn Lys Gln Gln Glu Tyr Asp Asn Ala Ile Thr Ala Ala Lys
3810 3815 3820
Ala Ile Leu Asn Lys Ser Thr Gly Pro Asn Thr Ala Gln Asn Ala Val
3825 3830 3835 3840
Glu Ala Ala Leu Gln Arg Val Asn Thr Ala Lys Asp Ala Leu Asn Gly
3845 3850 3855
Asp Ala Lys Leu Ile Ala Ala Gln Asn Ala Ala Lys Gln His Leu Gly
3860 3865 3870
Thr Leu Thr His Ile Thr Thr Ala Gln Arg Asn Asp Leu Thr Asn Gln
3875 3880 3885
Ile Ser
3890

<210> 13
<211> 6713
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 13

```
Met Gly Asn Leu Gln Thr Ala Ile Asn Asp Lys Ser Gly Thr Leu Ala
 1               5                  10                  15
Ser Gln Asn Phe Leu Asp Ala Asp Glu Gln Lys Arg Asn Ala Tyr Asn
            20                  25                  30
Gln Ala Ile Ser Ala Ala Glu Thr Ile Leu Asn Lys Gln Thr Gly Pro
        35                  40                  45
Asn Thr Ala Lys Thr Ala Val Glu Gln Ala Leu Asn Asn Val Asn Ser
    50                  55                  60
Ala Lys His Ala Leu Asn Gly Thr Gln Asn Leu Asn Asn Ala Lys Gln
65                  70                  75                  80
Ala Ala Ile Thr Ala Ile Asn Gly Ala Ser Asp Leu Asn Gln Lys Gln
                85                  90                  95
Lys Asp Ala Leu Lys Ala Gln Ala Asn Gly Ala Gln Arg Val Ser Asn
            100                 105                 110
Ala Asn Asp Val Gln Arg Asn Ala Thr Glu Leu Asn Thr Ala Met Gly
        115                 120                 125
Gln Leu Gln His Ala Ile Ala Asp Lys Thr Asn Thr Leu Ala Ser Ser
    130                 135                 140
Lys Tyr Val Asn Ala Asp Ser Thr Lys Gln Asn Ala Tyr Thr Thr Lys
145                 150                 155                 160
Val Thr Asn Ala Glu His Ile Ile Ser Gly Thr Pro Thr Val Val Thr
                165                 170                 175
Thr Pro Ser Glu Val Thr Ala Ala Ala Asn Gln Val Asn Ser Ala Lys
            180                 185                 190
Gln Glu Leu Asn Gly Asp Glu Arg Leu Arg Val Ala Lys Gln Asn Ala
        195                 200                 205
Asn Thr Ala Ile Asp Ala Leu Thr Gln Leu Asn Thr Pro Gln Lys Ala
    210                 215                 220
Lys Leu Lys Glu Gln Val Gly Gln Ala Asn Arg Leu Glu Asp Val Gln
225                 230                 235                 240
Ser Val Gln Thr Asn Gly Gln Ser Leu Asn Asn Ala Met Lys Gly Leu
                245                 250                 255
Arg Asp Ser Ile Ala Asn Glu Thr Thr Val Lys Ala Ser Gln Asn Tyr
            260                 265                 270
Thr Asp Ala Ser Pro Asn Asn Gln Ser Thr Tyr Asn Ser Ala Val Ser
        275                 280                 285
Asn Ala Lys Gly Ile Ile Asn Gln Thr Asn Asn Pro Thr Met Asp Thr
    290                 295                 300
Ser Ala Ile Thr Gln Ala Thr Thr Gln Val Asn Asn Ala Lys Asn Gly
305                 310                 315                 320
Leu Asn Gly Ala Glu Asn Leu Arg Asn Ala Gln Asn Thr Ala Lys Gln
                325                 330                 335
Asn Leu Asn Thr Leu Ser His Leu Thr Asn Asn Gln Lys Ser Ala Ile
            340                 345                 350
Ser Ser Gln Ile Asp Arg Ala Gly His Val Ser Glu Val Thr Ala Ala
        355                 360                 365
Lys Asn Ala Ala Thr Glu Leu Asn Ala Gln Met Gly Asn Leu Glu Gln
    370                 375                 380
Ala Ile His Asp Gln Asn Thr Val Lys Gln Gly Val Asn Phe Thr Asp
385                 390                 395                 400
```

```
Ala Asp Lys Ala Lys Arg Asp Ala Tyr Thr Asn Ala Val Ser Arg Ala
                405                 410                 415
Glu Thr Ile Leu Asn Lys Thr Gln Gly Ala Asn Thr Ser Lys Gln Asp
            420                 425                 430
Val Glu Ala Ala Ile Gln Asn Val Thr Ser Ala Lys Asn Ala Leu Asn
        435                 440                 445
Gly Asp Gln Asn Val Thr Asn Ala Lys Asn Ala Ala Lys Asn Ala Leu
    450                 455                 460
Asn Asn Leu Thr Ser Ile Asn Asn Ala Gln Lys Arg Asp Leu Thr Thr
465                 470                 475                 480
Lys Ile Asp Gln Ala Thr Thr Val Ala Gly Val Glu Ala Val Ser Asn
                485                 490                 495
Thr Gly Thr Gln Leu Asn Thr Ala Met Ala Asn Leu Gln Asn Gly Ile
            500                 505                 510
Asn Asp Lys Ala Asn Thr Leu Ala Ser Glu Asn Tyr His Asp Ala Asp
        515                 520                 525
Ser Asp Lys Lys Thr Ala Tyr Thr Gln Ala Val Thr Asn Ala Glu Asn
    530                 535                 540
Ile Leu Asn Lys Asn Ser Gly Ser Asn Leu Asp Lys Ala Ala Val Glu
545                 550                 555                 560
Asn Ala Leu Ser Gln Val Thr Asn Ala Lys Gly Ala Leu Asn Gly Asn
                565                 570                 575
His Asn Leu Glu Gln Ala Lys Ser Asn Ala Asn Thr Thr Ile Asn Gly
            580                 585                 590
Leu Gln His Leu Thr Thr Ala Gln Lys Asp Lys Leu Lys Gln Gln Val
        595                 600                 605
Gln Gln Ala Gln Asn Val Ala Gly Val Asp Thr Val Lys Ser Ser Ala
    610                 615                 620
Asn Thr Leu Asn Gly Ala Met Gly Thr Leu Arg Asn Ser Ile Gln Asp
625                 630                 635                 640
Asn Thr Ala Thr Lys Asn Gly Gln Asn Tyr Leu Asp Ala Thr Glu Arg
                645                 650                 655
Asn Lys Thr Asn Tyr Asn Asn Ala Val Asp Ser Ala Asn Gly Val Ile
            660                 665                 670
Asn Ala Thr Ser Asn Pro Asn Met Asp Ala Asn Ala Ile Asn Gln Ile
        675                 680                 685
Ala Thr Gln Val Thr Ser Thr Lys Asn Ala Leu Asp Gly Thr His Asn
    690                 695                 700
Leu Thr Gln Ala Lys Gln Thr Ala Thr Asn Ala Ile Asp Gly Ala Thr
705                 710                 715                 720
Asn Leu Asn Lys Ala Gln Lys Asp Ala Leu Lys Ala Gln Val Thr Ser
                725                 730                 735
Ala Gln Arg Val Ala Asn Val Thr Ser Ile Gln Gln Thr Ala Asn Glu
            740                 745                 750
Leu Asn Thr Ala Met Gly Gln Leu Gln His Gly Ile Asp Asp Glu Asn
        755                 760                 765
Ala Thr Lys Gln Thr Gln Lys Tyr Arg Asp Ala Glu Gln Ser Lys Lys
    770                 775                 780
Thr Ala Tyr Asp Gln Ala Val Ala Ala Ala Lys Ala Ile Leu Asn Lys
785                 790                 795                 800
Gln Thr Gly Ser Asn Ser Asp Lys Ala Ala Val Asp Arg Ala Leu Gln
                805                 810                 815
Gln Val Thr Ser Thr Lys Asp Ala Leu Asn Gly Asp Ala Lys Leu Ala
            820                 825                 830
Glu Ala Lys Ala Ala Ala Arg Gln Asn Leu Gly Thr Leu Asn His Ile
        835                 840                 845
Thr Asn Ala Gln Arg Thr Ala Leu Glu Gly Gln Ile Asn Gln Ala Thr
    850                 855                 860
Thr Val Asp Gly Val Asn Thr Val Lys Thr Asn Ala Asn Thr Leu Asp
865                 870                 875                 880
Gly Ala Met Asn Ser Leu Gln Gly Ala Ile Asn Asp Lys Asp Ala Thr
                885                 890                 895
Leu Arg Asn Gln Asn Tyr Leu Asp Ala Asp Glu Ser Lys Arg Asn Ala
            900                 905                 910
Tyr Thr Gln Ala Val Thr Ala Ala Glu Gly Ile Leu Asn Lys Gln Thr
        915                 920                 925
Gly Gly Asn Thr Ser Lys Ala Asp Val Asp Asn Ala Leu Asn Ala Val
    930                 935                 940
```

```
Thr Arg Ala Lys Ala Ala Leu Asn Gly Ala Glu Asn Leu Arg Asn Ala
945                 950                 955                 960
Lys Thr Ser Ala Thr Asn Thr Ile Asn Gly Leu Pro Asn Leu Thr Gln
                965                 970                 975
Leu Gln Lys Asp Asn Leu Lys His Gln Val Glu Gln Ala Gln Asn Val
            980                 985                 990
Val Gly Val Asn Gly Val Lys Asp Lys Gly Asn Thr Leu Asn Thr Ala
        995                 1000                1005
Met Gly Ala Leu Arg Thr Ser Ile Gln Asn Asp Asn Thr Thr Lys Thr
    1010                1015                1020
Ser Gln Asn Tyr Leu Asp Ala Ser Asp Ser Asn Lys Asn Asn Tyr Asn
1025                1030                1035                1040
Thr Ala Val Asn Asn Ala Asn Gly Val Ile Asn Ala Thr Asn Asn Pro
                1045                1050                1055
Asn Met Asp Ala Asn Ala Ile Asn Asp Met Ala Asn Gln Val Asn Thr
            1060                1065                1070
Thr Lys Ala Ala Leu Asn Gly Ala Gln Asn Leu Ala Gln Ala Lys Thr
        1075                1080                1085
Asn Ala Thr Asn Thr Ile Asn Asn Ala Gln Asp Leu Asn Gln Lys Gln
    1090                1095                1100
Lys Asp Ala Leu Lys Thr Gln Val Asn Asn Ala Gln Arg Val Ser Asp
1105                1110                1115                1120
Ala Asn Asn Val Gln His Thr Ala Thr Glu Leu Asn Gly Ala Met Thr
                1125                1130                1135
Ala Leu Lys Ala Ala Ile Ala Asp Lys Glu Arg Thr Lys Ala Ser Gly
            1140                1145                1150
Asn Tyr Val Asn Ala Asp Gln Glu Lys Arg Gln Ala Tyr Asp Ser Lys
        1155                1160                1165
Val Thr Asn Ala Glu Asn Ile Ile Asn Gly Thr Pro Asn Ala Thr Leu
    1170                1175                1180
Thr Val Asn Asp Val Asn Ser Ala Ala Ser Gln Val Asn Ala Ala Lys
1185                1190                1195                1200
Thr Ala Leu Asn Gly Asp Asn Asn Leu Arg Val Ala Lys Glu His Ala
                1205                1210                1215
Asn Asn Thr Ile Asp Gly Leu Ala Gln Leu Asn Asn Val Gln Lys Ala
            1220                1225                1230
Lys Leu Lys Glu Gln Val Gln Ser Ala Thr Thr Leu Asp Gly Val Gln
        1235                1240                1245
Thr Val Lys Asn Ser Ser Gln Thr Leu Asn Thr Ala Met Lys Gly Leu
    1250                1255                1260
Arg Asp Ser Ile Ala Asn Glu Ala Thr Ile Lys Ala Gly Gln Asn Tyr
1265                1270                1275                1280
Thr Asp Ala Ser Pro Asn Asn Arg Asn Glu Tyr Asp Ser Ala Val Thr
                1285                1290                1295
Ala Ala Lys Ala Ile Ile Asn Gln Thr Ser Asn Pro Thr Met Glu Pro
            1300                1305                1310
Asn Thr Ile Thr Gln Ala Thr Ser Gln Val Thr Thr Lys Glu His Ala
        1315                1320                1325
Leu Asn Gly Ala Gln Asn Leu Ala Gln Ala Lys Thr Thr Ala Lys Asn
    1330                1335                1340
Asn Leu Asn Asn Leu Thr Ser Ile Asn Asn Ala Gln Lys Asp Ala Leu
1345                1350                1355                1360
Thr Arg Asn Ile Asp Gly Ala Thr Thr Val Ala Gly Val Asn Gln Glu
                1365                1370                1375
Thr Ala Lys Ala Thr Glu Leu Asn Asn Ala Met His Ser Leu Gln Asn
            1380                1385                1390
Gly Ile Asn Asp Glu Thr Gln Thr Lys Gln Thr Gln Lys Tyr Leu Asp
        1395                1400                1405
Ala Glu Pro Ser Lys Lys Ser Ala Tyr Asp Gln Ala Val Asn Ala Ala
    1410                1415                1420
Lys Ala Ile Leu Thr Lys Ala Ser Gly Gln Asn Val Asp Lys Ala Ala
1425                1430                1435                1440
Val Glu Gln Ala Leu Gln Asn Val Asn Ser Thr Lys Thr Ala Leu Asn
                1445                1450                1455
Gly Asp Ala Lys Leu Asn Glu Ala Lys Ala Ala Ala Lys Gln Thr Leu
            1460                1465                1470
Gly Thr Leu Thr His Ile Asn Asn Ala Gln Arg Asn Ala Leu Asp Asn
        1475                1480                1485
```

Glu Ile Thr Gln Ala Thr Asn Val Glu Gly Val Asn Thr Val Lys Ala
1490 1495 1500
Lys Ala Gln Gln Leu Asp Gly Ala Met Gly Gln Leu Glu Thr Ser Ile
1505 1510 1515 1520
Arg Asp Lys Asp Thr Thr Leu Gln Ser Gln Asn Tyr Gln Asp Ala Asp
1525 1530 1535
Asp Ala Lys Arg Thr Ala Tyr Ser Gln Ala Val Asn Ala Ala Ala Thr
1540 1545 1550
Ile Leu Asn Lys Thr Ala Gly Gly Asn Thr Pro Lys Ala Asp Val Glu
1555 1560 1565
Arg Ala Met Gln Ala Val Thr Gln Ala Asn Thr Ala Leu Asn Gly Ile
1570 1575 1580
Gln Asn Leu Glu Arg Ala Lys Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ile Thr Asn
1585 1590 1595 1600
Ala Ser Asp Leu Asn Thr Lys Gln Lys Glu Ala Leu Lys Ala Gln Val
1605 1610 1615
Thr Ser Ala Gly Arg Val Ser Ala Ala Asn Gly Val Glu His Thr Ala
1620 1625 1630
Thr Glu Leu Asn Thr Ala Met Thr Ala Leu Lys Arg Ala Ile Ala Asp
1635 1640 1645
Lys Ala Asp Thr Lys Ala Ser Gly Asn Tyr Val Asn Ala Asp Ala Asn
1650 1655 1660
Lys Arg Gln Ala Tyr Asp Glu Lys Val Thr Ala Ala Glu His Ile Val
1665 1670 1675 1680
Ser Gly Thr Pro Thr Pro Thr Leu Thr Pro Ser Asp Val Thr Asn Ala
1685 1690 1695
Ala Thr Gln Val Thr Asn Ala Lys Thr Gln Leu Asn Gly Asn His Asn
1700 1705 1710
Leu Glu Val Ala Lys Gln Asn Ala Asn Thr Ala Ile Asp Gly Leu Thr
1715 1720 1725
Ser Leu Asn Gly Pro Gln Lys Ala Lys Leu Lys Glu Gln Val Gly Gln
1730 1735 1740
Ala Thr Thr Leu Pro Asn Val Gln Thr Val Arg Asp Asn Ala Gln Thr
1745 1750 1755 1760
Leu Asn Thr Ala Met Lys Gly Leu Arg Asp Ser Ile Ala Asn Glu Ala
1765 1770 1775
Thr Ile Lys Ala Gly Gln Asn Tyr Thr Asp Ala Ser Gln Asn Lys Gln
1780 1785 1790
Asn Asp Tyr Asn Asn Ala Val Thr Ala Ala Lys Ala Ile Ile Gly Gln
1795 1800 1805
Thr Thr Ser Pro Ser Met Ile Ala Gln Glu Ile Asn Gln Ala Lys Asp
1810 1815 1820
Gln Val Thr Ala Lys Gln Gln Ala Leu Asn Gly Gln Glu Asn Leu Arg
1825 1830 1835 1840
Thr Ala Gln Thr Asn Ala Lys Gln His Leu Asn Gly Leu Ser Asp Leu
1845 1850 1855
Thr Asn Ala Gln Lys Asp Ala Ala Lys Arg Gln Ile Glu Gly Ala Thr
1860 1865 1870
His Val Asn Glu Val Thr Gln Ala Gln Asn Asn Ala Asp Ala Leu Asn
1875 1880 1885
Thr Ala Met Thr Asn Leu Lys Asn Gly Ile Gln Asp Gln Asn Thr Ile
1890 1895 1900
Lys Gln Gly Val Asn Phe Thr Asp Ala Asp Glu Ala Lys Arg Asn Ala
1905 1910 1915 1920
Tyr Thr Asn Ala Val Thr Gln Ala Glu Gln Ile Leu Asn Lys Ala Gln
1925 1930 1935
Gly Pro Asn Thr Ala Lys Asp Gly Val Glu Thr Ala Leu Gln Asn Val
1940 1945 1950
Gln Arg Ala Lys Asn Glu Leu Asn Gly Asn Gln Asn Val Ala Asn Ala
1955 1960 1965
Lys Thr Thr Ala Lys Asn Ala Leu Asn Asn Leu Thr Ser Ile Asn Asn
1970 1975 1980
Ala Gln Lys Ala Ala Leu Lys Ser Gln Ile Glu Gly Ala Thr Thr Val
1985 1990 1995 2000
Ala Gly Val Asn Gln Val Ser Thr Met Ala Ser Glu Leu Asn Thr Ala
2005 2010 2015
Met Ser Asn Leu Gln Arg Gly Ile Asn Asp Glu Ala Ala Thr Lys Ala
2020 2025 2030

```
Ala Gln Lys Tyr Thr Glu Ala Asp Arg Asp Lys Gln Thr Ala Tyr Asn
        2035                2040                2045
Asp Ala Val Thr Ala Ala Lys Thr Leu Leu Asp Lys Thr Ala Gly Ser
    2050                2055                2060
Asn Asp Asn Lys Val Ala Val Glu Gln Ala Leu Gln Arg Val Asn Thr
2065                2070                2075                2080
Ala Lys Thr Ala Leu Asn Gly Asp Ala Arg Leu Asn Glu Ala Lys Asn
                2085                2090                2095
Thr Ala Lys Gln Gln Leu Ala Thr Met Ser His Leu Thr Asn Ala Gln
            2100                2105                2110
Lys Ala Asn Leu Thr Glu Gln Ile Glu Arg Gly Thr Thr Val Ala Gly
        2115                2120                2125
Val Gln Gly Ile Gln Ala Asn Ala Gly Thr Leu Asn Gln Ala Met Asn
    2130                2135                2140
Gln Leu Arg Gln Ser Ile Ala Ser Lys Asp Ala Thr Lys Ser Ser Glu
2145                2150                2155                2160
Asp Tyr Gln Asp Ala Asn Ala Asp Leu Gln Asn Ala Tyr Asn Asp Ala
                2165                2170                2175
Val Thr Asn Ala Glu Gly Ile Ile Ser Ala Thr Asn Asn Pro Glu Met
            2180                2185                2190
Asn Pro Asp Thr Ile Asn Gln Lys Ala Ser Gln Val Asn Ser Ala Lys
        2195                2200                2205
Ser Ala Leu Asn Gly Asp Glu Lys Leu Ala Ala Val Lys Gln Thr Ala
    2210                2215                2220
Lys Ser Asp Ile Gly Arg Leu Thr Asp Leu Asn Asn Ala Gln Arg Thr
2225                2230                2235                2240
Ala Ala Asn Ala Glu Val Asp Gln Ala Pro Asn Leu Ala Ala Val Thr
                2245                2250                2255
Ala Ala Lys Asn Lys Ala Thr Ser Leu Asn Thr Ala Met Gly Asn Leu
            2260                2265                2270
Lys His Ala Leu Ala Glu Lys Asp Asn Thr Lys Arg Ser Val Asn Tyr
        2275                2280                2285
Thr Asp Ala Asp Gln Pro Lys Gln Gln Ala Tyr Asp Thr Ala Val Thr
    2290                2295                2300
Gln Ala Glu Ala Ile Thr Asn Ala Asn Gly Ser Asn Ala Asn Glu Thr
2305                2310                2315                2320
Gln Val Gln Ala Ala Leu Asn Gln Leu Asn Gln Ala Lys Asn Asp Leu
                2325                2330                2335
Asn Gly Asp Asn Lys Val Ala Gln Ala Lys Glu Thr Ala Lys Arg Ala
            2340                2345                2350
Leu Ala Ser Tyr Ser Asn Leu Asn Asn Ala Gln Ser Thr Ala Ala Thr
        2355                2360                2365
Ser Gln Ile Asp Asn Ala Thr Thr Val Ala Asp Val Thr Ala Ala Gln
    2370                2375                2380
Asn Thr Ala Asn Glu Leu Asn Thr Ala Met Gly Gln Leu Gln Asn Gly
2385                2390                2395                2400
Ile Asn Asp Gln Asn Thr Val Lys Gln Gln Val Asn Phe Thr Asp Ala
                2405                2410                2415
Asp Gln Gly Lys Lys Asp Ala Tyr Thr Asn Ala Val Thr Asn Ala Gln
            2420                2425                2430
Gly Ile Leu Asp Lys Ala Asn Gly Gln Asn Met Thr Lys Ala Gln Val
        2435                2440                2445
Glu Ala Ala Leu Asn Gln Val Thr Thr Ala Lys Asn Ala Leu Asn Gly
    2450                2455                2460
Asp Ala Asn Val Arg Gln Ala Lys Ser Asp Ala Lys Ala Asn Leu Gly
2465                2470                2475                2480
Thr Leu Thr His Leu Asn Asn Ala Gln Lys Gln Asp Leu Thr Ser Gln
                2485                2490                2495
Ile Glu Gly Ala Thr Thr Val Asn Gly Val Asn Ser Val Lys Thr Lys
            2500                2505                2510
Ala Gln Asp Leu Asp Gly Ala Met Gln Arg Leu Glu Ser Ala Ile Ala
        2515                2520                2525
Asn Lys Asp Gln Thr Lys Ala Ser Glu Asn Tyr Ile Asp Ala Asp Pro
    2530                2535                2540
Thr Lys Lys Thr Ala Phe Asp Asn Ala Ile Thr Gln Ala Glu Ser Tyr
2545                2550                2555                2560
Leu Asn Lys Asp His Gly Thr Asn Lys Asp Lys Gln Ala Val Glu Gln
                2565                2570                2575
```

```
Ala Ile Gln Ser Val Thr Ser Thr Glu Asn Ala Leu Asn Gly Asp Ala
            2580                2585                2590
Asn Leu Gln Cys Ala Lys Thr Glu Ala Thr Gln Ala Ile Asp Asn Leu
        2595                2600                2605
Thr Gln Leu Asn Thr Pro Gln Lys Thr Ala Leu Lys Gln Gln Val Asn
    2610                2615                2620
Ala Ala Gln Arg Val Ser Gly Val Thr Asp Leu Lys Asn Ser Ala Thr
2625                2630                2635                2640
Ser Leu Asn Asn Ala Met Asp Gln Leu Lys Gln Ala Ile Gly Asp His
                2645                2650                2655
Asp Thr Ile Val Ala Gly Gly Asn Tyr Thr Asn Ala Ser Pro Asp Lys
            2660                2665                2670
Gln Gly Ala Tyr Thr Asp Ala Tyr Asn Ala Ala Lys Asn Ile Val Asn
        2675                2680                2685
Gly Ser Pro Asn Val Ile Thr Asn Ala Ala Asp Val Thr Ala Ala Thr
    2690                2695                2700
Gln Arg Val Asn Asn Ala Glu Thr Ser Leu Asn Gly Asp Thr Asn Leu
2705                2710                2715                2720
Ala Thr Ala Lys Gln Gln Ala Lys Asp Ala Leu Arg Gln Met Thr His
                2725                2730                2735
Leu Ser Asp Ala Gln Lys Gln Ser Ile Thr Gly Gln Ile Asp Ser Ala
            2740                2745                2750
Thr Gln Val Thr Gly Val Gln Ser Val Lys Asp Asn Ala Thr Asn Leu
        2755                2760                2765
Asp Asn Ala Met Asn Gln Leu Arg Asn Ser Ile Ala Asn Lys Asp Glu
    2770                2775                2780
Val Lys Ala Ser Gln Pro Tyr Val Asp Ala Asp Thr Asp Lys Gln Asn
2785                2790                2795                2800
Ala Tyr Asn Thr Ala Val Thr Ser Ala Glu Asn Ile Ile Asn Ala Thr
                2805                2810                2815
Ser Gln Pro Thr Leu Asp Pro Ser Ala Val Thr Gln Ala Ala Asn Gln
            2820                2825                2830
Val Asn Thr Asn Lys Thr Ala Leu Asn Gly Ala Gln Asn Leu Ala Asn
        2835                2840                2845
Lys Lys Gln Glu Thr Thr Ala Asn Ile Asn Arg Leu Ser His Leu Asn
    2850                2855                2860
Asn Ala Gln Lys Gln Asp Leu Asn Thr Gln Val Thr Asn Ala Pro Asn
2865                2870                2875                2880
Ile Ser Thr Val Asn Gln Val Lys Thr Lys Ala Glu Gln Leu Asp Gln
                2885                2890                2895
Ala Met Glu Arg Leu Ile Asn Gly Ile Gln Asp Lys Asp Gln Val Lys
            2900                2905                2910
Gln Ser Val Asn Phe Thr Asp Ala Asp Pro Glu Lys Gln Thr Ala Tyr
        2915                2920                2925
Asn Asn Ala Val Thr Ala Ala Glu Asn Ile Ile Asn Gln Ala Asn Gly
    2930                2935                2940
Thr Asn Ala Asn Gln Ser Gln Val Glu Ala Ala Leu Ser Thr Val Thr
2945                2950                2955                2960
Thr Thr Lys Gln Ala Leu Asn Gly Asp Arg Lys Val Thr Asp Ala Lys
                2965                2970                2975
Asn Asn Ala Asn Gln Thr Leu Ser Thr Leu Asp Asn Leu Asn Asn Ala
            2980                2985                2990
Gln Lys Gly Ala Val Thr Gly Asn Ile Asn Gln Ala His Thr Val Ala
        2995                3000                3005
Glu Val Thr Gln Ala Ile Gln Thr Ala Gln Glu Leu Asn Thr Ala Met
    3010                3015                3020
Gly Asn Leu Lys Asn Ser Leu Asn Asp Lys Asp Thr Thr Leu Gly Ser
3025                3030                3035                3040
Gln Asn Phe Ala Asp Ala Asp Pro Glu Lys Lys Asn Ala Tyr Asn Glu
                3045                3050                3055
Ala Val Arg Asn Ala Glu Asn Ile Leu Asn Lys Ser Thr Gly Thr Asn
            3060                3065                3070
Val Pro Lys Asp Gln Val Glu Ala Ala Met Asn Gln Val Asn Thr Thr
        3075                3080                3085
Lys Ala Ala Leu Asn Gly Thr Gln Asn Leu Glu Lys Ala Lys Gln His
    3090                3095                3100
Ala Asn Thr Ala Ile Asp Gly Leu Ser His Leu Thr Asn Ala Gln Lys
3105                3110                3115                3120
```

```
Glu Ala Leu Lys Gln Leu Val Gln Gln Ser Thr Thr Val Ala Glu Ala
                3125                3130                3135
Gln Gly Asn Glu Gln Lys Ala Asn Asn Val Asp Ala Ala Met Asp Lys
            3140                3145                3150
Leu Arg Gln Ser Ile Ala Asp Asn Ala Thr Thr Lys Gln Asn Gln Asn
        3155                3160                3165
Tyr Thr Asp Ala Ser Pro Asn Lys Lys Asp Ala Tyr Asn Asn Ala Val
    3170                3175                3180
Thr Thr Ala Gln Gly Ile Ile Asp Gln Thr Thr Asn Pro Ser Leu Asp
3185                3190                3195                3200
Pro Thr Val Ile Asn Gln Ala Ala Gly Gln Val Ser Thr Ser Lys Asn
                3205                3210                3215
Ala Leu Asn Gly Asn Glu Asn Leu Glu Ala Ala Lys Gln Gln Ala Thr
            3220                3225                3230
Gln Ser Leu Gly Ser Leu Asp Asn Leu Asn Asn Ala Gln Lys Gln Ala
        3235                3240                3245
Val Thr Asn Gln Ile Asn Gly Ala His Thr Val Asp Glu Ala Asn Gln
    3250                3255                3260
Ile Lys Gln Asn Ala Gln Asn Leu Asn Thr Ala Met Gly Asn Leu Lys
3265                3270                3275                3280
Gln Ala Ile Ala Asp Lys Asp Ala Thr Lys Ala Thr Val Asn Phe Thr
                3285                3290                3295
Asp Ala Asp Gln Ala Lys Gln Gln Ala Tyr Asn Thr Ala Val Thr Asn
            3300                3305                3310
Ala Glu Asn Ile Ile Ser Lys Ala Asn Gly Gly Asn Ala Thr Gln Thr
        3315                3320                3325
Glu Val Glu Gln Ala Ile Gln Gln Val Asn Ala Ala Lys Gln Ala Leu
    3330                3335                3340
Asn Gly Asn Ala Asn Val Gln His Ala Lys Asp Glu Ala Thr Ala Leu
3345                3350                3355                3360
Ile Asn Asn Ser Asn Asp Leu Asn Gln Ala Gln Lys Asp Ala Leu Lys
                3365                3370                3375
Gln Gln Val Gln Asn Ala Thr Thr Val Ala Gly Val Asn Asn Val Lys
            3380                3385                3390
Gln Thr Ala Gln Glu Leu Asn Asn Ala Met Thr Gln Leu Lys Gln Gly
        3395                3400                3405
Ile Ala Asp Lys Glu Gln Thr Lys Ala Asp Gly Asn Phe Val Asn Ala
    3410                3415                3420
Asp Ser Asp Lys Gln Asn Ala Tyr Asn Gln Ala Val Ala Lys Ala Glu
3425                3430                3435                3440
Ala Leu Ile Ser Gly Thr Pro Asp Val Val Val Thr Pro Ser Glu Ile
                3445                3450                3455
Thr Ala Ala Leu Asn Lys Val Thr Gln Ala Lys Asn Asp Leu Asn Gly
            3460                3465                3470
Asn Thr Asn Leu Ala Thr Ala Lys Gln Asn Val Gln His Ala Ile Asp
        3475                3480                3485
Gln Leu Pro Asn Leu Asn Gln Ala Gln Arg Asp Glu Tyr Ser Lys Gln
    3490                3495                3500
Ile Thr Gln Ala Thr Leu Val Pro Asn Val Asn Ala Ile Gln Gln Ala
3505                3510                3515                3520
Ala Thr Thr Leu Asn Asp Ala Met Thr Gln Leu Lys Gln Gly Ile Ala
                3525                3530                3535
Asn Lys Ala Gln Ile Lys Gly Ser Glu Asn Tyr His Asp Ala Asp Thr
            3540                3545                3550
Asp Lys Gln Thr Ala Tyr Asp Asn Ala Val Thr Lys Ala Glu Glu Leu
        3555                3560                3565
Leu Lys Gln Thr Thr Asn Pro Thr Met Asp Pro Asn Thr Ile Gln Gln
    3570                3575                3580
Ala Leu Thr Lys Val Asn Asp Thr Asn Gln Ala Leu Asn Gly Asn Gln
3585                3590                3595                3600
Lys Leu Ala Asp Ala Lys Gln Asp Ala Lys Thr Thr Leu Gly Thr Leu
                3605                3610                3615
Asp His Leu Asn Asp Ala Gln Lys Gln Ala Leu Thr Thr Gln Val Glu
            3620                3625                3630
Gln Ala Pro Asp Ile Ala Thr Val Asn Asn Val Lys Gln Asn Ala Gln
        3635                3640                3645
Asn Leu Asn Asn Ala Met Thr Asn Leu Asn Asn Ala Leu Gln Asp Lys
    3650                3655                3660
```

```
Thr Glu Thr Leu Asn Ser Ile Asn Phe Thr Asp Ala Asp Gln Ala Lys
3665                3670                3675                3680
Lys Asp Asp Tyr Thr Asn Ala Val Ser His Ala Glu Gly Ile Leu Ser
                3685                3690                3695
Lys Ala Asn Gly Ser Asn Ala Ser Gln Thr Glu Val Glu Gln Ala Met
            3700                3705                3710
Gln Arg Val Asn Glu Ala Lys Gln Ala Leu Asn Gly Asn Asp Asn Val
        3715                3720                3725
Gln Arg Ala Lys Asp Ala Ala Lys Gln Val Ile Thr Asn Ala Asn Asp
    3730                3735                3740
Leu Asn Gln Ala Gln Lys Asp Ala Leu Lys Gln Gln Val Asp Ala Ala
3745                3750                3755                3760
Gln Thr Val Ala Asn Val Asn Thr Ile Lys Gln Thr Ala Gln Asp Leu
                3765                3770                3775
Asn Gln Ala Met Thr Gln Leu Lys Gln Gly Ile Ala Asp Lys Asp Gln
            3780                3785                3790
Thr Lys Ala Asn Gly Asn Phe Val Asn Ala Asp Thr Asp Lys Gln Asn
        3795                3800                3805
Ala Tyr Asn Asn Ala Val Ala His Ala Glu Gln Ile Ile Ser Gly Thr
    3810                3815                3820
Pro Asn Ala Asn Val Asp Pro Gln Gln Val Ala Gln Ala Leu Gln Gln
3825                3830                3835                3840
Val Asn Gln Ala Lys Gly Asp Leu Asn Gly Asn His Asn Leu Gln Val
                3845                3850                3855
Ala Lys Asp Asn Ala Asn Thr Ala Ile Asp Gln Leu Pro Asn Leu Asn
            3860                3865                3870
Gln Pro Gln Lys Thr Ala Leu Lys Asp Gln Val Ser His Ala Glu Leu
        3875                3880                3885
Val Thr Gly Val Asn Ala Ile Lys Gln Asn Ala Asp Ala Leu Asn Asn
    3890                3895                3900
Ala Met Gly Thr Leu Lys Gln Gln Ile Gln Ala Asn Ser Gln Val Pro
3905                3910                3915                3920
Gln Ser Val Asp Phe Thr Gln Ala Asp Gln Asp Lys Gln Gln Ala Tyr
                3925                3930                3935
Asn Asn Ala Ala Asn Gln Ala Gln Gln Ile Ala Asn Gly Thr Pro Thr
            3940                3945                3950
Pro Val Leu Ala Pro Asp Thr Val Thr Lys Ala Val Thr Thr Met Asn
        3955                3960                3965
Gln Ala Lys Asp Ala Leu Asn Gly Asp Glu Lys Leu Ala Gln Ala Lys
    3970                3975                3980
Gln Asp Ala Leu Ala Asn Leu Asp Thr Leu Arg Asp Leu Asn Gln Pro
3985                3990                3995                4000
Gln Arg Asp Ala Leu Arg Asn Gln Ile Asn Gln Ala Gln Ala Leu Ala
                4005                4010                4015
Thr Val Glu Gln Thr Lys Gln Asn Ala Gln Asn Val Asn Thr Ala Met
            4020                4025                4030
Gly Asn Leu Lys Gln Gly Ile Ala Asn Lys Asp Thr Val Lys Ala Ser
        4035                4040                4045
Glu Asn Tyr His Asp Ala Asp Val Asp Lys Gln Thr Ala Tyr Thr Asn
    4050                4055                4060
Ala Val Ser Gln Ala Glu Gly Ile Ile Asn Gln Thr Thr Asn Pro Thr
4065                4070                4075                4080
Leu Asn Pro Asp Asp Ile Thr Arg Ala Leu Thr Gln Val Thr Asp Ala
                4085                4090                4095
Lys Asn Ser Leu Asn Gly Glu Ala Lys Leu Ala Thr Glu Lys Gln Asn
            4100                4105                4110
Ala Lys Asp Ala Val Ser Gly Met Thr His Leu Asn Asp Ala Gln Lys
        4115                4120                4125
Gln Ala Leu Lys Gly Gln Ile Asp Gln Ser Pro Glu Ile Ala Thr Val
    4130                4135                4140
Asn Gln Val Lys Gln Thr Ala Thr Ser Leu Asp Gln Ala Met Asp Gln
4145                4150                4155                4160
Leu Ser Gln Ala Ile Asn Asp Lys Asp Gln Ile Leu Ala Asp Gly Asn
                4165                4170                4175
Tyr Leu Asn Ala Asp Pro Asp Lys Gln Asn Ala Tyr Lys Gln Ala Val
            4180                4185                4190
Ala Lys Ala Glu Ala Leu Leu Asn Lys Gln Ser Gly Thr Asn Glu Val
        4195                4200                4205
```

Gln Ala Gln Val Glu Ser Ile Thr Asn Glu Val Asn Ala Ala Lys Gln
4210 4215 4220
Ala Leu Asn Gly Asn Asp Asn Leu Ala Asn Ala Lys Gln Gln Ala Lys
4225 4230 4235 4240
Gln Gln Leu Ala Asn Leu Thr His Leu Asn Asp Ala Gln Lys Gln Ser
4245 4250 4255
Phe Glu Ser Gln Ile Thr Gln Ala Pro Leu Val Thr Asp Val Thr Thr
4260 4265 4270
Ile Asn Gln Lys Ala Gln Thr Leu Asp His Ala Met Glu Leu Leu Arg
4275 4280 4285
Asn Ser Val Ala Asp Asn Gln Thr Thr Leu Ala Ser Glu Asp Tyr His
4290 4295 4300
Asp Ala Thr Ala Gln Arg Gln Asn Asp Tyr Asn Lys Ala Val Thr Ala
4305 4310 4315 4320
Ala Asn Asn Ile Ile Asn Gln Thr Thr Ser Pro Thr Met Asn Pro Asp
4325 4330 4335
Asp Val Asn Gly Ala Thr Thr Gln Val Asn Asn Thr Lys Val Ala Leu
4340 4345 4350
Asp Gly Asp Glu Asn Leu Ala Ala Ala Lys Gln Gln Ala Asn Asn Arg
4355 4360 4365
Leu Asp Gln Leu Asp His Leu Asn Asn Ala Gln Lys Gln Gln Leu Gln
4370 4375 4380
Ser Gln Ile Thr Gln Ser Ser Asp Ile Ala Ala Val Asn Gly His Lys
4385 4390 4395 4400
Gln Thr Ala Glu Ser Leu Asn Thr Ala Met Gly Asn Leu Ile Asn Ala
4405 4410 4415
Ile Ala Asp His Gln Ala Val Glu Gln Arg Gly Asn Phe Ile Asn Ala
4420 4425 4430
Asp Thr Asp Lys Gln Thr Ala Tyr Asn Thr Ala Val Asn Glu Ala Ala
4435 4440 4445
Ala Met Ile Asn Lys Gln Thr Gly Gln Asn Ala Asn Gln Thr Glu Val
4450 4455 4460
Glu Gln Ala Ile Thr Lys Val Gln Thr Thr Leu Gln Ala Leu Asn Gly
4465 4470 4475 4480
Asp His Asn Leu Gln Val Ala Lys Thr Asn Ala Thr Gln Ala Ile Asp
4485 4490 4495
Val Leu Thr Ser Leu Asn Asp Pro Gln Lys Thr Ala Leu Lys Asp Gln
4500 4505 4510
Val Thr Ala Ala Thr Leu Val Thr Ala Val His Gln Ile Glu Gln Asn
4515 4520 4525
Ala Asn Thr Leu Asn Gln Ala Met His Gly Leu Arg Gln Ser Ile Gln
4530 4535 4540
Asp Asn Ala Ala Thr Lys Ala Asn Ser Lys Tyr Ile Asn Glu Asp Gln
4545 4550 4555 4560
Pro Glu Gln Gln Asn Tyr Asp Gln Ala Val Gln Ala Ala Asn Asn Ile
4565 4570 4575
Ile Asn Glu Gln Thr Ala Thr Leu Asp Asn Asn Ala Ile Asn Gln Val
4580 4585 4590
Ala Ala Thr Val Asn Thr Thr Lys Ala Ala Leu His Gly Asp Val Lys
4595 4600 4605
Leu Gln Asn Asp Lys Asp His Ala Lys Gln Thr Val Ser Gln Leu Ala
4610 4615 4620
His Leu Asn Asn Ala Gln Lys His Met Glu Asp Thr Leu Ile Asp Ser
4625 4630 4635 4640
Glu Thr Thr Arg Thr Ala Val Lys Gln Asp Leu Thr Glu Val Gln Ala
4645 4650 4655
Leu Asp Gln Leu Met Asp Ala Leu Gln Gln Ser Ile Ala Asp Lys Asp
4660 4665 4670
Ala Thr Arg Ala Ser Ser Ala Tyr Val Asn Ala Glu Pro Asn Lys Lys
4675 4680 4685
Gln Ala Tyr Asp Glu Ala Val Gln Asn Ala Glu Ser Ile Ile Ala Gly
4690 4695 4700
Leu Asn Asn Pro Thr Ile Asn Lys Gly Asn Val Ser Ser Ala Thr Gln
4705 4710 4715 4720
Ala Val Ile Ser Ser Lys Asn Ala Leu Asp Gly Val Glu Arg Leu Ala
4725 4730 4735
Gln Asp Lys Gln Thr Ala Gly Asn Ser Leu Asn His Leu Asp Gln Leu
4740 4745 4750

```
Thr Pro Ala Gln Gln Gln Ala Leu Glu Asn Gln Ile Asn Asn Ala Thr
        4755                4760                4765
Thr Cys Asp Lys Val Ala Glu Ile Ile Ala Gln Ala Gln Ala Leu Asn
    4770                4775                4780
Glu Ala Met Lys Ala Leu Lys Glu Ser Ile Lys Asp Gln Pro Gln Thr
4785                4790                4795                4800
Glu Ala Ser Ser Lys Phe Ile Asn Glu Asp Gln Ala Gln Lys Asp Ala
                4805                4810                4815
Tyr Thr Gln Ala Val Gln His Ala Lys Asp Leu Ile Asn Lys Thr Thr
            4820                4825                4830
Asp Pro Thr Leu Ala Lys Ser Ile Ile Asp Gln Ala Thr Gln Ala Val
        4835                4840                4845
Thr Asp Ala Lys Asn Asn Leu His Gly Asp Gln Lys Leu Ala Gln Asp
    4850                4855                4860
Lys Gln Arg Ala Thr Glu Thr Leu Asn Asn Leu Ser Asn Leu Asn Thr
4865                4870                4875                4880
Pro Gln Arg Gln Ala Leu Glu Asn Gln Ile Asn Asn Ala Ala Thr Arg
                4885                4890                4895
Gly Glu Val Ala Gln Lys Leu Thr Glu Ala Gln Ala Leu Asn Gln Ala
            4900                4905                4910
Met Glu Ala Leu Arg Asn Ser Ile Gln Asp Gln Gln Gln Thr Glu Ser
        4915                4920                4925
Gly Ser Lys Phe Ile Asn Glu Asp Lys Pro Gln Lys Asp Ala Tyr Gln
    4930                4935                4940
Ala Ala Val Gln Asn Ala Lys Asp Leu Ile Asn Gln Thr Gly Asn Pro
4945                4950                4955                4960
Thr Leu Asp Lys Ala Gln Val Glu Gln Leu Thr His Ala Phe Lys Gln
                4965                4970                4975
Ala Lys Asp Asn Leu His Gly Asp Gln Lys Leu Ala Asp Asp Lys Gln
            4980                4985                4990
His Ala Val Thr Asp Leu Asn Gln Leu Asn Gly Leu Asn Asn Pro Gln
        4995                5000                5005
Arg Gln Ala Leu Glu Ser Gln Ile Asn Asn Ala Ala Thr Arg Gly Glu
    5010                5015                5020
Val Ala Gln Lys Leu Ala Glu Ala Lys Ala Leu Asp Gln Ala Met Gln
5025                5030                5035                5040
Ala Leu Arg Asn Ser Ile Gln Asp Gln Gln Gln Thr Glu Ala Gly Ser
                5045                5050                5055
Lys Phe Ile Asn Glu Asp Lys Pro Gln Lys Asp Ala Tyr Gln Ala Ala
            5060                5065                5070
Val Gln Asn Ala Lys Asp Leu Ile Asn Gln Thr Gly Asn Pro Thr Leu
        5075                5080                5085
Asp Lys Ser Gln Val Glu Gln Leu Thr Gln Ala Val Thr Thr Ala Lys
    5090                5095                5100
Asp Asn Leu His Gly Asp Gln Lys Leu Ala Arg Asp Gln Gln Gln Ala
5105                5110                5115                5120
Val Thr Thr Val Asn Ala Leu Pro Asn Leu Asn His Ala Gln Gln Gln
                5125                5130                5135
Thr Leu Thr Asp Ala Ile Asn Ala Ala Pro Thr Arg Thr Glu Val Ala
            5140                5145                5150
Gln His Val Gln Thr Ala Thr Glu Leu Asp His Ala Met Glu Thr Leu
        5155                5160                5165
Lys Asn Lys Val Asp Gln Val Asn Thr Asp Lys Ala Gln Pro Asn Tyr
    5170                5175                5180
Thr Glu Ala Ser Thr Asp Lys Lys Glu Ala Val Asp Gln Ala Leu Gln
5185                5190                5195                5200
Ala Ala Gln Ser Ile Thr Asp Pro Thr Asn Gly Ser Asn Ala Asn Lys
                5205                5210                5215
Asp Ala Val Glu Gln Ala Leu Thr Lys Leu Gln Glu Lys Val Asn Glu
            5220                5225                5230
Leu Asn Gly Asn Glu Arg Val Ala Glu Ala Lys Thr Gln Ala Lys Gln
        5235                5240                5245
Thr Ile Asp Gln Leu Thr His Leu Asn Ala Asp Gln Ile Ala Thr Ala
    5250                5255                5260
Lys Gln Asn Ile Asp Gln Ala Thr Lys Leu Gln Pro Ile Ala Glu Leu
5265                5270                5275                5280
Val Asp Gln Ala Thr Gln Leu Asn Gln Ser Met Asp Gln Leu Gln Gln
                5285                5290                5295
```

```
Ala Val Asn Glu His Ala Asn Val Glu Gln Thr Ile Asp Tyr Thr Gln
            5300                5305                5310
Ala Asp Ser Asp Lys Gln Lys Ala Tyr Lys Gln Ala Ile Ala Asp Ala
        5315                5320                5325
Glu Asn Val Leu Lys Gln Asn Ala Asn Lys Gln Gln Val Asp Gln Ala
    5330                5335                5340
Leu Gln Asn Ile Leu Asn Ala Lys Gln Ala Leu Asn Gly Asp Glu Arg
5345                5350                5355                5360
Val Ala Leu Ala Lys Thr Asn Gly Lys His Asp Ile Asp Gln Leu Asn
                5365                5370                5375
Ala Leu Asn Asn Ala Gln Gln Asp Gly Phe Lys Gly Arg Ile Asp Gln
            5380                5385                5390
Ser Asn Asp Leu Asn Gln Ile Gln Gln Ile Val Asp Glu Ala Lys Ala
        5395                5400                5405
Leu Asn Arg Ala Met Asp Gln Leu Ser Gln Glu Ile Thr Gly Asn Glu
    5410                5415                5420
Gly Arg Thr Lys Gly Ser Thr Asn Tyr Val Asn Ala Asp Thr Gln Val
5425                5430                5435                5440
Lys Gln Val Tyr Asp Glu Ala Val Asp Lys Ala Lys Gln Ala Leu Asp
                5445                5450                5455
Lys Ser Ser Gly Gln Asn Leu Thr Ala Glu Gln Val Ile Lys Leu Asn
            5460                5465                5470
Asp Ala Val Thr Ala Ala Lys Lys Ala Leu Asn Gly Glu Glu Arg Leu
        5475                5480                5485
Asn Asn Arg Lys Ala Glu Ala Leu Gln Arg Leu Asp Gln Leu Thr His
    5490                5495                5500
Leu Asn Asn Ala Gln Arg Gln Leu Ala Ile Gln Gln Ile Asn Asn Ala
5505                5510                5515                5520
Glu Thr Leu Asn Lys Ala Ser Arg Ala Ile Asn Arg Ala Thr Lys Leu
                5525                5530                5535
Asp Asn Ala Met Gly Ala Val Gln Gln Tyr Ile Asp Glu Gln His Leu
            5540                5545                5550
Gly Val Ile Ser Ser Thr Asn Tyr Ile Asn Ala Asp Asp Asn Leu Lys
        5555                5560                5565
Ala Asn Tyr Asp Asn Ala Ile Ala Asn Ala Ala His Glu Leu Asp Lys
    5570                5575                5580
Val Gln Gly Asn Ala Ile Ala Lys Ala Glu Ala Glu Gln Leu Lys Gln
5585                5590                5595                5600
Asn Ile Ile Asp Ala Gln Asn Ala Leu Asn Gly Asp Gln Asn Leu Ala
                5605                5610                5615
Asn Ala Lys Asp Lys Ala Asn Ala Phe Val Asn Ser Leu Asn Gly Leu
            5620                5625                5630
Asn Gln Gln Gln Gln Asp Leu Ala His Lys Ala Ile Asn Asn Ala Asp
        5635                5640                5645
Thr Val Ser Asp Val Thr Asp Ile Val Asn Asn Gln Ile Asp Leu Asn
    5650                5655                5660
Asp Ala Met Glu Thr Leu Lys His Leu Val Asp Asn Glu Ile Pro Asn
5665                5670                5675                5680
Ala Glu Gln Thr Val Asn Tyr Gln Asn Ala Asp Asp Asn Ala Lys Thr
                5685                5690                5695
Asn Phe Asp Asp Ala Lys Arg Leu Ala Asn Thr Leu Leu Asn Ser Asp
            5700                5705                5710
Asn Thr Asn Val Asn Asp Ile Asn Gly Ala Ile Gln Ala Val Asn Asp
        5715                5720                5725
Ala Ile His Asn Leu Asn Gly Asp Gln Arg Leu Gln Asp Ala Lys Asp
    5730                5735                5740
Lys Ala Ile Gln Ser Ile Asn Gln Ala Leu Ala Asn Lys Leu Lys Glu
5745                5750                5755                5760
Ile Glu Ala Ser Asn Ala Thr Asp Gln Asp Lys Leu Ile Ala Lys Asn
                5765                5770                5775
Lys Ala Glu Glu Leu Ala Asn Ser Ile Ile Asn Asn Ile Asn Lys Ala
            5780                5785                5790
Thr Ser Asn Gln Ala Val Ser Gln Val Gln Thr Ala Gly Asn His Ala
        5795                5800                5805
Ile Glu Gln Val His Ala Asn Glu Ile Pro Lys Ala Lys Ile Asp Ala
    5810                5815                5820
Asn Lys Asp Val Asp Lys Gln Val Gln Ala Leu Ile Asp Glu Ile Asp
5825                5830                5835                5840
```

```
Arg Asn Pro Asn Leu Thr Asp Lys Glu Lys Gln Ala Leu Lys Asp Arg
                5845                5850                5855
Ile Asn Gln Ile Leu Gln Gln Gly His Asn Asp Ile Asn Asn Ala Leu
            5860                5865                5870
Thr Lys Glu Glu Ile Glu Gln Ala Lys Ala Gln Leu Ala Gln Ala Leu
        5875                5880                5885
Gln Asp Ile Lys Asp Leu Val Lys Ala Lys Glu Asp Ala Lys Gln Asp
    5890                5895                5900
Val Asp Lys Gln Val Gln Ala Leu Ile Asp Glu Ile Asp Gln Asn Pro
5905                5910                5915                5920
Asn Leu Thr Asp Lys Glu Lys Gln Ala Leu Lys Asp Arg Ile Asn Gln
                5925                5930                5935
Ile Leu Gln Gln Gly His Asn Gly Ile Asn Asn Ala Met Thr Lys Glu
            5940                5945                5950
Glu Ile Glu Gln Ala Lys Ala Gln Leu Ala Gln Ala Leu Lys Glu Ile
        5955                5960                5965
Lys Asp Leu Val Lys Ala Lys Glu Asn Ala Lys Gln Asp Val Asp Lys
    5970                5975                5980
Gln Val Gln Ala Leu Ile Asp Glu Ile Asp Gln Asn Pro Asn Leu Thr
5985                5990                5995                6000
Asp Lys Glu Lys Gln Ala Leu Lys Asp Arg Ile Asn Gln Ile Leu Gln
                6005                6010                6015
Gln Gly His Asn Asp Ile Asn Asn Ala Met Thr Lys Glu Glu Ile Glu
            6020                6025                6030
Gln Ala Lys Ala Gln Leu Ala Gln Ala Leu Gln Asp Ile Lys Asp Leu
        6035                6040                6045
Val Lys Ala Lys Glu Asp Ala Lys Asn Ala Ile Lys Ala Leu Ala Asn
    6050                6055                6060
Ala Lys Arg Asp Gln Ile Asn Ser Asn Pro Asp Leu Thr Pro Glu Gln
6065                6070                6075                6080
Lys Ala Lys Ala Leu Lys Glu Ile Asp Glu Ala Glu Lys Arg Ala Leu
                6085                6090                6095
Gln Asn Val Glu Asn Ala Gln Thr Ile Asp Gln Leu Asn Arg Gly Leu
            6100                6105                6110
Asn Leu Gly Leu Asp Asp Ile Arg Asn Thr His Val Trp Glu Val Asp
        6115                6120                6125
Glu Gln Pro Ala Val Asn Glu Ile Phe Glu Ala Thr Pro Glu Gln Ile
    6130                6135                6140
Leu Val Asn Gly Glu Leu Ile Val His Arg Asp Asp Ile Ile Thr Glu
6145                6150                6155                6160
Gln Asp Ile Leu Ala His Ile Asn Leu Ile Asp Gln Leu Ser Ala Glu
                6165                6170                6175
Val Ile Asp Thr Pro Ser Thr Ala Thr Ile Ser Asp Ser Leu Thr Ala
            6180                6185                6190
Lys Val Glu Val Thr Leu Leu Asp Gly Ser Lys Val Ile Val Asn Val
        6195                6200                6205
Pro Val Lys Val Val Glu Lys Glu Leu Ser Val Val Lys Gln Gln Ala
    6210                6215                6220
Ile Glu Ser Ile Glu Asn Ala Ala Gln Gln Lys Ile Asp Glu Ile Asn
6225                6230                6235                6240
Asn Ser Val Thr Leu Thr Leu Glu Gln Lys Glu Ala Ala Ile Ala Glu
                6245                6250                6255
Val Asn Lys Leu Lys Gln Gln Ala Ile Asp His Val Asn Asn Ala Pro
            6260                6265                6270
Asp Val His Ser Val Glu Glu Ile Gln Gln Gln Glu Gln Ala Tyr Ile
        6275                6280                6285
Glu Gln Phe Asn Pro Glu Gln Phe Thr Ile Glu Gln Ala Lys Ser Asn
    6290                6295                6300
Ala Ile Lys Ser Ile Glu Asp Ala Ile Gln His Met Ile Asp Glu Ile
6305                6310                6315                6320
Lys Ala Arg Thr Asp Leu Thr Asp Lys Glu Lys Gln Glu Ala Ile Ala
                6325                6330                6335
Lys Leu Asn Gln Leu Lys Glu Gln Ala Ile Gln Ala Ile Gln Arg Ala
            6340                6345                6350
Gln Ser Ile Ser Glu Ile Thr Glu Gln Leu Glu Gln Phe Lys Ala Gln
        6355                6360                6365
Met Lys Ala Ala Asn Pro Thr Ala Lys Glu Leu Ala Lys Arg Lys Gln
    6370                6375                6380
```

```
Glu Ala Ile Ser Arg Ile Lys Asp Phe Ser Asn Glu Lys Ile Asn Ser
6385                6390                6395                6400
Ile Arg Asn Ser Glu Ile Gly Thr Ala Asp Glu Lys Gln Ala Ala Met
                    6405                6410                6415
Asn Gln Ile Asn Glu Ile Val Leu Glu Thr Ile Arg Asp Ile Asn Asn
            6420                6425                6430
Ala His Thr Leu Gln Gln Val Glu Ala Ala Leu Asn Asn Gly Ile Ala
        6435                6440                6445
Arg Ile Ser Ala Val Gln Ile Val Ile Ser Asp Arg Ala Lys Gln Ser
    6450                6455                6460
Ser Ser Thr Gly Asn Glu Ser Asn Ser His Leu Thr Ile Gly Tyr Gly
6465                6470                6475                6480
Thr Ala Asn His Pro Phe Asn Ser Ser Thr Ile Gly His Lys Lys Lys
                    6485                6490                6495
Leu Asp Glu Asp Asp Asp Ile Asp Pro Leu His Met Arg His Phe Ser
            6500                6505                6510
Asn Asn Phe Gly Asn Val Ile Lys Asn Ala Ile Gly Val Val Gly Ile
        6515                6520                6525
Ser Gly Leu Leu Ala Ser Phe Trp Phe Phe Ile Ala Lys Arg Arg Arg
    6530                6535                6540
Lys Glu Asp Glu Glu Glu Glu Leu Glu Ile Arg Asp Asn Asn Lys Asp
6545                6550                6555                6560
Ser Ile Lys Glu Thr Leu Asp Asp Thr Lys His Leu Pro Leu Leu Phe
                    6565                6570                6575
Ala Lys Arg Arg Arg Lys Glu Asp Glu Glu Asp Val Thr Val Glu Glu
            6580                6585                6590
Lys Asp Ser Leu Asn Asn Gly Glu Ser Leu Asp Lys Val Lys His Thr
        6595                6600                6605
Pro Phe Phe Leu Pro Lys Arg Arg Arg Lys Glu Asp Glu Glu Asp Val
    6610                6615                6620
Glu Val Thr Asn Glu Asn Thr Asp Glu Lys Val Leu Lys Asp Asn Glu
6625                6630                6635                6640
His Ser Pro Leu Leu Phe Ala Lys Arg Arg Lys Asp Lys Glu Glu Asp
                    6645                6650                6655
Val Glu Thr Thr Thr Ser Ile Glu Ser Lys Asp Glu Asp Val Pro Leu
            6660                6665                6670
Leu Leu Ala Lys Lys Lys Asn Gln Lys Asp Asn Gln Ser Lys Asp Lys
        6675                6680                6685
Lys Ser Ala Ser Lys Asn Thr Ser Lys Lys Val Ala Ala Lys Lys Lys
    6690                6695                6700
Lys Lys Lys Ser Lys Lys Asn Lys Lys
6705                6710
```

<210> 14
<211> 701
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 14

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

```
Glu Pro Leu Lys Val Asp Asn Ser Thr Met Gln Ala His Ser Lys Ile
    130                 135                 140
Val Ser Asp Ser Asp Gly Asn Ala Ser Glu Asn Lys His His Lys Leu
145                 150                 155                 160
Thr Glu Asn Val Leu Ala Glu Ser Arg Ala Ser Lys Asn Asp Lys Glu
                165                 170                 175
Lys Glu Asn Leu Gln Glu Lys Asp Lys Ser Gln Gln Val His Pro Pro
            180                 185                 190
Leu Asp Lys Asn Ala Leu Gln Ala Phe Phe Asp Ala Ser Tyr His Asn
        195                 200                 205
Tyr Arg Met Ile Asp Arg Asp Arg Ala Asp Ala Thr Glu Tyr Gln Lys
    210                 215                 220
Val Lys Ser Thr Phe Asp Tyr Val Asn Asp Leu Leu Gly Asn Asn Gln
225                 230                 235                 240
Asn Ile Pro Ser Glu Gln Leu Val Ser Ala Tyr Gln Gln Leu Glu Lys
                245                 250                 255
Ala Leu Glu Leu Ala Arg Thr Leu Pro Gln Gln Ser Thr Thr Glu Lys
            260                 265                 270
Arg Gly Arg Arg Ser Thr Arg Ser Val Val Glu Asn Arg Ser Ser Arg
        275                 280                 285
Ser Asp Tyr Leu Asp Ala Arg Thr Glu Tyr Tyr Val Ser Lys Asp Asp
    290                 295                 300
Asp Asp Ser Gly Phe Pro Pro Gly Thr Phe Phe His Ala Ser Asn Arg
305                 310                 315                 320
Arg Trp Pro Tyr Asn Leu Pro Arg Ser Arg Asn Ile Leu Arg Ala Ser
                325                 330                 335
Asp Val Gln Gly Asn Ala Tyr Ile Thr Thr Lys Arg Leu Lys Asp Gly
            340                 345                 350
Tyr Gln Trp Asp Ile Leu Phe Asn Ser Asn His Lys Gly His Glu Tyr
        355                 360                 365
Met Tyr Tyr Trp Phe Gly Leu Pro Ser Asp Gln Thr Pro Thr Gly Pro
    370                 375                 380
Val Thr Phe Thr Ile Ile Asn Arg Asp Gly Ser Ser Thr Ser Thr Gly
385                 390                 395                 400
Gly Val Gly Phe Gly Ser Gly Ala Pro Leu Pro Gln Phe Trp Arg Ser
                405                 410                 415
Ala Gly Ala Ile Asn Ser Ser Val Ala Asn Asp Phe Lys His Gly Ser
            420                 425                 430
Ala Thr Asn Tyr Ala Phe Tyr Asp Gly Val Asn Asn Phe Ser Asp Phe
        435                 440                 445
Ala Arg Gly Gly Glu Leu Tyr Phe Asp Arg Glu Gly Ala Thr Gln Thr
    450                 455                 460
Asn Lys Tyr Tyr Gly Asp Glu Asn Phe Ala Leu Leu Asn Ser Glu Lys
465                 470                 475                 480
Pro Asp Gln Ile Arg Gly Leu Asp Thr Ile Tyr Ser Phe Lys Gly Ser
                485                 490                 495
Gly Asp Val Ser Tyr Arg Ile Ser Phe Lys Thr Gln Gly Ala Pro Thr
            500                 505                 510
Ala Arg Leu Tyr Tyr Ala Ala Gly Ala Arg Ser Gly Glu Tyr Lys Gln
        515                 520                 525
Ala Thr Asn Tyr Asn Gln Leu Tyr Val Glu Pro Tyr Lys Asn Tyr Arg
    530                 535                 540
Asn Arg Val Gln Ser Asn Val Gln Val Lys Asn Arg Thr Leu His Leu
545                 550                 555                 560
Lys Arg Thr Ile Arg Gln Phe Asp Pro Thr Leu Gln Arg Thr Thr Asp
                565                 570                 575
Val Pro Ile Leu Asp Ser Asp Gly Ser Gly Ser Ile Asp Ser Val Tyr
            580                 585                 590
Asp Pro Leu Ser Tyr Val Lys Asn Val Thr Gly Thr Val Leu Gly Ile
        595                 600                 605
Tyr Pro Ser Tyr Leu Pro Tyr Asn Gln Glu Arg Trp Gln Gly Ala Asn
    610                 615                 620
Ala Met Asn Ala Tyr Gln Ile Glu Glu Leu Phe Ser Gln Glu Asn Leu
625                 630                 635                 640
Gln Asn Ala Ala Arg Ser Gly Arg Pro Ile Gln Phe Leu Val Gly Phe
                645                 650                 655
Asp Val Glu Asp Ser His His Asn Pro Glu Thr Leu Leu Pro Val Asn
            660                 665                 670
Leu Tyr Val Lys Pro Glu Leu Lys His Thr Ile Glu Leu Tyr His Asp
        675                 680                 685
Asn Glu Lys Gln Asp Arg Lys Glu Phe Ser Val Ser Lys
    690                 695                 700
```

<210> 15

<211> 9439

<212> PRT

<213> Staphylococcus

<400> 15

```
Met Ser Gly Thr Leu His Asn Thr Val Gly Ser Gly Ile Leu Pro Tyr
 1               5                  10                  15
Gln Gln Glu Ile Arg Ile Lys Leu Thr Ser Asn Glu Pro Ile Lys Asp
            20                  25                  30
Ser Glu Trp Ser Ile Thr Gly Tyr Pro Asn Thr Leu Thr Leu Gln Asn
        35                  40                  45
Ala Val Gly Arg Thr Asn Asn Ala Thr Glu Lys Asn Leu Ala Leu Val
    50                  55                  60
Gly His Ile Asp Pro Gly Asn Tyr Phe Ile Thr Val Lys Phe Gly Asp
65                  70                  75                  80
Lys Val Glu Gln Phe Glu Ile Arg Ser Lys Pro Thr Pro Pro Arg Ile
                85                  90                  95
Ile Thr Thr Ala Asn Glu Leu Arg Gly Asn Pro Asn His Lys Pro Glu
            100                 105                 110
Ile Arg Val Thr Asp Ile Pro Asn Asp Thr Thr Ala Lys Ile Lys Leu
        115                 120                 125
Val Met Gly Gly Thr Asp Gly Asp His Asp Pro Glu Ile Asn Pro Tyr
    130                 135                 140
Thr Val Pro Glu Asn Tyr Thr Val Val Ala Glu Ala Tyr His Asp Asn
145                 150                 155                 160
Asp Pro Ser Lys Asn Gly Val Leu Thr Phe Arg Ser Ser Asp Tyr Leu
                165                 170                 175
Lys Asp Leu Pro Leu Ser Gly Glu Leu Lys Ala Ile Val Tyr Tyr Asn
            180                 185                 190
Gln Tyr Val Gln Ser Asn Phe Ser Lys Ser Val Pro Phe Ser Ser Asp
        195                 200                 205
Thr Thr Pro Pro Thr Ile Asn Glu Pro Ala Gly Leu Val His Lys Tyr
    210                 215                 220
Tyr Arg Gly Asp His Val Glu Ile Thr Leu Pro Val Thr Asp Asn Thr
225                 230                 235                 240
Gly Gly Ser Gly Leu Arg Asp Val Asn Val Asn Leu Pro Gln Gly Trp
                245                 250                 255
Thr Lys Thr Phe Thr Ile Asn Pro Asn Asn Asn Thr Glu Gly Thr Leu
            260                 265                 270
Lys Leu Ile Gly Asn Ile Pro Ser Asn Glu Ala Tyr Asn Thr Thr Tyr
        275                 280                 285
His Phe Asn Ile Thr Ala Thr Asp Asn Ser Gly Asn Thr Thr Asn Pro
    290                 295                 300
Ala Lys Thr Phe Ile Leu Asn Val Gly Lys Leu Ala Asp Asp Leu Asn
305                 310                 315                 320
Pro Val Gly Leu Ser Arg Asp Gln Leu Gln Leu Val Thr Asp Pro Ser
                325                 330                 335
Ser Leu Ser Asn Ser Glu Arg Glu Glu Val Lys Arg Lys Ile Ser Glu
            340                 345                 350
Ala Asn Ala Asn Ile Arg Ser Tyr Leu Leu Gln Asn Asn Pro Ile Leu
        355                 360                 365
Ala Gly Val Asn Gly Asp Val Thr Phe Tyr Tyr Arg Asp Gly Ser Val
    370                 375                 380
Asp Val Ile Asp Ala Glu Asn Val Ile Thr Tyr Glu Pro Glu Arg Lys
385                 390                 395                 400
Ser Ile Phe Ser Glu Asn Gly Asn Thr Asn Lys Lys Glu Ala Val Ile
                405                 410                 415
Thr Ile Ala Arg Gly Gln Asn Tyr Thr Ile Gly Pro Asn Leu Arg Lys
            420                 425                 430
Tyr Phe Ser Leu Ser Asn Gly Ser Asp Leu Pro Asn Arg Asp Phe Thr
        435                 440                 445
```

```
Ser Ile Ser Ala Ile Gly Ser Leu Pro Ser Ser Ser Glu Ile Ser Arg
    450                 455                 460
Leu Asn Val Gly Asn Tyr Asn Tyr Arg Val Asn Ala Lys Asn Ala Tyr
465                 470                 475                 480
His Lys Thr Gln Gln Glu Leu Asn Leu Lys Leu Lys Ile Val Glu Val
                485                 490                 495
Asn Ala Pro Thr Gly Asn Asn Arg Val Tyr Arg Val Ser Thr Tyr Asn
            500                 505                 510
Leu Thr Asn Asp Glu Ile Asn Lys Ile Lys Gln Ala Phe Lys Ala Ala
        515                 520                 525
Asn Ser Gly Leu Asn Leu Asn Asp Asn Asp Ile Thr Val Ser Asn Asn
    530                 535                 540
Phe Asp His Arg Asn Val Ser Ser Val Thr Val Thr Ile Arg Lys Gly
545                 550                 555                 560
Asp Leu Ile Lys Glu Phe Ser Ser Asn Leu Asn Asn Met Asn Phe Leu
                565                 570                 575
Arg Trp Val Asn Ile Arg Asp Asp Tyr Thr Ile Ser Trp Thr Ser Ser
            580                 585                 590
Lys Ile Gln Gly Arg Asn Thr Asp Gly Gly Leu Glu Trp Ser Pro Asp
        595                 600                 605
His Lys Ser Leu Ile Tyr Lys Tyr Asp Ala Thr Leu Gly Arg Gln Ile
    610                 615                 620
Asn Thr Asn Asp Val Leu Thr Leu Leu Gln Ala Thr Ala Lys Asn Ser
625                 630                 635                 640
Asn Leu Arg Ser Asn Ile Asn Ser Asn Glu Lys Gln Leu Ala Glu Arg
                645                 650                 655
Gly Ser Asn Gly Tyr Ser Lys Ser Ile Ile Arg Asp Asp Gly Glu Lys
            660                 665                 670
Ser Tyr Leu Leu Asn Ser Asn Pro Ile Gln Val Leu Asp Leu Val Glu
        675                 680                 685
Pro Asp Asn Gly Tyr Gly Gly Arg Gln Val Ser His Ser Asn Val Ile
    690                 695                 700
Tyr Asn Glu Lys Asn Ser Ser Ile Val Asn Gly Gln Val Pro Glu Ala
705                 710                 715                 720
Asn Gly Ala Ser Ala Phe Asn Ile Asp Lys Val Val Lys Ala Asn Ala
                725                 730                 735
Ala Asn Asn Gly Ile Met Gly Val Ile Tyr Lys Ala Gln Leu Tyr Leu
            740                 745                 750
Ala Pro Tyr Ser Pro Lys Gly Tyr Ile Glu Lys Leu Gly Gln Asn Leu
        755                 760                 765
Ser Asn Thr Asn Asn Val Ile Asn Val Tyr Phe Val Pro Ser Asp Lys
    770                 775                 780
Val Asn Pro Ser Ile Thr Val Gly Asn Tyr Asp His His Thr Val Tyr
785                 790                 795                 800
Ser Gly Glu Thr Phe Lys Asn Thr Ile Asn Val Asn Asp Asn Tyr Gly
                805                 810                 815
Leu Asn Thr Val Ala Ser Thr Ser Asp Ser Ala Ile Thr Met Thr Arg
            820                 825                 830
Asn Asn Asn Glu Leu Val Gly Gln Ala Pro Asn Val Thr Asn Ser Ile
        835                 840                 845
Asn Lys Ile Val Lys Val Lys Ala Thr Asp Lys Ser Gly Asn Glu Ser
    850                 855                 860
Ile Val Ser Phe Thr Val Asn Ile Lys Pro Leu Asn Glu Lys Tyr Arg
865                 870                 875                 880
Ile Thr Thr Ser Ser Ser Asn Gln Thr Pro Val Arg Ile Ser Asn Ile
                885                 890                 895
Gln Asn Asn Ala Asn Leu Ser Ile Glu Asp Gln Asn Arg Val Lys Ser
            900                 905                 910
Ser Leu Ser Met Thr Lys Ile Leu Gly Thr Arg Asn Tyr Val Asn Glu
        915                 920                 925
Ser Asn Asn Asp Val Arg Ser Gln Val Val Ser Lys Val Asn Arg Ser
    930                 935                 940
Gly Asn Asn Ala Thr Val Asn Val Thr Thr Thr Phe Ser Asp Gly Thr
945                 950                 955                 960
Thr Asn Thr Ile Thr Val Pro Val Lys His Val Leu Leu Glu Val Val
                965                 970                 975
Pro Thr Thr Arg Thr Thr Val Arg Gly Gln Gln Phe Pro Thr Gly Lys
            980                 985                 990
```

```
Gly Thr Ser Pro Asn Asp Phe Phe Ser Leu Arg Thr Gly Gly Pro Val
        995                 1000                1005
Asp Ala Arg Ile Val Trp Val Asn Asn Gln Gly Pro Asp Ile Asn Ser
    1010                1015                1020
Asn Gln Ile Gly Arg Asp Leu Thr Leu His Ala Glu Ile Phe Phe Asp
1025                1030                1035                1040
Gly Glu Thr Thr Pro Ile Arg Lys Asp Thr Thr Tyr Lys Leu Ser Gln
                1045                1050                1055
Ser Ile Pro Lys Gln Ile Tyr Glu Thr Thr Ile Asn Gly Arg Phe Asn
            1060                1065                1070
Ser Ser Gly Asp Ala Tyr Pro Gly Asn Phe Val Gln Ala Val Asn Gln
        1075                1080                1085
Tyr Trp Pro Glu His Met Asp Phe Arg Trp Ala Gln Gly Ser Gly Thr
    1090                1095                1100
Pro Ser Ser Arg Asn Ala Gly Ser Phe Thr Lys Thr Val Thr Val Val
1105                1110                1115                1120
Tyr Gln Asn Gly Gln Thr Glu Asn Val Asn Val Leu Phe Lys Val Lys
                1125                1130                1135
Pro Asn Lys Pro Val Ile Asp Ser Asn Ser Val Ile Ser Lys Gly Gln
            1140                1145                1150
Leu Asn Gly Gln Gln Ile Leu Val Arg Asn Val Pro Gln Asn Ala Gln
        1155                1160                1165
Val Thr Leu Tyr Gln Ser Asn Gly Thr Val Ile Pro Asn Thr Asn Thr
    1170                1175                1180
Thr Ile Asp Ser Asn Gly Ile Ala Thr Val Thr Ile Gln Gly Thr Leu
1185                1190                1195                1200
Pro Thr Gly Asn Ile Thr Ala Lys Thr Ser Met Thr Asn Asn Val Thr
                1205                1210                1215
Tyr Thr Lys Gln Asn Ser Ser Gly Ile Ala Ser Asn Thr Thr Glu Asp
            1220                1225                1230
Ile Ser Val Phe Ser Glu Asn Ser Asp Gln Val Asn Val Thr Ala Gly
        1235                1240                1245
Met Gln Ala Lys Asn Asp Gly Ile Lys Ile Ile Lys Gly Thr Asn Tyr
    1250                1255                1260
Asn Phe Asn Asp Phe Asn Ser Phe Ile Ser Asn Ile Pro Ala His Ser
1265                1270                1275                1280
Thr Leu Thr Trp Asn Glu Glu Pro Asn Ser Trp Lys Asn Asn Ile Gly
                1285                1290                1295
Thr Thr Thr Lys Thr Val Thr Val Thr Leu Pro Asn His Gln Gly Thr
            1300                1305                1310
Arg Thr Val Asp Ile Pro Ile Thr Ile Tyr Pro Thr Val Thr Ala Lys
        1315                1320                1325
Asn Pro Val Arg Asp Gln Lys Gly Arg Asn Leu Thr Asn Gly Thr Asp
    1330                1335                1340
Val Tyr Asn Tyr Ile Ile Phe Glu Asn Asn Asn Arg Leu Gly Gly Thr
1345                1350                1355                1360
Ala Ser Trp Lys Asp Asn Arg Gln Pro Asp Lys Asn Ile Ala Gly Val
                1365                1370                1375
Gln Asn Leu Ile Ala Leu Val Asn Tyr Pro Gly Ile Ser Thr Pro Leu
            1380                1385                1390
Glu Val Pro Val Lys Val Trp Val Tyr Asn Phe Asp Phe Thr Gln Pro
        1395                1400                1405
Ile Tyr Lys Ile Gln Val Gly Asp Thr Phe Pro Lys Gly Thr Trp Ala
    1410                1415                1420
Gly Tyr Tyr Lys His Leu Glu Asn Gly Glu Gly Leu Pro Ile Asp Gly
1425                1430                1435                1440
Trp Lys Phe Tyr Trp Asn Gln Gln Ser Thr Gly Thr Thr Ser Asp Gln
                1445                1450                1455
Trp Gln Ser Leu Ala Tyr Thr Arg Thr Pro Phe Val Lys Thr Gly Thr
            1460                1465                1470
Tyr Asp Val Val Asn Pro Ser Asn Trp Gly Val Trp Gln Thr Ser Gln
        1475                1480                1485
Ser Ala Lys Phe Ile Val Thr Asn Ala Lys Pro Asn Gln Pro Thr Ile
    1490                1495                1500
Thr Gln Ser Lys Thr Gly Asp Val Thr Val Thr Pro Gly Ala Val Arg
1505                1510                1515                1520
Asn Ile Leu Ile Ser Gly Thr Asn Asp Tyr Ile Gln Ala Ser Ala Asp
                1525                1530                1535
```

```
Lys Ile Val Ile Asn Lys Asn Gly Asn Lys Leu Thr Thr Phe Val Lys
            1540                1545                1550
Asn Asn Asp Gly Arg Trp Thr Val Glu Thr Gly Ser Pro Asp Ile Asn
        1555                1560                1565
Gly Ile Gly Pro Thr Asn Asn Gly Thr Ala Ile Ser Leu Ser Arg Leu
    1570                1575                1580
Ala Val Arg Pro Gly Asp Ser Ile Glu Ala Ile Ala Thr Glu Gly Ser
1585                1590                1595                1600
Gly Glu Thr Ile Ser Thr Ser Ala Thr Ser Glu Ile Tyr Ile Val Lys
                1605                1610                1615
Ala Pro Gln Pro Glu Gln Val Ala Thr His Thr Tyr Asp Asn Gly Thr
            1620                1625                1630
Phe Asp Ile Leu Pro Asp Asn Ser Arg Asn Ser Leu Asn Pro Thr Glu
        1635                1640                1645
Arg Val Glu Ile Asn Tyr Thr Glu Lys Leu Asn Gly Asn Glu Thr Gln
    1650                1655                1660
Lys Ser Phe Thr Ile Thr Lys Asn Asn Asn Gly Lys Trp Thr Ile Asn
1665                1670                1675                1680
Asn Lys Pro Asn Tyr Val Glu Phe Asn Gln Asp Asn Gly Lys Val Val
                1685                1690                1695
Phe Ser Ala Asn Thr Ile Lys Pro Asn Ser Gln Ile Thr Ile Thr Pro
            1700                1705                1710
Lys Ala Gly Gln Gly Asn Thr Glu Asn Thr Asn Pro Thr Val Ile Gln
        1715                1720                1725
Ala Pro Ala Gln His Thr Leu Thr Ile Asn Glu Ile Val Lys Glu Gln
    1730                1735                1740
Gly Gln Asn Val Thr Asn Asp Asp Ile Asn Asn Ala Val Gln Val Pro
1745                1750                1755                1760
Asn Lys Asn Arg Val Ala Ile Lys Gln Gly Asn Ala Leu Pro Thr Asn
                1765                1770                1775
Leu Ala Gly Gly Ser Thr Ser His Ile Pro Val Val Ile Tyr Tyr Ser
            1780                1785                1790
Asp Gly Ser Ser Glu Glu Ala Thr Glu Thr Val Arg Thr Lys Val Asn
        1795                1800                1805
Lys Thr Glu Leu Ile Asn Ala Arg Arg Arg Leu Asp Glu Glu Ile Ser
    1810                1815                1820
Lys Glu Asn Lys Thr Pro Ser Ser Ile Arg Asn Phe Asp Gln Ala Met
1825                1830                1835                1840
Asn Arg Ala Gln Ser Gln Ile Asn Thr Ala Lys Ser Asp Ala Asp Gln
                1845                1850                1855
Val Ile Gly Thr Glu Phe Ala Thr Pro Gln Gln Val Asn Ser Ala Leu
            1860                1865                1870
Ser Lys Val Gln Ala Ala Gln Asn Lys Ile Asn Glu Ala Lys Ala Leu
        1875                1880                1885
Leu Gln Asn Lys Ala Asp Asn Ser Gln Leu Val Arg Ala Lys Glu Gln
    1890                1895                1900
Leu Gln Gln Ser Ile Gln Pro Ala Ala Ser Thr Asp Gly Met Thr Gln
1905                1910                1915                1920
Asp Ser Thr Arg Asn Tyr Asn Asn Lys Arg Gln Ala Ala Glu Gln Ala
                1925                1930                1935
Ile Gln His Ala Asn Ser Val Ile Asn Asn Gly Asp Ala Thr Ser Gln
            1940                1945                1950
Gln Ile Asn Asp Ala Lys Asn Thr Val Glu Gln Ala Gln Arg Asp Tyr
        1955                1960                1965
Val Glu Ala Lys Ser Asn Leu Arg Ala Asp Lys Ser Gln Leu Gln Ser
    1970                1975                1980
Ala Tyr Asp Thr Leu Asn Arg Asp Val Leu Thr Asn Asp Lys Lys Pro
1985                1990                1995                2000
Ala Ser Val Arg Arg Tyr Asn Glu Ala Ile Ser Asn Ile Arg Lys Glu
                2005                2010                2015
Leu Asp Thr Ala Lys Ala Asp Ala Ser Ser Thr Leu Arg Asn Thr Asn
            2020                2025                2030
Pro Ser Val Glu Gln Val Arg Asp Ala Leu Asn Lys Ile Asn Thr Val
        2035                2040                2045
Gln Pro Lys Val Asn Gln Ala Ile Ala Leu Leu Gln Pro Lys Glu Asn
    2050                2055                2060
Asn Ser Glu Leu Val Gln Ala Lys Lys Arg Leu Gln Asp Ala Val Asn
2065                2070                2075                2080
```

```
Asp Ile Pro Gln Thr Gln Gly Met Thr Gln Gln Thr Ile Asn Asn Tyr
                2085                2090                2095
Asn Asp Lys Gln Arg Glu Ala Glu Arg Ala Leu Thr Ser Ala Gln Arg
            2100                2105                2110
Val Ile Asp Asn Gly Asp Ala Thr Thr Gln Glu Ile Thr Ser Glu Lys
        2115                2120                2125
Ser Lys Val Glu Gln Ala Met Gln Ala Leu Thr Asn Ala Lys Ser Asn
    2130                2135                2140
Leu Arg Ala Asp Lys Asn Glu Leu Gln Thr Ala Tyr Asn Lys Leu Ile
2145                2150                2155                2160
Glu Asn Val Ser Thr Asn Gly Lys Lys Pro Ala Ser Ile Arg Gln Tyr
                2165                2170                2175
Glu Thr Ala Lys Ala Arg Ile Gln Asn Gln Ile Asn Asp Ala Lys Asn
            2180                2185                2190
Glu Ala Glu Arg Ile Leu Gly Asn Asp Asn Pro Gln Val Ser Gln Val
        2195                2200                2205
Thr Gln Ala Leu Asn Lys Ile Lys Ala Ile Gln Pro Lys Leu Thr Glu
    2210                2215                2220
Ala Ile Asn Met Leu Gln Asn Lys Glu Asn Asn Thr Glu Leu Val Asn
2225                2230                2235                2240
Ala Lys Asn Arg Leu Glu Asn Ala Val Asn Asp Thr Asp Pro Thr His
                2245                2250                2255
Gly Met Thr Gln Glu Thr Ile Asn Asn Tyr Asn Ala Lys Lys Arg Glu
            2260                2265                2270
Ala Gln Asn Glu Ile Gln Lys Ala Asn Met Ile Ile Asn Asn Gly Asp
        2275                2280                2285
Ala Thr Ala Gln Asp Ile Ser Ser Glu Lys Ser Lys Val Glu Gln Val
    2290                2295                2300
Leu Gln Ala Leu Gln Asn Ala Lys Asn Asp Leu Arg Ala Asp Lys Arg
2305                2310                2315                2320
Glu Leu Gln Thr Ala Tyr Asn Lys Leu Ile Gln Asn Val Asn Thr Asn
                2325                2330                2335
Gly Lys Lys Pro Ser Ser Ile Gln Asn Tyr Lys Ser Ala Arg Arg Asn
            2340                2345                2350
Ile Glu Asn Gln Tyr Asn Thr Ala Lys Asn Glu Ala His Asn Val Leu
        2355                2360                2365
Glu Asn Thr Asn Pro Thr Val Asn Ala Val Glu Asp Ala Leu Arg Lys
    2370                2375                2380
Ile Asn Ala Ile Gln Pro Glu Val Thr Lys Ala Ile Asn Ile Leu Gln
2385                2390                2395                2400
Asp Lys Glu Asp Asn Ser Glu Leu Val Arg Ala Lys Glu Lys Leu Asp
                2405                2410                2415
Gln Ala Ile Asn Ser Gln Pro Ser Leu Asn Gly Met Thr Gln Glu Ser
            2420                2425                2430
Ile Asn Asn Tyr Thr Thr Lys Arg Arg Glu Ala Gln Asn Ile Ala Ser
        2435                2440                2445
Ser Ala Asp Thr Ile Ile Asn Asn Gly Asp Ala Ser Ile Glu Gln Ile
    2450                2455                2460
Thr Glu Asn Lys Ile Arg Val Glu Glu Ala Thr Asn Ala Leu Asn Glu
2465                2470                2475                2480
Ala Lys Gln His Leu Thr Ala Asp Thr Thr Ser Leu Lys Thr Glu Val
                2485                2490                2495
Arg Lys Leu Ser Arg Arg Gly Asp Thr Asn Asn Lys Lys Pro Ser Ser
            2500                2505                2510
Val Ser Ala Tyr Asn Asn Thr Ile His Ser Leu Gln Ser Glu Ile Thr
        2515                2520                2525
Gln Thr Glu Asn Arg Ala Asn Thr Ile Ile Asn Lys Pro Ile Arg Ser
    2530                2535                2540
Val Glu Glu Val Asn Asn Ala Leu His Glu Val Asn Gln Leu Asn Gln
2545                2550                2555                2560
Arg Leu Thr Asp Thr Ile Asn Leu Leu Gln Pro Leu Ala Asn Lys Glu
                2565                2570                2575
Ser Leu Lys Glu Ala Arg Asn Arg Leu Glu Ser Lys Ile Asn Glu Thr
            2580                2585                2590
Val Gln Thr Asp Gly Met Thr Gln Gln Ser Val Glu Asn Tyr Lys Gln
        2595                2600                2605
Ala Lys Ile Lys Ala Gln Asn Glu Ser Ser Ile Ala Gln Thr Leu Ile
    2610                2615                2620
```

```
Asn Asn Gly Asp Ala Ser Asp Gln Glu Val Ser Thr Glu Ile Glu Lys
2625                2630                2635                2640
Leu Asn Gln Lys Leu Ser Glu Leu Thr Asn Ser Ile Asn His Leu Thr
                    2645                2650                2655
Val Asn Lys Glu Pro Leu Glu Thr Ala Lys Asn Gln Leu Gln Ala Asn
            2660                2665                2670
Ile Asp Gln Lys Pro Ser Thr Asp Gly Met Thr Gln Gln Ser Val Gln
        2675                2680                2685
Ser Tyr Glu Arg Lys Leu Gln Glu Ala Lys Asp Lys Ile Asn Ser Ile
    2690                2695                2700
Asn Asn Val Leu Ala Asn Asn Pro Asp Val Asn Ala Ile Arg Thr Asn
2705                2710                2715                2720
Lys Val Glu Thr Glu Gln Ile Asn Asn Glu Leu Thr Gln Ala Lys Gln
                    2725                2730                2735
Gly Leu Thr Val Asp Lys Gln Pro Leu Ile Asn Ala Lys Thr Ala Leu
            2740                2745                2750
Gln Gln Ser Leu Asp Asn Gln Pro Ser Thr Thr Gly Met Thr Glu Ala
        2755                2760                2765
Thr Ile Gln Asn Tyr Asn Ala Lys Arg Gln Lys Ala Glu Gln Val Ile
    2770                2775                2780
Gln Asn Ala Asn Lys Ile Ile Glu Asn Ala Gln Pro Ser Val Gln Gln
2785                2790                2795                2800
Val Ser Asp Glu Lys Ser Lys Val Glu Gln Ala Leu Ser Glu Leu Asn
                    2805                2810                2815
Asn Ala Lys Ser Ala Leu Arg Ala Asp Lys Gln Glu Leu Gln Gln Ala
            2820                2825                2830
Tyr Asn Gln Leu Ile Gln Pro Thr Asp Leu Asn Asn Lys Lys Pro Ala
        2835                2840                2845
Ser Ile Thr Ala Tyr Asn Gln Arg Tyr Gln Gln Phe Ser Asn Glu Leu
    2850                2855                2860
Asn Ser Thr Lys Thr Asn Thr Asp Arg Ile Leu Lys Glu Gln Asn Pro
2865                2870                2875                2880
Ser Val Ala Asp Val Asn Asn Ala Leu Asn Lys Val Arg Glu Val Gln
                    2885                2890                2895
Gln Lys Leu Asn Glu Ala Arg Ala Leu Leu Gln Asn Lys Glu Asp Asn
            2900                2905                2910
Ser Ala Leu Val Arg Ala Lys Glu Gln Leu Gln Gln Ala Val Asp Gln
        2915                2920                2925
Val Pro Ser Thr Glu Gly Met Thr Gln Gln Thr Lys Asp Asp Tyr Asn
    2930                2935                2940
Ser Lys Gln Gln Ala Ala Gln Gln Glu Ile Ser Lys Ala Gln Gln Val
2945                2950                2955                2960
Ile Asp Asn Gly Asp Ala Thr Thr Gln Gln Ile Ser Asn Ala Lys Thr
                    2965                2970                2975
Asn Val Glu Arg Ala Leu Glu Ala Leu Asn Asn Ala Lys Thr Gly Leu
            2980                2985                2990
Arg Ala Asp Lys Glu Glu Leu Gln Asn Ala Tyr Asn Gln Leu Thr Gln
        2995                3000                3005
Asn Ile Asp Thr Ser Gly Lys Thr Pro Ala Ser Ile Arg Lys Tyr Asn
    3010                3015                3020
Glu Ala Lys Ser Arg Ile Gln Thr Gln Ile Asp Ser Ala Lys Asn Glu
3025                3030                3035                3040
Ala Asn Ser Ile Leu Thr Asn Asp Asn Pro Gln Val Ser Gln Val Thr
                    3045                3050                3055
Ala Ala Leu Asn Lys Ile Lys Ala Val Gln Pro Glu Leu Asp Lys Ala
            3060                3065                3070
Ile Ala Met Leu Lys Asn Lys Glu Asn Asn Asn Ala Leu Val Gln Ala
        3075                3080                3085
Lys Gln Gln Leu Gln Gln Ile Val Asn Glu Val Asp Pro Thr Gln Gly
    3090                3095                3100
Met Thr Thr Asp Thr Ala Asn Asn Tyr Lys Ser Lys Lys Arg Glu Ala
3105                3110                3115                3120
Glu Asp Glu Ile Gln Lys Ala Gln Gln Ile Ile Asn Asn Gly Asp Ala
                    3125                3130                3135
Thr Glu Gln Gln Ile Thr Asn Glu Thr Asn Arg Val Asn Gln Ala Ile
            3140                3145                3150
Asn Ala Ile Asn Lys Ala Lys Asn Asp Leu Arg Ala Asp Lys Ser Gln
        3155                3160                3165
```

```
Leu Glu Asn Ala Tyr Asn Gln Leu Ile Gln Asn Val Asp Thr Asn Gly
    3170                3175                3180
Lys Lys Pro Ala Ser Ile Gln Gln Tyr Gln Ala Ala Arg Gln Ala Ile
3185                3190                3195                3200
Glu Thr Gln Tyr Asn Asn Ala Lys Ser Glu Ala His Gln Ile Leu Glu
                3205                3210                3215
Asn Ser Asn Pro Ser Val Asn Glu Val Ala Gln Ala Leu Gln Lys Val
            3220                3225                3230
Glu Ala Val Gln Leu Lys Val Asn Asp Ala Ile His Ile Leu Gln Asn
        3235                3240                3245
Lys Glu Asn Asn Ser Ala Leu Val Thr Ala Lys Asn Gln Leu Gln Gln
    3250                3255                3260
Ser Val Asn Asp Gln Pro Leu Thr Thr Gly Met Thr Gln Asp Ser Ile
3265                3270                3275                3280
Asn Asn Tyr Glu Ala Lys Arg Asn Glu Ala Gln Ser Ala Ile Arg Asn
                3285                3290                3295
Ala Glu Ala Val Ile Asn Asn Gly Asp Ala Thr Ala Lys Gln Ile Ser
            3300                3305                3310
Asp Glu Lys Ser Lys Val Glu Gln Ala Leu Ala His Leu Asn Asp Ala
        3315                3320                3325
Lys Gln Gln Leu Thr Ala Asp Thr Thr Glu Leu Gln Thr Ala Val Gln
    3330                3335                3340
Gln Leu Asn Arg Arg Gly Asp Thr Asn Asn Lys Lys Pro Arg Ser Ile
3345                3350                3355                3360
Asn Ala Tyr Asn Lys Ala Ile Gln Ser Leu Glu Thr Gln Ile Thr Ser
                3365                3370                3375
Ala Lys Asp Asn Ala Asn Ala Val Ile Gln Lys Pro Ile Arg Thr Val
            3380                3385                3390
Gln Glu Val Asn Asn Ala Leu Gln Gln Val Asn Gln Leu Asn Gln Gln
        3395                3400                3405
Leu Thr Glu Ala Ile Asn Gln Leu Gln Pro Leu Ser Asn Asn Asp Ala
    3410                3415                3420
Leu Lys Ala Ala Arg Leu Asn Leu Glu Asn Lys Ile Asn Gln Thr Val
3425                3430                3435                3440
Gln Thr Asp Gly Met Thr Gln Gln Ser Ile Glu Ala Tyr Gln Asn Ala
                3445                3450                3455
Lys Arg Val Ala Gln Asn Glu Ser Asn Thr Ala Leu Ala Leu Ile Asn
            3460                3465                3470
Asn Gly Asp Ala Asp Glu Gln Gln Ile Thr Thr Glu Thr Asp Arg Val
        3475                3480                3485
Asn Gln Gln Thr Thr Asn Leu Thr Gln Ala Ile Asn Gly Leu Thr Val
    3490                3495                3500
Asn Lys Glu Pro Leu Glu Thr Ala Lys Thr Ala Leu Gln Asn Asn Ile
3505                3510                3515                3520
Asp Gln Val Pro Ser Thr Asp Gly Met Thr Gln Gln Ser Val Ala Asn
                3525                3530                3535
Tyr Asn Gln Lys Leu Gln Ile Ala Lys Asn Glu Ile Asn Thr Ile Asn
            3540                3545                3550
Asn Val Leu Ala Asn Asn Pro Asp Val Asn Ala Ile Lys Thr Asn Lys
        3555                3560                3565
Ala Glu Ala Glu Arg Ile Ser Asn Asp Leu Thr Gln Ala Lys Asn Asn
    3570                3575                3580
Leu Gln Val Asp Thr Gln Pro Leu Glu Lys Ile Lys Arg Gln Leu Gln
3585                3590                3595                3600
Asp Glu Ile Asp Gln Gly Thr Asn Thr Asp Gly Met Thr Gln Asp Ser
                3605                3610                3615
Val Asp Asn Tyr Asn Asp Ser Leu Ser Ala Ala Ile Ile Glu Lys Gly
            3620                3625                3630
Lys Val Asn Lys Leu Leu Lys Arg Asn Pro Thr Val Glu Gln Val Lys
        3635                3640                3645
Glu Ser Val Ala Asn Ala Gln Gln Val Ile Gln Asp Leu Gln Asn Ala
    3650                3655                3660
Arg Thr Ser Leu Val Pro Asp Lys Thr Gln Leu Gln Glu Ala Lys Asn
3665                3670                3675                3680
Arg Leu Glu Asn Ser Ile Asn Gln Gln Thr Asp Thr Asp Gly Met Thr
                3685                3690                3695
Gln Asp Ser Leu Asn Asn Tyr Asn Asp Lys Leu Ala Lys Ala Arg Gln
            3700                3705                3710
```

```
Asn Leu Glu Lys Ile Ser Lys Val Leu Gly Gly Gln Pro Thr Val Ala
        3715                3720                3725
Glu Ile Arg Gln Asn Thr Asp Glu Ala Asn Ala His Lys Gln Ala Leu
    3730                3735                3740
Asp Thr Ala Arg Ser Gln Leu Thr Leu Asn Arg Glu Pro Tyr Ile Asn
3745                3750                3755                3760
His Ile Asn Asn Glu Ser His Leu Asn Asn Ala Gln Lys Asp Asn Phe
                3765                3770                3775
Lys Ala Gln Val Asn Ser Ala Pro Asn His Asn Thr Leu Glu Thr Ile
            3780                3785                3790
Lys Asn Lys Ala Asp Thr Leu Asn Gln Ser Met Thr Ala Leu Ser Glu
        3795                3800                3805
Ser Ile Ala Asp Tyr Glu Asn Gln Lys Gln Gln Glu Asn Tyr Leu Asp
    3810                3815                3820
Ala Ser Asn Asn Lys Arg Gln Asp Tyr Asp Asn Ala Val Asn Ala Ala
3825                3830                3835                3840
Lys Gly Ile Leu Asn Gln Thr Gln Ser Pro Thr Met Ser Ala Asp Val
                3845                3850                3855
Ile Asp Gln Lys Ala Glu Asp Val Lys Arg Thr Lys Thr Ala Leu Asp
            3860                3865                3870
Gly Asn Gln Arg Leu Glu Val Ala Lys Gln Gln Ala Leu Asn His Leu
        3875                3880                3885
Asn Thr Leu Asn Asp Leu Asn Asp Ala Gln Arg Gln Thr Leu Thr Asp
    3890                3895                3900
Thr Ile Asn His Ser Pro Asn Ile Asn Ser Val Asn Gln Ala Lys Glu
3905                3910                3915                3920
Lys Ala Asn Thr Val Asn Thr Ala Met Thr Gln Leu Lys Gln Thr Ile
                3925                3930                3935
Ala Asn Tyr Asp Asp Glu Leu His Asp Gly Asn Tyr Ile Asn Ala Asp
            3940                3945                3950
Lys Asp Lys Lys Asp Ala Tyr Asn Asn Ala Val Asn Asn Ala Lys Gln
        3955                3960                3965
Leu Ile Asn Gln Ser Asp Ala Asn Gln Ala Gln Leu Asp Pro Ala Glu
    3970                3975                3980
Ile Asn Lys Val Thr Gln Arg Val Asn Thr Thr Lys Asn Asp Leu Asn
3985                3990                3995                4000
Gly Asn Asp Lys Leu Ala Glu Ala Lys Arg Asp Ala Asn Thr Thr Ile
                4005                4010                4015
Asp Gly Leu Thr Tyr Leu Asn Glu Ala Gln Arg Asn Lys Ala Lys Glu
            4020                4025                4030
Asn Val Gly Lys Ala Ser Thr Lys Thr Asn Ile Thr Ser Gln Leu Gln
        4035                4040                4045
Asp Tyr Asn Gln Leu Asn Ile Ala Met Gln Ala Leu Arg Asn Ser Val
    4050                4055                4060
Asn Asp Val Asn Asn Val Lys Ala Asn Ser Asn Tyr Ile Asn Glu Asp
4065                4070                4075                4080
Asn Gly Pro Lys Glu Ala Tyr Asn Gln Ala Val Thr His Ala Gln Thr
                4085                4090                4095
Leu Ile Asn Ala Gln Ser Asn Pro Glu Met Ser Arg Asp Val Val Asn
            4100                4105                4110
Gln Lys Thr Gln Ala Val Asn Thr Ala His Gln Asn Leu His Gly Gln
        4115                4120                4125
Gln Lys Leu Glu Gln Ala Gln Ser Ser Ala Asn Thr Glu Ile Gly Asn
    4130                4135                4140
Leu Pro Asn Leu Thr Asn Thr Gln Lys Ala Lys Glu Lys Glu Leu Val
4145                4150                4155                4160
Asn Ser Lys Gln Thr Arg Thr Glu Val Gln Glu Gln Leu Asn Gln Ala
                4165                4170                4175
Lys Ser Leu Asp Ser Ser Met Gly Thr Leu Lys Ser Leu Val Ala Lys
            4180                4185                4190
Gln Pro Thr Val Gln Lys Thr Ser Val Tyr Ile Asn Glu Asp Gln Pro
        4195                4200                4205
Glu Gln Ser Ala Tyr Asn Asp Ser Ile Thr Met Gly Gln Thr Ile Ile
    4210                4215                4220
Asn Lys Thr Ala Asp Pro Val Leu Asp Lys Thr Leu Val Asp Asn Ala
4225                4230                4235                4240
Ile Ser Asn Ile Ser Thr Lys Glu Asn Ala Leu His Gly Glu Gln Lys
                4245                4250                4255
```

```
Leu Thr Thr Ala Lys Thr Glu Ala Ile Asn Ala Leu Asn Thr Leu Ala
            4260                4265                4270
Asp Leu Asn Thr Pro Gln Lys Glu Ala Ile Lys Thr Ala Ile Asn Thr
        4275                4280                4285
Ala His Thr Arg Thr Asp Val Thr Ala Glu Gln Ser Lys Ala Asn Gln
    4290                4295                4300
Ile Asn Ser Ala Met His Thr Leu Arg Gln Asn Ile Ser Asp Asn Glu
4305                4310                4315                4320
Ser Val Thr Asn Glu Ser Asn Tyr Ile Asn Ala Glu Pro Glu Lys Gln
                4325                4330                4335
His Ala Phe Thr Glu Ala Leu Asn Asn Ala Lys Glu Ile Val Asn Glu
            4340                4345                4350
Gln Gln Ala Thr Leu Asp Ala Asn Ser Ile Asn Gln Lys Ala Gln Ala
        4355                4360                4365
Ile Leu Thr Thr Lys Asn Ala Leu Asp Gly Glu Glu Gln Leu Arg Arg
    4370                4375                4380
Ala Lys Glu Asn Ala Asp Gln Glu Ile Asn Thr Leu Asn Gln Leu Thr
4385                4390                4395                4400
Asp Ala Gln Arg Asn Ser Glu Lys Gly Leu Val Asn Ser Ser Gln Thr
                4405                4410                4415
Arg Thr Glu Val Ala Ser Gln Leu Ala Lys Ala Lys Glu Leu Asn Lys
            4420                4425                4430
Val Met Glu Gln Leu Asn His Leu Ile Asn Gly Lys Asn Gln Met Ile
        4435                4440                4445
Asn Ser Ser Lys Phe Ile Asn Glu Asp Ala Asn Gln Gln Gln Ala Tyr
    4450                4455                4460
Ser Asn Ala Ile Ala Ser Ala Glu Ala Leu Lys Asn Lys Ser Gln Asn
4465                4470                4475                4480
Pro Glu Leu Asp Lys Val Thr Ile Glu Gln Ala Ile Asn Asn Ile Asn
                4485                4490                4495
Ser Ala Ile Asn Asn Leu Asn Gly Glu Ala Lys Leu Thr Lys Ala Lys
            4500                4505                4510
Glu Asp Ala Val Ala Ser Ile Asn Asn Leu Ser Gly Leu Thr Asn Glu
        4515                4520                4525
Gln Lys Thr Lys Glu Asn Gln Ala Val Asn Gly Ala Gln Thr Arg Asp
    4530                4535                4540
Gln Val Ala Asn Lys Leu Arg Asp Ala Glu Ala Leu Asp Gln Ser Met
4545                4550                4555                4560
Gln Thr Leu Arg Asp Leu Val Asn Asn Gln Asn Ala Ile His Ser Thr
                4565                4570                4575
Ser Asn Tyr Phe Asn Glu Asp Ser Thr Gln Lys Asn Thr Tyr Asp Asn
            4580                4585                4590
Ala Ile Asp Asn Gly Ser Thr Tyr Ile Thr Gly Gln His Asn Pro Glu
        4595                4600                4605
Leu Asn Lys Ser Thr Ile Asp Gln Thr Ile Ser Arg Ile Asn Thr Ala
    4610                4615                4620
Lys Asn Asp Leu His Gly Val Glu Lys Leu Gln Arg Asp Lys Gly Thr
4625                4630                4635                4640
Ala Asn Gln Glu Ile Gly Gln Leu Gly Tyr Leu Asn Asp Pro Gln Lys
                4645                4650                4655
Ser Gly Glu Glu Ser Leu Val Asn Gly Ser Asn Thr Arg Ser Glu Val
            4660                4665                4670
Glu Glu His Leu Asn Glu Ala Lys Ser Leu Asn Asn Ala Met Lys Gln
        4675                4680                4685
Leu Arg Asp Lys Val Ala Glu Lys Thr Asn Val Lys Gln Ser Ser Asp
    4690                4695                4700
Tyr Ile Asn Asp Ser Thr Glu His Gln Arg Gly Tyr Asp Gln Ala Leu
4705                4710                4715                4720
Gln Glu Ala Glu Asn Ile Ile Asn Glu Ile Gly Asn Pro Thr Leu Asn
                4725                4730                4735
Lys Ser Glu Ile Glu Gln Lys Leu Gln Gln Leu Thr Asp Ala Gln Asn
            4740                4745                4750
Ala Leu Gln Gly Ser His Leu Leu Glu Glu Ala Lys Asn Asn Ala Ile
        4755                4760                4765
Thr Gly Ile Asn Lys Leu Thr Ala Leu Asn Asp Ala Gln Arg Gln Lys
    4770                4775                4780
Ala Ile Glu Asn Val Gln Ala Gln Gln Thr Ile Pro Ala Val Asn Gln
4785                4790                4795                4800
```

```
Gln Leu Thr Leu Asp Arg Glu Ile Asn Thr Ala Met Gln Ala Leu Arg
                4805                4810                4815
Asp Lys Val Gly Gln Gln Asn Asn Val His Gln Gln Ser Asn Tyr Phe
            4820                4825                4830
Asn Glu Asp Glu Gln Pro Lys His Asn Tyr Asp Asn Ser Val Gln Ala
        4835                4840                4845
Gly Gln Thr Ile Ile Asp Lys Leu Gln Asp Pro Ile Met Asn Lys Asn
    4850                4855                4860
Glu Ile Glu Gln Ala Ile Asn Gln Ile Asn Thr Thr Gln Thr Ala Leu
4865                4870                4875                4880
Ser Gly Glu Asn Lys Leu His Thr Asp Gln Glu Ser Thr Asn Arg Gln
                4885                4890                4895
Ile Glu Gly Leu Ser Ser Leu Asn Thr Ala Gln Ile Asn Ala Glu Lys
            4900                4905                4910
Asp Leu Val Asn Gln Ala Lys Thr Arg Thr Asp Val Ala Gln Lys Leu
        4915                4920                4925
Ala Ala Ala Lys Glu Ile Asn Ser Ala Met Ser Asn Leu Arg Asp Gly
    4930                4935                4940
Ile Gln Asn Lys Glu Asp Ile Lys Arg Ser Ser Ala Tyr Ile Asn Ala
4945                4950                4955                4960
Asp Pro Thr Lys Val Thr Ala Tyr Asp Gln Ala Leu Gln Asn Ala Glu
                4965                4970                4975
Asn Ile Ile Asn Ala Thr Pro Asn Val Glu Leu Asn Lys Ala Thr Ile
            4980                4985                4990
Glu Gln Ala Leu Ser Arg Val Gln Gln Ala Gln Gln Asp Leu Asp Gly
        4995                5000                5005
Val Gln Gln Leu Ala Asn Ala Lys Gln Gln Ala Thr Gln Thr Val Asn
    5010                5015                5020
Gly Leu Asn Ser Leu Asn Asp Gly Gln Lys Arg Glu Leu Asn Leu Leu
5025                5030                5035                5040
Ile Asn Ser Ala Asn Thr Arg Thr Lys Val Gln Glu Glu Leu Asn Lys
                5045                5050                5055
Ala Thr Glu Leu Asn His Ala Met Glu Ala Leu Arg Asn Ser Val Gln
            5060                5065                5070
Asn Val Asp Gln Val Lys Gln Ser Ser Asn Tyr Val Asn Glu Asp Gln
        5075                5080                5085
Pro Glu Gln His Asn Tyr Asp Asn Ala Val Asn Glu Ala Gln Ala Thr
    5090                5095                5100
Ile Asn Asn Asn Ala Gln Pro Val Leu Asp Lys Leu Ala Ile Glu Arg
5105                5110                5115                5120
Leu Thr Gln Thr Val Asn Thr Thr Lys Asp Ala Leu His Gly Ala Gln
                5125                5130                5135
Lys Leu Thr Gln Asp Gln Gln Ala Ala Glu Thr Gly Ile Arg Gly Leu
            5140                5145                5150
Thr Ser Leu Asn Glu Pro Gln Lys Asn Ala Glu Val Ala Lys Val Thr
        5155                5160                5165
Ala Ala Thr Thr Arg Asp Glu Val Arg Asn Ile Arg Gln Glu Ala Thr
    5170                5175                5180
Thr Leu Asp Thr Ala Met Leu Gly Leu Arg Lys Ser Ile Lys Asp Lys
5185                5190                5195                5200
Asn Asp Thr Lys Asn Ser Ser Lys Tyr Ile Asn Glu Asp His Asp Gln
                5205                5210                5215
Gln Gln Ala Tyr Asp Asn Ala Val Asn Asn Ala Gln Gln Val Ile Asp
            5220                5225                5230
Glu Thr Gln Ala Thr Leu Ser Ser Asp Thr Ile Asn Gln Leu Ala Asn
        5235                5240                5245
Ala Val Thr Gln Ala Lys Ser Asn Leu His Gly Asp Thr Lys Leu Gln
    5250                5255                5260
His Asp Lys Asp Ser Ala Lys Gln Thr Ile Ala Gln Leu Gln Asn Leu
5265                5270                5275                5280
Asn Ser Ala Gln Lys His Met Glu Asp Ser Leu Ile Asp Asn Glu Ser
                5285                5290                5295
Thr Arg Thr Gln Val Gln His Asp Leu Thr Glu Ala Gln Ala Leu Asp
            5300                5305                5310
Gly Leu Met Gly Ala Leu Lys Glu Ser Ile Lys Asp Tyr Thr Asn Ile
        5315                5320                5325
Val Ser Asn Gly Asn Tyr Ile Asn Ala Glu Pro Ser Lys Lys Gln Ala
    5330                5335                5340
```

```
Tyr Asp Ala Ala Val Gln Asn Ala Gln Asn Ile Ile Asn Gly Thr Asn
5345                5350                5355                5360
Gln Pro Thr Ile Asn Lys Gly Asn Val Thr Thr Ala Thr Gln Thr Val
                5365                5370                5375
Lys Asn Thr Lys Asp Ala Leu Asp Gly Asp His Arg Leu Glu Glu Ala
            5380                5385                5390
Lys Asn Asn Ala Asn Gln Thr Ile Arg Asn Leu Ser Asn Leu Asn Asn
        5395                5400                5405
Ala Gln Lys Asp Ala Glu Lys Asn Leu Val Asn Ser Ala Ser Thr Leu
    5410                5415                5420
Glu Gln Val Gln Gln Asn Leu Gln Thr Ala Gln Gln Leu Asp Asn Ala
5425                5430                5435                5440
Met Gly Glu Leu Arg Gln Ser Ile Ala Lys Lys Asp Gln Val Lys Ala
                5445                5450                5455
Asp Ser Lys Tyr Leu Asn Glu Asp Pro Gln Ile Lys Gln Asn Tyr Asp
            5460                5465                5470
Asp Ala Val Gln Arg Val Glu Thr Ile Ile Asn Glu Thr Gln Asn Pro
        5475                5480                5485
Glu Leu Leu Lys Ala Asn Ile Asp Gln Ala Thr Gln Ser Val Gln Asn
    5490                5495                5500
Ala Glu Gln Ala Leu His Gly Ala Glu Lys Leu Asn Gln Asp Lys Gln
5505                5510                5515                5520
Thr Ser Ser Thr Glu Leu Asp Gly Leu Thr Asp Leu Thr Asp Ala Gln
                5525                5530                5535
Arg Glu Lys Leu Arg Glu Gln Ile Asn Thr Ser Asn Ser Arg Asp Asp
            5540                5545                5550
Ile Lys Gln Lys Ile Glu Gln Ala Lys Ala Leu Asn Asp Ala Met Lys
        5555                5560                5565
Lys Leu Lys Glu Gln Val Ala Gln Lys Asp Gly Val His Ala Asn Ser
    5570                5575                5580
Asp Tyr Thr Asn Glu Asp Ser Ala Gln Lys Asp Ala Tyr Asn Asn Ala
5585                5590                5595                5600
Leu Lys Gln Ala Glu Asp Ile Ile Asn Asn Ser Ser Asn Pro Asn Leu
                5605                5610                5615
Asn Ala Gln Asp Ile Thr Asn Ala Leu Asn Asn Ile Lys Gln Ala Gln
            5620                5625                5630
Asp Asn Leu His Gly Ala Gln Lys Leu Gln Gln Asp Lys Asn Thr Thr
        5635                5640                5645
Asn Gln Ala Ile Gly Asn Leu Asn His Leu Asn Gln Pro Gln Lys Asp
    5650                5655                5660
Ala Leu Ile Gln Ala Ile Asn Gly Ala Thr Ser Arg Asp Gln Val Ala
5665                5670                5675                5680
Glu Lys Leu Lys Glu Ala Glu Ala Leu Asp Glu Ala Met Lys Gln Leu
                5685                5690                5695
Glu Asp Gln Val Asn Gln Asp Asp Gln Ile Ser Asn Ser Ser Pro Phe
            5700                5705                5710
Ile Asn Glu Asp Ser Asp Lys Gln Lys Thr Tyr Asn Asp Lys Ile Gln
        5715                5720                5725
Ala Ala Lys Glu Ile Ile Asn Gln Thr Ser Asn Pro Thr Leu Asp Lys
    5730                5735                5740
Gln Lys Ile Ala Asp Thr Leu Gln Asn Ile Lys Asp Ala Val Asn Asn
5745                5750                5755                5760
Leu His Gly Asp Gln Lys Leu Ala Gln Ser Lys Gln Asp Ala Asn Asn
                5765                5770                5775
Gln Leu Asn His Leu Asp Asp Leu Thr Glu Glu Gln Lys Asn His Phe
            5780                5785                5790
Lys Pro Leu Ile Asn Asn Ala Asp Thr Arg Asp Glu Val Asn Lys Gln
        5795                5800                5805
Leu Glu Ile Ala Lys Gln Leu Asn Gly Asp Met Ser Thr Leu His Lys
    5810                5815                5820
Val Ile Asn Asp Lys Asp Gln Ile Gln His Leu Ser Asn Tyr Ile Asn
5825                5830                5835                5840
Ala Asp Asn Asp Lys Lys Gln Asn Tyr Asp Asn Ala Ile Lys Glu Ala
                5845                5850                5855
Glu Asp Leu Ile His Asn His Pro Asp Thr Leu Asp His Lys Ala Leu
            5860                5865                5870
Gln Asp Leu Leu Asn Lys Ile Asp Gln Ala His Asn Glu Leu Asn Gly
        5875                5880                5885
```

```
Glu Ser Arg Phe Lys Gln Ala Leu Asp Asn Ala Leu Asn Asp Ile Asp
    5890                5895                5900
Ser Leu Asn Ser Leu Asn Val Pro Gln Arg Gln Thr Val Lys Asp Asn
5905                5910                5915                5920
Ile Asn His Val Thr Thr Leu Glu Ser Leu Ala Gln Glu Leu Gln Lys
                5925                5930                5935
Ala Lys Glu Leu Asn Asp Ala Met Lys Ala Met Arg Asp Ser Ile Met
            5940                5945                5950
Asn Gln Glu Gln Ile Arg Lys Asn Ser Asn Tyr Thr Asn Glu Asp Leu
        5955                5960                5965
Ala Gln Gln Asn Ala Tyr Asn His Ala Val Asp Lys Ile Asn Asn Ile
    5970                5975                5980
Ile Gly Glu Asp Asn Ala Thr Met Asp Pro Gln Ile Ile Lys Gln Ala
5985                5990                5995                6000
Thr Gln Asp Ile Asn Thr Ala Ile Asn Gly Leu Asn Gly Asp Gln Lys
                6005                6010                6015
Leu Gln Asp Ala Lys Thr Asp Ala Lys Gln Gln Ile Thr Asn Phe Thr
            6020                6025                6030
Gly Leu Thr Glu Pro Gln Lys Gln Ala Leu Glu Asn Ile Ile Asn Gln
        6035                6040                6045
Gln Thr Ser Arg Ala Asn Val Ala Lys Gln Leu Ser His Ala Lys Phe
    6050                6055                6060
Leu Asn Gly Lys Met Glu Glu Leu Lys Val Ala Val Ala Lys Ala Ser
6065                6070                6075                6080
Leu Val Arg Gln Asn Ser Asn Tyr Ile Asn Glu Asp Val Ser Glu Lys
                6085                6090                6095
Glu Ala Tyr Glu Gln Ala Ile Ala Lys Gly Gln Glu Ile Ile Asn Ser
            6100                6105                6110
Glu Asn Asn Pro Thr Ile Ser Ser Thr Asp Ile Asn Arg Thr Ile Gln
        6115                6120                6125
Glu Ile Asn Asp Ala Glu Gln Asn Leu His Gly Asp Asn Lys Leu Arg
    6130                6135                6140
Gln Ala Gln Glu Ile Ala Lys Asn Glu Ile Gln Asn Leu Asp Gly Leu
6145                6150                6155                6160
Asn Ser Ala Gln Ile Thr Lys Leu Ile Gln Asp Ile Gly Arg Thr Thr
                6165                6170                6175
Thr Lys Pro Ala Val Thr Gln Lys Leu Glu Glu Ala Lys Ala Ile Asn
            6180                6185                6190
Gln Ala Met Gln Gln Leu Lys Gln Ser Ile Ala Asp Lys Asp Ala Thr
        6195                6200                6205
Leu Asn Ser Ser Asn Tyr Leu Asn Glu Asp Ser Glu Lys Lys Leu Ala
    6210                6215                6220
Tyr Asp Asn Ala Val Ser Gln Ala Glu Gln Leu Ile Asn Gln Leu Asn
6225                6230                6235                6240
Asp Pro Thr Met Asp Ile Ser Asn Ile Gln Ala Ile Thr Gln Lys Val
                6245                6250                6255
Ile Gln Ala Lys Asp Ser Leu His Gly Ala Asn Lys Leu Ala Gln Asn
            6260                6265                6270
Gln Ala Asp Ser Asn Leu Ile Ile Asn Gln Ser Thr Asn Leu Asn Asp
        6275                6280                6285
Lys Gln Lys Gln Ala Leu Asn Asp Leu Ile Asn His Ala Gln Thr Lys
    6290                6295                6300
Gln Gln Val Ala Glu Ile Ile Ala Gln Ala Asn Lys Leu Asn Asn Glu
6305                6310                6315                6320
Met Gly Thr Leu Lys Thr Leu Val Glu Glu Gln Ser Asn Val His Gln
                6325                6330                6335
Gln Ser Lys Tyr Ile Asn Glu Asp Pro Gln Val Gln Asn Ile Tyr Asn
            6340                6345                6350
Asp Ser Ile Gln Lys Gly Arg Glu Ile Leu Asn Gly Thr Thr Asp Asp
        6355                6360                6365
Val Leu Asn Asn Asn Lys Ile Ala Asp Ala Ile Gln Asn Ile His Leu
    6370                6375                6380
Thr Lys Asn Asp Leu His Gly Asp Gln Lys Leu Gln Lys Ala Gln Gln
6385                6390                6395                6400
Asp Ala Thr Asn Glu Leu Asn Tyr Leu Thr Asn Leu Asn Asn Ser Gln
                6405                6410                6415
Arg Gln Ser Glu His Asp Glu Ile Asn Ser Ala Pro Ser Arg Thr Glu
            6420                6425                6430
```

```
Val Ser Asn Asp Leu Asn His Ala Lys Ala Leu Asn Glu Ala Met Arg
        6435                6440                6445
Gln Leu Glu Asn Glu Val Ala Leu Glu Asn Ser Val Lys Lys Leu Ser
    6450                6455                6460
Asp Phe Ile Asn Glu Asp Glu Ala Ala Gln Asn Glu Tyr Ser Asn Ala
6465                6470                6475                6480
Leu Gln Lys Ala Lys Asp Ile Ile Asn Gly Val Pro Ser Ser Thr Leu
                6485                6490                6495
Asp Lys Ala Thr Ile Glu Asp Ala Leu Leu Glu Leu Gln Asn Ala Arg
            6500                6505                6510
Glu Ser Leu His Gly Glu Gln Lys Leu Gln Glu Ala Lys Asn Gln Ala
        6515                6520                6525
Val Ala Glu Ile Asp Asn Leu Gln Ala Leu Asn Pro Gly Gln Val Leu
    6530                6535                6540
Ala Glu Lys Thr Leu Val Asn Gln Ala Ser Thr Lys Pro Glu Val Gln
6545                6550                6555                6560
Glu Ala Leu Gln Lys Ala Lys Glu Leu Asn Glu Ala Met Lys Ala Leu
                6565                6570                6575
Lys Thr Glu Ile Asn Lys Lys Glu Gln Ile Lys Ala Asp Ser Arg Tyr
            6580                6585                6590
Val Asn Ala Asp Ser Gly Leu Gln Ala Asn Tyr Asn Ser Ala Leu Asn
        6595                6600                6605
Tyr Gly Ser Gln Ile Ile Ala Thr Thr Gln Pro Pro Glu Leu Asn Lys
    6610                6615                6620
Asp Val Ile Asn Arg Ala Thr Gln Thr Ile Lys Thr Ala Glu Asn Asn
6625                6630                6635                6640
Leu Asn Gly Gln Ser Lys Leu Ala Glu Ala Lys Ser Asp Gly Asn Gln
                6645                6650                6655
Ser Ile Glu His Leu Gln Gly Leu Thr Gln Ser Gln Lys Asp Lys Gln
            6660                6665                6670
His Asp Leu Ile Asn Gln Ala Gln Thr Lys Gln Gln Val Asp Asp Ile
        6675                6680                6685
Val Asn Asn Ser Lys Gln Leu Asp Asn Ser Met Asn Gln Leu Gln Gln
    6690                6695                6700
Ile Val Asn Asn Asp Asn Thr Val Lys Gln Asn Ser Asp Phe Ile Asn
6705                6710                6715                6720
Glu Asp Ser Ser Gln Gln Asp Ala Tyr Asn His Ala Ile Gln Ala Ala
                6725                6730                6735
Lys Asp Leu Ile Thr Ala His Pro Thr Ile Met Asp Lys Asn Gln Ile
            6740                6745                6750
Asp Gln Ala Ile Glu Asn Ile Lys Gln Ala Leu Asn Asp Leu His Gly
        6755                6760                6765
Ser Asn Lys Leu Ser Glu Asp Lys Lys Glu Ala Ser Glu Gln Leu Gln
    6770                6775                6780
Asn Leu Asn Ser Leu Thr Asn Gly Gln Lys Asp Thr Ile Leu Asn His
6785                6790                6795                6800
Ile Phe Ser Ala Pro Thr Arg Ser Gln Val Gly Glu Lys Ile Ala Ser
                6805                6810                6815
Ala Lys Gln Leu Asn Asn Thr Met Lys Ala Leu Arg Asp Ser Ile Ala
            6820                6825                6830
Asp Asn Asn Glu Ile Leu Gln Ser Ser Lys Tyr Phe Asn Glu Asp Ser
        6835                6840                6845
Glu Gln Gln Asn Ala Tyr Asn Gln Ala Val Asn Lys Ala Lys Asn Ile
    6850                6855                6860
Ile Asn Asp Gln Pro Thr Pro Val Met Ala Asn Asp Glu Ile Gln Ser
6865                6870                6875                6880
Val Leu Asn Glu Val Lys Gln Thr Lys Asp Asn Leu His Gly Asp Gln
                6885                6890                6895
Lys Leu Ala Asn Asp Lys Thr Asp Ala Gln Ala Thr Leu Asn Ala Leu
            6900                6905                6910
Asn Tyr Leu Asn Gln Ala Gln Arg Gly Asn Leu Glu Thr Lys Val Gln
        6915                6920                6925
Asn Ser Asn Ser Arg Pro Glu Val Gln Lys Val Val Gln Leu Ala Asn
    6930                6935                6940
Gln Leu Asn Asp Ala Met Lys Lys Leu Asp Asp Ala Leu Thr Gly Asn
6945                6950                6955                6960
Asp Ala Ile Lys Gln Thr Ser Asn Tyr Ile Asn Glu Asp Thr Ser Gln
                6965                6970                6975
```

Gln Val Asn Phe Asp Glu Tyr Thr Asp Arg Gly Lys Asn Ile Val Ala
6980 6985 6990
Glu Gln Thr Asn Pro Asn Met Ser Pro Thr Asn Ile Asn Thr Ile Ala
6995 7000 7005
Asp Lys Ile Thr Glu Ala Lys Asn Asp Leu His Gly Val Gln Lys Leu
7010 7015 7020
Lys Gln Ala Gln Gln Gln Ser Ile Asn Thr Ile Asn Gln Met Thr Gly
7025 7030 7035 7040
Leu Asn Gln Ala Gln Lys Glu Gln Leu Asn Gln Glu Ile Gln Gln Thr
7045 7050 7055
Gln Thr Arg Ser Glu Val His Gln Val Ile Asn Lys Ala Gln Ala Leu
7060 7065 7070
Asn Asp Ser Met Asn Thr Leu Arg Gln Ser Ile Thr Asp Glu His Glu
7075 7080 7085
Val Lys Gln Thr Ser Asn Tyr Ile Asn Glu Thr Val Gly Asn Gln Thr
7090 7095 7100
Ala Tyr Asn Asn Ala Val Asp Arg Val Lys Gln Ile Ile Asn Gln Thr
7105 7110 7115 7120
Ser Asn Pro Thr Met Asn Pro Leu Glu Val Glu Arg Ala Thr Ser Asn
7125 7130 7135
Val Lys Ile Ser Lys Asp Ala Leu His Gly Glu Arg Glu Leu Asn Asp
7140 7145 7150
Asn Lys Asn Ser Lys Thr Phe Ala Val Asn His Leu Asp Asn Leu Asn
7155 7160 7165
Gln Ala Gln Lys Glu Ala Leu Thr His Glu Ile Glu Gln Ala Thr Ile
7170 7175 7180
Val Ser Gln Val Asn Asn Ile Tyr Asn Lys Ala Lys Ala Leu Asn Asn
7185 7190 7195 7200
Asp Met Lys Lys Leu Lys Asp Ile Val Ala Gln Gln Asp Asn Val Arg
7205 7210 7215
Gln Ser Asn Asn Tyr Ile Asn Glu Asp Ser Thr Pro Gln Asn Met Tyr
7220 7225 7230
Asn Asp Thr Ile Asn His Ala Gln Ser Ile Ile Asp Gln Val Ala Asn
7235 7240 7245
Pro Thr Met Ser His Asp Glu Ile Glu Asn Ala Ile Asn Asn Ile Lys
7250 7255 7260
His Ala Ile Asn Ala Leu Asp Gly Glu His Lys Leu Gln Gln Ala Lys
7265 7270 7275 7280
Glu Asn Ala Asn Leu Leu Ile Asn Ser Leu Asn Asp Leu Asn Ala Pro
7285 7290 7295
Gln Arg Asp Ala Ile Asn Arg Leu Val Asn Glu Ala Gln Thr Arg Glu
7300 7305 7310
Lys Val Ala Glu Gln Leu Gln Ser Ala Gln Ala Leu Asn Asp Ala Met
7315 7320 7325
Lys His Leu Arg Asn Ser Ile Gln Asn Gln Ser Ser Val Arg Gln Glu
7330 7335 7340
Ser Lys Tyr Ile Asn Ala Ser Asp Ala Lys Lys Glu Gln Tyr Asn His
7345 7350 7355 7360
Ala Val Arg Glu Val Glu Asn Ile Ile Asn Glu Gln His Pro Thr Leu
7365 7370 7375
Asp Lys Glu Ile Ile Lys Gln Leu Thr Asp Gly Val Asn Gln Ala Asn
7380 7385 7390
Asn Asp Leu Asn Gly Val Glu Leu Leu Asp Ala Asp Lys Gln Asn Ala
7395 7400 7405
His Gln Ser Ile Pro Thr Leu Met His Leu Asn Gln Ala Gln Gln Asn
7410 7415 7420
Ala Leu Asn Glu Lys Ile Asn Asn Ala Val Thr Arg Thr Glu Val Ala
7425 7430 7435 7440
Ala Ile Ile Gly Gln Ala Lys Leu Leu Asp His Ala Met Glu Asn Leu
7445 7450 7455
Glu Glu Ser Ile Lys Asp Lys Glu Gln Val Lys Gln Ser Ser Asn Tyr
7460 7465 7470
Ile Asn Glu Asp Ser Asp Val Gln Glu Thr Tyr Asp Asn Ala Val Asp
7475 7480 7485
His Val Thr Glu Ile Leu Asn Gln Thr Val Asn Pro Thr Leu Ser Ile
7490 7495 7500
Glu Asp Ile Glu His Ala Ile Asn Glu Val Asn Gln Ala Lys Lys Gln
7505 7510 7515 7520

Leu Arg Gly Lys Gln Lys Leu Tyr Gln Thr Ile Asp Leu Ala Asp Lys
7525 7530 7535
Glu Leu Ser Lys Leu Asp Asp Leu Thr Ser Gln Gln Ser Ser Ser Ile
7540 7545 7550
Ser Asn Gln Ile Tyr Thr Ala Lys Thr Arg Thr Glu Val Ala Gln Ala
7555 7560 7565
Ile Glu Lys Ala Lys Ser Leu Asn His Ala Met Lys Ala Leu Asn Lys
7570 7575 7580
Val Tyr Lys Asn Ala Asp Lys Val Leu Asp Ser Ser Arg Phe Ile Asn
7585 7590 7595 7600
Glu Asp Gln Pro Glu Lys Lys Ala Tyr Gln Gln Ala Ile Asn His Val
7605 7610 7615
Asp Ser Ile Ile His Arg Gln Thr Asn Pro Glu Met Asp Pro Thr Val
7620 7625 7630
Ile Asn Ser Ile Thr His Glu Leu Glu Thr Ala Gln Asn Asn Leu His
7635 7640 7645
Gly Asp Gln Lys Leu Ala His Ala Gln Gln Asp Ala Ala Asn Val Ile
7650 7655 7660
Asn Gly Leu Ile His Leu Asn Val Ala Gln Arg Glu Val Met Ile Asn
7665 7670 7675 7680
Thr Asn Thr Asn Ala Thr Thr Arg Glu Lys Val Ala Lys Asn Leu Asp
7685 7690 7695
Asn Ala Gln Ala Leu Asp Lys Ala Met Glu Thr Leu Gln Gln Val Val
7700 7705 7710
Ala His Lys Asn Asn Ile Leu Asn Asp Ser Lys Tyr Leu Asn Glu Asp
7715 7720 7725
Ser Lys Tyr Gln Gln Gln Tyr Asp Arg Val Ile Ala Asp Ala Glu Gln
7730 7735 7740
Leu Leu Asn Gln Thr Thr Asn Pro Thr Leu Glu Pro Tyr Lys Val Asp
7745 7750 7755 7760
Ile Val Lys Asp Asn Val Leu Ala Asn Glu Lys Ile Leu Phe Gly Ala
7765 7770 7775
Glu Lys Leu Ser Tyr Asp Lys Ser Asn Ala Asn Asp Glu Ile Lys His
7780 7785 7790
Met Asn Tyr Leu Asn Asn Ala Gln Lys Gln Ser Ile Lys Asp Met Ile
7795 7800 7805
Ser His Ala Ala Leu Arg Thr Glu Val Lys Gln Leu Leu Gln Gln Ala
7810 7815 7820
Lys Ile Leu Asp Glu Ala Met Lys Ser Leu Glu Asp Lys Thr Gln Val
7825 7830 7835 7840
Val Ile Thr Asp Thr Thr Leu Pro Asn Tyr Thr Glu Ala Ser Glu Asp
7845 7850 7855
Lys Lys Glu Lys Val Asp Gln Thr Val Ser His Ala Gln Ala Ile Ile
7860 7865 7870
Asp Lys Ile Asn Gly Ser Asn Val Ser Leu Asp Gln Val Arg Gln Ala
7875 7880 7885
Leu Glu Gln Leu Thr Gln Ala Ser Glu Asn Leu Asp Gly Asp Gln Arg
7890 7895 7900
Val Glu Glu Ala Lys Val His Ala Asn Gln Thr Ile Asp Gln Leu Thr
7905 7910 7915 7920
His Leu Asn Ser Leu Gln Gln Gln Thr Ala Lys Glu Ser Val Lys Asn
7925 7930 7935
Ala Thr Lys Leu Glu Glu Ile Ala Thr Val Ser Asn Asn Ala Gln Ala
7940 7945 7950
Leu Asn Lys Val Met Gly Lys Leu Glu Gln Phe Ile Asn His Ala Asp
7955 7960 7965
Ser Val Glu Asn Ser Asp Asn Tyr Arg Gln Ala Asp Asp Asp Lys Ile
7970 7975 7980
Ile Ala Tyr Asp Glu Ala Leu Glu His Gly Gln Asp Ile Gln Lys Thr
7985 7990 7995 8000
Asn Ala Thr Gln Asn Glu Thr Lys Gln Ala Leu Gln Gln Leu Ile Tyr
8005 8010 8015
Ala Glu Thr Ser Leu Asn Gly Phe Glu Arg Leu Asn His Ala Arg Pro
8020 8025 8030
Arg Ala Leu Glu Tyr Ile Lys Ser Leu Glu Lys Ile Asn Asn Ala Gln
8035 8040 8045
Lys Ser Ala Leu Glu Asp Lys Val Thr Gln Ser His Asp Leu Leu Glu
8050 8055 8060

```
Leu Glu His Ile Val Asn Glu Gly Thr Asn Leu Asn Asp Ile Met Gly
8065                8070                8075                8080
Glu Leu Ala Asn Ala Ile Val Asn Asn Tyr Ala Pro Thr Lys Ala Ser
                8085                8090                8095
Ile Asn Tyr Ile Asn Ala Asp Asn Leu Arg Lys Asp Asn Phe Thr Gln
            8100                8105                8110
Ala Ile Asn Asn Ala Arg Asp Ala Leu Asn Lys Thr Gln Gly Gln Asn
        8115                8120                8125
Leu Asp Phe Asn Ala Ile Asp Thr Phe Lys Asp Asp Ile Phe Lys Thr
    8130                8135                8140
Lys Asp Ala Leu Asn Gly Ile Glu Arg Leu Thr Ala Ala Lys Ser Lys
8145                8150                8155                8160
Ala Glu Lys Leu Ile Asp Ser Leu Lys Phe Ile Asn Lys Ala Gln Phe
                8165                8170                8175
Thr His Ala Asn Asp Glu Ile Met Asn Thr Asn Ser Ile Ala Gln Leu
            8180                8185                8190
Ser Arg Ile Val Asn Gln Ala Phe Asp Leu Asn Asp Ala Met Lys Ser
        8195                8200                8205
Leu Arg Asp Glu Leu Asn Asn Gln Ala Phe Pro Val Gln Ala Ser Ser
    8210                8215                8220
Asn Tyr Ile Asn Ser Asp Glu Asp Leu Lys Gln Gln Phe Asp His Ala
8225                8230                8235                8240
Leu Ser Asn Ala Arg Lys Val Leu Ala Lys Glu Asn Gly Lys Asn Leu
                8245                8250                8255
Asp Glu Lys Gln Ile Gln Gly Leu Lys Gln Val Ile Glu Asp Thr Lys
            8260                8265                8270
Asp Ala Leu Asn Gly Ile Gln Arg Leu Ser Lys Ala Lys Ala Lys Ala
        8275                8280                8285
Ile Gln Tyr Val Gln Ser Leu Ser Tyr Ile Asn Asp Ala Gln Arg His
    8290                8295                8300
Ile Ala Glu Asn Asn Ile His Asn Ser Asp Asp Leu Ser Ser Leu Ala
8305                8310                8315                8320
Asn Thr Leu Ser Lys Ala Ser Asp Leu Asp Asn Ala Met Lys Asp Leu
                8325                8330                8335
Arg Asp Thr Ile Glu Ser Asn Ser Thr Ser Val Pro Asn Ser Val Asn
            8340                8345                8350
Tyr Ile Asn Ala Asp Lys Asn Leu Gln Ile Glu Phe Asp Glu Ala Leu
        8355                8360                8365
Gln Gln Ala Ser Ala Thr Ser Ser Lys Thr Ser Glu Asn Pro Ala Thr
    8370                8375                8380
Ile Glu Glu Val Leu Gly Leu Ser Gln Ala Ile Tyr Asp Thr Lys Asn
8385                8390                8395                8400
Ala Leu Asn Gly Glu Gln Arg Leu Ala Thr Glu Lys Ser Lys Asp Leu
                8405                8410                8415
Lys Leu Ile Lys Gly Leu Lys Asp Leu Asn Lys Ala Gln Leu Glu Asp
            8420                8425                8430
Val Thr Asn Lys Val Asn Ser Ala Asn Thr Leu Thr Glu Leu Ser Gln
        8435                8440                8445
Leu Thr Gln Ser Thr Leu Glu Leu Asn Asp Lys Met Lys Leu Leu Arg
    8450                8455                8460
Asp Lys Leu Lys Thr Leu Val Asn Pro Val Lys Ala Ser Leu Asn Tyr
8465                8470                8475                8480
Arg Asn Ala Asp Tyr Asn Leu Lys Arg Gln Phe Asn Lys Ala Leu Lys
                8485                8490                8495
Glu Ala Lys Gly Val Leu Asn Lys Asn Ser Gly Thr Asn Val Asn Ile
            8500                8505                8510
Asn Asp Ile Gln His Leu Leu Thr Gln Ile Asp Asn Ala Lys Asp Gln
        8515                8520                8525
Leu Asn Gly Glu Arg Arg Leu Lys Glu His Gln Gln Lys Ser Glu Val
    8530                8535                8540
Phe Ile Ile Lys Glu Leu Asp Ile Leu Asn Asn Ala Gln Lys Ala Ala
8545                8550                8555                8560
Ile Ile Asn Gln Ile Arg Ala Ser Lys Asp Ile Lys Ile Ile Asn Gln
                8565                8570                8575
Ile Val Asp Asn Ala Ile Glu Leu Asn Asp Ala Met Gln Gly Leu Lys
            8580                8585                8590
Glu His Val Ala Gln Leu Thr Ala Thr Thr Lys Asp Asn Ile Glu Tyr
        8595                8600                8605
```

```
Leu Asn Ala Asp Glu Asp His Lys Leu Gln Tyr Asp Tyr Ala Ile Asn
    8610                8615                8620
Leu Ala Asn Asn Val Leu Asp Lys Glu Asn Gly Thr Asn Lys Asp Ala
8625                8630                8635                8640
Asn Ile Ile Ile Gly Met Ile Gln Asn Met Asp Asp Ala Arg Ala Leu
                8645                8650                8655
Leu Asn Gly Ile Glu Arg Leu Lys Asp Ala Gln Thr Lys Ala His Asn
            8660                8665                8670
Asp Ile Lys Asp Thr Leu Lys Arg Gln Leu Asp Glu Ile Glu His Ala
        8675                8680                8685
Asn Ala Thr Ser Asn Ser Lys Ala Gln Ala Lys Gln Met Val Asn Glu
    8690                8695                8700
Glu Ala Arg Lys Ala Leu Ser Asn Ile Asn Asp Ala Thr Ser Asn Asp
8705                8710                8715                8720
Leu Val Asn Gln Ala Lys Asp Glu Gly Gln Ser Ala Ile Glu His Ile
                8725                8730                8735
His Ala Asp Glu Leu Pro Lys Ala Lys Leu Asp Ala Asn Gln Met Ile
            8740                8745                8750
Asp Gln Lys Val Glu Asp Ile Asn His Leu Ile Ser Gln Asn Pro Asn
        8755                8760                8765
Leu Ser Asn Glu Glu Lys Asn Lys Leu Ile Ser Gln Ile Asn Lys Leu
    8770                8775                8780
Val Asn Gly Ile Lys Asn Glu Ile Gln Gln Ala Ile Asn Lys Gln Gln
8785                8790                8795                8800
Ile Glu Asn Ala Thr Thr Lys Leu Asp Glu Val Ile Glu Thr Thr Lys
                8805                8810                8815
Lys Leu Ile Ile Ala Lys Ala Glu Ala Lys Gln Met Ile Lys Glu Leu
            8820                8825                8830
Ser Gln Lys Lys Arg Asp Ala Ile Asn Asn Asn Thr Asp Leu Thr Pro
        8835                8840                8845
Ser Gln Lys Ala His Ala Leu Ala Asp Ile Asp Lys Thr Glu Lys Asp
    8850                8855                8860
Ala Leu Gln His Ile Glu Asn Ser Asn Ser Ile Asp Asp Ile Asn Asn
8865                8870                8875                8880
Asn Lys Glu His Ala Phe Asn Thr Leu Ala His Ile Ile Ile Trp Asp
                8885                8890                8895
Thr Asp Gln Gln Pro Leu Val Phe Glu Leu Pro Glu Leu Ser Leu Gln
            8900                8905                8910
Asn Ala Leu Val Thr Ser Glu Val Val Val His Arg Asp Glu Thr Ile
        8915                8920                8925
Ser Leu Glu Ser Ile Ile Gly Ala Met Thr Leu Thr Asp Glu Leu Lys
    8930                8935                8940
Val Asn Ile Val Ser Leu Pro Asn Thr Asp Lys Val Ala Asp His Leu
8945                8950                8955                8960
Thr Ala Lys Val Lys Val Ile Leu Ala Asp Gly Ser Tyr Val Thr Val
                8965                8970                8975
Asn Val Pro Val Lys Val Val Glu Lys Glu Leu Gln Ile Ala Lys Lys
            8980                8985                8990
Asp Ala Ile Lys Thr Ile Asp Val Leu Val Lys Gln Lys Ile Lys Asp
        8995                9000                9005
Ile Asp Ser Asn Asn Glu Leu Thr Ser Thr Gln Arg Glu Asp Ala Lys
    9010                9015                9020
Ala Glu Ile Glu Arg Leu Lys Lys Gln Ala Ile Asp Lys Val Asn His
9025                9030                9035                9040
Ser Lys Ser Ile Lys Asp Ile Glu Thr Val Lys Arg Thr Asp Phe Glu
                9045                9050                9055
Glu Ile Asp Gln Phe Asp Pro Lys Arg Phe Thr Leu Asn Lys Ala Lys
            9060                9065                9070
Lys Asp Ile Ile Thr Asp Val Asn Thr Gln Ile Gln Asn Gly Phe Lys
        9075                9080                9085
Glu Ile Glu Thr Ile Lys Gly Leu Thr Ser Asn Glu Lys Thr Gln Phe
    9090                9095                9100
Asp Lys Gln Leu Thr Ala Leu Gln Lys Glu Phe Leu Glu Lys Val Glu
9105                9110                9115                9120
His Ala His Asn Leu Val Glu Leu Asn Gln Leu Gln Gln Glu Phe Asn
                9125                9130                9135
Asn Arg Tyr Lys His Ile Leu Asn Gln Ala His Leu Leu Gly Glu Lys
            9140                9145                9150
```

```
His Ile Ala Glu His Lys Leu Gly Tyr Val Val Val Asn Lys Thr Gln
        9155                9160                9165
Gln Ile Leu Asn Asn Gln Ser Ala Ser Tyr Phe Ile Lys Gln Trp Ala
    9170                9175                9180
Leu Asp Arg Ile Lys Gln Ile Gln Leu Glu Thr Met Asn Ser Ile Arg
9185                9190                9195                9200
Gly Ala His Thr Val Gln Asp Val His Lys Ala Leu Leu Gln Gly Ile
                9205                9210                9215
Glu Gln Ile Leu Lys Val Asn Val Ser Ile Ile Asn Gln Ser Phe Asn
            9220                9225                9230
Asp Ser Leu His Asn Phe Asn Tyr Leu His Ser Lys Phe Asp Ala Arg
        9235                9240                9245
Leu Arg Glu Lys Asp Val Ala Asn His Ile Val Gln Thr Glu Thr Phe
    9250                9255                9260
Lys Glu Val Leu Lys Gly Thr Gly Val Glu Pro Gly Lys Ile Asn Lys
9265                9270                9275                9280
Glu Thr Gln Gln Pro Lys Leu His Lys Asn Asp Asn Asp Ser Leu Phe
                9285                9290                9295
Lys His Leu Val Asp Asn Phe Gly Lys Thr Val Gly Val Ile Thr Leu
            9300                9305                9310
Thr Gly Leu Leu Ser Ser Phe Trp Leu Val Leu Ala Lys Arg Arg Lys
        9315                9320                9325
Lys Glu Glu Glu Glu Lys Gln Ser Ile Lys Asn His His Lys Asp Ile
    9330                9335                9340
Arg Leu Ser Asp Thr Asp Lys Ile Asp Pro Ile Val Ile Thr Lys Arg
9345                9350                9355                9360
Lys Ile Asp Lys Glu Glu Gln Ile Gln Asn Asp Asp Lys His Ser Ile
                9365                9370                9375
Pro Val Ala Lys His Lys Lys Ser Lys Glu Lys Gln Leu Ser Glu Glu
            9380                9385                9390
Asp Ile His Ser Ile Pro Val Val Lys Arg Lys Gln Asn Ser Asp Asn
        9395                9400                9405
Lys Asp Thr Lys Gln Lys Lys Val Thr Ser Lys Lys Lys Lys Thr Pro
    9410                9415                9420
Gln Ser Thr Lys Lys Val Val Lys Thr Lys Lys Arg Ser Lys Lys
9425                9430                9435
```

<210> 16
<211> 1115
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 16

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

```
Tyr Gly Ser Val Asp Ile Gln Lys Asn Pro Thr Asp Leu Gly Val Ser
            180                 185                 190
Glu Val Thr Arg Phe Asn Val Gly Asn Glu Ser Asn Gly Leu Ile Gly
        195                 200                 205
Ala Leu Gln Leu Lys Asn Lys Ile Asp Phe Ser Lys Asp Phe Asn Phe
    210                 215                 220
Lys Val Arg Val Ala Asn Asn His Gln Ser Asn Thr Thr Gly Ala Asp
225                 230                 235                 240
Gly Trp Gly Phe Leu Phe Ser Lys Gly Asn Ala Glu Glu Tyr Leu Thr
                245                 250                 255
Asn Gly Gly Ile Leu Gly Asp Lys Gly Leu Val Asn Ser Gly Gly Phe
            260                 265                 270
Lys Ile Asp Thr Gly Tyr Ile Tyr Thr Ser Ser Met Asp Lys Thr Glu
        275                 280                 285
Lys Gln Ala Gly Gln Gly Tyr Arg Gly Tyr Gly Ala Phe Val Lys Asn
    290                 295                 300
Asp Ser Ser Gly Asn Ser Gln Met Val Gly Glu Asn Ile Asp Lys Ser
305                 310                 315                 320
Lys Thr Asn Phe Leu Asn Tyr Ala Asp Asn Ser Thr Asn Thr Ser Asp
                325                 330                 335
Gly Lys Phe His Gly Gln Arg Leu Asn Asp Val Ile Leu Thr Tyr Val
            340                 345                 350
Ala Ser Thr Gly Lys Met Arg Ala Glu Tyr Ala Gly Lys Thr Trp Glu
        355                 360                 365
Thr Ser Ile Thr Asp Leu Gly Leu Ser Lys Asn Gln Ala Tyr Asn Phe
    370                 375                 380
Leu Ile Thr Ser Ser Gln Arg Trp Gly Leu Asn Gln Gly Ile Asn Ala
385                 390                 395                 400
Asn Gly Trp Met Arg Thr Asp Leu Lys Gly Ser Glu Phe Thr Phe Thr
                405                 410                 415
Pro Glu Ala Pro Lys Thr Ile Thr Glu Leu Glu Lys Lys Val Glu Glu
            420                 425                 430
Ile Pro Phe Lys Lys Glu Arg Lys Phe Asn Pro Asp Leu Ala Pro Gly
        435                 440                 445
Thr Glu Lys Val Thr Arg Glu Gly Gln Lys Gly Glu Lys Thr Ile Thr
    450                 455                 460
Thr Pro Thr Leu Lys Asn Pro Leu Thr Gly Glu Ile Ile Ser Lys Gly
465                 470                 475                 480
Glu Ser Lys Glu Glu Ile Thr Lys Asp Pro Ile Asn Glu Leu Thr Glu
                485                 490                 495
Tyr Gly Pro Glu Thr Ile Ala Pro Gly His Arg Asp Glu Phe Asp Pro
            500                 505                 510
Lys Leu Pro Thr Gly Glu Lys Glu Glu Val Pro Gly Lys Pro Gly Ile
        515                 520                 525
Lys Asn Pro Glu Thr Gly Asp Val Val Arg Pro Pro Val Asp Ser Val
    530                 535                 540
Thr Lys Tyr Gly Pro Val Lys Gly Asp Ser Ile Val Glu Lys Glu Glu
545                 550                 555                 560
Ile Pro Phe Glu Lys Glu Arg Lys Phe Asn Pro Asp Leu Ala Pro Gly
                565                 570                 575
Thr Glu Lys Val Thr Arg Glu Gly Gln Lys Gly Glu Lys Thr Ile Thr
            580                 585                 590
Thr Pro Thr Leu Lys Asn Pro Leu Thr Gly Glu Ile Ile Ser Lys Gly
        595                 600                 605
Glu Ser Lys Glu Glu Ile Thr Lys Asp Pro Ile Asn Glu Leu Thr Glu
    610                 615                 620
Tyr Gly Pro Glu Thr Ile Ala Pro Gly His Arg Asp Glu Phe Asp Pro
625                 630                 635                 640
Lys Leu Pro Thr Gly Glu Lys Glu Glu Val Pro Gly Lys Pro Gly Ile
                645                 650                 655
Lys Asn Pro Glu Thr Gly Asp Val Val Arg Pro Pro Val Asp Ser Val
            660                 665                 670
Thr Lys Tyr Gly Pro Val Lys Gly Asp Ser Ile Val Glu Lys Glu Glu
        675                 680                 685
Ile Pro Phe Lys Lys Glu Arg Lys Phe Asn Pro Asp Leu Ala Pro Gly
    690                 695                 700
Thr Glu Lys Val Thr Arg Glu Gly Gln Lys Gly Glu Lys Thr Ile Thr
705                 710                 715                 720
```

```
Thr Pro Thr Leu Lys Asn Pro Leu Thr Gly Glu Ile Ile Ser Lys Gly
                725                 730                 735
Glu Ser Lys Glu Glu Ile Thr Lys Asp Pro Ile Asn Glu Leu Thr Glu
            740                 745                 750
Tyr Gly Pro Glu Thr Ile Thr Pro Gly His Arg Asp Glu Phe Asp Pro
        755                 760                 765
Lys Leu Pro Thr Gly Glu Lys Glu Glu Val Pro Gly Lys Pro Gly Ile
    770                 775                 780
Lys Asn Pro Glu Thr Gly Asp Val Val Arg Pro Pro Val Asp Ser Val
785                 790                 795                 800
Thr Lys Tyr Gly Pro Val Lys Gly Asp Ser Ile Val Glu Lys Glu Glu
                805                 810                 815
Ile Pro Phe Glu Lys Glu Arg Lys Phe Asn Pro Asp Leu Ala Pro Gly
            820                 825                 830
Thr Glu Lys Val Thr Arg Glu Gly Gln Lys Gly Glu Lys Thr Ile Thr
        835                 840                 845
Thr Pro Thr Leu Lys Asn Pro Leu Thr Gly Glu Ile Ile Ser Lys Gly
    850                 855                 860
Glu Ser Lys Glu Glu Ile Thr Lys Asp Pro Val Asn Glu Leu Thr Glu
865                 870                 875                 880
Phe Gly Gly Glu Lys Ile Pro Gln Gly His Lys Asp Ile Phe Asp Pro
                885                 890                 895
Asn Leu Pro Thr Asp Gln Thr Glu Lys Val Pro Gly Lys Pro Gly Ile
            900                 905                 910
Lys Asn Pro Asp Thr Gly Lys Val Ile Glu Glu Pro Val Asp Asp Val
        915                 920                 925
Ile Lys His Gly Pro Lys Thr Gly Thr Pro Glu Thr Lys Thr Val Glu
    930                 935                 940
Ile Pro Phe Glu Thr Lys Arg Glu Phe Asn Pro Lys Leu Gln Pro Gly
945                 950                 955                 960
Glu Glu Arg Val Lys Gln Glu Gly Gln Pro Gly Ser Lys Thr Ile Thr
                965                 970                 975
Thr Pro Ile Thr Val Asn Pro Leu Thr Gly Glu Lys Val Gly Glu Gly
            980                 985                 990
Gln Pro Thr Glu Glu Ile Thr Lys Gln Pro Val Asp Lys Ile Val Glu
        995                 1000                1005
Phe Gly Gly Glu Lys Pro Lys Asp Pro Lys Gly Pro Glu Asn Pro Glu
    1010                1015                1020
Lys Pro Ser Arg Pro Thr His Pro Ser Gly Pro Val Asn Pro Asn Asn
1025                1030                1035                1040
Pro Gly Leu Ser Lys Asp Arg Ala Lys Pro Asn Gly Pro Val His Ser
                1045                1050                1055
Met Asp Lys Asn Asp Lys Val Lys Lys Ser Lys Ile Ala Lys Glu Ser
            1060                1065                1070
Val Ala Asn Gln Glu Lys Lys Arg Ala Glu Leu Pro Lys Thr Gly Leu
        1075                1080                1085
Glu Ser Thr Gln Lys Gly Leu Ile Phe Ser Ser Ile Ile Gly Ile Ala
    1090                1095                1100
Gly Leu Met Leu Leu Ala Arg Arg Arg Lys Asn
1105                1110                1115
```

<210> 17
<211> 1469
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 17

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

```
Thr Val Asn Asn Glu Ala Pro Gln Met Ser Ser Thr Leu Gln Ala Glu
                85                  90                  95
Glu Gly Ser Asn Ala Glu Ala Pro Asn Val Pro Thr Ile Lys Ala Asn
            100                 105                 110
Ser Asp Asn Asp Thr Gln Thr Gln Phe Ser Glu Ala Pro Thr Arg Asn
        115                 120                 125
Asp Leu Ala Arg Lys Glu Asp Ile Pro Ala Val Ser Lys Asn Glu Glu
    130                 135                 140
Leu Gln Ser Ser Gln Pro Asn Thr Asp Ser Lys Ile Glu Pro Thr Thr
145                 150                 155                 160
Ser Glu Pro Val Asn Leu Asn Tyr Ser Ser Pro Phe Met Ser Leu Leu
                165                 170                 175
Ser Met Pro Ala Asp Ser Ser Ser Asn Asn Thr Lys Asn Thr Ile Asp
            180                 185                 190
Ile Pro Pro Thr Thr Val Lys Gly Arg Asp Asn Tyr Asp Phe Tyr Gly
        195                 200                 205
Arg Val Asp Ile Gln Ser Asn Pro Thr Asp Leu Asn Ala Thr Asn Leu
    210                 215                 220
Thr Arg Tyr Asn Tyr Gly Gln Pro Pro Gly Thr Thr Thr Ala Gly Ala
225                 230                 235                 240
Val Gln Phe Lys Asn Gln Val Ser Phe Asp Lys Asp Phe Asp Phe Asn
                245                 250                 255
Ile Arg Val Ala Asn Asn Arg Gln Ser Asn Thr Thr Gly Ala Asp Gly
            260                 265                 270
Trp Gly Phe Met Phe Ser Lys Lys Asp Gly Asp Asp Phe Leu Lys Asn
        275                 280                 285
Gly Gly Ile Leu Arg Glu Lys Gly Thr Pro Ser Ala Ala Gly Phe Arg
    290                 295                 300
Ile Asp Thr Gly Tyr Tyr Asn Asn Asp Pro Leu Asp Lys Ile Gln Lys
305                 310                 315                 320
Gln Ala Gly Gln Gly Tyr Arg Gly Tyr Gly Thr Phe Val Lys Asn Asp
                325                 330                 335
Ser Gln Gly Asn Thr Ser Lys Val Gly Ser Gly Thr Pro Ser Thr Asp
            340                 345                 350
Phe Leu Asn Tyr Ala Asp Asn Thr Thr Asn Asp Leu Asp Gly Lys Phe
        355                 360                 365
His Gly Gln Lys Leu Asn Asn Val Asn Leu Lys Tyr Asn Ala Ser Asn
    370                 375                 380
Gln Thr Phe Thr Ala Thr Tyr Ala Gly Lys Thr Trp Thr Ala Thr Leu
385                 390                 395                 400
Ser Glu Leu Gly Leu Ser Pro Thr Asp Ser Tyr Asn Phe Leu Val Thr
                405                 410                 415
Ser Ser Gln Tyr Gly Asn Gly Asn Ser Gly Thr Tyr Ala Asp Gly Val
            420                 425                 430
Met Arg Ala Asp Leu Asp Gly Ala Thr Leu Thr Tyr Thr Pro Lys Ala
        435                 440                 445
Val Asp Gly Asp Pro Ile Thr Ser Thr Lys Glu Ile Pro Phe Asn Lys
    450                 455                 460
Lys Arg Glu Phe Asp Pro Asn Leu Ala Pro Gly Thr Glu Lys Val Val
465                 470                 475                 480
Gln Lys Gly Glu Pro Gly Ile Glu Thr Thr Thr Thr Pro Thr Tyr Val
                485                 490                 495
Asn Pro Asn Thr Gly Glu Lys Val Gly Glu Gly Thr Pro Thr Thr Lys
            500                 505                 510
Ile Thr Lys Gln Pro Val Asp Glu Ile Val His Tyr Gly Gly Glu Glu
        515                 520                 525
Ile Lys Pro Gly His Lys Asp Glu Phe Asp Pro Asn Ala Pro Lys Gly
    530                 535                 540
Ser Gln Thr Thr Gln Pro Gly Lys Pro Gly Val Lys Asn Pro Asp Thr
545                 550                 555                 560
Gly Glu Val Val Thr Pro Pro Val Asp Asp Val Thr Lys Tyr Gly Pro
                565                 570                 575
Val Asp Gly Asp Pro Ile Thr Ser Thr Glu Glu Ile Pro Phe Asp Lys
            580                 585                 590
Lys Arg Glu Phe Asn Pro Asp Leu Lys Pro Gly Glu Glu Arg Val Lys
        595                 600                 605
Gln Lys Gly Glu Pro Gly Thr Lys Thr Ile Thr Thr Pro Thr Thr Lys
    610                 615                 620
```

```
Asn Pro Leu Thr Gly Glu Lys Val Gly Glu Gly Glu Pro Thr Glu Lys
625                 630                 635                 640
Ile Thr Lys Gln Pro Val Asp Glu Ile Thr Glu Tyr Gly Gly Glu Glu
                645                 650                 655
Ile Lys Pro Gly His Lys Asp Glu Phe Asp Pro Asn Ala Pro Lys Gly
            660                 665                 670
Ser Gln Glu Asp Val Pro Gly Lys Pro Gly Val Lys Asn Pro Asp Thr
        675                 680                 685
Gly Glu Val Val Thr Pro Pro Val Asp Asp Val Thr Lys Tyr Gly Pro
    690                 695                 700
Val Asp Gly Asp Pro Ile Thr Ser Thr Glu Glu Ile Pro Phe Asp Lys
705                 710                 715                 720
Lys Arg Glu Phe Asp Pro Asn Leu Ala Pro Gly Thr Glu Lys Val Val
                725                 730                 735
Gln Lys Gly Glu Pro Gly Thr Lys Thr Ile Thr Thr Pro Thr Thr Lys
            740                 745                 750
Asn Pro Leu Thr Gly Glu Lys Val Gly Glu Gly Glu Pro Thr Glu Lys
        755                 760                 765
Ile Thr Lys Gln Pro Val Asp Glu Ile Val His Tyr Gly Gly Glu Glu
    770                 775                 780
Ile Lys Pro Gly His Lys Asp Glu Phe Asp Pro Asn Ala Pro Lys Gly
785                 790                 795                 800
Ser Gln Glu Asp Val Pro Gly Lys Pro Gly Val Lys Asn Pro Asp Thr
                805                 810                 815
Gly Glu Val Val Thr Pro Pro Val Asp Asp Val Thr Lys Tyr Gly Pro
            820                 825                 830
Val Asp Gly Asp Pro Ile Thr Ser Thr Glu Glu Ile Pro Phe Asp Lys
        835                 840                 845
Lys Arg Glu Phe Asn Pro Asp Leu Lys Pro Gly Glu Glu Arg Val Lys
    850                 855                 860
Gln Lys Gly Glu Pro Gly Thr Lys Thr Ile Thr Thr Pro Thr Thr Lys
865                 870                 875                 880
Asn Pro Leu Thr Gly Glu Lys Val Gly Glu Gly Glu Pro Thr Glu Lys
                885                 890                 895
Val Thr Lys Gln Pro Val Asp Glu Ile Val His Tyr Gly Gly Glu Glu
            900                 905                 910
Ile Lys Pro Gly His Lys Asp Glu Phe Asp Pro Asn Ala Pro Lys Gly
        915                 920                 925
Ser Gln Glu Asp Val Pro Gly Lys Pro Gly Val Lys Asn Pro Asp Thr
    930                 935                 940
Gly Glu Val Val Thr Pro Pro Val Asp Asp Val Thr Lys Tyr Gly Pro
945                 950                 955                 960
Val Asp Gly Asp Pro Ile Thr Ser Thr Glu Glu Ile Pro Phe Asp Lys
                965                 970                 975
Lys Arg Glu Phe Asp Pro Asn Leu Ala Pro Gly Thr Glu Lys Val Val
            980                 985                 990
Gln Lys Gly Glu Pro Gly Thr Lys Thr Ile Thr Thr Pro Thr Thr Lys
        995                 1000                1005
Asn Pro Leu Thr Gly Glu Lys Val Gly Glu Gly Glu Pro Thr Glu Lys
    1010                1015                1020
Ile Thr Lys Gln Pro Val Asp Glu Ile Val His Tyr Gly Gly Glu Glu
1025                1030                1035                1040
Ile Lys Pro Gly His Lys Asp Glu Phe Asp Pro Asn Ala Pro Lys Gly
                1045                1050                1055
Ser Gln Thr Thr Gln Pro Gly Lys Pro Gly Val Lys Asn Pro Asp Thr
            1060                1065                1070
Gly Glu Val Val Thr Pro Pro Val Asp Asp Val Thr Lys Tyr Gly Pro
        1075                1080                1085
Val Asp Gly Asp Pro Ile Thr Ser Thr Glu Glu Ile Pro Phe Asp Lys
    1090                1095                1100
Lys Arg Glu Phe Asp Pro Asn Leu Ala Pro Gly Thr Glu Lys Val Val
1105                1110                1115                1120
Gln Lys Gly Glu Pro Gly Thr Lys Thr Ile Thr Thr Pro Thr Thr Lys
                1125                1130                1135
Asn Pro Leu Thr Gly Glu Lys Val Gly Glu Gly Glu Pro Thr Glu Lys
            1140                1145                1150
Ile Thr Lys Gln Pro Val Asp Glu Ile Val His Tyr Gly Gly Glu Gln
        1155                1160                1165
```

```
Ile Pro Gln Gly His Lys Asp Glu Phe Asp Pro Asn Ala Pro Val Asp
    1170                1175                1180
Ser Lys Thr Glu Val Pro Gly Lys Pro Gly Val Lys Asn Pro Asp Thr
1185                1190                1195                1200
Gly Glu Val Val Thr Pro Pro Val Asp Asp Val Thr Lys Tyr Gly Pro
                1205                1210                1215
Lys Val Gly Asn Pro Ile Thr Ser Thr Glu Glu Ile Pro Phe Asp Lys
            1220                1225                1230
Lys Arg Val Phe Asn Pro Asp Leu Lys Pro Gly Glu Glu Arg Val Lys
        1235                1240                1245
Gln Lys Gly Glu Pro Gly Thr Lys Thr Ile Thr Thr Pro Ile Leu Val
    1250                1255                1260
Asn Pro Ile Thr Gly Glu Lys Val Gly Glu Gly Lys Ser Thr Glu Lys
1265                1270                1275                1280
Val Thr Lys Gln Pro Val Asp Glu Ile Val Glu Tyr Gly Pro Thr Lys
                1285                1290                1295
Ala Glu Pro Gly Lys Pro Ala Glu Pro Gly Lys Pro Ala Glu Pro Gly
            1300                1305                1310
Lys Pro Ala Glu Pro Gly Lys Pro Ala Glu Pro Gly Thr Pro Ala Glu
        1315                1320                1325
Pro Gly Lys Pro Ala Glu Pro Gly Lys Pro Ala Glu Pro Gly Lys Pro
    1330                1335                1340
Ala Glu Pro Gly Lys Pro Ala Glu Pro Gly Lys Pro Ala Glu Pro Gly
1345                1350                1355                1360
Thr Pro Ala Glu Pro Gly Lys Pro Ala Glu Pro Gly Lys Pro Ala Glu
                1365                1370                1375
Pro Gly Lys Pro Ala Glu Pro Gly Thr Pro Ala Glu Pro Gly Lys Pro
            1380                1385                1390
Ala Glu Pro Gly Thr Pro Ala Glu Pro Gly Lys Pro Ala Glu Pro Gly
        1395                1400                1405
Thr Pro Thr Gln Ser Gly Ala Pro Glu Gln Pro Asn Arg Ser Met His
    1410                1415                1420
Ser Thr Asp Asn Lys Asn Gln Leu Pro Asp Thr Gly Glu Asn Arg Gln
1425                1430                1435                1440
Ala Asn Glu Gly Thr Leu Val Gly Ser Leu Leu Ala Ile Val Gly Ser
                1445                1450                1455
Leu Phe Ile Phe Gly Arg Arg Lys Lys Gly Asn Glu Lys
            1460                1465
```

<210> 18
<211> 167
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 18

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

<210> 19
<211> 167
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 19

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

<210> 20
<211> 1141
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 20

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

```
Thr Lys Pro Val Ala Thr Ala Pro Thr Ser Val Ala Pro Lys Arg Leu
                245                 250                 255
Asn Ala Lys Met Arg Phe Ala Val Ala Gln Pro Ala Ala Val Ala Ser
            260                 265                 270
Asn Asn Val Asn Asp Leu Ile Thr Val Thr Lys Gln Thr Ile Lys Val
        275                 280                 285
Gly Asp Gly Lys Asp Asn Val Ala Ala Ala His Asp Gly Lys Asp Ile
    290                 295                 300
Glu Tyr Asp Thr Glu Phe Thr Ile Asp Asn Lys Val Lys Lys Gly Asp
305                 310                 315                 320
Thr Met Thr Ile Asn Tyr Asp Lys Asn Val Ile Pro Ser Asp Leu Thr
                325                 330                 335
Asp Lys Asn Asp Pro Ile Asp Ile Thr Asp Pro Ser Gly Glu Val Ile
            340                 345                 350
Ala Lys Gly Thr Phe Asp Lys Ala Thr Lys Gln Ile Thr Tyr Thr Phe
        355                 360                 365
Thr Asp Tyr Val Asp Lys Tyr Glu Asp Ile Lys Ala Arg Leu Thr Leu
    370                 375                 380
Tyr Ser Tyr Ile Asp Lys Gln Ala Val Pro Asn Glu Thr Ser Leu Asn
385                 390                 395                 400
Leu Thr Phe Ala Thr Ala Gly Lys Glu Thr Ser Gln Asn Val Ser Val
                405                 410                 415
Asp Tyr Gln Asp Pro Met Val His Gly Asp Ser Asn Ile Gln Ser Ile
            420                 425                 430
Phe Thr Lys Leu Asp Glu Asn Lys Gln Thr Ile Glu Gln Gln Ile Tyr
        435                 440                 445
Val Asn Pro Leu Lys Lys Thr Ala Thr Asn Thr Lys Val Asp Ile Ala
    450                 455                 460
Gly Ser Gln Val Asp Asp Tyr Gly Asn Ile Lys Leu Gly Asn Gly Ser
465                 470                 475                 480
Thr Ile Ile Asp Gln Asn Thr Glu Ile Lys Val Tyr Lys Val Asn Pro
                485                 490                 495
Asn Gln Gln Leu Pro Gln Ser Asn Arg Ile Tyr Asp Phe Ser Gln Tyr
            500                 505                 510
Glu Asp Val Thr Ser Gln Phe Asp Asn Lys Lys Ser Phe Ser Asn Asn
        515                 520                 525
Val Ala Thr Leu Asp Phe Gly Asp Ile Asn Ser Ala Tyr Ile Ile Lys
    530                 535                 540
Val Val Ser Lys Tyr Thr Pro Thr Ser Asp Gly Glu Leu Asp Ile Ala
545                 550                 555                 560
Gln Gly Thr Ser Met Arg Thr Thr Asp Lys Tyr Gly Tyr Tyr Asn Tyr
                565                 570                 575
Ala Gly Tyr Ser Asn Phe Ile Val Thr Ser Asn Asp Thr Gly Gly Gly
            580                 585                 590
Asp Gly Thr Val Lys Pro Glu Glu Lys Leu Tyr Lys Ile Gly Asp Tyr
        595                 600                 605
Val Trp Glu Asp Val Asp Lys Asp Gly Val Gln Gly Thr Asp Ser Lys
    610                 615                 620
Glu Lys Pro Met Ala Asn Val Leu Val Thr Leu Thr Tyr Pro Asp Gly
625                 630                 635                 640
Thr Thr Lys Ser Val Arg Thr Asp Ala Asn Gly His Tyr Glu Phe Gly
                645                 650                 655
Gly Leu Lys Asp Gly Glu Thr Tyr Thr Val Lys Phe Glu Thr Pro Ala
            660                 665                 670
Gly Tyr Leu Pro Thr Lys Val Asn Gly Thr Thr Asp Gly Glu Lys Asp
        675                 680                 685
Ser Asn Gly Ser Ser Ile Thr Val Lys Ile Asn Gly Lys Asp Asp Met
    690                 695                 700
Ser Leu Asp Thr Gly Phe Tyr Lys Glu Pro Lys Tyr Asn Leu Gly Asp
705                 710                 715                 720
Tyr Val Trp Glu Asp Thr Asn Lys Asp Gly Ile Gln Asp Ala Asn Glu
                725                 730                 735
Pro Gly Ile Lys Asp Val Lys Val Thr Leu Lys Asp Ser Thr Gly Lys
            740                 745                 750
Val Ile Gly Thr Thr Thr Thr Asp Ala Ser Gly Lys Tyr Lys Phe Thr
        755                 760                 765
Asp Leu Asp Asn Gly Asn Tyr Thr Val Glu Phe Glu Thr Pro Ala Gly
    770                 775                 780
```

```
Tyr Thr Pro Thr Val Lys Asn Thr Thr Ala Glu Asp Lys Asp Ser Asn
785                 790                 795                 800
Gly Leu Thr Thr Thr Gly Val Ile Lys Asp Ala Asp Asn Met Thr Leu
                805                 810                 815
Asp Ser Gly Phe Tyr Lys Thr Pro Lys Tyr Ser Leu Gly Asp Tyr Val
            820                 825                 830
Trp Tyr Asp Ser Asn Lys Asp Gly Lys Gln Asp Ser Thr Glu Lys Gly
        835                 840                 845
Ile Lys Asp Val Lys Val Thr Leu Leu Asn Glu Lys Gly Glu Val Ile
    850                 855                 860
Gly Thr Thr Lys Thr Asp Glu Asn Gly Lys Tyr Arg Phe Asp Asn Leu
865                 870                 875                 880
Asp Ser Gly Lys Tyr Lys Val Ile Phe Glu Lys Pro Ala Gly Leu Thr
                885                 890                 895
Gln Thr Val Thr Asn Thr Thr Glu Asp Asp Lys Asp Ala Asp Gly Gly
            900                 905                 910
Glu Val Asp Val Thr Ile Thr Asp His Asp Asp Phe Ile Leu Asp Asn
        915                 920                 925
Gly Tyr Phe Glu Glu Asp Thr Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
    930                 935                 940
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
945                 950                 955                 960
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
                965                 970                 975
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
            980                 985                 990
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
        995                 1000                1005
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
    1010                1015                1020
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
1025                1030                1035                1040
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
                1045                1050                1055
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
            1060                1065                1070
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Gly Lys His Thr Pro Val
        1075                1080                1085
Lys Pro Met Ser Thr Thr Lys Asp His His Asn Lys Ala Lys Ala Leu
    1090                1095                1100
Pro Glu Thr Gly Ser Glu Asn Asn Gly Ser Asn Asn Ala Thr Leu Phe
1105                1110                1115                1120
Gly Gly Leu Phe Ala Ala Leu Gly Ser Leu Leu Leu Phe Gly Arg Arg
                1125                1130                1135
Lys Lys Gln Asn Lys
            1140
```

<210> 21
<211> 1056
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 21

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

```
Arg Ser Glu Asp Arg Thr Glu Ser Thr Thr Asn Val Asp Glu Asn Glu
        115                 120                 125
Ala Thr Phe Leu Gln Lys Thr Pro Gln Asp Asn Thr His Leu Thr Glu
    130                 135                 140
Glu Glu Val Lys Glu Ser Ser Ser Val Glu Ser Ser Asn Ser Ser Ile
145                 150                 155                 160
Asp Thr Ala Gln Gln Pro Ser His Thr Thr Ile Asn Arg Glu Glu Ser
                165                 170                 175
Val Gln Thr Ser Asp Asn Val Glu Asp Ser His Val Ser Asp Phe Ala
            180                 185                 190
Asn Ser Lys Ile Lys Glu Ser Asn Thr Glu Ser Gly Lys Glu Glu Asn
        195                 200                 205
Thr Ile Glu Gln Pro Asn Lys Val Lys Glu Asp Ser Thr Thr Ser Gln
    210                 215                 220
Pro Ser Gly Tyr Thr Asn Ile Asp Glu Lys Ile Ser Asn Gln Asp Glu
225                 230                 235                 240
Leu Leu Asn Leu Pro Ile Asn Glu Tyr Glu Asn Lys Ala Arg Pro Leu
                245                 250                 255
Ser Thr Thr Ser Ala Gln Pro Ser Ile Lys Arg Val Thr Val Asn Gln
            260                 265                 270
Leu Ala Ala Glu Gln Gly Ser Asn Val Asn His Leu Ile Lys Val Thr
        275                 280                 285
Asp Gln Ser Ile Thr Glu Gly Tyr Asp Asp Ser Glu Gly Val Ile Lys
    290                 295                 300
Ala His Asp Ala Glu Asn Leu Ile Tyr Asp Val Thr Phe Glu Val Asp
305                 310                 315                 320
Asp Lys Val Lys Ser Gly Asp Thr Met Thr Val Asp Ile Asp Lys Asn
                325                 330                 335
Thr Val Pro Ser Asp Leu Thr Asp Ser Phe Thr Ile Pro Lys Ile Lys
            340                 345                 350
Asp Asn Ser Gly Glu Ile Ile Ala Thr Gly Thr Tyr Asp Asn Lys Asn
        355                 360                 365
Lys Gln Ile Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asp Lys Tyr Glu Asn
    370                 375                 380
Ile Lys Ala His Leu Lys Leu Thr Ser Tyr Ile Asp Lys Ser Lys Val
385                 390                 395                 400
Pro Asn Asn Asn Thr Lys Leu Asp Val Glu Tyr Lys Thr Ala Leu Ser
                405                 410                 415
Ser Val Asn Lys Thr Ile Thr Val Glu Tyr Gln Arg Pro Asn Glu Asn
            420                 425                 430
Arg Thr Ala Asn Leu Gln Ser Met Phe Thr Asn Ile Asp Thr Lys Asn
        435                 440                 445
His Thr Val Glu Gln Thr Ile Tyr Ile Asn Pro Leu Arg Tyr Ser Ala
    450                 455                 460
Lys Glu Thr Asn Val Asn Ile Ser Gly Asn Gly Asp Glu Gly Ser Thr
465                 470                 475                 480
Ile Ile Asp Asp Ser Thr Ile Ile Lys Val Tyr Lys Val Gly Asp Asn
                485                 490                 495
Gln Asn Leu Pro Asp Ser Asn Arg Ile Tyr Asp Tyr Ser Glu Tyr Glu
            500                 505                 510
Asp Val Thr Asn Asp Asp Tyr Ala Gln Leu Gly Asn Asn Asn Asp Val
        515                 520                 525
Asn Ile Asn Phe Gly Asn Ile Asp Ser Pro Tyr Ile Ile Lys Val Ile
    530                 535                 540
Ser Lys Tyr Asp Pro Asn Lys Asp Asp Tyr Thr Thr Ile Gln Gln Thr
545                 550                 555                 560
Val Thr Met Gln Thr Thr Ile Asn Glu Tyr Thr Gly Glu Phe Arg Thr
                565                 570                 575
Ala Ser Tyr Asp Asn Thr Ile Ala Phe Ser Thr Ser Ser Gly Gln Gly
            580                 585                 590
Gln Gly Asp Leu Pro Pro Glu Lys Thr Tyr Lys Ile Gly Asp Tyr Val
        595                 600                 605
Trp Glu Asp Val Asp Lys Asp Gly Ile Gln Asn Thr Asn Asp Asn Glu
    610                 615                 620
Lys Pro Leu Ser Asn Val Leu Val Thr Leu Thr Tyr Pro Asp Gly Thr
625                 630                 635                 640
Ser Lys Ser Val Arg Thr Asp Glu Asp Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Gly
                645                 650                 655
```

```
Leu Lys Asn Gly Leu Thr Tyr Lys Ile Thr Phe Glu Thr Pro Glu Gly
            660                 665                 670
Tyr Thr Pro Thr Leu Lys His Ser Gly Thr Asn Pro Ala Leu Asp Ser
        675                 680                 685
Glu Gly Asn Ser Val Trp Val Thr Ile Asn Gly Gln Asp Asp Met Thr
    690                 695                 700
Ile Asp Ser Gly Phe Tyr Gln Thr Pro Lys Tyr Ser Leu Gly Asn Tyr
705                 710                 715                 720
Val Trp Tyr Asp Thr Asn Lys Asp Gly Ile Gln Gly Asp Asp Glu Lys
                725                 730                 735
Gly Ile Ser Gly Val Lys Val Thr Leu Lys Asp Glu Asn Gly Asn Ile
            740                 745                 750
Ile Ser Thr Thr Thr Thr Asp Glu Asn Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Asn
        755                 760                 765
Leu Asn Ser Gly Asn Tyr Ile Val His Phe Asp Lys Pro Ser Gly Met
    770                 775                 780
Thr Gln Thr Thr Thr Asp Ser Gly Asp Asp Asp Glu Gln Asp Ala Asp
785                 790                 795                 800
Gly Glu Glu Val His Val Thr Ile Thr Asp His Asp Asp Phe Ser Ile
                805                 810                 815
Asp Asn Gly Tyr Tyr Asp Asp Glu Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
            820                 825                 830
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
        835                 840                 845
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
    850                 855                 860
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
865                 870                 875                 880
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
                885                 890                 895
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
            900                 905                 910
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
        915                 920                 925
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
    930                 935                 940
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
945                 950                 955                 960
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
                965                 970                 975
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
            980                 985                 990
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Asn Asp Ser Asp Leu Gly Asn Ser
        995                 1000                1005
Ser Asp Lys Ser Thr Lys Asp Lys Leu Pro Asp Thr Gly Ala Asn Glu
    1010                1015                1020
Asp Tyr Gly Ser Lys Gly Thr Leu Leu Gly Thr Leu Phe Ala Gly Leu
1025                1030                1035                1040
Gly Ala Leu Leu Leu Gly Lys Arg Arg Lys Asn Arg Lys Asn Lys Asn
                1045                1050                1055
```

<210> 22
<211> 486
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 22

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

```
Val Gln Asn Glu Ala Gly Thr Ile Asp Asp Arg Gln Val Glu Ser Ser
                85                  90                  95
His Ser Thr Glu Ser Gln Glu Pro Ser His Gln Asp Ser Thr Pro Gln
            100                 105                 110
His Glu Glu Glu Tyr Tyr Asn Lys Asn Ala Phe Ala Met Asp Lys Ser
        115                 120                 125
His Pro Glu Pro Ile Glu Asp Asn Asp Lys His Glu Thr Ile Lys Asp
    130                 135                 140
Ala Glu Asn Asn Thr Glu His Ser Thr Val Ser Asp Lys Ser Ile Ala
145                 150                 155                 160
Glu Gln Ser Gln Gln Pro Lys Pro Tyr Phe Ala Thr Gly Ala Asn Gln
                165                 170                 175
Ala Asn Thr Ser Lys Asp Lys His Asp Asp Val Thr Val Lys Gln Asp
            180                 185                 190
Lys Asp Glu Ser Lys Asp His His Ser Gly Lys Lys Gly Ala Ala Ile
        195                 200                 205
Gly Ala Gly Thr Ala Gly Val Ala Gly Ala Ala Gly Ala Met Gly Val
    210                 215                 220
Ser Lys Ala Lys Lys His Ser Asn Asp Ala Gln Asn Lys Ser Asn Ser
225                 230                 235                 240
Asp Lys Ser Asn Asn Ser Thr Glu Asp Lys Ala Ser Gln Asp Lys Ser
                245                 250                 255
Lys Asp His His Asn Gly Lys Lys Gly Ala Ala Ile Gly Ala Gly Thr
            260                 265                 270
Ala Gly Leu Ala Gly Gly Ala Ala Ser Lys Ser Ala Ser Ala Ala Ser
        275                 280                 285
Lys Pro His Ala Ser Asn Asn Ala Ser Gln Asn His Asp Glu His Asp
    290                 295                 300
Asn His Asp Arg Asp Lys Glu Arg Lys Lys Gly Gly Met Ala Lys Val
305                 310                 315                 320
Leu Leu Pro Leu Ile Ala Ala Val Leu Ile Ile Gly Ala Leu Ala Ile
                325                 330                 335
Phe Gly Gly Met Ala Leu Asn Asn His Asn Asn Gly Thr Lys Glu Asn
            340                 345                 350
Lys Ile Ala Asn Thr Asn Lys Asn Asn Ala Asp Glu Ser Lys Asp Lys
        355                 360                 365
Asp Thr Ser Lys Asp Ala Ser Lys Asp Lys Ser Lys Ser Thr Asp Ser
    370                 375                 380
Asp Lys Ser Lys Glu Asp Gln Asp Lys Ala Thr Lys Asp Glu Ser Asp
385                 390                 395                 400
Asn Asp Gln Asn Asn Ala Asn Gln Ala Asn Asn Gln Ala Gln Asn Asn
                405                 410                 415
Gln Asn Gln Gln Gln Ala Asn Gln Asn Gln Gln Gln Gln Gln Gln Arg
            420                 425                 430
Gln Gly Gly Gly Gln Arg His Thr Val Asn Gly Gln Glu Asn Leu Tyr
        435                 440                 445
Arg Ile Ala Ile Gln Tyr Tyr Gly Ser Gly Ser Pro Glu Asn Val Glu
    450                 455                 460
Lys Ile Arg Arg Ala Asn Gly Leu Ser Gly Asn Asn Ile Arg Asn Gly
465                 470                 475                 480
Gln Gln Ile Val Ile Pro
                485
```

<210> 23
<211> 472
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 23

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

```
Phe Pro Pro Arg Asn Ala Gln Arg Arg Lys Arg Arg Arg Glu Thr Ala
65                  70                  75                  80
Thr Asn Gln Ser Lys Gln Gln Asp Asp Lys His Gln Lys Asn Ser Asp
                85                  90                  95
Ala Lys Thr Thr Glu Gly Ser Leu Asp Asp Arg Tyr Asp Glu Ala Gln
            100                 105                 110
Leu Gln Gln Gln His Asp Lys Ser Gln Gln Gln Asn Lys Thr Glu Lys
        115                 120                 125
Gln Ser Gln Asp Asn Arg Met Lys Asp Gly Lys Asp Ala Ala Ile Val
    130                 135                 140
Asn Gly Thr Ser Glu Ser Pro Glu His Lys Ser Lys Ser Thr Gln Asn
145                 150                 155                 160
Arg Pro Gly Pro Lys Ala Gln Gln Gln Lys Arg Lys Ser Glu Ser Thr
                165                 170                 175
Gln Ser Lys Pro Ser Thr Asn Lys Asp Lys Lys Ala Ala Thr Gly Ala
            180                 185                 190
Gly Ile Ala Gly Ala Ala Gly Val Ala Gly Ala Ala Glu Thr Ser Lys
        195                 200                 205
Arg His His Asn Lys Lys Asp Lys Gln Asp Ser Lys His Ser Asn His
    210                 215                 220
Glu Asn Asp Glu Lys Ser Val Lys Asn Asp Asp Gln Lys Gln Ser Lys
225                 230                 235                 240
Lys Gly Lys Lys Ala Ala Val Gly Ala Gly Ala Ala Ala Gly Val Gly
                245                 250                 255
Ala Ala Gly Val Ala His His Asn Asn Gln Asn Lys His His Asn Glu
            260                 265                 270
Glu Lys Asn Ser Asn Gln Asn Asn Gln Tyr Asn Asp Gln Ser Glu Gly
        275                 280                 285
Lys Lys Lys Gly Gly Phe Met Lys Ile Leu Leu Pro Leu Ile Ala Ala
    290                 295                 300
Ile Leu Ile Leu Gly Ala Ile Ala Ile Phe Gly Gly Met Ala Leu Asn
305                 310                 315                 320
Asn His Asn Asp Ser Lys Ser Asp Asp Gln Lys Ile Ala Asn Gln Ser
                325                 330                 335
Lys Lys Asp Ser Asp Lys Lys Asp Gly Ala Gln Ser Glu Asp Asn Lys
            340                 345                 350
Asp Lys Lys Ser Asp Ser Asn Lys Asp Lys Lys Ser Asp Ser Asp Lys
        355                 360                 365
Asn Ala Asp Asp Asp Ser Asp Asn Ser Ser Ser Asn Pro Asn Ala Thr
    370                 375                 380
Ser Thr Asn Asn Asn Asp Asn Val Ala Asn Asn Asn Ser Asn Tyr Thr
385                 390                 395                 400
Asn Gln Asn Gln Gln Asp Asn Ala Asn Gln Asn Ser Asn Asn Gln Gln
                405                 410                 415
Ala Thr Gln Gly Gln Gln Ser His Thr Val Tyr Gly Gln Glu Asn Leu
            420                 425                 430
Tyr Arg Ile Ala Ile Gln Tyr Tyr Gly Glu Gly Thr Gln Ala Asn Val
        435                 440                 445
Asp Lys Ile Lys Arg Ala Asn Gly Leu Ser Ser Asn Asn Ile His Asn
    450                 455                 460
Gly Gln Thr Leu Val Ile Pro Gln
465                 470
```

<210> 24
<211> 165
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 24

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

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

<210> 25
<211> 319
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 25

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

<210> 26
<211> 428
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 26

```
Met His Met Lys Asn Lys Tyr Ile Ser Lys Leu Leu Val Gly Ala Ala
 1               5                  10                  15
Thr Ile Thr Leu Ala Thr Met Ile Ser Asn Gly Glu Ala Lys Ala Ser
            20                  25                  30
Glu Asn Thr Gln Gln Thr Ser Thr Lys His Gln Thr Thr Gln Asn Asn
        35                  40                  45
Tyr Val Thr Asp Gln Gln Lys Ala Phe Tyr Gln Val Leu His Leu Lys
    50                  55                  60
Gly Ile Thr Glu Glu Gln Arg Asn Gln Tyr Ile Lys Thr Leu Arg Glu
65                  70                  75                  80
His Pro Glu Arg Ala Gln Glu Val Phe Ser Glu Ser Leu Lys Asp Ser
                85                  90                  95
Lys Asn Pro Asp Arg Arg Val Ala Gln Gln Asn Ala Phe Tyr Asn Val
            100                 105                 110
Leu Lys Asn Asp Asn Leu Thr Glu Gln Glu Lys Asn Asn Tyr Ile Ala
        115                 120                 125
Gln Ile Lys Glu Asn Pro Asp Arg Ser Gln Gln Val Trp Val Glu Ser
    130                 135                 140
Val Gln Ser Ser Lys Ala Lys Glu Arg Gln Asn Ile Glu Asn Ala Asp
145                 150                 155                 160
Lys Ala Ile Lys Asp Phe Gln Asp Asn Lys Ala Pro His Asp Lys Ser
                165                 170                 175
Ala Ala Tyr Glu Ala Asn Ser Lys Leu Pro Lys Asp Leu Arg Asp Lys
            180                 185                 190
Asn Asn Arg Phe Val Glu Lys Val Ser Ile Glu Lys Ala Ile Val Arg
        195                 200                 205
His Asp Glu Arg Val Lys Ser Ala Asn Asp Ala Ile Ser Lys Leu Asn
    210                 215                 220
Glu Lys Asp Ser Ile Glu Asn Arg Arg Leu Ala Gln Arg Glu Val Asn
225                 230                 235                 240
Lys Ala Pro Met Asp Val Lys Glu His Leu Gln Lys Gln Leu Asp Ala
                245                 250                 255
Leu Val Ala Gln Lys Asp Ala Glu Lys Lys Val Ala Pro Lys Val Glu
            260                 265                 270
Ala Pro Gln Ile Gln Ser Pro Gln Ile Glu Lys Pro Lys Ala Glu Ser
        275                 280                 285
Pro Lys Val Glu Val Pro Gln Ser Lys Leu Leu Gly Tyr Tyr Gln Ser
    290                 295                 300
Leu Lys Asp Ser Phe Asn Tyr Gly Tyr Lys Tyr Leu Thr Asp Thr Tyr
305                 310                 315                 320
Lys Ser Tyr Lys Glu Lys Tyr Asp Thr Ala Lys Tyr Tyr Tyr Asn Thr
                325                 330                 335
Tyr Tyr Lys Tyr Lys Gly Ala Ile Asp Gln Thr Val Leu Thr Val Leu
            340                 345                 350
Gly Ser Gly Ser Lys Ser Tyr Ile Gln Pro Leu Lys Val Asp Asp Lys
        355                 360                 365
Asn Gly Tyr Leu Ala Lys Ser Tyr Ala Gln Val Arg Asn Tyr Val Thr
    370                 375                 380
Glu Ser Ile Asn Thr Gly Lys Val Leu Tyr Thr Phe Tyr Gln Asn Pro
385                 390                 395                 400
Thr Leu Val Lys Thr Ala Ile Lys Ala Gln Glu Thr Ala Ser Ser Ile
                405                 410                 415
Lys Asn Thr Leu Ser Asn Leu Leu Ser Phe Trp Lys
            420                 425
```

<210> 27
<211> 350
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 27

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

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

<210> 28
<211> 645
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 28

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

```
Glu Gln Gln Phe Tyr His Tyr Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Arg Val
                165                 170                 175
Ile Phe Thr Asp Ser Lys Pro Glu Ile Glu Leu Gly Leu Gln Ser Gly
            180                 185                 190
Gln Phe Trp Arg Lys Phe Glu Val Tyr Glu Gly Asp Lys Lys Leu Pro
        195                 200                 205
Ile Lys Leu Val Ser Tyr Asp Thr Val Lys Asp Tyr Ala Tyr Ile Arg
    210                 215                 220
Phe Ser Val Ser Asn Gly Thr Lys Ala Val Lys Ile Val Ser Ser Thr
225                 230                 235                 240
His Phe Asn Asn Lys Glu Glu Lys Tyr Asp Tyr Thr Leu Met Glu Phe
                245                 250                 255
Ala Gln Pro Ile Tyr Asn Ser Ala Asp Lys Phe Lys Thr Glu Glu Asp
            260                 265                 270
Tyr Lys Ala Glu Lys Leu Leu Ala Pro Tyr Lys Lys Ala Lys Thr Leu
        275                 280                 285
Glu Arg Gln Val Tyr Glu Leu Asn Lys Ile Gln Asp Lys Leu Pro Glu
    290                 295                 300
Lys Leu Lys Ala Glu Tyr Lys Lys Lys Leu Glu Asp Thr Lys Lys Ala
305                 310                 315                 320
Leu Asp Glu Gln Val Lys Ser Ala Ile Thr Glu Phe Gln Asn Val Gln
                325                 330                 335
Pro Thr Asn Glu Lys Met Thr Asp Leu Gln Asp Thr Lys Tyr Val Val
            340                 345                 350
Tyr Glu Ser Val Glu Asn Asn Glu Ser Met Met Asp Thr Phe Val Lys
        355                 360                 365
His Pro Ile Lys Thr Gly Met Leu Asn Gly Lys Lys Tyr Met Val Met
    370                 375                 380
Glu Thr Thr Asn Asp Asp Tyr Trp Lys Asp Phe Met Val Glu Gly Gln
385                 390                 395                 400
Arg Val Arg Thr Ile Ser Lys Asp Ala Lys Asn Asn Thr Arg Thr Ile
                405                 410                 415
Ile Phe Pro Tyr Val Glu Gly Lys Thr Leu Tyr Asp Ala Ile Val Lys
            420                 425                 430
Val His Val Lys Thr Ile Asp Tyr Asp Gly Gln Tyr His Val Arg Ile
        435                 440                 445
Val Asp Lys Glu Ala Phe Thr Lys Ala Asn Thr Asp Lys Ser Asn Lys
    450                 455                 460
Lys Glu Gln Gln Asp Asn Ser Ala Lys Lys Glu Ala Thr Pro Ala Thr
465                 470                 475                 480
Pro Ser Lys Pro Thr Pro Ser Pro Val Glu Lys Glu Ser Gln Lys Gln
                485                 490                 495
Asp Ser Gln Lys Asp Asp Asn Lys Gln Leu Pro Ser Val Glu Lys Glu
            500                 505                 510
Asn Asp Ala Ser Ser Glu Ser Gly Lys Asp Lys Thr Pro Ala Thr Lys
        515                 520                 525
Pro Thr Lys Gly Glu Val Glu Ser Ser Ser Thr Thr Pro Thr Lys Val
    530                 535                 540
Val Ser Thr Thr Gln Asn Val Ala Lys Pro Thr Thr Ala Ser Ser Lys
545                 550                 555                 560
Thr Thr Lys Asp Val Val Gln Thr Ser Ala Gly Ser Ser Glu Ala Lys
                565                 570                 575
Asp Ser Ala Pro Leu Gln Lys Ala Asn Ile Lys Asn Thr Asn Asp Gly
            580                 585                 590
His Thr Gln Ser Gln Asn Asn Lys Asn Thr Gln Glu Asn Lys Ala Lys
        595                 600                 605
Ser Leu Pro Gln Thr Gly Glu Glu Ser Asn Lys Asp Met Thr Leu Pro
    610                 615                 620
Leu Met Ala Leu Leu Ala Leu Ser Ser Ile Val Ala Phe Val Leu Pro
625                 630                 635                 640
Arg Lys Arg Lys Asn
                645
```

<210> 29
<211> 953
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 29

```
Met Asn Asn Lys Lys Thr Ala Thr Asn Arg Lys Gly Met Ile Pro Asn
 1               5                  10                  15
Arg Leu Asn Lys Phe Ser Ile Arg Lys Tyr Ser Val Gly Thr Ala Ser
            20                  25                  30
Ile Leu Val Gly Thr Thr Leu Ile Phe Gly Leu Ser Gly His Glu Ala
        35                  40                  45
Lys Ala Ala Glu His Thr Asn Gly Glu Leu Asn Gln Ser Lys Asn Glu
    50                  55                  60
Thr Thr Ala Pro Ser Glu Asn Lys Thr Thr Glu Lys Val Asp Ser Arg
65                  70                  75                  80
Gln Leu Lys Asp Asn Thr Gln Thr Ala Thr Ala Asp Gln Pro Lys Val
                85                  90                  95
Thr Met Ser Asp Ser Ala Thr Val Lys Glu Thr Ser Ser Asn Met Gln
            100                 105                 110
Ser Pro Gln Asn Ala Thr Ala Ser Gln Ser Thr Thr Gln Thr Ser Asn
        115                 120                 125
Val Thr Thr Asn Asp Lys Ser Ser Thr Thr Tyr Ser Asn Glu Thr Asp
    130                 135                 140
Lys Ser Asn Leu Thr Gln Ala Lys Asn Val Ser Thr Thr Pro Lys Thr
145                 150                 155                 160
Thr Thr Ile Lys Gln Arg Ala Leu Asn Arg Met Ala Val Asn Thr Val
                165                 170                 175
Ala Ala Pro Gln Gln Gly Thr Asn Val Asn Asp Lys Val His Phe Thr
            180                 185                 190
Asn Ile Asp Ile Ala Ile Asp Lys Gly His Val Asn Lys Thr Thr Gly
        195                 200                 205
Asn Thr Glu Phe Trp Ala Thr Ser Ser Asp Val Leu Lys Leu Lys Ala
    210                 215                 220
Asn Tyr Thr Ile Asp Asp Ser Val Lys Glu Gly Asp Thr Phe Thr Phe
225                 230                 235                 240
Lys Tyr Gly Gln Tyr Phe Arg Pro Gly Ser Val Arg Leu Pro Ser Gln
                245                 250                 255
Thr Gln Asn Leu Tyr Asn Ala Gln Gly Asn Ile Ile Ala Lys Gly Ile
            260                 265                 270
Tyr Asp Ser Lys Thr Asn Thr Thr Thr Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Val
        275                 280                 285
Asp Gln Tyr Thr Asn Val Ser Gly Ser Phe Glu Gln Val Ala Phe Ala
    290                 295                 300
Lys Arg Glu Asn Ala Thr Thr Asp Lys Thr Ala Tyr Lys Met Glu Val
305                 310                 315                 320
Thr Leu Gly Asn Asp Thr Tyr Ser Lys Asp Val Ile Val Asp Tyr Gly
                325                 330                 335
Asn Gln Lys Gly Gln Gln Leu Ile Ser Ser Thr Asn Tyr Ile Asn Asn
            340                 345                 350
Glu Asp Leu Ser Arg Asn Met Thr Val Tyr Val Asn Gln Pro Lys Lys
        355                 360                 365
Thr Tyr Thr Lys Glu Thr Phe Val Thr Asn Leu Thr Gly Tyr Lys Phe
    370                 375                 380
Asn Pro Asp Ala Lys Asn Phe Lys Ile Tyr Glu Val Thr Asp Gln Asn
385                 390                 395                 400
Gln Phe Val Asp Ser Phe Thr Pro Asp Thr Ser Lys Leu Lys Asp Val
                405                 410                 415
Thr Gly Gln Phe Asp Val Ile Tyr Ser Asn Asp Asn Lys Thr Ala Thr
            420                 425                 430
Val Asp Leu Leu Asn Gly Gln Ser Ser Ser Asp Lys Gln Tyr Ile Ile
        435                 440                 445
Gln Gln Val Ala Tyr Pro Asp Asn Ser Ser Thr Asp Asn Gly Lys Ile
    450                 455                 460
Asp Tyr Thr Leu Glu Thr Gln Asn Gly Lys Ser Ser Trp Ser Asn Ser
465                 470                 475                 480
Tyr Ser Asn Val Asn Gly Ser Ser Thr Ala Asn Gly Asp Gln Lys Lys
                485                 490                 495
Tyr Asn Leu Gly Asp Tyr Val Trp Glu Asp Thr Asn Lys Asp Gly Lys
            500                 505                 510
Gln Asp Ala Asn Glu Lys Gly Ile Lys Gly Val Tyr Val Ile Leu Lys
        515                 520                 525
```

```
Asp Ser Asn Gly Lys Glu Leu Asp Arg Thr Thr Thr Asp Glu Asn Gly
    530                 535                 540
Lys Tyr Gln Phe Thr Gly Leu Ser Asn Gly Thr Tyr Ser Val Glu Phe
545                 550                 555                 560
Ser Thr Pro Ala Gly Tyr Thr Pro Thr Thr Ala Asn Ala Gly Thr Asp
                565                 570                 575
Asp Ala Val Asp Ser Asp Gly Leu Thr Thr Thr Gly Val Ile Lys Asp
            580                 585                 590
Ala Asp Asn Met Thr Leu Asp Ser Gly Phe Tyr Lys Thr Pro Lys Tyr
        595                 600                 605
Ser Leu Gly Asp Tyr Val Trp Tyr Asp Ser Asn Lys Asp Gly Lys Gln
    610                 615                 620
Asp Ser Thr Glu Lys Gly Ile Lys Gly Val Lys Val Thr Leu Gln Asn
625                 630                 635                 640
Glu Lys Gly Glu Val Ile Gly Thr Thr Glu Thr Asp Glu Asn Gly Lys
                645                 650                 655
Tyr Arg Phe Asp Asn Leu Asp Ser Gly Lys Tyr Lys Val Ile Phe Glu
            660                 665                 670
Lys Pro Ala Gly Leu Thr Gln Thr Gly Thr Asn Thr Thr Glu Asp Asp
        675                 680                 685
Lys Asp Ala Asp Gly Gly Glu Val Asp Val Thr Ile Thr Asp His Asp
    690                 695                 700
Asp Phe Thr Leu Asp Asn Gly Tyr Tyr Glu Glu Glu Thr Ser Asp Ser
705                 710                 715                 720
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
                725                 730                 735
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
            740                 745                 750
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
        755                 760                 765
Asp Ser Asp Ser Glu Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
    770                 775                 780
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
785                 790                 795                 800
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
                805                 810                 815
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Asn Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
            820                 825                 830
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
        835                 840                 845
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
    850                 855                 860
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
865                 870                 875                 880
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Gly Lys
                885                 890                 895
His Thr Pro Thr Lys Pro Met Ser Thr Val Lys Asp Gln His Lys Thr
            900                 905                 910
Ala Lys Ala Leu Pro Glu Thr Gly Ser Glu Asn Asn Asn Ser Asn Asn
        915                 920                 925
Gly Thr Leu Phe Gly Gly Leu Phe Ala Ala Leu Gly Ser Leu Leu Leu
    930                 935                 940
Phe Gly Arg Arg Lys Lys Gln Asn Lys
945                 950
```

<210> 30
<211> 935
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 30

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

```
Ser Ala Ser Asn Glu Ser Lys Ser Asn Asp Ser Ser Ser Val Ser Ala
    50                  55                  60
Ala Pro Lys Thr Asp Asp Thr Asn Val Ser Asp Thr Lys Thr Ser Ser
65                  70                  75                  80
Asn Thr Asn Asn Gly Glu Thr Ser Val Ala Gln Asn Pro Ala Gln Gln
                85                  90                  95
Glu Thr Thr Gln Ser Ser Ser Thr Asn Ala Thr Thr Glu Glu Thr Pro
            100                 105                 110
Val Thr Gly Glu Ala Thr Thr Thr Thr Thr Asn Gln Ala Asn Thr Pro
        115                 120                 125
Ala Thr Thr Gln Ser Ser Asn Thr Asn Ala Glu Glu Leu Val Asn Gln
    130                 135                 140
Thr Ser Asn Glu Thr Thr Ser Asn Asp Thr Asn Thr Val Ser Ser Val
145                 150                 155                 160
Asn Ser Pro Gln Asn Ser Thr Asn Ala Glu Asn Val Ser Thr Thr Gln
                165                 170                 175
Asp Thr Ser Thr Glu Ala Thr Pro Ser Asn Asn Glu Ser Ala Pro Gln
            180                 185                 190
Asn Thr Asp Ala Ser Asn Lys Asp Val Val Ser Gln Ala Val Asn Pro
        195                 200                 205
Ser Thr Pro Arg Met Arg Ala Phe Ser Leu Ala Ala Val Ala Ala Asp
    210                 215                 220
Ala Pro Ala Ala Gly Thr Asp Ile Thr Asn Gln Leu Thr Asp Val Lys
225                 230                 235                 240
Val Thr Ile Asp Ser Gly Thr Thr Val Tyr Pro His Gln Ala Gly Tyr
                245                 250                 255
Val Lys Leu Asn Tyr Gly Phe Ser Val Pro Asn Ser Ala Val Lys Gly
            260                 265                 270
Asp Thr Phe Lys Ile Thr Val Pro Lys Glu Leu Asn Leu Asn Gly Val
        275                 280                 285
Thr Ser Thr Ala Lys Val Pro Pro Ile Met Ala Gly Asp Gln Val Leu
    290                 295                 300
Ala Asn Gly Val Ile Asp Ser Asp Gly Asn Val Ile Tyr Thr Phe Thr
305                 310                 315                 320
Asp Tyr Val Asp Asn Lys Glu Asn Val Thr Ala Asn Ile Thr Met Pro
                325                 330                 335
Ala Tyr Ile Asp Pro Glu Asn Val Thr Lys Thr Gly Asn Val Thr Leu
            340                 345                 350
Thr Thr Gly Ile Gly Thr Asn Thr Ala Ser Lys Thr Val Leu Ile Asp
        355                 360                 365
Tyr Glu Lys Tyr Gly Gln Phe His Asn Leu Ser Ile Lys Gly Thr Ile
    370                 375                 380
Asp Gln Ile Asp Lys Thr Asn Asn Thr Tyr Arg Gln Thr Ile Tyr Val
385                 390                 395                 400
Asn Pro Ser Gly Asp Asn Val Val Leu Pro Ala Leu Thr Gly Asn Leu
                405                 410                 415
Ile Pro Asn Thr Lys Ser Asn Ala Leu Ile Asp Ala Lys Asn Thr Asp
            420                 425                 430
Ile Lys Val Tyr Arg Val Asp Asn Ala Asn Asp Leu Ser Glu Ser Tyr
        435                 440                 445
Tyr Val Asn Pro Ser Asp Phe Glu Asp Val Thr Asn Gln Val Arg Ile
    450                 455                 460
Ser Phe Pro Asn Ala Asn Gln Tyr Lys Val Glu Phe Pro Thr Asp Asp
465                 470                 475                 480
Asp Gln Ile Thr Thr Pro Tyr Ile Val Val Val Asn Gly His Ile Asp
                485                 490                 495
Pro Ala Ser Thr Gly Asp Leu Ala Leu Arg Ser Thr Phe Tyr Gly Tyr
            500                 505                 510
Asp Ser Asn Phe Ile Trp Arg Ser Met Ser Trp Asp Asn Glu Val Ala
        515                 520                 525
Phe Asn Asn Gly Ser Gly Ser Gly Asp Gly Ile Asp Lys Pro Val Val
    530                 535                 540
Pro Glu Gln Pro Asp Glu Pro Gly Glu Ile Glu Pro Ile Pro Glu Asp
545                 550                 555                 560
Ser Asp Ser Asp Pro Gly Ser Asp Ser Gly Ser Asp Ser Asn Ser Asp
                565                 570                 575
Ser Gly Ser Asp Ser Gly Ser Asp Ser Thr Ser Asp Ser Gly Ser Asp
            580                 585                 590
```

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

<210> 31
<211> 1038
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 31

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

```
Asp Asn Ser Gly Asn Gln Arg Gln Val Asp Leu Thr Pro Lys Lys Val
    130                 135                 140
Thr Gln Asn Gln Gly Thr Glu Thr Gln Val Glu Val Ala Gln Pro Arg
145                 150                 155                 160
Thr Ala Ser Glu Ser Lys Pro Arg Val Thr Arg Ser Ala Asp Val Ala
                165                 170                 175
Glu Ala Lys Glu Ala Ser Asp Val Ser Glu Val Lys Gly Thr Asp Val
            180                 185                 190
Thr Ser Lys Val Thr Val Glu Ser Gly Ser Ile Glu Ala Pro Gln Gly
        195                 200                 205
Asn Lys Val Glu Pro His Ala Gly Gln Arg Val Val Leu Lys Tyr Lys
    210                 215                 220
Leu Lys Phe Ala Asp Gly Leu Lys Arg Gly Asp Tyr Phe Asp Phe Thr
225                 230                 235                 240
Leu Ser Asn Asn Val Asn Thr Tyr Gly Val Ser Thr Ala Arg Lys Val
                245                 250                 255
Pro Glu Ile Lys Asn Gly Ser Val Val Met Ala Thr Gly Glu Ile Leu
            260                 265                 270
Gly Asn Gly Asn Ile Arg Tyr Thr Phe Thr Asn Glu Ile Glu His Lys
        275                 280                 285
Val Glu Val Thr Ala Asn Leu Glu Ile Asn Leu Phe Ile Asp Pro Lys
    290                 295                 300
Thr Val Gln Ser Asn Gly Glu Gln Lys Ile Thr Ser Lys Leu Asn Gly
305                 310                 315                 320
Glu Glu Thr Glu Lys Thr Ile Pro Val Val Tyr Asn Pro Gly Val Ser
                325                 330                 335
Asn Ser Tyr Thr Asn Val Asn Gly Ser Ile Glu Thr Phe Asn Lys Glu
            340                 345                 350
Ser Asn Lys Phe Thr His Ile Ala Tyr Ile Lys Pro Met Asn Gly Asn
        355                 360                 365
Gln Ser Asn Thr Val Ser Val Thr Gly Thr Leu Thr Glu Gly Ser Asn
    370                 375                 380
Leu Ala Gly Gly Gln Pro Thr Val Lys Val Tyr Glu Tyr Leu Gly Lys
385                 390                 395                 400
Lys Asp Glu Leu Pro Gln Ser Val Tyr Ala Asn Thr Ser Asp Thr Asn
                405                 410                 415
Lys Phe Lys Asp Val Thr Lys Glu Met Asn Gly Lys Leu Ser Val Gln
            420                 425                 430
Asp Asn Gly Ser Tyr Ser Leu Asn Leu Asp Lys Leu Asp Lys Thr Tyr
        435                 440                 445
Val Ile His Tyr Thr Gly Glu Tyr Leu Gln Gly Ser Asp Gln Val Asn
    450                 455                 460
Phe Arg Thr Glu Leu Tyr Gly Tyr Pro Glu Arg Ala Tyr Lys Ser Tyr
465                 470                 475                 480
Tyr Val Tyr Gly Gly Tyr Arg Leu Thr Trp Asp Asn Gly Leu Val Leu
                485                 490                 495
Tyr Ser Asn Lys Ala Asp Gly Asn Gly Lys Asn Gly Gln Ile Ile Gln
            500                 505                 510
Asp Asn Asp Phe Glu Tyr Lys Glu Asp Thr Ala Lys Gly Thr Met Ser
        515                 520                 525
Gly Gln Tyr Asp Ala Lys Gln Ile Ile Glu Thr Glu Glu Asn Gln Asp
    530                 535                 540
Asn Thr Pro Leu Asp Ile Asp Tyr His Thr Ala Ile Asp Gly Glu Gly
545                 550                 555                 560
Gly Tyr Val Asp Gly Tyr Ile Glu Thr Ile Glu Glu Thr Asp Ser Ser
                565                 570                 575
Ala Ile Asp Ile Asp Tyr His Thr Ala Val Asp Ser Glu Val Gly His
            580                 585                 590
Val Gly Gly Tyr Thr Glu Ser Ser Glu Glu Ser Asn Pro Ile Asp Phe
        595                 600                 605
Glu Glu Ser Thr His Glu Asn Ser Lys His His Ala Asp Val Val Glu
    610                 615                 620
Tyr Glu Glu Asp Thr Asn Pro Gly Gly Gly Gln Val Thr Thr Glu Ser
625                 630                 635                 640
Asn Leu Val Glu Phe Asp Glu Glu Ser Thr Lys Gly Ile Val Thr Gly
                645                 650                 655
Ala Val Ser Asp His Thr Thr Ile Glu Asp Thr Lys Glu Tyr Thr Thr
            660                 665                 670
```

```
Glu Ser Asn Leu Ile Glu Leu Val Asp Glu Leu Pro Glu Glu His Gly
        675                 680                 685
Gln Ala Gln Gly Pro Ile Glu Glu Ile Thr Glu Asn Asn His His Ile
    690                 695                 700
Ser His Ser Gly Leu Gly Thr Glu Asn Gly His Gly Asn Tyr Gly Val
705                 710                 715                 720
Ile Glu Glu Ile Glu Glu Asn Ser His Val Asp Ile Lys Ser Glu Leu
                725                 730                 735
Gly Tyr Glu Gly Gly Gln Asn Ser Gly Asn Gln Ser Phe Glu Glu Asp
            740                 745                 750
Thr Glu Glu Asp Lys Pro Lys Tyr Glu Gln Gly Gly Asn Ile Val Asp
        755                 760                 765
Ile Asp Phe Asp Ser Val Pro Gln Ile His Gly Gln Asn Lys Gly Asp
    770                 775                 780
Gln Ser Phe Glu Glu Asp Thr Glu Lys Asp Lys Pro Lys Tyr Glu His
785                 790                 795                 800
Gly Gly Asn Ile Ile Asp Ile Asp Phe Asp Ser Val Pro Gln Ile His
                805                 810                 815
Gly Phe Asn Lys His Asn Glu Ile Ile Glu Glu Asp Thr Asn Lys Asp
            820                 825                 830
Lys Pro Asn Tyr Gln Phe Gly Gly His Asn Ser Val Asp Phe Glu Glu
        835                 840                 845
Asp Thr Leu Pro Lys Val Ser Gly Gln Asn Glu Gly Gln Gln Thr Ile
    850                 855                 860
Glu Glu Asp Thr Thr Pro Pro Thr Pro Pro Thr Pro Glu Val Pro Ser
865                 870                 875                 880
Glu Pro Glu Thr Pro Met Pro Pro Thr Pro Glu Val Pro Ser Glu Pro
                885                 890                 895
Glu Thr Pro Thr Pro Pro Thr Pro Glu Val Pro Ser Glu Pro Glu Thr
            900                 905                 910
Pro Thr Pro Pro Thr Pro Glu Val Pro Ser Glu Pro Glu Thr Pro Thr
        915                 920                 925
Pro Pro Thr Pro Glu Val Pro Ser Glu Pro Glu Thr Pro Thr Pro Pro
    930                 935                 940
Thr Pro Glu Val Pro Ala Glu Pro Gly Lys Pro Val Pro Pro Ala Lys
945                 950                 955                 960
Glu Glu Pro Lys Lys Pro Ser Lys Pro Val Glu Gln Gly Lys Val Val
                965                 970                 975
Thr Pro Val Ile Glu Ile Asn Glu Lys Val Lys Ala Val Ala Pro Thr
            980                 985                 990
Lys Lys Ala Gln Ser Lys Lys Ser Glu Leu Pro Glu Thr Gly Gly Glu
        995                 1000                1005
Glu Ser Thr Asn Lys Gly Met Leu Phe Gly Gly Leu Phe Ser Ile Leu
    1010                1015                1020
Gly Leu Ala Leu Leu Arg Arg Asn Lys Lys Asn Asn Lys Ala
1025                1030                1035
```

<210> 32
<211> 877
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 32

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

```
Ala Ser Thr Asn Glu Thr Pro Gln Pro Thr Ala Ile Lys Asn Gln Ala
        115                 120                 125
Thr Ala Ala Lys Met Gln Asp Gln Thr Val Pro Gln Glu Ala Asn Ser
    130                 135                 140
Gln Val Asp Asn Lys Thr Thr Asn Asp Ala Asn Ser Ile Ala Thr Asn
145                 150                 155                 160
Ser Glu Leu Lys Asn Ser Gln Thr Leu Asp Leu Pro Gln Ser Ser Pro
                165                 170                 175
Gln Thr Ile Ser Asn Ala Gln Gly Thr Ser Lys Pro Ser Val Arg Thr
            180                 185                 190
Arg Ala Val Arg Ser Leu Ala Val Ala Glu Pro Val Val Asn Ala Ala
        195                 200                 205
Asp Ala Lys Gly Thr Asn Val Asn Asp Lys Val Thr Ala Ser Asn Phe
    210                 215                 220
Lys Leu Glu Lys Thr Thr Phe Asp Pro Asn Gln Ser Gly Asn Thr Phe
225                 230                 235                 240
Met Ala Ala Asn Phe Thr Val Thr Asp Lys Val Lys Ser Gly Asp Tyr
                245                 250                 255
Phe Thr Ala Lys Leu Pro Asp Ser Leu Thr Gly Asn Gly Asp Val Asp
            260                 265                 270
Tyr Ser Asn Ser Asn Asn Thr Met Pro Ile Ala Asp Ile Lys Ser Thr
        275                 280                 285
Asn Gly Asp Val Val Ala Lys Ala Thr Tyr Asp Ile Leu Thr Lys Thr
    290                 295                 300
Tyr Thr Phe Val Phe Thr Asp Tyr Val Asn Asn Lys Glu Asn Ile Asn
305                 310                 315                 320
Gly Gln Phe Ser Leu Pro Leu Phe Thr Asp Arg Ala Lys Ala Pro Lys
                325                 330                 335
Ser Gly Thr Tyr Asp Ala Asn Ile Asn Ile Ala Asp Glu Met Phe Asn
            340                 345                 350
Asn Lys Ile Thr Tyr Asn Tyr Ser Ser Pro Ile Ala Gly Ile Asp Lys
        355                 360                 365
Pro Asn Gly Ala Asn Ile Ser Ser Gln Ile Ile Gly Val Asp Thr Ala
    370                 375                 380
Ser Gly Gln Asn Thr Tyr Lys Gln Thr Val Phe Val Asn Pro Lys Gln
385                 390                 395                 400
Arg Val Leu Gly Asn Thr Trp Val Tyr Ile Lys Gly Tyr Gln Asp Lys
                405                 410                 415
Ile Glu Glu Ser Ser Gly Lys Val Ser Ala Thr Asp Thr Lys Leu Arg
            420                 425                 430
Ile Phe Glu Val Asn Asp Thr Ser Lys Leu Ser Asp Ser Tyr Tyr Ala
        435                 440                 445
Asp Pro Asn Asp Ser Asn Leu Lys Glu Val Thr Asp Gln Phe Lys Asn
    450                 455                 460
Arg Ile Tyr Tyr Glu His Pro Asn Val Ala Ser Ile Lys Phe Gly Asp
465                 470                 475                 480
Ile Thr Lys Thr Tyr Val Val Leu Val Glu Gly His Tyr Asp Asn Thr
                485                 490                 495
Gly Lys Asn Leu Lys Thr Gln Val Ile Gln Glu Asn Val Asp Pro Val
            500                 505                 510
Thr Asn Arg Asp Tyr Ser Ile Phe Gly Trp Asn Asn Glu Asn Val Val
        515                 520                 525
Arg Tyr Gly Gly Gly Ser Ala Asp Gly Asp Ser Ala Val Asn Pro Lys
    530                 535                 540
Asp Pro Thr Pro Gly Pro Pro Val Asp Pro Glu Pro Ser Pro Asp Pro
545                 550                 555                 560
Glu Pro Glu Pro Thr Pro Asp Pro Glu Pro Ser Pro Asp Pro Glu Pro
                565                 570                 575
Glu Pro Ser Pro Asp Pro Asp Pro Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
            580                 585                 590
Gly Ser Asp Ser Asp Ser Gly Ser Asp Ser Asp Ser Glu Ser Asp Ser
        595                 600                 605
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Glu Ser
    610                 615                 620
Asp Ser Asp Ser Glu Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
625                 630                 635                 640
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Glu Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
                645                 650                 655
```

```
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Glu Ser Asp Ser Asp Ser Glu Ser
            660                 665                 670
Asp Ser Glu Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
        675                 680                 685
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
    690                 695                 700
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Glu Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
705                 710                 715                 720
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
                725                 730                 735
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
            740                 745                 750
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
        755                 760                 765
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
    770                 775                 780
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
785                 790                 795                 800
Asp Ser Asp Ser Arg Val Thr Pro Pro Asn Asn Glu Gln Lys Ala Pro
                805                 810                 815
Ser Asn Pro Lys Gly Glu Val Asn His Ser Asn Lys Val Ser Lys Gln
            820                 825                 830
His Lys Thr Asp Ala Leu Pro Glu Thr Gly Asp Lys Ser Glu Asn Thr
        835                 840                 845
Asn Ala Thr Leu Phe Gly Ala Met Met Ala Leu Leu Gly Ser Leu Leu
    850                 855                 860
Leu Phe Arg Lys Arg Lys Gln Asp His Lys Glu Lys Ala
865                 870                 875
```

<210> 33
<211> 658
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 33

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

```
Ser Ile Thr Lys Tyr Asp Pro Thr Lys His Asn Phe Lys Glu Lys Ser
            260                 265                 270
Glu Asn Lys Pro Asn Phe Asp Lys Leu Val Glu Glu Thr Lys Lys Ala
        275                 280                 285
Val Lys Glu Ala Asp Glu Ser Trp Lys Asn Lys Thr Val Lys Lys Tyr
    290                 295                 300
Glu Glu Thr Val Thr Lys Ser Pro Val Val Lys Glu Glu Lys Lys Val
305                 310                 315                 320
Glu Glu Pro Gln Leu Pro Lys Val Gly Asn Gln Gln Glu Val Lys Thr
                325                 330                 335
Thr Ala Gly Lys Ala Glu Glu Thr Thr Gln Pro Val Ala Gln Pro Leu
            340                 345                 350
Val Lys Ile Pro Gln Glu Thr Ile Tyr Gly Glu Thr Val Lys Gly Pro
        355                 360                 365
Glu Tyr Pro Thr Met Glu Asn Lys Thr Leu Gln Gly Glu Ile Val Gln
    370                 375                 380
Gly Pro Asp Phe Leu Thr Met Glu Gln Asn Arg Pro Ser Leu Ser Asp
385                 390                 395                 400
Asn Tyr Thr Gln Pro Thr Thr Pro Asn Pro Ile Leu Glu Gly Leu Glu
                405                 410                 415
Gly Ser Ser Ser Lys Leu Glu Ile Lys Pro Gln Gly Thr Glu Ser Thr
            420                 425                 430
Leu Lys Gly Ile Gln Gly Glu Ser Ser Asp Ile Glu Val Lys Pro Gln
        435                 440                 445
Ala Thr Glu Thr Thr Glu Ala Ser Gln Tyr Gly Pro Arg Pro Gln Phe
    450                 455                 460
Asn Lys Thr Pro Lys Tyr Val Lys Tyr Arg Asp Ala Gly Thr Gly Ile
465                 470                 475                 480
Arg Glu Tyr Asn Asp Gly Thr Phe Gly Tyr Glu Ala Arg Pro Arg Phe
                485                 490                 495
Asn Lys Pro Ser Glu Thr Asn Ala Tyr Asn Val Thr Thr Asn Gln Asp
            500                 505                 510
Gly Thr Val Ser Tyr Gly Ala Arg Pro Thr Gln Asn Lys Pro Ser Glu
        515                 520                 525
Thr Asn Ala Tyr Asn Val Thr Thr His Ala Asn Gly Gln Val Ser Tyr
    530                 535                 540
Gly Ala Arg Pro Thr Gln Lys Lys Pro Ser Lys Thr Asn Ala Tyr Asn
545                 550                 555                 560
Val Thr Thr His Ala Asn Gly Gln Val Ser Tyr Gly Ala Arg Pro Thr
                565                 570                 575
Gln Lys Lys Pro Ser Lys Thr Asn Ala Tyr Asn Val Thr Thr His Ala
            580                 585                 590
Asn Gly Gln Val Ser Tyr Gly Ala Arg Pro Thr Tyr Lys Lys Pro Ser
        595                 600                 605
Glu Thr Asn Ala Tyr Asn Val Thr Thr His Ala Asn Gly Gln Val Ser
    610                 615                 620
Tyr Gly Ala Arg Pro Thr Gln Lys Lys Pro Ser Glu Thr Asn Ala Tyr
625                 630                 635                 640
Asn Val Thr Thr His Ala Asp Gly Thr Ala Thr Tyr Gly Pro Arg Val
                645                 650                 655
Thr Lys
```

<210> 34
<211> 1602
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 34

```
atgttacaag taactgatgt gagtttacgt tttggagatc gtaaactatt tgaagatgta 60
aatattaaat ttacagaagg taattgttat ggattaattg gtgcgaatgg tgcaggtaaa 120
tcaacattct taaaaatatt atctggtgaa ttagattctc aaacaggaca tgtttcatta 180
ggtaaaaatg aacgtctagc tgttttaaaa caggaccact atgcttatga agatgaacgc 240
gtgcttgatg ttgtaattaa aggtcacgaa cgtctttatg aggttatgaa agaaaaagat 300
gaaatctata tgaagccaga tttcagtgat gaagatggta tccgtgctgc tgaacttgaa 360
ggtgaatttg cagaaatgaa tggttggaat gctgaagctg atgctgctaa ccttttatct 420
ggtttaggta tcgatccaac tttacacgat aaaaaaatgg ctgaattaga aaacaaccaa 480
```

aaaattaaag tattattagc gcaaagttta ttcggtgaac cagacgtact attactggat 540
gagcctacta acggtctcga tattccagca atcagttggt tagaagattt cttaattaac 600
tttgataata ctgttatcgt agtatcgcat gaccgtcatt tcttaaataa tgtatgtact 660
catatcgctg atttagactt cggtaaaatt aaagtttatg ttggtaacta tgatttttgg 720
tatcaatcta gtcagttagc tcaaaagatg gctcaagaac aaaacaagaa aaaagaagaa 780
aaaatgaaag agttacagga ctttattgca cgtttctcag ctaacgcttc taaatctaaa 840
caagcaacaa gtcgtaaaaa acaacttgag aaaattgaat tagatgatat tcaaccatca 900
tcaagaagat atcctttcgt taaattcacg cctgagcgtg agattggtaa cgacttatta 960
atcgttcaaa atctttctaa aacaattgac ggcgaaaaag tattagataa tgtatcattc 1020
acaatgaatc caaatgataa agcgatttta attggagata gtgaaattgc aaaaacaaca 1080
ttacttaaaa tattagctgg cgaaatggaa ccagacgaag gttcatttaa atggggtgtt 1140
actacatcat taagttactt ccctaaagat aactcagagt tctttgaggg tgtaaatatg 1200
aatctcgttg attggttaag acaatatgct cctgaagatg aacaaacaga aacattttta 1260
cgtggtttct taggtcgtat gttatttagt ggtgaagaag ttaagaaaaa agctagtgtg 1320
ctttcaggtg gagaaaaagt acgttgtatg ctaagtaaaa tgatgttatc aagtgcgaat 1380
gtacttttac ttgacgaacc tactaaccac ttagacttag aaagtattac tgctgtcaat 1440
gatggtctta aatcatttaa aggttctatc atctttactt cttatgactt cgaatttatc 1500
aacacgattg caaaccgtgt tatcgattta aataaacaag gcggcgtttc aaaagaaatt 1560
ccatatgaag aatacttgca agaaatcggc gttttaaaat aa 1602

<210> 35
<211> 1608
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 35

atgttacaag taactgatgt aagtttacgt tttggtgatc gtaaactatt tgaagatgta 60
aatataaaat ttacagaggg taattgttat ggattaattg gtgcaaatgg tgctgggaaa 120
tctacattct tgaagatttt atcaggcgaa attgattcac agactggtca tgtatctcta 180
ggtaaagatg agcgtttggc tgtgttaaaa caagatcatt ttgcttatga agatgaacgt 240
gttttagatg ttgtgattaa aggacatgaa cgtttgtatc aagtgatgaa agagaaagat 300
gaaatttata tgaaacctga tttcagcgat gaggacggta ttcgcgctgc agaacttgaa 360
ggagaatttg cagaaatgaa cggttggaat gctgaagctg atgctgctaa cttattatca 420
ggattaggca tagaacctga cttacatgat aaaaatatgt ctgaacttga aaataatcaa 480
aaagttaagg tattgttagc tcaaagttta tttggtgatc ctgacgttct tttactagat 540
gagcctacca atggtttaga tataccagca ataagttggt tagaagactt tttaattaat 600
tttgaaaata ctgtcattgt cgtttcgcat gaccgtcact tcttaaataa tgtttgtact 660
catattgctg atttagactt tggcaaaatt aaactttatg ttggtaacta tgatttttgg 720
tatcaatcaa gtcaattagc acaaaaaatg gcacaagaac aaaataagaa aaaagaagaa 780
aaaatgaaag agttacagga tttcatcgca cgcttctcag caaatgcttc taaatctaaa 840
caggcaacaa gtcgtaagaa acaattagaa aaaattgaat tagatgatat ccagccatca 900
tctcgtagat acccttacgt gaaatttact cctgaacgtg aaattggaaa tgatttactt 960
acagtagaaa atctttctaa aacaattgac ggcgaaaaag tactagacaa tgtttcattc 1020
actatgaatc ctaatgataa agctatttta gttggtgata gcgaaattgc taaaacaaca 1080
ttgttaaaaa ttttagctgg agaaatggaa ccagatgaag gtacatttaa atggggtgta 1140
acgacatctt taagttactt ccctaaagat aactctgagt tctttgatgg tgtcgatatg 1200
aatttagttg aatggttacg tcaatacgct ccagaagatg aacaaactga aacatttttа 1260
cgtggtttct taggtcgcat gttatttagt ggtgaggaag ttaagaaaaa agcaagcgtg 1320
ctttcaggtg gagaaaaagt acgttgcatg ttaagtaaaa tgatgttatc aagtgctaac 1380
gtacttttac ttgatgagcc aacaaaccat ttagatttgg aaagtatcac tgctgtaaat 1440
gacggattaa aatcatttaa aggttctatc atcttcactt cttatgattt tgaatttatt 1500
aatacaatcg caaatcgagt gattgacttg aatcaagctg gtgcctttc taaagaagta 1560
ccttatgagg aatacttaca agaaattggt gtattacaaa ataattaa 1608

<210> 36
<211> 1305
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 36

atgccaatta ttacagatgt ttacgctcgc gaagtcttag actctcgtgg taacccaact 60
gttgaagtag aagtattaac tgaaagtggc gcatttggtc gtgcattagt accatcaggt 120
gcttcaactg gtgaacacga agctgttgaa ttacgtgatg gagacaaatc acgttattta 180
ggtaaaggtg ttactaaagc agttgaaaac gttaatgaaa tcatcgcacc agaaattatt 240
gaaggtgaat tttcagtatt agatcaagta tctattgata aaatgatgat cgcattagac 300
ggtactccaa acaaaggtaa attaggtgca aatgctattt taggtgtatc tatcgcagta 360
gcacgtgcag cagctgactt attaggtcaa ccactttaca aatatttagg tggatttaat 420
ggtaagcagt taccagtacc aatgatgaac atcgttaatg gtggttctca ctcagatgct 480

ccaattgcat tccaagaatt catgatttta cctgtaggtg ctacaacgtt caaagaatca 540
ttacgttggg gtactgaaat tttccacaac ttaaaatcaa ttttaagcaa acgtggttta 600
gaaactgcag taggtgacga aggtggtttc gctcctaaat ttgaaggtac tgaagatgct 660
gttgaaacaa ttatccaagc aatcgaagca gctggttaca aaccaggtga agaagtattc 720
ttaggatttg actgtgcatc atcagaattc tatgaaaatg gtgtatatga ctacagtaag 780
ttcgaaggcg aacacggtgc aaaacgtaca gctgcagaac aagttgacta cttagaacaa 840
ttagtagaca aatatcctat cattacaatt gaagacggta tggacgaaaa cgactgggat 900
ggttggaaac aacttacaga acgtatcggt gaccgtgtac aattagtagg tgacgattta 960
ttcgtaacaa acactgaaat tttagcaaaa ggtattgaaa acggaattgg taactcaatc 1020
ttaattaaag ttaaccaaat cggtacatta actgaaacat ttgatgcaat cgaaatggct 1080
caaaaagctg gttacacagc agtagtttct caccgttcag gtgaaacaga agatacaaca 1140
attgctgata ttgctgttgc tacaaacgct ggtcaaatta aaactggttc attatcacgt 1200
actgaccgta ttgctaaata caatcaatta ttacgtatcg aagatgaatt atttgaaact 1260
gctaaatatg acggtatcaa atcattctat aacttagata aataa 1305

<210> 37
<211> 1305
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 37

atgccaatta ttacagatgt ttacgctcgc gaagtcttag actcacgtgg taacccaaca 60
gttgaagttg aagtattaac tgaaagcggt gctttcggac gtgcattagt accttctggt 120
gcttctactg gtgaacatga agcagttgaa ttacgtgatg gagataaatc acgttattta 180
ggtaaaggtg tgactaaagc ggtagaaaat gttaacgaaa tgatcgcacc agaaatcgtt 240
gaaggtgaat tttcagtttt agatcaagta tctattgata aaatgatgat tcaattagac 300
ggtacacaca acaaaggtaa attaggtgca aatgccattt taggtgtttc tattgccgta 360
gctcgtgcag ctgctgactt attaggtcaa ccattatata aatatttagg tggatttaat 420
ggtaaacaat tgccagtacc tatgatgaat attgttaatg gtggttctca ctcagatgca 480
ccaattgctt tccaagagtt catgatttta cctgtaggtg ctgagtcatt caaagaatca 540
ttacgttggg gtgcagaaat cttccataac cttaaatcaa tcttaagtga acgtggttta 600
gaaactgcag taggtgatga aggtggtttc gctcctagat ttgaaggcac tgaagacgct 660
gtagaaacta ttattaaagc tatcgaaaaa gcaggataca aaccaggtga agatgtattc 720
ttaggatttg actgtgcttc ttctgaattc tatgaaaatg gtgtttatga ttacactaaa 780
ttcgaaggtg aacacggtgc taaacgtagt gcagcagagc aagttgacta cttagaagaa 840
ttaattggta aatatccaat catcactatt gaagatggta tggatgaaaa cgattgggaa 900
ggttggaaac aattaactga tcgtatcggt gataaagttc aattagttgg tgatgattta 960
ttcgtaacta acactgaaat tttatctaaa ggtatcgaac aaggtattgg taactcaatc 1020
ttaatcaaag taaaccaaat cggtacatta actgaaacat tcgatgctat tgaaatggct 1080
caaaaagctg gatatactgc ggttgtatct caccgttctg gtgaaactga agatactaca 1140
attgctgata tcgcagttgc tacaaatgca ggccaaatta aaacaggttc attatctaga 1200
actgaccgta ttgctaaata caatcaatta ttacgtattg aagatgaatt atacgaaaca 1260
gctaaatttg aaggaattaa atctttctac aatttagata aataa 1305

<210> 38
<211> 768
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 38

atgaaaaaaa tcgttacagc tacaatcgct acagcaggac ttgccactat cgcatttgca 60
ggacatgatg cacaagccgc agaacaaaat aacaatggat ataattctaa tgacgctcaa 120
tcatacagct atacgtatac aattgatgca caaggtaatt atcattacac ttggacagga 180
aattggaatc caagtcaatt aacgcaaaac aacacatact actacaacaa ctacaatact 240
tatagttata acaatgcatc ttacaataac tactataatc attcatatca atacaataac 300
tatacaaaca atagccaaac agcaacaaat aactattata ctggtggttc aggtgcaagt 360
tatagcacaa caagtaataa tgttcatgtg actacaactg cagcgccatc ttcaaatggt 420
cgttcaattt ctaatggtta tgcatcagga agtaacttat atacttcagg acaatgtact 480
tattatgtat ttgatcgtgt tggtgggaaa attggttcaa catggggtaa cgcaagtaat 540
tgggctaacg cagctgcatc atctggctat acagtgaaca atacaccaaa agttggtgct 600
atcatgcaaa caacacaagg ctattacggt catgttgctt acgttgaagg cgttaacagc 660
aacggttctg ttcgtgtttc agaaatgaac tatggacatg gtgctggtgt ggttacgtct 720
cgtacaattt cagcaaacca agcaggttca tataatttca ttcattaa 768

<210> 39
<211> 804
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 39

```
atgaagaaaa tcgctacagc tactatcgca actgcaggat tcgctacaat cgcaattgca 60
tcaggaaatc aagctcatgc ttctgagcaa gataactacg gttataatcc aaacgaccca 120
acatcatata gctatactta cactattgat gcacaaggta actaccatta cacatggaaa 180
ggtaactggc atccaagtca attaaaccaa gataatggct actacagcta ttactactac 240
aatggctaca ataactacaa caattacaac aatggttata gctacaataa ttacagccgt 300
tacaacaact actcaaataa taatcaatca tataactaca ataactataa tagttacaac 360
acaaacagct accgtactgg tggtttaggt gcaagctaca gcacttcaag caacaatgtt 420
caagtaacta caactatggc tccatcatca aatggccgtt caatctcaag tggttatact 480
tcaggacgta acttatacac ttctggtcaa tgtacatact acgtatttga tcgtgtaggt 540
ggtaaaatcg gttcaacttg gggcaatgca agtaactggg ctaacgcagc tgcaagagct 600
ggttacacag tgaacaatac accaaaagct ggtgcaatta tgcaaacaac tcaaggtgca 660
tacggtcacg ttgcatacgt tgaaagtgtt aacagcaatg gttcagtaag agtttcagaa 720
atgaactatg gttatggccc aggtgttgta acttcacgta caatctcagc tagccaagct 780
gctggttata acttcattca ctaa                                       804
```

<210> 40
<211> 774
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 40

```
atgaaaaaaa tcgctacagc tacaattgca actgcaggaa tcgctacttt cgcatttgca 60
caccatgacg cacaagcagc agaacaaaat aatgatgggt acaatccaaa cgacccttat 120
tcatatagct acacttacac aatcgatgct gaaggtaact accactacac ttggaaaggt 180
aactggagtc cagatcgtgt aaatacttca tataactata ataattataa taactacaac 240
tactatggtt acaataacta tagcaactac aataactaca gtaattacaa caattacaac 300
aactatcaat caaacaacac gcaatcacaa agaacaactc aaccgactgg tggtttaggc 360
gcaagctatt caacatcaag tagtaatgtt cacgttacaa caacttctgc gccatcatca 420
aacggtgtat ctttatcaaa cgctcgctca gcatctggta acttatacac ttcaggtcaa 480
tgtacatatt atgtatttga cagagtaggt ggcaaaatcg gttcaacgtg gggtaacgca 540
aacaactggg caaacgctgc agcacgttct ggttacacag taaacaattc gcctgctaaa 600
ggtgcaatct tacaaacgtc acaaggtgca tacggacacg tagcatacgt tgaaggtgta 660
aacagcaatg gttcaatcag agtttcagaa atgaactacg gtcacggtgc aggtgttgtc 720
acttcacgta caatctctgc gagccaagct gcttcatata actatattca ctaa       774
```

<210> 41
<211> 930
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 41

```
atgaaaaaat tagtaccttt attattagcc ttattacttc tagttgctgc atgtggtact 60
ggtggtaaac aaagcagtga taagtcaaat ggcaaattaa aagtagtaac gacgaattca 120
attttatatg atatggctaa aaatgttggt ggagacaacg tcgatattca tagtattgta 180
cctgttggtc aagatcctca tgaatatgaa gttaaacctа aagatattaa aaagttaact 240
gacgctgacg ttattttata caacggatta aatttagaga ctggtaacgg ttggtttgaa 300
aaagccttag aacaggctgg taaatcatta aaagataaaa aagttatcgc agtatcaaaa 360
gatgttaaac ctatctattt aaacggtgaa gaaggcaaca aagataaaca agatccacac 420
gcatggttaa gtttagataa tggtattaaa tacgtaaaaa caattcaaca aacatttatc 480
gataacgaca aaaaacataa agcagattat gaaaagcaag gtaacaaata cattgctcaa 540
ttggaaaaat taaataatga cagtaaagac aaatttaatg acattccaaa agaacaacgt 600
gccatgatta caagtgaagg tgccttcaag tacttctcaa aacaatacgg tattacacca 660
ggttatattt gggaaattaa cactgaaaaa caaggtacac ctgaacaaat gagacaagct 720
attgagtttg ttaaaaagca caaattaaaa cacttattag tagaaacaag tgttgataag 780
aaagcaatgg aaagtttatc tgaagaaacg aagaaagata tctttggtga agtgtacaca 840
gattcaatcg gtaaagaagg cactaaaggt gactcttact acaaaatgat gaaatcaaat 900
attgaaactg tacacggaag catgaaataa                                  930
```

<210> 42
<211> 930
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 42

```
gtgaaaaaaa ttctcgcttt agcaatagca tttttaatta tccttgccgc atgtgggaat 60
cacagtaacc atgaacatca ctcacatgaa ggaaaattaa aagttgtaac tacaaactct 120
```

```
attctctatg acatggttaa acgtgtcggt ggaaataagg tcgatgttca tagcatcgtt 180
ccagtaggac aagacccaca tgaatatgag gttaaaccta aagatattaa agcattaaca 240
gatgctgacg ttgtatttta taacggttta aacctagaaa ctggaaatgg ttggtttgaa 300
aaagcacttg accaagcagg aaaatcaaca aaagataaaa atgtgatagc agcatcaaat 360
aatgttaaac caatatactt aaatggtgag gaaggtaaca aaaacaaaca agatccacat 420
gcatggttaa gtttagagaa tggaattaaa tacgtaaaaa caatacaaaa atcactagaa 480
catcatgata aaaaagataa gtctacatat gaaaaacaag ggaatgcata tatatcaaaa 540
ttagaagaac ttaataaaga tagtaaaaat aaattttgatg acatacccaa aaatcaacgt 600
gccatgatga caagtgaagg tgcatttaaa tattttgctc aacaattcga tgttaaacca 660
ggttatattt gggagataaa cacagaaaaa caaggtacac ctggtcaaat gaaacaagcc 720
attaaatttg ttaaagataa tcatttaaaa catttattag tcgaaacaag cgtagataaa 780
aaagctatgc aaagtttatc agaagaaact aagaaagata tttatggtga agtatttacc 840
gactctatag gtaaggaagg tactaaaggt gactcatact ataaaatgat gaaatctaat 900
attgatacaa tacatggtag tatgaaataa                                  930
```

<210> 43
<211> 702
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 43

```
atgaaaaaga caattatggc atcatcatta gcagtggcat taggtgtaac aggttacgca 60
gcaggtacag gacatcaagc acacgctgct gaagtaaacg ttgatcaagc acacttagtt 120
gacttagcgc ataatcacca agatcaatta aatgcagctc caatcaaaga tggtgcatat 180
gacatccact ttgtaaaaga tggtttccaa tataacttta cttcaaatgg tactacatgg 240
tcatggagct atgaagcagc taatggtcaa actgctggtt tctcaaacgt tgcaggtgca 300
gactacacta cttcatacaa ccaaggttca gatgtacaat cagtaagcta caatgcacaa 360
tcaagtaact caaacgttga agctgtttca gctccaactt accataacta cagcacttca 420
actacttcaa gttcagtgag attaagcaat ggtaatactg caggtgctac tggttcatca 480
gcagctcaaa tcatggctca acgtactggt gtttcagctt ctacatgggc tgcaatcatc 540
gctcgtgaat caaatggtca agtaaatgct tacaacccat caggtgcttc aggtttattc 600
caaactatgc caggttgggg tccgacaaac actgttgacc aacaaatcaa cgcagctgtt 660
aaagcataca aagcacaagg tttaggtgct tggggattct aa                    702
```

<210> 44
<211> 708
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 44

```
atgaaaaaaa cagttatcgc ttctacatta gcagtatctt taggaattgc aggttacggt 60
ttatcaggac atgaagcaca cgcttcagaa actacaaacg ttgataaagc acacttagta 120
gatttagcac aacataatcc tgaagaatta aatgctaaac cagttcaagc tggtgcttac 180
gatattcatt tcgtagacaa tggataccaa tacaacttca cttcaaatgg ttctgaatgg 240
tcatggagct acgctgtagc tggttcagat gctgattaca cagaatcatc atcaaaccaa 300
gaagtaagtg caaatacaca atctagtaac acaaatgtac aagctgtttc agctccaact 360
tcttcagaaa gtcgtagcta cagcacatca actacttcat actcagcacc aagccataac 420
tacagctctc acagtagttc agtaagatta tcaaatggta atactgctgg ttctgtaggt 480
tcatatgctg ctgctcaaat ggctgcacgt actggtgtat ctgcttcaac atgggaacac 540
atcattgcta gagaatcaaa tggtcaatta catgcacgta atgcttcagg tgctgctgga 600
ttattccaaa ctatgccagg ttggggttca actggttcag taaatgatca aatcaatgcc 660
gcttataaag catataaagc acaaggttta tctgcttggg gtatgtaa              708
```

<210> 45
<211> 11670
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 45

```
gtgaattatc gtgataaaat tcaaaagttt agtattcgta aatatacagt tggtacattt 60
tcaactgtca ttgcgacatt ggtattttta ggattcaata catcacaagc acatgctgct 120
gaaacaaatc aaccagcaag cgtggttaaa cagaaacaac aaagtaataa tgaacagact 180
gagaatcgag aatctcaagt acaaaattct caaaattcac aaaatagtca atcattatcc 240
gctactcatg aaaatgagca accaaataat agtcaagcta atttagtaaa tcaaaaagta 300
gcgcaatcat ctactactaa tgatgaacaa ccagcatctc aaaatgtaaa tacaaagaaa 360
gattcggcaa cggctgcgac aacacaacca gataaagaag aaagtaagca taaacaaaac 420
gaaagtcaat ctgctaataa aaatggaaac gacaatagag cggctcatgt agaaaatcat 480
gaagcaaatg tagtaacagc ttcagattca tctgataatg gtaacgtaca acatgaccga 540
```

aatgaattac aagcattttt tgatgcaaat tatcatgatt atcgctttat tgaccgtgaa 600
aatgcagatt ctggcacatt taactatgta aaaggcattt ttgacaagat taatacttta 660
ttaggcagta atgatccaat taacaataaa gacttgcaac ttgcatacaa agaattggaa 720
caagctgttg ctttaattcg tacaatgcct caacgtcaac aaactagccg tcgatcaaac 780
agaattcaaa cgcgttctgt tgagtctaga gctgcagagc ctagatcagt atcagactat 840
caaaatgcaa attcatcata ttatgttgaa aatgctaatg atggttcagg atatcctgta 900
ggtacatata tcaatgcttc tagtaaaggg gcgccatata atttaccaac tacaccatgg 960
aatacattga aggcctctga ctcaaaggaa attgctctta tgacagcgaa acaaactgga 1020
gatggctacc aatgggttat taagtttaat aaaggacatg ctccacatca aaatatgatt 1080
ttctggtttg cattaccagc agaccaagtg ccagtaggaa gaactgactt tgtaacagtt 1140
aattcagatg gaacaaatgt acaatggagt catggagcag gagcaggtgc aaataaacca 1200
cttcaacaaa tgtgggaata tggagtaaat gatcctgatc gttcacatga ctttaaaata 1260
agaaatagaa gtggccaagt aatatatagc tggccaactg tccatgttta ttctttagaa 1320
gatttatcta gagcgagtga ttatttttagt gaagctggag cgacacctgc tactaaagca 1380
tttggtagac aaaattttga atatattaat ggtcaaaaac ctgctgaatc accgggtgtt 1440
cctaaagttt atactttcat cggtcaaggt gatgcaagtt atacaatttc atttaaaaca 1500
caaggtccaa ctgttaataa attgtattat gcagcaggtg ggcgtgcttt agagtacaat 1560
caattattta tgtacagtca actatacgtc gaatcaacgc aagaccatca acaacgtctt 1620
aatggtttaa gacaagtggt taatcgtaca tatcgcatag gtacaactaa acgtgtagaa 1680
gtgagtcaag gaaatgtaca aacgaaaaag gtattagaaa gtacaaacct aaatatagat 1740
gattttgttg atgatccttt aagttatgtt aagacgccga gtaataaagt gttaggtttt 1800
tacccaacta atgcaaatac taacgctttt agaccggggg gcgttcaaga attaaatgaa 1860
tatcaattaa gtcaattatt tactgatcaa aaattacaag aagcagcaag aactagaaac 1920
ccaataagat taatgattgg tttcgactat cctgatggtt atggtaatag tgaaacttta 1980
gttcctgtta acttaacggt attacctgaa atccaacata atattaaatt ctttaaaaat 2040
gacgatactc aaaatattgc tgaaaaacca ttttcaaaac aagctgggca tccagttttc 2100
tatgtatatg caggtaacca agggaatgct tccgtgaatt taggtggtag cgtaacatct 2160
attcaaccat tacgtattaa tttaacaagt aatgagaatt ttacagataa agattggcaa 2220
attacaggta ttccgcgtac attacacatt gaaaactcga caaatagaac taataatgct 2280
agagaacgta acattgaact tgttggtaat ttattaccag gggattactt tggtacgata 2340
cgttttggac gtaaagaaca attatttgaa attcgtgtta aaccacatac accaacaatt 2400
acaacgacag ctgagcaatt aagaggtaca gcattacaaa aagtgcctgt taatatttcg 2460
ggaataccgt tggatccatc ggcattggtt tatttagttg caccaacaaa tcaaactacg 2520
aatggtggta gtgaggcaga tcaaatacca tctggttata cgatacttgc gactggtaca 2580
cctgatgggg tgcataatac aattactata cgaccgcaag attatgttgt attcatacca 2640
cctgtaggta aacaaattag agcagtagtt tattataata aagtagttgc atctaatatg 2700
agtaatgctg ttactatttt gccagatgac attccaccaa caatcaataa tcctgttgga 2760
ataaatgcca aatactatcg aggcgacgaa gtcaacttta caatgggagt ctctgataga 2820
cattctggta taaaaaatac aactattact actttgccaa gtggttggac atcaaattta 2880
actaaatccg acaacaaaaa cggctcatta gctattacag gtagagtctc tatgaatcag 2940
gcatttaaca gtgatattac atttaaagta tcagcgacag acaatgtcaa taatacgaca 3000
aatgatagtc aatctaaaca tgtgtcaatt catgtaggta aaattagtga agatgctcat 3060
ccgattgtat taggaaatac tgagaaagtt gtagtagtca atccgactgc tgtatctaat 3120
gatgaaaagc aaagcataat tactgccttt atgaataaaa accaaaatat aagaggatat 3180
ttagcatcaa ctgatccagt aactgtcgat aataatggta acgtcacatt acattaccgt 3240
gatggctcat caacaacgct tgatgctaca aatgtgatga catacgaacc agttgtgaaa 3300
tctgaatatc aaactgccaa tgctgctaaa acagcaacgg taacgattgc taaaggacaa 3360
tcatttaata ttggtgatat taaacaatat tttactttaa gtaatggaca agctattcca 3420
aatggcacat ttacaaatat tacatctgat agaactattc caactgcaca agaagttagt 3480
caaatgaatg caggtacgca gttatatcat atagttgctt caaatgcata tcataaagac 3540
actgaagatt tctatattag tttaaaaatc gttgatgtga aacaacctga aggcgatcaa 3600
cgtgtctatc gtacgtcaac atatgattta accactgatg aaatctcaaa agtaaaacaa 3660
gcttttatta atgcaaatag agatgtaatt acgcttgccg aaggtgatat ttcagttaca 3720
aatacaccta atggtgctaa tgtaagtact attacagtaa atattaataa aggtcgatta 3780
acgaaatcat tcgcgtctaa cctagctaat atgaatttct tgcgttgggt taatttccca 3840
caagattata cagtgacatg gacgaatgca aaaattgcaa acagaccaac agatggtggt 3900
ttatcatggt ccgatgacca taaatcttta atttatcgtt atgatgctac attaggcaca 3960
caaattacaa ctaatgatat tttaacgatg ctaaaagcga ctactacagt gcctggattg 4020
cgtaataata ttactggtaa tgaaaaagca caagcagaag caggtggaag accaaactat 4080
agaacaactg gttattcaca atcaaatgcg acaactgatg gtcaacgtca atttacgttg 4140
aatggtcaag tgattcaaat attagacatc atcaaccctt caaacggtta tggtgggcaa 4200
cctgttacaa attcaaatac tcgtgcaaac catagtaact caactgttgt taacgtaaac 4260
gaaccggcag ctaatggtgc tggcgcattt acaattgacc acgttgtaaa aagtaattct 4320
acacataatg caagtgatgc agtttataaa gcgcagttat acttaacgcc atatggtcca 4380
aaacaatatg ttgaacattt aaatcaaaat acaggaaata ctactgacgc tattaacatt 4440
tattttgtac caagtgactt agtgaatcca acaatttcag taggtaatta cactaatcat 4500
caagtgttct caggtgaaac atttacaaat acgattacag cgaatgataa ctttggtgtg 4560
caatcggtaa ctgtaccaaa tacatcacaa attacaggta ctgttgataa taaccatcaa 4620

catgtttctg caacggcacc aaatgtgaca tcagcaacta gtaagacaat caatttatta 4680
gcaactgata caagtggtaa tacagctaca acttcattca atgtaacagt gaaacctttg 4740
cgtgataaat atcgagttgg tacttcatca acggctgcta atcctgttag aattgccaat 4800
atttcgaata atgcgacagt atcacaagct gatcaaacga caattattaa ttcgttaacg 4860
tttacaagta atgcaccaaa tagaaactat gcaacagcaa gcgcaaatga aatcactagt 4920
aaaacagtta gtaatgtcag tcgtactgga aataatgcca atgtcacagt aactgttact 4980
catcaagatg gaacaacatc aacagtgact gtacctgtaa agcatgtcat tccagaaatc 5040
gttgcacatt cgcattacac tgtacaaggc caagacttcc cagcaggtaa tggttctagt 5100
gcagcagatt actttaagtt atctaatggt agtgccattc cagatgcaac gattacatgg 5160
gtaagtggac aagcgccaaa taaagataat acacgtattg gtgaagatat aacagtaact 5220
gcacatatct taattgatgg cgaaacaacg ccgattacga aaacagcaac atataaagta 5280
gtaagaactg taccgaaaca tgtctttgaa acagccagag gtgttttata cccaggtgtt 5340
tcagatatgt atgatgcgaa acaatatgtt aagccagtaa ataattcttg gtcgacaaat 5400
gcgcaacata tgaattttca atttgttgga acatatggtc ctaacaaaga tgttgtaggt 5460
atatcaacgc gtcttattag agtgacttat gataatagac aaactgaaga tttaactatt 5520
ttatctaaag ttaaacctga cccaccaaga attgacgcaa actctgtgac atataaagca 5580
ggtcttacaa accaagaaat taaagttaat aacgtattaa ataactcgtc agtaaaatta 5640
tttaaagcag ataatacacc attaaatgtc acaaatatta ctcatggtag tggttttagt 5700
tcggttgtga cagtaagtga cgcgttacca aatggcggaa ttaaagcaaa atcttcaatt 5760
tcaatgaaca atgtgacgta tacgacgcaa gacgaacatg gtcaagttgt tacagtaaca 5820
agaaatgaat ctgttgattc aaatgatagt gcttctgtta cagtaacacc acaattacaa 5880
gcaactactg aaggcgctgt atttattaaa ggtggcgacg gttttgattt cggtcatgta 5940
gaacgattta ttcaaaatcc gccacatggg gcaacggtcg catggcatga tagtccagat 6000
acatggaaga atacagtcgg caacacacat aaaactgcgg ttgtaacatt acctagtggt 6060
caaggtacgc gtaatgttga agttccagtc aaagtttatc cagttgctaa tgctaaggcg 6120
ccatcacgtg atgtgaaagg tcaaaatttg acacatggta caaacgctat tgattacatt 6180
acatttgatc caaatactaa tacgaatggt attacagcag catgggcaaa tagacaacaa 6240
ccaaataacc agcaagcagg cgttcaacat ttaaatgtcg atgtcacata tccaggtatt 6300
tcagctgcta aacgagttcc tgtaactgtg aacgtatatc aatttgaatt ccctcaaact 6360
acttatacaa caacagttgg tggcacttta gcaagtggta cgcaagcatc aggatatgca 6420
catatgcaaa acgcttcagg tttaccaaca gatggattta cgtataaatg gaatcgtgat 6480
actacgggta caaacgatgc aaactgggca gcaatgaata aaccaaatac tgcacaagtc 6540
gttaatgcaa aatatgatgt catctataat ggacatacat ttgcaacatc tttaccagcg 6600
aaatttgtag taaaagatgt tcaaccagcg aaaccaactg tcactgaaac agcggcagga 6660
gcgattacaa ttgcacctgg tgcgaaccaa acagtcaata ctcatgctgg taatgttacg 6720
acatatgctg acaaattagt tattaaacgt aatggaaatg ttgtaacgac atttacacgt 6780
cgtaataata cgagcccatg ggtgaaagaa gcatcagcag ataatgtaac aggtattgtt 6840
ggaactaata atggtattac tgtggcagca ggtactttca atcctgctga tacaattcaa 6900
gttgttgcaa cacaaggtag tggcgaaaca atcagtgacg agcaacgtag tgatgatttc 6960
acagttgtcg caccacaacc gaaccaagcg actacgaaaa tttggcaaaa tggtcatatt 7020
gatatcacgc ctaataatcc atcaggacat ttaattaatc caacacaagc aatggatatt 7080
gcttacactg aaaaagtggg taatggtgca gaacatagta agacaattaa tgttgttcgt 7140
ggtcaaaata atcaatggac aattgcgaat aagcctgact atgtaacgtt agatgcacaa 7200
actggtaaag tgacgttcaa tgccaatact ataaaaccaa attcatcaat cacaattact 7260
ccgaaagcag gtacaggtca ctcagtaagt agtaatccaa gtacattaac tgcaccggca 7320
gctcatactg tcaacacaac tgaaattgtg aaagattatg gttcaaatgt aacagcagct 7380
gaaattaaca atgcagttca agttgctaat aaacgtactg caacgattaa aaatggcaca 7440
gcaatgccta ctaatttagc tggtggtagc acaacgacga ttcctgtgac agtaacttac 7500
aatgatggta gtactgaaga agtacaagag tccattttca caaaagcgga taaacgtgag 7560
ttaatcacag ctaaaaatca tttagatgat ccagtaagca ctgaaggtaa aaagccaggt 7620
acaattacgc agtacaataa tgcaatgcat aatgcgcaac aacaaatcaa taccgcgaaa 7680
acagaagcac aacaagtgat taataatgag cgtgcaacac cacaacaagt ttctgacgca 7740
ctaactaaag ttcgtgcagc acaaactaag attgatcaag ctaaagcatt acttcaaaat 7800
aaagaagata atagccaatt agtaacgtct aaaaataact tacaaagttc tgtgaaccaa 7860
gtaccatcaa ctgctggtat gacgcaacaa agtattgata actataatgc gaagaagcgt 7920
gaagcagaaa ctgaaataac tgcagctcaa cgtgttattg acaatggcga tgcaactgca 7980
caacaaattt cagatgaaaa acatcgtgtc gataacgcat taacagcatt aaaccaagcg 8040
aaacatgatt taactgcaga tacacatgcc ttagagcaag cagtgcaaca attgaatcgc 8100
acaggtacaa cgactggtaa gaagccggca agtattactg cttacaataa ttcgattcgt 8160
gcacttcaaa gtgacttaac aagtgctaaa aatagcgcta atgctatcat tcagaagcca 8220
ataagaacag tgcaagaggt acaatctgcg ttaacaaatg taaatcgtgt caatgagcga 8280
ttaacgcaag caattaatca attagtacct ttagctgata atagtgcttt aagaactgct 8340
aagacgaaac ttgatgaaga aatcaataaa tcagtaacta ctgatggtat gacacaatca 8400
tcaatccaag catatgaaaa tgctaaacgt gcaggtcaaa cagaaacaac aaatgcacaa 8460
aatgttatta acaatggtga cgcgacagac caacaaattg ccgcagaaaa aacaaaagta 8520
gaagaaaaat ataatagctt aaaacaagca attgctggat taacaccaga cttggcacca 8580
ttacaaactg caaaaactca gttgcaaaat gatattgatc agccaacgag tacgactggt 8640
atgacaagcg catctgttgc tgcatttaat gacaaacttt cagcagctag aactaaaatt 8700

caagaaattg atcgcgtact agcatctcat ccagatgtag caacgattcg tcaaaacgtg 8760
acagcagcga atgctgctaa aacagcactt gatcaagcgc gcaatggctt aacagtcgat 8820
aaagcacctt tagaaaatgc gaaaaatcaa ctacaacata gtattgatac gcaaacaagt 8880
acaactggta tgacacaaga ctctataaat gcatacaatg cgaagttaac agctgcacgt 8940
aataaggttc aacaaatcaa tcaagtatta gcaggttcac ctactgtaga tcaaattaat 9000
acaaatacgt ctgcagcaaa tcaagcgaaa tctgatttag atcatgcacg tcaagcgtta 9060
acaccagata aagcgccgct tcaaaatgcg aaaacgcaat tagaacaaag cattaatcaa 9120
ccaacagata caacaggtat gacaaccgct tcgttaaatg catacaacca aaaattacaa 9180
gcagcacgtc aaaagttaac tgaaattaat caagtgttga atggcaaccc aactgtccaa 9240
aatatcaatg ataaagtggc agaggcaaac caagctaagg atcaattaaa tacagcacgt 9300
caaggtttaa cattagatag acagccagcg ttaacaacat tacatggtgc atctaactta 9360
aaccaagcac aacaaaataa tttcacgcaa caaattaatg ctgctcaaaa tcatgctgcg 9420
cttgaaacaa ttaagtctaa cattacggct ttaaatactg cgatgacgaa attaaaagac 9480
agtgttgcgg ataataatac aattaaatca ggtcaaaatt acactgacgc aacaccagct 9540
aataaacaag cctatgataa tgcagttaat gcggctaaag gtgtcattgg agaaacgact 9600
aatccaacga tggatgttaa cacagtgaac caaaaagcag catctgttaa atcgacgaaa 9660
gatgctttag atggtcaaca aaacttacaa cgtgcgaaaa cagaagcaac aaatgcgatt 9720
acgcatgcaa gtgatttaaa ccaagcacaa aagaatgcat taacacaaca agtgaatagt 9780
gcacaaaacg tgcaagcagt aaatgatatt aaacaaacga ctcaaagctt aaatactgct 9840
atgacaggtt taaaacgtgg cgttgctaat cataaccaag tcgtacaaag tgataattat 9900
gtcaacgcag atactaataa gaaaaatgat tacaacaatg catacaacca tgcgaatgac 9960
attattaatg gtaatgcaca acatccagtt ataacaccaa gtgatgttaa caatgcttta 10020
tcaaatgtca caagtaaaga acatgcattg aatggtgaag ctaagttaaa tgctgcgaaa 10080
caagaagcga atactgcatt aggtcattta aacaatttaa ataatgtaca acgtcaaaac 10140
ttacaatcgc aaattaatgg tgcgcatcaa attgatgcag ttaatacaat taagcaaaat 10200
gcaacaaact tgaatagtgc aatgggtaac ttaagacaag ctgttgcaga taaagatcaa 10260
gtgaaacgta cagaagatta tgcggatgca gatacagcta aacaaaatgc atataacagt 10320
gcagtttcaa gtgctgaaac aattattaat caaacagcta atccgacaat gtctgttgat 10380
gatgttaatc gtgcaacttc agctgttact actaataaaa atgcattaaa tggtgatgaa 10440
aaattagtac aatctaaaac agatgctgca agagcaattg atgcattacc acatttaaat 10500
aatgcacaaa aagcagatgt taaatctaaa attaatgctg catcaaatat tgctggtgta 10560
aataccgtta aacaacaagg tacagattta aatacagcga tgggtaactt gcagggtgca 10620
atcaatgatg aacaaacgac gcttaatagt caaaattatc aagatgcgac acctagtaag 10680
aaaacagcat acacaaatgc ggtgcaagct gcgaaagata ttttaaataa atcaaatggt 10740
caaaataaaa cgaaagatca agttactgaa gcgatgaatc aagtgaattc ggctaaaaat 10800
aacttagatg gtacgcgttt attagatcaa gcgaagcaaa cagcgaaaca gcagttaaat 10860
aatatgacgc atttaacaac tgcacaaaaa acgaatttaa caaatcaaat taatagtggt 10920
actactgttg ctggtgttca tacggttcaa tcaaatgcca acacattaga tcaagcgatg 10980
aatacgttaa gacaaagtat tgctaacaat gatgcgacta aagcaagtga agattacgta 11040
gatgctaata atgataagca aacagcatat aacaacgcgg tagctgctgc tgaaacgatt 11100
attaatgcga atagtaatcc agaaatgaat ccaagtacga ttacacaaaa agcagagcaa 11160
gtgaatagtt ctaaaacggc acttaacggt gatgaaaact tagctacggc aaaacaaaat 11220
gcgaaaacgt acttaaacac attaacgagt attacagatg ctcaaaagaa caatttgatt 11280
agtcaaatta gtagtgcgac aagagtgagt ggtgttgata ctgtaaaaca aaatgcacaa 11340
catttagatc aagctatggc taacttacaa aatggtatta acaacgaatc tcaagtgaaa 11400
tcatctgaga aatatcgtga tgctgataca aataaacaac aagagtatga taatgctatt 11460
actgcagcga aagcgatttt aaataaatcg acaggtccaa acactgcgca aaatgcagtt 11520
gaagcagcat tgcaacgtgt taatactgcg aaagatgcat tgaatggtga tgcaaaatta 11580
attgcagctc aaaacgcagc gaaacaacat ttaggtactt taacgcatat cactacagca 11640
caacgcaatg atttaacaaa tcaaatttca 11670

<210> 46
<211> 20139
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 46

atgggtaact tacaaacggc tatcaacgat aagtcaggaa cattagcgag ccaaaacttc 60
ttggatgctg atgagcaaaa acgtaatgct tacaatcaag ctatatcagc tgccgaaacc 120
attttaaata aacaaactgg accgaataca gcgaaaacag cggttgaaca agcacttaat 180
aatgttaata gtgcgaaaca tgcattaaat ggtacgcaaa acttaaataa tgcgaaacaa 240
gcagcgatta cagcaattaa tggcgcatct gatttaaatc aaaaacaaaa agatgcatta 300
aaagcacaag ctaatggtgc tcaacgcgta tctaatgcaa atgatgtaca acgtaatgcg 360
actgaactga acacggcaat gggtcaatta caacatgcca tcgcagataa gacgaatacg 420
ttagcaagca gtaaatatgt caacgccgat agcactaaac aaaatgctta cacaactaaa 480
gttaccaatg ctgaacatat tattagcggt acgccaacgg ttgttacaac accttcagaa 540

gtaacagctg cagctaatca agtaaacagc gcgaaacaag aattaaatgg tgacgaaaga 600
ttacgtgttg caaaacaaaa cgccaatact gctattgatg cattaacgca attaaatact 660
cctcaaaaag ctaaattaaa agaacaagtg ggacaagcca atagattaga agacgtacaa 720
tctgttcaaa caaatggaca atcattgaac aatgcaatga aaggcttaag agatagtatt 780
gctaacgaaa caacagtcaa agcaagtcaa aactatacag acgcaagtcc gaataaccaa 840
tcaacatata atagcgctgt gtcaaatgcg aaaggtatca ttaatcaaac taacaatcca 900
actatggata ctagtgcgat tacccaagct acaacacaag tgaataatgc taaaaatggt 960
ttaaacggtg ctgaaaactt aagaaatgca caaaacactg ctaagcaaaa cttaaatacg 1020
ttatcacact taacaaataa ccaaaaatct gcaatctcat cacaaattga tcgtgcaggt 1080
catgtgagtg aggtaacagc tgctaaaaat gcagcaactg agttaaacgc gcaaatgggc 1140
aacttggaac aagctatcca tgatcaaaac acagttaaac aaggtgttaa cttcactgat 1200
gcagataaag ctaaacgtga tgcttatata aatgcggtaa gcagagcaga aacaatttctg 1260
aataaaacgc aaggtgcaaa tacgtctaaa caagatgttg aagcggctat tcaaaatgtt 1320
acaagtgcta aaaatgcatt gaatggtgat caaaacgtta caaatgcgaa gaatgcagct 1380
aaaaatgcat taaataactt aacgtcaatt aataatgcac aaaaacgtga cttaacaact 1440
aaaattgatc aagcaacaac agtagctggt gttgaagcgg tatctaatac aggtacacaa 1500
ttgaatacag cgatggctaa cttgcaaaat ggtattaatg ataaagcgaa tactttagcg 1560
agcgaaaact atcatgatgc tgattcagat aagaaaactg cttatactca agccgttacg 1620
aacgcagaaa atattttaaa taaaaatagt ggatcaaatt tagataaagc tgccgttgaa 1680
aacgcgttgt cacaagtgac aaatgcgaaa ggtgccctaa atggtaacca taatttagag 1740
caagctaaat caaatgcaaa cactactata aacggccttc aacatttaac aacagcacaa 1800
aaagataaat tgaaacaaca agtgcaacaa gcacaaaatg ttgcaggtgt agatactgtt 1860
aaatcaagtg ccaacacatt aaatggtgct atgggtacgt taagaaatag catacaagat 1920
aacacagcta cgaaaaatgg ccaaaactat cttgatgcta cagaacgtaa caaaacaaac 1980
tataacaatg ctgttgatag tgctaatggt gtcattaatg caacaagcaa tccaaatatg 2040
gatgctaatg caattaacca aatcgctaca caagtgacat caacgaaaaa tgcattagat 2100
ggtacacata atttaacgca agcgaaacaa acagcaacaa atgccatcga tggtgctact 2160
aacttaaata aagcgcaaaa agatgcgtta aaagcacaag ttacaagtgc gcaacgtgtt 2220
gcaaatgtaa caagtatcca acaaactgca aatgaactta atacagctat gggtcaatta 2280
caacatggta ttgatgatga aaatgcaaca aaacaaactc aaaaatatcg tgacgctgaa 2340
caaagtaaga aaactgctta tgatcaagct gtagctgctg cgaaagcaat tttaaataaa 2400
caaacaggtt ccaattcaga taaagcagca gttgaccgtg cattacaaca agtaacaagt 2460
acgaaagatg cattgaatgg ggatgctaaa ctggcagaag cgaaagcggc agctagacaa 2520
aacttaggta ctttaaacca tattacgaat gcacaacgta ctgcgttaga aggtcaaatc 2580
aatcaagcga cgactgttga tggcgttaat actgtaaaaa caaatgccaa tacattagac 2640
ggcgctatga atagcttaca aggtgcaatc aatgataaag atgcgacatt aagaaatcaa 2700
aattatcttg atgcagatga atcaaaacga aatgcatata cgcaagctgt cacagcggct 2760
gaaggcattt taaataaaca aacaggtggt aacacatcta aagcagacgt tgataatgca 2820
ttaaatgcag ttacaagagc gaaagcggct ttaaatggtg ctgaaaactt aagaaatgcg 2880
aaaacttcag caacaaatac gattaatggt ttacctaact taacacaatt acaaaaagac 2940
aacttgaagc atcaagttga acaagcgcaa aatgtagttg gtgtaaatgg tgttaaagat 3000
aaaggtaata cattaaatac tgccatgggt gcattacgta caagtatcca aaatgataat 3060
acgacgaaaa caagtcaaaa ttatcttgat gcatctgata gcaacaaaaa taattacaat 3120
actgctgtaa ataatgcaaa tggtgttatt aatgcaacga acaatccaaa tatggatgct 3180
aatgcgatta atgacatggc aaatcaagtc aatacaacaa aagcagcgtt aaatggtgca 3240
caaaacttag ctcaagctaa aacaaatgcg acgaacacaa ttaacaacgc gcaagactta 3300
aaccaaaaac aaaaagatgc attaaaaaca caagttaaca atgcacaacg tgtatctgat 3360
gcaaataacg ttcaacatac agctactgaa ttgaacggtg cgatgacagc acttaaagca 3420
gctattgcgg ataaagaaag aacaaaagca agcggtaatt atgtcaatgc tgatcaagaa 3480
aaacgtcaag cgtatgattc aaaagtgact aacgctgaaa atatcattaa tggtacacca 3540
aatgcgacat taacagtcaa tgacgtaaat agtgcggcat cacaagtcaa tgcggctaaa 3600
acagcattaa atggtgataa caacttacgt gtagcgaaag agcatgctaa caatacaatt 3660
gacggcttag cacaattgaa taatgtacaa aaagcaaaat taaaagaaca agttcaaagt 3720
gcaactacat tagatggtgt tcaaactgtt aaaaatagtt ctcaaacgtt gaatacagcg 3780
atgaaaggct taagagatag tattgcgaat gaagcaacga ttaaagcagg tcaaaactac 3840
actgacgcaa gtccaaataa tcgtaacgag tacgacagcg cagttactgc agcaaaagca 3900
atcattaatc aaacatcgaa cccaacgatg gaaccaaata ctattacgca agcaacatca 3960
caagtgacaa ctaaagaaca tgcattaaat ggtgcgcaaa acttagctca agctaagaca 4020
acagcgaaaa acaacttgaa taacttaaca tcaattaaca atgcacaaaa agatgcgtta 4080
acgcgtaaca ttgatggtgc aactacagta gctggtgtaa atcaagaaac tgcaaaagca 4140
acagaattaa ataacgcaat gcacagttta caaaatggta tcaatgatga gacacaaaca 4200
aaacaaactc agaaatacct agatgctgag ccaagtaaga aatcagctta tgatcaagca 4260
gtaaatgcag caaaagcaat tttaacaaaa gctagtggtc aaaatgtaga caaagcagca 4320
gttgaacaag cattacaaaa tgtgaacagt acgaagacgg cgttgaacgg tgatgcgaaa 4380
ttaaatgaag ctaaagctgc tgcgaaacaa acgttaggta cattaacaca cattaataat 4440
gcacaacgta atgcgttaga taatgaaatt acacaagcaa caaatgttga aggtgttaat 4500
acagttaaag ccaaagcgca acaattagat ggtgctatgg gtcaattaga aacatcaatt 4560
cgtgataaag acacgacgtt acaaagtcaa aattatcaag atgctgatga tgctaaacga 4620

acggcttatt ctcaagcagt aaatgcagca gcaactattt taaataaaac agctggagga 4680
aatacaccta aagcagatgt cgaaagagca atgcaagctg ttacacaagc caatactgca 4740
ttaaacggta ttcaaaactt agaacgtgcg aaacaggctg cgaacacagc gattacaaat 4800
gcttcggact taaatacaaa acaaaaagaa gcattgaaag cacaagtaac aagtgcagga 4860
cgcgtatctg cagcaaatgg tgttgaacat actgcgactg aattaaatac tgcgatgaca 4920
gctttaaaac gtgccattgc tgataaagct gacacaaaag ctagtggtaa ttatgtcaat 4980
gctgatgcga ataaacgcca agcatatgat gaaaaagtga cagctgcaga acatatcgtt 5040
agtggtacac caacaccaac gttaacacca tcagatgtta caaatgcagc aacgcaagta 5100
acgaatgcga agacgcagtt aaacggtaat cataatttag aagtagcgaa acaaaatgct 5160
aacacagcaa ttgatggttt aacttcttta aatggtccgc aaaaagcaaa acttaaagaa 5220
caagtgggtc aagcgacgac gttgccaaat gttcaaactg ttcgtgataa tgcacaaaca 5280
ttaaacactg caatgaaagg tctacgagat agcattgcga atgaagcaac gattaaagca 5340
ggtcaaaact acacagatgc aagtcaaaac aaacaaaatg actacaacaa tgcagtcact 5400
gcagcaaaag caatcattgg tcaaacaact agtccatcaa tgattgcgca agaaattaat 5460
caagcgaaag accaagtgac agctaaacaa caagcgttaa acggtcaaga aaacttaaga 5520
actgcgcaaa caaatgcgaa gcaacatttg aatggcttaa gtgacttaac taatgcacaa 5580
aaagatgcag cgaaacgcca aatcgaaggt gcaacgcatg ttaatgaagt aacacaagcg 5640
caaaataatg cggacgcatt aaatacagct atgacgaact tgaaaaatgg tattcaagat 5700
caaaatacga ttaagcaagg tgttaacttc actgatgcag atgaagcgaa acgtaatgca 5760
tatacaaatg cagtgacgca agctgaacaa attttaaata aagcacaagg tccaaatact 5820
gcaaaagacg gtgtcgaaac tgcgttacaa aatgtacaac gtgctaaaaa cgaattgaac 5880
ggtaatcaaa atgttgcgaa cgctaagaca actgcgaaaa atgcattgaa taaccttaca 5940
tcaattaata atgcacaaaa agcagcattg aaatcacaaa ttgaaggtgc gacaacagtt 6000
gcaggtgtaa atcaagtgtc tacaatggca tctgaattaa atactgcaat gagcaactta 6060
caacgtggta ttaatgacga agcagctaca aaagcagctc agaaatatac tgaagcagat 6120
agagataaac aaactgcata caatgatgct gtaacagcag ctaaaacgtt attagataaa 6180
acagctggtt caaatgacaa taaagtagcc gttgaacaag cattacaacg tgtgaatact 6240
gctaaaacag cattaaatgg tgacgcgcga ttaaatgaag cgaagaacac agctaaacaa 6300
caattagcga caatgtcaca tttaactaat gctcaaaaag caaacttaac agaacaaatt 6360
gaacgtggta caactgttgc tggtgttcaa ggcatccaag caaatgctgg tactttaaat 6420
caagcaatga atcaattaag acaaagtatt gcttctaaag atgcgactaa atcaagcgaa 6480
gattatcaag acgcgaatgc agatttacaa aatgcataca atgatgcggt aactaatgct 6540
gaaggtatta ttagtgcaac gaataaccct gaaatgaatc ctgatacaat taaccaaaaa 6600
gcgagccaag tgaacagtgc gaagtctgca ttgaacggtg atgaaaaatt agcagcagta 6660
aaacaaactg cgaaatcaga tatcggtcgt ttgacagact tgaacaatgc acaacgaact 6720
gcggcaaatg ctgaagtgga tcaagcacca aatcttgcag ctgtcacagc ggctaaaaat 6780
aaagcaacat cgttaaacac agcgatgggt aatttgaaac atgcacttgc tgaaaaggat 6840
aatacgaaac gtagtgtcaa ttacacagat gcggatcaac caaaacaaca agcgtatgat 6900
actgcagtta cacaagcaga agcaattact aatgcaaatg gcagtaacgc gaatgaaaca 6960
caagttcaag cagcgcttaa ccaattgaat caagctaaaa acgacttgaa tggtgataat 7020
aaagttgctc aagcgaaaga aacagcaaaa cgtgcattag cttcatatag taacttgaat 7080
aacgcgcaat caactgcagc aactagtcaa attgacaatg caacgacagt agcagacgta 7140
actgctgcac aaaatactgc taatgaatta aatacagcaa tgggtcaact tcaaaatggt 7200
attaatgacc aaaacactgt taaacaacaa gtgaacttta cagatgctga ccaaggtaag 7260
aaagatgctt acacaaatgc tgttacgaat gctcaaggta ttttagataa agcaaacggt 7320
caaaatatga caaaagcaca agttgaagct gcattaaatc aagtaacgac tgctaagaat 7380
gctttaaacg gtgatgcaaa tgtaagacaa gcaaaatcag atgcgaaagc aaacttaggt 7440
acattaacac acttaaataa tgcacaaaaa caagatttaa catcacaaat cgaaggtgca 7500
acaacagtca acggtgtaaa tagtgttaaa acgaaagcac aagacttaga tggtgcaatg 7560
caacgattag agtcagcaat cgcaaataaa gatcaaacta aagcgagcga aaactacatt 7620
gacgcagatc caactaagaa aacagcattt gataatgcca tcacacaagc tgaatcttac 7680
ttaaataaag atcatggtac gaataaagat aagcaagctg ttgaacaagc aattcaaagt 7740
gtaacgtcta ctgaaaatgc tttgaacggt gacgcgaact tacaatgcgc taaaactgaa 7800
gctacacaag ctatcgataa cttgacacaa ttgaatacac cgcaaaaaac agcattgaaa 7860
caacaagtga atgctgcaca acgcgtatca ggtgtaactg atctgaaaaa tagtgctaca 7920
tcacttaata atgcgatgga tcaattaaaa caagcaattg gtgatcatga cacaattgta 7980
gctggtggta attacactaa cgcaagtcct gataaacaag gtgcttacac tgatgcatat 8040
aatgctgcga agaatatcgt aaatggttca cctaatgtga ttacaaatgc agcagatgtt 8100
actgcggcaa cacaacgtgt caataatgct gaaacaagtt taaatggtga tacaaactta 8160
gcaactgcga agcaacaagc taaagatgca ttacgtcaaa tgacacattt atctgatgca 8220
caaaaacaaa gtattactgg tcaaattgat agcgcgacac aagtaactgg tgtacaaagt 8280
gtgaaagaca atgcaacaaa tcttgacaat gcaatgaatc aacttcgaaa tagtattgcg 8340
aataaagatg aagtaaaagc gagtcaacca tatgttgatg cagatacaga taaacaaaat 8400
gcatacaata cagcagttac aagtgctgaa aatatcatta atgcaacgag tcagccaaca 8460
cttgatccat ctgcagtaac acaagcagct aatcaagtga acactaacaa aactgcgctt 8520
aatggtgcgc aaaacttagc aaataaaaag caagaaacaa ctgctaacat caaccgatta 8580
agtcatttaa acaatgctca aaagcaagat ttaaatacac aagtgacaaa tgcaccaaat 8640
attagcacag taaatcaagt gaaaactaaa gctgaacaat tagatcaagc aatggaacgt 8700

ttaatcaacg gaatccaaga caaagatcaa gtgaaacaaa gtgttaactt tacagatgca 8760
gatccagaaa aacaaacagc atacaacaat gcggtaactg ctgctgaaaa tattattaat 8820
caagcaaatg gtacaaatgc gaaccaatca caagttgaag cagcactttc aactgtaaca 8880
actactaaac aagcgttgaa tggtgataga aaagtaacag atgctaaaaa caatgcaaac 8940
caaacattat ctacgttaga taacttaaac aatgcacaaa aaggtgctgt tactggaaac 9000
atcaatcaag cgcacactgt agctgaagta acgcaagcca ttcaaaccgc tcaggaactg 9060
aatacagcga tgggtaactt gaaaaatagc ttgaatgata aagacactac acttggcagt 9120
caaaactttg cagatgcaga tccagagaag aaaaatgcat acaatgaagc ggttcgtaat 9180
gctgaaaata ttttaaataa atctacaggt acgaacgtgc ctaaagatca agttgaagca 9240
gctatgaatc aagtgaatac tacaaaagca gcgcttaatg gtactcaaaa ccttgaaaaa 9300
gcgaaacaac acgcaaatac agcaattgac ggtttaagcc atttaacaaa tgcacaaaaa 9360
gaggcattaa aacaattggt acaacaatcg actactgttg cagaagcaca aggtaatgaa 9420
caaaaagcaa acaatgttga tgcagcaatg gacaaattac gtcaaagtat tgcagataat 9480
gcgacaacaa aacaaaacca aaattatact gatgcaagtc cgaataaaaa ggatgcgtac 9540
aataatgctg tcacaactgc acaaggtatt attgatcaaa ctacaaaccc ttcattagat 9600
ccgactgtta tcaatcaagc tgctggacaa gtaagcacgt ctaaaaatgc tttaaatggt 9660
aatgaaaact tagaggcagc gaagcaacaa gcaacgcaat ctttaggttc attagacaac 9720
ttaaataatg cgcaaaaaca agctgttact aatcaaatta atggcgcgca tactgttgat 9780
gaagcaaatc aaattaagca aaatgcgcaa aacttaaata ctgcgatggg taacttgaaa 9840
caagcgatag ctgataaaga tgctacgaaa gcaacagtta acttcactga tgcagatcaa 9900
gcaaaacaac aagcatataa cactgcagtt acaaatgctg aaaatatcat ttcaaaagct 9960
aatggtggta atgcaacaca aactgaagtt gaacaagcaa tccaacaagt aaatgcagca 10020
aaacaagcat taaatggtaa tgccaacgtt caacatgcaa aagacgaagc aacagcatta 10080
attaataact ctaatgatct taaccaagca cagaaagatg cattaaaaca acaagtacaa 10140
aatgcaacta ctgtagctgg tgtaaacaat gttaaacaaa cggcgcaaga gttaaacaat 10200
gcgatgacac aattaaaaca aggcattgca gataaagaac aaacaaaagc tgatggtaac 10260
tttgtcaatg cagattctga caagcaaaat gcatataatc aagcagtagc gaaagctgaa 10320
gcattaatta gtggtacgcc tgatgttgtc gttacaccta gcgaaattac tgcagcgtta 10380
aataaagtta cgcaagctaa aaatgattta aatggtaata caaacttagc aacggcgaaa 10440
caaaatgttc aacatgctat tgatcaattg ccaaacttaa accaagcgca acgtgatgaa 10500
tacagcaaac aaatcacgca agcaacactt gtaccaaacg tcaatgctat tcaacaagcg 10560
gcaacaacgc ttaatgacgc gatgacacaa ttgaaacaag gtattgcgaa taaagcacaa 10620
attaaaggta gcgagaacta tcacgatgct gatactgaca agcaaacagc atatgataat 10680
gcagtaacaa aagcagaaga attgttaaaa caaacaacaa atccaacaat ggatccaaat 10740
acaattcaac aagcattaac taaagtgaat gacacaaatc aagcacttaa cggtaatcaa 10800
aaattagctg atgccaaaca agatgctaag acaacacttg gtacactaga tcatttaaat 10860
gatgctcaaa aacaagcgct aacaactcaa gttgaacaag caccagatat tgcaacagtt 10920
aataatgtta agcaaaatgc tcaaaatctg aataatgcta tgactaactt aaacaatgca 10980
ttacaagata aaactgagac attaaatagc attaacttta ctgatgcaga tcaagctaag 11040
aaagatgatt atactaatgc ggtttcacat gcagaaggta ttttatctaa agcaaatggc 11100
agcaatgcaa gtcaaactga agtggaacaa gcgatgcaac gtgtgaacga agcgaaacaa 11160
gcattgaatg gtaatgacaa tgtacaacgt gcaaaagatg cagcgaaaca agtaattaca 11220
aatgcaaatg atttaaatca agcgcaaaaa gatgcattaa aacaacaagt cgatgctgcg 11280
caaactgttg caaatgtaaa cacgattaag caaacagcac aagatttaaa tcaagcaatg 11340
acacaattga aacaaggtat tgcagataaa gaccaaacta aagcaaatgg taactttgtc 11400
aatgctgata ctgataagca aaatgcatat aacaatgcgg tagcgcatgc tgaacaaatc 11460
attagtggta caccaaatgc aaacgtggat ccacaacaag tggctcaagc gttacaacaa 11520
gtgaatcaag ctaagggtga tttaaacggt aaccacaact tacaagttgc taaagacaat 11580
gcaaatacag ccattgatca gttaccaaac ttaaatcaac cacaaaaaac agcattaaaa 11640
gaccaagtgt cgcatgcaga acttgttaca ggtgttaatg ctattaagca aaatgctgat 11700
gcgttaaata atgcaatggg tacgttgaaa caacaaattc aagcgaatag tcaagtacca 11760
caatcagttg actttacaca agcggatcaa gacaaacaac aagcttataa caatgcagct 11820
aaccaagcgc aacaaatcgc aaatggcaca ccaacacctg tattggcgcc tgatacagta 11880
acaaaagcag ttacaactat gaatcaagcg aaagatgcat taaacggtga tgaaaaatta 11940
gcgcaagcga aacaagatgc tttagcaaat cttgatacgt tacgtgactt aaatcaacca 12000
caacgtgatg cattacgaaa ccaaatcaat caagcacaag ctttagctac agttgaacaa 12060
actaaacaaa atgcacaaaa tgtgaataca gcaatgggta acttgaaaca aggtattgca 12120
aataaagata ctgtgaaagc aagtgagaac taccacgatg ctgatgtcga taagcaaaca 12180
gcatatacaa atgcagtgtc tcaagcggaa ggtattatca atcaaacgac aaatccaacg 12240
cttaacccag atgacattac tcgtgcatta actcaagtga ctgatgctaa aaatagctta 12300
aacggtgaag ctaaattagc cactgaaaag caaaatgcta aagatgccgt aagtggaatg 12360
acgcatttaa acgatgctca aaaacaagca ttaaaaggtc aaatcgatca atcgcctgaa 12420
attgctacag tgaaccaagt taaacaaaca gcaacgagcc tagatcaagc aatggatcaa 12480
ttatcacaag ctattaatga taaagatcaa atattagcgg acggtaatta cttaaatgca 12540
gatcctgaca aacaaaatgc gtataaacag gcagtagcaa aagctgaagc attattgaat 12600
aaacaaagtg gtactaatga agtacaagca caagttgaaa gcatcactaa tgaagtgaac 12660
gcagcgaaac aagcattaaa tggtaatgac aatttggcaa atgcaaaaca acaagcaaaa 12720
caacaattgg cgaacttaac acacttaaat gatgcacaaa aacaatcatt tgaaagtcaa 12780

attacacaag cgccacttgt tacagatgtc actacgatta atcaaaaagc acaaacgtta 12840
gatcatgcga tggaattatt aagaaatagt gttgcggata atcaaacgac attagcgtct 12900
gaagattatc atgatgcaac tgcgcaaaga caaaatgact ataacaaagc tgtaacagct 12960
gctaataata tcattaatca aactacatcg cctacgatga atccagatga tgttaatggt 13020
gcaacgacac aagtgaataa tacgaaagtt gcattagatg gtgatgaaaa ccttgcagca 13080
gctaaacaac aagcaaacaa cagacttgat caattagatc atttgaataa tgcgcaaaag 13140
caacagttac aatcacaaat tacgcaatca tctgatattg ctgcagttaa tggtcacaaa 13200
caaacagcag aatctttaaa tactgcgatg ggtaacttaa ttaatgcgat tgcagatcat 13260
caagccgttg aacaacgtgg taacttcatc aatgctgata ctgataaaca aactgcttat 13320
aatacagcgg taaatgaagc agcagcaatg attaacaaac aaactggtca aaatgcgaac 13380
caaacagaag tagaacaagc tattactaaa gttcaaacaa cacttcaagc gttaaatgga 13440
gatcataatt tacaagttgc taaaacaaat gcgacgcaag caattgatgt tttaacaagc 13500
ttaaatgatc ctcaaaaaac agcattaaaa gaccaagtta cagctgcaac tttagtaact 13560
gcagttcatc aaattgaaca aaatgcgaat acgcttaacc aagcaatgca tggtttaaga 13620
cagagcattc aagataacgc agcaactaaa gcaaatagca aatatatcaa cgaagatcaa 13680
ccagagcaac aaaactatga tcaagctgtt caagccgcaa ataatattat caatgaacaa 13740
actgcaacat tagataataa tgcgattaat caagtagcgg caactgtgaa tacaacgaaa 13800
gcagcattac atggtgatgt gaaattacaa aatgataaag atcatgctaa acaaacggtt 13860
agccaattag cacatctaaa caatgcacaa aaacatatgg aagatacgtt aattgatagt 13920
gaaacaacta gaacagcagt taagcaagat ttgactgaag tacaagcatt agatcaactt 13980
atggatgcat tacaacaaag tattgctgac aaagatgcaa cacgtgcgag cagtgcatat 14040
gtcaatgcag aaccgaataa aaaacaagcc tatgatgaag cagttcaaaa tgctgagtct 14100
atcattgcag gattaaataa tccaactatc aataaaggta atgtatcaag tgcgactcaa 14160
gcagtaatat catctaaaaa tgcattagat ggtgttgaac gattagctca agataagcaa 14220
actgctggaa attctctaaa tcatttagat caattaacac cagctcaaca acaagcgcta 14280
gaaaatcaaa ttaataatgc aacaacttgt gataaagtgg ctgaaatcat tgcacaagcg 14340
caagcattaa atgaagcgat gaaagcatta aaagaaagta ttaaggatca accacaaact 14400
gaagcaagta gtaaatttat taacgaggat caagcgcaaa aagatgcata tacgcaagca 14460
gtacaacacg cgaaagattt gattaacaaa acaactgatc ctacattagc taaatcaatc 14520
attgatcaag cgacacaggc agtgactgat gctaaaaaca atttacatgg tgatcaaaaa 14580
ctagctcaag ataagcaacg tgcaacagaa acgttaaata acttgtctaa cttgaataca 14640
ccacaacgtc aagcacttga aaatcaaatc aataatgcag caactcgtgg tgaagtagca 14700
caaaaattaa ctgaagcaca agcacttaac caagcaatgg aagctttacg taatagcatt 14760
caagatcaac aacaaacaga atctggtagc aagtttatta atgaagataa accgcaaaaa 14820
gatgcttacc aagcagcagt tcaaaatgca aaagatttaa ttaaccaaac aggtaatcca 14880
acgcttgata aagcacaagt tgaacaattg acacatgctt ttaaacaagc taaagataac 14940
ctacacggtg atcaaaaact tgcagacgat aaacaacatg cggttactga tttaaatcaa 15000
ttaaatggtt tgaataatcc gcaacgtcaa gcacttgaaa gccaaataaa caacgcagca 15060
actcgtggcg aagtagcgca aaaattagct gaagcaaaag cgcttgatca agcaatgcaa 15120
gcattacgaa atagtattca agatcaacaa caaacggaag cgggtagcaa gtttatcaat 15180
gaagataaac cgcaaaaaga tgcttaccaa gcagcagttc aaaatgcaaa agatttaatt 15240
aaccaaacag gtaatccaac actcgacaaa tcacaagtag aacaattaac acaagcagta 15300
acaactgcaa aagataatct acatggtgat caaaaacttg ctcgtgatca acaacaagca 15360
gtaacaactg taaatgcatt gccaaactta aatcatgcac aacaacaaac attaactgat 15420
gctataaatg cagcgcctac aagaacagag gttgcacaac atgttcaaac tgctactgaa 15480
cttgatcacg cgatggaaac attgaaaaat aaagttgatc aagtgaatac agataaggct 15540
caaccaaatt acactgaagc gtcaactgat aaaaaagaag cagtagatca agcgttacaa 15600
gctgcacaaa gcattacaga tccaactaat ggttcaaatg cgaataaaga cgctgtagaa 15660
caagcattaa ctaagcttca agaaaaagtg aatgagttaa atggtaatga gagagtcgct 15720
gaagctaaaa cacaagcgaa acaaactatt gaccaattaa cacatttaaa tgctgatcaa 15780
attgcaactg ctaaacaaaa tattgatcaa gcgacgaaac ttcaaccaat cgctgaatta 15840
gtagatcaag caacgcaatt gaaccaatca atggatcaat tacaacaagc agttaatgaa 15900
catgctaacg ttgagcaaac tatagattac acacaagcag attcagataa gcaaaaggct 15960
tataaacaag cgattgctga tgctgaaaat gtattgaaac aaaatgcgaa taagcaacaa 16020
gtggatcaag cacttcaaaa tattttaaat gcaaaacaag cattaaatgg tgatgaacgt 16080
gtagcacttg ctaaaacaaa tggtaaacat gacatcgacc aattgaatgc attaaacaat 16140
gctcaacaag atggatttaa aggtcgcatc gatcaatcaa acgatttaaa tcaaatccaa 16200
caaattgtag atgaggctaa ggcacttaat cgtgcaatgg atcaattgtc acaagaaatc 16260
actggcaatg aaggacgcac gaaaggtagc acgaactatg tcaatgcaga tacacaagtc 16320
aaacaagtat atgatgaagc ggttgataaa gcgaaacaag cacttgataa atcgtctggg 16380
caaaacttaa ctgcagaaca agttatcaaa ttaaatgatg cagtcactgc agctaagaaa 16440
gcattaaatg gtgaagaaag acttaataat cgtaaagctg aagcattaca aagattggat 16500
caattaacac atctaaacaa tgctcaaaga caattagcaa tccaacaaat taataatgct 16560
gaaacgctaa ataaagcatc tcgagcaatt aatagagcaa ctaaattaga taatgcaatg 16620
ggtgcagtac aacaatatat tgacgaacag caccttggtg ttatcagcag cacaaattac 16680
atcaatgcag atgacaattt gaaagcaaat tatgataatg caattgcgaa tgcagcacat 16740
gagttagata aagtgcaagg taatgcaatt gcaaaagctg aagcagagca attgaaacaa 16800
aatattatcg atgctcaaaa tgcattaaat ggagaccaaa accttgcaaa tgccaaagat 16860

```
aaagcaaatg cgtttgttaa ttcgttaaat ggattaaatc aacagcaaca agatcttgca 16920
cataaagcaa ttaacaatgc cgatactgta tcagatgtaa cagatattgt taataatcaa 16980
attgacttaa atgatgcaat ggaaacattg aaacatttag ttgacaatga aattccaaat 17040
gcagagcaaa ctgtcaatta ccaaaacgct gacgataatg ctaaaacaaa cttcgatgat 17100
gccaaacgtc tagcaaatac attgctaaat agtgataaca caaatgtgaa tgatatcaat 17160
ggcgcaatcc aagcagtcaa tgatgcaatc cataatctta atggtgatca acgactacaa 17220
gatgctaaag acaaggcaat tcaatcaatt aatcaagctt tagctaataa gctaaaagaa 17280
atcgaagctt caaatgcgac ggatcaagac aagcttattg cgaaaaataa agcagaagaa 17340
ttggcaaaca gcatcatcaa caacattaat aaagcaacaa gtaatcaggc tgtatctcaa 17400
gttcaaacag caggcaacca cgcgattgaa caagtgcatg ctaatgaaat accaaaagca 17460
aaaattgatg ccaataaaga cgttgataag caagttcaag cattaattga cgaaattgat 17520
cgaaatccaa atctaacaga taaggaaaaa caagcactta aagatcgtat taatcaaata 17580
cttcaacaag gtcataacga cattaacaat gcgctgacta aagaagaaat tgaacaagct 17640
aaagcacaac ttgcgcaagc attacaagac atcaaagatt tagtgaaagc taaagaagat 17700
gcgaaacaag atgttgataa acaagttcaa gcattaattg acgaaatcga tcaaaatcca 17760
aatctaacag ataaggaaaa acaagcactt aaagatcgta ttaatcaaat acttcaacaa 17820
ggtcataacg gcattaacaa tgcgatgact aaagaagaaa ttgaacaagc caaagcacaa 17880
cttgcacaag cattaaaaga aattaaagat ttagtgaaag ctaaagaaaa tgcgaaacaa 17940
gatgttgata aacaagttca agcattaatt gacgaaatcg atcaaaatcc aaatctaaca 18000
gataaggaaa aacaagcgct taaagatcga atcaatcaaa tactgcaaca aggtcataac 18060
gacattaaca atgcgatgac taaagaagaa attgaacaag ccaaagcaca acttgcacaa 18120
gcattacaag acatcaaaga tttagtgaaa gctaaagaag atgcgaaaaa tgcaataaaa 18180
gccttagcta atgcgaagcg tgatcaaatc aattcaaatc cagatttaac acctgagcaa 18240
aaagcaaaag cgctcaaaga aattgacgaa gctgaaaaac gagcactaca aaacgttgag 18300
aatgctcaaa ctatagatca attaaatcga ggattaaact taggtttaga tgacattaga 18360
aatacacatg tatgggaggt tgatgaacaa cctgctgtaa atgaaatttt tgaagcaaca 18420
cctgagcaaa tcctagttaa tggtgaactc attgtacatc gtgatgacat cattacagaa 18480
caagatattc ttgcacacat aaacttaatt gatcagcttt cagcagaagt tattgataca 18540
ccatcaactg caacgatttc tgatagctta acagcaaaag ttgaagttac attgcttgat 18600
ggatcaaaag tgattgttaa tgttcctgta aaagttgtag aaaaagaatt gtcagtagtc 18660
aaacaacagg caattgaatc aatcgaaaat gcggcacaac aaaagattga tgaaatcaat 18720
aatagtgtga cattaacact ggaacaaaaa gaagctgcaa ttgcagaagt taataagctt 18780
aaacaacaag caattgatca tgttaacaat gcacctgatg ttcattcagt tgaagaaatt 18840
caacaacaag aacaagcgta tattgaacaa tttaatccag aacaatttac gattgaacaa 18900
gcaaaatcaa atgcaattaa atcgattgaa gatgcaattc aacatatgat tgatgaaatc 18960
aaagctcgta ctgatctaac agataaagag aagcaagaag ctattgctaa gttaaatcaa 19020
ttaaaagaac aagcaattca agcgattcaa cgtgcgcaaa gcatcagtga aataactgag 19080
caattggaac aatttaaagc tcaaatgaaa gcagctaatc caacagcaaa agaactagct 19140
aaacgcaagc aagaagctat tagtagaatt aaagactttt caaatgaaaa aataaatagt 19200
attcgaaata gtgaaattgg cacagctgat gaaaaacaag cagcaatgaa tcaaattaac 19260
gaaattgtgc ttgaaacaat tagagatatt aataatgcgc atacattaca gcaagttgag 19320
gctgcattga acaatggtat tgctcgaatt tcagcagtac aaattgtaat atctgatcgt 19380
gctaaacaat cgtcaagtac tggaaatgaa tctaatagcc atttaacaat tggttatgga 19440
actgcaaatc atccatttaa cagttcgact attggacata aaaagaaact tgatgaagat 19500
gatgacattg atccacttca tatgcgtcac tttagtaata atttcggtaa tgttattaaa 19560
aacgctattg gtgtggtggg tatctctggc ttactagcta gtttctggtt cttcattgcc 19620
aaacgtcgtc gtaaagaaga tgaagaggaa gaattagaaa taagagataa taataaagat 19680
tcaataaaag agactttaga cgatacaaaa catttaccac ttttatttgc gaaacgtcgc 19740
agaaaagaag atgaagaaga tgttactgtt gaagaaaaag attcgctaaa taatggcgag 19800
tcactcgata aagttaaaca tacgccgttc ttcttaccaa aacgtcgtcg taaagaagat 19860
gaagaagatg tggaagttac aaatgaaaac acagatgaaa aagtgttgaa agataacgaa 19920
cattcaccac tcttattcgc aaaacgacgc aaagataaag aggaagatgt tgaaacaaca 19980
actagtattg aatctaaaga tgaggacgtt cctttattat tggctaaaaa gaaaaatcaa 20040
aaagataacc aatccaaaga caaaaagtca gcatcaaaaa atacttctaa aaaggtagca 20100
gctaaaaaga agaaaaagaa atctaagaaa aataaaaaa                        20139
```

<210> 47
<211> 2103
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 47

```
ttgaataatc gtgataaatt acaaaaattt agtattcgaa aatacgcaat tggaacattt 60
tctactgtga ttgcaacact tgtgttcatg ggtatcaata caaaccatgc aagtgccgac 120
gagttgaatc aaaatcaaaa gttaattaaa caattaaatc aaacagatga tgatgattcg 180
aatacgcata gtcaagaaat cgaaaataac aaacaaaatt ctagtgggca gactgaatca 240
```

```
ttacgttcat caactagtca aaatcaagca aatgcacgac tgtcggatca attcaaagac 300
actaatgaaa catcgcaaca attacctaca aatgtttcgg atgatagtat caatcaatcg 360
catagtgaag caaatatgaa taacgaacca ttgaaagttg ataatagtac tatgcaagca 420
catagtaaaa tagtaagcga tagcgatggg aatgcttctg aaaataaaca tcataaacta 480
acagaaaatg tacttgcaga aagccgagca agtaaaaatg acaaagagaa agagaatcta 540
caagagaaag ataaatcgca gcaagtacat ccaccattag ataaaaatgc attacaagct 600
ttttttgacg catcatatca caattacaga atgattgata gagatcgtgc ggatgcaaca 660
gaatatcaaa aagtcaaatc tacttttgac tacgtcaatg acttactagg taataatcaa 720
aatattcctt cagaacagct tgtttcggca tatcaacaat tagagaaagc attagaactt 780
gcacgtacgt taccacaaca atctactaca gaaaaacgtg gtagaagaag tacgagaagt 840
gttgttgaga atcgttcatc aagaagcgat tacttagatg ctagaactga atattatgtt 900
tcaaaagacg atgatgattc tggtttccct cctggtactt tcttccatgc ttcaaataga 960
agatggcctt ataatttacc aagatctagg aacatcttac gtgcttctga tgtacaaggt 1020
aatgcttata tcactacaaa acgacttaaa gatggatatc aatgggatat tttatttaat 1080
agtaatcata aagggcatga atatatgtac tattggtttg gacttccaag tgatcaaaca 1140
ccaactggtc cagtaacttt cactattatc aaccgtgatg gttcaagtac atctactggt 1200
ggcgttggat ttggatcagg tgcaccacta cctcaatttt ggagatcagc aggtgctatt 1260
aattctagcg tagcgaatga ttttaaacat ggctccgcta caaattatgc attttatgat 1320
ggtgttaata atttttctga ctttgctaga gggggagaat tatacttcga cagagaaggc 1380
gctacacaaa ctaataaata ttatggcgat gaaaacttcg cattgctaaa tagtgagaaa 1440
ccagatcaaa taagaggatt agatacaata tatagtttta aaggtagtgg tgatgtaagt 1500
tatcgtattt catttaaaac tcaaggagct ccaactgcaa gattgtatta tgctgctggc 1560
gcgcgttctg gtgaatataa acaagcaacg aactataacc aactctatgt cgaaccttat 1620
aagaattatc gaaatcgagt acagtcaaat gtccaagtta aaaatcgtac acttcattta 1680
aaaagaacaa tcagacaatt cgatcctaca ttacagagaa ctactgatgt tcctattttg 1740
gatagtgacg gttccggaag tattgattcg gtatacgacc cattaagtta tgtaaagaat 1800
gtgactggta cagtcctagg tatttatcca tcttatcttc cttataatca ggaaagatgg 1860
cagggagcta atgcaatgaa tgcctatcaa attgaagaac ttttttcaca agaaaatctt 1920
caaaatgcag cacgttcagg ccgtccaatt caatttcttg taggttttga tgttgaagat 1980
agccatcata accctgaaac tcttttacca gtaaatttat atgtaaaacc tgagttaaaa 2040
catacaattg agttatatca cgataatgaa aaacaagata gaaaggaatt ttcagtatcg 2100
aaa                                                               2103
```

<210> 48
<211> 28317
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 48

```
atgagtggaa cgcttcataa cactgtagga tcaggaatat taccttatca acaagagata 60
cgtatcaaac ttactagtaa tgaaccaatt aaagatagtg aatggtctat tacaggatat 120
cctaacacgc ttacattaca aaacgctgtg ggtagaacaa ataatgctac tgaaaaaaac 180
ttagctcttg ttggtcatat tgatccagga aattatttca tcactgttaa gtttggtgat 240
aaagtagaac aatttgaaat tagatcaaaa ccaactccac caagaatcat tacaactgct 300
aatgaattac gtggaaatcc taaccataag cctgaaataa gagtaacaga tataccaaat 360
gatactactg ctaaaatcaa acttgtgatg ggcggaaccg atggcgatca tgatccagaa 420
ataaatccat atactgtccc tgaaaactac acagtagttg cagaagcata ccatgataat 480
gatccaagta aaaatggggt cttaacattc cgttcatcag actaccttaa agatctacca 540
ttaagcggtg aattaaaggc aattgtttat tacaatcaat atgtacaatc aaactttagt 600
aaaagcgttc cgtttagtag cgatacaaca ccacctacaa ttaatgaacc ggcaggacta 660
gttcataagt attacagggg agatcatgta gaaattactc ttccagtcac tgataatact 720
ggcggttcag gtttaagaga tgtaaacgtc aatttacctc aaggttggac aaaaaccttt 780
acaatcaatc ctaataataa tactgagggt acgcttaagt taattggtaa tatacctagt 840
aatgaagcat ataatacgac atatcatttc aatattactg caaccgataa ttctggaaat 900
acaacaaatc cagctaaaac ctttatttta aatgttggta agttggctga tgatttaaat 960
ccagtcggat atctagaga tcaactacaa ttagtgacag acccttcttc attatctaat 1020
tccgaacgag aagaggtaaa aagaaaaata agtgaagcaa atgctaatat aagatcatat 1080
ttattacaaa ataacccaat actcgctgga gtaaacggcg atgttacatt ttattataga 1140
gatggttctg tagatgttat tgatgctgaa aatgtaatca catatgagcc cgaaagaaaa 1200
tccattttca gtgaaaatgg taatacaaat aaaaaagaag cagtaatcac tattgctaga 1260
ggacaaaact ataccattgg tccaaactta agaaaatatt tctcattaag taatggttcg 1320
gatttaccta atagagattt cacctctata tcagctattg gatctttacc ttcatcgagt 1380
gaaattagtc gactcaatgt tggaaattat aactatagag ttaatgctaa aaatgcttat 1440
cataagactc aacaagaact taatttaaaa cttaaaatag tagaggttaa tgcacctact 1500
ggtaataatc gtgtatatag agttagtact tataatttaa ctaatgatga aatcaataaa 1560
atcaaacaag catttaaagc agctaattct ggacttaatt taaacgataa cgatatcact 1620
gtttcgaata actttgacca tagaaatgtt agtagtgtga cagtaactat acgtaagggc 1680
gatttgataa aagagttttc atcaaatctc aataatatga atttcttacg ttgggttaat 1740
```

ataagggatg attataccat ttcgtggact tctagtaaga ttcaaggtag aaatacagat 1800
ggtggattag aatggtcacc agatcataaa tcacttattt ataaatatga tgcaacatta 1860
ggtagacaaa taaatactaa tgacgtgtta actttacttc aagcaacagc taaaaactca 1920
aatttacgtt caaatatcaa tagtaatgaa aaacagttag cagaacgagg gtctaatggg 1980
tattctaaat ctataattag agatgatggc gagaaatctt atttacttaa ctcaaatcct 2040
attcaagtat tagacttagt agaaccagat aatggttacg gtggacgtca agtcagtcat 2100
tctaacgtta tatataatga aaaaaattct tctatcgtaa atggtcaagt tccagaagct 2160
aatggggcat ccgcttttaa tattgataaa gttgttaaag ctaatgcggc aaataatggt 2220
attatgggtg ttatctataa ggcacaatta tacttagcac catacagtcc aaaaggttac 2280
attgaaaaat taggccaaaa tttaagcaat accaataacg tgattaatgt ttattttgtg 2340
ccttctgata aagtaaatcc tagtataact gtaggtaatt acgaccatca tacggtatat 2400
tctggtgaaa catttaaaaa tactatcaat gtaaatgata attatggatt aaatacagta 2460
gcttctacaa gtgatagtgc aattactatg accagaaaca acaacgagtt agtaggtcag 2520
gctcctaatg ttactaatag cataaataaa attgtaaaag ttaaagccac agataaaagt 2580
ggaaatgaaa gtattgtttc tttcacagta aatataaaac cattaaacga gaaatataga 2640
ataacaactt catcaagtaa tcaaacacca gtgagaatta gtaatattca aaacaatgct 2700
aacctttcaa ttgaagatca aaatagagta aaatcttcac tcagcatgac taaaatttta 2760
ggtacaagaa attatgtcaa tgagtcaaat aatgacgttc gtagtcaagt tgtaagtaaa 2820
gtaaatagaa gtgggaacaa tgctacagtt aatgttacaa ctacattttc tgatggtaca 2880
actaatacaa taaccgttcc agttaaacat gtgttattag aagttgtacc tactactaga 2940
acaacagtaa gaggacaaca atttccaacc ggcaaaggaa cttccccaaa tgatttcttt 3000
agtttaagaa cgggaggtcc agttgatgcg agaatagttt gggttaataa tcagggaccc 3060
gatataaata gtaatcaaat tggtagagat ttaacattac acgctgaaat attctttgat 3120
ggtgaaacaa caccaattag aaaagatact acttacaaac ttagtcaatc tattccaaag 3180
caaatatatg aaacaactat caatggtcga tttaattcat caggtgatgc atatccagga 3240
aattttgttc aagcagtaaa tcaatattgg ccagaacata tggacttcag atgggcccaa 3300
ggatcaggca caccaagttc tcgtaatgca ggttcattta ctaaaacagt tacggtagtt 3360
tatcaaaacg gccaaactga aaacgttaat gtactattca aagtcaaacc aaataaacct 3420
gttattgata gtaatagtgt gatttcaaaa ggacaattaa atggtcaaca aattttagtt 3480
cgaaatgttc cacaaaatgc acaagtcact ctatatcaat caaatggaac tgttattcct 3540
aatacaaata caactataga ttctaatggt atagctactg taacaattca aggcactcta 3600
ccaaccggaa atattactgc taaaacctca atgacaaata atgtaacgta cactaaacaa 3660
aatagtagtg gaattgcttc aaatacaact gaagatataa gtgtttttc agaaaacagt 3720
gatcaagtaa atgttaccgc tggcatgcaa gctaaaaatg atggtattaa aataattaaa 3780
ggtacaaact ataattttaa tgacttcaat agtttcataa gtaatatacc agcccattct 3840
actcttacat ggaacgagga gcctaatagt tggaaaaaca acatcggtac tacaacaaaa 3900
actgttacag ttactctacc taatcatcaa ggtacgagaa ctgtagatat tccaataaca 3960
atctatccaa cagttacagc taagaatcca gtaagagatc aaaaaggacg aaacttaacc 4020
aatggtactg acgtttataa ttatattatt tttgaaaata ataaccgtct tggaggaaca 4080
gcttcttgga aagacaatcg tcaacctgat aaaaacatag ccggtgtaca aaatttaatt 4140
gcacttgtta attatcctgg catatctaca ccattagaag ttcctgttaa agtgtgggta 4200
tataattttg atttcactca acctatctac aaaattcaag taggagatac attccctaaa 4260
ggaacatggg caggctatta caaacatctt gaaaatggag agggattacc aatagatggt 4320
tggaaatttt attggaacca gcaaagtaca ggaactacta gtgatcaatg gcaatcatta 4380
gcatatacta gaactccttt tgttaaaact ggtacttatg atgtcgttaa tcctagcaac 4440
tggggtgttt ggcaaacatc acaatcagct aaatttatag ttacaaatgc taaacctaat 4500
caaccaacca taactcagtc taaaactggt gatgtaacag taacacctgg tgctgtgcgt 4560
aatatactaa taagtgggac aaatgattat atccaagcat ctgcagataa gattgttatt 4620
aataaaaatg gaaataaatt aactacattt gttaaaaata atgatggtcg ttggactgtt 4680
gaaactgggt cacctgacat aaatggtatc ggaccaacaa ataacggaac tgctatatct 4740
ttaagtcgat tagcagttag acctggggat tcaatagaag caatagcgac tgaaggttcc 4800
ggagaaacta taagtacttc agcaactagt gaaatttata ttgtcaaagc tccacaacct 4860
gaacaagtag caactcatac ttatgataat ggaacattcg atatattacc tgacaattca 4920
cgtaattctt taaatccaac tgaacgtgtc gaaattaatt acactgaaaa attaaatggc 4980
aatgaaacac aaaaatcatt cactattact aaaaataaca acggcaaatg gacgataaat 5040
aataaaccaa attatgtcga gttcaatcag gataatggta aagttgtatt ttcggccaat 5100
acaattaaac ctaattctca aattacaata actcctaaag caggtcaggg taacactgaa 5160
aacacaaatc ctactgtaat tcaagcacct gcgcaacata ctttaacaat caatgaaatt 5220
gttaaagaac agggtcaaaa tgtgactaat gatgatatta ataatgcggt tcaagtgcca 5280
aataaaaata gagttgcgat taaacaagga aacgctcttc caacaaattt agctggtggt 5340
agtacatcac atattccagt agttatttat tacagtgatg gaagttctga agaagctact 5400
gagactgtta gaactaaagt taataaaacc gaattaatca atgctcgtcg tcgactagat 5460
gaagaaatta gtaaagagaa caaaacacca tcaagtatca gaaactttga tcaagctatg 5520
aatcgtgctc aatcacaaat taatacagct aaaagtgatg ctgaccaagt tataggcaca 5580
gaatttgcaa cacctcaaca agtaaattca gctttatcta aagttcaagc ggcacaaaat 5640
aaaataaatg aagctaaagc attattacaa aacaaggctg ataatagtca acttgtgaga 5700
gcaaaagaac aattacaaca atcgattcaa ccagccgctt caactgatgg tatgactcaa 5760
gatagcacaa ggaactacaa caataaacgc caagcagctg aacaagcaat acaacatgca 5820

aatagcgtta taaataatgg agatgcaaca tcccaacaaa ttaatgatgc taaaaacaca 5880
gttgaacagg cacagagaga ttatgttgaa gctaaaagca acttacgtgc tgataagtca 5940
cagttacaaa gcgcttatga tacgttaaat agagatgttt taacaaatga taaaaagcca 6000
gcatctgtaa gacgctataa tgaagccatt tcaaatatta gaaaagaatt agatacagct 6060
aaagcggatg caagtagtac tttgcgaaac accaatcctt ccgttgaaca agttagagac 6120
gctttaaata aaataaatac tgttcaacct aaagtgaatc aagcaattgc tttacttcaa 6180
ccaaaagaaa ataattcaga acttgtacaa gctaaaaaac gtttacaaga cgctgtaaat 6240
gacatacctc aaacacaagg tatgacacaa caaacaatta ataattataa tgacaaacaa 6300
cgtgaagctg aaagagcact tacatctgca caaagagtga ttgataatgg ggatgctaca 6360
actcaagaaa ttacttctga aaaatctaaa gtagagcaag caatgcaagc tttaactaat 6420
gctaaaagta atctgagagc tgataagaat gagttacaga ctgcatataa caaattaatt 6480
gagaacgtat ctaccaatgg taaaaaaccg gcgagtatac gtcaatacga aacagccaaa 6540
gccagaatac aaaatcaaat taatgatgct aaaaatgaag cggagcgaat tttaggtaat 6600
gataatccac aagtatcaca agtaactcaa gcattgaaca aaatcaaagc tattcaacca 6660
aaattaacag aagctatcaa catgcttcaa aacaaagaaa ataatacaga attagtcaat 6720
gctaaaaaca gacttgaaaa tgcagtaaat gatacagatc caacacacgg tatgactcaa 6780
gaaacaatta ataattacaa cgctaaaaag cgagaagctc aaaatgaaat acaaaaagcg 6840
aacatgatta ttaataatgg agatgctact gctcaagata tttcttctga aaaatctaaa 6900
gtagagcaag tattacaagc attacaaaat gctaagaatg acttaagagc tgataaaaga 6960
gaattacaga ctgcatacaa taaacttata caaaatgtta ataccaatgg taaaaaacca 7020
tctagtattc aaaactataa gtctgcaaga cgaaatatcg aaaaccaata taataccgct 7080
aaaaatgaag cacataatgt tcttgaaaat acaaacccta ctgtaaatgc agtagaagat 7140
gctttacgta agataaatgc aattcaacca gaggttacaa aagctattaa tatacttcaa 7200
gataaagaag ataatagcga acttgttaga gcaaaagaaa aattagatca agcgattaat 7260
agtcaaccat cactaaatgg tatgactcaa gaatctatta ataattacac aacaaaacgt 7320
agagaagcac aaaatatagc aagttctgct gacactatta ttaataatgg ggatgcatct 7380
attgaacaaa taacagaaaa taaaattcga gttgaagagg caactaatgc acttaacgaa 7440
gcaaaacaac atttaacggc agatacaact tctttaaaaa ctgaagtacg gaaattaagt 7500
aggagaggcg acacaaacaa caaaaagcct agcagtgtta gtgcttataa caatactatt 7560
cattcgctac aatctgaaat tacacagact gaaaatagag caaatactat catcaataag 7620
cctattcgtt ctgttgaaga agtaaataat gcattgcatg aagtaaacca attgaaccaa 7680
cgcttaacag atacaattaa cttattacaa cctttagcga ataaagaaag cttaaaagaa 7740
gctcgtaatc gacttgaaag taaaattaat gaaaccgttc aaacagacgg tatgactcaa 7800
caatctgttg agaattataa gcaagctaaa ataaaagctc aaaatgaatc tagtattgca 7860
caaactctta ttaataatgg tgatgcatct gatcaagaag tttctacaga aatagaaaaa 7920
ttaaatcaaa agctgtctga attaacaaat tcaatcaatc acttaacagt taataaagaa 7980
cctttagaaa ctgccaaaaa tcagttacaa gcaaatattg accaaaaacc tagcactgat 8040
ggtatgacgc aacaatctgt acaaagctat gaacgtaaac tacaagaagc caaagataaa 8100
ataaactcaa ttaataatgt cttagctaac aatccagatg ttaatgctat cagaacaaac 8160
aaagttgaga cggaacaaat caataatgaa ttaacacagg cgaaacaagg tcttactgtt 8220
gataaacaac cattgattaa tgcaaaaact gctttgcaac aaagtctaga taatcaacca 8280
agtactactg gtatgactga agcaacaatt caaaattata acgctaaacg tcaaaaagca 8340
gagcaagtta tacaaaatgc aaataaaatt attgaaaacg ctcaacctag tgtacaacaa 8400
gtgtctgatg agaaatctaa ggtagagcaa gcactcagtg aattgaacaa cgccaaatca 8460
gcgcttagag ctgataaaca agaattacag caagcatata atcagttgat tcaaccaacg 8520
gatttaaata ataagaaacc agcttctatc actgcgtaca atcaaagata tcaacaattt 8580
agtaacgaat tgaacagcac taaaacaaat acagatcgca ttttaaaaga gcaaaatcca 8640
agtgtagctg atgtcaacaa tgcactaaat aaagtaagag aagtacaaca aaaattaaac 8700
gaagccagag cacttttaca aaataaagaa gataatagtg cactagttcg agccaaagaa 8760
caacttcaac aggcagttga ccaagtccct tcaacagaag gtatgacgca acaaactaaa 8820
gatgattaca attcaaaaca acaagctgct caacaagaaa tatcaaaagc acaacaagtt 8880
atcgataatg gcgatgcgac tacacaacaa atttctaacg ccaaaacaaa tgttgaacgc 8940
gctttagaag cattaaataa tgcaaaaact ggtttaagag cagataaaga ggaacttcaa 9000
aatgcatata atcaattaac tcaaaatatt gatacgagcg gtaaaacgcc tgcaagtatc 9060
aggaaataca atgaagctaa gtcacgtatt caaactcaaa ttgattcagc taaaaatgaa 9120
gcaaacagta ttttaacaaa tgacaatcct caagtatcac aagtgactgc tgcgttaaac 9180
aaaataaaag ctgttcaacc tgaattagat aaagcgatag caatgcttaa aaataaagag 9240
aataataatg cattggttca agcgaaacaa caacttcaac aaattgttaa tgaagtagat 9300
ccaacacaag gcatgacaac agatactgct aataactata aatcaaaaaa acgtgaagct 9360
gaagatgaaa tacaaaaagc tcaacaaatc attaacaatg gcgatgccac tgagcaacaa 9420
attactaacg aaacaaatag agtaaatcaa gcgattaatg caataaacaa agccaaaaac 9480
gatttacgtg ctgataagtc tcaattggaa aatgcttata accaattaat acaaaatgtt 9540
gatacaaatg gtaaaaaacc tgctagtatt caacaatacc aagctgctcg acaagctatt 9600
gagacgcaat acaataacgc taaatcagaa gcacatcaaa ttcttgaaaa tagtaaccct 9660
tcagttaatg aagtagcaca agcattacaa aaagttgaag ctgtacaact taaagttaat 9720
gacgcgattc atatacttca aaataaagag aataatagtg cacttgtcac agctaaaaat 9780
caacttcagc aatcagttaa tgatcaacca ttaacaacag gtatgactca agattctatt 9840
aataactatg aagctaagag aaatgaggct caaagtgcta tcagaaatgc agaagctgtc 9900

atcaacaatg gcgatgcaac tgcaaaacaa atttcagacg agaaatctaa agttgaacaa 9960
gcactagcac atttgaatga tgctaaacag caattaactg cagatactac tgaattacaa 10020
acagcagttc aacaattaaa cagaagaggc gatacaaata ataaaaagcc aagaagtatc 10080
aatgcatata ataaagcaat tcaatcatta gaaacacaaa ttacttctgc taaagataat 10140
gccaacgctg tgatacaaaa acctatacgt actgttcaag aggtaaataa tgcattacaa 10200
caagtaaatc agttgaatca acaattaact gaagcaatta atcaacttca accgctatca 10260
aataatgatg cattaaaagc tgcaagatta aatttagaaa ataaaattaa tcaaactgta 10320
caaactgatg gtatgacaca acaatctata gaggcttatc aaaacgctaa acgcgtagcc 10380
caaaatgaat ctaacactgc tttagcatta attaataacg gcgatgccga tgaacaacaa 10440
attacaactg aaacagaccg agtcaatcag caaactacaa acttaactca agcaattaac 10500
gggttaacag ttaataaaga accattagaa accgctaaaa cagcgttaca aaataacatc 10560
gaccaggtac ctagtacaga tggtatgact cagcaatctg ttgcaaatta taatcaaaaa 10620
ctacaaatag ctaaaaacga aattaacaca attaataacg ttttagcgaa caatccagat 10680
gttaatgcaa tcaaaacgaa taaagcagaa gcggaacgaa tcagtaacga tttaacacaa 10740
gctaagaata acttacaagt tgatactcaa cctttagaaa aaataaaaag acaacttcaa 10800
gatgaaattg atcaaggtac taacacagat ggaatgactc aagattcagt ggataattac 10860
aatgatagct taagtgcagc aattatagaa aaaggcaaag taaataaatt acttaaacgt 10920
aatccgacag tagaacaagt taaagagagc gttgctaatg cacaacaagt catacaagat 10980
ttacaaaatg ctcgaacttc acttgttcca gacaaaactc aacttcaaga agctaaaaat 11040
agattagaaa acagtattaa ccaacaaaca gatactgacg gcatgactca agattcgctt 11100
aacaattata atgataaatt agcaaaagct agacaaaacc ttgaaaaaat atctaaagtt 11160
ttaggtggtc aacctactgt agctgaaatt agacaaaata cagatgaagc aaatgcacat 11220
aaacaagcat tagacactgc acgttctcaa cttacattaa atagagagcc atatatcaat 11280
catattaata atgaaagtca tttaaataac gcgcaaaaag ataatttaa agctcaagtt 11340
aactcagcac ctaatcataa tactttagaa acgattaaaa ataaggctga tactttaaat 11400
caatctatga cagcattaag tgaaagtatt gcagattacg aaaatcaaaa acaacaagaa 11460
aattatttag atgcatctaa caataaacgt caagactatg acaatgcagt caatgcggct 11520
aaaggtattt taaaccaaac tcaaagtccg acaatgagtg ctgatgtgat tgatcaaaaa 11580
gctgaagatg ttaaacgtac gaaaactgcg ttagatggaa atcaaagatt agaagttgct 11640
aaacaacaag cacttaatca tttaaatacc ttaaatgatt taaacgatgc tcagcgacaa 11700
actttaactg atactataaa tcactctcca aacatcaatt cagtgaatca agctaaagaa 11760
aaagctaata ctgttaacac agcaatgact caactgaaac aaactattgc taactatgac 11820
gatgaattgc atgacggcaa ttacattaat gcagataaag acaaaaaaga tgcttataat 11880
aacgctgtta acaatgctaa acaactgatt aatcaattctg atgctaatca agcacaactt 11940
gatccagctg aaattaataa agttacacaa agagtcaata cgactaaaaa tgatctaaat 12000
ggtaatgaca aattggctga agctaaaaga gatgctaata caaccattga tggtttaact 12060
tatctaaatg aagctcaacg taacaaagct aaagaaaatg taggcaaagc ttctacaaaa 12120
acaaatatta cgagtcagtt acaagattac aatcaattga atattgctat gcaagcatta 12180
cgtaacagtg tgaacgacgt taacaatgtt aaagcaaata gcaattatat aaatgaagat 12240
aatggtccaa aagaagctta caatcaagcc gttactcatg ctcaaacatt gataaatgca 12300
caatctaacc ctgaaatgag ccgtgacgta gtaaatcaaa aaacacaagc agtaaatact 12360
gcccatcaga atttacatgg acaacaaaag ttagaacaag cacaaagtag tgctaataca 12420
gaaatcggta acttaccaaa cttaactaat actcaaaaag ctaaagaaaa ggaactggta 12480
aatagtaaac aaactcgtac ggaagtacaa gaacaactta accaagctaa gtcactagat 12540
agttctatgg gcacgttaaa atcattagtt gctaaacaac ctacagtaca aaaaacaagt 12600
gtttatatta acgaagatca acctgagcaa tctgcctaca atgattccat tacaatggga 12660
caaactataa ttaataaaac agctgatcca gtacttgata aaactttagt tgataacgca 12720
atcagtaaca tttcaactaa agagaatgca ctgcatggtg aacaaaaatt aacaactgct 12780
aaaacggaag caattaatgc acttaataca ttagctgatt taaacacacc tcagaaagag 12840
gctattaaaa cagctattaa cactgctcat acaagaactg atgtaactgc agagcaaagt 12900
aaggctaatc aaataaatag tgcaatgcac acgttgagac aaaacatttc tgacaacgaa 12960
tcagtaacaa acgaaagtaa ttatattaac gctgaacccg aaaaacaaca tgcctttact 13020
gaggctctaa ataatgctaa agaaatagtt aatgaacaac aagccactct tgatgccaat 13080
tcaattaacc aaaaagcaca agcgattctt actactaaaa atgctttaga tggtgaagaa 13140
caattacgtc gtgctaaaga aaatgccgat caagaaatca atacgttaaa tcaattgact 13200
gatgcgcaaa gaaatagtga aaaaggttta gtcaacagtt ctcaaactag aacagaagtt 13260
gcttctcaat tagcaaaagc taaagaacta aataaggtga tggaacaact gaatcacctt 13320
atcaatggta aaaaccaaat gataaatagc agtaaattta tcaatgaaga tgcgaaccaa 13380
caacaagcat attcaaatgc gattgcaagt gcagaagcgc ttaaaaacaa atcacaaaac 13440
cctgaattag ataaagtaac aattgaacaa gcaattaata atattaattc tgcaattaac 13500
aatctaaacg gtgaagctaa actgactaaa gctaaagaag atgctgttgc ttcaataaac 13560
aacctaagcg gattaacaaa cgagcaaaaa acaaaagaaa atcaagccgt taatggcgct 13620
caaactagag accaagttgc taataaatta cgtgatgctg aagcattaga tcaatcaatg 13680
caaacattac gtgacttagt taacaatcaa aatgcaatac attcaacaag taattatttt 13740
aacgaggatt caactcaaaa gaatacttat gataatgcaa ttgataatgg ctcgacatat 13800
ataactggtc aacacaatcc agaattaaat aaatctacta ttgatcaaac gattagccga 13860
attaacacag ctaaaaatga tttacatggt gtagaaaagt tacaaagaga taagggaact 13920
gctaatcaag aaattggaca attaggttat ttaaatgacc ctcaaaaatc tggtgaggaa 13980

tccttagtca acggttcaaa tacacgttct gaagtagaag agcatcttaa tgaagctaaa 14040
tcattaaata atgcaatgaa acaattaaga gataaagtag ctgaaaagac taatgtcaaa 14100
caaagtagcg attacattaa tgattcaact gaacatcaac gtgggtatga tcaagcactt 14160
caagaagcag aaaatattat taatgaaatc ggtaatccaa cattaaataa atcggaaatt 14220
gaacaaaagt tacaacaatt gactgacgct caaaatgcgt tacaaggttc acatctatta 14280
gaagaagcta aaaataatgc gattactgga atcaataaac ttacagcatt aaatgatgca 14340
caacgtcaaa aagcaattga aaatgttcaa gcacagcaga caatcccagc agttaatcaa 14400
caattaactt tggatagaga aataaatact gcaatgcaag ctttacgaga taaagtaggc 14460
caacaaaata acgttcacca acaaagtaat tatttcaatg aagatgaaca accaaaacat 14520
aactatgata attctgtaca agccggtcaa actattattg ataaacttca agatccaatc 14580
atgaacaaaa atgaaattga gcaggctatt aatcaaatca atacgactca aacagcgtta 14640
agtggagaaa ataaattaca cactgaccaa gaaagcacaa atagacaaat agaaggttta 14700
tctagtttga acacagctca aatcaacgcc gaaaaagatt tagtcaatca agctaaaaca 14760
agaacagatg ttgctcaaaa gttagctgca gctaaagaaa taaattctgc tatgagtaat 14820
ttaagagatg gcattcaaaa taaagaggac atcaaacgta gcagtgcata tatcaacgca 14880
gatccgacta aagttacagc ttacgatcaa gcactacaga acgcagaaaa tatcatcaat 14940
gccacaccaa acgtagagct taataaagct acaattgaac aagcgctatc acgcgttcaa 15000
caagcacaac aagatcttga tggtgttcaa caattagcta atgctaaaca acaagctaca 15060
caaactgtca atgggttaaa tagcttaaat gacggtcaaa agcgtgaatt aaatctatta 15120
attaattcag ctaatacccg tacaaaagta caagaagaat taaacaaagc aactgaattg 15180
aaccatgcga tggaagcttt aagaaacagt gttcaaaacg ttgatcaagt aaaacaaagt 15240
agcaattatg tcaatgaaga tcaacctgaa cagcacaatt atgataatgc tgtcaatgaa 15300
gctcaagcta caatcaacaa caatgctcaa cctgttctag acaaattagc tatagaacgt 15360
ttaactcaaa ctgttaacac tacaaaagat gcattacatg gtgctcaaaa actgacacaa 15420
gaccaacaag ctgctgaaac tggaatacgt ggtttaacga gtctcaatga acctcagaaa 15480
aatgctgaag tagctaaagt aactgcagca acaacacgtg atgaagtgag aaatattcgt 15540
caagaagcaa caacattaga tactgcaatg cttggtttac gtaaaagcat taaagataaa 15600
aacgatacta aaaatagtag taaatatatt aatgaggatc atgaccaaca acaagcttat 15660
gacaatgctg taaataatgc tcaacaagtt atcgatgaaa ctcaagcaac gttaagctca 15720
gatacaatca atcaattggc aaatgccgta actcaagcta aatctaatct tcatggagat 15780
actaaactac aacacgataa agatagtgct aaacaaacga ttgctcaatt acagaatttg 15840
aattcagctc aaaaacatat ggaagattct ttaattgata atgaatctac acgtacgcaa 15900
gtccaacacg atttaacaga agctcaagct ttagatggtt taatgggtgc cttaaaagaa 15960
agtattaaag attatactaa tattgtttca aacggtaatt acatcaatgc ggaaccatct 16020
aagaaacaag catatgatgc agctgtacaa aatgctcaaa atataataaa tggaacgaat 16080
caaccaacaa ttaataaagg taatgtcact acagcaacac aaaccgtgaa aaatactaaa 16140
gatgccttag acggtgatca tagattagag gaagctaaaa ataatgccaa tcaaacaatc 16200
agaaatctat ctaatttgaa caatgcccaa aaagatgcag agaaaaatct agttaatagc 16260
gcatcaacat tagaacaagt tcaacaaaac ttacaaaccg ctcaacaatt agataatgct 16320
atgggtgagt tacgacaaag tattgctaaa aaagatcaag tgaaagcaga tagtaaatat 16380
ctaaatgaag atcctcaaat taagcaaaac tatgatgatg cagttcaacg tgttgaaact 16440
attattaacg aaactcaaaa ccctgaatta cttaaagcaa acattgacca agcaactcaa 16500
tccgttcaaa atgcagaaca agctttacat ggtgctgaaa aattaaatca agacaaacaa 16560
acgtcttcga cagaactaga tggattaaca gatttaacag atgcacaacg tgaaaaactc 16620
agagaacaaa ttaacacttc taatagtaga gatgatatta agcaaaaaat tgagcaagca 16680
aaagcactaa atgacgcaat gaaaaaactt aaagaacaag ttgcgcaaaa agatggtgtt 16740
catgctaaca gtgattatac aaatgaagat tctgcacaaa aagatgcgta taataatgca 16800
cttaaacaag cggaagacat tattaataac agctcaaatc ctaacttaaa tgcacaagac 16860
attactaatg ctttaaataa tattaaacaa gcacaagata accttcatgg agctcaaaaa 16920
ttacagcaag acaaaaatac aactaatcaa gccattggta acttaaatca tcttaatcaa 16980
cctcaaaaag atgcgcttat acaagctatt aatggagcta catctaggga ccaagttgca 17040
gaaaaactta aagaggccga agcgcttgat gaagctatga aacaacttga agatcaagtg 17100
aatcaagatg atcaaatttc aaatagcagc ccattcataa atgaagactc agacaaacaa 17160
aaaacttata atgataaaat ccaagctgca aaagaaataa ttaatcaaac atctaatcca 17220
accttagata aacaaaaaat tgctgataca cttcaaaata ttaaagatgc agtgaataat 17280
ttacatggtg atcaaaaatt agctcaatct aaacaagatg ctaataatca attaaatcat 17340
ttagatgact taaccgaaga acaaaaaaac cattttaaac cgttaattaa taatgctgat 17400
actcgagatg aggtaaataa acaactagag attgctaaac aattaaatgg tgatatgagt 17460
acacttcata aagtcataaa tgataaagat caaattcaac atttaagcaa ttacattaat 17520
gctgataatg ataaaaaaca aaattatgat aatgctatta aagaagctga ggatttaatt 17580
cataatcatc cagatacatt agatcataaa gcattacaag atttattaaa caagatagac 17640
caagcgcata acgaattaaa tggagaatcc agatttaaac aggctttaga caatgcttta 17700
aacgacatag atagcttaaa cagtctcaat gttccacaac gccaaactgt taaggataac 17760
atcaaccatg tgacaactct agaaagttta gctcaagaat tgcagaaagc aaaagagctt 17820
aatgatgcta tgaaagcaat gagagatagc attatgaatc aagagcaaat tcgtaaaaat 17880
agcaattata ctaatgaaga cttagctcaa caaaatgcct ataatcatgc agtagataaa 17940
ataaataaca ttattggtga agacaatgcg acgatggatc ctcaaataat caaacaagca 18000
actcaagata taaatacagc tataaatgga ttaaatggag atcaaaaact tcaagatgca 18060

aagacagatg ctaaacaaca aattactaac tttactggtt taactgaacc acaaaaacaa 18120
gcattggaaa acatcattaa ccaacaaaca agcagagcaa atgttgctaa acagttaagt 18180
catgctaaat tcttaaatgg aaaaatggaa gaattaaaag ttgcagtagc caaagcgtca 18240
ttagtaagac aaaatagtaa ctatattaat gaagatgtct ctgaaaaaga agcatatgaa 18300
caagctatcg caaaaggtca ggaaataatt aattcagaaa ataatccaac aataagtagt 18360
actgatatca atcgtaccat tcaagaaatt aatgatgctg aacaaaatct tcatggtgat 18420
aataaattaa gacaagcaca ggaaattgca aagaatgaaa tacaaaatct agacggatta 18480
aattcagctc aaataacaaa attaatccaa gatataggca gaacaacaac taaacctgca 18540
gtaactcaga aactagaaga agcaaaagca ataaaccaag ctatgcaaca acttaaacaa 18600
agtatagccg ataaggatgc tactctaaat tctagtaact atctcaatga agattctgag 18660
aaaaagttag cgtacgataa tgctgtaagc caagctgaac aactcataaa tcaacttaac 18720
gacccaacta tggatataag taatattcaa gctattactc aaaaggtcat tcaagcaaaa 18780
gattcattgc acggtgcgaa taaacttgca caaaatcaag cagattcaaa tttaataata 18840
aatcaatcaa caaatttaaa tgataaacaa aagcaagcat taaatgactt aattaatcat 18900
gctcaaacta aacagcaagt ggcagaaata attgcacaag ctaataagtt aaataacgaa 18960
atgggcacac taaaaacact cgtagaagaa cagtcaaacg ttcatcaaca aagtaaatat 19020
attaatgaag atccgcaagt tcaaaatatt tataatgact ccattcaaaa aggtcgagaa 19080
atattaaacg gcactacaga tgatgtttta aacaacaata aaatagcaga tgccattcaa 19140
aacattcatt taactaaaaa cgatttacat ggtgatcaaa aattacaaaa agcacaacaa 19200
gatgcaacca atgaattaaa ctatttaaca aatctaaaca attctcaaag acaaagcgag 19260
catgatgaga ttaactctgc tccttcaaga actgaagttt ctaatgattt aaatcatgct 19320
aaagcactta atgaagctat gcgtcaactt gagaatgaag ttgctcttga aaacagtgtt 19380
aaaaaattaa gcgactttat caatgaagat gaagcggcac aaaatgaata tagtaatgca 19440
cttcaaaaag ctaaagacat tatcaacggc gttccaagta gcactttaga taaagctaca 19500
attgaagatg ctttattaga attgcaaaat gctagagaaa gtttacatgg tgagcaaaaa 19560
cttcaagagg ctaaaaatca agctgttgct gaaattgata atttacaagc attaaatcct 19620
ggacaggttc ttgctgaaaa aacattagtt aaccaagcat caaccaaacc agaagttcaa 19680
gaagccttac aaaaagcaaa agaacttaat gaagctatga aagcactgaa aactgaaata 19740
aataaaaaag aacaaatcaa ggctgatagt agatatgtaa atgctgacag tggtcttcaa 19800
gcaaattaca attctgcgtt aaattatggt tctcaaatta ttgcaactac ccaaccacca 19860
gagcttaata aagatgtaat aaatagagca actcaaacga ttaaaactgc tgaaaataat 19920
ttaaatgggc aatctaaatt agcagaggct aagtcagacg gaaatcaaag catcgaacat 19980
ttgcaaggat taacacaatc acaaaaagat aaacaacatg atttaattaa tcaagctcaa 20040
actaaacaac aggtagatga tatcgtaaat aactctaaac aattagataa atctatgaat 20100
caactacaac aaattgttaa caatgacaat acagtaaaac aaaatagtga tttcattaat 20160
gaagattcca gccaacagga tgcttataat catgcaattc aagcagcaaa agatttgata 20220
actgctcatc caactatcat ggataaaaat caaatagatc aagctattga aaatatcaaa 20280
caagcactta atgatttaca cggtagtaat aaactatcag aagataaaaa agaagcttca 20340
gaacaactac aaaaccttaa tagcttgacg aacgggcaaa aagatacgat tttaaatcat 20400
attttcagtg caccaacaag aagccaagta ggagaaaaaa ttgcaagtgc taaacaatta 20460
aataatacaa tgaaagcact tagagattct attgctgata ataatgaaat tttacaaagt 20520
agtaagtact tcaatgaaga ttctgaacaa caaaatgctt ataatcaagc cgtaaataaa 20580
gctaaaaata taattaatga tcaaccaaca ccagtaatgg caaatgatga gattcaaagt 20640
gtcctaaatg aagttaaaca aactaaagat aatttacatg gtgatcaaaa acttgctaac 20700
gacaagacag atgctcaagc aacattaaat gcgttaaatt acttaaatca agcgcaaaga 20760
ggtaatcttg aaactaaagt tcaaaactct aattctagac cagaagtaca aaaagtagtt 20820
caattagcaa atcaacttaa tgatgcgatg aaaaaattag atgatgcttt aactggtaat 20880
gacgcaataa aacaaacgag taattatatt aatgaagata cttctcaaca agttaacttt 20940
gatgagtata cagatagagg taaaaacata gttgctgaac aaacaaatcc aaatatgtct 21000
ccaactaata ttaacactat tgctgataaa attactgaag ctaaaaacga tttacatggc 21060
gtacaaaaac taaaacaagc tcaacaacag tccatcaata ctattaatca aatgactggt 21120
ctaaaccaag ctcaaaaaga acaattaaat caagaaattc aacaaactca aacccgttct 21180
gaagtacatc aagtaattaa taaagcacaa gctttaaatg attcaatgaa tactttacgt 21240
caaagtatta ctgatgaaca tgaagttaaa caaacaagta actacatcaa tgaaactgtt 21300
ggtaatcaaa ctgcatataa caatgccgtt gatcgtgtaa aacaaataat caatcaaaca 21360
tctaatccaa ctatgaatcc tttagaggtg gaacgtgcaa catcaaatgt aaaaatttct 21420
aaagatgcac ttcatggtga acgtgaattg aatgacaata aaaattcaaa aacttttgca 21480
gtcaatcact tagataacct caatcaagct caaaaagaag cattaactca tgaaattgaa 21540
caagcaacta tagtttcaca agtaaataat atctataaca aagcgaaagc tttaaataat 21600
gatatgaaaa aacttaaaga tatcgttgct caacaagata atgtgagaca atcaaacaat 21660
tatataaacg aggatagtac acctcaaaat atgtacaacg atacaattaa tcatgcacaa 21720
tcaatcattg atcaagtagc aaaccctacg atgtctcatg acgaaataga gaatgcaatc 21780
aataacataa agcatgccat caatgcactc gatggagaac ataaattaca acaagcaaaa 21840
gaaaatgcaa acttattgat taatagttta aacgatttaa atgcaccaca aagagatgcc 21900
ataaatagat tggttaatga agctcaaaca agagaaaaag tagctgaaca acttcaaagt 21960
gctcaagctt taaatgacgc tatgaagcat ttaagaaaca gcattcaaaa tcaatcatcc 22020
gtaagacaag agagcaaata tattaatgca agtgatgcta aaaaagagca atataatcac 22080
gcagttagag aagtcgaaaa tattatcaat gaacaacatc caacattgga taaagaaata 22140

attaagcaac taacggatgg tgtaaatcaa gcgaataatg acttaaatgg cgttgaatta 22200
ttagatgctg ataagcaaaa cgcacatcaa tcgataccta cattgatgca cttaaatcaa 22260
gcacaacaaa acgcattaaa tgaaaaaatt aataacgcag ttaccagaac tgaagttgcg 22320
gctattattg gccaagcaaa actactcgat catgctatgg agaatttaga agaaagtatc 22380
aaagataaag agcaagtcaa acagtcaagt aactatatta atgaagattc tgatgttcaa 22440
gaaacatacg ataacgccgt tgatcatgtg acagaaatac ttaatcaaac agtaaatcca 22500
actttatcta ttgaagatat agagcatgct atcaacgaag ttaatcaagc gaaaaaacaa 22560
ctcagaggta aacaaaaact ttatcaaact atcgatttag ctgataaaga attaagtaaa 22620
ttggatgatt taacatcaca acaaagcagt tcaatatcta atcaaatata tactgctaaa 22680
acgagaacag aagttgccca agcaattgaa aaagcaaaat cattaaatca tgcaatgaaa 22740
gcacttaaca aagtatataa aaatgcagat aaagtgttag atagtagtcg attcattaac 22800
gaagatcaac ctgaaaaaaa ggcgtatcaa caagctataa atcatgttga ttcaatcatt 22860
catagacaaa caaatcctga aatggatcca acagtaatca atagcataac tcatgaactc 22920
gaaacagctc aaaataactt acatggtgat cagaaacttg ctcatgcaca acaagatgcc 22980
gctaatgtaa ttaatggtct aattcatctt aatgttgctc aacgtgaggt aatgataaat 23040
acgaatacaa atgctacaac acgcgaaaaa gttgcaaaga acttagataa tgctcaagct 23100
cttgataaag ctatggaaac actacaacaa gtagttgctc ataaaaataa tatattgaac 23160
gatagtaaat atttaaatga agattcaaaa tatcaacaac aatacgatcg agttattgct 23220
gatgccgaac aactacttaa tcagacaaca aatccaacat tagaacctta taaagtcgat 23280
attgttaagg ataatgtcct agctaacgaa aaaatactat ttggcgcaga aaaactatca 23340
tatgacaaat caaatgcaaa tgatgaaatt aaacatatga attatcttaa taatgcacaa 23400
aagcaatcta taaaagatat gatttctcac gcagcattaa gaactgaagt taaacaactt 23460
ctgcaacaag ctaaaatcct tgatgaagcc atgaaatcac ttgaagataa aactcaagta 23520
gtgattacag atactacttt gcctaattac actgaagctt cagaggataa aaaggaaaaa 23580
gtagaccaaa ctgtatcaca tgctcaagcg attattgata aaataaatgg ctcaaatgta 23640
agtttagatc aagtacgaca agcactagaa caattaactc aagcatcaga aaacctcgat 23700
ggtgatcagc gagttgaaga agctaaagtt catgctaatc aaacaattga tcaattaaca 23760
catcttaatt cattacaaca acaaactgcg aaagaaagtg ttaaaaacgc aacaaaacta 23820
gaagaaatcg ctactgttag taacaatgct caggcattaa acaaagtaat gggtaaatta 23880
gaacaattca ttaatcatgc tgattctgtt gaaaatagtg ataattatag acaagccgac 23940
gacgacaaaa tcatcgctta tgatgaagca cttgaacatg gacaagatat acaaaaaact 24000
aacgcaaccc aaaatgaaac aaaacaagcg ttacaacaat taatatatgc agaaacatcg 24060
ttaaatggtt tcgaaagatt aaatcatgct agaccacgag ctttagaata tatcaaatca 24120
ctagaaaaaa taaacaatgc tcaaaagtct gctttagagg ataaagtaac gcaatcgcat 24180
gatttattag aattagaaca tattgtcaac gagggcacaa acctcaatga cattatgggt 24240
gaattagcta acgcaatcgt taataactat gctccaacca aagcaagtat aaattatatt 24300
aacgccgata acctacgcaa agataacttt actcaagcta tcaacaatgc acgtgatgca 24360
ctcaacaaaa ctcaaggtca gaacttagat ttcaatgcaa ttgatacatt taaagatgat 24420
atattcaaaa ctaaagatgc acttaacggt attgaacgtt taacagctgc aaaatcaaaa 24480
gcagaaaaac taattgatag tttaaaattt attaataaag ctcaattcac acatgcaaat 24540
gatgaaatta tgaatactaa ttctattgca caattgtcta gaatcgtgaa tcaagcattt 24600
gatttaaatg atgcaatgaa atctttaaga gatgaactta ataatcaagc ttttcctgtc 24660
caagcaagct caaattatat aaattcagat gaagatttaa aacaacaatt tgaccatgct 24720
ttaagtaatg ctcgaaaagt tcttgcaaaa gaaaatggta aaaatttaga tgaaaaacaa 24780
attcagggac tcaaacaagt gattgaggat actaaagatg ctttaaatgg tatccaacgt 24840
ttatcaaaag ctaaagctaa agcaattcaa tacgtacaat ctttatctta tatcaatgat 24900
gcacagcgtc atattgctga aaataatatt cacaactctg atgatttatc atctttagca 24960
aatacattat ctaaagctag tgatttagat aatgcaatga aagacttacg agatactata 25020
gaaagtaatt caacttctgt tccaaatagt gtgaattata ttaatgctga taagaattta 25080
caaattgaat ttgatgaggc gctacaacaa gcaagtgcaa caagttctaa aacttcagaa 25140
aatccagcaa cgattgaaga agtattaggt cttagtcaag ccatttacga tacaaaaaat 25200
gcattaaatg gtgaacaacg acttgcaact gagaagagca aagatctaaa attaataaaa 25260
ggattaaaag atttaaataa agcacaactt gaagatgtca caaacaaggt aaattcagca 25320
aatactttaa cagagttatc tcagctcact caatcaacgt tagaattaaa cgataaaatg 25380
aaattattga gagataagct taaaacttta gtaaatcctg ttaaagcaag tttaaattat 25440
agaaacgctg attataattt aaaacgtcaa tttaacaaag ctttaaaaga agctaaaggc 25500
gtattaaata aaaatagcgg tacaaatgtc aatatcaatg acattcaaca tcttttaaca 25560
caaatagata atgctaaaga ccaattaaat ggtgaacgac gtctaaaaga acatcaacaa 25620
aaatctgaag tatttattat taaagaatta gatatactta ataatgctca aaaagctgca 25680
ataattaatc agattagagc gtctaaagac attaaaataa ttaatcaaat cgttgataat 25740
gcaatagaat taaatgatgc tatgcaaggt ttaaaagaac atgtagctca attaacagca 25800
actacaaaag acaacattga atatttaaat gctgatgaag accataaatt acaatatgat 25860
tacgctatca acttagcgaa taatgttctt gacaaagaaa acggtacaaa taaagacgct 25920
aatatcataa ttggaatgat tcaaaacatg gatgatgcta gagcacttct aaatggaatt 25980
gaaagactta aagatgctca aacaaaagca cataatgaca ttaaagatac gctcaaacgt 26040
caacttgatg aaattgaaca cgctaatgca acatcaaatt ctaaagctca agctaaacaa 26100
atggtaaatg aggaagctag aaaagcgctt tctaatatta atgacgcaac atcaaatgat 26160
ttagttaatc aagcaaaaga tgaagggcaa tctgcaattg aacacataca tgcagatgaa 26220

```
ttacctaaag caaaactaga tgctaatcaa atgattgacc aaaaagttga agatataaat 26280
cacttaatta gtcaaaatcc aaacttatca aatgaagaaa aaaataaact aatatctcaa 26340
attaataagt tagtaaatgg aattaagaat gaaattcaac aagctataaa caaacaacaa 26400
atagaaaatg ctacaacaaa actagatgaa gtcattgaaa ctactaaaaa attaattatc 26460
gccaaagcag aagctaaaca aatgataaaa gagttatcac aaaagaaacg agatgcaata 26520
aataacaaca ctgatttaac accttctcaa aaggcacatg ctttagcaga tattgataaa 26580
acagaaaaag atgcacttca acatatcgaa aattctaatt caattgatga tatcaataac 26640
aataaagagc atgcatttaa tactttagct catatcatta tttgggatac tgatcagcaa 26700
ccattagttt ttgaactacc tgaattgagc cttcaaaatg ctctagtaac aagtgaggtg 26760
gttgttcaca gagatgaaac tatttcatta gaatctataa ttggagctat gactttaact 26820
gatgaactta aagtcaatat tgtttcatta ccgaacactg ataaagtagc tgatcaccta 26880
accgctaaag ttaaggttat tttagctgat ggctcatatg tcactgtaaa tgttccagtc 26940
aaagttgtag aaaaagaatt acaaatagct aaaaaggatg ctataaaaac aattgatgtt 27000
ctggtaaaac aaaaaatcaa agatatagat tctaataacg aattaacgtc tactcaacgt 27060
gaagatgcaa aagctgaaat tgaaagattg aaaaagcaag ccatcgataa agtgaatcat 27120
tcaaaatcga ttaaagatat tgaaacagta aaacgaactg attttgaaga aatagatcag 27180
tttgatccta aacgctttac gctaaataaa gctaaaaagg atatcattac tgatgttaat 27240
actcaaatcc aaaatggttt caaagaaatt gaaacaataa aaggtttaac ttctaatgaa 27300
aaaactcagt ttgataaaca attaactgca ctacaaaaag aatttttaga aaaagtcgag 27360
catgctcata atttagtaga attaaatcaa ttacaacaag agtttaataa tagatataaa 27420
catattttaa accaagcaca tttactaggt gaaaaacata tagcagaaca taaattagga 27480
tatgttgtag taaacaaaac tcagcaaata ctaaataatc aatctgcttc ttactttata 27540
aaacaatggg cacttgatag aattaaacaa attcaactag aaacgatgaa ttcaattcgt 27600
ggtgcgcata ccgtacaaga tgtacacaaa gcattattac aaggtataga gcaaatcttg 27660
aaagtaaatg taagtattat aaatcaatct ttcaacgatt ccttgcataa ctttaattat 27720
cttcattcaa aatttgatgc tagattaaga gaaaaggatg ttgcaaacca tatcgtacaa 27780
actgaaacat tcaaagaagt tctaaaagga acgggtgttg aaccaggtaa aatcaacaaa 27840
gaaacacagc aaccaaaact tcataagaat gataatgata gcctattcaa acatttagtt 27900
gataatttcg gcaaaactgt aggtgttatt acattaactg gtttactttc tagtttctgg 27960
ttagttttgg ctaaaagacg taaaaaagaa gaagaagaaa aacaatcgat aaaaaatcat 28020
cacaaagata ttcgtctttc agatactgat aaaatagatc caattgtaat aactaagcgt 28080
aaaatagata aagaagaaca aattcaaaac gatgacaaac attcaattcc agttgctaaa 28140
cataagaaat ctaaagaaaa gcaattgagt gaagaggata ttcattcaat ccccgtcgtt 28200
aagcgtaaac aaaacagtga taacaaagat acaaaacaga agaaagttac ttctaaaaag 28260
aagaaaacgc ctcagtcaac taaaaaagtt gtaaaaacca aaaagcgttc taaaaag    28317
```

<210> 49
<211> 3348
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 49

```
atgagagata agaaaggacc ggtaaataaa agagtagatt ttctatcaaa taaattgaat 60
aaatattcaa taagaaaatt tacagttgga acagcatcta ttttaattgg ctcactaatg 120
tatttgggaa ctcaacaaga agcagaagca gctgaaaaca atattgagaa tccaactaca 180
ttaaaagata atgtccaatc aaaagaagtg aagattgaag aagtaacaaa caaagacact 240
gcaccacaag gtgtagaagc taaatctgaa gtaacttcaa acaaagacac aatcgaacat 300
gaagcatcag taaaagctga agatatatca aaaaaggagg atacaccaaa agaagtagct 360
aatgttgctg aagttcagcc gaaatcgtca gtcactcata acgcagaggc acctaaggtt 420
agaaaagctc gttctgttga tgaaggctct tttgatatta caagagattc taaaaatgta 480
gttgaatcta ccccaattac aattcaaggt aaagaacatt ttgaaggtta cggaagtgtt 540
gatatacaaa aaaacccaac agatttaggg gtatcagagg taaccaggtt taatgttggt 600
aatgaaagta atggtttgat aggagcttta caattaaaaa ataaaataga ttttagtaag 660
gatttcaatt ttaaagttag agtggcaaat aaccatcaat caaataccac aggtgctgat 720
ggttgggggt tcttatttag taaaggaaat gcagaagaat atttaactaa tggtggaatc 780
cttgggata aaggtctggt aaattcaggc ggatttaaaa ttgatactgg atacatttat 840
acaagttcca tggacaaaac tgaaaagcaa gctggacaag gttatagagg atacggagct 900
tttgtgaaaa atgacagttc tggtaattca caaatggttg gagaaaatat tgataaatca 960
aaaactaatt ttttaaacta tgcggacaat tcaactaata catcagatgg aaagtttcat 1020
gggcaacgtt taaatgatgt catcttaact tatgttgctt caactggtaa aatgagagca 1080
gaatatgctg gtaaaacttg ggagacttca ataacagatt taggtttatc taaaaatcag 1140
gcatataatt tcttaattac atctagtcaa agatggggcc ttaatcaagg gataaatgca 1200
aatggctgga tgagaactga cttgaaaggt tcagagttta cttttacacc agaagcgcca 1260
aaaacaataa cagaattaga aaaaaaagtt gaagagattc cattcaagaa agaacgtaaa 1320
tttaatccgg atttagcacc agggacagaa aaagtaacaa gagaaggaca aaaaggtgag 1380
aagacaataa caacaccaac actaaaaaat ccattaactg gagaaattat tagtaaaggt 1440
```

```
gaatcgaaag aagagatcac aaaagatccg attaatgaat taacagaata cggaccagaa 1500
acgatagcac caggtcatcg agacgaattt gatccgaagt taccaacagg agagaaagaa 1560
gaagttccag gtaaaccagg aattaagaat ccagaaacag gagacgtagt tagaccaccg 1620
gtcgatagtg taacaaaata tggacctgta aaaggagact cgattgtaga aaaagaagaa 1680
attccattcg agaaagaacg taaatttaat cctgatttag caccaggaac agaaaaagta 1740
acaagagaag gacaaaaagg tgagaagaca ataacgacac caacactaaa aaatccatta 1800
actggagaaa ttattagtaa aggtgaatcg aaagaagaga tcacaaaaga tccgattaat 1860
gaattaacag aatacggacc tgaaacaata gcgccaggtc atcgagacga atttgatccg 1920
aagttaccaa caggagagaa agaagaagtt ccaggtaaac caggaattaa gaatccagaa 1980
acaggagacg tagttagacc gccggtcgat agcgtaacaa aatatggacc tgtaaaagga 2040
gactcgattg tagaaaaaga agaaattcca ttcaagaaag aacgtaaatt taatcctgat 2100
ttagcaccag ggacagaaaa agtaacaaga gaaggacaaa aaggtgagaa gacaataacg 2160
acgccaacac taaaaaatcc attaactgga gaaattatta gtaaaggtga atcgaaagaa 2220
gaaatcacaa aagatccgat taatgaatta acagaatacg gaccagaaac gataacacca 2280
ggtcatcgag acgaatttga tccgaagtta ccaacaggag agaaagagga agttccaggt 2340
aaaccaggaa ttaagaatcc agaaacagga gatgtagtta gaccaccggt cgatagcgta 2400
acaaaatatg gacctgtaaa aggagactcg attgtagaaa aagaagaaat tccattcgag 2460
aaagaacgta aatttaatcc tgatttagca ccagggacag aaaaagtaac aagagaagga 2520
caaaaaggtg agaagacaat aacgacgcca acactaaaaa atccattaac tggagaaatt 2580
attagtaaag gtgaatcgaa agaagaaatc acaaaagatc cagttaatga attaacagaa 2640
ttcggtggcg agaaaatacc gcaaggtcat aaagatatct ttgatccaaa cttaccaaca 2700
gatcaaacgg aaaaagtacc aggtaaacca ggaatcaaga atccagacac aggaaaagtg 2760
atcgaagagc cagtggatga tgtgattaaa cacggaccaa aaacgggtac accagaaaca 2820
aaaacagtag agataccgtt tgaaacaaaa cgtgagttta atccaaaatt acaacctggt 2880
gaagagcgag tgaaacaaga aggacaacca ggaagtaaga caatcacaac accaatcaca 2940
gtgaacccat taacaggtga aaaagttggc gagggtcaac caacagaaga gatcacaaaa 3000
caaccagtag ataagattgt agagttcggt ggagagaaac caaaagatcc aaaaggacct 3060
gaaaacccag agaagccgag cagaccaact catccaagtg gcccagtaaa tcctaacaat 3120
ccaggattat cgaaagacag agcaaaacca aatggcccag ttcattcaat ggataaaaat 3180
gataaagtta aaaaatctaa aattgctaaa gaatcagtag ctaatcaaga gaaaaaacga 3240
gcagaattac caaaaacagg tttagaaagc acgcaaaaag gtttgatctt tagtagtata 3300
attggaattg ctggattaat gttattggct cgtagaagaa agaattaa              3348
```

<210> 50
<211> 4410
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 50

```
atgggcaaac gtagacaagg tcctattaat aaaaaagtgg atttttacc taacaaatta 60
aacaagtatt ctataagaaa attcactgtt ggtacggcct caatattact tggttcgaca 120
cttatttttg gaagtagtag ccatgaagcg aaagctgcag aagaaaaaca agttgatcca 180
attacacaag ctaatcaaaa tgatagtagt gaaagatcac ttgaaaacac aaatcaacct 240
actgtaaaca atgaagcacc acagatgtct tctacattgc aagcagaaga aggaagcaat 300
gcagaagcac cgaatgttcc aactatcaaa gctaattcag ataatgatac acaaacacaa 360
ttttcagaag cccctacaag aaatgaccta gctagaaaag aagatatccc tgctgtttct 420
aaaaacgagg aattacaatc atcacaacca aacactgaca gtaaaataga acctacaact 480
tcagaacctg tgaatttaaa ttatagttct ccgtttatgt ccttattaag catgcctgct 540
gatagttcat ccaataacac taaaaataca atagatatac cgccaactac ggttaaaggt 600
agagataatt acgattttta cggtagagta gatatccaaa gtaatcctac agatttaaat 660
gcgacaaatt taacgagata taattatgga cagccacctg gtacaacaac agctggtgca 720
gttcaattta aaaatcaagt tagttttgat aaagatttcg actttaacat tagagtagca 780
aacaatcgtc aaagtaatac aactggtgca gatggttggg gctttatgtt cagcaagaaa 840
gatggggatg atttcctaaa aaacggtggt atcttacgtg aaaaaggtac acctagtgca 900
gctggtttca gaattgatac aggatattat aataacgatc cattagataa aatacagaaa 960
caagctggtc aaggctatag agggtatggg acatttgtta aaaatgactc ccaaggtaat 1020
acttctaaag taggatcagg tactccatca acagattttc ttaactacgc agataatact 1080
actaatgatt tagatggtaa attccatggt caaaaattaa ataatgttaa tttgaaatat 1140
aatgcttcaa atcaaacttt tacagctact tatgctggta aaacttggac ggctacgtta 1200
tctgaattag gattgagtcc aactgatagt tacaattttt tagttacatc aagtcaatat 1260
ggaaatggta atagtggtac atacgcagat ggcgttatga gagctgattt agatggtgca 1320
acattgacat atactcctaa agcagtcgat ggagacccaa ttacatcaac taaggaaata 1380
ccatttaata aaaaacgcga atttgatcca aacttagcgc caggtacaga aaaagtcgtt 1440
caaaaaggtg aaccaggaat tgaaacaaca acaacaccaa cttatgtcaa tcctaatact 1500
ggagaaaaag taggtgaagg cacacctaca acaaagatca ctaaacaacc agtggatgaa 1560
atcgttcatt atggtggcga agaaatcaag ccaggacata aagatgaatt tgatccaaat 1620
gcaccgaaag gtagtcaaac aacgcaacca ggtaagccag gagttaaaaa tcctgataca 1680
ggcgaagtag tcacaccacc agtggatgat gtgacaaaat atggtccagt tgatggagat 1740
```

ccgattacgt caacggaaga aattccattc gacaagaaac gtgaattcaa tcctgattta 1800
aaaccaggtg aagagcgtgt taaacaaaaa ggtgaaccag gaacaaaaac aattacaaca 1860
ccaacaacta agaacccatt aacaggggaa aaagttggcg aaggtgaacc aacagaaaaa 1920
ataacaaaac aaccagtaga tgaaatcaca gaatatggtg gcgaagaaat caagccaggc 1980
cataaggatg aatttgatcc gaacgcaccg aaaggtagcc aagaggacgt tccaggtaaa 2040
ccaggagtta aaaatcctga tacaggcgaa gtagtcacac caccagtgga tgatgtgaca 2100
aaatatggtc cagttgatgg agatccgatt acgtcaacgg aagaaattcc gtttgataaa 2160
aaacgcgaat ttgatccaaa cttagcgcca ggtacagaga aagtcgttca aaaaggtgaa 2220
ccaggaacaa aaacaattac aacaccaaca actaagaacc cattaacagg agaaaaagtt 2280
ggcgaaggtg aaccaacaga aaaaataaca aaacaaccag tggatgaaat cgttcattat 2340
ggtggcgaag aaatcaagcc aggccataag gatgaatttg atccgaacgc accgaaaggt 2400
agccaagagg acgttccagg taagccagga gttaaaaatc ctgatacagg cgaagtagtc 2460
acaccaccag tggatgatgt gacaaaatat ggtccagttg atggagatcc gattacgtca 2520
acggaagaaa ttccattcga caagaaacgt gaattcaatc ctgatttaaa accaggtgaa 2580
gagcgtgtta aacaaaaagg tgaaccagga acaaaaacaa ttacaacacc aacaactaag 2640
aacccattaa caggggaaaa agttggcgaa ggtgaaccaa cagaaaaagt aacaaaacaa 2700
ccagtggatg aaatcgttca ttatggtggc gaagaaatca agccaggcca taaggatgaa 2760
tttgatccaa atgcaccgaa aggtagccaa gaagacgttc caggtaaacc aggagttaaa 2820
aaccctgata caggcgaagt agttactcca ccagtggatg atgtgacaaa atatggtcca 2880
gttgatggag atccgattac gtcaacggaa gaaattccgt ttgataaaaa acgcgaattt 2940
gatccaaact tagcgccagg tacagagaaa gtcgttcaaa aaggtgaacc aggaacaaaa 3000
acaattacaa caccaacaac taagaaccca ttaacaggag aaaaagttgg cgaaggtgaa 3060
ccaacagaaa aaataacaaa acaaccagtg gatgagatcg ttcattatgg tggcgaagaa 3120
atcaagccag gccataagga tgaatttgat ccgaacgcac cgaaaggtag tcaaacaacg 3180
caaccaggta agccaggagt taaaaatcct gatacaggcg aagtagtcac accaccagtg 3240
gatgatgtga caaaatatgg tccagttgat ggagatccga ttacgtcaac ggaagaaatt 3300
ccgtttgata aaaaacgcga atttgatcca aacttagcgc caggtacaga gaaagtcgtt 3360
caaaaaggtg aaccaggaac aaaaacaatt acaacgccaa caactaagaa cccattaaca 3420
ggagaaaaag ttggcgaagg tgaaccaaca gaaaaaataa caaaacaacc agtggatgag 3480
attgttcatt atggtggtga acaaatacca caaggtcata aagatgaatt tgatccaaat 3540
gcacctgtag atagtaaaac tgaagttcca ggtaaaccag gagttaaaaa tcctgataca 3600
ggtgaagttg ttaccccacc agtggatgat gtgacaaaat atggtccgaa agttggtaat 3660
ccaatcacat caacggaaga gattccattt gataagaaac gtgtatttaa tcctgattta 3720
aaaccaggtg aagagcgcgt taaacaaaaa ggtgaaccag gaacaaaaac aattacaaca 3780
ccaatattag ttaatcctat tacaggagaa aaagttggcg aaggtaaatc aacagaaaaa 3840
gtcactaaac aacctgttga cgaaattgtt gagtatggtc caacaaaagc agaaccaggt 3900
aaaccagcgg aaccaggtaa accagcggaa ccaggtaaac cagcggaacc aggtaaacca 3960
gcggaaccag gtacgccagc agaaccaggt aaaccagcgg aaccaggtaa accagcggaa 4020
ccaggtaaac cagcggaacc aggtaaacca gcggaaccag gtaaaccagc ggaaccaggt 4080
acgccagcag aaccaggtaa accagcggaa ccaggtaaac cagcggaacc aggtaaacca 4140
gcggaaccag gtacgccagc agaaccaggt aaaccagcgg aaccaggtac gccagcagaa 4200
ccaggtaaac cagcggaacc aggtacgcca acacaatcag gtgcaccaga acaaccaaat 4260
agatcaatgc attcaacaga taataaaaat caattacctg atacaggtga aaatcgtcaa 4320
gctaatgagg gaactttagt cggatctcta ttagcaattg tcggatcatt gttcatattt 4380
ggtcgtcgta aaaaaggtaa tgaaaaataa 4410

<210> 51
<211> 504
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 51

atgaagaaac tatatacatc ttatggcact tatggatttt tacatcaaat aaaaatcaat 60
aacccgaccc atcaactatt ccaattttca gcatcagata cttcagttat ttttgaagaa 120
actgatggtg agactgtttt aaaatcacct tcaatatatg aagttattaa agaaattggt 180
gaattcagtg aacatcattt ctattgtgca atcttcattc cttcaacaga agatcatgca 240
tatcaacttg aaaagaaact gattagtgta gacgataatt tcagaaactt tggtggcttt 300
aaaagctatc gtttgttaag acctgctaaa ggtacaacat ataaaattta tttcggattt 360
gctgatcgac atgcatacga agactttaag caatctgatg cctttaatga ccatttttca 420
aaagacgcat taagtcatta ctttggttca agcggacaac attcaagtta ttttgaaaga 480
tatctatacc caataaaaga atag 504

<210> 52
<211> 504
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 52

```
atgtatttat atacatctta tgggacttac caatttttaa atcaaattaa acttaatcat 60
caagaacgta gtttatttca attttccact aatgattcct caataatctt agaagagtct 120
gagggaaaat caatcttaaa acatcctagt gcatatcaag tgattgatag cacaggtgaa 180
tttaacgaac atcatttta tagtgctatt tttgtcccta catctgaaga tcatcgtcaa 240
cagctagaga aaaaattatt actcgtagac gtacctttaa gaaattttgg tggttttaaa 300
agctatcgtt tattaaaacc cactgagggg tctacctaca aaatttactt tggttttgca 360
aatcgaacag catatgaaga tttcaaagct tctgatatat ttaatgaaaa cttttcaaaa 420
gatgcattga gccaatactt tggtgctagt ggtcaacatt ctagctactt tgaaagatat 480
ttatatccaa tagaagatca ttaa                                       504
```

<210> 53
<211> 3426
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 53

```
atgattaaca gggataataa aaaggcaata acaaaaaagg gtatgatttc aaatcgctta 60
aacaaatttt cgattagaaa gtatactgta ggaactgcat cgattttagt aggtacgaca 120
ttgatttttg gtctagggaa ccaagaagct aaagctgctg aaaacactag tacagaaaat 180
gcgaaacaag atgatgcaac gactagtgat aataaagaag tagtgtcgga aactgaaaat 240
aattcgacaa cagaaaatga ttcaacaaat ccaattaaga aagaaacaaa tactgattca 300
caaccagaag ctaaagaaga atcaactaca tcaagtactc aacaacagca aaataacgtt 360
acagctacaa ctgaaactaa gcctcaaaac attgaaaaag aaaatgttaa accttcaact 420
gataaaactg cgacagaaga tacatctgtt attttagaag agaagaaagc accaaattat 480
acaaataacg atgtaactac aaaaccatct acaagtgaaa ttcaaacaaa accaactaca 540
cctcaagaat ctacaaatat tgaaaattca caaccgcaac caacgccttc aaaagtagac 600
aatcaagtta cagatgcaac taatccaaaa gaaccagtaa atgtgtcaaa agaagaactt 660
aaaaataatc ctgagaaatt aaaagaatta gttagaaatg ataacaatac agatcgttca 720
actaaaccag ttgctacagc tccaacaagt gttgcaccaa aacgattaaa tgcgaaaatg 780
cgttttgcag ttgcacaacc agcagcagtt gcttcaaata atgtaaatga cttaattaca 840
gttacgaaac agacgatcaa agttggcgat ggtaaagata atgtggcagc agcgcatgac 900
ggtaaagata ttgaatatga tacagagttt acaattgaca ataaagtcaa aaaaggcgat 960
acaatgacga ttaattatga taagaatgta attccttcgg atttaacaga taaaaatgat 1020
cctatcgata ttactgatcc atcaggagag gtcattgcca aaggaacatt tgataaagcg 1080
actaagcaaa tcacatatac atttacagat tatgtagata aatatgaaga tataaaagca 1140
cgtttaactt tatactcata tattgataag caagcagtac ctaatgaaac tagtttgaat 1200
ttaacgtttg caacagcagg taaagaaact agccaaaacg tttctgttga ttatcaagac 1260
ccaatggttc atggtgattc aaacattcaa tctatcttta caaagttaga tgaaaacaaa 1320
caaactattg aacaacaaat ttatgttaat cctttgaaaa aaacagcaac taacactaaa 1380
gttgatatag ctggtagtca agtagatgat tatggaaata ttaaactagg aaatggtagt 1440
accattattg accaaaatac agaaataaaa gtttataaag ttaaccctaa tcaacaattg 1500
cctcaaagta atagaatcta tgattttagt caatacgaag atgtaacaag tcaatttgat 1560
aataaaaaat catttagtaa taatgtagca acattggatt ttggtgatat taattcagcc 1620
tatattatca aagttgttag taaatataca cctacatcag atggcgaact agatattgct 1680
caaggtacta gtatgagaac aactgataaa tatggttatt ataattatgc aggatattca 1740
aacttcatcg taacttctaa tgacactggc ggtggcgacg gtactgttaa acctgaagaa 1800
aagttataca aaattggtga ctatgtatgg gaagacgttg ataaagacgg tgtccaaggt 1860
acagattcga aagaaaagcc aatggcaaac gttttagtta cattaactta cccggacggt 1920
actacaaaat cagtaagaac agatgctaac ggtcattatg aattcggtgg tttgaaagac 1980
ggagaaactt atacagttaa attcgaaacg ccagctggat atcttccaac aaaagtaaat 2040
ggaacaactg atggtgaaaa agactcaaat ggtagttcta taactgttaa aattaatggt 2100
aaagatgata tgtctttaga cactggtttt tataaagaac ctaaatataa tcttggtgac 2160
tatgtatggg aagatacaaa taaagatggt atccaagatg ctaatgaacc tggtatcaaa 2220
gatgttaagg ttacattaaa agatagtact ggaaaagtta ttggtacaac tactactgat 2280
gcctcgggta aatataaatt tacagattta gataatggta actatacagt agaatttgaa 2340
acaccagcag gttacacgcc aacggttaaa aatactacag ctgaagataa agattctaat 2400
ggtttaacaa caacaggtgt cattaaagat gcagataata tgacattaga cagtggtttc 2460
tataaaacac caaaatacag tttaggtgat tatgtttggt acgacagtaa taaagacggt 2520
aaacaagatt caactgaaaa aggtatcaaa gatgttaaag ttactttatt aaatgaaaaa 2580
ggcgaagtaa ttggaacaac taaaacagat gaaaatggta aatatcgttt cgataattta 2640
gatagcggta aatacaaagt tatttttgaa aagcctgctg gcttaacaca aacagttaca 2700
aatacaactg aagatgataa agatgccgat ggtggcgaag ttgacgtaac aattacggat 2760
catgatgatt tcatacttga taacggatac ttcgaagaag atacatcaga cagtgattca 2820
gactcagaca gtgattcaga ctcagacagc gactcagatt cagacagtga ttcagactca 2880
gatagcgatt cagattcaga cagcgactca gactcagata gcgactcaga ctcagacagc 2940
gactcagact cagatagcga ctcagattcg gacagcgatt cagactcaga tagcgactca 3000
gattcagaca gcgattcaga ctcagatagc gactcagatt cagacagtga ctcagactca 3060
gatagcgact cagactcaga cagtgactca gactcagaca gcgattcaga ttcagatagc 3120
gactcagatt cggacagtga ttcagactca gatagcgact cagattcaga cagcgactca 3180
gactcagata gcgactcaga ctcagacagt gattcagact cagatagcga ttcggactcg 3240
gatgcaggaa aacatacacc tgttaaacca atgagtacta ctaaagacca tcacaataaa 3300
gcaaaagcat taccagaaac aggtagtgaa aataacggct caaataacgc aacgttattt 3360
ggtggattat ttgcagcatt aggttcatta ttgttattcg gtcgtcgcaa aaaacaaaac 3420
aaataa                                                          3426
```

<210> 54
<211> 3171
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 54

atgattaata aaaaaaataa tttactaact aaaaagaaac ctatagcaaa taaatccaat 60
aaatatgcaa ttagaaaatt cacagtaggt acagcgtcta ttgtaatagg tgcaacatta 120
ttgtttggtt taggtcataa tgaggccaaa gccgaggaga attcagtaca agacgttaaa 180
gattcgaata cggatgatga attatcagac agcaatgatc agtctagtga tgaagaaaag 240
aatgatgtga tcaataataa tcagtcaata aacaccgacg ataataacca aataattaaa 300
aaagaagaaa cgaataacta cgatggcata gaaaaacgct cagaagatag aacagagtca 360
acaacaaatg tagatgaaaa cgaagcaaca tttttacaaa agacccctca agataatact 420
catcttacag aagaagaggt aaaagaatcc tcatcagtcg aatcctcaaa ttcatcaatt 480
gatactgccc aacaaccatc tcacacaaca ataaatagag aagaatctgt tcaaacaagt 540
gataatgtag aagattcaca cgtatcagat tttgctaact ctaaaataaa agagagtaac 600
actgaatctg gtaaagaaga gaatactata gagcaaccta ataaagtaaa agaagattca 660
acaacaagtc agccgtctgg ctatacaaat atagatgaaa aaatttcaaa tcaagatgag 720
ttattaaatt taccaataaa tgaatatgaa aataaggcta gaccattatc tacaacatct 780
gcccaaccat cgattaaacg tgtaaccgta aatcaattag cggcggaaca aggttcgaat 840
gttaatcatt taattaaagt tactgatcaa agtattactg aaggatatga tgatagtgaa 900
ggtgttatta aagcacatga tgctgaaaac ttaatctatg atgtaacttt tgaagtagat 960
gataaggtga aatctggtga tacgatgaca gtggatatag ataagaatac agttccatca 1020
gatttaaccg atagctttac aataccaaaa ataaaagata attctggaga aatcatcgct 1080
acaggtactt atgataacaa aaataaacaa atcacctata cttttacaga ttatgtagat 1140
aagtatgaaa atattaaagc acaccttaaa ttaacgtcat acattgataa atcaaaggtt 1200
ccaaataata ataccaagtt agatgtagaa tataaaacgg ccctttcatc agtaaataaa 1260
acaattacgg ttgaatatca aagacctaac gaaaatcgga ctgctaacct tcaaagtatg 1320
tttacaaaca tagatacgaa aaatcataca gttgagcaaa cgatttatat taaccctctt 1380
cgttattcag ccaaggaaac aaatgtaaat atttcaggga atggtgatga aggttcaaca 1440
attatagacg atagcacaat aattaaagtt tataaggttg gagataatca aaatttacca 1500
gatagtaaca gaatttatga ttacagtgaa tatgaagatg tcacaaatga tgattatgcc 1560
caattaggaa ataataatga tgtgaatatt aattttggta atatagattc accatatatt 1620
attaaagtta ttagtaaata tgaccctaat aaggatgatt acacgactat acagcaaact 1680
gtgacaatgc agacgactat aaatgagtat actggtgagt ttagaacagc atcctatgat 1740
aatacaattg ctttctctac aagttcaggt caaggacaag gtgacttgcc tcctgaaaaa 1800
acttataaaa tcggagatta cgtatgggaa gatgtagata aagatggtat tcaaaatata 1860
aatgataatg aaaaaccgct tagtaatgta ttggtaactt tgacgtatcc tgatggaact 1920
tcaaaatcag tcagaacaga tgaagatggg aaatatcaat ttgatggatt gaaaaacgga 1980
ttgacttata aaattacatt cgaaacacct gaaggatata cgccgacgct taaacattca 2040
ggaacaaatc ctgcactaga ctcagaaggt aattctgtat gggtaactat taatggacaa 2100
gacgatatga cgattgatag tggattttat caaacaccta aatacagctt agggaactat 2160
gtatggtatg acactaataa agatggtatt caaggtgatg atgaaaaagg aatctctgga 2220
gttaaagtga cgttaaaaga tgaaaacgga aatatcatta gtacaactac aaccgatgaa 2280
aatggaaagt atcaatttga taatttaaat agtggtaatt atattgttca ttttgataaa 2340
ccttcaggta tgactcaaac aacaacagat tctggtgatg atgacgaaca ggatgctgat 2400
ggggaagaag ttcatgtaac aattactgat catgatgact ttagtataga taacggatac 2460
tatgatgacg aatcggattc cgatagtgac tcagacagcg actcagattc cgatagtgat 2520
tcagactccg atagcgactc ggattcagac agcgactcag attcagacag cgactcggat 2580
tctgatagcg actcggattc agacagcgac tcagactcag acagtgattc agattcagac 2640
agcgactcag attccgatag tgattcagac tcagacagcg actcagattc tgatagtgat 2700
tcagactcag acagtgattc agattcagac agcgactcag attccgatag tgattcagac 2760
tcagacagcg actcagattc cgatagtgat tcagactcag acagcgactc agattctgat 2820
agtgattcag actcagacag tgattcagat tccgatagtg attcagactc cgatagcgac 2880
tcagactcgg atagtgactc agattctgat agtgattcag actcagacag tgattcggat 2940
tccgatagtg attcagactc agacagcgac tcagattctg atagtgattc agactcagac 3000
aacgactcag atttaggcaa tagctcagat aagagtacaa aagataaatt acctgataca 3060
ggagctaatg aagattatgg ctctaaaggc acgttacttg gaactctgtt tgcaggttta 3120
ggagcgttat tattagggaa acgtcgcaaa aatagaaaaa ataaaaatta a 3171

<210> 55
<211> 1461
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 55

```
atgtctaata attttaaaga tgactttgaa aaaaatcgtc aatcgataga cacaaattca 60
catcaagacc atacggaaga tgttgaaaaa gaccaatcag aattagaaca tcaggataca 120
atagagaata cggagcaaca gtttccgcca agaaatgccc aaagaagaaa aagacgccgt 180
gatttagcaa cgaatcataa taaacaagtt cacaatgaat cacaaacatc tgaagacaat 240
gttcaaaatg aggctggcac aatagatgat cgtcaagtcg aatcatcaca cagtactgaa 300
agtcaagaac ctagccatca agacagtaca cctcaacatg aagaggaata ttataataag 360
aatgcttttg caatggataa atcacatcca gaaccaatcg aagacaatga taaacacgag 420
actattaaag atgcagaaaa taacactgag cattcaacag tttctgataa gagtatagct 480
gaacaatctc agcaacctaa accatatttt gcaacaggtg ctaaccaagc aaatacatca 540
aaagataaac atgatgatgt aactgttaag caagacaaag atgaatctaa agatcatcat 600
agtggtaaaa aaggcgcagc aattggtgct ggaacagcgg gtgttgcagg tgcagctggt 660
gcaatgggtg tttctaaagc taagaaacat tcaaatgacg ctcaaaacaa aagtaattct 720
gacaagtcga ataactcgac tgaggataaa gcgtctcaag ataagtctaa agatcatcat 780
aatggcaaaa aaggtgcagc gatcggtgct ggaacagcag gtttggctgg aggcgcagca 840
agtaaaagtg cttctgccgc ttcaaaacca catgcctcta ataatgcaag ccaaaaccat 900
gatgaacatg acaatcatga cagagataaa gaacgtaaaa aaggtggcat ggccaaagta 960
ttgttaccat taattgcagc tgtactaatt atcggtgcat tagcgatatt tggaggcatg 1020
gcattaaaca atcataataa tggtacaaaa gaaaataaaa tcgcgaatac aaataaaaat 1080
aatgctgatg aaagtaaaga caaagacaca tctaaagacg cttctaaaga taaatcaaaa 1140
tctacagaca gtgataaatc aaaagaggat caagacaaag cgactaaaga tgaatctgat 1200
aatgatcaaa acaacgctaa tcaagcgaac aatcaagcac aaaataatca aaatcaacaa 1260
caagctaatc aaaatcaaca acagcaacaa caacgtcaag gtggtggcca aagacataca 1320
gtgaatggtc aagaaaactt ataccgtatc gcaattcaat actacggttc aggttcaccg 1380
gaaaatgttg aaaaaattag acgtgccaat ggtttaagtg gtaacaatat tagaaacggt 1440
caacaaatcg ttattccata a                                          1461
```

<210> 56
<211> 1419
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 56

```
gtgattgaat taattaaaat ggaagggatg atagttgtgt ctaataataa ttttaaagat 60
gatttcgaaa agaatcgtca atctattaat ccagacgaac agcaaacaga attaaaagaa 120
gatgataaaa caaatgaaaa taaaaaagaa gctgactctc aaaacagttt atctaataac 180
tcaaatcaac aatttcctcc gagaaatgcc caacgacgaa aaagacgtag agagacagca 240
actaatcaaa gcaaacaaca agacgacaaa catcaaaaaa atagtgacgc taaaactaca 300
gaaggttcat tagatgaccg ttatgacgaa gcacagttac agcaacaaca tgataaatcg 360
caacaacaaa ataaaactga aaaacaatca caagataata gaatgaaaga tggaaaagat 420
gcagctattg taaatggaac atctgagtca ccagaacata aatcaaaatc aacacaaaat 480
agacccggcc ctaaagctca acaacaaaag cgtaaatcag aaagtacgca atcaaaaccg 540
tcaacaaaca aagataaaaa agcagctaca ggtgctggaa tagctggtgc agctggtgtt 600
gctggtgcag cagaaacatc caaacgtcat cataataaaa aagataaaca agattctaaa 660
cactcaaacc atgagaatga cgaaaaatct gttaaaaatg atgaccaaaa gcaatctaaa 720
aaaggcaaaa aagcagcagt cggtgctggc gcagctgcag gagttggtgc ggctggtgtt 780
gcgcatcata ataatcaaaa taaacatcat aatgaggaaa aaaattctaa tcaaaacaat 840
cagtacaatg accaatcaga aggtaagaaa aaaggtggtt tcatgaaaat cttgttacca 900
cttatagcag ccattcttat tctaggtgca atagcaatat tcggtggtat ggctctaaat 960
aatcacaacg atagtaaaag tgatgaccaa aaaatagcga atcaaagtaa gaaagactca 1020
gataaaaaag atggtgcgca atccgaagat aacaaagaca aaaaatctga tagtaacaaa 1080
gacaaaaaat ctgattctga taagaacgca gatgatgact ctgataatag ttcctcaaat 1140
cctaacgcta cttcaactaa taataacgat aatgtagcca ataataactc aaattataca 1200
aaccaaaatc aacaagataa tgcaaaccaa aatagcaata atcaacaggc aactcaaggt 1260
caacaatcac atacagtata cggtcaagaa aacttatatc gtatcgccat acaatattat 1320
ggagaaggaa ctcaagctaa cgtagataaa attaaacgtg cgaatggatt aagcagtaat 1380
aatattcata atggtcaaac attagttatt cctcaataa                        1419
```

<210> 57
<211> 498
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 57

```
atgaaaaata aattgatagc aaaatcttta ttaacaatag cggcaattgg tattactaca 60
actacaattg cgtcaacagc agatgcgagc gaaggatacg gtccaagaga aaagaaacca 120
gtgagtatta atcacaatat cgtagagtac aatgatggta cttttaaata tcaatctaga 180
ccaaaattta actcaacacc taaatatatt aaattcaaac atgactataa tattttagaa 240
tttaacgatg gtacattcga atatggtgca cgtccacaat ttaataaacc agcagcgaaa 300
actgatgcaa ctattaaaaa agaacaaaaa ttgattcaag ctcaaaatct tgtgagagaa 360
tttgaaaaaa cacatactgt cagtgcacac agaaaagcac aaaaggcagt caacttagtt 420
tcgtttgaat acaaagtgaa gaaaatggtc ttacaagagc gaattgataa tgtattaaaa 480
caaggattag tgagataa                                              498
```

<210> 58
<211> 960
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 58

atgaaaacac gtatagtcag ctcagtaaca acaacactat tgctaggttc catattaatg 60
aatcctgtcg ctaatgccgc agattctgat attaatatta aaaccggtac tacagatatt 120
ggaagcaata ctacagtaaa aacaggtgat ttagtcactt atgataaaga aaatggcatg 180
cacaaaaaag tattttatag ttttatcgat gataaaaatc acaataaaaa actgctagtt 240
attagaacga aaggtaccat tgctggtcaa tatagagttt atagcgaaga aggtgctaac 300
aaaagtggtt tagcctggcc ttcagccttt aaggtacagt tgcaactacc tgataatgaa 360
gtagctcaaa tatctgatta ctatccaaga aattcgattg atacaaaaga gtatatgagt 420
actttaactt atggattcaa cggtaatgtt actggtgatg atacaggaaa aattggcggc 480
cttattggtg caaatgtttc gattggtcat acactgaaat atgttcaacc tgatttcaaa 540
acaattttag agagcccaac tgataaaaaa gtaggctgga aagtgatatt taacaatatg 600
gtgaatcaaa attggggacc atatgataga gattcttgga acccggtata tggcaatcaa 660
cttttcatga aaactagaaa tggttctatg aaagcagcag agaacttcct tgatcctaac 720
aaagcaagtt ctctattatc ttcagggttt tcaccagact tcgctacagt tattactatg 780
gatagaaaag catccaaaca acaaacaaat atagatgtaa tatacgaacg agttcgtgat 840
gactaccaat tgcattggac ttcaacaaat tggaaaggta ccaatactaa agataaatgg 900
acagatcgtt cttcagaaag atataaaatc gattgggaaa aagaagaaat gacaaattaa 960

<210> 59
<211> 1287
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 59

atacacatga aaaataaata tatctcgaag ttgctagttg gggcagcaac aattacttta 60
gctacaatga tttcaaatgg ggaagcaaaa gcgagtgaaa acacgcaaca aacttcaact 120
aagcaccaaa caactcaaaa caactacgta acagatcaac aaaaagcttt ttatcaagta 180
ttacatctaa aaggtatcac agaagaacaa cgtaaccaat acatcaaaac attacgcgaa 240
cacccagaac gtgcacaaga agtattctct gaatcactta aagacagcaa gaacccagac 300
cgacgtgttg cacaacaaaa cgctttttac aatgttctta aaaatgataa cttaactgaa 360
caagaaaaaa ataattacat tgcacaaatt aaagaaaacc ctgatagaag ccaacaagtt 420
tgggtagaat cagtacaatc ttctaaagct aaagaacgtc aaaatattga aaatgcggat 480
aaagcaatta aagatttcca agataacaaa gcaccacacg ataaatcagc agcatatgaa 540
gctaactcaa aattacctaa agatttacgc gataaaaata accgctttgt agaaaaagtt 600
tcaattgaaa aagcaatcgt tcgtcatgat gagcgtgtga aatcagcaaa tgatgcaatc 660
tcaaaattaa atgaaaaaga ttcaattgaa aacagacgtt tagcacaacg tgaagttaac 720
aaagcaccta tggatgtaaa agagcattta cagaaacaat tagacgcatt agtagctcaa 780
aaagatgctg aaaagaaagt ggcgccaaaa gttgaggctc ctcaaattca atcaccacaa 840
attgaaaaac ctaaagcaga atcaccaaaa gttgaagtcc ctcaatctaa attattaggt 900
tactaccaat cattaaaaga ttcatttaac tatggttaca agtatttaac agatacttat 960
aaaagctata aagaaaaata tgatacagca aagtactact ataatacgta ctataaatac 1020
aaaggtgcga ttgatcaaac agtattaaca gtactaggta gtggttctaa atcttacatc 1080
caaccattga aagttgatga taaaaacggc tacttagcta aatcatatgc acaagtaaga 1140
aactatgtaa ctgagtcaat caatactggt aaagtattat atactttcta ccaaaaccca 1200
acattagtaa aaacagctat taaagctcaa gaaactgcat catcaatcaa aaatacatta 1260
agtaatttat tatcattctg gaaataa 1287

<210> 60
<211> 1053
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 60

```
atgacaaaac attatttaaa cagtaagtat caatcagaac aacgttcatc agctatgaaa 60
aagattacaa tgggtacagc atctatcatt ttaggttccc ttgtatacat aggcgcagac 120
agccaacaag tcaatgcggc aacagaagct acgaacgcaa ctaataatca aagcacacaa 180
gtttctcaag caacatcaca accaattaat ttccaagtgc aaaaagatgg ctcttcagag 240
aagtcacaca tggatgacta tatgcaacac cctggtaaag taattaaaca aaataataaa 300
tattatttcc aaaccgtgtt aaacaatgca tcattctgga aagaatacaa attttacaat 360
gcaaacaatc aagaattagc aacaactgtt gttaacgata ataaaaaagc ggatactaga 420
acaatcaatg ttgcagttga acctggatat aagagcttaa ctactaaagt acatattgtc 480
gtgccacaaa ttaattacaa tcatagatat actacgcatt tggaatttga aaaagcaatt 540
cctacattag ctgacgcagc aaaaccaaac aatgttaaac cggttcaacc aaaaccagct 600
caacctaaaa cacctactga gcaaactaaa ccagttcaac ctaaagttga aaaagttaaa 660
cctactgtaa ctacaacaag caaagttgaa gacaatcact ctactaaagt tgtaagtact 720
gacacaacaa aagatcaaac taaaacacaa actgctcata cagttaaaac agcacaaact 780
gctcaagaac aaaataaagt tcaaacacct gttaaagatg ttgcaacagc gaaatctgaa 840
agcaacaatc aagctgtaag tgataataaa tcacaacaaa ctaacaaagt tacaaaacat 900
aacgaaacgc ctaaacaagc atctaaagct aaagaattac caaaaactgg tttaacttca 960
gttgataact ttattagcac agttgccttc gcaacacttg ccctttttagg ttcattatct 1020
ttattacttt tcaaaagaaa agaatctaaa taa                              1053
```

<210> 61
<211> 1938
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 61

```
atgaacaaac agcaaaaaga atttaaatca ttttattcaa ttagaaagtc atcactaggc 60
gttgcatctg tagcgattag tacacttttа ttattaatgt caaatggcga agcacaagca 120
gcagctgaag aaacaggtgg tacaaataca gaagcacaac caaaaactga agcagttgca 180
agtccaacaa caacatctga aaaagctcca gaaactaaac cagtagctaa tgctgtctca 240
gtatctaata aagaagttga ggcccctact tctgaaacaa aagaagctaa agaagttaaa 300
gaagttaaag cccctaagga aacaaaagca gttaaaccag cagcaaaagc cactaacaat 360
acatatccta ttttgaatca ggaacttaga gaagcgatta aaaaccctgc aataaaagat 420
aaagatcata gcgcaccaaa ctctcgtcca attgattttg aaatgaaaaa agaaaatggt 480
gagcaacaat tttatcatta tgccagctct gttaaacctg ctagagttat tttcactgat 540
tcaaaaccag aaattgaatt aggattacaa tcaggtcaat tttggagaaa atttgaagtt 600
tatgaaggtg acaaaaagtt gccaattaaa ttagtatcat acgatactgt taaagattac 660
gcttacattc gcttctctgt ttcaaatgga acaaaagccg ttaaaattgt aagttcaact 720
cacttcaata acaaagaaga aaaatacgat tacacattaa tggaattcgc acaaccaatt 780
tataacagtg cagataaatt caaaactgaa gaagattata aagctgaaaa attattagcg 840
ccatataaaa aagcgaaaac actagaaaga caagtttatg aattaaataa aattcaagat 900
aaacttcctg aaaaattaaa ggctgagtac aagaagaaat tagaggatac aaagaaagct 960
ttagatgagc aagtgaaatc agctattact gaattccaaa atgtacaacc aacaaatgaa 1020
aaaatgactg atttacaaga tacaaaatat gttgtttatg aaagtgttga gaataacgaa 1080
tctatgatgg atacttttgt taaacaccct attaaaacag gtatgcttaa cggcaaaaaa 1140
tatatggtca tggaaactac taatgacgat tactggaaag atttcatggt tgaaggtcaa 1200
cgtgttagaa ctataagcaa agatgctaaa aataatacta gaacaattat tttcccatat 1260
gttgaaggta aaactctata tgatgctatc gttaaagttc acgtaaaaac gattgattat 1320
gatggacaat accatgtcag aatcgttgat aaagaagcat ttacaaaagc caataccgat 1380
aaatctaaca aaaaagaaca acaagataac tcagctaaga aggaagctac tccagctacg 1440
cctagcaaac caacaccatc acctgttgaa aaagaatcac aaaaacaaga cagccaaaaa 1500
gatgacaata aacaattacc aagtgttgaa aaagaaaatg acgcatctag tgagtcaggt 1560
aaagacaaaa cgcctgctac aaaaccaact aaaggtgaag tagaatcaag tagtacaact 1620
ccaactaagg tagtatctac gactcaaaat gttgcaaaac caacaactgc ttcatcaaaa 1680
acaacaaaag atgttgttca aacttcagca ggttctagcg aagcaaaaga tagtgctcca 1740
ttacaaaaag caaacattaa aaacacaaat gatggacaca ctcaaagcca aaacaataaa 1800
aatacacaag aaaataaagc aaaatcatta ccacaaactg gtgaagaatc aaataaagat 1860
atgacattac cattaatggc attactagct ttaagtagca tcgttgcatt cgtattacct 1920
agaaaacgta aaaactaa                                             1938
```

<210> 62
<211> 2862
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 62

```
atgaataata aaaagacagc aacaaataga aaaggcatga taccaaatcg attaaacaaa 60
ttttcgataa gaaagtattc tgtaggtact gcttcaattt tagtagggac aacattgatt 120
```

```
tttgggttaa gtggtcatga agctaaagcg gcagaacata cgaatggaga attaaatcaa 180
tcaaaaaatg aaacgacagc cccaagtgag aataaaacaa ctgaaaaagt tgatagtcgt 240
caactaaaag acaatacgca aactgcaact gcagatcagc ctaaagtgac aatgagtgat 300
agtgcaacag ttaaagaaac tagtagtaac atgcaatcac cacaaaacgc tacagctagt 360
caatctacta cacaaactag caatgtaaca acaaatgata aatcatcaac tacatatagt 420
aatgaaactg ataaaagtaa tttaacacaa gcaaaaaacg tttcaactac acctaaaaca 480
acgactatta aacaaagagc tttaaatcgc atggcagtga atactgttgc agctccacaa 540
caaggaacaa atgttaatga taaagtacat tttacgaaca ttgatattgc gattgataaa 600
ggacatgtta ataaaacaac aggaaatact gaattttggg caacttcaag tgatgtttta 660
aaattaaaag cgaattacac aatcgatgat tctgttaaag agggcgatac atttacttta 720
aaatatggtc aatatttccg tccaggttct gtaagattac cttcacaaac tcaaaattta 780
tataatgccc aaggtaatat tattgcaaaa ggtatttacg atagtaaaac aaatacaaca 840
acgtatactt ttacgaatta tgtagatcaa tacacaaatg ttagcggtag ctttgaacaa 900
gtcgcatttg cgaaacgtga aaatgcaaca actgataaaa ctgcttataa aatggaagta 960
actttaggta atgatacata tagtaaagat gtcattgtcg attatggtaa tcaaaaaggt 1020
caacaactta tttcgagtac aaattatatt aataatgaag atttgtcacg taatatgact 1080
gtttatgtaa atcaacctaa aaagacctat acaaaagaaa catttgtaac aaatttaact 1140
ggttataaat ttaatccaga tgctaaaaac ttcaaaattt acgaagtgac agatcaaaat 1200
caatttgtgg atagtttcac cccagatact tcaaaactta aagatgttac tggtcaattc 1260
gatgttattt atagtaatga taataagacg gcgacagtag atttattgaa tggtcaatct 1320
agtagtgata aacagtacat cattcaacaa gttgcttatc cagataatag ttcaacagat 1380
aatgggaaaa ttgattatac tttagaaaca caaaatggaa aaagtagttg gtcaaacagt 1440
tattcaaatg tgaatggctc atcaactgca aatggcgacc aaaagaaata taatctaggt 1500
gactatgtat gggaagatac aaataaagat ggtaaacaag atgccaatga aaaagggatt 1560
aaaggtgttt atgtcattct taaagatagt aacggtaaag aattagatcg tacgacaaca 1620
gatgaaaatg gtaaatatca gttcactggt ttaagcaatg gaacttatag tgtagagttt 1680
tcaacaccag ccggttatac accgacaact gcaaatgcag gtacagatga tgctgtagat 1740
tctgatggac taactacaac aggtgtcatt aaagacgctg acaacatgac attagatagt 1800
ggattctaca aaacaccaaa atatagttta ggtgattatg tttggtacga cagtaataaa 1860
gatggtaaac aagattcgac tgaaaaagga attaaaggtg ttaaagttac tttgcaaaac 1920
gaaaaaggcg aagtaattgg tacaactgaa acagatgaaa atggtaaata ccgctttgat 1980
aatttagata gtggtaaata caaagttatc tttgaaaagc ctgctggttt aactcaaaca 2040
ggtacaaata caactgaaga tgataaagat gccgatggtg gcgaagttga tgtaacaatt 2100
acggatcatg atgatttcac acttgataat ggctactacg aagaagaaac atcagatagt 2160
gactcagatt cggacagcga ttcagactca gatagcgact cagattcaga tagtgactca 2220
gactcagata gcgactcaga ctcagatagc gactcagaca gcgactcaga ctcagatagt 2280
gattcagatt cggacagcga ctcagattca gacagcgaat cagattcgga tagcgactca 2340
gactcagata gcgactcaga cagcgactca gattcagaca gtgactcaga ctcagacagc 2400
gactcagatt cagacagcga ttcagattcg gatagcgact cagattcaga tagcgattcg 2460
gactcagaca acgactcaga ttctgacagc gattcagact cagatagcga ctcagattca 2520
gacagcgact cagattcaga cagcgattca gattcagata gcgattcaga ttcagacagc 2580
gactcagatt cagatagcga ctcagactca gacagcgatt cagactcaga tagcgactca 2640
gacagcgatt cagattcgga tagcgattca gattcagatg caggtaaaca tactccgact 2700
aaaccaatga gtacggttaa agatcagcat aaaacagcta aagcattacc agaaacaggt 2760
agtgaaaata ataattcaaa taatggcaca ttattcggtg gattattcgc ggcattagga 2820
tcattattgt tattcggtcg tcgtaaaaaa caaaataaat aa                     2862
```

<210> 63
<211> 2808
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 63

```
atgaatatga agaaaaaaga aaaacacgca attcggaaaa aatcgattgg cgtggcttca 60
gtgcttgtag gtacgttaat cggttttgga ctactcagca gtaaagaagc agatgcaagt 120
gaaaatagtg ttacgcaatc tgatagcgca agtaacgaaa gcaaaagtaa tgattcaagt 180
agcgttagtg ctgcacctaa aacagacgac acaaacgtga gtgatactaa aacatcgtca 240
aacactaata atggcgaaac gagtgtggcg caaaatccag cacaacagga aacgacacaa 300
tcatcatcaa caaatgcaac tacggaagaa acgccggtaa ctggtgaagc tactactacg 360
acaacgaatc aagctaatac accggcaaca actcaatcaa gcaatacaaa tgcggaggaa 420
ttagtgaatc aaacaagtaa tgaaacgact tctaatgata ctaatacagt atcatctgta 480
aattcacctc aaaattctac aaatgcggaa aatgtttcaa caacgcaaga tacttcaact 540
gaagcaacac cttcaaacaa tgaatcagct ccacagaata cagatgcaag taataaagat 600
gtagttagtc aagcggttaa tccaagtacg cctagaatga gagcatttag tttagcggca 660
gtagctgcag atgcaccggc agctggcaca gatattacga atcagttgac agatgtgaaa 720
gttactattg actctggtac gactgtgtat ccgcaccaag caggttatgt caaactgaat 780
tatggttttt cagtgcctaa ttctgctgtt aaaggtgaca cattcaaaat aactgtacct 840
aaagaattaa acttaaatgg tgtaacttca actgctaaag tgccaccaat tatggctgga 900
```

```
gatcaagtat tggcaaatgg tgtaatcgat agtgatggta atgttattta tacatttaca 960
gactatgttg ataataaaga aaatgtaaca gctaatatta ctatgccagc ttatattgac 1020
cctgaaaatg ttacaaagac aggtaatgtg acattgacaa ctggcatagg aaccaatact 1080
gctagtaaga cagtattaat cgactatgag aaatatggac aattccataa tttatcaatt 1140
aaaggtacga ttgatcaaat cgataaaaca aataatacgt atcgccaaac aatttatgtc 1200
aatccaagcg gagataacgt tgtgttacct gccttaacag gtaatttaat tcctaataca 1260
aagagtaatg cgttaataga tgcaaaaaac actgatatta aagtttatag agtcgataat 1320
gctaatgatt tatctgaaag ttattatgtg aatcctagcg attttgaaga tgtaactaat 1380
caagttagaa tttcatttcc aaatgctaat caatacaaag tagaatttcc tacggacgat 1440
gaccaaatta caacaccgta tattgtagtt gttaatggcc atattgatcc tgctagtaca 1500
ggtgatttag cactacgttc gacattttat ggttatgatt ctaattttat atggagatct 1560
atgtcatggg acaacgaagt agcatttaat aacggatcag gttctggtga cggtatcgat 1620
aaaccagttg ttcctgaaca acctgatgag cctggtgaaa ttgaaccaat tccagaggat 1680
tcagattctg acccaggttc agattctggc agcgattcta attcagatag cggttcagat 1740
tctggcagtg attctacatc agatagtggt tcagattcag cgagtgattc agattcagca 1800
agtgattcag actcagcgag tgattcagat tcagcaagtg attcagattc agcaagtgat 1860
tcagattcag caagtgattc agactcagca agtgattcag attcagcaag tgattcagat 1920
tcagcaagcg attcagattc agcgagcgat tcagattcag cgagcgattc agattcagcg 1980
agtgattccg actcagcgag cgattcagac tcagatagtg actcagattc cgatagcgat 2040
tccgactcag atagcgactc agattcagac agcgattctg actcagacag cgattctgac 2100
tcagacagtg actcagattc cgatagcgat tctgactcag acagtgactc agattccgat 2160
agcgattcag attcagacag tgattcagac tcagatagcg attcagattc cgacagtgac 2220
tcagactcag acagcgattc agattccgat agcgattcag attccgacag tgactcagat 2280
tccgatagtg actcggattc agcgagtgat tcagattcag atagcgattc agaatcagat 2340
agtgactcag actcagacag tgattcagat tcagatagtg actcagactc agacagcgat 2400
tcagaatcag atagtgactc cgattcagac agcgattcag aatcagatag tgactccgat 2460
tcagatagcg attcggattc agcgagtgat tcagactcag gtagtgactc cgattcatca 2520
agtgattcag attccgattc aacgagtgac acaggatcag acaacgactc agacagtgat 2580
tcaaatagcg attccgagtc aggttctaac aataatgtag ttccgcctaa ttcacctaaa 2640
aatggtacta atgcttctaa taaaaatgag gctaaagata gtaaagaacc attaccagat 2700
acaggttctg aagatgaagc gaatacgtca ctaatttggg gattattagc atcattaggt 2760
tcattactac ttttcagaag aaaaaaagaa aataaagata agaaataa              2808
```

<210> 64
<211> 3117
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 64

```
gtgaaaaaca atcttaggta cggcattaga aaacataaat tgggagcagc atcagtattc 60
ttaggaacaa tgatcgttgt tgggatggga caagataaag aagctgcagc atcagaacaa 120
aagacaacta cagtagaaga aaatgggaat tcagctactg ataataaaac aagtgaaaca 180
caaacaactg ctactaacgt taatcatata gaagaaactc aatcatataa cgcaacagta 240
acagaacaac cgtcaaacgc aacacaagta acaactgaag aagcaccaaa agcagtacaa 300
gcaccacaaa ctgcacaacc agcaaatgta gaaacagtta aagaagaaga gaaacctcaa 360
gttaaggaaa cgacacaacc tcaagacaat agcggaaatc aaagacaagt agatttaaca 420
cctaaaaagg ttacacaaaa tcaagggaca gaaacacaag ttgaagtggc acagccaaga 480
acggcatcag aaagtaagcc acgtgtgaca agatcagcag atgtagcgga agctaaggaa 540
gctagtgacg tttcagaagt taaaggcaca gatgttacaa gtaaagttac agtagaaagt 600
ggttctattg aggcacctca aggaaataaa gtagagccac atgctggtca acgtgtcgta 660
ttgaaataca aattgaaatt cgcagatgga ttaaaaagag gagattattt tgattttaca 720
ttatcaaata atgtaaatac ttatggggtt tcaacagcta gaaaggtacc agagattaaa 780
aatggctcag ttgtaatggc tacaggtgag atcttaggga atggtaacat aagatataca 840
tttactaacg aaattgaaca caaggtagag gtaacagcta atttagaaat caacttattt 900
attgacccta aaactgtaca aagcaatgga gaacaaaaga ttacttctaa attaaatggt 960
gaagaaacag aaaaaacaat accagttgtt tataatccag gtgttagcaa tagttataca 1020
aatgtaaatg gatcaattga aacatttaat aaagaatcta ataaatttac acatatagct 1080
tatattaagc caatgaatgg aaaccagtca aacactgtat cagtaacagg gacgttgact 1140
gaaggtagta atttagctgg tggacaacct actgttaaag tatatgaata tctagggaaa 1200
aaagatgaat tgccacaaag tgtttatgca aatacatcag atactaacaa attcaaagat 1260
gtaacaaagg aaatgaatgg aaaattgagt gtgcaagaca atggtagtta ctcattgaat 1320
ttagataagt tggataaaac gtatgtcatt cattatacag gtgaatattt gcaagggtca 1380
gatcaggtta attttagaac tgaattatat gggtatccag aacgagcata taaatcttac 1440
tatgtttatg ggggatatcg tttaacttgg gataatggtt tagttttata tagcaataaa 1500
gctgacggca atggtaaaaa tggacaaatt attcaagata atgattttga atataaagaa 1560
gatactgcaa aaggaactat gagcgggcag tacgatgcca agcaaattat tgaaacagaa 1620
gaaaatcaag acaatacacc gcttgacatt gattaccaca cagctataga tggtgagggt 1680
ggttatgttg atgggtatat tgaaacaata gaagaaacgg attcatcagc tattgatatc 1740
```

```
gattaccata ctgctgtgga tagtgaagtg ggtcacgttg gaggatacac tgagtcctct 1800
gaggaatcaa atccaattga ctttgaagaa tcgacacatg aaaattcaaa acatcacgct 1860
gatgttgttg aatatgaaga ggatacaaat ccaggtggtg gccaagtaac aactgagtct 1920
aacttagttg aatttgacga agagtctaca aaaggtattg taactggcgc agtgagcgac 1980
catacaacaa ttgaagatac gaaagaatat acgactgaaa gtaatctgat tgaactagta 2040
gatgaactac ctgaagaaca tggtcaagca caaggaccaa tcgaggaaat tactgaaaac 2100
aatcatcata tttctcattc tggtttagga actgaaaatg gtcacggtaa ttatggcgtg 2160
attgaagaaa tcgaagaaaa tagccacgtt gatattaaga gtgaattagg ttacgaaggt 2220
ggccaaaata gcggtaacca gtcattcgag gaagacacag aagaagacaa acctaaatat 2280
gaacaaggtg gcaatatcgt agatatcgat ttcgacagtg tacctcaaat tcatggtcaa 2340
aataaaggtg accagtcatt cgaagaagat acagagaaag acaagcctaa atatgaacat 2400
ggcggtaata tcattgatat cgacttcgac agtgtgccac aaattcatgg attcaataag 2460
cataatgaaa ttattgaaga agatacaaac aaagataaac ctaattatca attcggtgga 2520
cacaatagtg ttgactttga agaagataca cttccaaaag taagcggcca aaatgaaggt 2580
caacaaacga ttgaagaaga tacaacgccg ccaacgccac cgacaccaga agtaccgagt 2640
gagccggaaa caccaatgcc accgacacca gaagtaccga gtgagccgga aacaccaacg 2700
ccaccaacac cagaggtacc aagtgagccg gaaacaccaa caccaccgac tccggaagta 2760
ccaagtgagc cggaaacacc aacaccaccg acaccagaag tgccgagtga gccagaaaca 2820
ccaacaccgc caacaccaga ggtaccagct gaacctggta aaccagtacc acccgcaaaa 2880
gaagaaccta aaaagccttc taaaccagtg gaacaaggta aagtagtaac acctgttatt 2940
gaaatcaatg aaaaggttaa agcagtggca ccaactaaaa aagcacaatc taagaaatct 3000
gaactacctg aaacaggtgg agaagaatca acaaacaaag gtatgttgtt cggcggatta 3060
ttcagcattc taggtttagc attattacgc agaaataaaa agaataacaa agcataa    3117
```

<210> 65
<211> 2634
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 65

```
ttgaaaaaaa gaattgatta tttgtcgaat aagcagaata agtattcgat tagacgtttt 60
acagtaggta ccacatcagt aatagtaggg gcaactatac tatttgggat aggcaatcat 120
caagcacaag cttcagaaca atcgaacgat acaacgcaat cttcgaaaaa taatgcaagt 180
gcagattccg aaaaaaacaa tatgatagaa acacctcaat taaatacaac ggctaatgat 240
acatctgata ttagtgcaaa cacaaacagt gcgaatgtag atagcacaac aaaaccaatg 300
tctacacaaa cgagcaatac cactacaaca gagccagctt caacaaatga aacacctcaa 360
ccgacggcaa ttaaaaatca agcaactgct gcaaaaatgc aagatcaaac tgttcctcaa 420
gaagcaaatt ctcaagtaga taataaaaca acgaatgatg ctaatagcat agcaacaaac 480
agtgagctta aaaattctca aacattagat ttaccacaat catcaccaca aacgatttcc 540
aatgcgcaag gaactagtaa accaagtgtt agaacgagag ctgtacgtag tttagctgtt 600
gctgaaccgg tagtaaatgc tgctgatgct aaaggtacaa atgtaaatga taaagttacg 660
gcaagtaatt tcaagttaga aaagactaca tttgacccta atcaaagtgg taacacattt 720
atggcggcaa attttacagt gacagataaa gtgaaatcag gggattattt tacagcgaag 780
ttaccagata gtttaactgg taatggagac gtggattatt ctaattcaaa taatacgatg 840
ccaattgcag acattaaaag tacgaatggc gatgttgtag ctaaagcaac atatgatatc 900
ttgactaaga cgtatacatt tgtctttaca gattatgtaa ataataaaga aaatattaac 960
ggacaatttt cattaccttt atttacagac cgagcaaagg cacctaaatc aggaacatat 1020
gatgcgaata ttaatattgc ggatgaaatg tttaataata aaattactta taactatagt 1080
tcgccaattg caggaattga taaaccaaat ggcgcgaaca tttcttctca aattattggt 1140
gtagatacag cttcaggtca aaacacatac aagcaaacag tatttgttaa ccctaagcaa 1200
cgagttttag gtaatacgtg ggtgtatatt aaaggctacc aagataaaat cgaagaaagt 1260
agcggtaaag taagtgctac agatacaaaa ctgagaattt ttgaagtgaa tgatacatct 1320
aaattatcag atagctacta tgcagatcca aatgactcta accttaaaga agtaacagac 1380
caatttaaaa atagaatcta ttatgagcat ccaaatgtag ctagtattaa atttggtgat 1440
attactaaaa catatgtagt attagtagaa gggcattacg acaatacagg taagaactta 1500
aaaactcagg ttattcaaga aaatgttgat cctgtaacaa atagagacta cagtattttc 1560
ggttggaata atgagaatgt tgtacgttat ggtggtggaa gtgctgatgg tgattcagca 1620
gtaaatccga aagacccaac tccagggccg ccggttgacc cagaaccaag tccagaccca 1680
gaaccagaac caacgccaga tccagaacca agtccagacc cagaaccgga accaagccca 1740
gacccggatc cggattcgga ttcagacagt gactcaggct cagacagcga ctcaggttca 1800
gatagcgact cagaatcaga tagcgattcg gattcagaca gtgattcaga ttcagacagc 1860
gactcagaat cagatagcga ttcagaatca gatagcgact cagattcaga tagcgattca 1920
gattcagata gcgattcaga atcagatagc gattcggatt cagacagtga ttcagattca 1980
gacagcgact cagaatcaga tagcgactca gaatcagata gtgagtcaga ttcagacagt 2040
gactcggact cagacagtga ttcagactca gatagcgatt cagactcaga tagcgattca 2100
gactcagaca gcgattcaga ttcagacagc gactcagaat cagacagcga ctcagactca 2160
gatagcgact cagactcaga cagcgactca gattcagata gcgattcaga ctcagacagc 2220
gactcagact cagacagcga ctcagactca gatagcgatt cagactcaga cagcgactca 2280
gattcagata gcgattcgga ctcagacagc gattcagatt cagacagcga ctcagactcg 2340
gatagcgatt cagattcaga cagcgactca gactcggata gcgactcgga ttcagatagt 2400
gactccgatt caagagttac accaccaaat aatgaacaga aagcaccatc aaatcctaaa 2460
ggtgaagtaa accattctaa taaggtatca aaacaacaca aaactgatgc tttaccagaa 2520
acaggagata agagcgaaaa cacaaatgca actttatttg gtgcaatgat ggcattatta 2580
ggatcattac tattgtttag aaaacgcaag caagatcata aagaaaaagc gtaa       2634
```

<210> 66
<211> 1977
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 66

```
atgaaaaagc aaataatttc gctaggcgca ttagcagttg catctagctt atttacatgg 60
gataacaaag cagatgcgat agtaacaaag gattatagta aagaatcaag agtgaatgag 120
aaaagtaaaa agggagctac tgtttcagat tattactatt ggaaaataat tgatagttta 180
gaggcacaat ttactggagc aatagactta ttggaagatt ataaatatgg agatcctatc 240
tataaagaag cgaaagatag attgatgaca agagtattag gagaagacca gtatttatta 300
aagaaaaaga ttgatgaata tgagctttat aaaaagtggt ataaaagttc aaataagaac 360
actaatatgc ttactttcca taaatataat ctttacaatt taacaatgaa tgaatataac 420
gatattttta actctttgaa agatgcagtt tatcaattta ataaagaagt taaagaaata 480
gagcataaaa atgttgactt gaagcagttt gataaagatg gagaagacaa ggcaactaaa 540
gaagtttatg accttgtttc tgaaattgat acattagttg taacttatta tgctgataag 600
gattatgggg agcatgcgaa agagttacga gcaaaactgg acttaatcct tggagataca 660
gacaatccac ataaaattac aaatgagcgt ataaaaaaag aaatgatcga tgacttaaat 720
tcaattatag atgatttctt tatggagact aaacaaaata gaccgaattc tataacaaaa 780
tatgatccaa caaaacacaa ttttaaagag aagagtgaaa ataaacctaa ttttgataaa 840
ttagttgaag aaacaaaaaa agcagttaaa gaagcagacg aatcttggaa aaataaaact 900
gtcaaaaaat acgaggaaac tgtaacaaaa tctcctgttg taaaagaaga gaagaaagtt 960
gaagaacctc aattacctaa agttggaaac cagcaagagg ttaaaactac ggctggtaaa 1020
gctgaagaaa caacacaacc agtggcacag ccattagtaa aaattccaca agaaacaatc 1080
tatggtgaaa ctgtaaaagg tccagaatat ccaacgatgg aaaataaaac gttacaaggt 1140
gaaatcgttc aaggtcccga ttttctaaca atggaacaaa acagaccatc tttaagcgat 1200
aattatactc aaccgacgac accgaaccct attttagaag gtcttgaagg tagctcatct 1260
aaacttgaaa taaaaccaca aggtactgaa tcaacgttga aaggtattca aggagaatca 1320
agtgatattg aagttaaacc tcaagcaact gaaacaacag aagcttctca atatggtccg 1380
agaccgcaat ttaacaaaac acctaagtat gtgaaatata gagatgctgg tacaggtatc 1440
cgtgaataca acgatggaac atttggatat gaagcgagac caagattcaa caagccaagt 1500
gaaacaaatg catacaacgt aacgacaaat caagatggca cagtatcata cggagctcgc 1560
ccaacacaaa acaagccaag tgaaacaaac gcatataacg taacaacaca tgcaaatggt 1620
caagtatcat acggtgctcg cccaacacaa aaaaagccaa gcaaaacaaa tgcatacaac 1680
gtaacaacac atgcaaatgg tcaagtatca tatggcgctc gcccgacaca aaaaaagcca 1740
agcaaaacaa atgcatataa cgtaacaaca catgcaaatg gtcaagtatc atacggagct 1800
cgcccgacat acaagaagcc aagcgaaaca aatgcataca acgtaacaac acatgcaaat 1860
ggtcaagtat catatggcgc tcgcccgaca caaaaaaagc caagcgaaac aaacgcatat 1920
aacgtaacaa cacatgcaga tggtactgcg acatatgggc ctagagtaac aaaataa    1977
```

<210> 67
<211> 961
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 67

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

```
        115                 120                 125
Val Asp Ile Ala Gln Pro Ser Asn Val Ser Glu Ile Lys Pro Arg Met
    130                 135                 140
Lys Arg Ser Ala Asp Val Thr Ala Val Ser Glu Lys Glu Val Ala Glu
145                 150                 155                 160
Glu Ala Lys Ala Thr Gly Thr Asp Val Thr Asn Lys Val Glu Val Thr
                165                 170                 175
Glu Ser Ser Leu Glu Gly His Asn Lys Asp Ser Asn Ile Val Asn Pro
            180                 185                 190
His Asn Ala Gln Arg Val Thr Leu Lys Tyr Lys Trp Lys Phe Gly Glu
        195                 200                 205
Gly Ile Lys Ala Gly Asp Tyr Phe Asp Phe Thr Leu Ser Asp Asn Val
    210                 215                 220
Glu Thr His Gly Ile Ser Thr Leu Arg Lys Val Pro Glu Ile Lys Ser
225                 230                 235                 240
Ser Thr Glu Asp Lys Val Met Ala Asn Gly Gln Val Ile Asn Glu Arg
                245                 250                 255
Thr Ile Arg Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Ile Asn Asn Lys Lys Asp Leu
            260                 265                 270
Thr Ala Glu Leu Asn Leu Asn Leu Phe Ile Asp Pro Thr Thr Val Thr
        275                 280                 285
Lys Gln Gly Ser Gln Lys Val Glu Val Thr Leu Gly Gln Asn Lys Val
    290                 295                 300
Ser Lys Glu Phe Asp Ile Lys Tyr Leu Asp Gly Val Lys Asp Arg Met
305                 310                 315                 320
Gly Val Thr Val Asn Gly Arg Ile Asp Thr Leu Asn Lys Glu Glu Gly
                325                 330                 335
Lys Phe Ser His Phe Ala Tyr Val Lys Pro Asn Asn Gln Ser Leu Thr
            340                 345                 350
Ser Val Thr Val Thr Gly Gln Val Thr Ser Gly Tyr Lys Gln Ser Ala
        355                 360                 365
Asn Asn Pro Thr Val Lys Val Tyr Lys His Ile Gly Ser Asp Glu Leu
    370                 375                 380
Ala Glu Ser Val Tyr Ala Lys Leu Asp Asp Thr Ser Lys Phe Glu Asp
385                 390                 395                 400
Val Thr Glu Lys Val Asn Leu Ser Tyr Thr Ser Asn Gly Gly Tyr Thr
                405                 410                 415
Leu Asn Leu Gly Asp Leu Asp Asn Ser Lys Asp Tyr Val Ile Lys Tyr
            420                 425                 430
Glu Gly Glu Tyr Asp Gln Asn Ala Lys Asp Leu Asn Phe Arg Thr His
        435                 440                 445
Leu Ser Gly Tyr His Lys Tyr Tyr Pro Tyr Tyr Pro Tyr Tyr Pro Tyr
    450                 455                 460
Tyr Pro Val Gln Leu Thr Trp Asn Asn Gly Val Ala Phe Tyr Ser Asn
465                 470                 475                 480
Asn Ala Lys Gly Asp Gly Lys Asp Lys Pro Asn Asp Pro Ile Ile Glu
                485                 490                 495
Lys Ser Glu Pro Ile Asp Leu Asp Ile Lys Ser Glu Pro Pro Val Glu
            500                 505                 510
Lys His Glu Leu Thr Gly Thr Ile Glu Glu Ser Asn Asp Ser Lys Pro
        515                 520                 525
Ile Asp Phe Glu Tyr His Thr Ala Val Glu Gly Ala Glu Gly His Ala
    530                 535                 540
Glu Gly Ile Ile Glu Thr Glu Glu Asp Ser Ile His Val Asp Phe Glu
545                 550                 555                 560
Glu Ser Thr His Glu Asn Ser Lys His His Ala Asp Val Val Glu Tyr
                565                 570                 575
Glu Glu Asp Thr Asn Pro Gly Gly Gly Gln Val Thr Thr Glu Ser Asn
            580                 585                 590
Leu Val Glu Phe Asp Glu Glu Ser Thr Lys Gly Ile Val Thr Gly Ala
        595                 600                 605
Val Ser Asp His Thr Thr Val Glu Asp Thr Lys Glu Tyr Thr Thr Glu
    610                 615                 620
Ser Asn Leu Ile Glu Leu Val Asp Glu Leu Pro Glu Glu His Gly Gln
625                 630                 635                 640
Ala Gln Gly Pro Ile Glu Glu Ile Thr Glu Asn Asn His His Ile Ser
                645                 650                 655
His Ser Gly Leu Gly Thr Glu Asn Gly His Gly Asn Tyr Gly Val Ile
```

```
            660                 665                 670
Asp Glu Ile Glu Glu Asn Ser His Val Asp Ile Lys Ser Glu Leu Gly
        675                 680                 685
Tyr Glu Gly Gly Gln Asn Ser Gly Asn Gln Ser Phe Glu Glu Asp Thr
    690                 695                 700
Glu Glu Asp Lys Pro Lys Tyr Glu Gln Gly Gly Asn Ile Val Asp Ile
705                 710                 715                 720
Asp Phe Asp Ser Val Pro Gln Ile His Gly Gln Asn Asn Gly Asn Gln
                725                 730                 735
Ser Phe Glu Glu Asp Thr Glu Glu Asp Lys Pro Lys Tyr Glu Gln Gly
            740                 745                 750
Gly Asn Ile Ile Asp Ile Asp Phe Asp Ser Val Pro Gln Ile His Gly
        755                 760                 765
Phe Asn Lys His Asn Glu Ile Ile Glu Glu Asp Thr Asn Lys Asp Lys
    770                 775                 780
Pro Asn Tyr Gln Phe Gly Gly His Asn Ser Val Asp Phe Glu Glu Asp
785                 790                 795                 800
Thr Leu Pro Lys Val Ser Gly Gln Asn Glu Gly Gln Gln Thr Ile Glu
                805                 810                 815
Glu Asp Thr Thr Pro Pro Thr Pro Pro Thr Pro Glu Val Pro Ser Glu
            820                 825                 830
Pro Glu Thr Pro Thr Pro Pro Thr Pro Glu Val Pro Ser Glu Pro Gly
        835                 840                 845
Glu Pro Thr Pro Pro Lys Pro Glu Val Pro Ser Glu Pro Glu Thr Pro
    850                 855                 860
Val Pro Pro Thr Pro Glu Val Pro Ser Glu Pro Gly Lys Pro Val Pro
865                 870                 875                 880
Pro Ala Lys Glu Glu Pro Lys Lys Pro Ser Lys Pro Val Glu Gln Gly
                885                 890                 895
Lys Val Val Thr Pro Val Ile Glu Ile Asn Glu Lys Val Lys Ala Val
            900                 905                 910
Ala Pro Thr Lys Gln Lys Gln Ser Lys Lys Ser Glu Leu Pro Glu Thr
        915                 920                 925
Gly Gly Glu Glu Ser Thr Asn Lys Gly Met Leu Phe Gly Gly Leu Phe
    930                 935                 940
Ser Ile Leu Gly Leu Val Leu Leu Arg Arg Asn Lys Lys Asn Asn Lys
945                 950                 955                 960
Ala
```

<210> 68
<211> 578
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 68

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

```
                165                 170                 175
Leu Thr Phe Asn Lys Asn Gln Asn Ile Ser Tyr Lys Asp Leu Glu Gly
            180                 185                 190
Lys Val Lys Ser Val Leu Glu Ser Asn Arg Gly Ile Thr Asp Val Asp
        195                 200                 205
Leu Arg Leu Ser Lys Gln Ala Lys Tyr Thr Val Asn Phe Lys Asn Gly
    210                 215                 220
Thr Lys Lys Val Ile Asp Leu Lys Ser Gly Ile Tyr Thr Ala Asn Leu
225                 230                 235                 240
Ile Asn Ser Ser Asp Ile Lys Ser Ile Asn Ile Asn Val Asp Thr Lys
                245                 250                 255
Lys His Ile Glu Asn Lys Ala Lys Arg Asn Tyr Gln Val Pro Tyr Ser
            260                 265                 270
Ile Asn Leu Asn Gly Thr Ser Thr Asn Ile Leu Ser Asn Leu Ser Phe
        275                 280                 285
Ser Asn Lys Pro Trp Thr Asn Tyr Lys Asn Leu Thr Ser Gln Ile Lys
    290                 295                 300
Ser Val Leu Lys His Asp Arg Gly Ile Ser Glu Gln Asp Leu Lys Tyr
305                 310                 315                 320
Ala Lys Lys Ala Tyr Tyr Thr Val Tyr Phe Lys Asn Gly Gly Lys Arg
                325                 330                 335
Ile Leu Gln Leu Asn Ser Lys Asn Tyr Thr Ala Asn Leu Val His Ala
            340                 345                 350
Lys Asp Val Lys Arg Ile Glu Ile Thr Val Lys Thr Gly Thr Lys Ala
        355                 360                 365
Lys Ala Asp Arg Tyr Val Pro Tyr Thr Ile Ala Val Asn Gly Thr Ser
    370                 375                 380
Thr Pro Ile Leu Ser Lys Leu Lys Ile Ser Asn Lys Gln Leu Ile Ser
385                 390                 395                 400
Tyr Lys Tyr Leu Asn Asp Lys Val Lys Ser Val Leu Lys Ser Glu Arg
                405                 410                 415
Gly Ile Ser Asp Leu Asp Leu Lys Phe Ala Lys Gln Ala Lys Tyr Thr
            420                 425                 430
Val Tyr Phe Lys Asn Gly Lys Lys Gln Val Val Asn Leu Lys Ser Asp
        435                 440                 445
Ile Phe Thr Pro Asn Leu Phe Ser Ala Lys Asp Ile Lys Lys Ile Asp
    450                 455                 460
Ile Asp Val Lys Gln Tyr Thr Lys Ser Lys Lys Lys Ile Asn Lys Ser
465                 470                 475                 480
Asn Asn Val Lys Phe Pro Val Thr Ile Asn Lys Phe Glu Asn Ile Val
                485                 490                 495
Ser Asn Glu Phe Val Phe Tyr Asn Ala Ser Lys Ile Thr Ile Asn Asp
            500                 505                 510
Leu Ser Ile Lys Leu Lys Ser Ala Met Ala Asn Asp Gln Gly Ile Thr
        515                 520                 525
Lys His Asp Ile Gly Leu Ala Glu Arg Ala Val Tyr Lys Val Tyr Phe
    530                 535                 540
Lys Asn Gly Ser Ser Lys Tyr Val Asp Leu Lys Thr Glu Tyr Lys Asp
545                 550                 555                 560
Glu Arg Val Phe Lys Ala Thr Asp Ile Lys Lys Val Asp Ile Glu Leu
                565                 570                 575
Lys Phe
```

<210> 69
<211> 995
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 69

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

```
    50                  55                  60
Thr Thr Ala Pro Ser Glu Asn Lys Thr Thr Lys Lys Val Asp Ser Arg
65                  70                  75                  80
Gln Leu Lys Asp Asn Thr Gln Thr Ala Thr Ala Asp Gln Pro Lys Val
                85                  90                  95
Thr Met Ser Asp Ser Ala Thr Val Lys Glu Thr Ser Ser Asn Met Gln
            100                 105                 110
Ser Pro Gln Asn Ala Thr Ala Asn Gln Ser Thr Thr Lys Thr Ser Asn
        115                 120                 125
Val Thr Thr Asn Asp Lys Ser Ser Thr Thr Tyr Ser Asn Glu Thr Asp
    130                 135                 140
Lys Ser Asn Leu Thr Gln Ala Lys Asp Val Ser Thr Thr Pro Lys Thr
145                 150                 155                 160
Thr Thr Ile Lys Pro Arg Thr Leu Asn Arg Met Ala Val Asn Thr Val
                165                 170                 175
Ala Ala Pro Gln Gln Gly Thr Asn Val Asn Asp Lys Val His Phe Ser
            180                 185                 190
Asn Ile Asp Ile Ala Ile Asp Lys Gly His Val Asn Gln Thr Thr Gly
        195                 200                 205
Lys Thr Glu Phe Trp Ala Thr Ser Ser Asp Val Leu Lys Leu Lys Ala
    210                 215                 220
Asn Tyr Thr Ile Asp Asp Ser Val Lys Glu Gly Asp Thr Phe Thr Phe
225                 230                 235                 240
Lys Tyr Gly Gln Tyr Phe Arg Pro Gly Ser Val Arg Leu Pro Ser Gln
                245                 250                 255
Thr Gln Asn Leu Tyr Asn Ala Gln Gly Asn Ile Ile Ala Lys Gly Ile
            260                 265                 270
Tyr Asp Ser Thr Thr Asn Thr Thr Thr Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Val
        275                 280                 285
Asp Gln Tyr Thr Asn Val Arg Gly Ser Phe Glu Gln Val Ala Phe Ala
    290                 295                 300
Lys Arg Lys Asn Ala Thr Thr Asp Lys Thr Ala Tyr Lys Met Glu Val
305                 310                 315                 320
Thr Leu Gly Asn Asp Thr Tyr Ser Glu Glu Ile Ile Val Asp Tyr Gly
                325                 330                 335
Asn Lys Lys Ala Gln Pro Leu Ile Ser Ser Thr Asn Tyr Ile Asn Asn
            340                 345                 350
Glu Asp Leu Ser Arg Asn Met Thr Ala Tyr Val Asn Gln Pro Lys Asn
        355                 360                 365
Thr Tyr Thr Lys Gln Thr Phe Val Thr Asn Leu Thr Gly Tyr Lys Phe
    370                 375                 380
Asn Pro Asn Ala Lys Asn Phe Lys Ile Tyr Glu Val Thr Asp Gln Asn
385                 390                 395                 400
Gln Phe Val Asp Ser Phe Thr Pro Asp Thr Ser Lys Leu Lys Asp Val
                405                 410                 415
Thr Asp Gln Phe Asp Val Ile Tyr Ser Asn Asp Asn Lys Thr Ala Thr
            420                 425                 430
Val Asp Leu Met Lys Gly Gln Thr Ser Ser Asn Lys Gln Tyr Ile Ile
        435                 440                 445
Gln Gln Val Ala Tyr Pro Asp Asn Ser Ser Thr Asp Asn Gly Lys Ile
    450                 455                 460
Asp Tyr Thr Leu Asp Thr Asp Lys Thr Lys Tyr Ser Trp Ser Asn Ser
465                 470                 475                 480
Tyr Ser Asn Val Asn Gly Ser Ser Thr Ala Asn Gly Asp Gln Lys Lys
                485                 490                 495
Tyr Asn Leu Gly Asp Tyr Val Trp Glu Asp Thr Asn Lys Asp Gly Lys
            500                 505                 510
Gln Asp Ala Asn Glu Lys Gly Ile Lys Gly Val Tyr Val Ile Leu Lys
        515                 520                 525
Asp Ser Asn Gly Lys Glu Leu Asp Arg Thr Thr Thr Asp Glu Asn Gly
    530                 535                 540
Lys Tyr Gln Phe Thr Gly Leu Ser Asn Gly Thr Tyr Ser Val Glu Phe
545                 550                 555                 560
Ser Thr Pro Ala Gly Tyr Thr Pro Thr Thr Ala Asn Val Gly Thr Asp
                565                 570                 575
Asp Ala Val Asp Ser Asp Gly Leu Thr Thr Thr Gly Val Ile Lys Asp
            580                 585                 590
Ala Asp Asn Met Thr Leu Asp Ser Gly Phe Tyr Lys Thr Pro Lys Tyr
```

595 600 605
Ser Leu Gly Asp Tyr Val Trp Tyr Asp Ser Asn Lys Asp Gly Lys Gln
610 615 620
Asp Ser Thr Glu Lys Gly Ile Lys Gly Val Lys Val Thr Leu Gln Asn
625 630 635 640
Glu Lys Gly Glu Val Ile Gly Thr Thr Glu Thr Asp Glu Asn Gly Lys
645 650 655
Tyr Arg Phe Asp Asn Leu Asp Ser Gly Lys Tyr Lys Val Ile Phe Glu
660 665 670
Lys Pro Ala Gly Leu Thr Gln Thr Gly Thr Asn Thr Thr Glu Asp Asp
675 680 685
Lys Asp Ala Asp Gly Gly Glu Val Asp Val Thr Ile Thr Asp His Asp
690 695 700
Asp Phe Thr Leu Asp Asn Gly Tyr Tyr Glu Glu Glu Thr Ser Asp Ser
705 710 715 720
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
725 730 735
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
740 745 750
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
755 760 765
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
770 775 780
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
785 790 795 800
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
805 810 815
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
820 825 830
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
835 840 845
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Asn Asp Ser Asp Ser Asp Ser
850 855 860
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
865 870 875 880
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
885 890 895
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
900 905 910
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Asn Asp Ser Asp Ser
915 920 925
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Gly Lys His Thr Pro Ala Lys Pro
930 935 940
Met Ser Thr Val Lys Asp Gln His Lys Thr Ala Lys Ala Leu Pro Glu
945 950 955 960
Thr Gly Ser Glu Asn Asn Asn Ser Asn Asn Gly Thr Leu Phe Gly Gly
965 970 975
Leu Phe Ala Ala Leu Gly Ser Leu Leu Leu Phe Gly Arg Arg Lys Lys
980 985 990
Gln Asn Lys
995

<210> 70
<211> 773
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 70

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

```
65                  70                  75                  80
Leu Gln Lys Thr Pro Gln Asp Asn Thr His Leu Thr Glu Glu Glu Val
                85                  90                  95
Lys Glu Ser Ser Ser Val Glu Ser Ser Asn Ser Ser Ile Asp Thr Ala
            100                 105                 110
Gln Gln Pro Ser His Thr Thr Ile Asn Arg Glu Glu Ser Val Gln Thr
        115                 120                 125
Ser Asp Asn Val Glu Asp Ser His Val Ser Asp Phe Ala Asn Ser Lys
    130                 135                 140
Ile Lys Glu Ser Asn Thr Glu Ser Gly Lys Glu Glu Asn Thr Ile Glu
145                 150                 155                 160
Gln Pro Asn Lys Val Lys Glu Asp Ser Thr Thr Ser Gln Pro Ser Gly
                165                 170                 175
Tyr Thr Asn Ile Asp Glu Lys Ile Ser Asn Gln Asp Glu Leu Leu Asn
            180                 185                 190
Leu Pro Ile Asn Glu Tyr Glu Asn Lys Ala Arg Pro Leu Ser Thr Thr
        195                 200                 205
Ser Ala Gln Pro Ser Ile Lys Arg Val Thr Val Asn Gln Leu Ala Ala
    210                 215                 220
Glu Gln Gly Ser Asn Val Asn His Leu Ile Lys Val Thr Asp Gln Ser
225                 230                 235                 240
Ile Thr Glu Gly Tyr Asp Asp Ser Glu Gly Val Ile Lys Ala His Asp
                245                 250                 255
Ala Glu Asn Leu Ile Tyr Asp Val Thr Phe Glu Val Asp Asp Lys Val
            260                 265                 270
Lys Ser Gly Asp Thr Met Thr Val Asp Ile Asp Lys Asn Thr Val Pro
        275                 280                 285
Ser Asp Leu Thr Asp Ser Phe Thr Ile Pro Lys Ile Lys Asp Asn Ser
    290                 295                 300
Gly Glu Ile Ile Ala Thr Gly Thr Tyr Asp Asn Lys Asn Lys Gln Ile
305                 310                 315                 320
Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asp Lys Tyr Glu Asn Ile Lys Ala
                325                 330                 335
His Leu Lys Leu Thr Ser Tyr Ile Asp Lys Ser Lys Val Pro Asn Asn
            340                 345                 350
Asn Thr Lys Leu Asp Val Glu Tyr Lys Thr Ala Leu Ser Ser Val Asn
        355                 360                 365
Lys Thr Ile Thr Val Glu Tyr Gln Arg Pro Asn Glu Asn Arg Thr Ala
    370                 375                 380
Asn Leu Gln Ser Met Phe Thr Asn Ile Asp Thr Lys Asn His Thr Val
385                 390                 395                 400
Glu Gln Thr Ile Tyr Ile Asn Pro Leu Arg Tyr Ser Ala Lys Glu Thr
                405                 410                 415
Asn Val Asn Ile Ser Gly Asn Gly Asp Glu Gly Ser Thr Ile Ile Asp
            420                 425                 430
Asp Ser Thr Ile Ile Lys Val Tyr Lys Val Gly Asp Asn Gln Asn Leu
        435                 440                 445
Pro Asp Ser Asn Arg Ile Tyr Asp Tyr Ser Glu Tyr Glu Asp Val Thr
    450                 455                 460
Asn Asp Asp Tyr Ala Gln Leu Gly Asn Asn Asn Asp Val Asn Ile Asn
465                 470                 475                 480
Phe Gly Asn Ile Asp Ser Pro Tyr Ile Ile Lys Val Ile Ser Lys Tyr
                485                 490                 495
Asp Pro Asn Lys Asp Asp Tyr Thr Thr Ile Gln Gln Thr Val Thr Met
            500                 505                 510
Gln Thr Thr Ile Asn Glu Tyr Thr Gly Glu Phe Arg Thr Ala Ser Tyr
        515                 520                 525
Asp Asn Thr Ile Ala Phe Ser Thr Ser Ser Gly Gln Gly Gln Gly Asp
    530                 535                 540
Leu Pro Pro Glu Lys Thr Tyr Lys Ile Gly Asp Tyr Val Trp Glu Asp
545                 550                 555                 560
Val Asp Lys Asp Gly Ile Gln Asn Thr Asn Asp Asn Glu Lys Pro Leu
                565                 570                 575
Ser Asn Val Leu Val Thr Leu Thr Tyr Pro Asp Gly Thr Ser Lys Ser
            580                 585                 590
Val Arg Thr Asp Glu Asp Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Gly Leu Lys Asn
        595                 600                 605
Gly Leu Thr Tyr Lys Ile Thr Phe Glu Thr Pro Glu Gly Tyr Thr Pro
```

```
    610                 615                 620
Thr Leu Lys His Ser Gly Thr Asn Pro Ala Leu Asp Ser Glu Gly Asn
625                 630                 635                 640
Ser Val Trp Val Thr Ile Asn Gly Gln Asp Asp Met Thr Ile Asp Ser
                645                 650                 655
Gly Phe Tyr Gln Thr Pro Lys Tyr Ser Leu Gly Asn Tyr Val Trp Tyr
            660                 665                 670
Asp Thr Asn Lys Asp Gly Ile Gln Gly Asp Asp Glu Lys Gly Ile Ser
        675                 680                 685
Gly Val Lys Val Thr Leu Lys Asp Glu Asn Gly Asn Ile Ile Ser Thr
    690                 695                 700
Thr Thr Thr Asp Glu Asn Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Asn Leu Asn Ser
705                 710                 715                 720
Gly Asn Tyr Ile Val His Phe Asp Lys Pro Ser Gly Met Thr Gln Thr
                725                 730                 735
Thr Thr Asp Ser Gly Asp Asp Asp Glu Gln Asp Ala Asp Gly Glu Glu
            740                 745                 750
Val His Val Thr Ile Thr Asp His Asp Asp Phe Ser Ile Asp Asn Gly
        755                 760                 765
Tyr Tyr Asp Asp Glu
    770
```

<210> 71
<211> 2886
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 71

```
gtgaaaagca atcttagata cggcataaga aaacacaaat tgggagcggc ctcagtattc 60
ttaggaacaa tgatcgttgt tggaatggga caagaaaaag aagctgcagc atcggaacaa 120
aacaatacta cagtagagga aagtgggagt tcagctactg aaagtaaagc aagcgaaaca 180
caaacaacta caaataacgt taatacaata gatgaaacac aatcatacag cgcgacatca 240
actgagcaac catcaaaatc aactcaagta acaacagaag aagcaccaac aactgtgcaa 300
gcaccaaaag tagaaaccga aatgaaatca caagaagatt taccatcaga aaaagttgct 360
gataaggaaa ctacaggaac tcaagttgac atagctcaac caagtaacgt ctcagaaatt 420
aaaccaagaa tgaaaagatc agctgacgtt acagcagttt cagagaaaga agtagcggaa 480
gaagctaaag cgacaggtac agatgtaaca aataaagtgg aagttactga aagctcttta 540
gaaggacata ataaagattc gaatattgtt aatccgcata atgctcaaag agtaacttta 600
aaatacaaat ggaaatttgg agaaggaatt aaggcaggag attattttga tttcacatta 660
agtgataatg ttgaaacaca tggtatatca acactgcgta aagttccgga gataaaaagt 720
tcaacagaag ataaagttat ggcaaatggt caagttataa atgaacgtac aattcgctat 780
acatttactg attatataaa taacaaaaaa gatttaactg ctgaattaaa cttaaaccta 840
ttcattgacc caacaacagt gacaaagcaa gggagtcaaa aagttgaagt aacactaggt 900
caaaataaag tctcaaaaga atttgatatc aaatatttag acggcgttaa agatagaatg 960
ggtgttactg ttaatggtcg tattgatact ttgaataaag aagagggtaa atttagccat 1020
tttgcatatg tgaagcctaa caaccagtcg ttaacttctg tcacagtaac tggtcaagta 1080
acatctggat ataaacaaag tgctaataat ccaacagtca aagtatataa acacattggt 1140
tcagatgaat tagctgaaag tgtttatgca aagcttgatg ataccagtaa atttgaagat 1200
gtgactgaaa aagtaaatct atcttacaca agtaatggtg ggtacacatt gaaccttggc 1260
gatttagata attcgaaaga ctatgtaatt aaatatgaag gtgaatatga tcaaaatgct 1320
aaggatctaa atttccgaac acatctttca ggatatcata aatactaccc atactatcct 1380
tattacccgt attatccagt tcaattaact tggaacaacg gtgttgcatt ttactctaat 1440
aatgctaaag gcgatggtaa agataaacca aatgatccta tcattgagaa gagtgaacca 1500
attgatttag acattaaatc agagccacca gtggagaagc atgaattgac tggtacaatc 1560
gaagaaagta acgattctaa gccaattgat tttgaatatc atacagctgt tgaaggtgca 1620
gaaggtcatg cagaaggtat tattgaaact gaagaagatt ctattcatgt ggattttgaa 1680
gaatctacac atgaaaattc aaaacatcac gctgatgttg ttgaatatga agaggataca 1740
aacccaggtg gtggccaagt aacaactgag tctaacttag ttgaatttga cgaagagtct 1800
acaaaaggta ttgtaactgg cgcagtgagc gaccatacaa cagttgaaga tacgaaagaa 1860
tatacaactg aaagtaatct gattgaatta gtggatgaat tacctgaaga acatggtcaa 1920
gcacaagggc caatcgagga aattactgaa aacaatcatc atatttctca ttctggttta 1980
ggaactgaaa atggtcacgg taattatggc gtgattgatg aaatcgaaga aaatagccac 2040
gttgatatta agagtgaatt aggttatgaa ggtggccaaa atagcggtaa tcagtcattc 2100
gaggaagaca cagaagaaga taaacctaaa tatgaacaag gtggtaatat cgtagatatc 2160
gatttcgaca gtgtacctca aattcatggt caaaataatg gtaaccagtc attcgaggaa 2220
gacacagaag aagacaagcc taagtatgaa caaggtggta acatcattga tatcgacttc 2280
gacagtgtgc cacaaattca tggattcaat aagcataatg aaattattga agaagataca 2340
```

```
aacaaagata aacctaatta tcaatttggt ggacacaaca gtgttgattt tgaagaagat 2400
acacttccaa aagtaagtgg tcaaaatgaa ggtcaacaaa cgattgaaga agatacaacg 2460
ccgccaacac cgccaacacc agaggtacca agtgagccgg aaacaccaac accaccaaca 2520
ccagaagtac cgagtgagcc aggcgaacca acgccaccaa aaccggaagt accaagtgag 2580
ccggaaacac cagtaccacc aacaccagag gtaccatctg aacctggtaa accagtacca 2640
cctgctaaag aagaacctaa aaaaccttct aaaccagtgg aacaaggtaa ggtagtaaca 2700
cctgttattg aaatcaatga aaaggttaaa gcagtggcac caactaaaca aaaacaatct 2760
aagaaatctg aactacctga aacaggtgga gaagaatcaa caaacaaagg tatgttgttc 2820
ggcggattat tcagcattct aggtttagta ttattacgca gaaataaaaa gaataacaaa 2880
gcataa                                                           2886
```

<210> 72
<211> 1737
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 72

```
atgaaattta agtcattgat tacaacaaca ttagcattag gcgttatagc atcaacagga 60
gcaaacttta atactaacga agcatctgcc gcagctaagc cattagataa atcatcaagt 120
acattacacc atggacattc taacatccag attccatata caattactgt gaacggtaca 180
agccaaaaca ttttatcaag cttaacattt aataagaatc aaaatattag ttataaagat 240
atagagaata aagttaaatc agttttatac tttaatagag gtattagtga tatcgattta 300
agactttcaa agcaagcgga atatacggtt cattttaaaa atggaacaaa aagagttatc 360
gatttgaaat caggtatcta cacagctgac ttaatcaata caagtgacat taaagctatc 420
agtgttaacg tagatactaa aaagcaacct aaagataaag ctaaagcaaa tgttcaagtg 480
ccatatacaa tcacagtgaa cggcacaagc caaaacattt tatcaaacct aacatttaat 540
aaaaatcaaa atattagtta caaagattta gagggtaaag ttaaatcagt tttagaatca 600
aatagaggta ttactgatgt tgatttaaga ctttcgaagc aagcgaaata tacagttaat 660
tttaaaaatg gaacgaagaa agttatcgat ttgaaatcag gtatttacac agcgaattta 720
atcaattcaa gtgatattaa aagtatcaat attaacgtag atacaaaaaa acatatcgaa 780
aataaagcta aaagaaacta tcaagttcca tattcaatta atctaaatgg tacatctaca 840
aacattttat cgaatctttc attttcaaat aaaccttgga caaattacaa aaatttaact 900
agtcaaataa aatcagtact gaagcatgat agaggtatta gtgaacaaga tttaaaatat 960
gctaagaaag cttattatac tgtttatttt aaaaatggtg gtaaaagaat cttacagtta 1020
aattcaaaaa attacacagc aaacttagtt catgcgaaag atgttaagag aattgaaatt 1080
actgttaaaa caggaactaa agcgaaagca gacagatatg taccatacac aattgcagta 1140
aatggcacat caacaccaat tttatcaaaa ctaaaaattt cgaataaaca attaattagt 1200
tacaaatatt taaacgacaa agtgaaatct gtattaaaaa gtgaaagagg tatcagtgat 1260
cttgacttaa aatttgcgaa acaagcaaaa tatacagtat atttcaaaaa tggaaagaaa 1320
caagtagtga atttaaaatc agacatcttt acacctaatt tatttagtgc caaagatatt 1380
aaaaagattg atattgatgt aaaacaatac actaaatcaa aaaaaaaaat aaataaatct 1440
aataatgtga aattcccagt aacaataaat aaatttgaaa acatagtttc aaatgaattt 1500
gtgttctata atgcaagcaa aattacaatt aatgatttaa gtataaaact taaatcagca 1560
atggcaaatg atcaagggat aactaaacat gacataggac ttgctgaacg cgcagtgtat 1620
aaagtgtatt ttaaaaatgg ttcgtcaaaa tatgtagact taaaaactga gtataaagat 1680
gaaagagtat ttaaagcaac tgacattaaa aaggtagata ttgaacttaa attctaa    1737
```

<210> 73
<211> 2988
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 73

```
atgaataata aaaagacagc aacaaataga aaaggcatga taccaaatcg attaaacaaa 60
ttttcgataa gaaagtattc tgtaggtact gcttcaattt tagtagggac aacattgatt 120
tttgggttaa gtggtcatga agctaaagcg gcagaacata cgaatggaga attaaatcaa 180
tcaaaaaatg aaacgacagc cccaagtgag aataaaacaa ctaaaaaagt tgatagtcgt 240
caactaaaag acaatacgca aactgcaact gcagatcagc ctaaagtgac aatgagtgat 300
agtgcaacag ttaaagaaac tagtagtaac atgcaatcac cacaaaacgc tacagctaat 360
caatctacta caaaaactag caatgtaaca acaaatgata aatcatcaac tacatatagt 420
aatgaaactg ataaaagtaa tttaacacaa gcaaaagatg tttcaactac acctaaaaca 480
acgactatta aaccaagaac tttaaatcgc atggcagtga atactgttgc agctccacaa 540
caaggaacaa atgttaatga taaagtacat ttttcaaata ttgacattgc gattgataaa 600
ggacatgtta atcagactac tggtaaaact gaattttggg caacttcaag tgatgtttta 660
aaattaaaag caaattacac aatcgatgat tctgttaaag agggcgatac atttactttt 720
aaatatggtc aatatttccg tccaggatca gtaagattac cttcacaaac tcaaaattta 780
tataatgccc aaggtaatat tattgcaaaa ggtatttatg atagtacaac aaacacaaca 840
acatatactt ttacgaacta tgtagatcaa tatacaaatg ttagaggtag ctttgaacaa 900
```

gttgcatttg cgaaacgtaa aaatgcaaca actgataaaa cagcttataa aatggaagta 960
actttaggta atgatacata tagcgaagaa atcattgtcg attatggtaa taaaaaagca 1020
caaccgctta tttcaagtac aaactatatt aacaatgaag atttatcgcg taatatgact 1080
gcatatgtaa atcaacctaa aaatacatat actaaacaaa cgtttgttac taatttaact 1140
ggatataaat ttaatccaaa tgcaaaaaac ttcaaaattt acgaagtgac agatcaaaat 1200
caatttgtgg atagtttcac ccctgatact tcaaaactta aagatgttac tgatcaattc 1260
gatgttattt atagtaatga taataaaaca gctacagtcg atttaatgaa aggccaaaca 1320
agcagcaata aacaatacat cattcaacaa gttgcttatc cagataatag ttcaacagat 1380
aatggaaaaa ttgattatac tttagacact gacaaaacta aatatagttg gtcaaatagt 1440
tattcaaatg tgaatggctc atcaactgct aatggcgacc aaaagaaata taatctaggt 1500
gactatgtat gggaagatac aaataaagat ggtaaacaag atgccaatga aaaagggatt 1560
aaaggtgttt atgtcattct taaagatagt aacggtaaag aattagatcg tacgacaaca 1620
gatgaaaatg gtaaatatca gttcactggt ttaagcaatg gaacttatag tgtagagttt 1680
tcaacaccag ccggttatac accgacaact gcaaatgtag gtacagatga tgctgtagat 1740
tctgatggac taactacaac aggtgtcatt aaagacgctg acaacatgac attagatagt 1800
ggattctaca aaacaccaaa atatagttta ggtgattatg tttggtacga cagtaataaa 1860
gatggtaaac aagattcgac tgaaaaagga attaaaggtg ttaaagttac tttgcaaaac 1920
gaaaaaggcg aagtaattgg tacaactgaa acagatgaaa atggtaaata ccgctttgat 1980
aatttagata gtggtaaata caaagttatc tttgaaaaac ctgctggctt aactcaaaca 2040
ggtacaaata caactgaaga tgataaagat gccgatggtg gcgaagttga tgtaacaatt 2100
acggatcatg atgatttcac acttgataat ggctactacg aagaagaaac atcagatagc 2160
gactcagatt ctgacagcga ttcagactca gatagcgact cagattcaga tagcgactca 2220
gattcagaca gcgattcaga cagcgactca gactcagata gcgattcaga ttcagacagc 2280
gactcagact cagacagcga ttcagactcg gatagcgact cagactcaga tagcgactca 2340
gattcggata gcgactcaga ctcagatagc gattcagatt cagatagcga ttcggactca 2400
gacagtgatt cagattcaga ctcagatagc gactcagatt ctgacagcga ttcagactca 2460
gacagcgact cagactcaga cagtgattca gattcagaca gcgactcaga ttcagatagc 2520
gactcagact cagatagcga ctcagattca gatagcgatt cggactcaga caacgactca 2580
gattcagata gcgattcaga ttcagatagc gactcagatt cggacagcga ttcagactca 2640
gatagcgatt cagactcaga cagcgattca gattcagata gcgactcaga ctcagatagc 2700
gactcagact cggatagcga ttcagattca gacagcgact cagattcaga tagcgattcg 2760
gactcagaca acgactcaga ttcagatagc gattcagatt cagatgcagg taaacatact 2820
ccggctaaac caatgagtac ggttaaagat cagcataaaa cagctaaagc attaccagaa 2880
acaggtagtg aaaataataa ttcaaataat ggcacattat tcggtggatt attcgcggca 2940
ttaggatcat tattgttatt cggtcgtcgt aaaaaacaaa ataaataa 2988

<210> 74
<211> 2319
<212> ADN
<213> Staphylococcus

<400> 74

gaggagaatt cagtacaaga cgttaaagat tcgaatacgg atgatgaatt atcagacagc 60
aatgatcagt ctagtgatga agaaaagaat gatgtgatca ataataatca gtcaataaac 120
accgacgata ataaccaaat aattaaaaaa gaagaaacga ataactacga tggcatagaa 180
aaacgctcag aagatagaac agagtcaaca acaaatgtag atgaaaacga agcaacattt 240
ttacaaaaga cccctcaaga taatactcat cttacagaag aagaggtaaa agaatcctca 300
tcagtcgaat cctcaaattc atcaattgat actgcccaac aaccatctca cacaacaata 360
aatagagaag aatctgttca aacaagtgat aatgtagaag attcacacgt atcagatttt 420
gctaactcta aaataaaaga gagtaacact gaatctggta aagaagagaa tactatagag 480
caacctaata aagtaaaaga agattcaaca acaagtcagc cgtctggcta tacaaatata 540
gatgaaaaaa tttcaaatca agatgagtta ttaaatttac caataaatga atatgaaaat 600
aaggctagac cattatctac aacatctgcc caaccatcga ttaaacgtgt aaccgtaaat 660
caattagcgg cggaacaagg ttcgaatgtt aatcatttaa ttaaagttac tgatcaaagt 720
attactgaag gatatgatga tagtgaaggt gttattaaag cacatgatgc tgaaaactta 780
atctatgatg taacttttga agtagatgat aaggtgaaat ctggtgatac gatgacagtg 840
gatatagata agaatacagt tccatcagat ttaaccgata gctttacaat accaaaaata 900
aaagataatt ctggagaaat catcgctaca ggtacttatg ataacaaaaa taaacaaatc 960
acctatactt ttacagatta tgtagataag tatgaaaata ttaaagcaca ccttaaatta 1020
acgtcataca ttgataaatc aaaggttcca aataataata ccaagttaga tgtagaatat 1080
aaaacggccc tttcatcagt aaataaaaca attacggttg aatatcaaag acctaacgaa 1140
aatcggactg ctaaccttca aagtatgttt acaaacatag atacgaaaaa tcatacagtt 1200
gagcaaacga tttatattaa ccctcttcgt tattcagcca aggaaacaaa tgtaaatatt 1260
tcagggaatg gtgatgaagg ttcaacaatt atagacgata gcacaataat taaagtttat 1320
aaggttggag ataatcaaaa tttaccagat agtaacagaa tttatgatta cagtgaatat 1380
gaagatgtca caaatgatga ttatgcccaa ttaggaaata ataatgatgt gaatattaat 1440
tttggtaata tagattcacc atatattatt aaagttatta gtaaatatga ccctaataag 1500
gatgattaca cgactataca gcaaactgtg acaatgcaga cgactataaa tgagtatact 1560

```
ggtgagttta gaacagcatc ctatgataat acaattgctt tctctacaag ttcaggtcaa 1620
ggacaaggtg acttgcctcc tgaaaaaact tataaaatcg gagattacgt atgggaagat 1680
gtagataaag atggtattca aaatacaaat gataatgaaa aaccgcttag taatgtattg 1740
gtaactttga cgtatcctga tggaacttca aaatcagtca gaacagatga agatgggaaa 1800
tatcaatttg atggattgaa aaacggattg acttataaaa ttacattcga aacacctgaa 1860
ggatatacgc cgacgcttaa acattcagga acaaatcctg cactagactc agaaggtaat 1920
tctgtatggg taactattaa tggacaagac gatatgacga ttgatagtgg attttatcaa 1980
acacctaaat acagcttagg gaactatgta tggtatgaca ctaataaaga tggtattcaa 2040
ggtgatgatg aaaaaggaat ctctggagtt aaagtgacgt taaaagatga aaacggaaat 2100
atcattagta caactacaac cgatgaaaat ggaaagtatc aatttgataa tttaaatagt 2160
ggtaattata ttgttcattt tgataaacct tcaggtatga ctcaaacaac aacagattct 2220
ggtgatgatg acgaacagga tgctgatggg gaagaagttc atgtaacaat tactgatcat 2280
gatgacttta gtatagataa cggatactat gatgacgaa                          2319
```

<210> 75
<211> 774
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 75

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

```
Ala Asn Leu Gln Ser Met Phe Thr Asn Ile Asp Thr Lys Asn His Thr
385                 390                 395                 400
Val Glu Gln Thr Ile Tyr Ile Asn Pro Leu Arg Tyr Ser Ala Lys Glu
                405                 410                 415
Thr Asn Val Asn Ile Ser Gly Asn Gly Asp Glu Gly Ser Thr Ile Ile
            420                 425                 430
Asp Asp Ser Thr Ile Ile Lys Val Tyr Lys Val Gly Asp Asn Gln Asn
        435                 440                 445
Leu Pro Asp Ser Asn Arg Ile Tyr Asp Tyr Ser Glu Tyr Glu Asp Val
    450                 455                 460
Thr Asn Asp Asp Tyr Ala Gln Leu Gly Asn Asn Asn Asp Val Asn Ile
465                 470                 475                 480
Asn Phe Gly Asn Ile Asp Ser Pro Tyr Ile Ile Lys Val Ile Ser Lys
                485                 490                 495
Tyr Asp Pro Asn Lys Asp Asp Tyr Thr Thr Ile Gln Gln Thr Val Thr
            500                 505                 510
Met Gln Thr Thr Ile Asn Glu Tyr Thr Gly Glu Phe Arg Thr Ala Ser
        515                 520                 525
Tyr Asp Asn Thr Ile Ala Phe Ser Thr Ser Ser Gly Gln Gly Gln Gly
    530                 535                 540
Asp Leu Pro Pro Glu Lys Thr Tyr Lys Ile Gly Asp Tyr Val Trp Glu
545                 550                 555                 560
Asp Val Asp Lys Asp Gly Ile Gln Asn Thr Asn Asp Asn Glu Lys Pro
                565                 570                 575
Leu Ser Asn Val Leu Val Thr Leu Thr Tyr Pro Asp Gly Thr Ser Lys
            580                 585                 590
Ser Val Arg Thr Asp Glu Asp Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Gly Leu Lys
        595                 600                 605
Asn Gly Leu Thr Tyr Lys Ile Thr Phe Glu Thr Pro Glu Gly Tyr Thr
    610                 615                 620
Pro Thr Leu Lys His Ser Gly Thr Asn Pro Ala Leu Asp Ser Glu Gly
625                 630                 635                 640
Asn Ser Val Trp Val Thr Ile Asn Gly Gln Asp Asp Met Thr Ile Asp
                645                 650                 655
Ser Gly Phe Tyr Gln Thr Pro Lys Tyr Ser Leu Gly Asn Tyr Val Trp
            660                 665                 670
Tyr Asp Thr Asn Lys Asp Gly Ile Gln Gly Asp Asp Glu Lys Gly Ile
        675                 680                 685
Ser Gly Val Lys Val Thr Leu Lys Asp Glu Asn Gly Asn Ile Ile Ser
    690                 695                 700
Thr Thr Thr Thr Asp Glu Asn Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Asn Leu Asn
705                 710                 715                 720
Ser Gly Asn Tyr Ile Val His Phe Asp Lys Pro Ser Gly Met Thr Gln
                725                 730                 735
Thr Thr Thr Asp Ser Gly Asp Asp Asp Glu Gln Asp Ala Asp Gly Glu
            740                 745                 750
Glu Val His Val Thr Ile Thr Asp His Asp Asp Phe Ser Ile Asp Asn
        755                 760                 765
Gly Tyr Tyr Asp Asp Glu
    770
```

<210> 76
<211> 128
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 76

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

<210> 77
<211> 6

<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 77

Thr Val Asn Gln Lys Ala
1 5

<210> 78
<211> 6
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 78

Lys Ser Thr Lys Asp Ala
1 5

<210> 79
<211> 13
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 79

Asp Gly Gln Gln Asn Leu Gln Arg Ala Lys Thr Glu Ala
1 5 10

<210> 80
<211> 10
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 80

Asp Leu Asn Gln Ala Gln Lys Asn Ala Leu
1 5 10

<210> 81
<211> 9
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 81

Asp Ile Lys Gln Thr Thr Gln Ser Leu
1 5

<210> 82
<211> 13
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 82

Ala Asp Thr Asn Lys Lys Asn Asp Tyr Asn Asn Ala Tyr
1 5 10

<210> 83
<211> 7
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 83

Asp Ile Ile Asn Gly Asn Ala
1 5

<210> 84
<211> 128
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 84

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

<210> 85
<211> 9
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 85

Met Asp Val Asn Thr Val Asn Gln Lys
1 5

<210> 86
<211> 9
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 86

Val Asn Thr Val Asn Gln Lys Ala Ala
1 5

<210> 87
<211> 9
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 87

Val Asn Gln Lys Ala Ala Ser Val Lys
1 5

<210> 88
<211> 9
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 88

Leu Gln Arg Ala Lys Thr Glu Ala Thr
1 5

<210> 89
<211> 9
<212> PRT

<213> Staphylococcus

<400> 89

Ile Thr His Ala Ser Asp Leu Asn Gln
1 5

<210> 90
<211> 9
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 90

Leu Asn Gln Ala Gln Lys Asn Ala Leu
1 5

<210> 91
<211> 9
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 91

Leu Thr Gln Gln Val Asn Ser Ala Gln
1 5

<210> 92
<211> 9
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 92

Val Asn Ser Ala Gln Asn Val His Ala
1 5

<210> 93
<211> 9
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 93

Val His Ala Val Asn Asp Ile Lys Gln
1 5

<210> 94
<211> 9
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 94

Val Asn Asp Ile Lys Gln Thr Thr Gln
1 5

<210> 95
<211> 9
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 95

Ile Lys Gln Thr Thr Gln Ser Leu Asn
1 5

<210> 96

<211> 9
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 96

Leu Asn Thr Ala Met Thr Gly Leu Lys
1 5

<210> 97
<211> 9
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 97

Met Thr Gly Leu Lys Arg Gly Val Ala
1 5

<210> 98
<211> 9
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 98

Leu Lys Arg Gly Val Ala Asn His Asn
1 5

<210> 99
<211> 9
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 99

Val Ala Asn His Asn Gln Val Val Gln
1 5

<210> 100
<211> 9
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 100

Val Val Gln Ser Asp Asn Tyr Val Asn
1 5

<210> 101
<211> 9
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 101

Val Gln Ser Asp Asn Tyr Val Asn Ala
1 5

<210> 102
<211> 9
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 102

Tyr Val Asn Ala Asp Thr Asn Lys Lys
1 5

<210> 103
<211> 9
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 103

Val Asn Ala Asp Thr Asn Lys Lys Asn
1 5

<210> 104
<211> 9
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 104

Tyr Asn Asn Ala Tyr Asn His Ala Asn
1 5

<210> 105
<211> 9
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 105

Tyr Asn His Ala Asn Asp Ile Ile Asn
1 5

<210> 106
<211> 9
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 106

Ile Ile Asn Gly Asn Ala Gln His Pro
1 5

<210> 107
<211> 9
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 107

Ile Asn Gly Asn Ala Gln His Pro Val
1 5

<210> 108
<211> 52
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 108

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

<210> 109
<211> 36
<212> PRT

<213> Staphylococcus

<400> 109

```
Val Lys Asn Asn Leu Arg Tyr Gly Ile Arg Lys His Lys Leu Gly Ala
 1               5                  10                  15
Ala Ser Val Phe Leu Gly Thr Met Ile Val Val Gly Met Gly Gln Asp
            20                  25                  30
Lys Glu Ala Ala
        35
```

<210> 110
<211> 6
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 110

```
Asp Arg His Phe Leu Asn
 1               5
```

<210> 111
<211> 4
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 111

```
Gly Asn Tyr Asp
 1
```

<210> 112
<211> 5
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 112

```
Arg Arg Tyr Pro Phe
 1               5
```

<210> 113
<211> 6
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 113

```
Lys Thr Thr Leu Leu Lys
 1               5
```

<210> 114
<211> 7
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 114

```
Gly Val Thr Thr Ser Leu Ser
 1               5
```

<210> 115
<211> 5
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 115

Val Asp Trp Leu Arg
1 5

<210> 116
<211> 4
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 116

Arg Gly Phe Leu
1

<210> 117
<211> 15
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 117

Lys Ile Lys Val Tyr Val Gly Asn Tyr Asp Phe Trp Tyr Gln Ser
1 5 10 15

<210> 118
<211> 16
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 118

Thr Val Ile Val Val Ser His Asp Arg His Phe Leu Tyr Asn Asn Val
1 5 10 15

<210> 119
<211> 15
<212> PRT
<213> Staphylococcus

<400> 119

Thr Glu Thr Phe Leu Arg Gly Phe Leu Gly Arg Met Leu Phe Ser
1 5 10 15

<210> 120
<211> 35
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<400> 120

cgcggatccg cagattctga tattaatatt aaaac 35

<210> 121
<211> 33
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Cebador de estafilococos

<400> 121

cccaagcttt taatttgtca tttcttcttt ttc 33

<210> 122
<211> 34
<212> ADN

<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Cebador de estafilococos

<400> 122

cgcggatccg ctgggtctaa taattttaaa gatg 34

<210> 123
<211> 30
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Cebador de estafilococos

<400> 123

cccaagcttt tatggaataa cgatttgttg 30

<210> 124
<211> 32
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Cebador de estafilococos

<400> 124

cgcggatcca gtgaaaatag tgttacgcaa tc 32

<210> 125
<211> 33
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Cebador de estafilococos

<400> 125

cccaagcttt tactctggaa ttggttcaat ttc 33

<210> 126
<211> 31
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Cebador de estafilococos

<400> 126

cgcggatcca cacaaacaac tgcaactaac g 31

<210> 127
<211> 35
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Cebador de estafilococos

<400> 127

cccaagcttt tatgctttgt gattcttttt caaac 35

<210> 128
<211> 26
<212> ADN

<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Cebador de estafilococos

<400> 128

cgcggatcca acacgcaaca aacttc 26

<210> 129
<211> 36
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Cebador de estafilococos

<400> 129

ggaactgcag ttatttccag aatgataata aattac 36

<210> 130
<211> 28
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Cebador de estafilococos

<400> 130

cgcggatccg cagaacatac gaatggag 28

<210> 131
<211> 32
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Cebador de estafilococos

<400> 131

cccaagcttt tatgtttctt cttcgtagta gc 32

<210> 132
<211> 28
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Cebador de estafilococos

<400> 132

cgcggatccg aggagaattc agtacaag 28

<210> 133
<211> 31
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Cebador de estafilococos

<400> 133

cccaagcttt tattcgtcat catagtatcc g 31

<210> 134
<211> 25
<212> ADN

<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Cebador de estafilococos

<400> 134

aaaagtactc accaccacca ccacc 25

<210> 135
<211> 29
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Cebador de estafilococos

<400> 135

aaaagtactc acttgattca tcgcttcag 29

<210> 136
<211> 33
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Cebador de estafilococos

<400> 136
gcgcgccatg gcacaagctt ctacacaaca tac 33

<210> 137
<211> 32
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Cebador de estafilococos

<400> 137

gcgcgctcga gatggatgaa tgcatagcta ga 32

<210> 138
<211> 48
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Cebador de estafilococos

<400> 138

gcatccatgg caccatcacc atcaccacga agtaaacgtt gatcaagc 48

<210> 139
<211> 34
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Cebador de estafilococos

<400> 139

agcactcgag ttagaatccc caagcaccta aacc 34

<210> 140
<211> 29
<212> ADN

<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Cebador de estafilococos

<400>140
gcacccatgg cagaaaatac aaatacttc 29

<210> 141
<211> 31
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Cebador de estafilococos

<400> 141

ttttctcgag cattttagat tgactaagtt g 31

<210> 142
<211> 33
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Cebador de estafilococos

<400> 142

caagtcccat ggctgagacg acacaagatc aac 33

<210> 143
<211> 31
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Cebador de estafilococos

<400> 143

cagtctcgag ttttacagct gtttttggtt g 31

<210> 144
<211> 30
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Cebador de estafilococos

<400> 144

agctcatatg gcttatactg ttactaaacc 30

<210> 145
<211> 29
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Cebador de estafilococos

<400> 145

gcgcctcgag tttatattgt gggatgtcg 29

<210> 146
<211> 34
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Cebador de estafilococos

<400> 146

caagtcccat ggcaacagaa gctacgaacg caac 34

<210> 147
<211> 35
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Cebador de estafilococos

<400> 147

accagtctcg agtaattctt tagctttaga gcttg 35

<210> 148
<211> 33
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Cebador de estafilococos

<400> 148

tattctcgag gctttgagtg tgtccatcat ttg 33

<210> 149
<211> 32
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Cebador de estafilococos

<400> 149

gaagccatgg cagcagctga agaaacaggt gg 32

<210> 150
<211> 30
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Cebador de estafilococos

<400> 150

gattacacca tggttaaacc tcaagcgaaa 30

<210> 151
<211> 30
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
<223> Cebador de estafilococos

<400> 151

aggtgtctcg agtgcgattg tagcttcatt 30

REIVINDICACIONES

1. Una composición inmunógena que comprende:

- ClfA estafilocócico aislado o un fragmento inmunógeno del mismo; y
- SitC estafilocócico aislado o un fragmento inmunógeno del mismo.

2. La composición inmunógena de la reivindicación 1 que comprende al menos una proteína o un fragmento inmunógeno de *S. aureus*.

3. La composición inmunógena de una cualquiera de la reivindicación 1 o 2 que comprende al menos una proteína o fragmento inmunógeno de *S. epidermidis*.

4. La composición inmunógena de una cualquiera de las reivindicaciones 1-3 que comprende además un polisacárido y oligosacárido PIA y/o polisacárido u oligosacárido capsular de tipo V y/o de tipo VIII de *S. aureus*.

5. La composición inmunógena de la reivindicación 4 en la que un polisacárido capsular estafilocócico está conjugado con un vehículo proteico.

6. La composición inmunógena de la reivindicación 5 en la que el vehículo proteico está seleccionado del grupo que consiste en toxoide del tétanos, toxoide diftérico, CRM197, proteína D de *Haemophilus influenzae*, neumolisina y toxoide alfa.

7. La composición inmunógena de una cualquiera de las reivindicaciones 1-6 que puede generar una respuesta inmunitaria eficaz tanto contra *S. aureus* como contra *S. epidermidis*.

8. Una vacuna que comprende la composición inmunógena de una cualquiera de las reivindicaciones 1-7 y un excipiente farmacéuticamente aceptable.

9. Un procedimiento de fabricación de una vacuna que comprende las etapas de mezclar antígenos para preparar la composición inmunógena de una cualquiera de las reivindicaciones 1-7 y añadir un excipiente farmacéuticamente aceptable.

10. Un uso de la composición inmunógena de una cualquiera de las reivindicaciones 1-7 en la fabricación de una vacuna para el tratamiento o la prevención de infección por estafilococos.

Figura 1

SEQ ID NO:1 secuencia polipeptídica

MLQVTDVSLRFGDRKLFEDVNIKFTEGNCYGLIGANGAGKSTFLKILSGELDSQTGHVSLGKNERLAVLKQDHYAYEDER
VLDVVIKGHERLYEVMKEKDEIYMKPDFSDEDGIRAAELEGEFAEMNGWNAEADAANLLSGLGIDPTLHDKKMAELENNQ
KIKVLLAQSLFGEPDVLLLDEPTNGLDIPAISWLEDFLINFDNTVIVVSHDRHFLNNVCTHIADLDFGKIKVYVGNYDFW
YQSSQLAQKMAQEQNKKKEEKMKELQDFIARFSANASKSKQATSRKKQLEKIELDDIQPSSRRYPFVKFTPEREIGNDLL
IVQNLSKTIDGEKVLDNVSFTMNPNDKAILIGDSEIAKTTLLKILAGEMEPDEGSFKWGVTTSLSYFPKDNSEFFEGVNM
NLVDWLRQYAPEDEQTETFLRGFLGRMLFSGEEVKKKASVLSGGEKVRCMLSKMMLSSANVLLLDEPTNHLDLESITAVN
DGLKSFKGSIIFTSYDFEFINTIANRVIDLNKQGGVSKEIPYEEYLQEIGVLK

SEQ ID NO:2 secuencia polipeptídica

MLQVTDVSLRFGDRKLFEDVNIKFTEGNCYGLIGANGAGKSTFLKILSGEIDSQTGHVSLGKDERLAVLKQDHFAYEDER
VLDVVIKGHERLYQVMKEKDEIYMKPDFSDEDGIRAAELEGEFAEMNGWNAEADAANLLSGLGIEPDLHDKNMSELENNQ
KVKVLLAQSLFGDPDVLLLDEPTNGLDIPAISWLEDFLINFENTVIVVSHDRHFLNNVCTHIADLDFGKIKLYVGNYDFW
YQSSQLAQKMAQEQNKKKEEKMKELQDFIARFSANASKSKQATSRKKQLEKIELDDIQPSSRRYPYVKFTPEREIGNDLL
TVENLSKTIDGEKVLDNVSFTMNPNDKAILVGDSEIAKTTLLKILAGEMEPDEGTFKWGVTTSLSYFPKDNSEFFDGVDM
NLVEWLRQYAPEDEQTETFLRGFLGRMLFSGEEVKKKASVLSGGEKVRCMLSKMMLSSANVLLLDEPTNHLDLESITAVN
DGLKSFKGSIIFTSYDFEFINTIANRVIDLNQAGALSKEVPYEEYLQEIGVLQNN

SEQ ID NO:3 secuencia polipeptídica

MPIITDVYAREVLDSRGNPTVEVEVLTESGAFGRALVPSGASTGEHEAVELRDGDKSRYLGKGVTKAVENVNEIIAPEII
EGEFSVLDQVSIDKMMIALDGTPNKGKLGANAILGVSIAVARAAADLLGQPLYKYLGGFNGKQLPVPMMNIVNGGSHSDA
PIAFQEFMILPVGATTFKESLRWGTEIFHNLKSILSKRGLETAVGDEGGFAPKFEGTEDAVETIIQAIEAAGYKPGEEVF
LGFDCASSEFYENGVYDYSKFEGEHGAKRTAAEQVDYLEQLVDKYPIITIEDGMDENDWDGWKQLTERIGDRVQLVGDDL
FVTNTEILAKGIENGIGNSILIKVNQIGTLTETFDAIEMAQKAGYTAVVSHRSGETEDTTIADIAVATNAGQIKTGSLSR
TDRIAKYNQLLRIEDELFET
AKYDGIKSFYNLDK

SEQ ID NO:4 secuencia polipeptídica

MPIITDVYAREVLDSRGNPTVEVEVLTESGAFGRALVPSGASTGEHEAVELRDGDKSRYLGKGVTKAVENVNEMIAPEIV
EGEFSVLDQVSIDKMMIQLDGTHNKGKLGANAILGVSIAVARAAADLLGQPLYKYLGGFNGKQLPVPMMNIVNGGSHSDA
PIAFQEFMILPVGAESFKESLRWGAEIFHNLKSILSERGLETAVGDEGGFAPRFEGTEDAVETIIKAIEKAGYKPGEDVF
LGFDCASSEFYENGVYDYTKFEGEHGAKRSAAEQVDYLEELIGKYPIITIEDGMDENDWEGWKQLTDRIGDKVQLVGDDL
FVTNTEILSKGIEQGIGNSILIKVNQIGTLTETFDAIEMAQKAGYTAVVSHRSGETEDTTIADIAVATNAGQIKTGSLSR
TDRIAKYNQLLRIEDELYETAKFEGIKSFYNLDK

SEQ ID NO:5 secuencia polipeptídica

MKKIVTATIATAGLATIAFAGHDAQAAEQNNNGYNSNDAQSYSYTYTIDAQGNYHYTWTGNWNPSQLTQNNTYYYNNYNT
YSYNNASYNNYYNHSYQYNNYTNNSQTATNNYYTGGSGASYSTTSNNVHVTTTAAPSSNGRSISNGYASGSNLYTSGQCT
YYVFDRVGGKIGSTWGNASNWANAAASSGYTVNNTPKVGAIMQTTQGYYGHVAYVEGVNSNGSVRVSEMNYGHGAGVVTS
RTISANQAGSYNFIH

SEQ ID NO:6 secuencia polipeptídica

MKKIATATIATAGFATIAIASGNQAHASEQDNYGYNPNDPTSYSYTYTIDAQGNYHYTWKGNWHPSQLNQDNGYYSYYYY
NGYNNYNNYNNGYSYNNYSRYNNYSNNNQSYNYNNYNSYNTNSYRTGGLGASYSTSSNNVQVTTTMAPSSNGRSISSGYT
SGRNLYTSGQCTYYVFDRVGGKIGSTWGNASNWANAAARAGYTVNNTPKAGAIMQTTQGAYGHVAYVESVNSNGSVRVSE
MNYGYGPGVVTSRTISASQAAGYNFIH

SEQ ID NO:7 secuencia polipeptídica

MKKIATATIATAGIATFAFAHHDAQAAEQNNDGYNPNDPYSYSYTYTIDAEGNYHYTWKGNWSPDRVNTSYNYNNYNNYN
YYGYNNYSNYNNYSNYNNYNNYQSNNTQSQRTTQPTGGLGASYSTSSSNVHVTTTSAPSSNGVSLSNARSASGNLYTSGQ
CTYYVFDRVGGKIGSTWGNANNWANAAARSGYTVNNSPAKGAILQTSQGAYGHVAYVEGVNSNGSIRVSEMNYGHGAGVV

TSRTISASQAASYNYIH

SEQ ID NO:8 secuencia polipeptídica

MKKLVPLLLALLLLVAACGTGGKQSSDKSNGKLKVVTTNSILYDMAKNVGGDNVDIHSIVPVGQDPHEYEVKPKDIKKLT
DADVILYNGLNLETGNGWFEKALEQAGKSLKDKKVIAVSKDVKPIYLNGEEGNKDKQDPHAWLSLDNGIKYVKTIQQTFI
DNDKKHKADYEKQGNKYIAQLEKLNNDSKDKFNDIPKEQRAMITSEGAFKYFSKQYGITPGYIWEINTEKQGTPEQMRQA
IEFVKKHKLKHLLVETSVDKKAMESLSEETKKDIFGEVYTDSIGKEGTKGDSYYKMMKSNIETVHGSMK

SEQ ID NO:9 secuencia polipeptídica

MKKILALAIAFLIILAACGNHSNHEHHSHEGKLKVVTTNSILYDMVKRVGGNKVDVHSIVPVGQDPHEYEVKPKDIKALT
DADVVFYNGLNLETGNGWFEKALDQAGKSTKDKNVIAASNNVKPIYLNGEEGNKNKQDPHAWLSLENGIKYVKTIQKSLE
HHDKKDKSTYEKQGNAYISKLEELNKDSKNKFDDIPKNQRAMMTSEGAFKYFAQQFDVKPGYIWEINTEKQGTPGQMKQA
IKFVKDNHLKHLLVETSVDKKAMQSLSEETKKDIYGEVFTDSIGKEGTKGDSYYKMMKSNIDTIHGSMK

SEQ ID NO:10 secuencia polipeptídica

MKKTIMASSLAVALGVTGYAAGTGHQAHAAEVNVDQAHLVDLAHNHQDQLNAAPIKDGAYDIHFVKDGFQYNFTSNGTTW
SWSYEAANGQTAGFSNVAGADYTTSYNQGSDVQSVSYNAQSSNSNVEAVSAPTYHNYSTSTTSSSVRLSNGNTAGATGSS
AAQIMAQRTGVSASTWAAIIARESNGQVNAYNPSGASGLFQTMPGWGPTNTVDQQINAAVKAYKAQGLGAWGF

SEQ ID NO:11 secuencia polipeptídica

MKKTVIASTLAVSLGIAGYGLSGHEAHASETTNVDKAHLVDLAQHNPEELNAKPVQAGAYDIHFVDNGYQYNFTSNGSEW
SWSYAVAGSDADYTESSSNQEVSANTQSSNTNVQAVSAPTSSESRSYSTSTTSYSAPSHNYSSHSSSVRLSNGNTAGSVG
SYAAAQMAARTGVSASTWEHIIARESNGQLHARNASGAAGLFQTMPGWGSTGSVNDQINAAYKAYKAQGLSAWGM

SEQ ID NO:12 secuencia polipeptídica

MNYRDKIQKFSIRKYTVGTFSTVIATLVFLGFNTSQAHAAETNQPASVVKQKQQSNNEQTENRESQVQNSQNSQNSQSLS
ATHENEQPNNSQANLVNQKVAQSSTTNDEQPASQNVNTKKDSATAATTQPDKEESKHKQNESQSANKNGNDNRAAHVENH
EANVVTASDSSDNGNVQHDRNELQAFFDANYHDYRFIDRENADSGTFNYVKGIFDKINTLLGSNDPINNKDLQLAYKELE
QAVALIRTMPQRQQTSRRSNRIQTRSVESRAAEPRSVSDYQNANSSYYVENANDGSGYPVGTYINASSKGAPYNLPTTPW
NTLKASDSKEIALMTAKQTGDGYQWVIKFNKGHAPHQNMIFWFALPADQVPVGRTDFVTVNSDGTNVQWSHGAGAGANKP
LQQMWEYGVNDPDRSHDFKIRNRSGQVIYSWPTVHVYSLEDLSRASDYFSEAGATPATKAFGRQNFEYINGQKPAESPGV
PKVYTFIGQGDASYTISFKTQGPTVNKLYYAAGGRALEYNQLFMYSQLYVESTQDHQQRLNGLRQVVNRTYRIGTTKRVE
VSQGNVQTKKVLESTNLNIDDFVDDPLSYVKTPSNKVLGFYPTNANTNAFRPGGVQELNEYQLSQLFTDQKLQEAARTRN
PIRLMIGFDYPDGYGNSETLVPVNLTVLPEIQHNIKFFKNDDTQNIAEKPFSKQAGHPVFYVYAGNQGNASVNLGGSVTS
IQPLRINLTSNENFTDKDWQITGIPRTLHIENSTNRTNNARERNIELVGNLLPGDYFGTIRFGRKEQLFEIRVKPHTPTI
TTTAEQLRGTALQKVPVNISGIPLDPSALVYLVAPTNQTTNGGSEADQIPSGYTILATGTPDGVHNTITIRPQDYVVFIP
PVGKQIRAVVYYNKVVASNMSNAVTILPDDIPPTINNPVGINAKYYRGDEVNFTMGVSDRHSGIKNTTITTLPSGWTSNL
TKSDNKNGSLAITGRVSMNQAFNSDITFKVSATDNVNNTTNDSQSKHVSIHVGKISEDAHPIVLGNTEKVVVVNPTAVSN
DEKQSIITAFMNKNQNIRGYLASTDPVTVDNNGNVTLHYRDGSSTTLDATNVMTYEPVVKSEYQTANAAKTATVTIAKGQ
SFNIGDIKQYFTLSNGQAIPNGTFTNITSDRTIPTAQEVSQMNAGTQLYHIVASNAYHKDTEDFYISLKIVDVKQPEGDQ
RVYRTSTYDLTTDEISKVKQAFINANRDVITLAEGDISVTNTPNGANVSTITVNINKGRLTKSFASNLANMNFLRWVNFP
QDYTVTWTNAKIANRPTDGGLSWSDDHKSLIYRYDATLGTQITTNDILTMLKATTTVPGLRNNITGNEKAQAEAGGRPNY
RTTGYSQSNATTDGQRQFTLNGQVIQILDIINPSNGYGGQPVTNSNTRANHSNSTVVNVNEPAANGAGAFTIDHVVKSNS
THNASDAVYKAQLYLTPYGPKQYVEHLNQNTGNTTDAINIYFVPSDLVNPTISVGNYTNHQVFSGETFTNTITANDNFGV
QSVTVPNTSQITGTVDNNHQHVSATAPNVTSATSKTINLLATDTSGNTATTSFNVTVKPLRDKYRVGTSSTAANPVRIAN
ISNNATVSQADQTTIINSLTFTSNAPNRNYATASANEITSKTVSNVSRTGNNANVTVTVTHQDGTTSTVTVPVKHVIPEI
VAHSHYTVQGQDFPAGNGSSAADYFKLSNGSAIPDATITWVSGQAPNKDNTRIGEDITVTAHILIDGETTPITKTATYKV
VRTVPKHVFETARGVLYPGVSDMYDAKQYVKPVNNSWSTNAQHMNFQFVGTYGPNKDVVGISTRLIRVTYDNRQTEDLTI
LSKVKPDPPRIDANSVTYKAGLTNQEIKVNNVLNNSSVKLFKADNTPLNVTNITHGSGFSSVVTVSDALPNGGIKAKSSI
SMNNVTYTTQDEHGQVVTVTRNESVDSNDSASVTVTPQLQATTEGAVFIKGGDGFDFGHVERFIQNPPHGATVAWHDSPD
TWKNTVGNTHKTAVVTLPSGQGTRNVEVPVKVYPVANAKAPSRDVKGQNLTHGTNAIDYITFDPNTNTNGITAAWANRQQ
PNNQQAGVQHLNVDVTYPGISAAKRVPVTVNVYQFEFPQTTYTTTVGGTLASGTQASGYAHMQNASGLPTDGFTYKWNRD
TTGTNDANWAAMNKPNTAQVVNAKYDVIYNGHTFATSLPAKFVVKDVQPAKPTVTETAAGAITIAPGANQTVNTHAGNVT
TYADKLVIKRNGNVVTTFTRRNNTSPWVKEASADNVTGIVGTNNGITVAAGTFNPADTIQVVATQGSGETISDEQRSDDF
TVVAPQPNQATTKIWQNGHIDITPNNPSGHLINPTQAMDIAYTEKVGNGAEHSKTINVVRGQNNQWTIANKPDYVTLDAQ
TGKVTFNANTIKPNSSITITPKAGTGHSVSSNPSTLTAPAAHTVNTTEIVKDYGSNVTAAEINNAVQVANKRTATIKNGT
AMPTNLAGGSTTTIPVTVTYNDGSTEEVQESIFTKADKRELITAKNHLDDPVSTEGKKPGTITQYNNAMHNAQQQINTAK
TEAQQVINNERATPQQVSDALTKVRAAQTKIDQAKALLQNKEDNSQLVTSKNNLQSSVNQVPSTAGMTQQSIDNYNAKKR
EAETEITAAQRVIDNGDATAQQISDEKHRVDNALTALNQAKHDLTADTHALEQAVQQLNRTGTTTGKKPASITAYNNSIR

ALQSDLTSAKNSANAIIQKPIRTVQEVQSALTNVNRVNERLTQAINQLVPLADNSALRTAKTKLDEEINKSVTTDGMTQS
SIQAYENAKRAGQTETTNAQNVINNGDATDQQIAAEKTKVEEKYNSLKQAIAGLTPDLAPLQTAKTQLQNDIDQPTSTTG
MTSASVAAFNDKLSAARTKIQEIDRVLASHPDVATIRQNVTAANAAKTALDQARNGLTVDKAPLENAKNQLQHSIDTQTS
TTGMTQDSINAYNAKLTAARNKVQQINQVLAGSPTVDQINTNTSAANQAKSDLDHARQALTPDKAPLQNAKTQLEQSINQ
PTDTTGMTTASLNAYNQKLQAARQKLTEINQVLNGNPTVQNINDKVAEANQAKDQLNTARQGLTLDRQPALTTLHGASNL
NQAQQNNFTQQINAAQNHAALETIKSNITALNTAMTKLKDSVADNNTIKSGQNYTDATPANKQAYDNAVNAAKGVIGETT
NPTMDVNTVNQKAASVKSTKDALDGQQNLQRAKTEATNAITHASDLNQAQKNALTQQVNSAQNVQAVNDIKQTTQSLNTA
MTGLKRGVANHNQVVQSDNYVNADTNKKNDYNNAYNHANDIINGNAQHPVITPSDVNNALSNVTSKEHALNGEAKLNAAK
QEANTALGHLNNLNNVQRQNLQSQINGAHQIDAVNTIKQNATNLNSAMGNLRQAVADKDQVKRTEDYADADTAKQNAYNS
AVSSAETIINQTANPTMSVDDVNRATSAVTTNKNALNGDEKLVQSKTDAARAIDALPHLNNAQKADVKSKINAASNIAGV
NTVKQQGTDLNTAMGNLQGAINDEQTTLNSQNYQDATPSKKTAYTNAVQAAKDILNKSNGQNKTKDQVTEAMNQVNSAKN
NLDGTRLLDQAKQTAKQQLNNMTHLTTAQKTNLTNQINSGTTVAGVHTVQSNANTLDQAMNTLRQSIANNDATKASEDYV
DANNDKQTAYNNAVAAAETIINANSNPEMNPSTITQKAEQVNSSKTALNGDENLATAKQNAKTYLNTLTSITDAQKNNLI
SQISSATRVSGVDTVKQNAQHLDQAMANLQNGINNESQVKSSEKYRDADTNKQQEYDNAITAAKAILNKSTGPNTAQNAV
EAALQRVNTAKDALNGDAKLIAAQNAAKQHLGTLTHITTAQRNDLTNQIS

SEQ ID NO:13 secuencia polipeptídica

MGNLQTAINDKSGTLASQNFLDADEQKRNAYNQAISAAETILNKQTGPNTAKTAVEQALNNVNSAKHALNGTQNLNNAKQ
AAITAINGASDLNQKQKDALKAQANGAQRVSNANDVQRNATELNTAMGQLQHAIADKTNTLASSKYVNADSTKQNAYTTK
VTNAEHIISGTPTVVTTPSEVTAAANQVNSAKQELNGDERLRVAKQNANTAIDALTQLNTPQKAKLKEQVGQANRLEDVQ
SVQTNGQSLNNAMKGLRDSIANETTVKASQNYTDASPNNQSTYNSAVSNAKGIINQTNNPTMDTSAITQATTQVNNAKNG
LNGAENLRNAQNTAKQNLNTLSHLTNNQKSAISSQIDRAGHVSEVTAAKNAATELNAQMGNLEQAIHDQNTVKQGVNFTD
ADKAKRDAYTNAVSRAETILNKTQGANTSKQDVEAAIQNVTSAKNALNGDQNVTNAKNAAKNALNNLTSINNAQKRDLTT
KIDQATTVAGVEAVSNTGTQLNTAMANLQNGINDKANTLASENYHDADSDKKTAYTQAVTNAENILNKNSGSNLDKAAVE
NALSQVTNAKGALNGNHNLEQAKSNANTTINGLQHLTTAQKDKLKQQVQQAQNVAGVDTVKSSANTLNGAMGTLRNSIQD
NTATKNGQNYLDATERNKTNYNNAVDSANGVINATSNPNMDANAINQIATQVTSTKNALDGTHNLTQAKQTATNAIDGAT
NLNKAQKDALKAQVTSAQRVANVTSIQQTANELNTAMGQLQHGIDDENATKQTQKYRDAEQSKKTAYDQAVAAAKAILNK
QTGSNSDKAAVDRALQQVTSTKDALNGDAKLAEAKAAARQNLGTLNHITNAQRTALEGQINQATTVDGVNTVKTNANTLD
GAMNSLQGAINDKDATLRNQNYLDADESKRNAYTQAVTAAEGILNKQTGGNTSKADVDNALNAVTRAKAALNGAENLRNA
KTSATNTINGLPNLTQLQKDNLKHQVEQAQNVVGVNGVKDKGNTLNTAMGALRTSIQNDNTTKTSQNYLDASDSNKNNYN
TAVNNANGVINATNNPNMDANAINDMANQVNTTKAALNGAQNLAQAKTNATNTINNAQDLNQKQKDALKTQVNNAQRVSD
ANNVQHTATELNGAMTALKAAIADKERTKASGNYVNADQEKRQAYDSKVTNAENIINGTPNATLTVNDVNSAASQVNAAK
TALNGDNNLRVAKEHANNTIDGLAQLNNVQKAKLKEQVQSATTLDGVQTVKNSSQTLNTAMKGLRDSIANEATIKAGQNY
TDASPNNRNEYDSAVTAAKAIINQTSNPTMEPNTITQATSQVTTKEHALNGAQNLAQAKTTAKNNLNNLTSINNAQKDAL
TRNIDGATTVAGVNQETAKATELNNAMHSLQNGINDETQTKQTQKYLDAEPSKKSAYDQAVNAAKAILTKASGQNVDKAA
VEQALQNVNSTKTALNGDAKLNEAKAAAKQTLGTLTHINNAQRNALDNEITQATNVEGVNTVKAKAQQLDGAMGQLETSI
RDKDTTLQSQNYQDADDAKRTAYSQAVNAAATILNKTAGGNTPKADVERAMQAVTQANTALNGIQNLERAKQAANTAITN
ASDLNTKQKEALKAQVTSAGRVSAANGVEHTATELNTAMTALKRAIADKADTKASGNYVNADANKRQAYDEKVTAAEHIV
SGTPTPTLTPSDVTNAATQVTNAKTQLNGNHNLEVAKQNANTAIDGLTSLNGPQKAKLKEQVGQATTLPNVQTVRDNAQT
LNTAMKGLRDSIANEATIKAGQNYTDASQNKQNDYNNAVTAAKAIIGQTTSPSMIAQEINQAKDQVTAKQQALNGQENLR
TAQTNAKQHLNGLSDLTNAQKDAAKRQIEGATHVNEVTQAQNNADALNTAMTNLKNGIQDQNTIKQGVNFTDADEAKRNA
YTNAVTQAEQILNKAQGPNTAKDGVETALQNVQRAKNELNGNQNVANAKTTAKNALNNLTSINNAQKAALKSQIEGATTV
AGVNQVSTMASELNTAMSNLQRGINDEAATKAAQKYTEADRDKQTAYNDAVTAAKTLLDKTAGSNDNKVAVEQALQRVNT
AKTALNGDARLNEAKNTAKQQLATMSHLTNAQKANLTEQIERGTTVAGVQGIQANAGTLNQAMNQLRQSIASKDATKSSE
DYQDANADLQNAYNDAVTNAEGIISATNNPEMNPDTINQKASQVNSAKSALNGDEKLAAVKQTAKSDIGRLTDLNNAQRT
AANAEVDQAPNLAAVTAAKNKATSLNTAMGNLKHALAEKDNTKRSVNYTDADQPKQQAYDTAVTQAEAITNANGSNANET
QVQAALNQLNQAKNDLNGDNKVAQAKETAKRALASYSNLNNAQSTAATSQIDNATTVADVTAAQNTANELNTAMGQLQNG
INDQNTVKQQVNFTDADQGKKDAYTNAVTNAQGILDKANGQNMTKAQVEAALNQVTTAKNALNGDANVRQAKSDAKANLG
TLTHLNNAQKQDLTSQIEGATTVNGVNSVKTKAQDLDGAMQRLESAIANKDQTKASENYIDADPTKKTAFDNAITQAESY
LNKDHGTNKDKQAVEQAIQSVTSTENALNGDANLQCAKTEATQAIDNLTQLNTPQKTALKQQVNAAQRVSGVTDLKNSAT
SLNNAMDQLKQAIGDHDTIVAGGNYTNASPDKQGAYTDAYNAAKNIVNGSPNVITNAADVTAATQRVNNAETSLNGDTNL
ATAKQQAKDALRQMTHLSDAQKQSITGQIDSATQVTGVQSVKDNATNLDNAMNQLRNSIANKDEVKASQPYVDADTDKQN
AYNTAVTSAENIINATSQPTLDPSAVTQAANQVNTNKTALNGAQNLANKKQETTANINRLSHLNNAQKQDLNTQVTNAPN
ISTVNQVKTKAEQLDQAMERLINGIQDKDQVKQSVNFTDADPEKQTAYNNAVTAAENIINQANGTNANQSQVEAALSTVT
TTKQALNGDRKVTDAKNNANQTLSTLDNLNNAQKGAVTGNINQAHTVAEVTQAIQTAQELNTAMGNLKNSLNDKDTTLGS
QNFADADPEKKNAYNEAVRNAENILNKSTGTNVPKDQVEAAMNQVNTTKAALNGTQNLEKAKQHANTAIDGLSHLTNAQK
EALKQLVQQSTTVAEAQGNEQKANNVDAAMDKLRQSIADNATTKQNQNYTDASPNKKDAYNNAVTTAQGIIDQTTNPSLD
PTVINQAAGQVSTSKNALNGNENLEAAKQQATQSLGSLDNLNNAQKQAVTNQINGAHTVDEANQIKQNAQNLNTAMGNLK
QAIADKDATKATVNFTDADQAKQQAYNTAVTNAENIISKANGGNATQTEVEQAIQQVNAAKQALNGNANVQHAKDEATAL
INNSNDLNQAQKDALKQQVQNATTVAGVNNVKQTAQELNNAMTQLKQGIADKEQTKADGNFVNADSDKQNAYNQAVAKAE
ALISGTPDVVVTPSEITAALNKVTQAKNDLNGNTNLATAKQNVQHAIDQLPNLNQAQRDEYSKQITQATLVPNVNAIQQA

ATTLNDAMTQLKQGIANKAQIKGSENYHDADTDKQTAYDNAVTKAEELLKQTTNPTMDPNTIQQALTKVNDTNQALNGNQ
KLADAKQDAKTTLGTLDHLNDAQKQALTTQVEQAPDIATVNNVKQNAQNLNNAMTNLNNALQDKTETLNSINFTDADQAK
KDDYTNAVSHAEGILSKANGSNASQTEVEQAMQRVNEAKQALNGNDNVQRAKDAAKQVITNANDLNQAQKDALKQQVDAA
QTVANVNTIKQTAQDLNQAMTQLKQGIADKDQTKANGNFVNADTDKQNAYNNAVAHAEQIISGTPNANVDPQQVAQALQQ
VNQAKGDLNGNHNLQVAKDNANTAIDQLPNLNQPQKTALKDQVSHAELVTGVNAIKQNADALNNAMGTLKQQIQANSQVP
QSVDFTQADQDKQQAYNNAANQAQQIANGTPTPVLAPDTVTKAVTTMNQAKDALNGDEKLAQAKQDALANLDTLRDLNQP
QRDALRNQINQAQALATVEQTKQNAQNVNTAMGNLKQGIANKDTVKASENYHDADVDKQTAYTNAVSQAEGIINQTTNPT
LNPDDITRALTQVTDAKNSLNGEAKLATEKQNAKDAVSGMTHLNDAQKQALKGQIDQSPEIATVNQVKQTATSLDQAMDQ
LSQAINDKDQILADGNYLNADPDKQNAYKQAVAKAEALLNKQSGTNEVQAQVESITNEVNAAKQALNGNDNLANAKQQAK
QQLANLTHLNDAQKQSFESQITQAPLVTDVTTINQKAQTLDHAMELLRNSVADNQTTLASEDYHDATAQRQNDYNKAVTA
ANNIINQTTSPTMNPDDVNGATTQVNNTKVALDGDENLAAAKQQANNRLDQLDHLNNAQKQQLQSQITQSSDIAAVNGHK
QTAESLNTAMGNLINAIADHQAVEQRGNFINADTDKQTAYNTAVNEAAAMINKQTGQNANQTEVEQAITKVQTTLQALNG
DHNLQVAKTNATQAIDVLTSLNDPQKTALKDQVTAATLVTAVHQIEQNANTLNQAMHGLRQSIQDNAATKANSKYINEDQ
PEQQNYDQAVQAANNIINEQTATLDNNAINQVAATVNTTKAALHGDVKLQNDKDHAKQTVSQLAHLNNAQKHMEDTLIDS
ETTRTAVKQDLTEVQALDQLMDALQQSIADKDATRASSAYVNAEPNKKQAYDEAVQNAESIIAGLNNPTINKGNVSSATQ
AVISSKNALDGVERLAQDKQTAGNSLNHLDQLTPAQQQALENQINNATTCDKVAEIIAQAQALNEAMKALKESIKDQPQT
EASSKFINEDQAQKDAYTQAVQHAKDLINKTTDPTLAKSIIDQATQAVTDAKNNLHGDQKLAQDKQRATETLNNLSNLNT
PQRQALENQINNAATRGEVAQKLTEAQALNQAMEALRNSIQDQQQTESGSKFINEDKPQKDAYQAAVQNAKDLINQTGNP
TLDKAQVEQLTHAFKQAKDNLHGDQKLADDKQHAVTDLNQLNGLNNPQRQALESQINNAATRGEVAQKLAEAKALDQAMQ
ALRNSIQDQQQTEAGSKFINEDKPQKDAYQAAVQNAKDLINQTGNPTLDKSQVEQLTQAVTTAKDNLHGDQKLARDQQQA
VTTVNALPNLNHAQQQTLTDAINAAPTRTEVAQHVQTATELDHAMETLKNKVDQVNTDKAQPNYTEASTDKKEAVDQALQ
AAQSITDPTNGSNANKDAVEQALTKLQEKVNELNGNERVAEAKTQAKQTIDQLTHLNADQIATAKQNIDQATKLQPIAEL
VDQATQLNQSMDQLQQAVNEHANVEQTIDYTQADSDKQKAYKQAIADAENVLKQNANKQQVDQALQNILNAKQALNGDER
VALAKTNGKHDIDQLNALNNAQQDGFKGRIDQSNDLNQIQQIVDEAKALNRAMDQLSQEITGNEGRTKGSTNYVNADTQV
KQVYDEAVDKAKQALDKSSGQNLTAEQVIKLNDAVTAAKKALNGEERLNNRKAEALQRLDQLTHLNNAQRQLAIQQINNA
ETLNKASRAINRATKLDNAMGAVQQYIDEQHLGVISSTNYINADDNLKANYDNAIANAAHELDKVQGNAIAKAEAEQLKQ
NIIDAQNALNGDQNLANAKDKANAFVNSLNGLNQQQQDLAHKAINNADTVSDVTDIVNNQIDLNDAMETLKHLVDNEIPN
AEQTVNYQNADDNAKTNFDDAKRLANTLLNSDNTNVNDINGAIQAVNDAIHNLNGDQRLQDAKDKAIQSINQALANKLKE
IEASNATDQDKLIAKNKAEELANSIINNINKATSNQAVSQVQTAGNHAIEQVHANEIPKAKIDANKDVDKQVQALIDEID
RNPNLTDKEKQALKDRINQILQQGHNDINNALTKEEIEQAKAQLAQALQDIKDLVKAKEDAKQDVDKQVQALIDEIDQNP
NLTDKEKQALKDRINQILQQGHNGINNAMTKEEIEQAKAQLAQALKEIKDLVKAKENAKQDVDKQVQALIDEIDQNPNLT
DKEKQALKDRINQILQQGHNDINNAMTKEEIEQAKAQLAQALQDIKDLVKAKEDAKNAIKALANAKRDQINSNPDLTPEQ
KAKALKEIDEAEKRALQNVENAQTIDQLNRGLNLGLDDIRNTHVWEVDEQPAVNEIFEATPEQILVNGELIVHRDDIITE
QDILAHINLIDQLSAEVIDTPSTATISDSLTAKVEVTLLDGSKVIVNVPVKVVEKELSVVKQQAIESIENAAQQKIDEIN
NSVTLTLEQKEAAIAEVNKLKQQAIDHVNNAPDVHSVEEIQQQEQAYIEQFNPEQFTIEQAKSNAIKSIEDAIQHMIDEI
KARTDLTDKEKQEAIAKLNQLKEQAIQAIQRAQSISEITEQLEQFKAQMKAANPTAKELAKRKQEAISRIKDFSNEKINS
IRNSEIGTADEKQAAMNQINEIVLETIRDINNAHTLQQVEAALNNGIARISAVQIVISDRAKQSSSTGNESNSHLTIGYG
TANHPFNSSTIGHKKKLDEDDDIDPLHMRHFSNNFGNVIKNAIGVVGISGLLASFWFFIAKRRRKEDEEEELEIRDNNKD
SIKETLDDTKHLPLLFAKRRRKEDEEDVTVEEKDSLNNGESLDKVKHTPFFLPKRRRKEDEEDVEVTNENTDEKVLKDNE
HSPLLFAKRRKDKEEDVETTTSIESKDEDVPLLLAKKKNQKDNQSKDKKSASKNTSKKVAAKKKKKKSKKNKK

SEQ ID NO:14 secuencia polipeptídica

MNNRDKLQKFSIRKYAIGTFSTVIATLVFMGINTNHASADELNQNQKLIKQLNQTDDDDSNTHSQEIENNKQNSSGQTES
LRSSTSQNQANARLSDQFKDTNETSQQLPTNVSDDSINQSHSEANMNNEPLKVDNSTMQAHSKIVSDSDGNASENKHHKL
TENVLAESRASKNDKEKENLQEKDKSQQVHPPLDKNALQAFFDASYHNYRMIDRDRADATEYQKVKSTFDYVNDLLGNNQ
NIPSEQLVSAYQQLEKALELARTLPQQSTTEKRGRRSTRSVVENRSSRSDYLDARTEYYVSKDDDDSGFPPGTFFHASNR
RWPYNLPRSRNILRASDVQGNAYITTKRLKDGYQWDILFNSNHKGHEYMYYWFGLPSDQTPTGPVTFTIINRDGSSTSTG
GVGFGSGAPLPQFWRSAGAINSSVANDFKHGSATNYAFYDGVNNFSDFARGGELYFDREGATQTNKYYGDENFALLNSEK
PDQIRGLDTIYSFKGSGDVSYRISFKTQGAPTARLYYAAGARSGEYKQATNYNQLYVEPYKNYRNRVQSNVQVKNRTLHL
KRTIRQFDPTLQRTTDVPILDSDGSGSIDSVYDPLSYVKNVTGTVLGIYPSYLPYNQERWQGANAMNAYQIEELFSQENL
QNAARSGRPIQFLVGFDVEDSHHNPETLLPVNLYVKPELKHTIELYHDNEKQDRKEFSVSK

SEQ ID NO:15 secuencia polipeptídica

MSGTLHNTVGSGILPYQQEIRIKLTSNEPIKDSEWSITGYPNTLTLQNAVGRTNNATEKNLALVGHIDPGNYFITVKFGD
KVEQFEIRSKPTPPRIITTANELRGNPNHKPEIRVTDIPNDTTAKIKLVMGGTDGDHDPEINPYTVPENYTVVAEAYHDN
DPSKNGVLTFRSSDYLKDLPLSGELKAIVYYNQYVQSNFSKSVPFSSDTTPPTINEPAGLVHKYYRGDHVEITLPVTDNT
GGSGLRDVNVNLPQGWTKTFTINPNNNTEGTLKLIGNIPSNEAYNTTYHFNITATDNSGNTTNPAKTFILNVGKLADDLN
PVGLSRDQLQLVTDPSSLSNSEREEVKRKISEANANIRSYLLQNNPILAGVNGDVTFYYRDGSVDVIDAENVITYEPERK
SIFSENGNTNKKEAVITIARGQNYTIGPNLRKYFSLSNGSDLPNRDFTSISAIGSLPSSSEISRLNVGNYNYRVNAKNAY
HKTQQELNLKLKIVEVNAPTGNNRVYRVSTYNLTNDEINKIKQAFKAANSGLNLNDNDITVSNNFDHRNVSSVTVTIRKG

DLIKEFSSNLNNMNFLRWVNIRDDYTISWTSSKIQGRNTDGGLEWSPDHKSLIYKYDATLGRQINTNDVLTLLQATAKNS
NLRSNINSNEKQLAERGSNGYSKSIIRDDGEKSYLLNSNPIQVLDLVEPDNGYGGRQVSHSNVIYNEKNSSIVNGQVPEA
NGASAFNIDKVVKANAANNGIMGVIYKAQLYLAPYSPKGYIEKLGQNLSNTNNVINVYFVPSDKVNPSITVGNYDHHTVY
SGETFKNTINVNDNYGLNTVASTSDSAITMTRNNNELVGQAPNVTNSINKIVKVKATDKSGNESIVSFTVNIKPLNEKYR
ITTSSSNQTPVRISNIQNNANLSIEDQNRVKSSLSMTKILGTRNYVNESNNDVRSQVVSKVNRSGNNATVNVTTTFSDGT
TNTITVPVKHVLLEVVPTTRTTVRGQQFPTGKGTSPNDFFSLRTGGPVDARIVWVNNQGPDINSNQIGRDLTLHAEIFFD
GETTPIRKDTTYKLSQSIPKQIYETTINGRFNSSGDAYPGNFVQAVNQYWPEHMDFRWAQGSGTPSSRNAGSFTKTVTVV
YQNGQTENVNVLFKVKPNKPVIDSNSVISKGQLNGQQILVRNVPQNAQVTLYQSNGTVIPNTNTTIDSNGIATVTIQGTL
PTGNITAKTSMTNNVTYTKQNSSGIASNTTEDISVFSENSDQVNVTAGMQAKNDGIKIIKGTNYNFNDFNSFISNIPAHS
TLTWNEEPNSWKNNIGTTTKTVTVTLPNHQGTRTVDIPITIYPTVTAKNPVRDQKGRNLTNGTDVYNYIIFENNNRLGGT
ASWKDNRQPDKNIAGVQNLIALVNYPGISTPLEVPVKVWVYNFDFTQPIYKIQVGDTFPKGTWAGYYKHLENGEGLPIDG
WKFYWNQQSTGTTSDQWQSLAYTRTPFVKTGTYDVVNPSNWGVWQTSQSAKFIVTNAKPNQPTITQSKTGDVTVTPGAVR
NILISGTNDYIQASADKIVINKNGNKLTTFVKNNDGRWTVETGSPDINGIGPTNNGTAISLSRLAVRPGDSIEAIATEGS
GETISTSATSEIYIVKAPQPEQVATHTYDNGTFDILPDNSRNSLNPTERVEINYTEKLNGNETQKSFTITKNNNGKWTIN
NKPNYVEFNQDNGKVVFSANTIKPNSQITITPKAGQGNTENTNPTVIQAPAQHTLTINEIVKEQGQNVTNDDINNAVQVP
NKNRVAIKQGNALPTNLAGGSTSHIPVVIYYSDGSSEEATETVRTKVNKTELINARRRLDEEISKENKTPSSIRNFDQAM
NRAQSQINTAKSDADQVIGTEFATPQQVNSALSKVQAAQNKINEAKALLQNKADNSQLVRAKEQLQQSIQPAASTDGMTQ
DSTRNYNNKRQAAEQAIQHANSVINNGDATSQQINDAKNTVEQAQRDYVEAKSNLRADKSQLQSAYDTLNRDVLTNDKKP
ASVRRYNEAISNIRKELDTAKADASSTLRNTNPSVEQVRDALNKINTVQPKVNQAIALLQPKENNSELVQAKKRLQDAVN
DIPQTQGMTQQTINNYNDKQREAERALTSAQRVIDNGDATTQEITSEKSKVEQAMQALTNAKSNLRADKNELQTAYNKLI
ENVSTNGKKPASIRQYETAKARIQNQINDAKNEAERILGNDNPQVSQVTQALNKIKAIQPKLTEAINMLQNKENNTELVN
AKNRLENAVNDTDPTHGMTQETINNYNAKKREAQNEIQKANMIINNGDATAQDISSEKSKVEQVLQALQNAKNDLRADKR
ELQTAYNKLIQNVNTNGKKPSSIQNYKSARRNIENQYNTAKNEAHNVLENTNPTVNAVEDALRKINAIQPEVTKAINILQ
DKEDNSELVRAKEKLDQAINSQPSLNGMTQESINNYTTKRREAQNIASSADTIINNGDASIEQITENKIRVEEATNALNE
AKQHLTADTTSLKTEVRKLSRRGDTNNKKPSSVSAYNNTIHSLQSEITQTENRANTIINKPIRSVEEVNNALHEVNQLNQ
RLTDTINLLQPLANKESLKEARNRLESKINETVQTDGMTQQSVENYKQAKIKAQNESSIAQTLINNGDASDQEVSTEIEK
LNQKLSELTNSINHLTVNKEPLETAKNQLQANIDQKPSTDGMTQQSVQSYERKLQEAKDKINSINNVLANNPDVNAIRTN
KVETEQINNELTQAKQGLTVDKQPLINAKTALQQSLDNQPSTTGMTEATIQNYNAKRQKAEQVIQNANKIIENAQPSVQQ
VSDEKSKVEQALSELNNAKSALRADKQELQQAYNQLIQPTDLNNKKPASITAYNQRYQQFSNELNSTKTNTDRILKEQNP
SVADVNNALNKVREVQQKLNEARALLQNKEDNSALVRAKEQLQQAVDQVPSTEGMTQQTKDDYNSKQQAAQQEISKAQQV
IDNGDATTQQISNAKTNVERALEALNNAKTGLRADKEELQNAYNQLTQNIDTSGKTPASIRKYNEAKSRIQTQIDSAKNE
ANSILTNDNPQVSQVTAALNKIKAVQPELDKAIAMLKNKENNNALVQAKQQLQQIVNEVDPTQGMTTDTANNYKSKKREA
EDEIQKAQQIINNGDATEQQITNETNRVNQAINAINKAKNDLRADKSQLENAYNQLIQNVDTNGKKPASIQQYQAARQAI
ETQYNNAKSEAHQILENSNPSVNEVAQALQKVEAVQLKVNDAIHILQNKENNSALVTAKNQLQQSVNDQPLTTGMTQDSI
NNYEAKRNEAQSAIRNAEAVINNGDATAKQISDEKSKVEQALAHLNDAKQQLTADTTELQTAVQQLNRRGDTNNKKPRSI
NAYNKAIQSLETQITSAKDNANAVIQKPIRTVQEVNNALQQVNQLNQQLTEAINQLQPLSNNDALKAARLNLENKINQTV
QTDGMTQQSIEAYQNAKRVAQNESNTALALINNGDADEQQITTETDRVNQQTTNLTQAINGLTVNKEPLETAKTALQNNI
DQVPSTDGMTQQSVANYNQKLQIAKNEINTINNVLANNPDVNAIKTNKAEAERISNDLTQAKNNLQVDTQPLEKIKRQLQ
DEIDQGTNTDGMTQDSVDNYNDSLSAAIIEKGKVNKLLKRNPTVEQVKESVANAQQVIQDLQNARTSLVPDKTQLQEAKN
RLENSINQQTDTDGMTQDSLNNYNDKLAKARQNLEKISKVLGGQPTVAEIRQNTDEANAHKQALDTARSQLTLNREPYIN
HINNESHLNNAQKDNFKAQVNSAPNHNTLETIKNKADTLNQSMTALSESIADYENQKQQENYLDASNNKRQDYDNAVNAA
KGILNQTQSPTMSADVIDQKAEDVKRTKTALDGNQRLEVAKQQALNHLNTLNDLNDAQRQTLTDTINHSPNINSVNQAKE
KANTVNTAMTQLKQTIANYDDELHDGNYINADKDKKDAYNNAVNNAKQLINQSDANQAQLDPAEINKVTQRVNTTKNDLN
GNDKLAEAKRDANTTIDGLTYLNEAQRNKAKENVGKASTKTNITSQLQDYNQLNIAMQALRNSVNDVNNVKANSNYINED
NGPKEAYNQAVTHAQTLINAQSNPEMSRDVVNQKTQAVNTAHQNLHGQQKLEQAQSSANTEIGNLPNLTNTQKAKEKELV
NSKQTRTEVQEQLNQAKSLDSSMGTLKSLVAKQPTVQKTSVYINEDQPEQSAYNDSITMGQTIINKTADPVLDKTLVDNA
ISNISTKENALHGEQKLTTAKTEAINALNTLADLNTPQKEAIKTAINTAHTRTDVTAEQSKANQINSAMHTLRQNISDNE
SVTNESNYINAEPEKQHAFTEALNNAKEIVNEQQATLDANSINQKAQAILTTKNALDGEEQLRRAKENADQEINTLNQLT
DAQRNSEKGLVNSSQTRTEVASQLAKAKELNKVMEQLNHLINGKNQMINSSKFINEDANQQQAYSNAIASAEALKNKSQN
PELDKVTIEQAINNINSAINNLNGEAKLTKAKEDAVASINNLSGLTNEQKTKENQAVNGAQTRDQVANKLRDAEALDQSM
QTLRDLVNNQNAIHSTSNYFNEDSTQKNTYDNAIDNGSTYITGQHNPELNKSTIDQTISRINTAKNDLHGVEKLQRDKGT
ANQEIGQLGYLNDPQKSGEESLVNGSNTRSEVEEHLNEAKSLNNAMKQLRDKVAEKTNVKQSSDYINDSTEHQRGYDQAL
QEAENIINEIGNPTLNKSEIEQKLQQLTDAQNALQGSHLLEEAKNNAITGINKLTALNDAQRQKAIENVQAQQTIPAVNQ
QLTLDREINTAMQALRDKVGQQNNVHQQSNYFNEDEQPKHNYDNSVQAGQTIIDKLQDPIMNKNEIEQAINQINTTQTAL
SGENKLHTDQESTNRQIEGLSSLNTAQINAEKDLVNQAKTRTDVAQKLAAAKEINSAMSNLRDGIQNKEDIKRSSAYINA
DPTKVTAYDQALQNAENIINATPNVELNKATIEQALSRVQQAQQDLDGVQQLANAKQQATQTVNGLNSLNDGQKRELNLL
INSANTRTKVQEELNKATELNHAMEALRNSVQNVDQVKQSSNYVNEDQPEQHNYDNAVNEAQATINNNAQPVLDKLAIER
LTQTVNTTKDALHGAQKLTQDQQAAETGIRGLTSLNEPQKNAEVAKVTAATTRDEVRNIRQEATTLDTAMLGLRKSIKDK
NDTKNSSKYINEDHDQQQAYDNAVNNAQQVIDETQATLSSDTINQLANAVTQAKSNLHGDTKLQHDKDSAKQTIAQLQNL
NSAQKHMEDSLIDNESTRTQVQHDLTEAQALDGLMGALKESIKDYTNIVSNGNYINAEPSKKQAYDAAVQNAQNIINGTN
QPTINKGNVTTATQTVKNTKDALDGDHRLEEAKNNANQTIRNLSNLNNAQKDAEKNLVNSASTLEQVQQNLQTAQQLDNA

MGELRQSIAKKDQVKADSKYLNEDPQIKQNYDDAVQRVETIINETQNPELLKANIDQATQSVQNAEQALHGAEKLNQDKQ
TSSTELDGLTDLTDAQREKLREQINTSNSRDDIKQKIEQAKALNDAMKKLKEQVAQKDGVHANSDYTNEDSAQKDAYNNA
LKQAEDIINNSSNPNLNAQDITNALNNIKQAQDNLHGAQKLQQDKNTTNQAIGNLNHLNQPQKDALIQAINGATSRDQVA
EKLKEAEALDEAMKQLEDQVNQDDQISNSSPFINEDSDKQKTYNDKIQAAKEIINQTSNPTLDKQKIADTLQNIKDAVNN
LHGDQKLAQSKQDANNQLNHLDDLTEEQKNHFKPLINNADTRDEVNKQLEIAKQLNGDMSTLHKVINDKDQIQHLSNYIN
ADNDKKQNYDNAIKEAEDLIHNHPDTLDHKALQDLLNKIDQAHNELNGESRFKQALDNALNDIDSLNSLNVPQRQTVKDN
INHVTTLESLAQELQKAKELNDAMKAMRDSIMNQEQIRKNSNYTNEDLAQQNAYNHAVDKINNIIGEDNATMDPQIIKQA
TQDINTAINGLNGDQKLQDAKTDAKQQITNFTGLTEPQKQALENIINQQTSRANVAKQLSHAKFLNGKMEELKVAVAKAS
LVRQNSNYINEDVSEKEAYEQAIAKGQEIINSENNPTISSTDINRTIQEINDAEQNLHGDNKLRQAQEIAKNEIQNLDGL
NSAQITKLIQDIGRTTTKPAVTQKLEEAKAINQAMQQLKQSIADKDATLNSSNYLNEDSEKKLAYDNAVSQAEQLINQLN
DPTMDISNIQAITQKVIQAKDSLHGANKLAQNQADSNLIINQSTNLNDKQKQALNDLINHAQTKQQVAEIIAQANKLNNE
MGTLKTLVEEQSNVHQQSKYINEDPQVQNIYNDSIQKGREILNGTTDDVLNNNKIADAIQNIHLTKNDLHGDQKLQKAQQ
DATNELNYLTNLNNSQRQSEHDEINSAPSRTEVSNDLNHAKALNEAMRQLENEVALENSVKKLSDFINEDEAAQNEYSNA
LQKAKDIINGVPSSTLDKATIEDALLELQNARESLHGEQKLQEAKNQAVAEIDNLQALNPGQVLAEKTLVNQASTKPEVQ
EALQKAKELNEAMKALKTEINKKEQIKADSRYVNADSGLQANYNSALNYGSQIIATTQPPELNKDVINRATQTIKTAENN
LNGQSKLAEAKSDGNQSIEHLQGLTQSQKDKQHDLINQAQTKQQVDDIVNNSKQLDNSMNQLQQIVNNDNTVKQNSDFIN
EDSSQQDAYNHAIQAAKDLITAHPTIMDKNQIDQAIENIKQALNDLHGSNKLSEDKKEASEQLQNLNSLTNGQKDTILNH
IFSAPTRSQVGEKIASAKQLNNTMKALRDSIADNNEILQSSKYFNEDSEQQNAYNQAVNKAKNIINDQPTPVMANDEIQS
VLNEVKQTKDNLHGDQKLANDKTDAQATLNALNYLNQAQRGNLETKVQNSNSRPEVQKVVQLANQLNDAMKKLDDALTGN
DAIKQTSNYINEDTSQQVNFDEYTDRGKNIVAEQTNPNMSPTNINTIADKITEAKNDLHGVQKLKQAQQQSINTINQMTG
LNQAQKEQLNQEIQQTQTRSEVHQVINKAQALNDSMNTLRQSITDEHEVKQTSNYINETVGNQTAYNNAVDRVKQIINQT
SNPTMNPLEVERATSNVKISKDALHGERELNDNKNSKTFAVNHLDNLNQAQKEALTHEIEQATIVSQVNNIYNKAKALNN
DMKKLKDIVAQQDNVRQSNNYINEDSTPQNMYNDTINHAQSIIDQVANPTMSHDEIENAINNIKHAINALDGEHKLQQAK
ENANLLINSLNDLNAPQRDAINRLVNEAQTREKVAEQLQSAQALNDAMKHLRNSIQNQSSVRQESKYINASDAKKEQYNH
AVREVENIINEQHPTLDKEIIKQLTDGVNQANNDLNGVELLDADKQNAHQSIPTLMHLNQAQQNALNEKINNAVTRTEVA
AIIGQAKLLDHAMENLEESIKDKEQVKQSSNYINEDSDVQETYDNAVDHVTEILNQTVNPTLSIEDIEHAINEVNQAKKQ
LRGKQKLYQTIDLADKELSKLDDLTSQQSSSISNQIYTAKTRTEVAQAIEKAKSLNHAMKALNKVYKNADKVLDSSRFIN
EDQPEKKAYQQAINHVDSIIHRQTNPEMDPTVINSITHELETAQNNLHGDQKLAHAQQDAANVINGLIHLNVAQREVMIN
TNTNATTREKVAKNLDNAQALDKAMETLQQVVAHKNNILNDSKYLNEDSKYQQQYDRVIADAEQLLNQTTNPTLEPYKVD
IVKDNVLANEKILFGAEKLSYDKSNANDEIKHMNYLNNAQKQSIKDMISHAALRTEVKQLLQQAKILDEAMKSLEDKTQV
VITDTTLPNYTEASEDKKEKVDQTVSHAQAIIDKINGSNVSLDQVRQALEQLTQASENLDGDQRVEEAKVHANQTIDQLT
HLNSLQQQTAKESVKNATKLEEIATVSNNAQALNKVMGKLEQFINHADSVENSDNYRQADDDKIIAYDEALEHGQDIQKT
NATQNETKQALQQLIYAETSLNGFERLNHARPRALEYIKSLEKINNAQKSALEDKVTQSHDLLELEHIVNEGTNLNDIMG
ELANAIVNNYAPTKASINYINADNLRKDNFTQAINNARDALNKTQGQNLDFNAIDTFKDDIFKTKDALNGIERLTAAKSK
AEKLIDSLKFINKAQFTHANDEIMNTNSIAQLSRIVNQAFDLNDAMKSLRDELNNQAFPVQASSNYINSDEDLKQQFDHA
LSNARKVLAKENGKNLDEKQIQGLKQVIEDTKDALNGIQRLSKAKAKAIQYVQSLSYINDAQRHIAENNIHNSDDLSSLA
NTLSKASDLDNAMKDLRDTIESNSTSVPNSVNYINADKNLQIEFDEALQQASATSSKTSENPATIEEVLGLSQAIYDTKN
ALNGEQRLATEKSKDLKLIKGLKDLNKAQLEDVTNKVNSANTLTELSQLTQSTLELNDKMKLLRDKLKTLVNPVKASLNY
RNADYNLKRQFNKALKEAKGVLNKNSGTNVNINDIQHLLTQIDNAKDQLNGERRLKEHQQKSEVFIIKELDILNNAQKAA
IINQIRASKDIKIINQIVDNAIELNDAMQGLKEHVAQLTATTKDNIEYLNADEDHKLQYDYAINLANNVLDKENGTNKDA
NIIIGMIQNMDDARALLNGIERLKDAQTKAHNDIKDTLKRQLDEIEHANATSNSKAQAKQMVNEEARKALSNINDATSND
LVNQAKDEGQSAIEHIHADELPKAKLDANQMIDQKVEDINHLISQNPNLSNEEKNKLISQINKLVNGIKNEIQQAINKQQ
IENATTKLDEVIETTKKLIIAKAEAKQMIKELSQKKRDAINNNTDLTPSQKAHALADIDKTEKDALQHIENSNSIDDINN
NKEHAFNTLAHIIIWDTDQQPLVFELPELSLQNALVTSEVVVHRDETISLESIIGAMTLTDELKVNIVSLPNTDKVADHL
TAKVKVILADGSYVTVNVPVKVVEKELQIAKKDAIKTIDVLVKQKIKDIDSNNELTSTQREDAKAEIERLKKQAIDKVNH
SKSIKDIETVKRTDFEEIDQFDPKRFTLNKAKKDIITDVNTQIQNGFKEIETIKGLTSNEKTQFDKQLTALQKEFLEKVE
HAHNLVELNQLQQEFNNRYKHILNQAHLLGEKHIAEHKLGYVVVNKTQQILNNQSASYFIKQWALDRIKQIQLETMNSIR
GAHTVQDVHKALLQGIEQILKVNVSIINQSFNDSLHNFNYLHSKFDARLREKDVANHIVQTETFKEVLKGTGVEPGKINK
ETQQPKLHKNDNDSLFKHLVDNFGKTVGVITLTGLLSSFWLVLAKRRKKEEEEKQSIKNHHKDIRLSDTDKIDPIVITKR
KIDKEEQIQNDDKHSIPVAKHKKSKEKQLSEEDIHSIPVVKRKQNSDNKDTKQKKVTSKKKKTPQSTKKVVKTKKRSKK

SEQ ID NO:16 secuencia polipeptídica

MRDKKGPVNKRVDFLSNKLNKYSIRKFTVGTASILIGSLMYLGTQQEAEAAENNIENPTTLKDNVQSKEVKIEEVTNKDT
APQGVEAKSEVTSNKDTIEHEASVKAEDISKKEDTPKEVANVAEVQPKSSVTHNAEAPKVRKARSVDEGSFDITRDSKNV
VESTPITIQGKEHFEGYGSVDIQKNPTDLGVSEVTRFNVGNESNGLIGALQLKNKIDFSKDFNFKVRVANNHQSNTTGAD
GWGFLFSKGNAEEYLTNGGILGDKGLVNSGGFKIDTGYIYTSSMDKTEKQAGQGYRGYGAFVKNDSSGNSQMVGENIDKS
KTNFLNYADNSTNTSDGKFHGQRLNDVILTYVASTGKMRAEYAGKTWETSITDLGLSKNQAYNFLITSSQRWGLNQGINA
NGWMRTDLKGSEFTFTPEAPKTITELEKKVEEIPFKKERKFNPDLAPGTEKVTREGQKGEKTITTPTLKNPLTGEIISKG
ESKEEITKDPINELTEYGPETIAPGHRDEFDPKLPTGEKEEVPGKPGIKNPETGDVVRPPVDSVTKYGPVKGDSIVEKEE
IPFEKERKFNPDLAPGTEKVTREGQKGEKTITTPTLKNPLTGEIISKGESKEEITKDPINELTEYGPETIAPGHRDEFDP
KLPTGEKEEVPGKPGIKNPETGDVVRPPVDSVTKYGPVKGDSIVEKEEIPFKKERKFNPDLAPGTEKVTREGQKGEKTIT

TPTLKNPLTGEIISKGESKEEITKDPINELTEYGPETITPGHRDEFDPKLPTGEKEEVPGKPGIKNPETGDVVRPPVDSV
TKYGPVKGDSIVEKEEIPFEKERKFNPDLAPGTEKVTREGQKGEKTITTPTLKNPLTGEIISKGESKEEITKDPVNELTE
FGGEKIPQGHKDIFDPNLPTDQTEKVPGKPGIKNPDTGKVIEEPVDDVIKHGPKTGTPETKTVEIPFETKREFNPKLQPG
EERVKQEGQPGSKTITTPITVNPLTGEKVGEGQPTEEITKQPVDKIVEFGGEKPKDPKGPENPEKPSRPTHPSGPVNPNN
PGLSKDRAKPNGPVHSMDKNDKVKKSKIAKESVANQEKKRAELPKTGLESTQKGLIFSSIIGIAGLMLLARRRKN

SEQ ID NO:17 secuencia polipeptídica

MGKRRQGPINKKVDFLPNKLNKYSIRKFTVGTASILLGSTLIFGSSSHEAKAAEEKQVDPITQANQNDSSERSLENTNQP
TVNNEAPQMSSTLQAEEGSNAEAPNVPTIKANSDNDTQTQFSEAPTRNDLARKEDIPAVSKNEELQSSQPNTDSKIEPTT
SEPVNLNYSSPFMSLLSMPADSSSNNTKNTIDIPPTTVKGRDNYDFYGRVDIQSNPTDLNATNLTRYNYGQPPGTTTAGA
VQFKNQVSFDKDFDFNIRVANNRQSNTTGADGWGFMFSKKDGDDFLKNGGILREKGTPSAAGFRIDTGYYNNDPLDKIQK
QAGQGYRGYGTFVKNDSQGNTSKVGSGTPSTDFLNYADNTTNDLDGKFHGQKLNNVNLKYNASNQTFTATYAGKTWTATL
SELGLSPTDSYNFLVTSSQYGNGNSGTYADGVMRADLDGATLTYTPKAVDGDPITSTKEIPFNKKREFDPNLAPGTEKVV
QKGEPGIETTTTPTYVNPNTGEKVGEGTPTTKITKQPVDEIVHYGGEEIKPGHKDEFDPNAPKGSQTTQPGKPGVKNPDT
GEVVTPPVDDVTKYGPVDGDPITSTEEIPFDKKREFNPDLKPGEERVKQKGEPGTKTITTPTTKNPLTGEKVGEGEPTEK
ITKQPVDEITEYGGEEIKPGHKDEFDPNAPKGSQEDVPGKPGVKNPDTGEVVTPPVDDVTKYGPVDGDPITSTEEIPFDK
KREFDPNLAPGTEKVVQKGEPGTKTITTPTTKNPLTGEKVGEGEPTEKITKQPVDEIVHYGGEEIKPGHKDEFDPNAPKG
SQEDVPGKPGVKNPDTGEVVTPPVDDVTKYGPVDGDPITSTEEIPFDKKREFNPDLKPGEERVKQKGEPGTKTITTPTTK
NPLTGEKVGEGEPTEKVTKQPVDEIVHYGGEEIKPGHKDEFDPNAPKGSQEDVPGKPGVKNPDTGEVVTPPVDDVTKYGP
VDGDPITSTEEIPFDKKREFDPNLAPGTEKVVQKGEPGTKTITTPTTKNPLTGEKVGEGEPTEKITKQPVDEIVHYGGEE
IKPGHKDEFDPNAPKGSQTTQPGKPGVKNPDTGEVVTPPVDDVTKYGPVDGDPITSTEEIPFDKKREFDPNLAPGTEKVV
QKGEPGTKTITTPTTKNPLTGEKVGEGEPTEKITKQPVDEIVHYGGEQIPQGHKDEFDPNAPVDSKTEVPGKPGVKNPDT
GEVVTPPVDDVTKYGPKVGNPITSTEEIPFDKKRVFNPDLKPGEERVKQKGEPGTKTITTPILVNPITGEKVGEGKSTEK
VTKQPVDEIVEYGPTKAEPGKPAEPGKPAEPGKPAEPGKPAEPGKPAEPGTPAEPGKPAEPGKPAEPGKPAEPGKPAEPG
TPAEPGKPAEPGKPAEPGKPAEPGTPAEPGKPAEPGTPAEPGKPAEPGTPTQSGAPEQPNRSMHSTDNKNQLPDTGENRQ
ANEGTLVGSLLAIVGSLFIFGRRKKGNEK

SEQ ID NO:18 secuencia polipeptídica

MKKLYTSYGTYGFLHQIKINNPTHQLFQFSASDTSVIFEETDGETVLKSPSIYEVIKEIGEFSEHHFYCAIFIPSTEDHA
YQLEKKLISVDDNFRNFGGFKSYRLLRPAKGTTYKIYFGFADRHAYEDFKQSDAFNDHFSKDALSHYFGSSGQHSSYFER
YLYPIKE

SEQ ID NO:19 secuencia polipeptídica

MYLYTSYGTYQFLNQIKLNHQERSLFQFSTNDSSIILEESEGKSILKHPSAYQVIDSTGEFNEHHFYSAIFVPTSEDHRQ
QLEKKLLLVDVPLRNFGGFKSYRLLKPTEGSTYKIYFGFANRTAYEDFKASDIFNENFSKDALSQYFGASGQHSSYFERY
LYPIEDH

SEQ ID NO:20 secuencia polipeptídica

MINRDNKKAITKKGMISNRLNKFSIRKYTVGTASILVGTTLIFGLGNQEAKAAENTSTENAKQDDATTSDNKEVVSETEN
NSTTENDSTNPIKKETNTDSQPEAKEESTTSSTQQQQNNVTATTETKPQNIEKENVKPSTDKTATEDTSVILEEKKAPNY
TNNDVTTKPSTSEIQTKPTTPQESTNIENSQPQPTPSKVDNQVTDATNPKEPVNVSKEELKNNPEKLKELVRNDNNTDRS
TKPVATAPTSVAPKRLNAKMRFAVAQPAAVASNNVNDLITVTKQTIKVGDGKDNVAAAHDGKDIEYDTEFTIDNKVKKGD
TMTINYDKNVIPSDLTDKNDPIDITDPSGEVIAKGTFDKATKQITYTFTDYVDKYEDIKARLTLYSYIDKQAVPNETSLN
LTFATAGKETSQNVSVDYQDPMVHGDSNIQSIFTKLDENKQTIEQQIYVNPLKKTATNTKVDIAGSQVDDYGNIKLGNGS
TIIDQNTEIKVYKVNPNQQLPQSNRIYDFSQYEDVTSQFDNKKSFSNNVATLDFGDINSAYIIKVVSKYTPTSDGELDIA
QGTSMRTTDKYGYYNYAGYSNFIVTSNDTGGGDGTVKPEEKLYKIGDYVWEDVDKDGVQGTDSKEKPMANVLVTLTYPDG
TTKSVRTDANGHYEFGGLKDGETYTVKFETPAGYLPTKVNGTTDGEKDSNGSSITVKINGKDDMSLDTGFYKEPKYNLGD
YVWEDTNKDGIQDANEPGIKDVKVTLKDSTGKVIGTTTTDASGKYKFTDLDNGNYTVEFETPAGYTPTVKNTTAEDKDSN
GLTTTGVIKDADNMTLDSGFYKTPKYSLGDYVWYDSNKDGKQDSTEKGIKDVKVTLLNEKGEVIGTTKTDENGKYRFDNL
DSGKYKVIFEKPAGLTQTVTNTTEDDKDADGGEVDVTITDHDDFILDNGYFEEDTSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDS
DSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDS
DSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDAGKHTPVKPMSTTKDHHNKAKALPETGSENNGSNNATLF
GGLFAALGSLLLFGRRKKQNK

SEQ ID NO:21 secuencia polipeptídica

MINKKNNLLTKKKPIANKSNKYAIRKFTVGTASIVIGATLLFGLGHNEAKAEENSVQDVKDSNTDDELSDSNDQSSDEEK
NDVINNNQSINTDDNNQIIKKEETNNYDGIEKRSEDRTESTTNVDENEATFLQKTPQDNTHLTEEEVKESSSVESSNSSI
DTAQQPSHTTINREESVQTSDNVEDSHVSDFANSKIKESNTESGKEENTIEQPNKVKEDSTTSQPSGYTNIDEKISNQDE
LLNLPINEYENKARPLSTTSAQPSIKRVTVNQLAAEQGSNVNHLIKVTDQSITEGYDDSEGVIKAHDAENLIYDVTFEVD

DKVKSGDTMTVDIDKNTVPSDLTDSFTIPKIKDNSGEIIATGTYDNKNKQITYTFTDYVDKYENIKAHLKLTSYIDKSKV
PNNNTKLDVEYKTALSSVNKTITVEYQRPNENRTANLQSMFTNIDTKNHTVEQTIYINPLRYSAKETNVNISGNGDEGST
IIDDSTIIKVYKVGDNQNLPDSNRIYDYSEYEDVTNDDYAQLGNNNDVNINFGNIDSPYIIKVISKYDPNKDDYTTIQQT
VTMQTTINEYTGEFRTASYDNTIAFSTSSGQGQGDLPPEKTYKIGDYVWEDVDKDGIQNTNDNEKPLSNVLVTLTYPDGT
SKSVRTDEDGKYQFDGLKNGLTYKITFETPEGYTPTLKHSGTNPALDSEGNSVWVTINGQDDMTIDSGFYQTPKYSLGNY
VWYDTNKDGIQGDDEKGISGVKVTLKDENGNIISTTTTDENGKYQFDNLNSGNYIVHFDKPSGMTQTTTDSGDDDEQDAD
GEEVHVTITDHDDFSIDNGYYDDESDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSD
SDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSD
SDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDNDSDLGNSSDKSTKDKLPDTGANEDYGSKGTLLGTLFAGL
GALLLGKRRKNRKNKN

SEQ ID NO:22 secuencia polipeptídica

MSNNFKDDFEKNRQSIDTNSHQDHTEDVEKDQSELEHQDTIENTEQQFPPRNAQRRKRRRDLATNHNKQVHNESQTSEDN
VQNEAGTIDDRQVESSHSTESQEPSHQDSTPQHEEEYYNKNAFAMDKSHPEPIEDNDKHETIKDAENNTEHSTVSDKSIA
EQSQQPKPYFATGANQANTSKDKHDDVTVKQDKDESKDHHSGKKGAAIGAGTAGVAGAAGAMGVSKAKKHSNDAQNKSNS
DKSNNSTEDKASQDKSKDHHNGKKGAAIGAGTAGLAGGAASKSASAASKPHASNNASQNHDEHDNHDRDKERKKGGMAKV
LLPLIAAVLIIGALAIFGGMALNNHNNGTKENKIANTNKNNADESKDKDTSKDASKDKSKSTDSDKSKEDQDKATKDESD
NDQNNANQANNQAQNNQNQQQANQNQQQQQQQRQGGGQRHTVNGQENLYRIAIQYYGSGSPENVEKIRRANGLSGNNIRNG
QQIVIP

SEQ ID NO:23 secuencia polipeptídica

MIELIKMEGMIVVSNNNFKDDFEKNRQSINPDEQQTELKEDDKTNENKKEADSQNSLSNNSNQQFPPRNAQRRKRRRETA
TNQSKQQDDKHQKNSDAKTTEGSLDDRYDEAQLQQQHDKSQQQNKTEKQSQDNRMKDGKDAAIVNGTSESPEHKSKSTQN
RPGPKAQQQKRKSESTQSKPSTNKDKKAATGAGIAGAAGVAGAAETSKRHHNKKDKQDSKHSNHENDEKSVKNDDQKQSK
KGKKAAVGAGAAAGVGAAGVAHHNNQNKHHNEEKNSNQNNQYNDQSEGKKKGGFMKILLPLIAAILILGAIAIFGGMALN
NHNDSKSDDQKIANQSKKDSDKKDGAQSEDNKDKKSDSNKDKKSDSDKNADDDSDNSSSNPNATSTNNNDNVANNNSNYT
NQNQQDNANQNSNNQQATQGQQSHTVYGQENLYRIAIQYYGEGTQANVDKIKRANGLSSNNIHNGQTLVIPQ

SEQ ID NO:24 secuencia polipeptídica

MKNKLIAKSLLTIAAIGITTTTIASTADASEGYGPREKKPVSINHNIVEYNDGTFKYQSRPKFNSTPKYIKFKHDYNILE
FNDGTFEYGARPQFNKPAAKTDATIKKEQKLIQAQNLVREFEKTHTVSAHRKAQKAVNLVSFEYKVKKMVLQERIDNVLK
QGLVR

SEQ ID NO:25 secuencia polipeptídica

MKTRIVSSVTTTLLLGSILMNPVANAADSDINIKTGTTDIGSNTTVKTGDLVTYDKENGMHKKVFYSFIDDKNHNKKLLV
IRTKGTIAGQYRVYSEEGANKSGLAWPSAFKVQLQLPDNEVAQISDYYPRNSIDTKEYMSTLTYGFNGNVTGDDTGKIGG
LIGANVSIGHTLKYVQPDFKTILESPTDKKVGWKVIFNNMVNQNWGPYDRDSWNPVYGNQLFMKTRNGSMKAAENFLDPN
KASSLLSSGFSPDFATVITMDRKASKQQTNIDVIYERVRDDYQLHWTSTNWKGTNTKDKWTDRSSERYKIDWEKEEMTN

SEQ ID NO:26 secuencia polipeptídica

MHMKNKYISKLLVGAATITLATMISNGEAKASENTQQTSTKHQTTQNNYVTDQQKAFYQVLHLKGITEEQRNQYIKTLRE
HPERAQEVFSESLKDSKNPDRRVAQQNAFYNVLKNDNLTEQEKNNYIAQIKENPDRSQQVWVESVQSSKAKERQNIENAD
KAIKDFQDNKAPHDKSAAYEANSKLPKDLRDKNNRFVEKVSIEKAIVRHDERVKSANDAISKLNEKDSIENRRLAQREVN
KAPMDVKEHLQKQLDALVAQKDAEKKVAPKVEAPQIQSPQIEKPKAESPKVEVPQSKLLGYYQSLKDSFNYGYKYLTDTY
KSYKEKYDTAKYYYNTYYKYKGAIDQTVLTVLGSGSKSYIQPLKVDDKNGYLAKSYAQVRNYVTESINTGKVLYTFYQNP
TLVKTAIKAQETASSIKNTLSNLLSFWK

SEQ ID NO:27 secuencia polipeptídica

MTKHYLNSKYQSEQRSSAMKKITMGTASIILGSLVYIGADSQQVNAATEATNATNNQSTQVSQATSQPINFQVQKDGSSE
KSHMDDYMQHPGKVIKQNNKYYFQTVLNNASFWKEYKFYNANNQELATTVVNDNKKADTRTINVAVEPGYKSLTTKVHIV
VPQINYNHRYTTHLEFEKAIPTLADAAKPNNVKPVQPKPAQPKTPTEQTKPVQPKVEKVKPTVTTTSKVEDNHSTKVVST
DTTKDQTKTQTAHTVKTAQTAQEQNKVQTPVKDVATAKSESNNQAVSDNKSQQTNKVTKHNETPKQASKAKELPKTGLTS
VDNFISTVAFATLALLGSLSLLLFKRKESK

SEQ ID NO:28 secuencia polipeptídica

MNKQQKEFKSFYSIRKSSLGVASVAISTLLLLMSNGEAQAAAEETGGTNTEAQPKTEAVASPTTTSEKAPETKPVANAVS
VSNKEVEAPTSETKEAKEVKEVKAPKETKAVKPAAKATNNTYPILNQELREAIKNPAIKDKDHSAPNSRPIDFEMKKENG
EQQFYHYASSVKPARVIFTDSKPEIELGLQSGQFWRKFEVYEGDKKLPIKLVSYDTVKDYAYIRFSVSNGTKAVKIVSST

HFNNKEEKYDYTLMEFAQPIYNSADKFKTEEDYKAEKLLAPYKKAKTLERQVYELNKIQDKLPEKLKAEYKKKLEDTKKA
LDEQVKSAITEFQNVQPTNEKMTDLQDTKYVVYESVENNESMMDTFVKHPIKTGMLNGKKYMVMETTNDDYWKDFMVEGQ
RVRTISKDAKNNTRTIIFPYVEGKTLYDAIVKVHVKTIDYDGQYHVRIVDKEAFTKANTDKSNKKEQQDNSAKKEATPAT
PSKPTPSPVEKESQKQDSQKDDNKQLPSVEKENDASSESGKDKTPATKPTKGEVESSSTTPTKVVSTTQNVAKPTTASSK
TTKDVVQTSAGSSEAKDSAPLQKANIKNTNDGHTQSQNNKNTQENKAKSLPQTGEESNKDMTLPLMALLALSSIVAFVLP
RKRKN

SEQ ID NO:29 secuencia polipeptídica

MNNKKTATNRKGMIPNRLNKFSIRKYSVGTASILVGTTLIFGLSGHEAKAAEHTNGELNQSKNETTAPSENKTTEKVDSR
QLKDNTQTATADQPKVTMSDSATVKETSSNMQSPQNATASQSTTQTSNVTTNDKSSTTYSNETDKSNLTQAKNVSTTPKT
TTIKQRALNRMAVNTVAAPQQGTNVNDKVHFTNIDIAIDKGHVNKTTGNTEFWATSSDVLKLKANYTIDDSVKEGDTFTF
KYGQYFRPGSVRLPSQTQNLYNAQGNIIAKGIYDSKTNTTTYTFTNYVDQYTNVSGSFEQVAFAKRENATTDKTAYKMEV
TLGNDTYSKDVIVDYGNQKGQQLISSTNYINNEDLSRNMTVYVNQPKKTYTKETFVTNLTGYKFNPDAKNFKIYEVTDQN
QFVDSFTPDTSKLKDVTGQFDVIYSNDNKTATVDLLNGQSSSDKQYIIQQVAYPDNSSTDNGKIDYTLETQNGKSSWSNS
YSNVNGSSTANGDQKKYNLGDYVWEDTNKDGKQDANEKGIKGVYVILKDSNGKELDRTTTDENGKYQFTGLSNGTYSVEF
STPAGYTPTTANAGTDDAVDSDGLTTTGVIKDADNMTLDSGFYKTPKYSLGDYVWYDSNKDGKQDSTEKGIKGVKVTLQN
EKGEVIGTTETDENGKYRFDNLDSGKYKVIFEKPAGLTQTGTNTTEDDKDADGGEVDVTITDHDDFTLDNGYYEEETSDS
DSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSESDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDS
DSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDNDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDS
DSDSDSDSDSDSDAGKHTPTKPMSTVKDQHKTAKALPETGSENNNSNNGTLFGGLFAALGSLLLFGRRKKQNK

SEQ ID NO:30 secuencia polipeptídica

MNMKKKEKHAIRKKSIGVASVLVGTLIGFGLLSSKEADASENSVTQSDSASNESKSNDSSSVSAAPKTDDTNVSDTKTSS
NTNNGETSVAQNPAQQETTQSSSTNATTEETPVTGEATTTTTNQANTPATTQSSNTNAEELVNQTSNETTSNDTNTVSSV
NSPQNSTNAENVSTTQDTSTEATPSNNESAPQNTDASNKDVVSQAVNPSTPRMRAFSLAAVAADAPAAGTDITNQLTDVK
VTIDSGTTVYPHQAGYVKLNYGFSVPNSAVKGDTFKITVPKELNLNGVTSTAKVPPIMAGDQVLANGVIDSDGNVIYTFT
DYVDNKENVTANITMPAYIDPENVTKTGNVTLTTGIGTNTASKTVLIDYEKYGQFHNLSIKGTIDQIDKTNNTYRQTIYV
NPSGDNVVLPALTGNLIPNTKSNALIDAKNTDIKVYRVDNANDLSESYYVNPSDFEDVTNQVRISFPNANQYKVEFPTDD
DQITTPYIVVVNGHIDPASTGDLALRSTFYGYDSNFIWRSMSWDNEVAFNNGSGSGDGIDKPVVPEQPDEPGEIEPIPED
SDSDPGSDSGSDSNSDSGSDSGSDSTSDSGSDSASDSDSASDSDSASDSDSASDSDSASDSDSASDSDSASDSDSASDSD
SASDSDSASDSDSASDSDSASDSDSASDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSD
SDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSD
SESDSDSDSDSDSESDSDSDSDSDSDSASDSDSGSDSDSSSDSDSDSTSDTGSDNDSDSDSNSDSESGSNNNVVPPNSPK
NGTNASNKNEAKDSKEPLPDTGSEDEANTSLIWGLLASLGSLLLFRRKKENKDKK

SEQ ID NO:31 secuencia polipeptídica

MKNNLRYGIRKHKLGAASVFLGTMIVVGMGQDKEAAASEQKTTTVEENGNSATDNKTSETQTTATNVNHIEETQSYNATV
TEQPSNATQVTTEEAPKAVQAPQTAQPANVETVKEEEKPQVKETTQPQDNSGNQRQVDLTPKKVTQNQGTETQVEVAQPR
TASESKPRVTRSADVAEAKEASDVSEVKGTDVTSKVTVESGSIEAPQGNKVEPHAGQRVVLKYKLKFADGLKRGDYFDFT
LSNNVNTYGVSTARKVPEIKNGSVVMATGEILGNGNIRYTFTNEIEHKVEVTANLEINLFIDPKTVQSNGEQKITSKLNG
EETEKTIPVVYNPGVSNSYTNVNGSIETFNKESNKFTHIAYIKPMNGNQSNTVSVTGTLTEGSNLAGGQPTVKVYEYLGK
KDELPQSVYANTSDTNKFKDVTKEMNGKLSVQDNGSYSLNLDKLDKTYVIHYTGEYLQGSDQVNFRTELYGYPERAYKSY
YVYGGYRLTWDNGLVLYSNKADGNGKNGQIIQDNDFEYKEDTAKGTMSGQYDAKQIIETEENQDNTPLDIDYHTAIDGEG
GYVDGYIETIEETDSSAIDIDYHTAVDSEVGHVGGYTESSEESNPIDFEESTHENSKHHADVVEYEEDTNPGGGQVTTES
NLVEFDEESTKGIVTGAVSDHTTIEDTKEYTTESNLIELVDELPEEHGQAQGPIEEITENNHHISHSGLGTENGHGNYGV
IEEIEENSHVDIKSELGYEGGQNSGNQSFEEDTEEDKPKYEQGGNIVDIDFDSVPQIHGQNKGDQSFEEDTEKDKPKYEH
GGNIIDIDFDSVPQIHGFNKHNEIIEEDTNKDKPNYQFGGHNSVDFEEDTLPKVSGQNEGQQTIEEDTTPPTPPTPEVPS
EPETPMPPTPEVPSEPETPTPPTPEVPSEPETPTPPTPEVPSEPETPTPPTPEVPSEPETPTPPTPEVPAEPGKPVPPAK
EEPKKPSKPVEQGKVVTPVIEINEKVKAVAPTKKAQSKKSELPETGGEESTNKGMLFGGLFSILGLALLRRNKKNNKA

SEQ ID NO:32 secuencia polipeptídica

MKKRIDYLSNKQNKYSIRRFTVGTTSVIVGATILFGIGNHQAQASEQSNDTTQSSKNNASADSEKNNMIETPQLNTTAND
TSDISANTNSANVDSTTKPMSTQTSNTTTTEPASTNETPQPTAIKNQATAAKMQDQTVPQEANSQVDNKTTNDANSIATN
SELKNSQTLDLPQSSPQTISNAQGTSKPSVRTRAVRSLAVAEPVVNAADAKGTNVNDKVTASNFKLEKTTFDPNQSGNTF
MAANFTVTDKVKSGDYFTAKLPDSLTGNGDVDYSNSNNTMPIADIKSTNGDVVAKATYDILTKTYTFVFTDYVNNKENIN
GQFSLPLFTDRAKAPKSGTYDANINIADEMFNNKITYNYSSPIAGIDKPNGANISSQIIGVDTASGQNTYKQTVFVNPKQ
RVLGNTWVYIKGYQDKIEESSGKVSATDTKLRIFEVNDTSKLSDSYYADPNDSNLKEVTDQFKNRIYYEHPNVASIKFGD
ITKTYVVLVEGHYDNTGKNLKTQVIQENVDPVTNRDYSIFGWNNENVVRYGGGSADGDSAVNPKDPTPGPPVDPEPSPDP
EPEPTPDPEPSPDPEPEPSPDPDPDSDSDSDSGSDSDSGSDSDSESDSDSDSDSDSDSDSDSESDSDSESDSDSDSDSDS
DSDSDSESDSDSDSDSDSDSDSESDSDSESDSESDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSESDSDSDS

DSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDS
DSDSRVTPPNNEQKAPSNPKGEVNHSNKVSKQHKTDALPETGDKSENTNATLFGAMMALLGSLLLFRKRKQDHKEKA

SEQ ID NO:33 secuencia polipeptídica

MKKQIISLGALAVASSLFTWDNKADAIVTKDYSKESRVNEKSKKGATVSDYYYWKIIDSLEAQFTGAIDLLEDYKYGDPI
YKEAKDRLMTRVLGEDQYLLKKKIDEYELYKKWYKSSNKNTNMLTFHKYNLYNLTMNEYNDIFNSLKDAVYQFNKEVKEI
EHKNVDLKQFDKDGEDKATKEVYDLVSEIDTLVVTYYADKDYGEHAKELRAKLDLILGDTDNPHKITNERIKKEMIDDLN
SIIDDFFMETKQNRPNSITKYDPTKHNFKEKSENKPNFDKLVEETKKAVKEADESWKNKTVKKYEETVTKSPVVKEEKKV
EEPQLPKVGNQQEVKTTAGKAEETTQPVAQPLVKIPQETIYGETVKGPEYPTMENKTLQGEIVQGPDFLTMEQNRPSLSD
NYTQPTTPNPILEGLEGSSSKLEIKPQGTESTLKGIQGESSDIEVKPQATETTEASQYGPRPQFNKTPKYVKYRDAGTGI
REYNDGTFGYEARPRFNKPSETNAYNVTTNQDGTVSYGARPTQNKPSETNAYNVTTHANGQVSYGARPTQKKPSKTNAYN
VTTHANGQVSYGARPTQKKPSKTNAYNVTTHANGQVSYGARPTYKKPSETNAYNVTTHANGQVSYGARPTQKKPSETNAY
NVTTHADGTATYGPRVTK

SEQ ID NO:67 secuencia polipeptídica

MKSNLRYGIRKHKLGAASVFLGTMIVVGMGQEKEAAASEQNNTTVEESGSSATESKASETQTTTNNVNT
IDETQSYSATSTEQPSKSTQVTTEEAPTTVQAPKVETEMKSQEDLPSEKVADKETTGTQVDIAQPSNVS
EIKPRMKRSADVTAVSEKEVAEEAKATGTDVTNKVEVTESSLEGHNKDSNIVNPHNAQRVTLKYKWKFG
EGIKAGDYFDFTLSDNVETHGISTLRKVPEIKS
STEDKVMANGQVINERTIRYTFTDYINNKKDLTAELNLNLFIDPTTVTKQGSQKVEVTLGQNKVSKEFD
IKYLDGVKDRMGVTVNGRIDTLNKEEGKFSHFAYVKPNNQSLTSVTVTGQVTSGYKQSANNPTVKVYKH
IGSDELAESVYAKLDDTSKFEDVTEKVNLSYTSNGGYTLNLGDLDNSKDYVIKYEGEYDQNAKDLNFRT
HLSGYHKYYPYYPYYPYYPVQLTWNNGVAFYSN
NAKGDGKDKPNDPIIEKSEPIDLDIKSEPPVEKHELTGTIEESNDSKPIDFEYHTAVEGAEGHAEGIIE
TEEDSIHVDFEESTHENSKHHADVVEYEEDTNPGGGQVTTESNLVEFDEESTKGIVTGAVSDHTTVEDT
KEYTTESNLIELVDELPEEHGQAQGPIEEITENNHHISHSGLGTENGHGNYGVIDEIEENSHVDIKSEL
GYEGGQNSGNQSFEEDTEEDKPKYEQGGNIVDI
DFDSVPQIHGQNNGNQSFEEDTEEDKPKYEQGGNIIDIDFDSVPQIHGFNKHNEIIEEDTNKDKPNYQF
GGHNSVDFEEDTLPKVSGQNEGQQTIEEDTTPPTPPTPEVPSEPETPTPPTPEVPSEPGEPTPPKPEVP
SEPETPVPPTPEVPSEPGKPVPPAKEEPKKPSKPVEQGKVVTPVIEINEKVKAVAPTKQKQSKKSELPE
TGGEESTNKGMLFGGLFSILGLVLLRRNKKNNK
A

SEQ ID NO:68 secuencia polipeptídica

MKFKSLITTTLALGVIASTGANFNTNEASAAAKPLDKSSSTLHHGHSNIQIPYTITVNGTSQNILSSLT
FNKNQNISYKD
IENKVKSVLYFNRGISDIDLRLSKQAEYTVHFKNGTKRVIDLKSGIYTADLINTSDIKAISVNVDTKKQ
PKDKAKANVQV
PYTITVNGTSQNILSNLTFNKNQNISYKDLEGKVKSVLESNRGITDVDLRLSKQAKYTVNFKNGTKKVI
DLKSGIYTANL
INSSDIKSININVDTKKHIENKAKRNYQVPYSINLNGTSTNILSNLSFSNKPWTNYKNLTSQIKSVLKH
DRGISEQDLKY
AKKAYYTVYFKNGGKRILQLNSKNYTANLVHAKDVKRIEITVKTGTKAKADRYVPYTIAVNGTSTPILS
KLKISNKQLIS
YKYLNDKVKSVLKSERGISDLDLKFAKQAKYTVYFKNGKKQVVNLKSDIFTPNLFSAKDIKKIDIDVKQ
YTKSKKKINKS
NNVKFPVTINKFENIVSNEFVFYNASKITINDLSIKLKSAMANDQGITKHDIGLAERAVYKVYFKNGSS
KYVDLKTEYKD
ERVFKATDIKKVDIELKF

SEQ ID NO: 69 secuencia polipeptídica

MNNKKTATNRKGMIPNRLNKFSIRKYSVGTASILVGTTLIFGLSGHEAKAAEHTNGELNQ
SKNETTAPSENKTTKKVDSRQLKDNTQTATADQPKVTMSDSATVKETSSNMQSPQNATAN
QSTTKTSNVTTNDKSSTTYSNETDKSNLTQAKDVSTTPKTTTIKPRTLNRMAVNTVAAPQ
QGTNVNDKVHFSNIDIAIDKGHVNQTTGKTEFWATSSDVLKLKANYTIDDSVKEGDTFTF
KYGQYFRPGSVRLPSQTQNLYNAQGNIIAKGIYDSTTNTTTYTFTNYVDQYTNVRGSFEQ
VAFAKRKNATTDKTAYKMEVTLGNDTYSEEIIVDYGNKKAQPLISSTNYINNEDLSRNMT
AYVNQPKNTYTKQTFVTNLTGYKFNPNAKNFKIYEVTDQNQFVDSFTPDTSKLKDVTDQF

DVIYSNDNKTATVDLMKGQTSSNKQYIIQQVAYPDNSSTDNGKIDYTLDTDKTKYSWSNS
YSNVNGSSTANGDQKKYNLGDYVWEDTNKDGKQDANEKGIKGVYVILKDSNGKELDRTTT
DENGKYQFTGLSNGTYSVEFSTPAGYTPTTANVGTDDAVDSDGLTTTGVIKDADNMTLDS
GFYKTPKYSLGDYVWYDSNKDGKQDSTEKGIKGVKVTLQNEKGEVIGTTETDENGKYRFD
NLDSGKYKVIFEKPAGLTQTGTNTTEDDKDADGGEVDVTITDHDDFTLDNGYYEEETSDS
DSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDS
DSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDS
DSDSDSDSDSDSDSDSDNDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDS
DSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDNDSDSDSDSDSDAGKHTPAKPMSTVKDQHKTAKALPE
TGSENNNSNNGTLFGGLFAALGSLLLFGRRKKQNK

SEQ ID NO: 70 secuencia polipeptídica

EENSVQDVKDSNTDDELSDSNDQSSDEEKNDVINNNQSINTDDNNQIIKKEETNNYDGIE
KRSEDRTESTTNVDENEATFLQKTPQDNTHLTEEEVKESSSVESSNSSIDTAQQPSHTTI
NREESVQTSDNVEDSHVSDFANSKIKESNTESGKEENTIEQPNKVKEDSTTSQPSGYTNI
DEKISNQDELLNLPINEYENKARPLSTTSAQPSIKRVTVNQLAAEQGSNVNHLIKVTDQS
ITEGYDDSEGVIKAHDAENLIYDVTFEVDDKVKSGDTMTVDIDKNTVPSDLTDSFTIPKI
KDNSGEIIATGTYDNKNKQITYTFTDYVDKYENIKAHLKLTSYIDKSKVPNNNTKLDVEY
KTALSSVNKTITVEYQRPNENRTANLQSMFTNIDTKNHTVEQTIYINPLRYSAKETNVNI
SGNGDEGSTIIDDSTIIKVYKVGDNQNLPDSNRIYDYSEYEDVTNDDYAQLGNNNDVNIN
FGNIDSPYIIKVISKYDPNKDDYTTIQQTVTMQTTINEYTGEFRTASYDNTIAFSTSSGQ
GQGDLPPEKTYKIGDYVWEDVDKDGIQNTNDNEKPLSNVLVTLTYPDGTSKSVRTDEDGK
YQFDGLKNGLTYKITFETPEGYTPTLKHSGTNPALDSEGNSVWVTINGQDDMTIDSGFYQ
TPKYSLGNYVWYDTNKDGIQGDDEKGISGVKVTLKDENGNIISTTTTDENGKYQFDNLNS
GNYIVHFDKPSGMTQTTTDSGDDDEQDADGEEVHVTITDHDDFSIDNGYYDDE

Figura 2

SEQ ID NO:34 secuencia de polinucleótidos

ATGTTACAAGTAACTGATGTGAGTTTACGTTTTGGAGATCGTAAACTATTTGAAGATGTAAATATTAAATTTACAGAAGG
TAATTGTTATGGATTAATTGGTGCGAATGGTGCAGGTAAATCAACATTCTTAAAAATATTATCTGGTGAATTAGATTCTC
AAACAGGACATGTTTCATTAGGTAAAAATGAACGTCTAGCTGTTTTAAAACAGGACCACTATGCTTATGAAGATGAACGC
GTGCTTGATGTTGTAATTAAAGGTCACGAACGTCTTTATGAGGTTATGAAAGAAAAAGATGAAATCTATATGAAGCCAGA
TTTCAGTGATGAAGATGGTATCCGTGCTGCTGAACTTGAAGGTGAATTTGCAGAAATGAATGGTTGGAATGCTGAAGCTG
ATGCTGCTAACCTTTTATCTGGTTTAGGTATCGATCCAACTTTACACGATAAAAAAATGGCTGAATTAGAAAACAACCAA
AAAATTAAAGTATTATTAGCGCAAAGTTTATTCGGTGAACCAGACGTACTATTACTGGATGAGCCTACTAACGGTCTCGA
TATTCCAGCAATCAGTTGGTTAGAAGATTTCTTAATTAACTTTGATAATACTGTTATCGTAGTATCGCATGACCGTCATT
TCTTAAATAATGTATGTACTCATATCGCTGATTTAGACTTCGGTAAAATTAAAGTTTATGTTGGTAACTATGATTTTTGG
TATCAATCTAGTCAGTTAGCTCAAAAGATGGCTCAAGAACAAAACAAGAAAAAAGAAGAAAAAATGAAAGAGTTACAGGA
CTTTATTGCACGTTTCTCAGCTAACGCTTCTAAATCTAAACAAGCAACAAGTCGTAAAAAACAACTTGAGAAAATTGAAT
TAGATGATATTCAACCATCATCAAGAAGATATCCTTTCGTTAAATTCACGCCTGAGCGTGAGATTGGTAACGACTTATTA
ATCGTTCAAAATCTTTCTAAAACAATTGACGGCGAAAAAGTATTAGATAATGTATCATTCACAATGAATCCAAATGATAA
AGCGATTTTAATTGGAGATAGTGAAATTGCAAAAACAACATTACTTAAAATATTAGCTGGCGAAATGGAACCAGACGAAG
GTTCATTTAAATGGGGTGTTACTACATCATTAAGTTACTTCCCTAAAGATAACTCAGAGTTCTTTGAGGGTGTAAATATG
AATCTCGTTGATTGGTTAAGACAATATGCTCCTGAAGATGAACAAACAGAAACATTTTTACGTGGTTTCTTAGGTCGTAT
GTTATTTAGTGGTGAAGAAGTTAAGAAAAAAGCTAGTGTGCTTTCAGGTGGAGAAAAAGTACGTTGTATGCTAAGTAAAA
TGATGTTATCAAGTGCGAATGTACTTTTACTTGACGAACCTACTAACCACTTAGACTTAGAAAGTATTACTGCTGTCAAT
GATGGTCTTAAATCATTTAAAGGTTCTATCATCTTTACTTCTTATGACTTCGAATTTATCAACACGATTGCAAACCGTGT
TATCGATTTAAATAAACAAGGCGGCGTTTCAAAAGAAATTCCATATGAAGAATACTTGCAAGAAATCGGCGTTTTAAAAT
AA

SEQ ID NO:35 secuencia de polinucleótidos

ATGTTACAAGTAACTGATGTAAGTTTACGTTTTGGTGATCGTAAACTATTTGAAGATGTAAATATAAAATTTACAGAGGG
TAATTGTTATGGATTAATTGGTGCAAATGGTGCTGGGAAATCTACATTCTTGAAGATTTTATCAGGCGAAATTGATTCAC
AGACTGGTCATGTATCTCTAGGTAAAGATGAGCGTTTGGCTGTGTTAAAACAAGATCATTTTGCTTATGAAGATGAACGT
GTTTTAGATGTTGTGATTAAAGGACATGAACGTTTGTATCAAGTGATGAAAGAGAAAGATGAAATTTATATGAAACCTGA
TTTCAGCGATGAGGACGGTATTCGCGCTGCAGAACTTGAAGGAGAATTTGCAGAAATGAACGGTTGGAATGCTGAAGCTG
ATGCTGCTAACTTATTATCAGGATTAGGCATAGAACCTGACTTACATGATAAAAATATGTCTGAACTTGAAAATAATCAA
AAAGTTAAGGTATTGTTAGCTCAAAGTTTATTTGGTGATCCTGACGTTCTTTTACTAGATGAGCCTACCAATGGTTTAGA
TATACCAGCAATAAGTTGGTTAGAAGACTTTTTAATTAATTTTGAAAATACTGTCATTGTCGTTTCGCATGACCGTCACT
TCTTAAATAATGTTTGTACTCATATTGCTGATTTAGACTTTGGCAAAATTAAACTTTATGTTGGTAACTATGATTTTTGG
TATCAATCAAGTCAATTAGCACAAAAAATGGCACAAGAACAAAATAAGAAAAAAGAAGAAAAAATGAAAGAGTTACAGGA
TTTCATCGCACGCTTCTCAGCAAATGCTTCTAAATCTAAACAGGCAACAAGTCGTAAGAAACAATTAGAAAAAATTGAAT
TAGATGATATCCAGCCATCATCTCGTAGATACCCTTACGTGAAATTTACTCCTGAACGTGAAATTGGAAATGATTTACTT
ACAGTAGAAAATCTTTCTAAAACAATTGACGGCGAAAAAGTACTAGACAATGTTTCATTCACTATGAATCCTAATGATAA
AGCTATTTTAGTTGGTGATAGCGAAATTGCTAAAACAACATTGTTAAAAATTTTAGCTGGAGAAATGGAACCAGATGAAG
GTACATTTAAATGGGGTGTAACGACATCTTTAAGTTACTTCCCTAAAGATAACTCTGAGTTCTTTGATGGTGTCGATATG
AATTTAGTTGAATGGTTACGTCAATACGCTCCAGAAGATGAACAAACTGAAACATTTTTACGTGGTTTCTTAGGTCGCAT
GTTATTTAGTGGTGAGGAAGTTAAGAAAAAAGCAAGCGTGCTTTCAGGTGGAGAAAAAGTACGTTGCATGTTAAGTAAAA
TGATGTTATCAAGTGCTAACGTACTTTTACTTGATGAGCCAACAAACCATTTAGATTTGGAAAGTATCACTGCTGTAAAT
GACGGATTAAAATCATTTAAAGGTTCTATCATCTTCACTTCTTATGATTTTGAATTTATTAATACAATCGCAAATCGAGT
GATTGACTTGAATCAAGCTGGTGCCCTTTCTAAAGAAGTACCTTATGAGGAATACTTACAAGAAATTGGTGTATTACAAA
ATAATTAA

SEQ ID NO:36 secuencia de polinucleótidos

ATGCCAATTATTACAGATGTTTACGCTCGCGAAGTCTTAGACTCTCGTGGTAACCCAACTGTTGAAGTAGAAGTATTAAC
TGAAAGTGGCGCATTTGGTCGTGCATTAGTACCATCAGGTGCTTCAACTGGTGAACACGAAGCTGTTGAATTACGTGATG
GAGACAAATCACGTTATTTAGGTAAAGGTGTTACTAAAGCAGTTGAAAACGTTAATGAAATCATCGCACCAGAAATTATT
GAAGGTGAATTTTCAGTATTAGATCAAGTATCTATTGATAAAATGATGATCGCATTAGACGGTACTCCAAACAAAGGTAA
ATTAGGTGCAAATGCTATTTTAGGTGTATCTATCGCAGTAGCACGTGCAGCAGCTGACTTATTAGGTCAACCACTTTACA
AATATTTAGGTGGATTTAATGGTAAGCAGTTACCAGTACCAATGATGAACATCGTTAATGGTGGTTCTCACTCAGATGCT
CCAATTGCATTCCAAGAATTCATGATTTTACCTGTAGGTGCTACAACGTTCAAAGAATCATTACGTTGGGGTACTGAAAT
TTTCCACAACTTAAAATCAATTTTAAGCAAACGTGGTTTAGAAACTGCAGTAGGTGACGAAGGTGGTTTCGCTCCTAAAT
TTGAAGGTACTGAAGATGCTGTTGAAACAATTATCCAAGCAATCGAAGCAGCTGGTTACAAACCAGGTGAAGAAGTATTC

TTAGGATTTGACTGTGCATCATCAGAATTCTATGAAAATGGTGTATATGACTACAGTAAGTTCGAAGGCGAACACGGTGC
AAAACGTACAGCTGCAGAACAAGTTGACTACTTAGAACAATTAGTAGACAAATATCCTATCATTACAATTGAAGACGGTA
TGGACGAAAACGACTGGGATGGTTGGAAACAACTTACAGAACGTATCGGTGACCGTGTACAATTAGTAGGTGACGATTTA
TTCGTAACAAACACTGAAATTTTAGCAAAAGGTATTGAAAACGGAATTGGTAACTCAATCTTAATTAAAGTTAACCAAAT
CGGTACATTAACTGAAACATTTGATGCAATCGAAATGGCTCAAAAAGCTGGTTACACAGCAGTAGTTTCTCACCGTTCAG
GTGAAACAGAAGATACAACAATTGCTGATATTGCTGTTGCTACAAACGCTGGTCAAATTAAAACTGGTTCATTATCACGT
ACTGACCGTATTGCTAAATACAATCAATTATTACGTATCGAAGATGAATTATTTGAAACTGCTAAATATGACGGTATCAA
ATCATTCTATAACTTAGATAAATAA

SEQ ID NO:37 secuencia de polinucleótidos

ATGCCAATTATTACAGATGTTTACGCTCGCGAAGTCTTAGACTCACGTGGTAACCCAACAGTTGAAGTTGAAGTATTAAC
TGAAAGCGGTGCTTTCGGACGTGCATTAGTACCTTCTGGTGCTTCTACTGGTGAACATGAAGCAGTTGAATTACGTGATG
GAGATAAATCACGTTATTTAGGTAAAGGTGTGACTAAAGCGGTAGAAAATGTTAACGAAATGATCGCACCAGAAATCGTT
GAAGGTGAATTTTCAGTTTTAGATCAAGTATCTATTGATAAAATGATGATTCAATTAGACGGTACACACAACAAAGGTAA
ATTAGGTGCAAATGCCATTTTAGGTGTTTCTATTGCCGTAGCTCGTGCAGCTGCTGACTTATTAGGTCAACCATTATATA
AATATTTAGGTGGATTTAATGGTAAACAATTGCCAGTACCTATGATGAATATTGTTAATGGTGGTTCTCACTCAGATGCA
CCAATTGCTTTCCAAGAGTTCATGATTTTACCTGTAGGTGCTGAGTCATTCAAAGAATCATTACGTTGGGGTGCAGAAAT
CTTCCATAACCTTAAATCAATCTTAAGTGAACGTGGTTTAGAAACTGCAGTAGGTGATGAAGGTGGTTTCGCTCCTAGAT
TTGAAGGCACTGAAGACGCTGTAGAAACTATTATTAAAGCTATCGAAAAAGCAGGATACAAACCAGGTGAAGATGTATTC
TTAGGATTTGACTGTGCTTCTTCTGAATTCTATGAAAATGGTGTTTATGATTACACTAAATTCGAAGGTGAACACGGTGC
TAAACGTAGTGCAGCAGAGCAAGTTGACTACTTAGAAGAATTAATTGGTAAATATCCAATCATCACTATTGAAGATGGTA
TGGATGAAAACGATTGGGAAGGTTGGAAACAATTAACTGATCGTATCGGTGATAAAGTTCAATTAGTTGGTGATGATTTA
TTCGTAACTAACACTGAAATTTTATCTAAAGGTATCGAACAAGGTATTGGTAACTCAATCTTAATCAAAGTAAACCAAAT
CGGTACATTAACTGAAACATTCGATGCTATTGAAATGGCTCAAAAAGCTGGATATACTGCGGTTGTATCTCACCGTTCTG
GTGAAACTGAAGATACTACAATTGCTGATATCGCAGTTGCTACAAATGCAGGCCAAATTAAAACAGGTTCATTATCTAGA
ACTGACCGTATTGCTAAATACAATCAATTATTACGTATTGAAGATGAATTATACGAAACAGCTAAATTTGAAGGAATTAA
ATCTTTCTACAATTTAGATAAATAA

SEQ ID NO:38 secuencia de polinucleótidos

ATGAAAAAAATCGTTACAGCTACAATCGCTACAGCAGGACTTGCCACTATCGCATTTGCAGGACATGATGCACAAGCCGC
AGAACAAAATAACAATGGATATAATTCTAATGACGCTCAATCATACAGCTATACGTATACAATTGATGCACAAGGTAATT
ATCATTACACTTGGACAGGAAATTGGAATCCAAGTCAATTAACGCAAAACAACACATACTACTACAACAACTACAATACT
TATAGTTATAACAATGCATCTTACAATAACTACTATAATCATTCATATCAATACAATAACTATACAAACAATAGCCAAAC
AGCAACAAATAACTATTATACTGGTGGTTCAGGTGCAAGTTATAGCACAACAAGTAATAATGTTCATGTGACTACAACTG
CAGCGCCATCTTCAAATGGTCGTTCAATTTCTAATGGTTATGCATCAGGAAGTAACTTATATACTTCAGGACAATGTACT
TATTATGTATTTGATCGTGTTGGTGGGAAAATTGGTTCAACATGGGGTAACGCAAGTAATTGGGCTAACGCAGCTGCATC
ATCTGGCTATACAGTGAACAATACACCAAAAGTTGGTGCTATCATGCAAACAACACAAGGCTATTACGGTCATGTTGCTT
ACGTTGAAGGCGTTAACAGCAACGGTTCTGTTCGTGTTTCAGAAATGAACTATGGACATGGTGCTGGTGTGGTTACGTCT
CGTACAATTTCAGCAAACCAAGCAGGTTCATATAATTTCATTCATTAA

SEQ ID NO:39 secuencia de polinucleótidos

ATGAAGAAAATCGCTACAGCTACTATCGCAACTGCAGGATTCGCTACAATCGCAATTGCATCAGGAAATCAAGCTCATGC
TTCTGAGCAAGATAACTACGGTTATAATCCAAACGACCCAACATCATATAGCTATACTTACACTATTGATGCACAAGGTA
ACTACCATTACACATGGAAAGGTAACTGGCATCCAAGTCAATTAAACCAAGATAATGGCTACTACAGCTATTACTACTAC
AATGGCTACAATAACTACAACAATTACAACAATGGTTATAGCTACAATAATTACAGCCGTTACAACAACTACTCAAATAA
TAATCAATCATATAACTACAATAACTATAATAGTTACAACACAAACAGCTACCGTACTGGTGGTTTAGGTGCAAGCTACA
GCACTTCAAGCAACAATGTTCAAGTAACTACAACTATGGCTCCATCATCAAATGGCCGTTCAATCTCAAGTGGTTATACT
TCAGGACGTAACTTATACACTTCTGGTCAATGTACATACTACGTATTTGATCGTGTAGGTGGTAAAATCGGTTCAACTTG
GGGCAATGCAAGTAACTGGGCTAACGCAGCTGCAAGAGCTGGTTACACAGTGAACAATACACCAAAAGCTGGTGCAATTA
TGCAAACAACTCAAGGTGCATACGGTCACGTTGCATACGTTGAAAGTGTTAACAGCAATGGTTCAGTAAGAGTTTCAGAA
ATGAACTATGGTTATGGCCCAGGTGTTGTAACTTCACGTACAATCTCAGCTAGCCAAGCTGCTGGTTATAACTTCATTCA
CTAA

SEQ ID NO:40 secuencia de polinucleótidos

ATGAAAAAAATCGCTACAGCTACAATTGCAACTGCAGGAATCGCTACTTTCGCATTTGCACACCATGACGCACAAGCAGC
AGAACAAAATAATGATGGGTACAATCCAAACGACCCTTATTCATATAGCTACACTTACACAATCGATGCTGAAGGTAACT
ACCACTACACTTGGAAAGGTAACTGGAGTCCAGATCGTGTAAATACTTCATATAACTATAATAATTATAATAACTACAAC
TACTATGGTTACAATAACTATAGCAACTACAATAACTACAGTAATTACAACAATTACAACAACTATCAATCAAACAACAC
GCAATCACAAAGAACAACTCAACCGACTGGTGGTTTAGGCGCAAGCTATTCAACATCAAGTAGTAATGTTCACGTTACAA

CAACTTCTGCGCCATCATCAAACGGTGTATCTTTATCAAACGCTCGCTCAGCATCTGGTAACTTATACACTTCAGGTCAA
TGTACATATTATGTATTTGACAGAGTAGGTGGCAAAATCGGTTCAACGTGGGGTAACGCAAACAACTGGGCAAACGCTGC
AGCACGTTCTGGTTACACAGTAAACAATTCGCCTGCTAAAGGTGCAATCTTACAAACGTCACAAGGTGCATACGGACACG
TAGCATACGTTGAAGGTGTAAACAGCAATGGTTCAATCAGAGTTTCAGAAATGAACTACGGTCACGGTGCAGGTGTTGTC
ACTTCACGTACAATCTCTGCGAGCCAAGCTGCTTCATATAACTATATTCACTAA

SEQ ID NO:41 secuencia de polinucleótidos

ATGAAAAAATTAGTACCTTTATTATTAGCCTTATTACTTCTAGTTGCTGCATGTGGTACTGGTGGTAAACAAAGCAGTGA
TAAGTCAAATGGCAAATTAAAAGTAGTAACGACGAATTCAATTTTATATGATATGGCTAAAAATGTTGGTGGAGACAACG
TCGATATTCATAGTATTGTACCTGTTGGTCAAGATCCTCATGAATATGAAGTTAAACCTAAAGATATTAAAAAGTTAACT
GACGCTGACGTTATTTTATACAACGGATTAAATTTAGAGACTGGTAACGGTTGGTTTGAAAAAGCCTTAGAACAGGCTGG
TAAATCATTAAAAGATAAAAAAGTTATCGCAGTATCAAAAGATGTTAAACCTATCTATTTAAACGGTGAAGAAGGCAACA
AAGATAAACAAGATCCACACGCATGGTTAAGTTTAGATAATGGTATTAAATACGTAAAAACAATTCAACAAACATTTATC
GATAACGACAAAAAACATAAAGCAGATTATGAAAAGCAAGGTAACAAATACATTGCTCAATTGGAAAAATTAAATAATGA
CAGTAAAGACAAATTTAATGACATTCCAAAAGAACAACGTGCCATGATTACAAGTGAAGGTGCCTTCAAGTACTTCTCAA
AACAATACGGTATTACACCAGGTTATATTTGGGAAATTAACACTGAAAAACAAGGTACACCTGAACAAATGAGACAAGCT
ATTGAGTTTGTTAAAAAGCACAAATTAAAACACTTATTAGTAGAAACAAGTGTTGATAAGAAAGCAATGGAAAGTTTATC
TGAAGAAACGAAGAAAGATATCTTTGGTGAAGTGTACACAGATTCAATCGGTAAAGAAGGCACTAAAGGTGACTCTTACT
ACAAAATGATGAAATCAAATATTGAAACTGTACACGGAAGCATGAAATAA

SEQ ID NO:42 secuencia de polinucleótidos

GTGAAAAAAATTCTCGCTTTAGCAATAGCATTTTTAATTATCCTTGCCGCATGTGGGAATCACAGTAACCATGAACATCA
CTCACATGAAGGAAAATTAAAAGTTGTAACTACAAACTCTATTCTCTATGACATGGTTAAACGTGTCGGTGGAAATAAGG
TCGATGTTCATAGCATCGTTCCAGTAGGACAAGACCCACATGAATATGAGGTTAAACCTAAAGATATTAAAGCATTAACA
GATGCTGACGTTGTATTTTATAACGGTTTAAACCTAGAAACTGGAAATGGTTGGTTTGAAAAAGCACTTGACCAAGCAGG
AAAATCAACAAAAGATAAAAATGTGATAGCAGCATCAAATAATGTTAAACCAATATACTTAAATGGTGAGGAAGGTAACA
AAAACAAACAAGATCCACATGCATGGTTAAGTTTAGAGAATGGAATTAAATACGTAAAAACAATACAAAAATCACTAGAA
CATCATGATAAAAAAGATAAGTCTACATATGAAAAACAAGGGAATGCATATATATCAAAATTAGAAGAACTTAATAAAGA
TAGTAAAAATAAATTTGATGACATACCCAAAAATCAACGTGCCATGATGACAAGTGAAGGTGCATTTAAATATTTTGCTC
AACAATTCGATGTTAAACCAGGTTATATTTGGGAGATAAACACAGAAAAACAAGGTACACCTGGTCAAATGAAACAAGCC
ATTAAATTTGTTAAAGATAATCATTTAAAACATTTATTAGTCGAAACAAGCGTAGATAAAAAAGCTATGCAAAGTTTATC
AGAAGAAACTAAGAAAGATATTTATGGTGAAGTATTTACCGACTCTATAGGTAAGGAAGGTACTAAAGGTGACTCATACT
ATAAAATGATGAAATCTAATATTGATACAATACATGGTAGTATGAAATAA

SEQ ID NO:43 secuencia de polinucleótidos

ATGAAAAAGACAATTATGGCATCATCATTAGCAGTGGCATTAGGTGTAACAGGTTACGCAGCAGGTACAGGACATCAAGC
ACACGCTGCTGAAGTAAACGTTGATCAAGCACACTTAGTTGACTTAGCGCATAATCACCAAGATCAATTAAATGCAGCTC
CAATCAAAGATGGTGCATATGACATCCACTTTGTAAAAGATGGTTTCCAATATAACTTTACTTCAAATGGTACTACATGG
TCATGGAGCTATGAAGCAGCTAATGGTCAAACTGCTGGTTTCTCAAACGTTGCAGGTGCAGACTACACTACTTCATACAA
CCAAGGTTCAGATGTACAATCAGTAAGCTACAATGCACAATCAAGTAACTCAAACGTTGAAGCTGTTTCAGCTCCAACTT
ACCATAACTACAGCACTTCAACTACTTCAAGTTCAGTGAGATTAAGCAATGGTAATACTGCAGGTGCTACTGGTTCATCA
GCAGCTCAAATCATGGCTCAACGTACTGGTGTTTCAGCTTCTACATGGGCTGCAATCATCGCTCGTGAATCAAATGGTCA
AGTAAATGCTTACAACCCATCAGGTGCTTCAGGTTTATTCCAAACTATGCCAGGTTGGGGTCCGACAAACACTGTTGACC
AACAAATCAACGCAGCTGTTAAAGCATACAAAGCACAAGGTTTAGGTGCTTGGGGATTCTAA

SEQ ID NO:44 secuencia de polinucleótidos

ATGAAAAAAACAGTTATCGCTTCTACATTAGCAGTATCTTTAGGAATTGCAGGTTACGGTTTATCAGGACATGAAGCACA
CGCTTCAGAAACTACAAACGTTGATAAAGCACACTTAGTAGATTTAGCACAACATAATCCTGAAGAATTAAATGCTAAAC
CAGTTCAAGCTGGTGCTTACGATATTCATTTCGTAGACAATGGATACCAATACAACTTCACTTCAAATGGTTCTGAATGG
TCATGGAGCTACGCTGTAGCTGGTTCAGATGCTGATTACACAGAATCATCATCAAACCAAGAAGTAAGTGCAAATACACA
ATCTAGTAACACAAATGTACAAGCTGTTTCAGCTCCAACTTCTTCAGAAAGTCGTAGCTACAGCACATCAACTACTTCAT
ACTCAGCACCAAGCCATAACTACAGCTCTCACAGTAGTTCAGTAAGATTATCAAATGGTAATACTGCTGGTTCTGTAGGT
TCATATGCTGCTGCTCAAATGGCTGCACGTACTGGTGTATCTGCTTCAACATGGGAACACATCATTGCTAGAGAATCAAA
TGGTCAATTACATGCACGTAATGCTTCAGGTGCTGCTGGATTATTCCAAACTATGCCAGGTTGGGGTTCAACTGGTTCAG
TAAATGATCAAATCAATGCCGCTTATAAAGCATATAAAGCACAAGGTTTATCTGCTTGGGGTATGTAA

SEQ ID NO:45 secuencia de polinucleótidos

GTGAATTATCGTGATAAAATTCAAAAGTTTAGTATTCGTAAATATACAGTTGGTACATTTTCAACTGTCATTGCGACATT
GGTATTTTTAGGATTCAATACATCACAAGCACATGCTGCTGAAACAAATCAACCAGCAAGCGTGGTTAAACAGAAACAAC

AAAGTAATAATGAACAGACTGAGAATCGAGAATCTCAAGTACAAAATTCTCAAAATTCACAAAATAGTCAATCATTATCC
GCTACTCATGAAAATGAGCAACCAAATAATAGTCAAGCTAATTTAGTAAATCAAAAAGTAGCGCAATCATCTACTACTAA
TGATGAACAACCAGCATCTCAAAATGTAAATACAAAGAAAGATTCGGCAACGGCTGCGACAACACAACCAGATAAAGAAG
AAAGTAAGCATAAACAAAACGAAAGTCAATCTGCTAATAAAAATGGAAACGACAATAGAGCGGCTCATGTAGAAAATCAT
GAAGCAAATGTAGTAACAGCTTCAGATTCATCTGATAATGGTAACGTACAACATGACCGAAATGAATTACAAGCATTTTT
TGATGCAAATTATCATGATTATCGCTTTATTGACCGTGAAAATGCAGATTCTGGCACATTTAACTATGTAAAAGGCATTT
TTGACAAGATTAATACTTTATTAGGCAGTAATGATCCAATTAACAATAAAGACTTGCAACTTGCATACAAAGAATTGGAA
CAAGCTGTTGCTTTAATTCGTACAATGCCTCAACGTCAACAAACTAGCCGTCGATCAAACAGAATTCAAACGCGTTCTGT
TGAGTCTAGAGCTGCAGAGCCTAGATCAGTATCAGACTATCAAAATGCAAATTCATCATATTATGTTGAAAATGCTAATG
ATGGTTCAGGATATCCTGTAGGTACATATATCAATGCTTCTAGTAAAGGGGCGCCATATAATTTACCAACTACACCATGG
AATACATTGAAGGCCTCTGACTCAAAGGAAATTGCTCTTATGACAGCGAAACAAACTGGAGATGGCTACCAATGGGTTAT
TAAGTTTAATAAAGGACATGCTCCACATCAAAATATGATTTTCTGGTTTGCATTACCAGCAGACCAAGTGCCAGTAGGAA
GAACTGACTTTGTAACAGTTAATTCAGATGGAACAAATGTACAATGGAGTCATGGAGCAGGAGCAGGTGCAAATAAACCA
CTTCAACAAATGTGGGAATATGGAGTAAATGATCCTGATCGTTCACATGACTTTAAAATAAGAAATAGAAGTGGCCAAGT
AATATATAGCTGGCCAACTGTCCATGTTTATTCTTTAGAAGATTTATCTAGAGCGAGTGATTATTTTAGTGAAGCTGGAG
CGACACCTGCTACTAAAGCATTTGGTAGACAAAATTTTGAATATATTAATGGTCAAAAACCTGCTGAATCACCGGGTGTT
CCTAAAGTTTATACTTTCATCGGTCAAGGTGATGCAAGTTATACAATTTCATTTAAAACACAAGGTCCAACTGTTAATAA
ATTGTATTATGCAGCAGGTGGGCGTGCTTTAGAGTACAATCAATTATTTATGTACAGTCAACTATACGTCGAATCAACGC
AAGACCATCAACAACGTCTTAATGGTTTAAGACAAGTGGTTAATCGTACATATCGCATAGGTACAACTAAACGTGTAGAA
GTGAGTCAAGGAAATGTACAAACGAAAAAGGTATTAGAAAGTACAAACCTAAATATAGATGATTTTGTTGATGATCCTTT
AAGTTATGTTAAGACGCCGAGTAATAAAGTGTTAGGTTTTTACCCAACTAATGCAAATACTAACGCTTTTAGACCGGGGG
GCGTTCAAGAATTAAATGAATATCAATTAAGTCAATTATTTACTGATCAAAAATTACAAGAAGCAGCAAGAACTAGAAAC
CCAATAAGATTAATGATTGGTTTCGACTATCCTGATGGTTATGGTAATAGTGAAACTTTAGTTCCTGTTAACTTAACGGT
ATTACCTGAAATCCAACATAATATTAAATTCTTTAAAAATGACGATACTCAAAATATTGCTGAAAAACCATTTTCAAAAC
AAGCTGGGCATCCAGTTTTCTATGTATATGCAGGTAACCAAGGGAATGCTTCCGTGAATTTAGGTGGTAGCGTAACATCT
ATTCAACCATTACGTATTAATTTAACAAGTAATGAGAATTTTACAGATAAAGATTGGCAAATTACAGGTATTCCGCGTAC
ATTACACATTGAAAACTCGACAAATAGAACTAATAATGCTAGAGAACGTAACATTGAACTTGTTGGTAATTTATTACCAG
GGGATTACTTTGGTACGATACGTTTTGGACGTAAAGAACAATTATTTGAAATTCGTGTTAAACCACATACACCAACAATT
ACAACGACAGCTGAGCAATTAAGAGGTACAGCATTACAAAAAGTGCCTGTTAATATTTCGGGAATACCGTTGGATCCATC
GGCATTGGTTTATTTAGTTGCACCAACAAATCAAACTACGAATGGTGGTAGTGAGGCAGATCAAATACCATCTGGTTATA
CGATACTTGCGACTGGTACACCTGATGGGGTGCATAATACAATTACTATACGACCGCAAGATTATGTTGTATTCATACCA
CCTGTAGGTAAACAAATTAGAGCAGTAGTTTATTATAATAAAGTAGTTGCATCTAATATGAGTAATGCTGTTACTATTTT
GCCAGATGACATTCCACCAACAATCAATAATCCTGTTGGAATAAATGCCAAATACTATCGAGGCGACGAAGTCAACTTTA
CAATGGGAGTCTCTGATAGACATTCTGGTATAAAAAATACAACTATTACTACTTTGCCAAGTGGTTGGACATCAAATTTA
ACTAAATCCGACAACAAAAACGGCTCATTAGCTATTACAGGTAGAGTCTCTATGAATCAGGCATTTAACAGTGATATTAC
ATTTAAAGTATCAGCGACAGACAATGTCAATAATACGACAAATGATAGTCAATCTAAACATGTGTCAATTCATGTAGGTA
AAATTAGTGAAGATGCTCATCCGATTGTATTAGGAAATACTGAGAAAGTTGTAGTAGTCAATCCGACTGCTGTATCTAAT
GATGAAAAGCAAAGCATAATTACTGCCTTTATGAATAAAAACCAAAATATAAGAGGATATTTAGCATCAACTGATCCAGT
AACTGTCGATAATAATGGTAACGTCACATTACATTACCGTGATGGCTCATCAACAACGCTTGATGCTACAAATGTGATGA
CATACGAACCAGTTGTGAAATCTGAATATCAAACTGCCAATGCTGCTAAAACAGCAACGGTAACGATTGCTAAAGGACAA
TCATTTAATATTGGTGATATTAAACAATATTTTACTTTAAGTAATGGACAAGCTATTCCAAATGGCACATTTACAAATAT
TACATCTGATAGAACTATTCCAACTGCACAAGAAGTTAGTCAAATGAATGCAGGTACGCAGTTATATCATATAGTTGCTT
CAAATGCATATCATAAAGACACTGAAGATTTCTATATTAGTTTAAAAATCGTTGATGTGAAACAACCTGAAGGCGATCAA
CGTGTCTATCGTACGTCAACATATGATTTAACCACTGATGAAATCTCAAAAGTAAAACAAGCTTTTATTAATGCAAATAG
AGATGTAATTACGCTTGCCGAAGGTGATATTTCAGTTACAAATACACCTAATGGTGCTAATGTAAGTACTATTACAGTAA
ATATTAATAAAGGTCGATTAACGAAATCATTCGCGTCTAACCTAGCTAATATGAATTTCTTGCGTTGGGTTAATTTCCCA
CAAGATTATACAGTGACATGGACGAATGCAAAAATTGCAAACAGACCAACAGATGGTGGTTTATCATGGTCCGATGACCA
TAAATCTTTAATTTATCGTTATGATGCTACATTAGGCACACAAATTACAACTAATGATATTTTAACGATGCTAAAAGCGA
CTACTACAGTGCCTGGATTGCGTAATAATATTACTGGTAATGAAAAAGCACAAGCAGAAGCAGGTGGAAGACCAAACTAT
AGAACAACTGGTTATTCACAATCAAATGCGACAACTGATGGTCAACGTCAATTTACGTTGAATGGTCAAGTGATTCAAAT
ATTAGACATCATCAACCCTTCAAACGGTTATGGTGGGCAACCTGTTACAAATTCAAATACTCGTGCAAACCATAGTAACT
CAACTGTTGTTAACGTAAACGAACCGGCAGCTAATGGTGCTGGCGCATTTACAATTGACCACGTTGTAAAAAGTAATTCT
ACACATAATGCAAGTGATGCAGTTTATAAAGCGCAGTTATACTTAACGCCATATGGTCCAAAACAATATGTTGAACATTT
AAATCAAAATACAGGAAATACTACTGACGCTATTAACATTTATTTTGTACCAAGTGACTTAGTGAATCCAACAATTTCAG
TAGGTAATTACACTAATCATCAAGTGTTCTCAGGTGAAACATTTACAAATACGATTACAGCGAATGATAACTTTGGTGTG
CAATCGGTAACTGTACCAAATACATCACAAATTACAGGTACTGTTGATAATAACCATCAACATGTTTCTGCAACGGCACC
AAATGTGACATCAGCAACTAGTAAGACAATCAATTTATTAGCAACTGATACAAGTGGTAATACAGCTACAACTTCATTCA
ATGTAACAGTGAAACCTTTGCGTGATAAATATCGAGTTGGTACTTCATCAACGGCTGCTAATCCTGTTAGAATTGCCAAT
ATTTCGAATAATGCGACAGTATCACAAGCTGATCAAACGACAATTATTAATTCGTTAACGTTTACAAGTAATGCACCAAA
TAGAAACTATGCAACAGCAAGCGCAAATGAAATCACTAGTAAAACAGTTAGTAATGTCAGTCGTACTGGAAATAATGCCA
ATGTCACAGTAACTGTTACTCATCAAGATGGAACAACATCAACAGTGACTGTACCTGTAAAGCATGTCATTCCAGAAATC

GTTGCACATTCGCATTACACTGTACAAGGCCAAGACTTCCCAGCAGGTAATGGTTCTAGTGCAGCAGATTACTTTAAGTT
ATCTAATGGTAGTGCCATTCCAGATGCAACGATTACATGGGTAAGTGGACAAGCGCCAAATAAAGATAATACACGTATTG
GTGAAGATATAACAGTAACTGCACATATCTTAATTGATGGCGAAACAACGCCGATTACGAAAACAGCAACATATAAAGTA
GTAAGAACTGTACCGAAACATGTCTTTGAAACAGCCAGAGGTGTTTTATACCCAGGTGTTTCAGATATGTATGATGCGAA
ACAATATGTTAAGCCAGTAAATAATTCTTGGTCGACAAATGCGCAACATATGAATTTTCAATTTGTTGGAACATATGGTC
CTAACAAAGATGTTGTAGGTATATCAACGCGTCTTATTAGAGTGACTTATGATAATAGACAAACTGAAGATTTAACTATT
TTATCTAAAGTTAAACCTGACCCACCAAGAATTGACGCAAACTCTGTGACATATAAAGCAGGTCTTACAAACCAAGAAAT
TAAAGTTAATAACGTATTAAATAACTCGTCAGTAAAATTATTTAAAGCAGATAATACACCATTAAATGTCACAAATATTA
CTCATGGTAGTGGTTTTAGTTCGGTTGTGACAGTAAGTGACGCGTTACCAAATGGCGGAATTAAAGCAAAATCTTCAATT
TCAATGAACAATGTGACGTATACGACGCAAGACGAACATGGTCAAGTTGTTACAGTAACAAGAAATGAATCTGTTGATTC
AAATGATAGTGCTTCTGTTACAGTAACACCACAATTACAAGCAACTACTGAAGGCGCTGTATTTATTAAAGGTGGCGACG
GTTTTGATTTCGGTCATGTAGAACGATTTATTCAAAATCCGCCACATGGGGCAACGGTCGCATGGCATGATAGTCCAGAT
ACATGGAAGAATACAGTCGGCAACACACATAAAACTGCGGTTGTAACATTACCTAGTGGTCAAGGTACGCGTAATGTTGA
AGTTCCAGTCAAAGTTTATCCAGTTGCTAATGCTAAGGCGCCATCACGTGATGTGAAAGGTCAAAATTTGACACATGGTA
CAAACGCTATTGATTACATTACATTTGATCCAAATACTAATACGAATGGTATTACAGCAGCATGGGCAAATAGACAACAA
CCAAATAACCAGCAAGCAGGCGTTCAACATTTAAATGTCGATGTCACATATCCAGGTATTTCAGCTGCTAAACGAGTTCC
TGTAACTGTGAACGTATATCAATTTGAATTCCCTCAAACTACTTATACAACAACAGTTGGTGGCACTTTAGCAAGTGGTA
CGCAAGCATCAGGATATGCACATATGCAAAACGCTTCAGGTTTACCAACAGATGGATTTACGTATAAATGGAATCGTGAT
ACTACGGGTACAAACGATGCAAACTGGGCAGCAATGAATAAACCAAATACTGCACAAGTCGTTAATGCAAAATATGATGT
CATCTATAATGGACATACATTTGCAACATCTTTACCAGCGAAATTTGTAGTAAAAGATGTTCAACCAGCGAAACCAACTG
TCACTGAAACAGCGGCAGGAGCGATTACAATTGCACCTGGTGCGAACCAAACAGTCAATACTCATGCTGGTAATGTTACG
ACATATGCTGACAAATTAGTTATTAAACGTAATGGAAATGTTGTAACGACATTTACACGTCGTAATAATACGAGCCCATG
GGTGAAAGAAGCATCAGCAGATAATGTAACAGGTATTGTTGGAACTAATAATGGTATTACTGTGGCAGCAGGTACTTTCA
ATCCTGCTGATACAATTCAAGTTGTTGCAACACAAGGTAGTGGCGAAACAATCAGTGACGAGCAACGTAGTGATGATTTC
ACAGTTGTCGCACCACAACCGAACCAAGCGACTACGAAAATTTGGCAAAATGGTCATATTGATATCACGCCTAATAATCC
ATCAGGACATTTAATTAATCCAACACAAGCAATGGATATTGCTTACACTGAAAAAGTGGGTAATGGTGCAGAACATAGTA
AGACAATTAATGTTGTTCGTGGTCAAAATAATCAATGGACAATTGCGAATAAGCCTGACTATGTAACGTTAGATGCACAA
ACTGGTAAAGTGACGTTCAATGCCAATACTATAAAACCAAATTCATCAATCACAATTACTCCGAAAGCAGGTACAGGTCA
CTCAGTAAGTAGTAATCCAAGTACATTAACTGCACCGGCAGCTCATACTGTCAACACAACTGAAATTGTGAAAGATTATG
GTTCAAATGTAACAGCAGCTGAAATTAACAATGCAGTTCAAGTTGCTAATAAACGTACTGCAACGATTAAAAATGGCACA
GCAATGCCTACTAATTTAGCTGGTGGTAGCACAACGACGATTCCTGTGACAGTAACTTACAATGATGGTAGTACTGAAGA
AGTACAAGAGTCCATTTTCACAAAAGCGGATAAACGTGAGTTAATCACAGCTAAAAATCATTTAGATGATCCAGTAAGCA
CTGAAGGTAAAAAGCCAGGTACAATTACGCAGTACAATAATGCAATGCATAATGCGCAACAACAAATCAATACCGCGAAA
ACAGAAGCACAACAAGTGATTAATAATGAGCGTGCAACACCACAACAAGTTTCTGACGCACTAACTAAAGTTCGTGCAGC
ACAAACTAAGATTGATCAAGCTAAAGCATTACTTCAAAATAAAGAAGATAATAGCCAATTAGTAACGTCTAAAAATAACT
TACAAAGTTCTGTGAACCAAGTACCATCAACTGCTGGTATGACGCAACAAAGTATTGATAACTATAATGCGAAGAAGCGT
GAAGCAGAAACTGAAATAACTGCAGCTCAACGTGTTATTGACAATGGCGATGCAACTGCACAACAAATTTCAGATGAAAA
ACATCGTGTCGATAACGCATTAACAGCATTAAACCAAGCGAAACATGATTTAACTGCAGATACACATGCCTTAGAGCAAG
CAGTGCAACAATTGAATCGCACAGGTACAACGACTGGTAAGAAGCCGGCAAGTATTACTGCTTACAATAATTCGATTCGT
GCACTTCAAAGTGACTTAACAAGTGCTAAAAATAGCGCTAATGCTATCATTCAGAAGCCAATAAGAACAGTGCAAGAGGT
ACAATCTGCGTTAACAAATGTAAATCGTGTCAATGAGCGATTAACGCAAGCAATTAATCAATTAGTACCTTTAGCTGATA
ATAGTGCTTTAAGAACTGCTAAGACGAAACTTGATGAAGAAATCAATAAATCAGTAACTACTGATGGTATGACACAATCA
TCAATCCAAGCATATGAAAATGCTAAACGTGCAGGTCAAACAGAAACAACAAATGCACAAAATGTTATTAACAATGGTGA
CGCGACAGACCAACAAATTGCCGCAGAAAAAACAAAAGTAGAAGAAAAATATAATAGCTTAAAACAAGCAATTGCTGGAT
TAACACCAGACTTGGCACCATTACAAACTGCAAAAACTCAGTTGCAAAATGATATTGATCAGCCAACGAGTACGACTGGT
ATGACAAGCGCATCTGTTGCTGCATTTAATGACAAACTTTCAGCAGCTAGAACTAAAATTCAAGAAATTGATCGCGTACT
AGCATCTCATCCAGATGTAGCAACGATTCGTCAAAACGTGACAGCAGCGAATGCTGCTAAAACAGCACTTGATCAAGCGC
GCAATGGCTTAACAGTCGATAAAGCACCTTTAGAAAATGCGAAAAATCAACTACAACATAGTATTGATACGCAAACAAGT
ACAACTGGTATGACACAAGACTCTATAAATGCATACAATGCGAAGTTAACAGCTGCACGTAATAAGGTTCAACAAATCAA
TCAAGTATTAGCAGGTTCACCTACTGTAGATCAAATTAATACAAATACGTCTGCAGCAAATCAAGCGAAATCTGATTTAG
ATCATGCACGTCAAGCGTTAACACCAGATAAAGCGCCGCTTCAAAATGCGAAAACGCAATTAGAACAAAGCATTAATCAA
CCAACAGATACAACAGGTATGACAACCGCTTCGTTAAATGCATACAACCAAAAATTACAAGCAGCACGTCAAAAGTTAAC
TGAAATTAATCAAGTGTTGAATGGCAACCCAACTGTCCAAAATATCAATGATAAAGTGGCAGAGGCAAACCAAGCTAAGG
ATCAATTAAATACAGCACGTCAAGGTTTAACATTAGATAGACAGCCAGCGTTAACAACATTACATGGTGCATCTAACTTA
AACCAAGCACAACAAAATAATTTCACGCAACAAATTAATGCTGCTCAAAATCATGCTGCGCTTGAAACAATTAAGTCTAA
CATTACGGCTTTAAATACTGCGATGACGAAATTAAAAGACAGTGTTGCGGATAATAATACAATTAAATCAGGTCAAAATT
ACACTGACGCAACACCAGCTAATAAACAAGCCTATGATAATGCAGTTAATGCGGCTAAAGGTGTCATTGGAGAAACGACT
AATCCAACGATGGATGTTAACACAGTGAACCAAAAAGCAGCATCTGTTAAATCGACGAAAGATGCTTTAGATGGTCAACA
AAACTTACAACGTGCGAAAACAGAAGCAACAAATGCGATTACGCATGCAAGTGATTTAAACCAAGCACAAAAGAATGCAT
TAACACAACAAGTGAATAGTGCACAAAACGTGCAAGCAGTAAATGATATTAAACAAACGACTCAAAGCTTAAATACTGCT
ATGACAGGTTTAAAACGTGGCGTTGCTAATCATAACCAAGTCGTACAAAGTGATAATTATGTCAACGCAGATACTAATAA

GAAAAATGATTACAACAATGCATACAACCATGCGAATGACATTATTAATGGTAATGCACAACATCCAGTTATAACACCAA
GTGATGTTAACAATGCTTTATCAAATGTCACAAGTAAAGAACATGCATTGAATGGTGAAGCTAAGTTAAATGCTGCGAAA
CAAGAAGCGAATACTGCATTAGGTCATTTAAACAATTTAAATAATGTACAACGTCAAAACTTACAATCGCAAATTAATGG
TGCGCATCAAATTGATGCAGTTAATACAATTAAGCAAAATGCAACAAACTTGAATAGTGCAATGGGTAACTTAAGACAAG
CTGTTGCAGATAAAGATCAAGTGAAACGTACAGAAGATTATGCGGATGCAGATACAGCTAAACAAAATGCATATAACAGT
GCAGTTTCAAGTGCTGAAACAATTATTAATCAAACAGCTAATCCGACAATGTCTGTTGATGATGTTAATCGTGCAACTTC
AGCTGTTACTACTAATAAAAATGCATTAAATGGTGATGAAAAATTAGTACAATCTAAAACAGATGCTGCAAGAGCAATTG
ATGCATTACCACATTTAAATAATGCACAAAAAGCAGATGTTAAATCTAAAATTAATGCTGCATCAAATATTGCTGGTGTA
AATACCGTTAAACAACAAGGTACAGATTTAAATACAGCGATGGGTAACTTGCAGGGTGCAATCAATGATGAACAAACGAC
GCTTAATAGTCAAAATTATCAAGATGCGACACCTAGTAAGAAAACAGCATACACAAATGCGGTGCAAGCTGCGAAAGATA
TTTTAAATAAATCAAATGGTCAAAATAAAACGAAAGATCAAGTTACTGAAGCGATGAATCAAGTGAATTCGGCTAAAAAT
AACTTAGATGGTACGCGTTTATTAGATCAAGCGAAGCAAACAGCGAAACAGCAGTTAAATAATATGACGCATTTAACAAC
TGCACAAAAAACGAATTTAACAAATCAAATTAATAGTGGTACTACTGTTGCTGGTGTTCATACGGTTCAATCAAATGCCA
ACACATTAGATCAAGCGATGAATACGTTAAGACAAAGTATTGCTAACAATGATGCGACTAAAGCAAGTGAAGATTACGTA
GATGCTAATAATGATAAGCAAACAGCATATAACAACGCGGTAGCTGCTGCTGAAACGATTATTAATGCGAATAGTAATCC
AGAAATGAATCCAAGTACGATTACACAAAAAGCAGAGCAAGTGAATAGTTCTAAAACGGCACTTAACGGTGATGAAAACT
TAGCTACGGCAAAACAAAATGCGAAAACGTACTTAAACACATTAACGAGTATTACAGATGCTCAAAAGAACAATTTGATT
AGTCAAATTAGTAGTGCGACAAGAGTGAGTGGTGTTGATACTGTAAAACAAAATGCACAACATTTAGATCAAGCTATGGC
TAACTTACAAAATGGTATTAACAACGAATCTCAAGTGAAATCATCTGAGAAATATCGTGATGCTGATACAAATAAACAAC
AAGAGTATGATAATGCTATTACTGCAGCGAAAGCGATTTTAAATAAATCGACAGGTCCAAACACTGCGCAAAATGCAGTT
GAAGCAGCATTGCAACGTGTTAATACTGCGAAAGATGCATTGAATGGTGATGCAAAATTAATTGCAGCTCAAAACGCAGC
GAAACAACATTTAGGTACTTTAACGCATATCACTACAGCACAACGCAATGATTTAACAAATCAAATTTCA

SEQ ID NO:46 secuencia de polinucleótidos

ATGGGTAACTTACAAACGGCTATCAACGATAAGTCAGGAACATTAGCGAGCCAAAACTTCTTGGATGCTGATGAGCAAAA
ACGTAATGCTTACAATCAAGCTATATCAGCTGCCGAAACCATTTTAAATAAACAAACTGGACCGAATACAGCGAAAACAG
CGGTTGAACAAGCACTTAATAATGTTAATAGTGCGAAACATGCATTAAATGGTACGCAAAACTTAAATAATGCGAAACAA
GCAGCGATTACAGCAATTAATGGCGCATCTGATTTAAATCAAAAACAAAAAGATGCATTAAAAGCACAAGCTAATGGTGC
TCAACGCGTATCTAATGCAAATGATGTACAACGTAATGCGACTGAACTGAACACGGCAATGGGTCAATTACAACATGCCA
TCGCAGATAAGACGAATACGTTAGCAAGCAGTAAATATGTCAACGCCGATAGCACTAAACAAAATGCTTACACAACTAAA
GTTACCAATGCTGAACATATTATTAGCGGTACGCCAACGGTTGTTACAACACCTTCAGAAGTAACAGCTGCAGCTAATCA
AGTAAACAGCGCGAAACAAGAATTAAATGGTGACGAAAGATTACGTGTTGCAAAACAAAACGCCAATACTGCTATTGATG
CATTAACGCAATTAAATACTCCTCAAAAAGCTAAATTAAAAGAACAAGTGGGACAAGCCAATAGATTAGAAGACGTACAA
TCTGTTCAAACAAATGGACAATCATTGAACAATGCAATGAAAGGCTTAAGAGATAGTATTGCTAACGAAACAACAGTCAA
AGCAAGTCAAAACTATACAGACGCAAGTCCGAATAACCAATCAACATATAATAGCGCTGTGTCAAATGCGAAAGGTATCA
TTAATCAAACTAACAATCCAACTATGGATACTAGTGCGATTACCCAAGCTACAACACAAGTGAATAATGCTAAAAATGGT
TTAAACGGTGCTGAAAACTTAAGAAATGCACAAAACACTGCTAAGCAAAACTTAAATACGTTATCACACTTAACAAATAA
CCAAAAATCTGCAATCTCATCACAAATTGATCGTGCAGGTCATGTGAGTGAGGTAACAGCTGCTAAAAATGCAGCAACTG
AGTTAAACGCGCAAATGGGCAACTTGGAACAAGCTATCCATGATCAAAACACAGTTAAACAAGGTGTTAACTTCACTGAT
GCAGATAAAGCTAAACGTGATGCTTATACAAATGCGGTAAGCAGAGCAGAAACAATTCTGAATAAAACGCAAGGTGCAAA
TACGTCTAAACAAGATGTTGAAGCGGCTATTCAAAATGTTACAAGTGCTAAAAATGCATTGAATGGTGATCAAAACGTTA
CAAATGCGAAGAATGCAGCTAAAAATGCATTAAATAACTTAACGTCAATTAATAATGCACAAAAACGTGACTTAACAACT
AAAATTGATCAAGCAACAACAGTAGCTGGTGTTGAAGCGGTATCTAATACAGGTACACAATTGAATACAGCGATGGCTAA
CTTGCAAAATGGTATTAATGATAAAGCGAATACTTTAGCGAGCGAAAACTATCATGATGCTGATTCAGATAAGAAAACTG
CTTATACTCAAGCCGTTACGAACGCAGAAAATATTTTAAATAAAAATAGTGGATCAAATTTAGATAAAGCTGCCGTTGAA
AACGCGTTGTCACAAGTGACAAATGCGAAAGGTGCCCTAAATGGTAACCATAATTTAGAGCAAGCTAAATCAAATGCAAA
CACTACTATAAACGGCCTTCAACATTTAACAACAGCACAAAAAGATAAATTGAAACAACAAGTGCAACAAGCACAAAATG
TTGCAGGTGTAGATACTGTTAAATCAAGTGCCAACACATTAAATGGTGCTATGGGTACGTTAAGAAATAGCATACAAGAT
AACACAGCTACGAAAAATGGCCAAAACTATCTTGATGCTACAGAACGTAACAAAACAAACTATAACAATGCTGTTGATAG
TGCTAATGGTGTCATTAATGCAACAAGCAATCCAAATATGGATGCTAATGCAATTAACCAAATCGCTACACAAGTGACAT
CAACGAAAAATGCATTAGATGGTACACATAATTTAACGCAAGCGAAACAAACAGCAACAAATGCCATCGATGGTGCTACT
AACTTAAATAAAGCGCAAAAAGATGCGTTAAAAGCACAAGTTACAAGTGCGCAACGTGTTGCAAATGTAACAAGTATCCA
ACAAACTGCAAATGAACTTAATACAGCTATGGGTCAATTACAACATGGTATTGATGATGAAAATGCAACAAAACAAACTC
AAAAATATCGTGACGCTGAACAAAGTAAGAAAACTGCTTATGATCAAGCTGTAGCTGCTGCGAAAGCAATTTTAAATAAA
CAAACAGGTTCCAATTCAGATAAAGCAGCAGTTGACCGTGCATTACAACAAGTAACAAGTACGAAAGATGCATTGAATGG
GGATGCTAAACTGGCAGAAGCGAAAGCGGCAGCTAGACAAAACTTAGGTACTTTAAACCATATTACGAATGCACAACGTA
CTGCGTTAGAAGGTCAAATCAATCAAGCGACGACTGTTGATGGCGTTAATACTGTAAAAACAAATGCCAATACATTAGAC
GGCGCTATGAATAGCTTACAAGGTGCAATCAATGATAAAGATGCGACATTAAGAAATCAAAATTATCTTGATGCAGATGA
ATCAAAACGAAATGCATATACGCAAGCTGTCACAGCGGCTGAAGGCATTTTAAATAAACAAACAGGTGGTAACACATCTA
AAGCAGACGTTGATAATGCATTAAATGCAGTTACAAGAGCGAAAGCGGCTTTAAATGGTGCTGAAAACTTAAGAAATGCG
AAAACTTCAGCAACAAATACGATTAATGGTTTACCTAACTTAACACAATTACAAAAAGACAACTTGAAGCATCAAGTTGA

ACAAGCGCAAAATGTAGTTGGTGTAAATGGTGTTAAAGATAAAGGTAATACATTAAATACTGCCATGGGTGCATTACGTA
CAAGTATCCAAAATGATAATACGACGAAAACAAGTCAAAATTATCTTGATGCATCTGATAGCAACAAAAATAATTACAAT
ACTGCTGTAAATAATGCAAATGGTGTTATTAATGCAACGAACAATCCAAATATGGATGCTAATGCGATTAATGACATGGC
AAATCAAGTCAATACAACAAAAGCAGCGTTAAATGGTGCACAAAACTTAGCTCAAGCTAAAACAAATGCGACGAACACAA
TTAACAACGCGCAAGACTTAAACCAAAAACAAAAAGATGCATTAAAAACACAAGTTAACAATGCACAACGTGTATCTGAT
GCAAATAACGTTCAACATACAGCTACTGAATTGAACGGTGCGATGACAGCACTTAAAGCAGCTATTGCGGATAAAGAAAG
AACAAAAGCAAGCGGTAATTATGTCAATGCTGATCAAGAAAAACGTCAAGCGTATGATTCAAAAGTGACTAACGCTGAAA
ATATCATTAATGGTACACCAAATGCGACATTAACAGTCAATGACGTAAATAGTGCGGCATCACAAGTCAATGCGGCTAAA
ACAGCATTAAATGGTGATAACAACTTACGTGTAGCGAAAGAGCATGCTAACAATACAATTGACGGCTTAGCACAATTGAA
TAATGTACAAAAAGCAAAATTAAAAGAACAAGTTCAAAGTGCAACTACATTAGATGGTGTTCAAACTGTTAAAAATAGTT
CTCAAACGTTGAATACAGCGATGAAAGGCTTAAGAGATAGTATTGCGAATGAAGCAACGATTAAAGCAGGTCAAAACTAC
ACTGACGCAAGTCCAAATAATCGTAACGAGTACGACAGCGCAGTTACTGCAGCAAAAGCAATCATTAATCAAACATCGAA
CCCAACGATGGAACCAAATACTATTACGCAAGCAACATCACAAGTGACAACTAAAGAACATGCATTAAATGGTGCGCAAA
ACTTAGCTCAAGCTAAGACAACAGCGAAAAACAACTTGAATAACTTAACATCAATTAACAATGCACAAAAAGATGCGTTA
ACGCGTAACATTGATGGTGCAACTACAGTAGCTGGTGTAAATCAAGAAACTGCAAAAGCAACAGAATTAAATAACGCAAT
GCACAGTTTACAAAATGGTATCAATGATGAGACACAAACAAAACAAACTCAGAAATACCTAGATGCTGAGCCAAGTAAGA
AATCAGCTTATGATCAAGCAGTAAATGCAGCAAAAGCAATTTTAACAAAAGCTAGTGGTCAAAATGTAGACAAAGCAGCA
GTTGAACAAGCATTACAAAATGTGAACAGTACGAAGACGGCGTTGAACGGTGATGCGAAATTAAATGAAGCTAAAGCTGC
TGCGAAACAAACGTTAGGTACATTAACACACATTAATAATGCACAACGTAATGCGTTAGATAATGAAATTACACAAGCAA
CAAATGTTGAAGGTGTTAATACAGTTAAAGCCAAAGCGCAACAATTAGATGGTGCTATGGGTCAATTAGAAACATCAATT
CGTGATAAAGACACGACGTTACAAAGTCAAAATTATCAAGATGCTGATGATGCTAAACGAACGGCTTATTCTCAAGCAGT
AAATGCAGCAGCAACTATTTTAAATAAAACAGCTGGAGGAAATACACCTAAAGCAGATGTCGAAAGAGCAATGCAAGCTG
TTACACAAGCCAATACTGCATTAAACGGTATTCAAAACTTAGAACGTGCGAAACAGGCTGCGAACACAGCGATTACAAAT
GCTTCGGACTTAAATACAAAACAAAAAGAAGCATTGAAAGCACAAGTAACAAGTGCAGGACGCGTATCTGCAGCAAATGG
TGTTGAACATACTGCGACTGAATTAAATACTGCGATGACAGCTTTAAAACGTGCCATTGCTGATAAAGCTGACACAAAAG
CTAGTGGTAATTATGTCAATGCTGATGCGAATAAACGCCAAGCATATGATGAAAAAGTGACAGCTGCAGAACATATCGTT
AGTGGTACACCAACACCAACGTTAACACCATCAGATGTTACAAATGCAGCAACGCAAGTAACGAATGCGAAGACGCAGTT
AAACGGTAATCATAATTTAGAAGTAGCGAAACAAAATGCTAACACAGCAATTGATGGTTTAACTTCTTTAAATGGTCCGC
AAAAAGCAAAACTTAAAGAACAAGTGGGTCAAGCGACGACGTTGCCAAATGTTCAAACTGTTCGTGATAATGCACAAACA
TTAAACACTGCAATGAAAGGTCTACGAGATAGCATTGCGAATGAAGCAACGATTAAAGCAGGTCAAAACTACACAGATGC
AAGTCAAAACAAACAAAATGACTACAACAATGCAGTCACTGCAGCAAAAGCAATCATTGGTCAAACAACTAGTCCATCAA
TGATTGCGCAAGAAATTAATCAAGCGAAAGACCAAGTGACAGCTAAACAACAAGCGTTAAACGGTCAAGAAAACTTAAGA
ACTGCGCAAACAAATGCGAAGCAACATTTGAATGGCTTAAGTGACTTAACTAATGCACAAAAAGATGCAGCGAAACGCCA
AATCGAAGGTGCAACGCATGTTAATGAAGTAACACAAGCGCAAAATAATGCGGACGCATTAAATACAGCTATGACGAACT
TGAAAAATGGTATTCAAGATCAAAATACGATTAAGCAAGGTGTTAACTTCACTGATGCAGATGAAGCGAAACGTAATGCA
TATACAAATGCAGTGACGCAAGCTGAACAAATTTTAAATAAAGCACAAGGTCCAAATACTGCAAAAGACGGTGTCGAAAC
TGCGTTACAAAATGTACAACGTGCTAAAAACGAATTGAACGGTAATCAAAATGTTGCGAACGCTAAGACAACTGCGAAAA
ATGCATTGAATAACCTTACATCAATTAATAATGCACAAAAAGCAGCATTGAAATCACAAATTGAAGGTGCGACAACAGTT
GCAGGTGTAAATCAAGTGTCTACAATGGCATCTGAATTAAATACTGCAATGAGCAACTTACAACGTGGTATTAATGACGA
AGCAGCTACAAAAGCAGCTCAGAAATATACTGAAGCAGATAGAGATAAACAAACTGCATACAATGATGCTGTAACAGCAG
CTAAAACGTTATTAGATAAAACAGCTGGTTCAAATGACAATAAAGTAGCCGTTGAACAAGCATTACAACGTGTGAATACT
GCTAAAACAGCATTAAATGGTGACGCGCGATTAAATGAAGCGAAGAACACAGCTAAACAACAATTAGCGACAATGTCACA
TTTAACTAATGCTCAAAAAGCAAACTTAACAGAACAAATTGAACGTGGTACAACTGTTGCTGGTGTTCAAGGCATCCAAG
CAAATGCTGGTACTTTAAATCAAGCAATGAATCAATTAAGACAAAGTATTGCTTCTAAAGATGCGACTAAATCAAGCGAA
GATTATCAAGACGCGAATGCAGATTTACAAAATGCATACAATGATGCGGTAACTAATGCTGAAGGTATTATTAGTGCAAC
GAATAACCCTGAAATGAATCCTGATACAATTAACCAAAAAGCGAGCCAAGTGAACAGTGCGAAGTCTGCATTGAACGGTG
ATGAAAAATTAGCAGCAGTAAAACAAACTGCGAAATCAGATATCGGTCGTTTGACAGACTTGAACAATGCACAACGAACT
GCGGCAAATGCTGAAGTGGATCAAGCACCAAATCTTGCAGCTGTCACAGCGGCTAAAAATAAAGCAACATCGTTAAACAC
AGCGATGGGTAATTTGAAACATGCACTTGCTGAAAAGGATAATACGAAACGTAGTGTCAATTACACAGATGCGGATCAAC
CAAAACAACAAGCGTATGATACTGCAGTTACACAAGCAGAAGCAATTACTAATGCAAATGGCAGTAACGCGAATGAAACA
CAAGTTCAAGCAGCGCTTAACCAATTGAATCAAGCTAAAAACGACTTGAATGGTGATAATAAAGTTGCTCAAGCGAAAGA
AACAGCAAAACGTGCATTAGCTTCATATAGTAACTTGAATAACGCGCAATCAACTGCAGCAACTAGTCAAATTGACAATG
CAACGACAGTAGCAGACGTAACTGCTGCACAAAATACTGCTAATGAATTAAATACAGCAATGGGTCAACTTCAAAATGGT
ATTAATGACCAAAACACTGTTAAACAACAAGTGAACTTTACAGATGCTGACCAAGGTAAGAAAGATGCTTACACAAATGC
TGTTACGAATGCTCAAGGTATTTTAGATAAAGCAAACGGTCAAAATATGACAAAAGCACAAGTTGAAGCTGCATTAAATC
AAGTAACGACTGCTAAGAATGCTTTAAACGGTGATGCAAATGTAAGACAAGCAAAATCAGATGCGAAAGCAAACTTAGGT
ACATTAACACACTTAAATAATGCACAAAAACAAGATTTAACATCACAAATCGAAGGTGCAACAACAGTCAACGGTGTAAA
TAGTGTTAAAACGAAAGCACAAGACTTAGATGGTGCAATGCAACGATTAGAGTCAGCAATCGCAAATAAAGATCAAACTA
AAGCGAGCGAAAACTACATTGACGCAGATCCAACTAAGAAAACAGCATTTGATAATGCCATCACACAAGCTGAATCTTAC
TTAAATAAAGATCATGGTACGAATAAAGATAAGCAAGCTGTTGAACAAGCAATTCAAAGTGTAACGTCTACTGAAAATGC
TTTGAACGGTGACGCGAACTTACAATGCGCTAAAACTGAAGCTACACAAGCTATCGATAACTTGACACAATTGAATACAC

CGCAAAAAACAGCATTGAAACAACAAGTGAATGCTGCACAACGCGTATCAGGTGTAACTGATCTGAAAAATAGTGCTACA
TCACTTAATAATGCGATGGATCAATTAAAACAAGCAATTGGTGATCATGACACAATTGTAGCTGGTGGTAATTACACTAA
CGCAAGTCCTGATAAACAAGGTGCTTACACTGATGCATATAATGCTGCGAAGAATATCGTAAATGGTTCACCTAATGTGA
TTACAAATGCAGCAGATGTTACTGCGGCAACACAACGTGTCAATAATGCTGAAACAAGTTTAAATGGTGATACAAACTTA
GCAACTGCGAAGCAACAAGCTAAAGATGCATTACGTCAAATGACACATTTATCTGATGCACAAAAACAAAGTATTACTGG
TCAAATTGATAGCGCGACACAAGTAACTGGTGTACAAAGTGTGAAAGACAATGCAACAAATCTTGACAATGCAATGAATC
AACTTCGAAATAGTATTGCGAATAAAGATGAAGTAAAAGCGAGTCAACCATATGTTGATGCAGATACAGATAAACAAAAT
GCATACAATACAGCAGTTACAAGTGCTGAAAATATCATTAATGCAACGAGTCAGCCAACACTTGATCCATCTGCAGTAAC
ACAAGCAGCTAATCAAGTGAACACTAACAAAACTGCGCTTAATGGTGCGCAAAACTTAGCAAATAAAAAGCAAGAAACAA
CTGCTAACATCAACCGATTAAGTCATTTAAACAATGCTCAAAAGCAAGATTTAAATACACAAGTGACAAATGCACCAAAT
ATTAGCACAGTAAATCAAGTGAAAACTAAAGCTGAACAATTAGATCAAGCAATGGAACGTTTAATCAACGGAATCCAAGA
CAAAGATCAAGTGAAACAAAGTGTTAACTTTACAGATGCAGATCCAGAAAAACAAACAGCATACAACAATGCGGTAACTG
CTGCTGAAAATATTATTAATCAAGCAAATGGTACAAATGCGAACCAATCACAAGTTGAAGCAGCACTTTCAACTGTAACA
ACTACTAAACAAGCGTTGAATGGTGATAGAAAAGTAACAGATGCTAAAAACAATGCAAACCAAACATTATCTACGTTAGA
TAACTTAAACAATGCACAAAAAGGTGCTGTTACTGGAAACATCAATCAAGCGCACACTGTAGCTGAAGTAACGCAAGCCA
TTCAAACCGCTCAGGAACTGAATACAGCGATGGGTAACTTGAAAAATAGCTTGAATGATAAAGACACTACACTTGGCAGT
CAAAACTTTGCAGATGCAGATCCAGAGAAGAAAAATGCATACAATGAAGCGGTTCGTAATGCTGAAAATATTTTAAATAA
ATCTACAGGTACGAACGTGCCTAAAGATCAAGTTGAAGCAGCTATGAATCAAGTGAATACTACAAAAGCAGCGCTTAATG
GTACTCAAAACCTTGAAAAAGCGAAACAACACGCAAATACAGCAATTGACGGTTTAAGCCATTTAACAAATGCACAAAAA
GAGGCATTAAAACAATTGGTACAACAATCGACTACTGTTGCAGAAGCACAAGGTAATGAACAAAAAGCAAACAATGTTGA
TGCAGCAATGGACAAATTACGTCAAAGTATTGCAGATAATGCGACAACAAAACAAAACCAAAATTATACTGATGCAAGTC
CGAATAAAAAGGATGCGTACAATAATGCTGTCACAACTGCACAAGGTATTATTGATCAAACTACAAACCCTTCATTAGAT
CCGACTGTTATCAATCAAGCTGCTGGACAAGTAAGCACGTCTAAAAATGCTTTAAATGGTAATGAAAACTTAGAGGCAGC
GAAGCAACAAGCAACGCAATCTTTAGGTTCATTAGACAACTTAAATAATGCGCAAAAACAAGCTGTTACTAATCAAATTA
ATGGCGCGCATACTGTTGATGAAGCAAATCAAATTAAGCAAAATGCGCAAAACTTAAATACTGCGATGGGTAACTTGAAA
CAAGCGATAGCTGATAAAGATGCTACGAAAGCAACAGTTAACTTCACTGATGCAGATCAAGCAAAACAACAAGCATATAA
CACTGCAGTTACAAATGCTGAAAATATCATTTCAAAAGCTAATGGTGGTAATGCAACACAAACTGAAGTTGAACAAGCAA
TCCAACAAGTAAATGCAGCAAAACAAGCATTAAATGGTAATGCCAACGTTCAACATGCAAAAGACGAAGCAACAGCATTA
ATTAATAACTCTAATGATCTTAACCAAGCACAGAAAGATGCATTAAAACAACAAGTACAAAATGCAACTACTGTAGCTGG
TGTAAACAATGTTAAACAAACGGCGCAAGAGTTAAACAATGCGATGACACAATTAAAACAAGGCATTGCAGATAAAGAAC
AAACAAAAGCTGATGGTAACTTTGTCAATGCAGATTCTGACAAGCAAAATGCATATAATCAAGCAGTAGCGAAAGCTGAA
GCATTAATTAGTGGTACGCCTGATGTTGTCGTTACACCTAGCGAAATTACTGCAGCGTTAAATAAAGTTACGCAAGCTAA
AAATGATTTAAATGGTAATACAAACTTAGCAACGGCGAAACAAAATGTTCAACATGCTATTGATCAATTGCCAAACTTAA
ACCAAGCGCAACGTGATGAATACAGCAAACAAATCACGCAAGCAACACTTGTACCAAACGTCAATGCTATTCAACAAGCG
GCAACAACGCTTAATGACGCGATGACACAATTGAAACAAGGTATTGCGAATAAAGCACAAATTAAAGGTAGCGAGAACTA
TCACGATGCTGATACTGACAAGCAAACAGCATATGATAATGCAGTAACAAAAGCAGAAGAATTGTTAAAACAAACAACAA
ATCCAACAATGGATCCAAATACAATTCAACAAGCATTAACTAAAGTGAATGACACAAATCAAGCACTTAACGGTAATCAA
AAATTAGCTGATGCCAAACAAGATGCTAAGACAACACTTGGTACACTAGATCATTTAAATGATGCTCAAAAACAAGCGCT
AACAACTCAAGTTGAACAAGCACCAGATATTGCAACAGTTAATAATGTTAAGCAAAATGCTCAAAATCTGAATAATGCTA
TGACTAACTTAAACAATGCATTACAAGATAAAACTGAGACATTAAATAGCATTAACTTTACTGATGCAGATCAAGCTAAG
AAAGATGATTATACTAATGCGGTTTCACATGCAGAAGGTATTTTATCTAAAGCAAATGGCAGCAATGCAAGTCAAACTGA
AGTGGAACAAGCGATGCAACGTGTGAACGAAGCGAAACAAGCATTGAATGGTAATGACAATGTACAACGTGCAAAAGATG
CAGCGAAACAAGTAATTACAAATGCAAATGATTTAAATCAAGCGCAAAAAGATGCATTAAAACAACAAGTCGATGCTGCG
CAAACTGTTGCAAATGTAAACACGATTAAGCAAACAGCACAAGATTTAAATCAAGCAATGACACAATTGAAACAAGGTAT
TGCAGATAAAGACCAAACTAAAGCAAATGGTAACTTTGTCAATGCTGATACTGATAAGCAAAATGCATATAACAATGCGG
TAGCGCATGCTGAACAAATCATTAGTGGTACACCAAATGCAAACGTGGATCCACAACAAGTGGCTCAAGCGTTACAACAA
GTGAATCAAGCTAAGGGTGATTTAAACGGTAACCACAACTTACAAGTTGCTAAAGACAATGCAAATACAGCCATTGATCA
GTTACCAAACTTAAATCAACCACAAAAAACAGCATTAAAAGACCAAGTGTCGCATGCAGAACTTGTTACAGGTGTTAATG
CTATTAAGCAAAATGCTGATGCGTTAAATAATGCAATGGGTACGTTGAAACAACAAATTCAAGCGAATAGTCAAGTACCA
CAATCAGTTGACTTTACACAAGCGGATCAAGACAAACAACAAGCTTATAACAATGCAGCTAACCAAGCGCAACAAATCGC
AAATGGCACACCAACACCTGTATTGGCGCCTGATACAGTAACAAAAGCAGTTACAACTATGAATCAAGCGAAAGATGCAT
TAAACGGTGATGAAAAATTAGCGCAAGCGAAACAAGATGCTTTAGCAAATCTTGATACGTTACGTGACTTAAATCAACCA
CAACGTGATGCATTACGAAACCAAATCAATCAAGCACAAGCTTTAGCTACAGTTGAACAAACTAAACAAAATGCACAAAA
TGTGAATACAGCAATGGGTAACTTGAAACAAGGTATTGCAAATAAAGATACTGTGAAAGCAAGTGAGAACTACCACGATG
CTGATGTCGATAAGCAAACAGCATATACAAATGCAGTGTCTCAAGCGGAAGGTATTATCAATCAAACGACAAATCCAACG
CTTAACCCAGATGACATTACTCGTGCATTAACTCAAGTGACTGATGCTAAAAATAGCTTAAACGGTGAAGCTAAATTAGC
CACTGAAAAGCAAAATGCTAAAGATGCCGTAAGTGGAATGACGCATTTAAACGATGCTCAAAAACAAGCATTAAAAGGTC
AAATCGATCAATCGCCTGAAATTGCTACAGTGAACCAAGTTAAACAAACAGCAACGAGCCTAGATCAAGCAATGGATCAA
TTATCACAAGCTATTAATGATAAAGATCAAATATTAGCGGACGGTAATTACTTAAATGCAGATCCTGACAAACAAAATGC
GTATAAACAGGCAGTAGCAAAAGCTGAAGCATTATTGAATAAACAAAGTGGTACTAATGAAGTACAAGCACAAGTTGAAA
GCATCACTAATGAAGTGAACGCAGCGAAACAAGCATTAAATGGTAATGACAATTTGGCAAATGCAAAACAACAAGCAAAA

CAACAATTGGCGAACTTAACACACTTAAATGATGCACAAAAACAATCATTTGAAAGTCAAATTACACAAGCGCCACTTGT
TACAGATGTCACTACGATTAATCAAAAAGCACAAACGTTAGATCATGCGATGGAATTATTAAGAAATAGTGTTGCGGATA
ATCAAACGACATTAGCGTCTGAAGATTATCATGATGCAACTGCGCAAAGACAAAATGACTATAACAAAGCTGTAACAGCT
GCTAATAATATCATTAATCAAACTACATCGCCTACGATGAATCCAGATGATGTTAATGGTGCAACGACACAAGTGAATAA
TACGAAAGTTGCATTAGATGGTGATGAAAACCTTGCAGCAGCTAAACAACAAGCAAACAACAGACTTGATCAATTAGATC
ATTTGAATAATGCGCAAAAGCAACAGTTACAATCACAAATTACGCAATCATCTGATATTGCTGCAGTTAATGGTCACAAA
CAAACAGCAGAATCTTTAAATACTGCGATGGGTAACTTAATTAATGCGATTGCAGATCATCAAGCCGTTGAACAACGTGG
TAACTTCATCAATGCTGATACTGATAAACAAACTGCTTATAATACAGCGGTAAATGAAGCAGCAGCAATGATTAACAAAC
AAACTGGTCAAAATGCGAACCAAACAGAAGTAGAACAAGCTATTACTAAAGTTCAAACAACACTTCAAGCGTTAAATGGA
GATCATAATTTACAAGTTGCTAAAACAAATGCGACGCAAGCAATTGATGTTTTAACAAGCTTAAATGATCCTCAAAAAAC
AGCATTAAAAGACCAAGTTACAGCTGCAACTTTAGTAACTGCAGTTCATCAAATTGAACAAAATGCGAATACGCTTAACC
AAGCAATGCATGGTTTAAGACAGAGCATTCAAGATAACGCAGCAACTAAAGCAAATAGCAAATATATCAACGAAGATCAA
CCAGAGCAACAAAACTATGATCAAGCTGTTCAAGCCGCAAATAATATTATCAATGAACAAACTGCAACATTAGATAATAA
TGCGATTAATCAAGTAGCGGCAACTGTGAATACAACGAAAGCAGCATTACATGGTGATGTGAAATTACAAAATGATAAAG
ATCATGCTAAACAAACGGTTAGCCAATTAGCACATCTAAACAATGCACAAAAACATATGGAAGATACGTTAATTGATAGT
GAAACAACTAGAACAGCAGTTAAGCAAGATTTGACTGAAGTACAAGCATTAGATCAACTTATGGATGCATTACAACAAAG
TATTGCTGACAAAGATGCAACACGTGCGAGCAGTGCATATGTCAATGCAGAACCGAATAAAAAACAAGCCTATGATGAAG
CAGTTCAAAATGCTGAGTCTATCATTGCAGGATTAAATAATCCAACTATCAATAAAGGTAATGTATCAAGTGCGACTCAA
GCAGTAATATCATCTAAAAATGCATTAGATGGTGTTGAACGATTAGCTCAAGATAAGCAAACTGCTGGAAATTCTCTAAA
TCATTTAGATCAATTAACACCAGCTCAACAACAAGCGCTAGAAAATCAAATTAATAATGCAACAACTTGTGATAAAGTGG
CTGAAATCATTGCACAAGCGCAAGCATTAAATGAAGCGATGAAAGCATTAAAAGAAAGTATTAAGGATCAACCACAAACT
GAAGCAAGTAGTAAATTTATTAACGAGGATCAAGCGCAAAAAGATGCATATACGCAAGCAGTACAACACGCGAAAGATTT
GATTAACAAAACAACTGATCCTACATTAGCTAAATCAATCATTGATCAAGCGACACAGGCAGTGACTGATGCTAAAAACA
ATTTACATGGTGATCAAAAACTAGCTCAAGATAAGCAACGTGCAACAGAAACGTTAAATAACTTGTCTAACTTGAATACA
CCACAACGTCAAGCACTTGAAAATCAAATCAATAATGCAGCAACTCGTGGTGAAGTAGCACAAAAATTAACTGAAGCACA
AGCACTTAACCAAGCAATGGAAGCTTTACGTAATAGCATTCAAGATCAACAACAAACAGAATCTGGTAGCAAGTTTATTA
ATGAAGATAAACCGCAAAAAGATGCTTACCAAGCAGCAGTTCAAAATGCAAAAGATTTAATTAACCAAACAGGTAATCCA
ACGCTTGATAAAGCACAAGTTGAACAATTGACACATGCTTTTAAACAAGCTAAAGATAACCTACACGGTGATCAAAAACT
TGCAGACGATAAACAACATGCGGTTACTGATTTAAATCAATTAAATGGTTTGAATAATCCGCAACGTCAAGCACTTGAAA
GCCAAATAAACAACGCAGCAACTCGTGGCGAAGTAGCGCAAAAATTAGCTGAAGCAAAAGCGCTTGATCAAGCAATGCAA
GCATTACGAAATAGTATTCAAGATCAACAACAAACGGAAGCGGGTAGCAAGTTTATCAATGAAGATAAACCGCAAAAAGA
TGCTTACCAAGCAGCAGTTCAAAATGCAAAAGATTTAATTAACCAAACAGGTAATCCAACACTCGACAAATCACAAGTAG
AACAATTAACACAAGCAGTAACAACTGCAAAAGATAATCTACATGGTGATCAAAAACTTGCTCGTGATCAACAACAAGCA
GTAACAACTGTAAATGCATTGCCAAACTTAAATCATGCACAACAACAAACATTAACTGATGCTATAAATGCAGCGCCTAC
AAGAACAGAGGTTGCACAACATGTTCAAACTGCTACTGAACTTGATCACGCGATGGAAACATTGAAAAATAAAGTTGATC
AAGTGAATACAGATAAGGCTCAACCAAATTACACTGAAGCGTCAACTGATAAAAAAGAAGCAGTAGATCAAGCGTTACAA
GCTGCACAAAGCATTACAGATCCAACTAATGGTTCAAATGCGAATAAAGACGCTGTAGAACAAGCATTAACTAAGCTTCA
AGAAAAAGTGAATGAGTTAAATGGTAATGAGAGAGTCGCTGAAGCTAAAACACAAGCGAAACAAACTATTGACCAATTAA
CACATTTAAATGCTGATCAAATTGCAACTGCTAAACAAAATATTGATCAAGCGACGAAACTTCAACCAATCGCTGAATTA
GTAGATCAAGCAACGCAATTGAACCAATCAATGGATCAATTACAACAAGCAGTTAATGAACATGCTAACGTTGAGCAAAC
TATAGATTACACACAAGCAGATTCAGATAAGCAAAAGGCTTATAAACAAGCGATTGCTGATGCTGAAAATGTATTGAAAC
AAAATGCGAATAAGCAACAAGTGGATCAAGCACTTCAAAATATTTTAAATGCAAAACAAGCATTAAATGGTGATGAACGT
GTAGCACTTGCTAAAACAAATGGTAAACATGACATCGACCAATTGAATGCATTAAACAATGCTCAACAAGATGGATTTAA
AGGTCGCATCGATCAATCAAACGATTTAAATCAAATCCAACAAATTGTAGATGAGGCTAAGGCACTTAATCGTGCAATGG
ATCAATTGTCACAAGAAATCACTGGCAATGAAGGACGCACGAAAGGTAGCACGAACTATGTCAATGCAGATACACAAGTC
AAACAAGTATATGATGAAGCGGTTGATAAAGCGAAACAAGCACTTGATAAATCGTCTGGGCAAAACTTAACTGCAGAACA
AGTTATCAAATTAAATGATGCAGTCACTGCAGCTAAGAAAGCATTAAATGGTGAAGAAAGACTTAATAATCGTAAAGCTG
AAGCATTACAAAGATTGGATCAATTAACACATCTAAACAATGCTCAAAGACAATTAGCAATCCAACAAATTAATAATGCT
GAAACGCTAAATAAAGCATCTCGAGCAATTAATAGAGCAACTAAATTAGATAATGCAATGGGTGCAGTACAACAATATAT
TGACGAACAGCACCTTGGTGTTATCAGCAGCACAAATTACATCAATGCAGATGACAATTTGAAAGCAAATTATGATAATG
CAATTGCGAATGCAGCACATGAGTTAGATAAAGTGCAAGGTAATGCAATTGCAAAAGCTGAAGCAGAGCAATTGAAACAA
AATATTATCGATGCTCAAAATGCATTAAATGGAGACCAAAACCTTGCAAATGCCAAAGATAAAGCAAATGCGTTTGTTAA
TTCGTTAAATGGATTAAATCAACAGCAACAAGATCTTGCACATAAAGCAATTAACAATGCCGATACTGTATCAGATGTAA
CAGATATTGTTAATAATCAAATTGACTTAAATGATGCAATGGAAACATTGAAACATTTAGTTGACAATGAAATTCCAAAT
GCAGAGCAAACTGTCAATTACCAAAACGCTGACGATAATGCTAAAACAAACTTCGATGATGCCAAACGTCTAGCAAATAC
ATTGCTAAATAGTGATAACACAAATGTGAATGATATCAATGGCGCAATCCAAGCAGTCAATGATGCAATCCATAATCTTA
ATGGTGATCAACGACTACAAGATGCTAAAGACAAGGCAATTCAATCAATTAATCAAGCTTTAGCTAATAAGCTAAAAGAA
ATCGAAGCTTCAAATGCGACGGATCAAGACAAGCTTATTGCGAAAAATAAAGCAGAAGAATTGGCAAACAGCATCATCAA
CAACATTAATAAAGCAACAAGTAATCAGGCTGTATCTCAAGTTCAAACAGCAGGCAACCACGCGATTGAACAAGTGCATG
CTAATGAAATACCAAAAGCAAAAATTGATGCCAATAAAGACGTTGATAAGCAAGTTCAAGCATTAATTGACGAAATTGAT
CGAAATCCAAATCTAACAGATAAGGAAAAACAAGCACTTAAAGATCGTATTAATCAAATACTTCAACAAGGTCATAACGA

CATTAACAATGCGCTGACTAAAGAAGAAATTGAACAAGCTAAAGCACAACTTGCGCAAGCATTACAAGACATCAAAGATT
TAGTGAAAGCTAAAGAAGATGCGAAACAAGATGTTGATAAACAAGTTCAAGCATTAATTGACGAAATCGATCAAAATCCA
AATCTAACAGATAAGGAAAAACAAGCACTTAAAGATCGTATTAATCAAATACTTCAACAAGGTCATAACGGCATTAACAA
TGCGATGACTAAAGAAGAAATTGAACAAGCCAAAGCACAACTTGCACAAGCATTAAAAGAAATTAAAGATTTAGTGAAAG
CTAAAGAAAATGCGAAACAAGATGTTGATAAACAAGTTCAAGCATTAATTGACGAAATCGATCAAAATCCAAATCTAACA
GATAAGGAAAAACAAGCGCTTAAAGATCGAATCAATCAAATACTGCAACAAGGTCATAACGACATTAACAATGCGATGAC
TAAAGAAGAAATTGAACAAGCCAAAGCACAACTTGCACAAGCATTACAAGACATCAAAGATTTAGTGAAAGCTAAAGAAG
ATGCGAAAAATGCAATAAAAGCCTTAGCTAATGCGAAGCGTGATCAAATCAATTCAAATCCAGATTTAACACCTGAGCAA
AAAGCAAAAGCGCTCAAAGAAATTGACGAAGCTGAAAAACGAGCACTACAAAACGTTGAGAATGCTCAAACTATAGATCA
ATTAAATCGAGGATTAAACTTAGGTTTAGATGACATTAGAAATACACATGTATGGGAGGTTGATGAACAACCTGCTGTAA
ATGAAATTTTTGAAGCAACACCTGAGCAAATCCTAGTTAATGGTGAACTCATTGTACATCGTGATGACATCATTACAGAA
CAAGATATTCTTGCACACATAAACTTAATTGATCAGCTTTCAGCAGAAGTTATTGATACACCATCAACTGCAACGATTTC
TGATAGCTTAACAGCAAAAGTTGAAGTTACATTGCTTGATGGATCAAAAGTGATTGTTAATGTTCCTGTAAAAGTTGTAG
AAAAAGAATTGTCAGTAGTCAAACAACAGGCAATTGAATCAATCGAAAATGCGGCACAACAAAAGATTGATGAAATCAAT
AATAGTGTGACATTAACACTGGAACAAAAAGAAGCTGCAATTGCAGAAGTTAATAAGCTTAAACAACAAGCAATTGATCA
TGTTAACAATGCACCTGATGTTCATTCAGTTGAAGAAATTCAACAACAAGAACAAGCGTATATTGAACAATTTAATCCAG
AACAATTTACGATTGAACAAGCAAAATCAAATGCAATTAAATCGATTGAAGATGCAATTCAACATATGATTGATGAAATC
AAAGCTCGTACTGATCTAACAGATAAAGAGAAGCAAGAAGCTATTGCTAAGTTAAATCAATTAAAAGAACAAGCAATTCA
AGCGATTCAACGTGCGCAAAGCATCAGTGAAATAACTGAGCAATTGGAACAATTTAAAGCTCAAATGAAAGCAGCTAATC
CAACAGCAAAAGAACTAGCTAAACGCAAGCAAGAAGCTATTAGTAGAATTAAAGACTTTTCAAATGAAAAAATAAATAGT
ATTCGAAATAGTGAAATTGGCACAGCTGATGAAAAACAAGCAGCAATGAATCAAATTAACGAAATTGTGCTTGAAACAAT
TAGAGATATTAATAATGCGCATACATTACAGCAAGTTGAGGCTGCATTGAACAATGGTATTGCTCGAATTTCAGCAGTAC
AAATTGTAATATCTGATCGTGCTAAACAATCGTCAAGTACTGGAAATGAATCTAATAGCCATTTAACAATTGGTTATGGA
ACTGCAAATCATCCATTTAACAGTTCGACTATTGGACATAAAAAGAAACTTGATGAAGATGATGACATTGATCCACTTCA
TATGCGTCACTTTAGTAATAATTTCGGTAATGTTATTAAAAACGCTATTGGTGTGGTGGGTATCTCTGGCTTACTAGCTA
GTTTCTGGTTCTTCATTGCCAAACGTCGTCGTAAAGAAGATGAAGAGGAAGAATTAGAAATAAGAGATAATAATAAAGAT
TCAATAAAAGAGACTTTAGACGATACAAAACATTTACCACTTTTATTTGCGAAACGTCGCAGAAAAGAAGATGAAGAAGA
TGTTACTGTTGAAGAAAAAGATTCGCTAAATAATGGCGAGTCACTCGATAAAGTTAAACATACGCCGTTCTTCTTACCAA
AACGTCGTCGTAAAGAAGATGAAGAAGATGTGGAAGTTACAAATGAAAACACAGATGAAAAAGTGTTGAAAGATAACGAA
CATTCACCACTCTTATTCGCAAAACGACGCAAAGATAAAGAGGAAGATGTTGAAACAACAACTAGTATTGAATCTAAAGA
TGAGGACGTTCCTTTATTATTGGCTAAAAAGAAAAATCAAAAAGATAACCAATCCAAAGACAAAAAGTCAGCATCAAAAA
ATACTTCTAAAAAGGTAGCAGCTAAAAAGAAGAAAAAGAAATCTAAGAAAAATAAAAAA

SEQ ID NO:47 secuencia de polinucleótidos

TTGAATAATCGTGATAAATTACAAAAATTTAGTATTCGAAAATACGCAATTGGAACATTTTCTACTGTGATTGCAACACT
TGTGTTCATGGGTATCAATACAAACCATGCAAGTGCCGACGAGTTGAATCAAAATCAAAAGTTAATTAAACAATTAAATC
AAACAGATGATGATGATTCGAATACGCATAGTCAAGAAATCGAAAATAACAAACAAAATTCTAGTGGGCAGACTGAATCA
TTACGTTCATCAACTAGTCAAAATCAAGCAAATGCACGACTGTCGGATCAATTCAAAGACACTAATGAAACATCGCAACA
ATTACCTACAAATGTTTCGGATGATAGTATCAATCAATCGCATAGTGAAGCAAATATGAATAACGAACCATTGAAAGTTG
ATAATAGTACTATGCAAGCACATAGTAAAATAGTAAGCGATAGCGATGGGAATGCTTCTGAAAATAAACATCATAAACTA
ACAGAAAATGTACTTGCAGAAAGCCGAGCAAGTAAAAATGACAAAGAGAAAGAGAATCTACAAGAGAAAGATAAATCGCA
GCAAGTACATCCACCATTAGATAAAAATGCATTACAAGCTTTTTTTGACGCATCATATCACAATTACAGAATGATTGATA
GAGATCGTGCGGATGCAACAGAATATCAAAAAGTCAAATCTACTTTTGACTACGTCAATGACTTACTAGGTAATAATCAA
AATATTCCTTCAGAACAGCTTGTTTCGGCATATCAACAATTAGAGAAAGCATTAGAACTTGCACGTACGTTACCACAACA
ATCTACTACAGAAAAACGTGGTAGAAGAAGTACGAGAAGTGTTGTTGAGAATCGTTCATCAAGAAGCGATTACTTAGATG
CTAGAACTGAATATTATGTTTCAAAAGACGATGATGATTCTGGTTTCCCTCCTGGTACTTTCTTCCATGCTTCAAATAGA
AGATGGCCTTATAATTTACCAAGATCTAGGAACATCTTACGTGCTTCTGATGTACAAGGTAATGCTTATATCACTACAAA
ACGACTTAAAGATGGATATCAATGGGATATTTTATTTAATAGTAATCATAAAGGGCATGAATATATGTACTATTGGTTTG
GACTTCCAAGTGATCAAACACCAACTGGTCCAGTAACTTTCACTATTATCAACCGTGATGGTTCAAGTACATCTACTGGT
GGCGTTGGATTTGGATCAGGTGCACCACTACCTCAATTTTGGAGATCAGCAGGTGCTATTAATTCTAGCGTAGCGAATGA
TTTTAAACATGGCTCCGCTACAAATTATGCATTTTATGATGGTGTTAATAATTTTTCTGACTTTGCTAGAGGGGGAGAAT
TATACTTCGACAGAGAAGGCGCTACACAAACTAATAAATATTATGGCGATGAAAACTTCGCATTGCTAAATAGTGAGAAA
CCAGATCAAATAAGAGGATTAGATACAATATATAGTTTTAAAGGTAGTGGTGATGTAAGTTATCGTATTTCATTTAAAAC
TCAAGGAGCTCCAACTGCAAGATTGTATTATGCTGCTGGCGCGCGTTCTGGTGAATATAAACAAGCAACGAACTATAACC
AACTCTATGTCGAACCTTATAAGAATTATCGAAATCGAGTACAGTCAAATGTCCAAGTTAAAAATCGTACACTTCATTTA
AAAAGAACAATCAGACAATTCGATCCTACATTACAGAGAACTACTGATGTTCCTATTTTGGATAGTGACGGTTCCGGAAG
TATTGATTCGGTATACGACCCATTAAGTTATGTAAAGAATGTGACTGGTACAGTCCTAGGTATTTATCCATCTTATCTTC
CTTATAATCAGGAAAGATGGCAGGGAGCTAATGCAATGAATGCCTATCAAATTGAAGAACTTTTTTCACAAGAAAATCTT
CAAAATGCAGCACGTTCAGGCCGTCCAATTCAATTTCTTGTAGGTTTTGATGTTGAAGATAGCCATCATAACCCTGAAAC
TCTTTTACCAGTAAATTTATATGTAAAACCTGAGTTAAAACATACAATTGAGTTATATCACGATAATGAAAAACAAGATA
GAAAGGAATTTTCAGTATCGAAA

SEQ ID NO:48 secuencia de polinucleótidos

ATGAGTGGAACGCTTCATAACACTGTAGGATCAGGAATATTACCTTATCAACAAGAGATACGTATCAAACTTACTAGTAA
TGAACCAATTAAAGATAGTGAATGGTCTATTACAGGATATCCTAACACGCTTACATTACAAAACGCTGTGGGTAGAACAA
ATAATGCTACTGAAAAAAACTTAGCTCTTGTTGGTCATATTGATCCAGGAAATTATTTCATCACTGTTAAGTTTGGTGAT
AAAGTAGAACAATTTGAAATTAGATCAAAACCAACTCCACCAAGAATCATTACAACTGCTAATGAATTACGTGGAAATCC
TAACCATAAGCCTGAAATAAGAGTAACAGATATACCAAATGATACTACTGCTAAAATCAAACTTGTGATGGGCGGAACCG
ATGGCGATCATGATCCAGAAATAAATCCATATACTGTCCCTGAAAACTACACAGTAGTTGCAGAAGCATACCATGATAAT
GATCCAAGTAAAAATGGGGTCTTAACATTCCGTTCATCAGACTACCTTAAAGATCTACCATTAAGCGGTGAATTAAAGGC
AATTGTTTATTACAATCAATATGTACAATCAAACTTTAGTAAAAGCGTTCCGTTTAGTAGCGATACAACACCACCTACAA
TTAATGAACCGGCAGGACTAGTTCATAAGTATTACAGGGGAGATCATGTAGAAATTACTCTTCCAGTCACTGATAATACT
GGCGGTTCAGGTTTAAGAGATGTAAACGTCAATTTACCTCAAGGTTGGACAAAAACCTTTACAATCAATCCTAATAATAA
TACTGAGGGTACGCTTAAGTTAATTGGTAATATACCTAGTAATGAAGCATATAATACGACATATCATTTCAATATTACTG
CAACCGATAATTCTGGAAATACAACAAATCCAGCTAAAACCTTTATTTTAAATGTTGGTAAGTTGGCTGATGATTTAAAT
CCAGTCGGATTATCTAGAGATCAACTACAATTAGTGACAGACCCTTCTTCATTATCTAATTCCGAACGAGAAGAGGTAAA
AAGAAAAATAAGTGAAGCAAATGCTAATATAAGATCATATTTATTACAAAATAACCCAATACTCGCTGGAGTAAACGGCG
ATGTTACATTTTATTATAGAGATGGTTCTGTAGATGTTATTGATGCTGAAAATGTAATCACATATGAGCCCGAAAGAAAA
TCCATTTTCAGTGAAAATGGTAATACAAATAAAAAAGAAGCAGTAATCACTATTGCTAGAGGACAAAACTATACCATTGG
TCCAAACTTAAGAAAATATTTCTCATTAAGTAATGGTTCGGATTTACCTAATAGAGATTTCACCTCTATATCAGCTATTG
GATCTTTACCTTCATCGAGTGAAATTAGTCGACTCAATGTTGGAAATTATAACTATAGAGTTAATGCTAAAAATGCTTAT
CATAAGACTCAACAAGAACTTAATTTAAAACTTAAAATAGTAGAGGTTAATGCACCTACTGGTAATAATCGTGTATATAG
AGTTAGTACTTATAATTTAACTAATGATGAAATCAATAAAATCAAACAAGCATTTAAAGCAGCTAATTCTGGACTTAATT
TAAACGATAACGATATCACTGTTTCGAATAACTTTGACCATAGAAATGTTAGTAGTGTGACAGTAACTATACGTAAGGGC
GATTTGATAAAAGAGTTTTCATCAAATCTCAATAATATGAATTTCTTACGTTGGGTTAATATAAGGGATGATTATACCAT
TTCGTGGACTTCTAGTAAGATTCAAGGTAGAAATACAGATGGTGGATTAGAATGGTCACCAGATCATAAATCACTTATTT
ATAAATATGATGCAACATTAGGTAGACAAATAAATACTAATGACGTGTTAACTTTACTTCAAGCAACAGCTAAAAACTCA
AATTTACGTTCAAATATCAATAGTAATGAAAAACAGTTAGCAGAACGAGGGTCTAATGGGTATTCTAAATCTATAATTAG
AGATGATGGCGAGAAATCTTATTTACTTAACTCAAATCCTATTCAAGTATTAGACTTAGTAGAACCAGATAATGGTTACG
GTGGACGTCAAGTCAGTCATTCTAACGTTATATATAATGAAAAAAATTCTTCTATCGTAAATGGTCAAGTTCCAGAAGCT
AATGGGGCATCCGCTTTTAATATTGATAAAGTTGTTAAAGCTAATGCGGCAAATAATGGTATTATGGGTGTTATCTATAA
GGCACAATTATACTTAGCACCATACAGTCCAAAAGGTTACATTGAAAAATTAGGCCAAAATTTAAGCAATACCAATAACG
TGATTAATGTTTATTTTGTGCCTTCTGATAAAGTAAATCCTAGTATAACTGTAGGTAATTACGACCATCATACGGTATAT
TCTGGTGAAACATTTAAAAATACTATCAATGTAAATGATAATTATGGATTAAATACAGTAGCTTCTACAAGTGATAGTGC
AATTACTATGACCAGAAACAACAACGAGTTAGTAGGTCAGGCTCCTAATGTTACTAATAGCATAAATAAAATTGTAAAAG
TTAAAGCCACAGATAAAAGTGGAAATGAAAGTATTGTTTCTTTCACAGTAAATATAAAACCATTAAACGAGAAATATAGA
ATAACAACTTCATCAAGTAATCAAACACCAGTGAGAATTAGTAATATTCAAAACAATGCTAACCTTTCAATTGAAGATCA
AAATAGAGTAAAATCTTCACTCAGCATGACTAAAATTTTAGGTACAAGAAATTATGTCAATGAGTCAAATAATGACGTTC
GTAGTCAAGTTGTAAGTAAAGTAAATAGAAGTGGGAACAATGCTACAGTTAATGTTACAACTACATTTTCTGATGGTACA
ACTAATACAATAACCGTTCCAGTTAAACATGTGTTATTAGAAGTTGTACCTACTACTAGAACAACAGTAAGAGGACAACA
ATTTCCAACCGGCAAAGGAACTTCCCCAAATGATTTCTTTAGTTTAAGAACGGGAGGTCCAGTTGATGCGAGAATAGTTT
GGGTTAATAATCAGGGACCCGATATAAATAGTAATCAAATTGGTAGAGATTTAACATTACACGCTGAAATATTCTTTGAT
GGTGAAACAACACCAATTAGAAAAGATACTACTTACAAACTTAGTCAATCTATTCCAAAGCAAATATATGAAACAACTAT
CAATGGTCGATTTAATTCATCAGGTGATGCATATCCAGGAAATTTTGTTCAAGCAGTAAATCAATATTGGCCAGAACATA
TGGACTTCAGATGGGCCCAAGGATCAGGCACACCAAGTTCTCGTAATGCAGGTTCATTTACTAAAACAGTTACGGTAGTT
TATCAAAACGGCCAAACTGAAAACGTTAATGTACTATTCAAAGTCAAACCAAATAAACCTGTTATTGATAGTAATAGTGT
GATTTCAAAAGGACAATTAAATGGTCAACAAATTTTAGTTCGAAATGTTCCACAAAATGCACAAGTCACTCTATATCAAT
CAAATGGAACTGTTATTCCTAATACAAATACAACTATAGATTCTAATGGTATAGCTACTGTAACAATTCAAGGCACTCTA
CCAACCGGAAATATTACTGCTAAAACCTCAATGACAAATAATGTAACGTACACTAAACAAAATAGTAGTGGAATTGCTTC
AAATACAACTGAAGATATAAGTGTTTTTTTCAGAAAACAGTGATCAAGTAAATGTTACCGCTGGCATGCAAGCTAAAAATG
ATGGTATTAAAATAATTAAAGGTACAAACTATAATTTTAATGACTTCAATAGTTTCATAAGTAATATACCAGCCCATTCT
ACTCTTACATGGAACGAGGAGCCTAATAGTTGGAAAAACAACATCGGTACTACAACAAAAACTGTTACAGTTACTCTACC
TAATCATCAAGGTACGAGAACTGTAGATATTCCAATAACAATCTATCCAACAGTTACAGCTAAGAATCCAGTAAGAGATC
AAAAAGGACGAAACTTAACCAATGGTACTGACGTTTATAATTATATTATTTTTGAAAATAATAACCGTCTTGGAGGAACA
GCTTCTTGGAAAGACAATCGTCAACCTGATAAAAACATAGCCGGTGTACAAAATTTAATTGCACTTGTTAATTATCCTGG
CATATCTACACCATTAGAAGTTCCTGTTAAAGTGTGGGTATATAATTTTGATTTCACTCAACCTATCTACAAAATTCAAG
TAGGAGATACATTCCCTAAAGGAACATGGGCAGGCTATTACAAACATCTTGAAAATGGAGAGGGATTACCAATAGATGGT
TGGAAATTTTATTGGAACCAGCAAAGTACAGGAACTACTAGTGATCAATGGCAATCATTAGCATATACTAGAACTCCTTT
TGTTAAAACTGGTACTTATGATGTCGTTAATCCTAGCAACTGGGGTGTTTGGCAAACATCACAATCAGCTAAATTTATAG
TTACAAATGCTAAACCTAATCAACCAACCATAACTCAGTCTAAAACTGGTGATGTAACAGTAACACCTGGTGCTGTGCGT
AATATACTAATAAGTGGGACAAATGATTATATCCAAGCATCTGCAGATAAGATTGTTATTAATAAAAATGGAAATAAATT
AACTACATTTGTTAAAAATAATGATGGTCGTTGGACTGTTGAAACTGGGTCACCTGACATAAATGGTATCGGACCAACAA

ATAACGGAACTGCTATATCTTTAAGTCGATTAGCAGTTAGACCTGGGGATTCAATAGAAGCAATAGCGACTGAAGGTTCC
GGAGAAACTATAAGTACTTCAGCAACTAGTGAAATTTATATTGTCAAAGCTCCACAACCTGAACAAGTAGCAACTCATAC
TTATGATAATGGAACATTCGATATATTACCTGACAATTCACGTAATTCTTTAAATCCAACTGAACGTGTCGAAATTAATT
ACACTGAAAAATTAAATGGCAATGAAACACAAAAATCATTCACTATTACTAAAAATAACAACGGCAAATGGACGATAAAT
AATAAACCAAATTATGTCGAGTTCAATCAGGATAATGGTAAAGTTGTATTTTCGGCCAATACAATTAAACCTAATTCTCA
AATTACAATAACTCCTAAAGCAGGTCAGGGTAACACTGAAAACACAAATCCTACTGTAATTCAAGCACCTGCGCAACATA
CTTTAACAATCAATGAAATTGTTAAAGAACAGGGTCAAAATGTGACTAATGATGATATTAATAATGCGGTTCAAGTGCCA
AATAAAAATAGAGTTGCGATTAAACAAGGAAACGCTCTTCCAACAAATTTAGCTGGTGGTAGTACATCACATATTCCAGT
AGTTATTTATTACAGTGATGGAAGTTCTGAAGAAGCTACTGAGACTGTTAGAACTAAAGTTAATAAAACCGAATTAATCA
ATGCTCGTCGTCGACTAGATGAAGAAATTAGTAAAGAGAACAAAACACCATCAAGTATCAGAAACTTTGATCAAGCTATG
AATCGTGCTCAATCACAAATTAATACAGCTAAAAGTGATGCTGACCAAGTTATAGGCACAGAATTTGCAACACCTCAACA
AGTAAATTCAGCTTTATCTAAAGTTCAAGCGGCACAAAATAAAATAAATGAAGCTAAAGCATTATTACAAAACAAGGCTG
ATAATAGTCAACTTGTGAGAGCAAAAGAACAATTACAACAATCGATTCAACCAGCCGCTTCAACTGATGGTATGACTCAA
GATAGCACAAGGAACTACAACAATAAACGCCAAGCAGCTGAACAAGCAATACAACATGCAAATAGCGTTATAAATAATGG
AGATGCAACATCCCAACAAATTAATGATGCTAAAAACACAGTTGAACAGGCACAGAGAGATTATGTTGAAGCTAAAAGCA
ACTTACGTGCTGATAAGTCACAGTTACAAAGCGCTTATGATACGTTAAATAGAGATGTTTTAACAAATGATAAAAAGCCA
GCATCTGTAAGACGCTATAATGAAGCCATTTCAAATATTAGAAAAGAATTAGATACAGCTAAAGCGGATGCAAGTAGTAC
TTTGCGAAACACCAATCCTTCCGTTGAACAAGTTAGAGACGCTTTAAATAAAATAAATACTGTTCAACCTAAAGTGAATC
AAGCAATTGCTTTACTTCAACCAAAAGAAAATAATTCAGAACTTGTACAAGCTAAAAAACGTTTACAAGACGCTGTAAAT
GACATACCTCAAACACAAGGTATGACACAACAAACAATTAATAATTATAATGACAAACAACGTGAAGCTGAAAGAGCACT
TACATCTGCACAAAGAGTGATTGATAATGGGGATGCTACAACTCAAGAAATTACTTCTGAAAAATCTAAAGTAGAGCAAG
CAATGCAAGCTTTAACTAATGCTAAAAGTAATCTGAGAGCTGATAAGAATGAGTTACAGACTGCATATAACAAATTAATT
GAGAACGTATCTACCAATGGTAAAAAACCGGCGAGTATACGTCAATACGAAACAGCCAAAGCCAGAATACAAAATCAAAT
TAATGATGCTAAAAATGAAGCGGAGCGAATTTTAGGTAATGATAATCCACAAGTATCACAAGTAACTCAAGCATTGAACA
AAATCAAAGCTATTCAACCAAAATTAACAGAAGCTATCAACATGCTTCAAAACAAAGAAAATAATACAGAATTAGTCAAT
GCTAAAAACAGACTTGAAAATGCAGTAAATGATACAGATCCAACACACGGTATGACTCAAGAAACAATTAATAATTACAA
CGCTAAAAAGCGAGAAGCTCAAAATGAAATACAAAAAGCGAACATGATTATTAATAATGGAGATGCTACTGCTCAAGATA
TTTCTTCTGAAAAATCTAAAGTAGAGCAAGTATTACAAGCATTACAAAATGCTAAGAATGACTTAAGAGCTGATAAAAGA
GAATTACAGACTGCATACAATAAACTTATACAAAATGTTAATACCAATGGTAAAAAACCATCTAGTATTCAAAACTATAA
GTCTGCAAGACGAAATATCGAAAACCAATATAATACCGCTAAAAATGAAGCACATAATGTTCTTGAAAATACAAACCCTA
CTGTAAATGCAGTAGAAGATGCTTTACGTAAGATAAATGCAATTCAACCAGAGGTTACAAAAGCTATTAATATACTTCAA
GATAAAGAAGATAATAGCGAACTTGTTAGAGCAAAAGAAAAATTAGATCAAGCGATTAATAGTCAACCATCACTAAATGG
TATGACTCAAGAATCTATTAATAATTACACAACAAAACGTAGAGAAGCACAAAATATAGCAAGTTCTGCTGACACTATTA
TTAATAATGGGGATGCATCTATTGAACAAATAACAGAAAATAAAATTCGAGTTGAAGAGGCAACTAATGCACTTAACGAA
GCAAAACAACATTTAACGGCAGATACAACTTCTTTAAAAACTGAAGTACGGAAATTAAGTAGGAGAGGCGACACAAACAA
CAAAAAGCCTAGCAGTGTTAGTGCTTATAACAATACTATTCATTCGCTACAATCTGAAATTACACAGACTGAAAATAGAG
CAAATACTATCATCAATAAGCCTATTCGTTCTGTTGAAGAAGTAAATAATGCATTGCATGAAGTAAACCAATTGAACCAA
CGCTTAACAGATACAATTAACTTATTACAACCTTTAGCGAATAAAGAAAGCTTAAAAGAAGCTCGTAATCGACTTGAAAG
TAAAATTAATGAAACCGTTCAAACAGACGGTATGACTCAACAATCTGTTGAGAATTATAAGCAAGCTAAAATAAAAGCTC
AAAATGAATCTAGTATTGCACAAACTCTTATTAATAATGGTGATGCATCTGATCAAGAAGTTTCTACAGAAATAGAAAAA
TTAAATCAAAAGCTGTCTGAATTAACAAATTCAATCAATCACTTAACAGTTAATAAAGAACCTTTAGAAACTGCCAAAAA
TCAGTTACAAGCAAATATTGACCAAAAACCTAGCACTGATGGTATGACGCAACAATCTGTACAAAGCTATGAACGTAAAC
TACAAGAAGCCAAAGATAAAATAAACTCAATTAATAATGTCTTAGCTAACAATCCAGATGTTAATGCTATCAGAACAAAC
AAAGTTGAGACGGAACAAATCAATAATGAATTAACACAGGCGAAACAAGGTCTTACTGTTGATAAACAACCATTGATTAA
TGCAAAAACTGCTTTGCAACAAAGTCTAGATAATCAACCAAGTACTACTGGTATGACTGAAGCAACAATTCAAAATTATA
ACGCTAAACGTCAAAAAGCAGAGCAAGTTATACAAAATGCAAATAAAATTATTGAAAACGCTCAACCTAGTGTACAACAA
GTGTCTGATGAGAAATCTAAGGTAGAGCAAGCACTCAGTGAATTGAACAACGCCAAATCAGCGCTTAGAGCTGATAAACA
AGAATTACAGCAAGCATATAATCAGTTGATTCAACCAACGGATTTAAATAATAAGAAACCAGCTTCTATCACTGCGTACA
ATCAAAGATATCAACAATTTAGTAACGAATTGAACAGCACTAAAACAAATACAGATCGCATTTTAAAAGAGCAAAATCCA
AGTGTAGCTGATGTCAACAATGCACTAAATAAAGTAAGAGAAGTACAACAAAAATTAAACGAAGCCAGAGCACTTTTACA
AAATAAAGAAGATAATAGTGCACTAGTTCGAGCCAAAGAACAACTTCAACAGGCAGTTGACCAAGTCCCTTCAACAGAAG
GTATGACGCAACAAACTAAAGATGATTACAATTCAAAACAACAAGCTGCTCAACAAGAAATATCAAAAGCACAACAAGTT
ATCGATAATGGCGATGCGACTACACAACAAATTTCTAACGCCAAAACAAATGTTGAACGCGCTTTAGAAGCATTAAATAA
TGCAAAAACTGGTTTAAGAGCAGATAAAGAGGAACTTCAAAATGCATATAATCAATTAACTCAAAATATTGATACGAGCG
GTAAAACGCCTGCAAGTATCAGGAAATACAATGAAGCTAAGTCACGTATTCAAACTCAAATTGATTCAGCTAAAAATGAA
GCAAACAGTATTTTAACAAATGACAATCCTCAAGTATCACAAGTGACTGCTGCGTTAAACAAAATAAAAGCTGTTCAACC
TGAATTAGATAAAGCGATAGCAATGCTTAAAAATAAAGAGAATAATAATGCATTGGTTCAAGCGAAACAACAACTTCAAC
AAATTGTTAATGAAGTAGATCCAACACAAGGCATGACAACAGATACTGCTAATAACTATAAATCAAAAAAACGTGAAGCT
GAAGATGAAATACAAAAAGCTCAACAAATCATTAACAATGGCGATGCCACTGAGCAACAAATTACTAACGAAACAAATAG
AGTAAATCAAGCGATTAATGCAATAAACAAAGCCAAAAACGATTTACGTGCTGATAAGTCTCAATTGGAAAATGCTTATA
ACCAATTAATACAAAATGTTGATACAAATGGTAAAAAACCTGCTAGTATTCAACAATACCAAGCTGCTCGACAAGCTATT

GAGACGCAATACAATAACGCTAAATCAGAAGCACATCAAATTCTTGAAAATAGTAACCCTTCAGTTAATGAAGTAGCACA
AGCATTACAAAAAGTTGAAGCTGTACAACTTAAAGTTAATGACGCGATTCATATACTTCAAAATAAAGAGAATAATAGTG
CACTTGTCACAGCTAAAAATCAACTTCAGCAATCAGTTAATGATCAACCATTAACAACAGGTATGACTCAAGATTCTATT
AATAACTATGAAGCTAAGAGAAATGAGGCTCAAAGTGCTATCAGAAATGCAGAAGCTGTCATCAACAATGGCGATGCAAC
TGCAAAACAAATTTCAGACGAGAAATCTAAAGTTGAACAAGCACTAGCACATTTGAATGATGCTAAACAGCAATTAACTG
CAGATACTACTGAATTACAAACAGCAGTTCAACAATTAAACAGAAGAGGCGATACAAATAATAAAAAGCCAAGAAGTATC
AATGCATATAATAAAGCAATTCAATCATTAGAAACACAAATTACTTCTGCTAAAGATAATGCCAACGCTGTGATACAAAA
ACCTATACGTACTGTTCAAGAGGTAAATAATGCATTACAACAAGTAAATCAGTTGAATCAACAATTAACTGAAGCAATTA
ATCAACTTCAACCGCTATCAAATAATGATGCATTAAAAGCTGCAAGATTAAATTTAGAAAATAAAATTAATCAAACTGTA
CAAACTGATGGTATGACACAACAATCTATAGAGGCTTATCAAAACGCTAAACGCGTAGCCCAAAATGAATCTAACACTGC
TTTAGCATTAATTAATAACGGCGATGCCGATGAACAACAAATTACAACTGAAACAGACCGAGTCAATCAGCAAACTACAA
ACTTAACTCAAGCAATTAACGGGTTAACAGTTAATAAAGAACCATTAGAAACCGCTAAAACAGCGTTACAAAATAACATC
GACCAGGTACCTAGTACAGATGGTATGACTCAGCAATCTGTTGCAAATTATAATCAAAAACTACAAATAGCTAAAAACGA
AATTAACACAATTAATAACGTTTTAGCGAACAATCCAGATGTTAATGCAATCAAAACGAATAAAGCAGAAGCGGAACGAA
TCAGTAACGATTTAACACAAGCTAAGAATAACTTACAAGTTGATACTCAACCTTTAGAAAAAATAAAAAGACAACTTCAA
GATGAAATTGATCAAGGTACTAACACAGATGGAATGACTCAAGATTCAGTGGATAATTACAATGATAGCTTAAGTGCAGC
AATTATAGAAAAAGGCAAAGTAAATAAATTACTTAAACGTAATCCGACAGTAGAACAAGTTAAAGAGAGCGTTGCTAATG
CACAACAAGTCATACAAGATTTACAAAATGCTCGAACTTCACTTGTTCCAGACAAAACTCAACTTCAAGAAGCTAAAAAT
AGATTAGAAAACAGTATTAACCAACAAACAGATACTGACGGCATGACTCAAGATTCGCTTAACAATTATAATGATAAATT
AGCAAAAGCTAGACAAAACCTTGAAAAAATATCTAAAGTTTTAGGTGGTCAACCTACTGTAGCTGAAATTAGACAAAATA
CAGATGAAGCAAATGCACATAAACAAGCATTAGACACTGCACGTTCTCAACTTACATTAAATAGAGAGCCATATATCAAT
CATATTAATAATGAAAGTCATTTAAATAACGCGCAAAAAGATAATTTTAAAGCTCAAGTTAACTCAGCACCTAATCATAA
TACTTTAGAAACGATTAAAAATAAGGCTGATACTTTAAATCAATCTATGACAGCATTAAGTGAAAGTATTGCAGATTACG
AAAATCAAAAACAACAAGAAAATTATTTAGATGCATCTAACAATAAACGTCAAGACTATGACAATGCAGTCAATGCGGCT
AAAGGTATTTTAAACCAAACTCAAAGTCCGACAATGAGTGCTGATGTGATTGATCAAAAAGCTGAAGATGTTAAACGTAC
GAAAACTGCGTTAGATGGAAATCAAAGATTAGAAGTTGCTAAACAACAAGCACTTAATCATTTAAATACCTTAAATGATT
TAAACGATGCTCAGCGACAAACTTTAACTGATACTATAAATCACTCTCCAAACATCAATTCAGTGAATCAAGCTAAAGAA
AAAGCTAATACTGTTAACACAGCAATGACTCAACTGAAACAAACTATTGCTAACTATGACGATGAATTGCATGACGGCAA
TTACATTAATGCAGATAAAGACAAAAAAGATGCTTATAATAACGCTGTTAACAATGCTAAACAACTGATTAATCAATCTG
ATGCTAATCAAGCACAACTTGATCCAGCTGAAATTAATAAAGTTACACAAAGAGTCAATACGACTAAAAATGATCTAAAT
GGTAATGACAAATTGGCTGAAGCTAAAAGAGATGCTAATACAACCATTGATGGTTTAACTTATCTAAATGAAGCTCAACG
TAACAAAGCTAAAGAAAATGTAGGCAAAGCTTCTACAAAAACAAATATTACGAGTCAGTTACAAGATTACAATCAATTGA
ATATTGCTATGCAAGCATTACGTAACAGTGTGAACGACGTTAACAATGTTAAAGCAAATAGCAATTATATAAATGAAGAT
AATGGTCCAAAAGAAGCTTACAATCAAGCCGTTACTCATGCTCAAACATTGATAAATGCACAATCTAACCCTGAAATGAG
CCGTGACGTAGTAAATCAAAAAACACAAGCAGTAAATACTGCCCATCAGAATTTACATGGACAACAAAAGTTAGAACAAG
CACAAAGTAGTGCTAATACAGAAATCGGTAACTTACCAAACTTAACTAATACTCAAAAAGCTAAAGAAAAGGAACTGGTA
AATAGTAAACAAACTCGTACGGAAGTACAAGAACAACTTAACCAAGCTAAGTCACTAGATAGTTCTATGGGCACGTTAAA
ATCATTAGTTGCTAAACAACCTACAGTACAAAAAACAAGTGTTTATATTAACGAAGATCAACCTGAGCAATCTGCCTACA
ATGATTCCATTACAATGGGACAAACTATAATTAATAAAACAGCTGATCCAGTACTTGATAAAACTTTAGTTGATAACGCA
ATCAGTAACATTTCAACTAAAGAGAATGCACTGCATGGTGAACAAAAATTAACAACTGCTAAAACGGAAGCAATTAATGC
ACTTAATACATTAGCTGATTTAAACACACCTCAGAAAGAGGCTATTAAAACAGCTATTAACACTGCTCATACAAGAACTG
ATGTAACTGCAGAGCAAAGTAAGGCTAATCAAATAAATAGTGCAATGCACACGTTGAGACAAAACATTTCTGACAACGAA
TCAGTAACAAACGAAAGTAATTATATTAACGCTGAACCCGAAAAACAACATGCCTTTACTGAGGCTCTAAATAATGCTAA
AGAAATAGTTAATGAACAACAAGCCACTCTTGATGCCAATTCAATTAACCAAAAAGCACAAGCGATTCTTACTACTAAAA
ATGCTTTAGATGGTGAAGAACAATTACGTCGTGCTAAAGAAAATGCCGATCAAGAAATCAATACGTTAAATCAATTGACT
GATGCGCAAAGAAATAGTGAAAAAGGTTTAGTCAACAGTTCTCAAACTAGAACAGAAGTTGCTTCTCAATTAGCAAAAGC
TAAAGAACTAAATAAGGTGATGGAACAACTGAATCACCTTATCAATGGTAAAAACCAAATGATAAATAGCAGTAAATTTA
TCAATGAAGATGCGAACCAACAACAAGCATATTCAAATGCGATTGCAAGTGCAGAAGCGCTTAAAAACAAATCACAAAAC
CCTGAATTAGATAAAGTAACAATTGAACAAGCAATTAATAATATTAATTCTGCAATTAACAATCTAAACGGTGAAGCTAA
ACTGACTAAAGCTAAAGAAGATGCTGTTGCTTCAATAAACAACCTAAGCGGATTAACAAACGAGCAAAAAACAAAAGAAA
ATCAAGCCGTTAATGGCGCTCAAACTAGAGACCAAGTTGCTAATAAATTACGTGATGCTGAAGCATTAGATCAATCAATG
CAAACATTACGTGACTTAGTTAACAATCAAAATGCAATACATTCAACAAGTAATTATTTTAACGAGGATTCAACTCAAAA
GAATACTTATGATAATGCAATTGATAATGGCTCGACATATATAACTGGTCAACACAATCCAGAATTAAATAAATCTACTA
TTGATCAAACGATTAGCCGAATTAACACAGCTAAAAATGATTTACATGGTGTAGAAAAGTTACAAAGAGATAAGGGAACT
GCTAATCAAGAAATTGGACAATTAGGTTATTTAAATGACCCTCAAAAATCTGGTGAGGAATCCTTAGTCAACGGTTCAAA
TACACGTTCTGAAGTAGAAGAGCATCTTAATGAAGCTAAATCATTAAATAATGCAATGAAACAATTAAGAGATAAAGTAG
CTGAAAAGACTAATGTCAAACAAAGTAGCGATTACATTAATGATTCAACTGAACATCAACGTGGGTATGATCAAGCACTT
CAAGAAGCAGAAAATATTATTAATGAAATCGGTAATCCAACATTAAATAAATCGGAAATTGAACAAAAGTTACAACAATT
GACTGACGCTCAAAATGCGTTACAAGGTTCACATCTATTAGAAGAAGCTAAAAATAATGCGATTACTGGAATCAATAAAC
TTACAGCATTAAATGATGCACAACGTCAAAAAGCAATTGAAAATGTTCAAGCACAGCAGACAATCCCAGCAGTTAATCAA
CAATTAACTTTGGATAGAGAAATAAATACTGCAATGCAAGCTTTACGAGATAAAGTAGGCCAACAAAATAACGTTCACCA

ACAAAGTAATTATTTCAATGAAGATGAACAACCAAAACATAACTATGATAATTCTGTACAAGCCGGTCAAACTATTATTG
ATAAACTTCAAGATCCAATCATGAACAAAAATGAAATTGAGCAGGCTATTAATCAAATCAATACGACTCAAACAGCGTTA
AGTGGAGAAAATAAATTACACACTGACCAAGAAAGCACAAATAGACAAATAGAAGGTTTATCTAGTTTGAACACAGCTCA
AATCAACGCCGAAAAAGATTTAGTCAATCAAGCTAAAACAAGAACAGATGTTGCTCAAAAGTTAGCTGCAGCTAAAGAAA
TAAATTCTGCTATGAGTAATTTAAGAGATGGCATTCAAAATAAAGAGGACATCAAACGTAGCAGTGCATATATCAACGCA
GATCCGACTAAAGTTACAGCTTACGATCAAGCACTACAGAACGCAGAAAATATCATCAATGCCACACCAAACGTAGAGCT
TAATAAAGCTACAATTGAACAAGCGCTATCACGCGTTCAACAAGCACAACAAGATCTTGATGGTGTTCAACAATTAGCTA
ATGCTAAACAACAAGCTACACAAACTGTCAATGGGTTAAATAGCTTAAATGACGGTCAAAAGCGTGAATTAAATCTATTA
ATTAATTCAGCTAATACCCGTACAAAAGTACAAGAAGAATTAAACAAAGCAACTGAATTGAACCATGCGATGGAAGCTTT
AAGAAACAGTGTTCAAAACGTTGATCAAGTAAAACAAAGTAGCAATTATGTCAATGAAGATCAACCTGAACAGCACAATT
ATGATAATGCTGTCAATGAAGCTCAAGCTACAATCAACAACAATGCTCAACCTGTTCTAGACAAATTAGCTATAGAACGT
TTAACTCAAACTGTTAACACTACAAAAGATGCATTACATGGTGCTCAAAAACTGACACAAGACCAACAAGCTGCTGAAAC
TGGAATACGTGGTTTAACGAGTCTCAATGAACCTCAGAAAAATGCTGAAGTAGCTAAAGTAACTGCAGCAACAACACGTG
ATGAAGTGAGAAATATTCGTCAAGAAGCAACAACATTAGATACTGCAATGCTTGGTTTACGTAAAAGCATTAAAGATAAA
AACGATACTAAAAATAGTAGTAAATATATTAATGAGGATCATGACCAACAACAAGCTTATGACAATGCTGTAAATAATGC
TCAACAAGTTATCGATGAAACTCAAGCAACGTTAAGCTCAGATACAATCAATCAATTGGCAAATGCCGTAACTCAAGCTA
AATCTAATCTTCATGGAGATACTAAACTACAACACGATAAAGATAGTGCTAAACAAACGATTGCTCAATTACAGAATTTG
AATTCAGCTCAAAAACATATGGAAGATTCTTTAATTGATAATGAATCTACACGTACGCAAGTCCAACACGATTTAACAGA
AGCTCAAGCTTTAGATGGTTTAATGGGTGCCTTAAAAGAAAGTATTAAAGATTATACTAATATTGTTTCAAACGGTAATT
ACATCAATGCGGAACCATCTAAGAAACAAGCATATGATGCAGCTGTACAAAATGCTCAAAATATAATAAATGGAACGAAT
CAACCAACAATTAATAAAGGTAATGTCACTACAGCAACACAAACCGTGAAAAATACTAAAGATGCCTTAGACGGTGATCA
TAGATTAGAGGAAGCTAAAAATAATGCCAATCAAACAATCAGAAATCTATCTAATTTGAACAATGCCCAAAAAGATGCAG
AGAAAAATCTAGTTAATAGCGCATCAACATTAGAACAAGTTCAACAAAACTTACAAACCGCTCAACAATTAGATAATGCT
ATGGGTGAGTTACGACAAAGTATTGCTAAAAAAGATCAAGTGAAAGCAGATAGTAAATATCTAAATGAAGATCCTCAAAT
TAAGCAAAACTATGATGATGCAGTTCAACGTGTTGAAACTATTATTAACGAAACTCAAAACCCTGAATTACTTAAAGCAA
ACATTGACCAAGCAACTCAATCCGTTCAAAATGCAGAACAAGCTTTACATGGTGCTGAAAAATTAAATCAAGACAAACAA
ACGTCTTCGACAGAACTAGATGGATTAACAGATTTAACAGATGCACAACGTGAAAAACTCAGAGAACAAATTAACACTTC
TAATAGTAGAGATGATATTAAGCAAAAAATTGAGCAAGCAAAAGCACTAAATGACGCAATGAAAAAACTTAAAGAACAAG
TTGCGCAAAAAGATGGTGTTCATGCTAACAGTGATTATACAAATGAAGATTCTGCACAAAAAGATGCGTATAATAATGCA
CTTAAACAAGCGGAAGACATTATTAATAACAGCTCAAATCCTAACTTAAATGCACAAGACATTACTAATGCTTTAAATAA
TATTAAACAAGCACAAGATAACCTTCATGGAGCTCAAAAATTACAGCAAGACAAAAATACAACTAATCAAGCCATTGGTA
ACTTAAATCATCTTAATCAACCTCAAAAAGATGCGCTTATACAAGCTATTAATGGAGCTACATCTAGGGACCAAGTTGCA
GAAAAACTTAAAGAGGCCGAAGCGCTTGATGAAGCTATGAAACAACTTGAAGATCAAGTGAATCAAGATGATCAAATTTC
AAATAGCAGCCCATTCATAAATGAAGACTCAGACAAACAAAAAACTTATAATGATAAAATCCAAGCTGCAAAAGAAATAA
TTAATCAAACATCTAATCCAACCTTAGATAAACAAAAAATTGCTGATACACTTCAAAATATTAAAGATGCAGTGAATAAT
TTACATGGTGATCAAAAATTAGCTCAATCTAAACAAGATGCTAATAATCAATTAAATCATTTAGATGACTTAACCGAAGA
ACAAAAAAACCATTTTAAACCGTTAATTAATAATGCTGATACTCGAGATGAGGTAAATAAACAACTAGAGATTGCTAAAC
AATTAAATGGTGATATGAGTACACTTCATAAAGTCATAAATGATAAAGATCAAATTCAACATTTAAGCAATTACATTAAT
GCTGATAATGATAAAAAACAAAATTATGATAATGCTATTAAAGAAGCTGAGGATTTAATTCATAATCATCCAGATACATT
AGATCATAAAGCATTACAAGATTTATTAAACAAGATAGACCAAGCGCATAACGAATTAAATGGAGAATCCAGATTTAAAC
AGGCTTTAGACAATGCTTTAAACGACATAGATAGCTTAAACAGTCTCAATGTTCCACAACGCCAAACTGTTAAGGATAAC
ATCAACCATGTGACAACTCTAGAAAGTTTAGCTCAAGAATTGCAGAAAGCAAAAGAGCTTAATGATGCTATGAAAGCAAT
GAGAGATAGCATTATGAATCAAGAGCAAATTCGTAAAAATAGCAATTATACTAATGAAGACTTAGCTCAACAAAATGCCT
ATAATCATGCAGTAGATAAAATAAATAACATTATTGGTGAAGACAATGCGACGATGGATCCTCAAATAATCAAACAAGCA
ACTCAAGATATAAATACAGCTATAAATGGATTAAATGGAGATCAAAAACTTCAAGATGCAAAGACAGATGCTAAACAACA
AATTACTAACTTTACTGGTTTAACTGAACCACAAAAACAAGCATTGGAAAACATCATTAACCAACAAACAAGCAGAGCAA
ATGTTGCTAAACAGTTAAGTCATGCTAAATTCTTAAATGGAAAAATGGAAGAATTAAAAGTTGCAGTAGCCAAAGCGTCA
TTAGTAAGACAAAATAGTAACTATATTAATGAAGATGTCTCTGAAAAAGAAGCATATGAACAAGCTATCGCAAAAGGTCA
GGAAATAATTAATTCAGAAAATAATCCAACAATAAGTAGTACTGATATCAATCGTACCATTCAAGAAATTAATGATGCTG
AACAAAATCTTCATGGTGATAATAAATTAAGACAAGCACAGGAAATTGCAAAGAATGAAATACAAAATCTAGACGGATTA
AATTCAGCTCAAATAACAAAATTAATCCAAGATATAGGCAGAACAACAACTAAACCTGCAGTAACTCAGAAACTAGAAGA
AGCAAAAGCAATAAACCAAGCTATGCAACAACTTAAACAAAGTATAGCCGATAAGGATGCTACTCTAAATTCTAGTAACT
ATCTCAATGAAGATTCTGAGAAAAAGTTAGCGTACGATAATGCTGTAAGCCAAGCTGAACAACTCATAAATCAACTTAAC
GACCCAACTATGGATATAAGTAATATTCAAGCTATTACTCAAAAGGTCATTCAAGCAAAAGATTCATTGCACGGTGCGAA
TAAACTTGCACAAAATCAAGCAGATTCAAATTTAATAATAAATCAATCAACAAATTTAAATGATAAACAAAAGCAAGCAT
TAAATGACTTAATTAATCATGCTCAAACTAAACAGCAAGTGGCAGAAATAATTGCACAAGCTAATAAGTTAAATAACGAA
ATGGGCACACTAAAAACACTCGTAGAAGAACAGTCAAACGTTCATCAACAAAGTAAATATATTAATGAAGATCCGCAAGT
TCAAAATATTTATAATGACTCCATTCAAAAAGGTCGAGAAATATTAAACGGCACTACAGATGATGTTTTAAACAACAATA
AAATAGCAGATGCCATTCAAAACATTCATTTAACTAAAAACGATTTACATGGTGATCAAAAATTACAAAAAGCACAACAA
GATGCAACCAATGAATTAAACTATTTAACAAATCTAAACAATTCTCAAAGACAAAGCGAGCATGATGAGATTAACTCTGC
TCCTTCAAGAACTGAAGTTTCTAATGATTTAAATCATGCTAAAGCACTTAATGAAGCTATGCGTCAACTTGAGAATGAAG

TTGCTCTTGAAAACAGTGTTAAAAAATTAAGCGACTTTATCAATGAAGATGAAGCGGCACAAAATGAATATAGTAATGCA
CTTCAAAAAGCTAAAGACATTATCAACGGCGTTCCAAGTAGCACTTTAGATAAAGCTACAATTGAAGATGCTTTATTAGA
ATTGCAAAATGCTAGAGAAAGTTTACATGGTGAGCAAAAACTTCAAGAGGCTAAAAATCAAGCTGTTGCTGAAATTGATA
ATTTACAAGCATTAAATCCTGGACAGGTTCTTGCTGAAAAAACATTAGTTAACCAAGCATCAACCAAACCAGAAGTTCAA
GAAGCCTTACAAAAAGCAAAAGAACTTAATGAAGCTATGAAAGCACTGAAAACTGAAATAAATAAAAAAGAACAAATCAA
GGCTGATAGTAGATATGTAAATGCTGACAGTGGTCTTCAAGCAAATTACAATTCTGCGTTAAATTATGGTTCTCAAATTA
TTGCAACTACCCAACCACCAGAGCTTAATAAAGATGTAATAAATAGAGCAACTCAAACGATTAAAACTGCTGAAAATAAT
TTAAATGGGCAATCTAAATTAGCAGAGGCTAAGTCAGACGGAAATCAAAGCATCGAACATTTGCAAGGATTAACACAATC
ACAAAAAGATAAACAACATGATTTAATTAATCAAGCTCAAACTAAACAACAGGTAGATGATATCGTAAATAACTCTAAAC
AATTAGATAACTCTATGAATCAACTACAACAAATTGTTAACAATGACAATACAGTAAAACAAAATAGTGATTTCATTAAT
GAAGATTCCAGCCAACAGGATGCTTATAATCATGCAATTCAAGCAGCAAAAGATTTGATAACTGCTCATCCAACTATCAT
GGATAAAAATCAAATAGATCAAGCTATTGAAAATATCAAACAAGCACTTAATGATTTACACGGTAGTAATAAACTATCAG
AAGATAAAAAAGAAGCTTCAGAACAACTACAAAACCTTAATAGCTTGACGAACGGGCAAAAAGATACGATTTTAAATCAT
ATTTTCAGTGCACCAACAAGAAGCCAAGTAGGAGAAAAAATTGCAAGTGCTAAACAATTAAATAATACAATGAAAGCACT
TAGAGATTCTATTGCTGATAATAATGAAATTTTACAAAGTAGTAAGTACTTCAATGAAGATTCTGAACAACAAAATGCTT
ATAATCAAGCCGTAAATAAAGCTAAAAATATAATTAATGATCAACCAACACCAGTAATGGCAAATGATGAGATTCAAAGT
GTCCTAAATGAAGTTAAACAAACTAAAGATAATTTACATGGTGATCAAAAACTTGCTAACGACAAGACAGATGCTCAAGC
AACATTAAATGCGTTAAATTACTTAAATCAAGCGCAAAGAGGTAATCTTGAAACTAAAGTTCAAAACTCTAATTCTAGAC
CAGAAGTACAAAAAGTAGTTCAATTAGCAAATCAACTTAATGATGCGATGAAAAAATTAGATGATGCTTTAACTGGTAAT
GACGCAATAAAACAAACGAGTAATTATATTAATGAAGATACTTCTCAACAAGTTAACTTTGATGAGTATACAGATAGAGG
TAAAAACATAGTTGCTGAACAAACAAATCCAAATATGTCTCCAACTAATATTAACACTATTGCTGATAAAATTACTGAAG
CTAAAAACGATTTACATGGCGTACAAAAACTAAAACAAGCTCAACAACAGTCCATCAATACTATTAATCAAATGACTGGT
CTAAACCAAGCTCAAAAAGAACAATTAAATCAAGAAATTCAACAAACTCAAACCCGTTCTGAAGTACATCAAGTAATTAA
TAAAGCACAAGCTTTAAATGATTCAATGAATACTTTACGTCAAAGTATTACTGATGAACATGAAGTTAAACAAACAAGTA
ACTACATCAATGAAACTGTTGGTAATCAAACTGCATATAACAATGCCGTTGATCGTGTAAAACAAATAATCAATCAAACA
TCTAATCCAACTATGAATCCTTTAGAGGTGGAACGTGCAACATCAAATGTAAAAATTTCTAAAGATGCACTTCATGGTGA
ACGTGAATTGAATGACAATAAAAATTCAAAAACTTTTGCAGTCAATCACTTAGATAACCTCAATCAAGCTCAAAAAGAAG
CATTAACTCATGAAATTGAACAAGCAACTATAGTTTCACAAGTAAATAATATCTATAACAAAGCGAAAGCTTTAAATAAT
GATATGAAAAAACTTAAAGATATCGTTGCTCAACAAGATAATGTGAGACAATCAAACAATTATATAAACGAGGATAGTAC
ACCTCAAAATATGTACAACGATACAATTAATCATGCACAATCAATCATTGATCAAGTAGCAAACCCTACGATGTCTCATG
ACGAAATAGAGAATGCAATCAATAACATAAAGCATGCCATCAATGCACTCGATGGAGAACATAAATTACAACAAGCAAAA
GAAAATGCAAACTTATTGATTAATAGTTTAAACGATTTAAATGCACCACAAAGAGATGCCATAAATAGATTGGTTAATGA
AGCTCAAACAAGAGAAAAAGTAGCTGAACAACTTCAAAGTGCTCAAGCTTTAAATGACGCTATGAAGCATTTAAGAAACA
GCATTCAAAATCAATCATCCGTAAGACAAGAGAGCAAATATATTAATGCAAGTGATGCTAAAAAAGAGCAATATAATCAC
GCAGTTAGAGAAGTCGAAAATATTATCAATGAACAACATCCAACATTGGATAAAGAAATAATTAAGCAACTAACGGATGG
TGTAAATCAAGCGAATAATGACTTAAATGGCGTTGAATTATTAGATGCTGATAAGCAAAACGCACATCAATCGATACCTA
CATTGATGCACTTAAATCAAGCACAACAAAACGCATTAAATGAAAAAATTAATAACGCAGTTACCAGAACTGAAGTTGCG
GCTATTATTGGCCAAGCAAAACTACTCGATCATGCTATGGAGAATTTAGAAGAAAGTATCAAAGATAAAGAGCAAGTCAA
ACAGTCAAGTAACTATATTAATGAAGATTCTGATGTTCAAGAAACATACGATAACGCCGTTGATCATGTGACAGAAATAC
TTAATCAAACAGTAAATCCAACTTTATCTATTGAAGATATAGAGCATGCTATCAACGAAGTTAATCAAGCGAAAAAACAA
CTCAGAGGTAAACAAAAACTTTATCAAACTATCGATTTAGCTGATAAAGAATTAAGTAAATTGGATGATTTAACATCACA
ACAAAGCAGTTCAATATCTAATCAAATATATACTGCTAAAACGAGAACAGAAGTTGCCCAAGCAATTGAAAAAGCAAAAT
CATTAAATCATGCAATGAAAGCACTTAACAAAGTATATAAAAATGCAGATAAAGTGTTAGATAGTAGTCGATTCATTAAC
GAAGATCAACCTGAAAAAAAGGCGTATCAACAAGCTATAAATCATGTTGATTCAATCATTCATAGACAAACAAATCCTGA
AATGGATCCAACAGTAATCAATAGCATAACTCATGAACTCGAAACAGCTCAAAATAACTTACATGGTGATCAGAAACTTG
CTCATGCACAACAAGATGCCGCTAATGTAATTAATGGTCTAATTCATCTTAATGTTGCTCAACGTGAGGTAATGATAAAT
ACGAATACAAATGCTACAACACGCGAAAAAGTTGCAAAGAACTTAGATAATGCTCAAGCTCTTGATAAAGCTATGGAAAC
ACTACAACAAGTAGTTGCTCATAAAAATAATATATTGAACGATAGTAAATATTTAAATGAAGATTCAAAATATCAACAAC
AATACGATCGAGTTATTGCTGATGCCGAACAACTACTTAATCAGACAACAAATCCAACATTAGAACCTTATAAAGTCGAT
ATTGTTAAGGATAATGTCCTAGCTAACGAAAAAATACTATTTGGCGCAGAAAAACTATCATATGACAAATCAAATGCAAA
TGATGAAATTAAACATATGAATTATCTTAATAATGCACAAAAGCAATCTATAAAAGATATGATTTCTCACGCAGCATTAA
GAACTGAAGTTAAACAACTTCTGCAACAAGCTAAAATCCTTGATGAAGCCATGAAATCACTTGAAGATAAAACTCAAGTA
GTGATTACAGATACTACTTTGCCTAATTACACTGAAGCTTCAGAGGATAAAAAGGAAAAAGTAGACCAAACTGTATCACA
TGCTCAAGCGATTATTGATAAAATAAATGGCTCAAATGTAAGTTTAGATCAAGTACGACAAGCACTAGAACAATTAACTC
AAGCATCAGAAAACCTCGATGGTGATCAGCGAGTTGAAGAAGCTAAAGTTCATGCTAATCAAACAATTGATCAATTAACA
CATCTTAATTCATTACAACAACAAACTGCGAAAGAAAGTGTTAAAAACGCAACAAAACTAGAAGAAATCGCTACTGTTAG
TAACAATGCTCAGGCATTAAACAAAGTAATGGGTAAATTAGAACAATTCATTAATCATGCTGATTCTGTTGAAAATAGTG
ATAATTATAGACAAGCCGACGACGACAAAATCATCGCTTATGATGAAGCACTTGAACATGGACAAGATATACAAAAAACT
AACGCAACCCAAAATGAAACAAAACAAGCGTTACAACAATTAATATATGCAGAAACATCGTTAAATGGTTTCGAAAGATT
AAATCATGCTAGACCACGAGCTTTAGAATATATCAAATCACTAGAAAAAATAAACAATGCTCAAAAGTCTGCTTTAGAGG
ATAAAGTAACGCAATCGCATGATTTATTAGAATTAGAACATATTGTCAACGAGGGCACAAACCTCAATGACATTATGGGT

GAATTAGCTAACGCAATCGTTAATAACTATGCTCCAACCAAAGCAAGTATAAATTATATTAACGCCGATAACCTACGCAA
AGATAACTTTACTCAAGCTATCAACAATGCACGTGATGCACTCAACAAAACTCAAGGTCAGAACTTAGATTTCAATGCAA
TTGATACATTTAAAGATGATATATTCAAAACTAAAGATGCACTTAACGGTATTGAACGTTTAACAGCTGCAAAATCAAAA
GCAGAAAAACTAATTGATAGTTTAAAATTTATTAATAAAGCTCAATTCACACATGCAAATGATGAAATTATGAATACTAA
TTCTATTGCACAATTGTCTAGAATCGTGAATCAAGCATTTGATTTAAATGATGCAATGAAATCTTTAAGAGATGAACTTA
ATAATCAAGCTTTTCCTGTCCAAGCAAGCTCAAATTATATAAATTCAGATGAAGATTTAAAACAACAATTTGACCATGCT
TTAAGTAATGCTCGAAAAGTTCTTGCAAAAGAAAATGGTAAAAATTTAGATGAAAAACAAATTCAGGGACTCAAACAAGT
GATTGAGGATACTAAAGATGCTTTAAATGGTATCCAACGTTTATCAAAAGCTAAAGCTAAAGCAATTCAATACGTACAAT
CTTTATCTTATATCAATGATGCACAGCGTCATATTGCTGAAAATAATATTCACAACTCTGATGATTTATCATCTTTAGCA
AATACATTATCTAAAGCTAGTGATTTAGATAATGCAATGAAAGACTTACGAGATACTATAGAAAGTAATTCAACTTCTGT
TCCAAATAGTGTGAATTATATTAATGCTGATAAGAATTTACAAATTGAATTTGATGAGGCGCTACAACAAGCAAGTGCAA
CAAGTTCTAAAACTTCAGAAAATCCAGCAACGATTGAAGAAGTATTAGGTCTTAGTCAAGCCATTTACGATACAAAAAAT
GCATTAAATGGTGAACAACGACTTGCAACTGAGAAGAGCAAAGATCTAAAATTAATAAAAGGATTAAAAGATTTAAATAA
AGCACAACTTGAAGATGTCACAAACAAGGTAAATTCAGCAAATACTTTAACAGAGTTATCTCAGCTCACTCAATCAACGT
TAGAATTAAACGATAAAATGAAATTATTGAGAGATAAGCTTAAAACTTTAGTAAATCCTGTTAAAGCAAGTTTAAATTAT
AGAAACGCTGATTATAATTTAAAACGTCAATTTAACAAAGCTTTAAAAGAAGCTAAAGGCGTATTAAATAAAAATAGCGG
TACAAATGTCAATATCAATGACATTCAACATCTTTTAACACAAATAGATAATGCTAAAGACCAATTAAATGGTGAACGAC
GTCTAAAAGAACATCAACAAAAATCTGAAGTATTTATTATTAAAGAATTAGATATACTTAATAATGCTCAAAAAGCTGCA
ATAATTAATCAGATTAGAGCGTCTAAAGACATTAAAATAATTAATCAAATCGTTGATAATGCAATAGAATTAAATGATGC
TATGCAAGGTTTAAAAGAACATGTAGCTCAATTAACAGCAACTACAAAAGACAACATTGAATATTTAAATGCTGATGAAG
ACCATAAATTACAATATGATTACGCTATCAACTTAGCGAATAATGTTCTTGACAAAGAAAACGGTACAAATAAAGACGCT
AATATCATAATTGGAATGATTCAAAACATGGATGATGCTAGAGCACTTCTAAATGGAATTGAAAGACTTAAAGATGCTCA
AACAAAAGCACATAATGACATTAAAGATACGCTCAAACGTCAACTTGATGAAATTGAACACGCTAATGCAACATCAAATT
CTAAAGCTCAAGCTAAACAAATGGTAAATGAGGAAGCTAGAAAAGCGCTTTCTAATATTAATGACGCAACATCAAATGAT
TTAGTTAATCAAGCAAAAGATGAAGGGCAATCTGCAATTGAACACATACATGCAGATGAATTACCTAAAGCAAAACTAGA
TGCTAATCAAATGATTGACCAAAAAGTTGAAGATATAAATCACTTAATTAGTCAAAATCCAAACTTATCAAATGAAGAAA
AAAATAAACTAATATCTCAAATTAATAAGTTAGTAAATGGAATTAAGAATGAAATTCAACAAGCTATAAACAAACAACAA
ATAGAAAATGCTACAACAAAACTAGATGAAGTCATTGAAACTACTAAAAAATTAATTATCGCCAAAGCAGAAGCTAAACA
AATGATAAAAGAGTTATCACAAAAGAAACGAGATGCAATAAATAACAACACTGATTTAACACCTTCTCAAAAGGCACATG
CTTTAGCAGATATTGATAAAACAGAAAAAGATGCACTTCAACATATCGAAAATTCTAATTCAATTGATGATATCAATAAC
AATAAAGAGCATGCATTTAATACTTTAGCTCATATCATTATTTGGGATACTGATCAGCAACCATTAGTTTTTGAACTACC
TGAATTGAGCCTTCAAAATGCTCTAGTAACAAGTGAGGTGGTTGTTCACAGAGATGAAACTATTTCATTAGAATCTATAA
TTGGAGCTATGACTTTAACTGATGAACTTAAAGTCAATATTGTTTCATTACCGAACACTGATAAAGTAGCTGATCACCTA
ACCGCTAAAGTTAAGGTTATTTTAGCTGATGGCTCATATGTCACTGTAAATGTTCCAGTCAAAGTTGTAGAAAAAGAATT
ACAAATAGCTAAAAAGGATGCTATAAAAACAATTGATGTTCTGGTAAAACAAAAAATCAAAGATATAGATTCTAATAACG
AATTAACGTCTACTCAACGTGAAGATGCAAAAGCTGAAATTGAAAGATTGAAAAAGCAAGCCATCGATAAAGTGAATCAT
TCAAAATCGATTAAAGATATTGAAACAGTAAAACGAACTGATTTTGAAGAAATAGATCAGTTTGATCCTAAACGCTTTAC
GCTAAATAAAGCTAAAAAGGATATCATTACTGATGTTAATACTCAAATCCAAAATGGTTTCAAAGAAATTGAAACAATAA
AAGGTTTAACTTCTAATGAAAAAACTCAGTTTGATAAACAATTAACTGCACTACAAAAAGAATTTTTAGAAAAAGTCGAG
CATGCTCATAATTTAGTAGAATTAAATCAATTACAACAAGAGTTTAATAATAGATATAAACATATTTTAAACCAAGCACA
TTTACTAGGTGAAAAACATATAGCAGAACATAAATTAGGATATGTTGTAGTAAACAAAACTCAGCAAATACTAAATAATC
AATCTGCTTCTTACTTTATAAAACAATGGGCACTTGATAGAATTAAACAAATTCAACTAGAAACGATGAATTCAATTCGT
GGTGCGCATACCGTACAAGATGTACACAAAGCATTATTACAAGGTATAGAGCAAATCTTGAAAGTAAATGTAAGTATTAT
AAATCAATCTTTCAACGATTCCTTGCATAACTTTAATTATCTTCATTCAAAATTTGATGCTAGATTAAGAGAAAAGGATG
TTGCAAACCATATCGTACAAACTGAAACATTCAAAGAAGTTCTAAAAGGAACGGGTGTTGAACCAGGTAAAATCAACAAA
GAAACACAGCAACCAAAACTTCATAAGAATGATAATGATAGCCTATTCAAACATTTAGTTGATAATTTCGGCAAAACTGT
AGGTGTTATTACATTAACTGGTTTACTTTCTAGTTTCTGGTTAGTTTTGGCTAAAAGACGTAAAAAAGAAGAAGAAGAAA
AACAATCGATAAAAAATCATCACAAAGATATTCGTCTTTCAGATACTGATAAAATAGATCCAATTGTAATAACTAAGCGT
AAAATAGATAAAGAAGAACAAATTCAAAACGATGACAAACATTCAATTCCAGTTGCTAAACATAAGAAATCTAAAGAAAA
GCAATTGAGTGAAGAGGATATTCATTCAATCCCCGTCGTTAAGCGTAAACAAAACAGTGATAACAAAGATACAAAACAGA
AGAAAGTTACTTCTAAAAAGAAGAAAACGCCTCAGTCAACTAAAAAAGTTGTAAAAACCAAAAAGCGTTCTAAAAAG

SEQ ID NO:49 secuencia de polinucleótidos

ATGAGAGATAAGAAAGGACCGGTAAATAAAAGAGTAGATTTTCTATCAAATAAATTGAATAAATATTCAATAAGAAAATT
TACAGTTGGAACAGCATCTATTTTAATTGGCTCACTAATGTATTTGGGAACTCAACAAGAAGCAGAAGCAGCTGAAAACA
ATATTGAGAATCCAACTACATTAAAAGATAATGTCCAATCAAAAGAAGTGAAGATTGAAGAAGTAACAAACAAAGACACT
GCACCACAAGGTGTAGAAGCTAAATCTGAAGTAACTTCAAACAAAGACACAATCGAACATGAAGCATCAGTAAAAGCTGA
AGATATATCAAAAAAGGAGGATACACCAAAAGAAGTAGCTAATGTTGCTGAAGTTCAGCCGAAATCGTCAGTCACTCATA
ACGCAGAGGCACCTAAGGTTAGAAAAGCTCGTTCTGTTGATGAAGGCTCTTTTGATATTACAAGAGATTCTAAAAATGTA
GTTGAATCTACCCCAATTACAATTCAAGGTAAAGAACATTTTGAAGGTTACGGAAGTGTTGATATACAAAAAAACCCAAC
AGATTTAGGGGTATCAGAGGTAACCAGGTTTAATGTTGGTAATGAAAGTAATGGTTTGATAGGAGCTTTACAATTAAAAA

ATAAAATAGATTTTAGTAAGGATTTCAATTTTAAAGTTAGAGTGGCAAATAACCATCAATCAAATACCACAGGTGCTGAT
GGTTGGGGGTTCTTATTTAGTAAAGGAAATGCAGAAGAATATTTAACTAATGGTGGAATCCTTGGGGATAAAGGTCTGGT
AAATTCAGGCGGATTTAAAATTGATACTGGATACATTTATACAAGTTCCATGGACAAAACTGAAAAGCAAGCTGGACAAG
GTTATAGAGGATACGGAGCTTTTGTGAAAAATGACAGTTCTGGTAATTCACAAATGGTTGGAGAAAATATTGATAAATCA
AAAACTAATTTTTTAAACTATGCGGACAATTCAACTAATACATCAGATGGAAAGTTTCATGGGCAACGTTTAAATGATGT
CATCTTAACTTATGTTGCTTCAACTGGTAAAATGAGAGCAGAATATGCTGGTAAAACTTGGGAGACTTCAATAACAGATT
TAGGTTTATCTAAAAATCAGGCATATAATTTCTTAATTACATCTAGTCAAAGATGGGGCCTTAATCAAGGGATAAATGCA
AATGGCTGGATGAGAACTGACTTGAAAGGTTCAGAGTTTACTTTTACACCAGAAGCGCCAAAAACAATAACAGAATTAGA
AAAAAAAGTTGAAGAGATTCCATTCAAGAAAGAACGTAAATTTAATCCGGATTTAGCACCAGGGACAGAAAAAGTAACAA
GAGAAGGACAAAAAGGTGAGAAGACAATAACAACACCAACACTAAAAAATCCATTAACTGGAGAAATTATTAGTAAAGGT
GAATCGAAAGAAGAGATCACAAAAGATCCGATTAATGAATTAACAGAATACGGACCAGAAACGATAGCACCAGGTCATCG
AGACGAATTTGATCCGAAGTTACCAACAGGAGAGAAAGAAGAAGTTCCAGGTAAACCAGGAATTAAGAATCCAGAAACAG
GAGACGTAGTTAGACCACCGGTCGATAGTGTAACAAAATATGGACCTGTAAAAGGAGACTCGATTGTAGAAAAAGAAGAA
ATTCCATTCGAGAAAGAACGTAAATTTAATCCTGATTTAGCACCAGGAACAGAAAAAGTAACAAGAGAAGGACAAAAAGG
TGAGAAGACAATAACGACACCAACACTAAAAAATCCATTAACTGGAGAAATTATTAGTAAAGGTGAATCGAAAGAAGAGA
TCACAAAAGATCCGATTAATGAATTAACAGAATACGGACCTGAAACAATAGCGCCAGGTCATCGAGACGAATTTGATCCG
AAGTTACCAACAGGAGAGAAAGAAGAAGTTCCAGGTAAACCAGGAATTAAGAATCCAGAAACAGGAGACGTAGTTAGACC
GCCGGTCGATAGCGTAACAAAATATGGACCTGTAAAAGGAGACTCGATTGTAGAAAAAGAAGAAATTCCATTCAAGAAAG
AACGTAAATTTAATCCTGATTTAGCACCAGGGACAGAAAAAGTAACAAGAGAAGGACAAAAAGGTGAGAAGACAATAACG
ACGCCAACACTAAAAAATCCATTAACTGGAGAAATTATTAGTAAAGGTGAATCGAAAGAAGAAATCACAAAAGATCCGAT
TAATGAATTAACAGAATACGGACCAGAAACGATAACACCAGGTCATCGAGACGAATTTGATCCGAAGTTACCAACAGGAG
AGAAAGAGGAAGTTCCAGGTAAACCAGGAATTAAGAATCCAGAAACAGGAGATGTAGTTAGACCACCGGTCGATAGCGTA
ACAAAATATGGACCTGTAAAAGGAGACTCGATTGTAGAAAAAGAAGAAATTCCATTCGAGAAAGAACGTAAATTTAATCC
TGATTTAGCACCAGGGACAGAAAAAGTAACAAGAGAAGGACAAAAAGGTGAGAAGACAATAACGACGCCAACACTAAAAA
ATCCATTAACTGGAGAAATTATTAGTAAAGGTGAATCGAAAGAAGAAATCACAAAAGATCCAGTTAATGAATTAACAGAA
TTCGGTGGCGAGAAAATACCGCAAGGTCATAAAGATATCTTTGATCCAAACTTACCAACAGATCAAACGGAAAAAGTACC
AGGTAAACCAGGAATCAAGAATCCAGACACAGGAAAAGTGATCGAAGAGCCAGTGGATGATGTGATTAAACACGGACCAA
AAACGGGTACACCAGAAACAAAAACAGTAGAGATACCGTTTGAAACAAAACGTGAGTTTAATCCAAAATTACAACCTGGT
GAAGAGCGAGTGAAACAAGAAGGACAACCAGGAAGTAAGACAATCACAACACCAATCACAGTGAACCCATTAACAGGTGA
AAAAGTTGGCGAGGGTCAACCAACAGAAGAGATCACAAAACAACCAGTAGATAAGATTGTAGAGTTCGGTGGAGAGAAAC
CAAAAGATCCAAAAGGACCTGAAAACCCAGAGAAGCCGAGCAGACCAACTCATCCAAGTGGCCCAGTAAATCCTAACAAT
CCAGGATTATCGAAAGACAGAGCAAAACCAAATGGCCCAGTTCATTCAATGGATAAAAATGATAAAGTTAAAAAATCTAA
AATTGCTAAAGAATCAGTAGCTAATCAAGAGAAAAAACGAGCAGAATTACCAAAAACAGGTTTAGAAAGCACGCAAAAAG
GTTTGATCTTTAGTAGTATAATTGGAATTGCTGGATTAATGTTATTGGCTCGTAGAAGAAAGAATTAA

SEQ ID NO:50 secuencia de polinucleótidos

ATGGGCAAACGTAGACAAGGTCCTATTAATAAAAAAGTGGATTTTTTACCTAACAAATTAAACAAGTATTCTATAAGAAA
ATTCACTGTTGGTACGGCCTCAATATTACTTGGTTCGACACTTATTTTTGGAAGTAGTAGCCATGAAGCGAAAGCTGCAG
AAGAAAAACAAGTTGATCCAATTACACAAGCTAATCAAAATGATAGTAGTGAAAGATCACTTGAAAACACAAATCAACCT
ACTGTAAACAATGAAGCACCACAGATGTCTTCTACATTGCAAGCAGAAGAAGGAAGCAATGCAGAAGCACCGAATGTTCC
AACTATCAAAGCTAATTCAGATAATGATACACAAACACAATTTTCAGAAGCCCCTACAAGAAATGACCTAGCTAGAAAAG
AAGATATCCCTGCTGTTTCTAAAAACGAGGAATTACAATCATCACAACCAAACACTGACAGTAAAATAGAACCTACAACT
TCAGAACCTGTGAATTTAAATTATAGTTCTCCGTTTATGTCCTTATTAAGCATGCCTGCTGATAGTTCATCCAATAACAC
TAAAAATACAATAGATATACCGCCAACTACGGTTAAAGGTAGAGATAATTACGATTTTTACGGTAGAGTAGATATCCAAA
GTAATCCTACAGATTTAAATGCGACAAATTTAACGAGATATAATTATGGACAGCCACCTGGTACAACAACAGCTGGTGCA
GTTCAATTTAAAAATCAAGTTAGTTTTGATAAAGATTTCGACTTTAACATTAGAGTAGCAAACAATCGTCAAAGTAATAC
AACTGGTGCAGATGGTTGGGGCTTTATGTTCAGCAAGAAAGATGGGGATGATTTCCTAAAAAACGGTGGTATCTTACGTG
AAAAAGGTACACCTAGTGCAGCTGGTTTCAGAATTGATACAGGATATTATAATAACGATCCATTAGATAAAATACAGAAA
CAAGCTGGTCAAGGCTATAGAGGGTATGGGACATTTGTTAAAAATGACTCCCAAGGTAATACTTCTAAAGTAGGATCAGG
TACTCCATCAACAGATTTTCTTAACTACGCAGATAATACTACTAATGATTTAGATGGTAAATTCCATGGTCAAAAATTAA
ATAATGTTAATTTGAAATATAATGCTTCAAATCAAACTTTTACAGCTACTTATGCTGGTAAAACTTGGACGGCTACGTTA
TCTGAATTAGGATTGAGTCCAACTGATAGTTACAATTTTTTAGTTACATCAAGTCAATATGGAAATGGTAATAGTGGTAC
ATACGCAGATGGCGTTATGAGAGCTGATTTAGATGGTGCAACATTGACATATACTCCTAAAGCAGTCGATGGAGACCCAA
TTACATCAACTAAGGAAATACCATTTAATAAAAAACGCGAATTTGATCCAAACTTAGCGCCAGGTACAGAAAAAGTCGTT
CAAAAAGGTGAACCAGGAATTGAAACAACAACAACACCAACTTATGTCAATCCTAATACTGGAGAAAAAGTAGGTGAAGG
CACACCTACAACAAAGATCACTAAACAACCAGTGGATGAAATCGTTCATTATGGTGGCGAAGAAATCAAGCCAGGACATA
AAGATGAATTTGATCCAAATGCACCGAAAGGTAGTCAAACAACGCAACCAGGTAAGCCAGGAGTTAAAAATCCTGATACA
GGCGAAGTAGTCACACCACCAGTGGATGATGTGACAAAATATGGTCCAGTTGATGGAGATCCGATTACGTCAACGGAAGA
AATTCCATTCGACAAGAAACGTGAATTCAATCCTGATTTAAAACCAGGTGAAGAGCGTGTTAAACAAAAAGGTGAACCAG
GAACAAAAACAATTACAACACCAACAACTAAGAACCCATTAACAGGGGAAAAAGTTGGCGAAGGTGAACCAACAGAAAAA
ATAACAAAACAACCAGTAGATGAAATCACAGAATATGGTGGCGAAGAAATCAAGCCAGGCCATAAGGATGAATTTGATCC

GAACGCACCGAAAGGTAGCCAAGAGGACGTTCCAGGTAAACCAGGAGTTAAAAATCCTGATACAGGCGAAGTAGTCACAC
CACCAGTGGATGATGTGACAAAATATGGTCCAGTTGATGGAGATCCGATTACGTCAACGGAAGAAATTCCGTTTGATAAA
AAACGCGAATTTGATCCAAACTTAGCGCCAGGTACAGAGAAAGTCGTTCAAAAAGGTGAACCAGGAACAAAAACAATTAC
AACACCAACAACTAAGAACCCATTAACAGGAGAAAAAGTTGGCGAAGGTGAACCAACAGAAAAAATAACAAAACAACCAG
TGGATGAAATCGTTCATTATGGTGGCGAAGAAATCAAGCCAGGCCATAAGGATGAATTTGATCCGAACGCACCGAAAGGT
AGCCAAGAGGACGTTCCAGGTAAGCCAGGAGTTAAAAATCCTGATACAGGCGAAGTAGTCACACCACCAGTGGATGATGT
GACAAAATATGGTCCAGTTGATGGAGATCCGATTACGTCAACGGAAGAAATTCCATTCGACAAGAAACGTGAATTCAATC
CTGATTTAAAACCAGGTGAAGAGCGTGTTAAACAAAAAGGTGAACCAGGAACAAAAACAATTACAACACCAACAACTAAG
AACCCATTAACAGGGGAAAAAGTTGGCGAAGGTGAACCAACAGAAAAAGTAACAAAACAACCAGTGGATGAAATCGTTCA
TTATGGTGGCGAAGAAATCAAGCCAGGCCATAAGGATGAATTTGATCCAAATGCACCGAAAGGTAGCCAAGAAGACGTTC
CAGGTAAACCAGGAGTTAAAAACCCTGATACAGGCGAAGTAGTTACTCCACCAGTGGATGATGTGACAAAATATGGTCCA
GTTGATGGAGATCCGATTACGTCAACGGAAGAAATTCCGTTTGATAAAAAACGCGAATTTGATCCAAACTTAGCGCCAGG
TACAGAGAAAGTCGTTCAAAAAGGTGAACCAGGAACAAAAACAATTACAACACCAACAACTAAGAACCCATTAACAGGAG
AAAAAGTTGGCGAAGGTGAACCAACAGAAAAAATAACAAAACAACCAGTGGATGAGATCGTTCATTATGGTGGCGAAGAA
ATCAAGCCAGGCCATAAGGATGAATTTGATCCGAACGCACCGAAAGGTAGTCAAACAACGCAACCAGGTAAGCCAGGAGT
TAAAAATCCTGATACAGGCGAAGTAGTCACACCACCAGTGGATGATGTGACAAAATATGGTCCAGTTGATGGAGATCCGA
TTACGTCAACGGAAGAAATTCCGTTTGATAAAAAACGCGAATTTGATCCAAACTTAGCGCCAGGTACAGAGAAAGTCGTT
CAAAAAGGTGAACCAGGAACAAAAACAATTACAACGCCAACAACTAAGAACCCATTAACAGGAGAAAAAGTTGGCGAAGG
TGAACCAACAGAAAAAATAACAAAACAACCAGTGGATGAGATTGTTCATTATGGTGGTGAACAAATACCACAAGGTCATA
AAGATGAATTTGATCCAAATGCACCTGTAGATAGTAAAACTGAAGTTCCAGGTAAACCAGGAGTTAAAAATCCTGATACA
GGTGAAGTTGTTACCCCACCAGTGGATGATGTGACAAAATATGGTCCGAAAGTTGGTAATCCAATCACATCAACGGAAGA
GATTCCATTTGATAAGAAACGTGTATTTAATCCTGATTTAAAACCAGGTGAAGAGCGCGTTAAACAAAAAGGTGAACCAG
GAACAAAAACAATTACAACACCAATATTAGTTAATCCTATTACAGGAGAAAAAGTTGGCGAAGGTAAATCAACAGAAAAA
GTCACTAAACAACCTGTTGACGAAATTGTTGAGTATGGTCCAACAAAAGCAGAACCAGGTAAACCAGCGGAACCAGGTAA
ACCAGCGGAACCAGGTAAACCAGCGGAACCAGGTAAACCAGCGGAACCAGGTACGCCAGCAGAACCAGGTAAACCAGCGG
AACCAGGTAAACCAGCGGAACCAGGTAAACCAGCGGAACCAGGTAAACCAGCGGAACCAGGTAAACCAGCGGAACCAGGT
ACGCCAGCAGAACCAGGTAAACCAGCGGAACCAGGTAAACCAGCGGAACCAGGTAAACCAGCGGAACCAGGTACGCCAGC
AGAACCAGGTAAACCAGCGGAACCAGGTACGCCAGCAGAACCAGGTAAACCAGCGGAACCAGGTACGCCAACACAATCAG
GTGCACCAGAACAACCAAATAGATCAATGCATTCAACAGATAATAAAAATCAATTACCTGATACAGGTGAAAATCGTCAA
GCTAATGAGGGAACTTTAGTCGGATCTCTATTAGCAATTGTCGGATCATTGTTCATATTTGGTCGTCGTAAAAAAGGTAA
TGAAAAATAA

SEQ ID NO:51 secuencia de polinucleótidos

ATGAAGAAACTATATACATCTTATGGCACTTATGGATTTTTACATCAAATAAAAATCAATAACCCGACCCATCAACTATT
CCAATTTTCAGCATCAGATACTTCAGTTATTTTTGAAGAAACTGATGGTGAGACTGTTTTAAAATCACCTTCAATATATG
AAGTTATTAAAGAAATTGGTGAATTCAGTGAACATCATTTCTATTGTGCAATCTTCATTCCTTCAACAGAAGATCATGCA
TATCAACTTGAAAAGAAACTGATTAGTGTAGACGATAATTTCAGAAACTTTGGTGGCTTTAAAAGCTATCGTTTGTTAAG
ACCTGCTAAAGGTACAACATATAAAATTTATTTCGGATTTGCTGATCGACATGCATACGAAGACTTTAAGCAATCTGATG
CCTTTAATGACCATTTTTCAAAAGACGCATTAAGTCATTACTTTGGTTCAAGCGGACAACATTCAAGTTATTTTGAAAGA
TATCTATACCCAATAAAAGAATAG

SEQ ID NO:52 secuencia de polinucleótidos

ATGTATTTATATACATCTTATGGGACTTACCAATTTTTAAATCAAATTAAACTTAATCATCAAGAACGTAGTTTATTTCA
ATTTTCCACTAATGATTCCTCAATAATCTTAGAAGAGTCTGAGGGAAAATCAATCTTAAAACATCCTAGTGCATATCAAG
TGATTGATAGCACAGGTGAATTTAACGAACATCATTTTTATAGTGCTATTTTTGTCCCTACATCTGAAGATCATCGTCAA
CAGCTAGAGAAAAAATTATTACTCGTAGACGTACCTTTAAGAAATTTTGGTGGTTTTAAAAGCTATCGTTTATTAAAACC
CACTGAGGGGTCTACCTACAAAATTTACTTTGGTTTTGCAAATCGAACAGCATATGAAGATTTCAAAGCTTCTGATATAT
TTAATGAAAACTTTTCAAAAGATGCATTGAGCCAATACTTTGGTGCTAGTGGTCAACATTCTAGCTACTTTGAAAGATAT
TTATATCCAATAGAAGATCATTAA

SEQ ID NO:53 secuencia de polinucleótidos

ATGATTAACAGGGATAATAAAAAGGCAATAACAAAAAAGGGTATGATTTCAAATCGCTTAAACAAATTTTCGATTAGAAA
GTATACTGTAGGAACTGCATCGATTTTAGTAGGTACGACATTGATTTTTGGTCTAGGGAACCAAGAAGCTAAAGCTGCTG
AAAACACTAGTACAGAAAATGCGAAACAAGATGATGCAACGACTAGTGATAATAAAGAAGTAGTGTCGGAAACTGAAAAT
AATTCGACAACAGAAAATGATTCAACAAATCCAATTAAGAAAGAAACAAATACTGATTCACAACCAGAAGCTAAAGAAGA
ATCAACTACATCAAGTACTCAACAACAGCAAAATAACGTTACAGCTACAACTGAAACTAAGCCTCAAAACATTGAAAAAG
AAAATGTTAAACCTTCAACTGATAAAACTGCGACAGAAGATACATCTGTTATTTTAGAAGAGAAGAAAGCACCAAATTAT
ACAAATAACGATGTAACTACAAAACCATCTACAAGTGAAATTCAAACAAAACCAACTACACCTCAAGAATCTACAAATAT
TGAAAATTCACAACCGCAACCAACGCCTTCAAAAGTAGACAATCAAGTTACAGATGCAACTAATCCAAAAGAACCAGTAA
ATGTGTCAAAAGAAGAACTTAAAAATAATCCTGAGAAATTAAAAGAATTAGTTAGAAATGATAACAATACAGATCGTTCA

ACTAAACCAGTTGCTACAGCTCCAACAAGTGTTGCACCAAAACGATTAAATGCGAAAATGCGTTTTGCAGTTGCACAACC
AGCAGCAGTTGCTTCAAATAATGTAAATGACTTAATTACAGTTACGAAACAGACGATCAAAGTTGGCGATGGTAAAGATA
ATGTGGCAGCAGCGCATGACGGTAAAGATATTGAATATGATACAGAGTTTACAATTGACAATAAAGTCAAAAAAGGCGAT
ACAATGACGATTAATTATGATAAGAATGTAATTCCTTCGGATTTAACAGATAAAAATGATCCTATCGATATTACTGATCC
ATCAGGAGAGGTCATTGCCAAAGGAACATTTGATAAAGCGACTAAGCAAATCACATATACATTTACAGATTATGTAGATA
AATATGAAGATATAAAAGCACGTTTAACTTTATACTCATATATTGATAAGCAAGCAGTACCTAATGAAACTAGTTTGAAT
TTAACGTTTGCAACAGCAGGTAAAGAAACTAGCCAAAACGTTTCTGTTGATTATCAAGACCCAATGGTTCATGGTGATTC
AAACATTCAATCTATCTTTACAAAGTTAGATGAAAACAAACAAACTATTGAACAACAAATTTATGTTAATCCTTTGAAAA
AAACAGCAACTAACACTAAAGTTGATATAGCTGGTAGTCAAGTAGATGATTATGGAAATATTAAACTAGGAAATGGTAGT
ACCATTATTGACCAAAATACAGAAATAAAAGTTTATAAAGTTAACCCTAATCAACAATTGCCTCAAAGTAATAGAATCTA
TGATTTTAGTCAATACGAAGATGTAACAAGTCAATTTGATAATAAAAAATCATTTAGTAATAATGTAGCAACATTGGATT
TTGGTGATATTAATTCAGCCTATATTATCAAAGTTGTTAGTAAATATACACCTACATCAGATGGCGAACTAGATATTGCT
CAAGGTACTAGTATGAGAACAACTGATAAATATGGTTATTATAATTATGCAGGATATTCAAACTTCATCGTAACTTCTAA
TGACACTGGCGGTGGCGACGGTACTGTTAAACCTGAAGAAAAGTTATACAAAATTGGTGACTATGTATGGGAAGACGTTG
ATAAAGACGGTGTCCAAGGTACAGATTCGAAAGAAAAGCCAATGGCAAACGTTTTAGTTACATTAACTTACCCGGACGGT
ACTACAAAATCAGTAAGAACAGATGCTAACGGTCATTATGAATTCGGTGGTTTGAAAGACGGAGAAACTTATACAGTTAA
ATTCGAAACGCCAGCTGGATATCTTCCAACAAAAGTAAATGGAACAACTGATGGTGAAAAAGACTCAAATGGTAGTTCTA
TAACTGTTAAAATTAATGGTAAAGATGATATGTCTTTAGACACTGGTTTTTATAAAGAACCTAAATATAATCTTGGTGAC
TATGTATGGGAAGATACAAATAAAGATGGTATCCAAGATGCTAATGAACCTGGTATCAAAGATGTTAAGGTTACATTAAA
AGATAGTACTGGAAAAGTTATTGGTACAACTACTACTGATGCCTCGGGTAAATATAAATTTACAGATTTAGATAATGGTA
ACTATACAGTAGAATTTGAAACACCAGCAGGTTACACGCCAACGGTTAAAAATACTACAGCTGAAGATAAAGATTCTAAT
GGTTTAACAACAACAGGTGTCATTAAAGATGCAGATAATATGACATTAGACAGTGGTTTCTATAAAACACCAAAATACAG
TTTAGGTGATTATGTTTGGTACGACAGTAATAAAGACGGTAAACAAGATTCAACTGAAAAAGGTATCAAAGATGTTAAAG
TTACTTTATTAAATGAAAAAGGCGAAGTAATTGGAACAACTAAAACAGATGAAAATGGTAAATATCGTTTCGATAATTTA
GATAGCGGTAAATACAAAGTTATTTTTGAAAAGCCTGCTGGCTTAACACAAACAGTTACAAATACAACTGAAGATGATAA
AGATGCCGATGGTGGCGAAGTTGACGTAACAATTACGGATCATGATGATTTCATACTTGATAACGGATACTTCGAAGAAG
ATACATCAGACAGTGATTCAGACTCAGACAGTGATTCAGACTCAGACAGCGACTCAGATTCAGACAGTGATTCAGACTCA
GATAGCGATTCAGATTCAGACAGCGACTCAGACTCAGATAGCGACTCAGACTCAGACAGCGACTCAGACTCAGATAGCGA
CTCAGATTCGGACAGCGATTCAGACTCAGATAGCGACTCAGATTCAGACAGCGATTCAGACTCAGATAGCGACTCAGATT
CAGACAGTGACTCAGACTCAGATAGCGACTCAGACTCAGACAGTGACTCAGACTCAGACAGCGATTCAGATTCAGATAGC
GACTCAGATTCGGACAGTGATTCAGACTCAGATAGCGACTCAGATTCAGACAGCGACTCAGACTCAGATAGCGACTCAGA
CTCAGACAGTGATTCAGACTCAGATAGCGATTCGGACTCGGATGCAGGAAAACATACACCTGTTAAACCAATGAGTACTA
CTAAAGACCATCACAATAAAGCAAAAGCATTACCAGAAACAGGTAGTGAAAATAACGGCTCAAATAACGCAACGTTATTT
GGTGGATTATTTGCAGCATTAGGTTCATTATTGTTATTCGGTCGTCGCAAAAAACAAAACAAATAA

SEQ ID NO:54 secuencia de polinucleótidos

ATGATTAATAAAAAAAATAATTTACTAACTAAAAAGAAACCTATAGCAAATAAATCCAATAAATATGCAATTAGAAAATT
CACAGTAGGTACAGCGTCTATTGTAATAGGTGCAACATTATTGTTTGGTTTAGGTCATAATGAGGCCAAAGCCGAGGAGA
ATTCAGTACAAGACGTTAAAGATTCGAATACGGATGATGAATTATCAGACAGCAATGATCAGTCTAGTGATGAAGAAAAG
AATGATGTGATCAATAATAATCAGTCAATAAACACCGACGATAATAACCAAATAATTAAAAAAGAAGAAACGAATAACTA
CGATGGCATAGAAAAACGCTCAGAAGATAGAACAGAGTCAACAACAAATGTAGATGAAAACGAAGCAACATTTTTACAAA
AGACCCCTCAAGATAATACTCATCTTACAGAAGAAGAGGTAAAAGAATCCTCATCAGTCGAATCCTCAAATTCATCAATT
GATACTGCCCAACAACCATCTCACACAACAATAAATAGAGAAGAATCTGTTCAAACAAGTGATAATGTAGAAGATTCACA
CGTATCAGATTTTGCTAACTCTAAAATAAAAGAGAGTAACACTGAATCTGGTAAAGAAGAGAATACTATAGAGCAACCTA
ATAAAGTAAAAGAAGATTCAACAACAAGTCAGCCGTCTGGCTATACAAATATAGATGAAAAAATTTCAAATCAAGATGAG
TTATTAAATTTACCAATAAATGAATATGAAAATAAGGCTAGACCATTATCTACAACATCTGCCCAACCATCGATTAAACG
TGTAACCGTAAATCAATTAGCGGCGGAACAAGGTTCGAATGTTAATCATTTAATTAAAGTTACTGATCAAAGTATTACTG
AAGGATATGATGATAGTGAAGGTGTTATTAAAGCACATGATGCTGAAAACTTAATCTATGATGTAACTTTTGAAGTAGAT
GATAAGGTGAAATCTGGTGATACGATGACAGTGGATATAGATAAGAATACAGTTCCATCAGATTTAACCGATAGCTTTAC
AATACCAAAAATAAAAGATAATTCTGGAGAAATCATCGCTACAGGTACTTATGATAACAAAAATAAACAAATCACCTATA
CTTTTACAGATTATGTAGATAAGTATGAAAATATTAAAGCACACCTTAAATTAACGTCATACATTGATAAATCAAAGGTT
CCAAATAATAATACCAAGTTAGATGTAGAATATAAAACGGCCCTTTCATCAGTAAATAAAACAATTACGGTTGAATATCA
AAGACCTAACGAAAATCGGACTGCTAACCTTCAAAGTATGTTTACAAACATAGATACGAAAAATCATACAGTTGAGCAAA
CGATTTATATTAACCCTCTTCGTTATTCAGCCAAGGAAACAAATGTAAATATTTCAGGGAATGGTGATGAAGGTTCAACA
ATTATAGACGATAGCACAATAATTAAAGTTTATAAGGTTGGAGATAATCAAAATTTACCAGATAGTAACAGAATTTATGA
TTACAGTGAATATGAAGATGTCACAAATGATGATTATGCCCAATTAGGAAATAATAATGATGTGAATATTAATTTTGGTA
ATATAGATTCACCATATATTATTAAAGTTATTAGTAAATATGACCCTAATAAGGATGATTACACGACTATACAGCAAACT
GTGACAATGCAGACGACTATAAATGAGTATACTGGTGAGTTTAGAACAGCATCCTATGATAATACAATTGCTTTCTCTAC
AAGTTCAGGTCAAGGACAAGGTGACTTGCCTCCTGAAAAAACTTATAAAATCGGAGATTACGTATGGGAAGATGTAGATA
AAGATGGTATTCAAAATACAAATGATAATGAAAAACCGCTTAGTAATGTATTGGTAACTTTGACGTATCCTGATGGAACT
TCAAAATCAGTCAGAACAGATGAAGATGGGAAATATCAATTTGATGGATTGAAAAACGGATTGACTTATAAAATTACATT

CGAAACACCTGAAGGATATACGCCGACGCTTAAACATTCAGGAACAAATCCTGCACTAGACTCAGAAGGTAATTCTGTAT
GGGTAACTATTAATGGACAAGACGATATGACGATTGATAGTGGATTTTATCAAACACCTAAATACAGCTTAGGGAACTAT
GTATGGTATGACACTAATAAAGATGGTATTCAAGGTGATGATGAAAAAGGAATCTCTGGAGTTAAAGTGACGTTAAAAGA
TGAAAACGGAAATATCATTAGTACAACTACAACCGATGAAAATGGAAAGTATCAATTTGATAATTTAAATAGTGGTAATT
ATATTGTTCATTTTGATAAACCTTCAGGTATGACTCAAACAACAACAGATTCTGGTGATGATGACGAACAGGATGCTGAT
GGGGAAGAAGTTCATGTAACAATTACTGATCATGATGACTTTAGTATAGATAACGGATACTATGATGACGAATCGGATTC
CGATAGTGACTCAGACAGCGACTCAGATTCCGATAGTGATTCAGACTCCGATAGCGACTCGGATTCAGACAGCGACTCAG
ATTCAGACAGCGACTCGGATTCTGATAGCGACTCGGATTCAGACAGCGACTCAGACTCAGACAGTGATTCAGATTCAGAC
AGCGACTCAGATTCCGATAGTGATTCAGACTCAGACAGCGACTCAGATTCTGATAGTGATTCAGACTCAGACAGTGATTC
AGATTCAGACAGCGACTCAGATTCCGATAGTGATTCAGACTCAGACAGCGACTCAGATTCCGATAGTGATTCAGACTCAG
ACAGCGACTCAGATTCTGATAGTGATTCAGACTCAGACAGTGATTCAGATTCCGATAGTGATTCAGACTCCGATAGCGAC
TCAGACTCGGATAGTGACTCAGATTCTGATAGTGATTCAGACTCAGACAGTGATTCGGATTCCGATAGTGATTCAGACTC
AGACAGCGACTCAGATTCTGATAGTGATTCAGACTCAGACAACGACTCAGATTTAGGCAATAGCTCAGATAAGAGTACAA
AAGATAAATTACCTGATACAGGAGCTAATGAAGATTATGGCTCTAAAGGCACGTTACTTGGAACTCTGTTTGCAGGTTTA
GGAGCGTTATTATTAGGGAAACGTCGCAAAAATAGAAAAAATAAAAATTAA

SEQ ID NO:55 secuencia de polinucleótidos

ATGTCTAATAATTTTAAAGATGACTTTGAAAAAAATCGTCAATCGATAGACACAAATTCACATCAAGACCATACGGAAGA
TGTTGAAAAAGACCAATCAGAATTAGAACATCAGGATACAATAGAGAATACGGAGCAACAGTTTCCGCCAAGAAATGCCC
AAAGAAGAAAAAGACGCCGTGATTTAGCAACGAATCATAATAAACAAGTTCACAATGAATCACAAACATCTGAAGACAAT
GTTCAAAATGAGGCTGGCACAATAGATGATCGTCAAGTCGAATCATCACACAGTACTGAAAGTCAAGAACCTAGCCATCA
AGACAGTACACCTCAACATGAAGAGGAATATTATAATAAGAATGCTTTTGCAATGGATAAATCACATCCAGAACCAATCG
AAGACAATGATAAACACGAGACTATTAAAGATGCAGAAAATAACACTGAGCATTCAACAGTTTCTGATAAGAGTATAGCT
GAACAATCTCAGCAACCTAAACCATATTTTGCAACAGGTGCTAACCAAGCAAATACATCAAAAGATAAACATGATGATGT
AACTGTTAAGCAAGACAAAGATGAATCTAAAGATCATCATAGTGGTAAAAAAGGCGCAGCAATTGGTGCTGGAACAGCGG
GTGTTGCAGGTGCAGCTGGTGCAATGGGTGTTTCTAAAGCTAAGAAACATTCAAATGACGCTCAAAACAAAAGTAATTCT
GACAAGTCGAATAACTCGACTGAGGATAAAGCGTCTCAAGATAAGTCTAAAGATCATCATAATGGCAAAAAAGGTGCAGC
GATCGGTGCTGGAACAGCAGGTTTGGCTGGAGGCGCAGCAAGTAAAAGTGCTTCTGCCGCTTCAAAACCACATGCCTCTA
ATAATGCAAGCCAAAACCATGATGAACATGACAATCATGACAGAGATAAAGAACGTAAAAAAGGTGGCATGGCCAAAGTA
TTGTTACCATTAATTGCAGCTGTACTAATTATCGGTGCATTAGCGATATTTGGAGGCATGGCATTAAACAATCATAATAA
TGGTACAAAAGAAAATAAAATCGCGAATACAAATAAAAATAATGCTGATGAAAGTAAAGACAAAGACACATCTAAAGACG
CTTCTAAAGATAAATCAAAATCTACAGACAGTGATAAATCAAAAGAGGATCAAGACAAAGCGACTAAAGATGAATCTGAT
AATGATCAAAACAACGCTAATCAAGCGAACAATCAAGCACAAAATAATCAAAATCAACAACAAGCTAATCAAAATCAACA
ACAGCAACAACAACGTCAAGGTGGTGGCCAAAGACATACAGTGAATGGTCAAGAAAACTTATACCGTATCGCAATTCAAT
ACTACGGTTCAGGTTCACCGGAAAATGTTGAAAAAATTAGACGTGCCAATGGTTTAAGTGGTAACAATATTAGAAACGGT
CAACAAATCGTTATTCCATAA

SEQ ID NO:56 secuencia de polinucleótidos

GTGATTGAATTAATTAAAATGGAAGGGATGATAGTTGTGTCTAATAATAATTTTAAAGATGATTTCGAAAAGAATCGTCA
ATCTATTAATCCAGACGAACAGCAAACAGAATTAAAAGAAGATGATAAAACAAATGAAAATAAAAAAGAAGCTGACTCTC
AAAACAGTTTATCTAATAACTCAAATCAACAATTTCCTCCGAGAAATGCCCAACGACGAAAAAGACGTAGAGAGACAGCA
ACTAATCAAAGCAAACAACAAGACGACAAACATCAAAAAAATAGTGACGCTAAAACTACAGAAGGTTCATTAGATGACCG
TTATGACGAAGCACAGTTACAGCAACAACATGATAAATCGCAACAACAAAATAAAACTGAAAAACAATCACAAGATAATA
GAATGAAAGATGGAAAAGATGCAGCTATTGTAAATGGAACATCTGAGTCACCAGAACATAAATCAAAATCAACACAAAAT
AGACCCGGCCCTAAAGCTCAACAACAAAAGCGTAAATCAGAAAGTACGCAATCAAAACCGTCAACAAACAAAGATAAAAA
AGCAGCTACAGGTGCTGGAATAGCTGGTGCAGCTGGTGTTGCTGGTGCAGCAGAAACATCCAAACGTCATCATAATAAAA
AAGATAAACAAGATTCTAAACACTCAAACCATGAGAATGACGAAAAATCTGTTAAAAATGATGACCAAAAGCAATCTAAA
AAAGGCAAAAAAGCAGCAGTCGGTGCTGGCGCAGCTGCAGGAGTTGGTGCGGCTGGTGTTGCGCATCATAATAATCAAAA
TAAACATCATAATGAGGAAAAAAATTCTAATCAAAACAATCAGTACAATGACCAATCAGAAGGTAAGAAAAAAGGTGGTT
TCATGAAAATCTTGTTACCACTTATAGCAGCCATTCTTATTCTAGGTGCAATAGCAATATTCGGTGGTATGGCTCTAAAT
AATCACAACGATAGTAAAAGTGATGACCAAAAAATAGCGAATCAAAGTAAGAAAGACTCAGATAAAAAAGATGGTGCGCA
ATCCGAAGATAACAAAGACAAAAAATCTGATAGTAACAAAGACAAAAAATCTGATTCTGATAAGAACGCAGATGATGACT
CTGATAATAGTTCCTCAAATCCTAACGCTACTTCAACTAATAATAACGATAATGTAGCCAATAATAACTCAAATTATACA
AACCAAAATCAACAAGATAATGCAAACCAAAATAGCAATAATCAACAGGCAACTCAAGGTCAACAATCACATACAGTATA
CGGTCAAGAAAACTTATATCGTATCGCCATACAATATTATGGAGAAGGAACTCAAGCTAACGTAGATAAAATTAAACGTG
CGAATGGATTAAGCAGTAATAATATTCATAATGGTCAAACATTAGTTATTCCTCAATAA

SEQ ID NO:57 secuencia de polinucleótidos

ATGAAAAATAAATTGATAGCAAAATCTTTATTAACAATAGCGGCAATTGGTATTACTACAACTACAATTGCGTCAACAGC
AGATGCGAGCGAAGGATACGGTCCAAGAGAAAAGAAACCAGTGAGTATTAATCACAATATCGTAGAGTACAATGATGGTA

CTTTTAAATATCAATCTAGACCAAAATTTAACTCAACACCTAAATATATTAAATTCAAACATGACTATAATATTTTAGAA
TTTAACGATGGTACATTCGAATATGGTGCACGTCCACAATTTAATAAACCAGCAGCGAAAACTGATGCAACTATTAAAAA
AGAACAAAAATTGATTCAAGCTCAAAATCTTGTGAGAGAATTTGAAAAAACACATACTGTCAGTGCACACAGAAAAGCAC
AAAAGGCAGTCAACTTAGTTTCGTTTGAATACAAAGTGAAGAAAATGGTCTTACAAGAGCGAATTGATAATGTATTAAAA
CAAGGATTAGTGAGATAA

SEQ ID NO:58 secuencia de polinucleótidos

ATGAAAACACGTATAGTCAGCTCAGTAACAACAACACTATTGCTAGGTTCCATATTAATGAATCCTGTCGCTAATGCCGC
AGATTCTGATATTAATATTAAAACCGGTACTACAGATATTGGAAGCAATACTACAGTAAAAACAGGTGATTTAGTCACTT
ATGATAAAGAAAATGGCATGCACAAAAAAGTATTTTATAGTTTTATCGATGATAAAAATCACAATAAAAAACTGCTAGTT
ATTAGAACGAAAGGTACCATTGCTGGTCAATATAGAGTTTATAGCGAAGAAGGTGCTAACAAAAGTGGTTTAGCCTGGCC
TTCAGCCTTTAAGGTACAGTTGCAACTACCTGATAATGAAGTAGCTCAAATATCTGATTACTATCCAAGAAATTCGATTG
ATACAAAAGAGTATATGAGTACTTTAACTTATGGATTCAACGGTAATGTTACTGGTGATGATACAGGAAAAATTGGCGGC
CTTATTGGTGCAAATGTTTCGATTGGTCATACACTGAAATATGTTCAACCTGATTTCAAAACAATTTTAGAGAGCCCAAC
TGATAAAAAAGTAGGCTGGAAAGTGATATTTAACAATATGGTGAATCAAAATTGGGGACCATATGATAGAGATTCTTGGA
ACCCGGTATATGGCAATCAACTTTTCATGAAAACTAGAAATGGTTCTATGAAAGCAGCAGAGAACTTCCTTGATCCTAAC
AAAGCAAGTTCTCTATTATCTTCAGGGTTTTCACCAGACTTCGCTACAGTTATTACTATGGATAGAAAAGCATCCAAACA
ACAAACAAATATAGATGTAATATACGAACGAGTTCGTGATGACTACCAATTGCATTGGACTTCAACAAATTGGAAAGGTA
CCAATACTAAAGATAAATGGACAGATCGTTCTTCAGAAAGATATAAAATCGATTGGGAAAAAGAAGAAATGACAAATTAA

SEQ ID NO:59 secuencia de polinucleótidos

ATACACATGAAAAATAAATATATCTCGAAGTTGCTAGTTGGGGCAGCAACAATTACTTTAGCTACAATGATTTCAAATGG
GGAAGCAAAAGCGAGTGAAAACACGCAACAAACTTCAACTAAGCACCAAACAACTCAAAACAACTACGTAACAGATCAAC
AAAAAGCTTTTTATCAAGTATTACATCTAAAAGGTATCACAGAAGAACAACGTAACCAATACATCAAAACATTACGCGAA
CACCCAGAACGTGCACAAGAAGTATTCTCTGAATCACTTAAAGACAGCAAGAACCCAGACCGACGTGTTGCACAACAAAA
CGCTTTTTACAATGTTCTTAAAAATGATAACTTAACTGAACAAGAAAAAAATAATTACATTGCACAAATTAAAGAAAACC
CTGATAGAAGCCAACAAGTTTGGGTAGAATCAGTACAATCTTCTAAAGCTAAAGAACGTCAAAATATTGAAAATGCGGAT
AAAGCAATTAAAGATTTCCAAGATAACAAAGCACCACACGATAAATCAGCAGCATATGAAGCTAACTCAAAATTACCTAA
AGATTTACGCGATAAAAATAACCGCTTTGTAGAAAAAGTTTCAATTGAAAAAGCAATCGTTCGTCATGATGAGCGTGTGA
AATCAGCAAATGATGCAATCTCAAAATTAAATGAAAAAGATTCAATTGAAAACAGACGTTTAGCACAACGTGAAGTTAAC
AAAGCACCTATGGATGTAAAAGAGCATTTACAGAAACAATTAGACGCATTAGTAGCTCAAAAAGATGCTGAAAAGAAAGT
GGCGCCAAAAGTTGAGGCTCCTCAAATTCAATCACCACAAATTGAAAAACCTAAAGCAGAATCACCAAAAGTTGAAGTCC
CTCAATCTAAATTATTAGGTTACTACCAATCATTAAAAGATTCATTTAACTATGGTTACAAGTATTTAACAGATACTTAT
AAAAGCTATAAAGAAAAATATGATACAGCAAAGTACTACTATAATACGTACTATAAATACAAAGGTGCGATTGATCAAAC
AGTATTAACAGTACTAGGTAGTGGTTCTAAATCTTACATCCAACCATTGAAAGTTGATGATAAAAACGGCTACTTAGCTA
AATCATATGCACAAGTAAGAAACTATGTAACTGAGTCAATCAATACTGGTAAAGTATTATATACTTTCTACCAAAACCCA
ACATTAGTAAAAACAGCTATTAAAGCTCAAGAAACTGCATCATCAATCAAAAATACATTAAGTAATTTATTATCATTCTG
GAAATAA

SEQ ID NO:60 secuencia de polinucleótidos

ATGACAAAACATTATTTAAACAGTAAGTATCAATCAGAACAACGTTCATCAGCTATGAAAAAGATTACAATGGGTACAGC
ATCTATCATTTTAGGTTCCCTTGTATACATAGGCGCAGACAGCCAACAAGTCAATGCGGCAACAGAAGCTACGAACGCAA
CTAATAATCAAAGCACACAAGTTTCTCAAGCAACATCACAACCAATTAATTTCCAAGTGCAAAAAGATGGCTCTTCAGAG
AAGTCACACATGGATGACTATATGCAACACCCTGGTAAAGTAATTAAACAAAATAATAAATATTATTTCCAAACCGTGTT
AAACAATGCATCATTCTGGAAAGAATACAAATTTTACAATGCAAACAATCAAGAATTAGCAACAACTGTTGTTAACGATA
ATAAAAAAGCGGATACTAGAACAATCAATGTTGCAGTTGAACCTGGATATAAGAGCTTAACTACTAAAGTACATATTGTC
GTGCCACAAATTAATTACAATCATAGATATACTACGCATTTGGAATTTGAAAAAGCAATTCCTACATTAGCTGACGCAGC
AAAACCAAACAATGTTAAACCGGTTCAACCAAAACCAGCTCAACCTAAAACACCTACTGAGCAAACTAAACCAGTTCAAC
CTAAAGTTGAAAAAGTTAAACCTACTGTAACTACAACAAGCAAAGTTGAAGACAATCACTCTACTAAAGTTGTAAGTACT
GACACAACAAAAGATCAAACTAAAACACAAACTGCTCATACAGTTAAAACAGCACAAACTGCTCAAGAACAAAATAAAGT
TCAAACACCTGTTAAAGATGTTGCAACAGCGAAATCTGAAAGCAACAATCAAGCTGTAAGTGATAATAAATCACAACAAA
CTAACAAAGTTACAAAACATAACGAAACGCCTAAACAAGCATCTAAAGCTAAAGAATTACCAAAAACTGGTTTAACTTCA
GTTGATAACTTTATTAGCACAGTTGCCTTCGCAACACTTGCCCTTTTAGGTTCATTATCTTTATTACTTTTCAAAAGAAA
AGAATCTAAATAA

SEQ ID NO:61 secuencia de polinucleótidos

ATGAACAAACAGCAAAAAGAATTTAAATCATTTTATTCAATTAGAAAGTCATCACTAGGCGTTGCATCTGTAGCGATTAG
TACACTTTTATTATTAATGTCAAATGGCGAAGCACAAGCAGCAGCTGAAGAAACAGGTGGTACAAATACAGAAGCACAAC
CAAAAACTGAAGCAGTTGCAAGTCCAACAACAACATCTGAAAAAGCTCCAGAAACTAAACCAGTAGCTAATGCTGTCTCA

GTATCTAATAAAGAAGTTGAGGCCCCTACTTCTGAAACAAAAGAAGCTAAAGAAGTTAAAGAAGTTAAAGCCCCTAAGGA
AACAAAAGCAGTTAAACCAGCAGCAAAAGCCACTAACAATACATATCCTATTTTGAATCAGGAACTTAGAGAAGCGATTA
AAAACCCTGCAATAAAAGATAAAGATCATAGCGCACCAAACTCTCGTCCAATTGATTTTGAAATGAAAAAAGAAAATGGT
GAGCAACAATTTTATCATTATGCCAGCTCTGTTAAACCTGCTAGAGTTATTTTCACTGATTCAAAACCAGAAATTGAATT
AGGATTACAATCAGGTCAATTTTGGAGAAAATTTGAAGTTTATGAAGGTGACAAAAAGTTGCCAATTAAATTAGTATCAT
ACGATACTGTTAAAGATTACGCTTACATTCGCTTCTCTGTTTCAAATGGAACAAAAGCCGTTAAAATTGTAAGTTCAACT
CACTTCAATAACAAAGAAGAAAAATACGATTACACATTAATGGAATTCGCACAACCAATTTATAACAGTGCAGATAAATT
CAAAACTGAAGAAGATTATAAAGCTGAAAAATTATTAGCGCCATATAAAAAAGCGAAAACACTAGAAAGACAAGTTTATG
AATTAAATAAAATTCAAGATAAACTTCCTGAAAAATTAAAGGCTGAGTACAAGAAGAAATTAGAGGATACAAAGAAAGCT
TTAGATGAGCAAGTGAAATCAGCTATTACTGAATTCCAAAATGTACAACCAACAAATGAAAAAATGACTGATTTACAAGA
TACAAAATATGTTGTTTATGAAAGTGTTGAGAATAACGAATCTATGATGGATACTTTTGTTAAACACCCTATTAAAACAG
GTATGCTTAACGGCAAAAAATATATGGTCATGGAAACTACTAATGACGATTACTGGAAAGATTTCATGGTTGAAGGTCAA
CGTGTTAGAACTATAAGCAAAGATGCTAAAAATAATACTAGAACAATTATTTTCCCATATGTTGAAGGTAAAACTCTATA
TGATGCTATCGTTAAAGTTCACGTAAAAACGATTGATTATGATGGACAATACCATGTCAGAATCGTTGATAAAGAAGCAT
TTACAAAAGCCAATACCGATAAATCTAACAAAAAAGAACAACAAGATAACTCAGCTAAGAAGGAAGCTACTCCAGCTACG
CCTAGCAAACCAACACCATCACCTGTTGAAAAAGAATCACAAAAACAAGACAGCCAAAAAGATGACAATAAACAATTACC
AAGTGTTGAAAAAGAAAATGACGCATCTAGTGAGTCAGGTAAAGACAAAACGCCTGCTACAAAACCAACTAAAGGTGAAG
TAGAATCAAGTAGTACAACTCCAACTAAGGTAGTATCTACGACTCAAAATGTTGCAAAACCAACAACTGCTTCATCAAAA
ACAACAAAAGATGTTGTTCAAACTTCAGCAGGTTCTAGCGAAGCAAAAGATAGTGCTCCATTACAAAAAGCAAACATTAA
AAACACAAATGATGGACACACTCAAAGCCAAAACAATAAAAATACACAAGAAAATAAAGCAAAATCATTACCACAAACTG
GTGAAGAATCAAATAAAGATATGACATTACCATTAATGGCATTACTAGCTTTAAGTAGCATCGTTGCATTCGTATTACCT
AGAAAACGTAAAAACTAA

SEQ ID NO:62 secuencia de polinucleótidos

ATGAATAATAAAAAGACAGCAACAAATAGAAAAGGCATGATACCAAATCGATTAAACAAATTTTCGATAAGAAAGTATTC
TGTAGGTACTGCTTCAATTTTAGTAGGGACAACATTGATTTTTGGGTTAAGTGGTCATGAAGCTAAAGCGGCAGAACATA
CGAATGGAGAATTAAATCAATCAAAAAATGAAACGACAGCCCCAAGTGAGAATAAAACAACTGAAAAAGTTGATAGTCGT
CAACTAAAAGACAATACGCAAACTGCAACTGCAGATCAGCCTAAAGTGACAATGAGTGATAGTGCAACAGTTAAAGAAAC
TAGTAGTAACATGCAATCACCACAAAACGCTACAGCTAGTCAATCTACTACACAAACTAGCAATGTAACAACAAATGATA
AATCATCAACTACATATAGTAATGAAACTGATAAAAGTAATTTAACACAAGCAAAAAACGTTTCAACTACACCTAAAACA
ACGACTATTAAACAAAGAGCTTTAAATCGCATGGCAGTGAATACTGTTGCAGCTCCACAACAAGGAACAAATGTTAATGA
TAAAGTACATTTTACGAACATTGATATTGCGATTGATAAAGGACATGTTAATAAAACAACAGGAAATACTGAATTTTGGG
CAACTTCAAGTGATGTTTTAAAATTAAAAGCGAATTACACAATCGATGATTCTGTTAAAGAGGGCGATACATTTACTTTT
AAATATGGTCAATATTTCCGTCCAGGTTCTGTAAGATTACCTTCACAAACTCAAAATTTATATAATGCCCAAGGTAATAT
TATTGCAAAAGGTATTTACGATAGTAAAACAAATACAACAACGTATACTTTTACGAATTATGTAGATCAATACACAAATG
TTAGCGGTAGCTTTGAACAAGTCGCATTTGCGAAACGTGAAAATGCAACAACTGATAAAACTGCTTATAAAATGGAAGTA
ACTTTAGGTAATGATACATATAGTAAAGATGTCATTGTCGATTATGGTAATCAAAAAGGTCAACAACTTATTTCGAGTAC
AAATTATATTAATAATGAAGATTTGTCACGTAATATGACTGTTTATGTAAATCAACCTAAAAAGACCTATACAAAAGAAA
CATTTGTAACAAATTTAACTGGTTATAAATTTAATCCAGATGCTAAAAACTTCAAAATTTACGAAGTGACAGATCAAAAT
CAATTTGTGGATAGTTTCACCCCAGATACTTCAAAACTTAAAGATGTTACTGGTCAATTCGATGTTATTTATAGTAATGA
TAATAAGACGGCGACAGTAGATTTATTGAATGGTCAATCTAGTAGTGATAAACAGTACATCATTCAACAAGTTGCTTATC
CAGATAATAGTTCAACAGATAATGGGAAAATTGATTATACTTTAGAAACACAAAATGGAAAAAGTAGTTGGTCAAACAGT
TATTCAAATGTGAATGGCTCATCAACTGCAAATGGCGACCAAAAGAAATATAATCTAGGTGACTATGTATGGGAAGATAC
AAATAAAGATGGTAAACAAGATGCCAATGAAAAAGGGATTAAAGGTGTTTATGTCATTCTTAAAGATAGTAACGGTAAAG
AATTAGATCGTACGACAACAGATGAAAATGGTAAATATCAGTTCACTGGTTTAAGCAATGGAACTTATAGTGTAGAGTTT
TCAACACCAGCCGGTTATACACCGACAACTGCAAATGCAGGTACAGATGATGCTGTAGATTCTGATGGACTAACTACAAC
AGGTGTCATTAAAGACGCTGACAACATGACATTAGATAGTGGATTCTACAAAACACCAAAATATAGTTTAGGTGATTATG
TTTGGTACGACAGTAATAAAGATGGTAAACAAGATTCGACTGAAAAAGGAATTAAAGGTGTTAAAGTTACTTTGCAAAAC
GAAAAAGGCGAAGTAATTGGTACAACTGAAACAGATGAAAATGGTAAATACCGCTTTGATAATTTAGATAGTGGTAAATA
CAAAGTTATCTTTGAAAAGCCTGCTGGTTTAACTCAAACAGGTACAAATACAACTGAAGATGATAAAGATGCCGATGGTG
GCGAAGTTGATGTAACAATTACGGATCATGATGATTTCACACTTGATAATGGCTACTACGAAGAAGAAACATCAGATAGT
GACTCAGATTCGGACAGCGATTCAGACTCAGATAGCGACTCAGATTCAGATAGTGACTCAGACTCAGATAGCGACTCAGA
CTCAGATAGCGACTCAGACAGCGACTCAGACTCAGATAGTGATTCAGATTCGGACAGCGACTCAGATTCAGACAGCGAAT
CAGATTCGGATAGCGACTCAGACTCAGATAGCGACTCAGACAGCGACTCAGATTCAGACAGTGACTCAGACTCAGACAGC
GACTCAGATTCAGACAGCGATTCAGATTCGGATAGCGACTCAGATTCAGATAGCGATTCGGACTCAGACAACGACTCAGA
TTCTGACAGCGATTCAGACTCAGATAGCGACTCAGATTCAGACAGCGACTCAGATTCAGACAGCGATTCAGATTCAGATA
GCGATTCAGATTCAGACAGCGACTCAGATTCAGATAGCGACTCAGACTCAGACAGCGATTCAGACTCAGATAGCGACTCA
GACAGCGATTCAGATTCGGATAGCGATTCAGATTCAGATGCAGGTAAACATACTCCGACTAAACCAATGAGTACGGTTAA
AGATCAGCATAAAACAGCTAAAGCATTACCAGAAACAGGTAGTGAAAATAATAATTCAAATAATGGCACATTATTCGGTG
GATTATTCGCGGCATTAGGATCATTATTGTTATTCGGTCGTCGTAAAAAACAAAATAAATAA

SEQ ID NO:63 secuencia de polinucleótidos

ATGAATATGAAGAAAAAAGAAAAACACGCAATTCGGAAAAAATCGATTGGCGTGGCTTCAGTGCTTGTAGGTACGTTAAT
CGGTTTTGGACTACTCAGCAGTAAAGAAGCAGATGCAAGTGAAAATAGTGTTACGCAATCTGATAGCGCAAGTAACGAAA
GCAAAAGTAATGATTCAAGTAGCGTTAGTGCTGCACCTAAAACAGACGACACAAACGTGAGTGATACTAAAACATCGTCA
AACACTAATAATGGCGAAACGAGTGTGGCGCAAAATCCAGCACAACAGGAAACGACACAATCATCATCAACAAATGCAAC
TACGGAAGAAACGCCGGTAACTGGTGAAGCTACTACTACGACAACGAATCAAGCTAATACACCGGCAACAACTCAATCAA
GCAATACAAATGCGGAGGAATTAGTGAATCAAACAAGTAATGAAACGACTTCTAATGATACTAATACAGTATCATCTGTA
AATTCACCTCAAAATTCTACAAATGCGGAAAATGTTTCAACAACGCAAGATACTTCAACTGAAGCAACACCTTCAAACAA
TGAATCAGCTCCACAGAATACAGATGCAAGTAATAAAGATGTAGTTAGTCAAGCGGTTAATCCAAGTACGCCTAGAATGA
GAGCATTTAGTTTAGCGGCAGTAGCTGCAGATGCACCGGCAGCTGGCACAGATATTACGAATCAGTTGACAGATGTGAAA
GTTACTATTGACTCTGGTACGACTGTGTATCCGCACCAAGCAGGTTATGTCAAACTGAATTATGGTTTTTCAGTGCCTAA
TTCTGCTGTTAAAGGTGACACATTCAAAATAACTGTACCTAAAGAATTAAACTTAAATGGTGTAACTTCAACTGCTAAAG
TGCCACCAATTATGGCTGGAGATCAAGTATTGGCAAATGGTGTAATCGATAGTGATGGTAATGTTATTTATACATTTACA
GACTATGTTGATAATAAAGAAAATGTAACAGCTAATATTACTATGCCAGCTTATATTGACCCTGAAAATGTTACAAAGAC
AGGTAATGTGACATTGACAACTGGCATAGGAACCAATACTGCTAGTAAGACAGTATTAATCGACTATGAGAAATATGGAC
AATTCCATAATTTATCAATTAAAGGTACGATTGATCAAATCGATAAAACAAATAATACGTATCGCCAAACAATTTATGTC
AATCCAAGCGGAGATAACGTTGTGTTACCTGCCTTAACAGGTAATTTAATTCCTAATACAAAGAGTAATGCGTTAATAGA
TGCAAAAAACACTGATATTAAAGTTTATAGAGTCGATAATGCTAATGATTTATCTGAAAGTTATTATGTGAATCCTAGCG
ATTTTGAAGATGTAACTAATCAAGTTAGAATTTCATTTCCAAATGCTAATCAATACAAAGTAGAATTTCCTACGGACGAT
GACCAAATTACAACACCGTATATTGTAGTTGTTAATGGCCATATTGATCCTGCTAGTACAGGTGATTTAGCACTACGTTC
GACATTTTATGGTTATGATTCTAATTTTATATGGAGATCTATGTCATGGGACAACGAAGTAGCATTTAATAACGGATCAG
GTTCTGGTGACGGTATCGATAAACCAGTTGTTCCTGAACAACCTGATGAGCCTGGTGAAATTGAACCAATTCCAGAGGAT
TCAGATTCTGACCCAGGTTCAGATTCTGGCAGCGATTCTAATTCAGATAGCGGTTCAGATTCTGGCAGTGATTCTACATC
AGATAGTGGTTCAGATTCAGCGAGTGATTCAGATTCAGCAAGTGATTCAGACTCAGCGAGTGATTCAGATTCAGCAAGTG
ATTCAGATTCAGCAAGTGATTCAGATTCAGCAAGTGATTCAGACTCAGCAAGTGATTCAGATTCAGCAAGTGATTCAGAT
TCAGCAAGCGATTCAGATTCAGCGAGCGATTCAGATTCAGCGAGCGATTCAGATTCAGCGAGTGATTCCGACTCAGCGAG
CGATTCAGACTCAGATAGTGACTCAGATTCCGATAGCGATTCCGACTCAGATAGCGACTCAGATTCAGACAGCGATTCTG
ACTCAGACAGCGATTCTGACTCAGACAGTGACTCAGATTCCGATAGCGATTCTGACTCAGACAGTGACTCAGATTCCGAT
AGCGATTCAGATTCAGACAGTGATTCAGACTCAGATAGCGATTCAGATTCCGACAGTGACTCAGACTCAGACAGCGATTC
AGATTCCGATAGCGATTCAGATTCCGACAGTGACTCAGATTCCGATAGTGACTCGGATTCAGCGAGTGATTCAGATTCAG
ATAGCGATTCAGAATCAGATAGTGACTCAGACTCAGACAGTGATTCAGATTCAGATAGTGACTCAGACTCAGACAGCGAT
TCAGAATCAGATAGTGACTCCGATTCAGACAGCGATTCAGAATCAGATAGTGACTCCGATTCAGATAGCGATTCGGATTC
AGCGAGTGATTCAGACTCAGGTAGTGACTCCGATTCATCAAGTGATTCAGATTCCGATTCAACGAGTGACACAGGATCAG
ACAACGACTCAGACAGTGATTCAAATAGCGATTCCGAGTCAGGTTCTAACAATAATGTAGTTCCGCCTAATTCACCTAAA
AATGGTACTAATGCTTCTAATAAAAATGAGGCTAAAGATAGTAAAGAACCATTACCAGATACAGGTTCTGAAGATGAAGC
GAATACGTCACTAATTTGGGGATTATTAGCATCATTAGGTTCATTACTACTTTTCAGAAGAAAAAAAGAAAATAAAGATA
AGAAATAA

SEQ ID NO:64 secuencia de polinucleótidos

GTGAAAAACAATCTTAGGTACGGCATTAGAAAACATAAATTGGGAGCAGCATCAGTATTCTTAGGAACAATGATCGTTGT
TGGGATGGGACAAGATAAAGAAGCTGCAGCATCAGAACAAAAGACAACTACAGTAGAAGAAAATGGGAATTCAGCTACTG
ATAATAAAACAAGTGAAACACAAACAACTGCTACTAACGTTAATCATATAGAAGAAACTCAATCATATAACGCAACAGTA
ACAGAACAACCGTCAAACGCAACACAAGTAACAACTGAAGAAGCACCAAAAGCAGTACAAGCACCACAAACTGCACAACC
AGCAAATGTAGAAACAGTTAAAGAAGAAGAGAAACCTCAAGTTAAGGAAACGACACAACCTCAAGACAATAGCGGAAATC
AAAGACAAGTAGATTTAACACCTAAAAAGGTTACACAAAATCAAGGGACAGAAACACAAGTTGAAGTGGCACAGCCAAGA
ACGGCATCAGAAAGTAAGCCACGTGTGACAAGATCAGCAGATGTAGCGGAAGCTAAGGAAGCTAGTGACGTTTCAGAAGT
TAAAGGCACAGATGTTACAAGTAAAGTTACAGTAGAAAGTGGTTCTATTGAGGCACCTCAAGGAAATAAAGTAGAGCCAC
ATGCTGGTCAACGTGTCGTATTGAAATACAAATTGAAATTCGCAGATGGATTAAAAAGAGGAGATTATTTTGATTTTACA
TTATCAAATAATGTAAATACTTATGGGGTTTCAACAGCTAGAAAGGTACCAGAGATTAAAAATGGCTCAGTTGTAATGGC
TACAGGTGAGATCTTAGGGAATGGTAACATAAGATATACATTTACTAACGAAATTGAACACAAGGTAGAGGTAACAGCTA
ATTTAGAAATCAACTTATTTATTGACCCTAAAACTGTACAAAGCAATGGAGAACAAAAGATTACTTCTAAATTAAATGGT
GAAGAAACAGAAAAAACAATACCAGTTGTTTATAATCCAGGTGTTAGCAATAGTTATACAAATGTAAATGGATCAATTGA
AACATTTAATAAAGAATCTAATAAATTTACACATATAGCTTATATTAAGCCAATGAATGGAAACCAGTCAAACACTGTAT
CAGTAACAGGGACGTTGACTGAAGGTAGTAATTTAGCTGGTGGACAACCTACTGTTAAAGTATATGAATATCTAGGGAAA
AAAGATGAATTGCCACAAAGTGTTTATGCAAATACATCAGATACTAACAAATTCAAAGATGTAACAAAGGAAATGAATGG
AAAATTGAGTGTGCAAGACAATGGTAGTTACTCATTGAATTTAGATAAGTTGGATAAAACGTATGTCATTCATTATACAG
GTGAATATTTGCAAGGGTCAGATCAGGTTAATTTTAGAACTGAATTATATGGGTATCCAGAACGAGCATATAAATCTTAC
TATGTTTATGGGGGATATCGTTTAACTTGGGATAATGGTTTAGTTTTATATAGCAATAAAGCTGACGGCAATGGTAAAAA
TGGACAAATTATTCAAGATAATGATTTTGAATATAAAGAAGATACTGCAAAAGGAACTATGAGCGGGCAGTACGATGCCA
AGCAAATTATTGAAACAGAAGAAAATCAAGACAATACACCGCTTGACATTGATTACCACACAGCTATAGATGGTGAGGGT

GGTTATGTTGATGGGTATATTGAAACAATAGAAGAAACGGATTCATCAGCTATTGATATCGATTACCATACTGCTGTGGA
TAGTGAAGTGGGTCACGTTGGAGGATACACTGAGTCCTCTGAGGAATCAAATCCAATTGACTTTGAAGAATCGACACATG
AAAATTCAAAACATCACGCTGATGTTGTTGAATATGAAGAGGATACAAATCCAGGTGGTGGCCAAGTAACAACTGAGTCT
AACTTAGTTGAATTTGACGAAGAGTCTACAAAAGGTATTGTAACTGGCGCAGTGAGCGACCATACAACAATTGAAGATAC
GAAAGAATATACGACTGAAAGTAATCTGATTGAACTAGTAGATGAACTACCTGAAGAACATGGTCAAGCACAAGGACCAA
TCGAGGAAATTACTGAAAACAATCATCATATTTCTCATTCTGGTTTAGGAACTGAAAATGGTCACGGTAATTATGGCGTG
ATTGAAGAAATCGAAGAAAATAGCCACGTTGATATTAAGAGTGAATTAGGTTACGAAGGTGGCCAAAATAGCGGTAACCA
GTCATTCGAGGAAGACACAGAAGAAGACAAACCTAAATATGAACAAGGTGGCAATATCGTAGATATCGATTTCGACAGTG
TACCTCAAATTCATGGTCAAAATAAAGGTGACCAGTCATTCGAAGAAGATACAGAGAAAGACAAGCCTAAATATGAACAT
GGCGGTAATATCATTGATATCGACTTCGACAGTGTGCCACAAATTCATGGATTCAATAAGCATAATGAAATTATTGAAGA
AGATACAAACAAAGATAAACCTAATTATCAATTCGGTGGACACAATAGTGTTGACTTTGAAGAAGATACACTTCCAAAAG
TAAGCGGCCAAAATGAAGGTCAACAAACGATTGAAGAAGATACAACGCCGCCAACGCCACCGACACCAGAAGTACCGAGT
GAGCCGGAAACACCAATGCCACCGACACCAGAAGTACCGAGTGAGCCGGAAACACCAACGCCACCAACACCAGAGGTACC
AAGTGAGCCGGAAACACCAACACCACCGACTCCGGAAGTACCAAGTGAGCCGGAAACACCAACACCACCGACACCAGAAG
TGCCGAGTGAGCCAGAAACACCAACACCGCCAACACCAGAGGTACCAGCTGAACCTGGTAAACCAGTACCACCCGCAAAA
GAAGAACCTAAAAAGCCTTCTAAACCAGTGGAACAAGGTAAAGTAGTAACACCTGTTATTGAAATCAATGAAAAGGTTAA
AGCAGTGGCACCAACTAAAAAAGCACAATCTAAGAAATCTGAACTACCTGAAACAGGTGGAGAAGAATCAACAAACAAAG
GTATGTTGTTCGGCGGATTATTCAGCATTCTAGGTTTAGCATTATTACGCAGAAATAAAAAGAATAACAAAGCATAA

SEQ ID NO:65 secuencia de polinucleótidos

TTGAAAAAAAGAATTGATTATTTGTCGAATAAGCAGAATAAGTATTCGATTAGACGTTTTACAGTAGGTACCACATCAGT
AATAGTAGGGGCAACTATACTATTTGGGATAGGCAATCATCAAGCACAAGCTTCAGAACAATCGAACGATACAACGCAAT
CTTCGAAAAATAATGCAAGTGCAGATTCCGAAAAAAACAATATGATAGAAACACCTCAATTAAATACAACGGCTAATGAT
ACATCTGATATTAGTGCAAACACAAACAGTGCGAATGTAGATAGCACAACAAAACCAATGTCTACACAAACGAGCAATAC
CACTACAACAGAGCCAGCTTCAACAAATGAAACACCTCAACCGACGGCAATTAAAAATCAAGCAACTGCTGCAAAAATGC
AAGATCAAACTGTTCCTCAAGAAGCAAATTCTCAAGTAGATAATAAAACAACGAATGATGCTAATAGCATAGCAACAAAC
AGTGAGCTTAAAAATTCTCAAACATTAGATTTACCACAATCATCACCACAAACGATTTCCAATGCGCAAGGAACTAGTAA
ACCAAGTGTTAGAACGAGAGCTGTACGTAGTTTAGCTGTTGCTGAACCGGTAGTAAATGCTGCTGATGCTAAAGGTACAA
ATGTAAATGATAAAGTTACGGCAAGTAATTTCAAGTTAGAAAAGACTACATTTGACCCTAATCAAAGTGGTAACACATTT
ATGGCGGCAAATTTTACAGTGACAGATAAAGTGAAATCAGGGGATTATTTTACAGCGAAGTTACCAGATAGTTTAACTGG
TAATGGAGACGTGGATTATTCTAATTCAAATAATACGATGCCAATTGCAGACATTAAAAGTACGAATGGCGATGTTGTAG
CTAAAGCAACATATGATATCTTGACTAAGACGTATACATTTGTCTTTACAGATTATGTAAATAATAAAGAAAATATTAAC
GGACAATTTTCATTACCTTTATTTACAGACCGAGCAAAGGCACCTAAATCAGGAACATATGATGCGAATATTAATATTGC
GGATGAAATGTTTAATAATAAAATTACTTATAACTATAGTTCGCCAATTGCAGGAATTGATAAACCAAATGGCGCGAACA
TTTCTTCTCAAATTATTGGTGTAGATACAGCTTCAGGTCAAAACACATACAAGCAAACAGTATTTGTTAACCCTAAGCAA
CGAGTTTTAGGTAATACGTGGGTGTATATTAAAGGCTACCAAGATAAAATCGAAGAAAGTAGCGGTAAAGTAAGTGCTAC
AGATACAAAACTGAGAATTTTTGAAGTGAATGATACATCTAAATTATCAGATAGCTACTATGCAGATCCAAATGACTCTA
ACCTTAAAGAAGTAACAGACCAATTTAAAAATAGAATCTATTATGAGCATCCAAATGTAGCTAGTATTAAATTTGGTGAT
ATTACTAAAACATATGTAGTATTAGTAGAAGGGCATTACGACAATACAGGTAAGAACTTAAAAACTCAGGTTATTCAAGA
AAATGTTGATCCTGTAACAAATAGAGACTACAGTATTTTCGGTTGGAATAATGAGAATGTTGTACGTTATGGTGGTGGAA
GTGCTGATGGTGATTCAGCAGTAAATCCGAAAGACCCAACTCCAGGGCCGCCGGTTGACCCAGAACCAAGTCCAGACCCA
GAACCAGAACCAACGCCAGATCCAGAACCAAGTCCAGACCCAGAACCGGAACCAAGCCCAGACCCGGATCCGGATTCGGA
TTCAGACAGTGACTCAGGCTCAGACAGCGACTCAGGTTCAGATAGCGACTCAGAATCAGATAGCGATTCGGATTCAGACA
GTGATTCAGATTCAGACAGCGACTCAGAATCAGATAGCGATTCAGAATCAGATAGCGACTCAGATTCAGATAGCGATTCA
GATTCAGATAGCGATTCAGAATCAGATAGCGATTCGGATTCAGACAGTGATTCAGATTCAGACAGCGACTCAGAATCAGA
TAGCGACTCAGAATCAGATAGTGAGTCAGATTCAGACAGTGACTCGGACTCAGACAGTGATTCAGACTCAGATAGCGATT
CAGACTCAGATAGCGATTCAGACTCAGACAGCGATTCAGATTCAGACAGCGACTCAGAATCAGACAGCGACTCAGACTCA
GATAGCGACTCAGACTCAGACAGCGACTCAGATTCAGATAGCGATTCAGACTCAGACAGCGACTCAGACTCAGACAGCGA
CTCAGACTCAGATAGCGATTCAGACTCAGACAGCGACTCAGATTCAGATAGCGATTCGGACTCAGACAGCGATTCAGATT
CAGACAGCGACTCAGACTCGGATAGCGATTCAGATTCAGACAGCGACTCAGACTCGGATAGCGACTCGGATTCAGATAGT
GACTCCGATTCAAGAGTTACACCACCAAATAATGAACAGAAAGCACCATCAAATCCTAAAGGTGAAGTAAACCATTCTAA
TAAGGTATCAAAACAACACAAAACTGATGCTTTACCAGAAACAGGAGATAAGAGCGAAAACACAAATGCAACTTTATTTG
GTGCAATGATGGCATTATTAGGATCATTACTATTGTTTAGAAAACGCAAGCAAGATCATAAAGAAAAAGCGTAA

SEQ ID NO:66 secuencia de polinucleótidos

ATGAAAAAGCAAATAATTTCGCTAGGCGCATTAGCAGTTGCATCTAGCTTATTTACATGGGATAACAAAGCAGATGCGAT
AGTAACAAAGGATTATAGTAAAGAATCAAGAGTGAATGAGAAAAGTAAAAAGGGAGCTACTGTTTCAGATTATTACTATT
GGAAAATAATTGATAGTTTAGAGGCACAATTTACTGGAGCAATAGACTTATTGGAAGATTATAAATATGGAGATCCTATC
TATAAAGAAGCGAAAGATAGATTGATGACAAGAGTATTAGGAGAAGACCAGTATTTATTAAAGAAAAAGATTGATGAATA
TGAGCTTTATAAAAAGTGGTATAAAAGTTCAAATAAGAACACTAATATGCTTACTTTCCATAAATATAATCTTTACAATT

TAACAATGAATGAATATAACGATATTTTTAACTCTTTGAAAGATGCAGTTTATCAATTTAATAAAGAAGTTAAAGAAATA
GAGCATAAAAATGTTGACTTGAAGCAGTTTGATAAAGATGGAGAAGACAAGGCAACTAAAGAAGTTTATGACCTTGTTTC
TGAAATTGATACATTAGTTGTAACTTATTATGCTGATAAGGATTATGGGGAGCATGCGAAAGAGTTACGAGCAAAACTGG
ACTTAATCCTTGGAGATACAGACAATCCACATAAAATTACAAATGAGCGTATAAAAAAAGAAATGATCGATGACTTAAAT
TCAATTATAGATGATTTCTTTATGGAGACTAAACAAAATAGACCGAATTCTATAACAAAATATGATCCAACAAAACACAA
TTTTAAAGAGAAGAGTGAAAATAAACCTAATTTTGATAAATTAGTTGAAGAAACAAAAAAAGCAGTTAAAGAAGCAGACG
AATCTTGGAAAAATAAAACTGTCAAAAAATACGAGGAAACTGTAACAAAATCTCCTGTTGTAAAAGAAGAGAAGAAAGTT
GAAGAACCTCAATTACCTAAAGTTGGAAACCAGCAAGAGGTTAAAACTACGGCTGGTAAAGCTGAAGAAACAACACAACC
AGTGGCACAGCCATTAGTAAAAATTCCACAAGAAACAATCTATGGTGAAACTGTAAAAGGTCCAGAATATCCAACGATGG
AAAATAAAACGTTACAAGGTGAAATCGTTCAAGGTCCCGATTTTCTAACAATGGAACAAAACAGACCATCTTTAAGCGAT
AATTATACTCAACCGACGACACCGAACCCTATTTTAGAAGGTCTTGAAGGTAGCTCATCTAAACTTGAAATAAAACCACA
AGGTACTGAATCAACGTTGAAAGGTATTCAAGGAGAATCAAGTGATATTGAAGTTAAACCTCAAGCAACTGAAACAACAG
AAGCTTCTCAATATGGTCCGAGACCGCAATTTAACAAAACACCTAAGTATGTGAAATATAGAGATGCTGGTACAGGTATC
CGTGAATACAACGATGGAACATTTGGATATGAAGCGAGACCAAGATTCAACAAGCCAAGTGAAACAAATGCATACAACGT
AACGACAAATCAAGATGGCACAGTATCATACGGAGCTCGCCCAACACAAAACAAGCCAAGTGAAACAAACGCATATAACG
TAACAACACATGCAAATGGTCAAGTATCATACGGTGCTCGCCCAACACAAAAAAAGCCAAGCAAAACAAATGCATACAAC
GTAACAACACATGCAAATGGTCAAGTATCATATGGCGCTCGCCCGACACAAAAAAAGCCAAGCAAAACAAATGCATATAA
CGTAACAACACATGCAAATGGTCAAGTATCATACGGAGCTCGCCCGACATACAAGAAGCCAAGCGAAACAAATGCATACA
ACGTAACAACACATGCAAATGGTCAAGTATCATATGGCGCTCGCCCGACACAAAAAAAGCCAAGCGAAACAAACGCATAT
AACGTAACAACACATGCAGATGGTACTGCGACATATGGGCCTAGAGTAACAAAATAA

SEQ ID NO:71 secuencia de polinucleótidos

GTGAAAAGCAATCTTAGATACGGCATAAGAAAACACAAATTGGGAGCGGCCTCAGTATTCTTAGGAACAATGATCGTTGT
TGGAATGGGACAAGAAAAAGAAGCTGCAGCATCGGAACAAAACAATACTACAGTAGAGGAAAGTGGGAGTTCAGCTACTG
AAAGTAAAGCAAGCGAAACACAAACAACTACAAATAACGTTAATACAATAGATGAAACACAATCATACAGCGCGACATCA
ACTGAGCAACCATCAAAATCAACTCAAGTAACAACAGAAGAAGCACCAACAACTGTGCAAGCACCAAAAGTAGAAACCGA
AATGAAATCACAAGAAGATTTACCATCAGAAAAAGTTGCTGATAAGGAAACTACAGGAACTCAAGTTGACATAGCTCAAC
CAAGTAACGTCTCAGAAATTAAACCAAGAATGAAAAGATCAGCTGACGTTACAGCAGTTTCAGAGAAAGAAGTAGCGGAA
GAAGCTAAAGCGACAGGTACAGATGTAACAAATAAAGTGGAAGTTACTGAAAGCTCTTTAGAAGGACATAATAAAGATTC
GAATATTGTTAATCCGCATAATGCTCAAAGAGTAACTTTAAAATACAAATGGAAATTTGGAGAAGGAATTAAGGCAGGAG
ATTATTTTGATTTCACATTAAGTGATAATGTTGAAACACATGGTATATCAACACTGCGTAAAGTTCCGGAGATAAAAAGT
TCAACAGAAGATAAAGTTATGGCAAATGGTCAAGTTATAAATGAACGTACAATTCGCTATACATTTACTGATTATATAAA
TAACAAAAAAGATTTAACTGCTGAATTAAACTTAAACCTATTCATTGACCCAACAACAGTGACAAAGCAAGGGAGTCAAA
AAGTTGAAGTAACACTAGGTCAAAATAAAGTCTCAAAAGAATTTGATATCAAATATTTAGACGGCGTTAAAGATAGAATG
GGTGTTACTGTTAATGGTCGTATTGATACTTTGAATAAAGAAGAGGGTAAATTTAGCCATTTTGCATATGTGAAGCCTAA
CAACCAGTCGTTAACTTCTGTCACAGTAACTGGTCAAGTAACATCTGGATATAAACAAAGTGCTAATAATCCAACAGTCA
AAGTATATAAACACATTGGTTCAGATGAATTAGCTGAAAGTGTTTATGCAAAGCTTGATGATACCAGTAAATTTGAAGAT
GTGACTGAAAAAGTAAATCTATCTTACACAAGTAATGGTGGGTACACATTGAACCTTGGCGATTTAGATAATTCGAAAGA
CTATGTAATTAAATATGAAGGTGAATATGATCAAAATGCTAAGGATCTAAATTTCCGAACACATCTTTCAGGATATCATA
AATACTACCCATACTATCCTTATTACCCGTATTATCCAGTTCAATTAACTTGGAACAACGGTGTTGCATTTTACTCTAAT
AATGCTAAAGGCGATGGTAAAGATAAACCAAATGATCCTATCATTGAGAAGAGTGAACCAATTGATTTAGACATTAAATC
AGAGCCACCAGTGGAGAAGCATGAATTGACTGGTACAATCGAAGAAAGTAACGATTCTAAGCCAATTGATTTTGAATATC
ATACAGCTGTTGAAGGTGCAGAAGGTCATGCAGAAGGTATTATTGAAACTGAAGAAGATTCTATTCATGTGGATTTTGAA
GAATCTACACATGAAAATTCAAAACATCACGCTGATGTTGTTGAATATGAAGAGGATACAAACCCAGGTGGTGGCCAAGT
AACAACTGAGTCTAACTTAGTTGAATTTGACGAAGAGTCTACAAAAGGTATTGTAACTGGCGCAGTGAGCGACCATACAA
CAGTTGAAGATACGAAAGAATATACAACTGAAAGTAATCTGATTGAATTAGTGGATGAATTACCTGAAGAACATGGTCAA
GCACAAGGGCCAATCGAGGAAATTACTGAAAACAATCATCATATTTCTCATTCTGGTTTAGGAACTGAAAATGGTCACGG
TAATTATGGCGTGATTGATGAAATCGAAGAAAATAGCCACGTTGATATTAAGAGTGAATTAGGTTATGAAGGTGGCCAAA
ATAGCGGTAATCAGTCATTCGAGGAAGACACAGAAGAAGATAAACCTAAATATGAACAAGGTGGTAATATCGTAGATATC
GATTTCGACAGTGTACCTCAAATTCATGGTCAAAATAATGGTAACCAGTCATTCGAGGAAGACACAGAAGAAGACAAGCC
TAAGTATGAACAAGGTGGTAACATCATTGATATCGACTTCGACAGTGTGCCACAAATTCATGGATTCAATAAGCATAATG
AAATTATTGAAGAAGATACAAACAAAGATAAACCTAATTATCAATTTGGTGGACACAACAGTGTTGATTTTGAAGAAGAT
ACACTTCCAAAAGTAAGTGGTCAAAATGAAGGTCAACAAACGATTGAAGAAGATACAACGCCGCCAACACCGCCAACACC
AGAGGTACCAAGTGAGCCGGAAACACCAACACCACCAACACCAGAAGTACCGAGTGAGCCAGGCGAACCAACGCCACCAA
AACCGGAAGTACCAAGTGAGCCGGAAACACCAGTACCACCAACACCAGAGGTACCATCTGAACCTGGTAAACCAGTACCA
CCTGCTAAAGAAGAACCTAAAAAACCTTCTAAACCAGTGGAACAAGGTAAGGTAGTAACACCTGTTATTGAAATCAATGA
AAAGGTTAAAGCAGTGGCACCAACTAAACAAAAACAATCTAAGAAATCTGAACTACCTGAAACAGGTGGAGAAGAATCAA
CAAACAAAGGTATGTTGTTCGGCGGATTATTCAGCATTCTAGGTTTAGTATTATTACGCAGAAATAAAAAGAATAACAAA
GCATAA

SEQ ID NO:72 secuencia de polinucleótidos

ATGAAATTTAAGTCATTGATTACAACAACATTAGCATTAGGCGTTATAGCATCAACAGGAGCAAACTTTAATACTAACGA
AGCATCTGCCGCAGCTAAGCCATTAGATAAATCATCAAGTACATTACACCATGGACATTCTAACATCCAGATTCCATATA
CAATTACTGTGAACGGTACAAGCCAAAACATTTTATCAAGCTTAACATTTAATAAGAATCAAAATATTAGTTATAAAGAT
ATAGAGAATAAAGTTAAATCAGTTTTATACTTTAATAGAGGTATTAGTGATATCGATTTAAGACTTTCAAAGCAAGCGGA
ATATACGGTTCATTTTAAAAATGGAACAAAAAGAGTTATCGATTTGAAATCAGGTATCTACACAGCTGACTTAATCAATA
CAAGTGACATTAAAGCTATCAGTGTTAACGTAGATACTAAAAAGCAACCTAAAGATAAAGCTAAAGCAAATGTTCAAGTG
CCATATACAATCACAGTGAACGGCACAAGCCAAAACATTTTATCAAACCTAACATTTAATAAAAATCAAAATATTAGTTA
CAAAGATTTAGAGGGTAAAGTTAAATCAGTTTTAGAATCAAATAGAGGTATTACTGATGTTGATTTAAGACTTTCGAAGC
AAGCGAAATATACAGTTAATTTTAAAAATGGAACGAAGAAAGTTATCGATTTGAAATCAGGTATTTACACAGCGAATTTA
ATCAATTCAAGTGATATTAAAAGTATCAATATTAACGTAGATACAAAAAAACATATCGAAAATAAAGCTAAAAGAAACTA
TCAAGTTCCATATTCAATTAATCTAAATGGTACATCTACAAACATTTTATCGAATCTTTCATTTTCAAATAAACCTTGGA
CAAATTACAAAAATTTAACTAGTCAAATAAAATCAGTACTGAAGCATGATAGAGGTATTAGTGAACAAGATTTAAAATAT
GCTAAGAAAGCTTATTATACTGTTTATTTTAAAAATGGTGGTAAAAGAATCTTACAGTTAAATTCAAAAAATTACACAGC
AAACTTAGTTCATGCGAAAGATGTTAAGAGAATTGAAATTACTGTTAAAACAGGAACTAAAGCGAAAGCAGACAGATATG
TACCATACACAATTGCAGTAAATGGCACATCAACACCAATTTTATCAAAACTAAAAATTTCGAATAAACAATTAATTAGT
TACAAATATTTAAACGACAAAGTGAAATCTGTATTAAAAAGTGAAAGAGGTATCAGTGATCTTGACTTAAAATTTGCGAA
ACAAGCAAAATATACAGTATATTTCAAAAATGGAAAGAAACAAGTAGTGAATTTAAAATCAGACATCTTTACACCTAATT
TATTTAGTGCCAAAGATATTAAAAAGATTGATATTGATGTAAAACAATACACTAAATCAAAAAAAAAAATAAATAAATCT
AATAATGTGAAATTCCCAGTAACAATAAATAAATTTGAAAACATAGTTTCAAATGAATTTGTGTTCTATAATGCAAGCAA
AATTACAATTAATGATTTAAGTATAAAACTTAAATCAGCAATGGCAAATGATCAAGGGATAACTAAACATGACATAGGAC
TTGCTGAACGCGCAGTGTATAAAGTGTATTTTAAAAATGGTTCGTCAAAATATGTAGACTTAAAAACTGAGTATAAAGAT
GAAAGAGTATTTAAAGCAACTGACATTAAAAAGGTAGATATTGAACTTAAATTCTAA

SEQ ID NO:73 secuencia de polinucleótidos

ATGAATAATAAAAAGACAGCAACAAATAGAAAAGGCATGATACCAAATCGATTAAACAAA
TTTTCGATAAGAAAGTATTCTGTAGGTACTGCTTCAATTTTAGTAGGGACAACATTGATT
TTTGGGTTAAGTGGTCATGAAGCTAAAGCGGCAGAACATACGAATGGAGAATTAAATCAA
TCAAAAAATGAAACGACAGCCCCAAGTGAGAATAAAACAACTAAAAAAGTTGATAGTCGT
CAACTAAAAGACAATACGCAAACTGCAACTGCAGATCAGCCTAAAGTGACAATGAGTGAT
AGTGCAACAGTTAAAGAAACTAGTAGTAACATGCAATCACCACAAAACGCTACAGCTAAT
CAATCTACTACAAAAACTAGCAATGTAACAACAAATGATAAATCATCAACTACATATAGT
AATGAAACTGATAAAAGTAATTTAACACAAGCAAAAGATGTTTCAACTACACCTAAAACA
ACGACTATTAAACCAAGAACTTTAAATCGCATGGCAGTGAATACTGTTGCAGCTCCACAA
CAAGGAACAAATGTTAATGATAAAGTACATTTTTCAAATATTGACATTGCGATTGATAAA
GGACATGTTAATCAGACTACTGGTAAAACTGAATTTTGGGCAACTTCAAGTGATGTTTTA
AAATTAAAAGCAAATTACACAATCGATGATTCTGTTAAAGAGGGCGATACATTTACTTTT
AAATATGGTCAATATTTCCGTCCAGGATCAGTAAGATTACCTTCACAAACTCAAAATTTA
TATAATGCCCAAGGTAATATTATTGCAAAAGGTATTTATGATAGTACAACAAACACAACA
ACATATACTTTTACGAACTATGTAGATCAATATACAAATGTTAGAGGTAGCTTTGAACAA
GTTGCATTTGCGAAACGTAAAAATGCAACAACTGATAAAACAGCTTATAAAATGGAAGTA
ACTTTAGGTAATGATACATATAGCGAAGAAATCATTGTCGATTATGGTAATAAAAAAGCA
CAACCGCTTATTTCAAGTACAAACTATATTAACAATGAAGATTTATCGCGTAATATGACT
GCATATGTAAATCAACCTAAAAATACATATACTAAACAAACGTTTGTTACTAATTTAACT
GGATATAAATTTAATCCAAATGCAAAAAACTTCAAAATTTACGAAGTGACAGATCAAAAT
CAATTTGTGGATAGTTTCACCCCTGATACTTCAAAACTTAAAGATGTTACTGATCAATTC
GATGTTATTTATAGTAATGATAATAAAACAGCTACAGTCGATTTAATGAAAGGCCAAACA
AGCAGCAATAAACAATACATCATTCAACAAGTTGCTTATCCAGATAATAGTTCAACAGAT
AATGGAAAAATTGATTATACTTTAGACACTGACAAAACTAAATATAGTTGGTCAAATAGT
TATTCAAATGTGAATGGCTCATCAACTGCTAATGGCGACCAAAAGAAATATAATCTAGGT
GACTATGTATGGGAAGATACAAATAAAGATGGTAAACAAGATGCCAATGAAAAAGGGATT
AAAGGTGTTTATGTCATTCTTAAAGATAGTAACGGTAAAGAATTAGATCGTACGACAACA
GATGAAAATGGTAAATATCAGTTCACTGGTTTAAGCAATGGAACTTATAGTGTAGAGTTT
TCAACACCAGCCGGTTATACACCGACAACTGCAAATGTAGGTACAGATGATGCTGTAGAT
TCTGATGGACTAACTACAACAGGTGTCATTAAAGACGCTGACAACATGACATTAGATAGT
GGATTCTACAAAACACCAAAATATAGTTTAGGTGATTATGTTTGGTACGACAGTAATAAA
GATGGTAAACAAGATTCGACTGAAAAAGGAATTAAAGGTGTTAAAGTTACTTTGCAAAAC
GAAAAAGGCGAAGTAATTGGTACAACTGAAACAGATGAAAATGGTAAATACCGCTTTGAT
AATTTAGATAGTGGTAAATACAAAGTTATCTTTGAAAAACCTGCTGGCTTAACTCAAACA
GGTACAAATACAACTGAAGATGATAAAGATGCCGATGGTGGCGAAGTTGATGTAACAATT

ACGGATCATGATGATTTCACACTTGATAATGGCTACTACGAAGAAGAAACATCAGATAGC
GACTCAGATTCTGACAGCGATTCAGACTCAGATAGCGACTCAGATTCAGATAGCGACTCA
GATTCAGACAGCGATTCAGACAGCGACTCAGACTCAGATAGCGATTCAGATTCAGACAGC
GACTCAGACTCAGACAGCGATTCAGACTCGGATAGCGACTCAGACTCAGATAGCGACTCA
GATTCGGATAGCGACTCAGACTCAGATAGCGATTCAGATTCAGATAGCGATTCGGACTCA
GACAGTGATTCAGATTCAGACTCAGATAGCGACTCAGATTCTGACAGCGATTCAGACTCA
GACAGCGACTCAGACTCAGACAGTGATTCAGATTCAGACAGCGACTCAGATTCAGATAGC
GACTCAGACTCAGATAGCGACTCAGATTCAGATAGCGATTCGGACTCAGACAACGACTCA
GATTCAGATAGCGATTCAGATTCAGATAGCGACTCAGATTCGGACAGCGATTCAGACTCA
GATAGCGATTCAGACTCAGACAGCGATTCAGATTCAGATAGCGACTCAGACTCAGATAGC
GACTCAGACTCGGATAGCGATTCAGATTCAGACAGCGACTCAGATTCAGATAGCGATTCG
GACTCAGACAACGACTCAGATTCAGATAGCGATTCAGATTCAGATGCAGGTAAACATACT
CCGGCTAAACCAATGAGTACGGTTAAAGATCAGCATAAAACAGCTAAAGCATTACCAGAA
ACAGGTAGTGAAAATAATAATTCAAATAATGGCACATTATTCGGTGGATTATTCGCGGCA
TTAGGATCATTATTGTTATTCGGTCGTCGTAAAAAACAAAATAAATAA

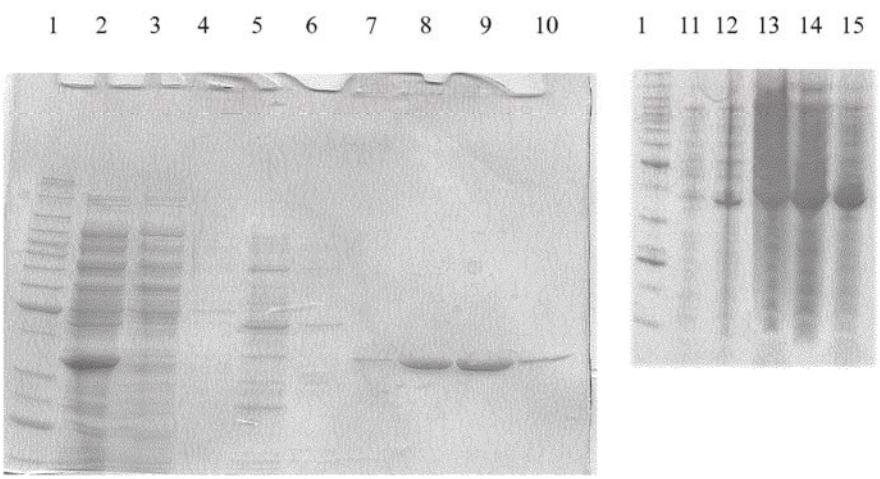
SEQ ID NO: 74 secuencia de polinucleótidos

GAGGAGAATTCAGTACAAGACGTTAAAGATTCGAATACGGATGATGAATTATCAGACAGC
AATGATCAGTCTAGTGATGAAGAAAAGAATGATGTGATCAATAATAATCAGTCAATAAAC
ACCGACGATAATAACCAAATAATTAAAAAAGAAGAAACGAATAACTACGATGGCATAGAA
AAACGCTCAGAAGATAGAACAGAGTCAACAACAAATGTAGATGAAAACGAAGCAACATTT
TTACAAAAGACCCCTCAAGATAATACTCATCTTACAGAAGAAGAGGTAAAAGAATCCTCA
TCAGTCGAATCCTCAAATTCATCAATTGATACTGCCCAACAACCATCTCACACAACAATA
AATAGAGAAGAATCTGTTCAAACAAGTGATAATGTAGAAGATTCACACGTATCAGATTTT
GCTAACTCTAAAATAAAAGAGAGTAACACTGAATCTGGTAAAGAAGAGAATACTATAGAG
CAACCTAATAAAGTAAAAGAAGATTCAACAACAAGTCAGCCGTCTGGCTATACAAATATA
GATGAAAAAATTTCAAATCAAGATGAGTTATTAAATTTACCAATAAATGAATATGAAAAT
AAGGCTAGACCATTATCTACAACATCTGCCCAACCATCGATTAAACGTGTAACCGTAAAT
CAATTAGCGGCGGAACAAGGTTCGAATGTTAATCATTTAATTAAAGTTACTGATCAAAGT
ATTACTGAAGGATATGATGATAGTGAAGGTGTTATTAAAGCACATGATGCTGAAAACTTA
ATCTATGATGTAACTTTTGAAGTAGATGATAAGGTGAAATCTGGTGATACGATGACAGTG
GATATAGATAAGAATACAGTTCCATCAGATTTAACCGATAGCTTTACAATACCAAAAATA
AAAGATAATTCTGGAGAAATCATCGCTACAGGTACTTATGATAACAAAAATAAACAAATC
ACCTATACTTTTACAGATTATGTAGATAAGTATGAAAATATTAAAGCACACCTTAAATTA
ACGTCATACATTGATAAATCAAAGGTTCCAAATAATAATACCAAGTTAGATGTAGAATAT
AAAACGGCCCTTTCATCAGTAAATAAAACAATTACGGTTGAATATCAAAGACCTAACGAA
AATCGGACTGCTAACCTTCAAAGTATGTTTACAAACATAGATACGAAAAATCATACAGTT
GAGCAAACGATTTATATTAACCCTCTTCGTTATTCAGCCAAGGAAACAAATGTAAATATT
TCAGGGAATGGTGATGAAGGTTCAACAATTATAGACGATAGCACAATAATTAAAGTTTAT
AAGGTTGGAGATAATCAAAATTTACCAGATAGTAACAGAATTTATGATTACAGTGAATAT
GAAGATGTCACAAATGATGATTATGCCCAATTAGGAAATAATAATGATGTGAATATTAAT
TTTGGTAATATAGATTCACCATATATTATTAAAGTTATTAGTAAATATGACCCTAATAAG
GATGATTACACGACTATACAGCAAACTGTGACAATGCAGACGACTATAAATGAGTATACT
GGTGAGTTTAGAACAGCATCCTATGATAATACAATTGCTTTCTCTACAAGTTCAGGTCAA
GGACAAGGTGACTTGCCTCCTGAAAAAACTTATAAAATCGGAGATTACGTATGGGAAGAT
GTAGATAAAGATGGTATTCAAAATACAAATGATAATGAAAAACCGCTTAGTAATGTATTG
GTAACTTTGACGTATCCTGATGGAACTTCAAAATCAGTCAGAACAGATGAAGATGGGAAA
TATCAATTTGATGGATTGAAAAACGGATTGACTTATAAAATTACATTCGAAACACCTGAA
GGATATACGCCGACGCTTAAACATTCAGGAACAAATCCTGCACTAGACTCAGAAGGTAAT
TCTGTATGGGTAACTATTAATGGACAAGACGATATGACGATTGATAGTGGATTTTATCAA
ACACCTAAATACAGCTTAGGGAACTATGTATGGTATGACACTAATAAAGATGGTATTCAA
GGTGATGATGAAAAAGGAATCTCTGGAGTTAAAGTGACGTTAAAAGATGAAAACGGAAAT
ATCATTAGTACAACTACAACCGATGAAAATGGAAAGTATCAATTTGATAATTTAAATAGT
GGTAATTATATTGTTCATTTTGATAAACCTTCAGGTATGACTCAAACAACAACAGATTCT
GGTGATGATGACGAACAGGATGCTGATGGGGAAGAAGTTCATGTAACAATTACTGATCAT
GATGACTTTAGTATAGATAACGGATACTATGATGACGAA

Figura 3

Purificación de la toxina alfa

A



B

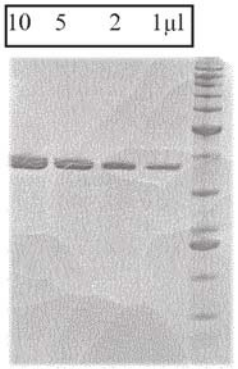
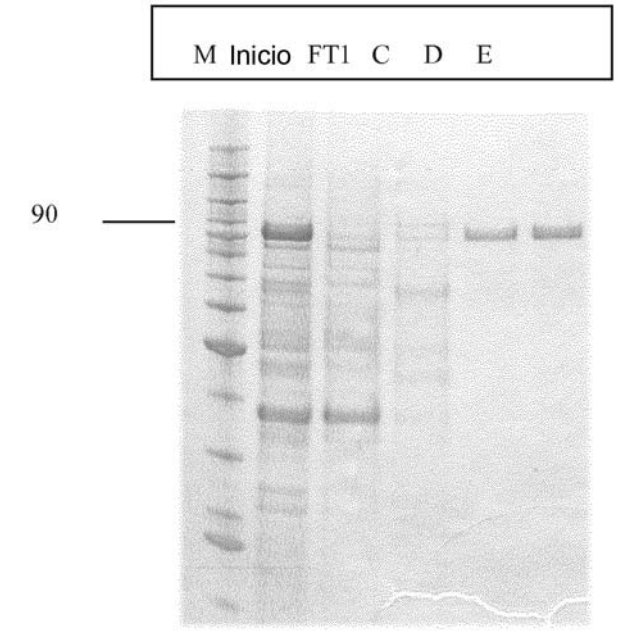


Figura 4

Purificación de SdrC

A



B

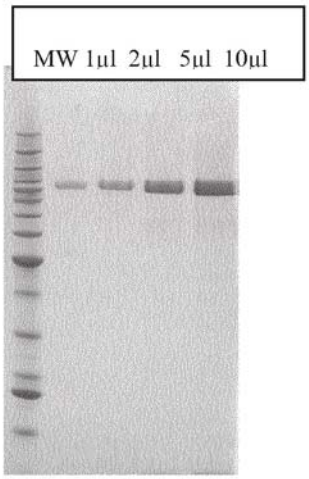
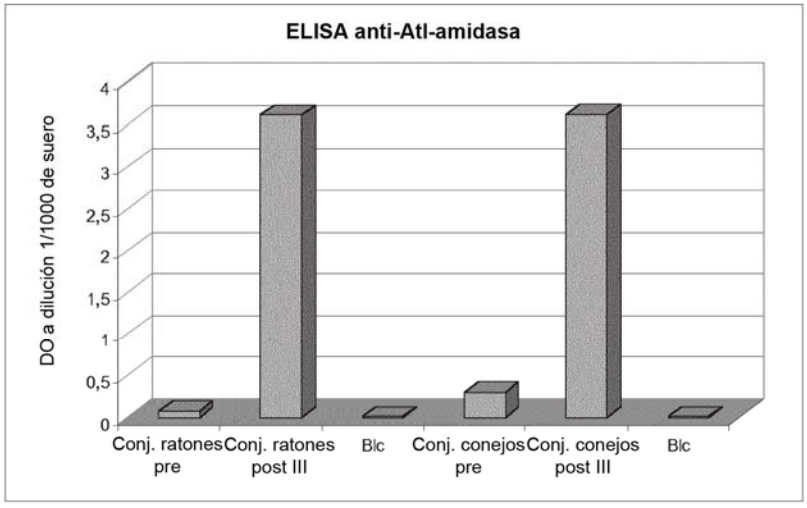
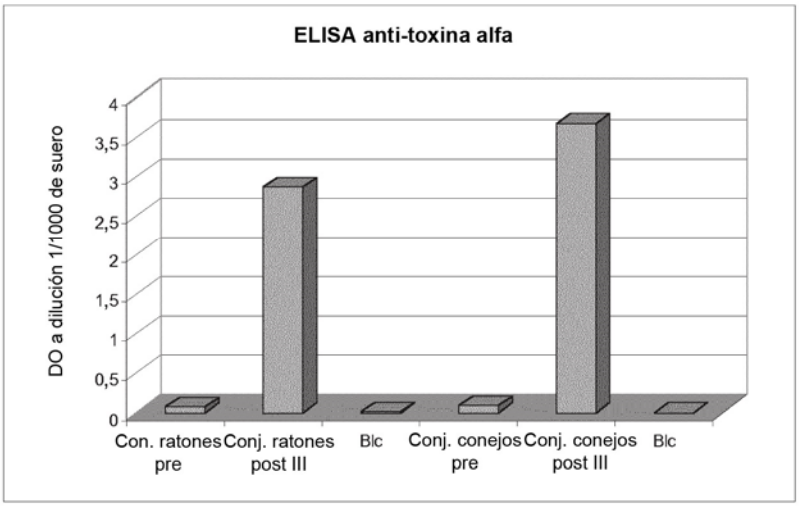


Figura 5


ELISA anti-Atl-amidasa
DO a dilución 1/1000 de suero
4
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
Conj. ratones pre
Conj. ratones post III
Blc
Conj. conejos pre
Conj. conejos post III
Blc


ELISA anti-toxina alfa
DO a dilución 1/1000 de suero
4
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
Con. ratones pre
Conj. ratones post III
Blc
Conj. conejos pre
Conj. conejos post III
Blc

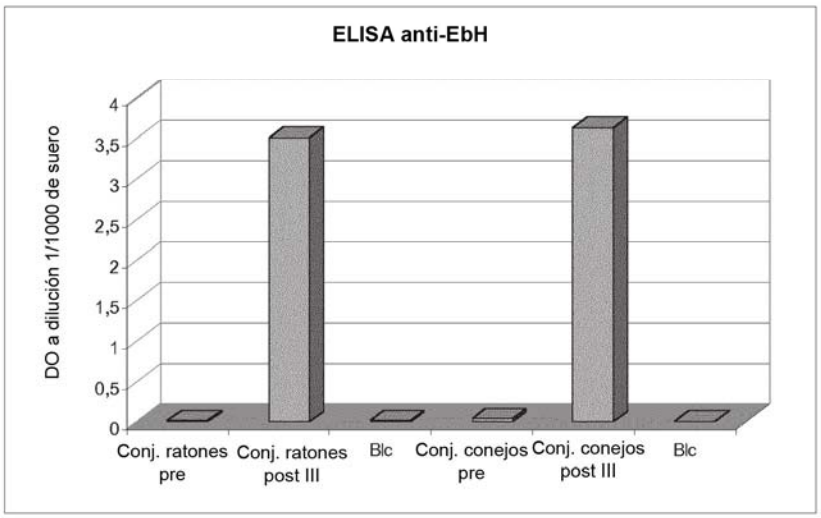
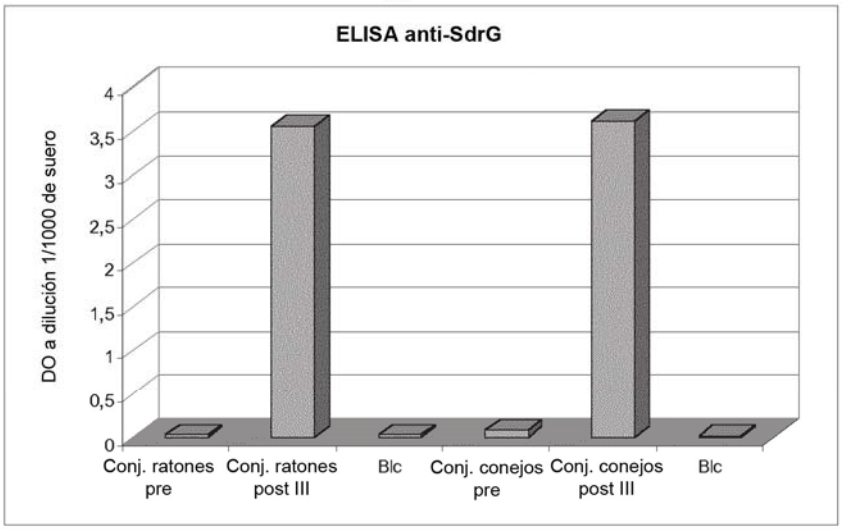
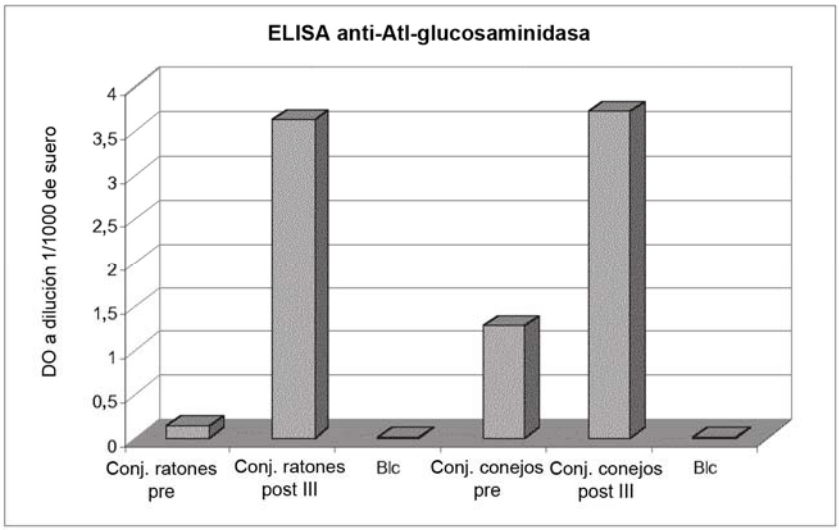

ELISA anti-EbH
DO a dilución 1/1000 de suero
4
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
Conj. ratones pre
Conj. ratones post III
Blc
Conj. conejos pre
Conj. conejos post III
Blc

Figura 5


ELISA anti-SdrG
DO a dilución 1/1000 de suero
4
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
Conj. ratones pre
Conj. ratones post III
Blc
Conj. conejos pre
Conj. conejos post III
Blc


ELISA anti-Atl-glucosaminidasa
DO a dilución 1/1000 de suero
4
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
Conj. ratones pre
Conj. ratones post III
Blc
Conj. conejos pre
Conj. conejos post III
Blc

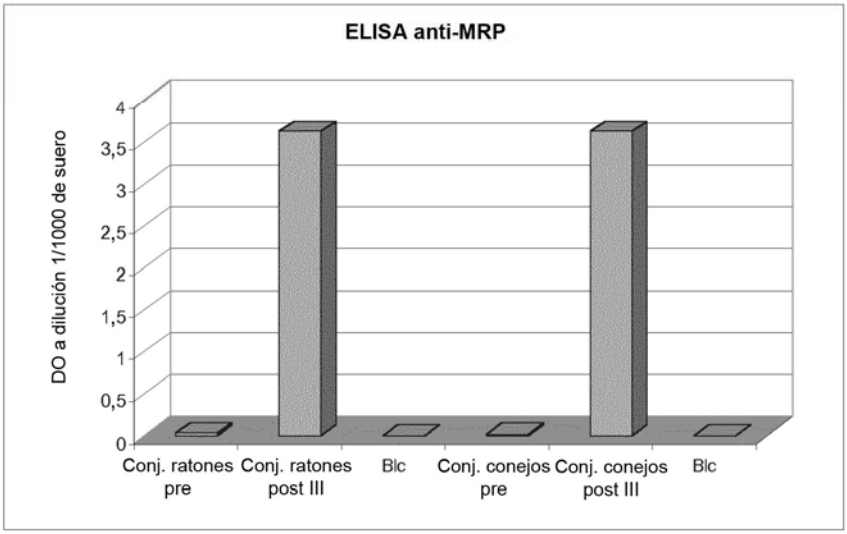
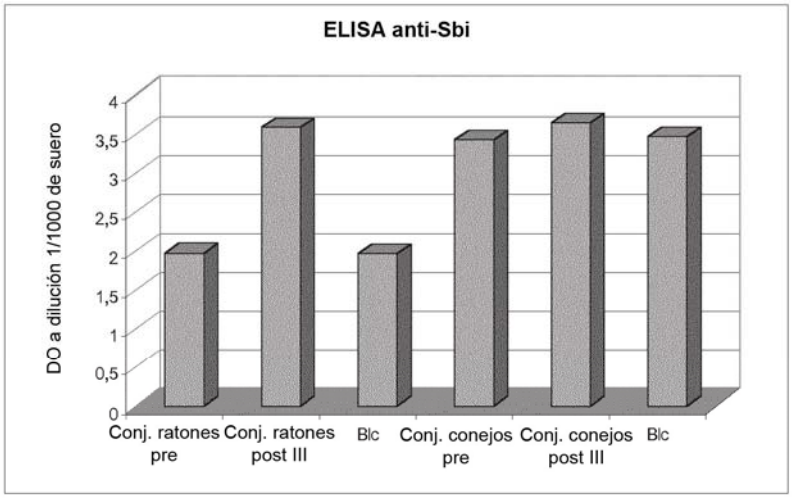
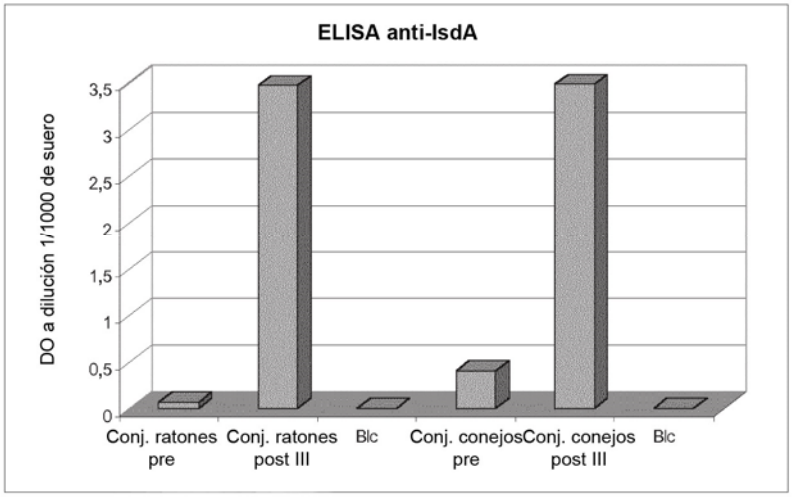

ELISA anti-MRP
DO a dilución 1/1000 de suero
4
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
Conj. ratones pre
Conj. ratones post III
Blc
Conj. conejos pre
Conj. conejos post III
Blc

Figura 5


ELISA anti-Sbi
DO a dilución 1/1000 de suero
4
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
Conj. ratones pre
Conj. ratones post III
Blc
Conj. conejos pre
Conj. conejos post III
Blc


ELISA anti-IsdA
DO a dilución 1/1000 de suero
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
Conj. ratones pre
Conj. ratones post III
Blc
Conj. conejos pre
Conj. conejos post III
Blc

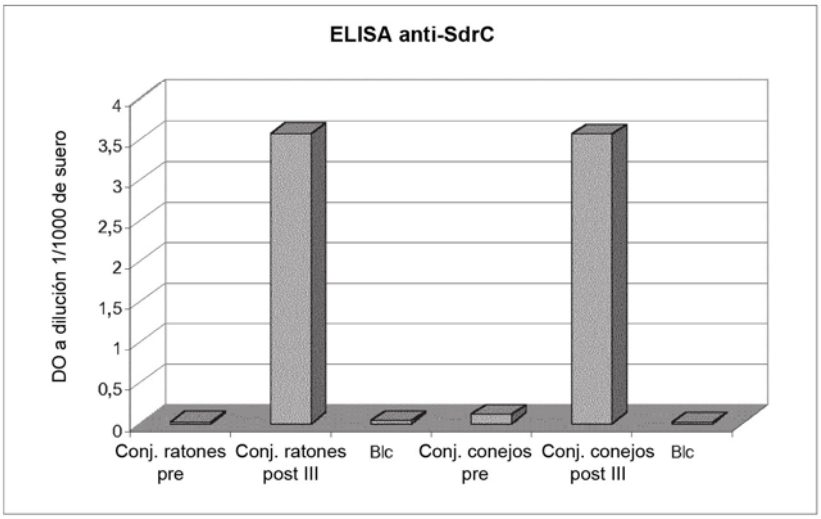
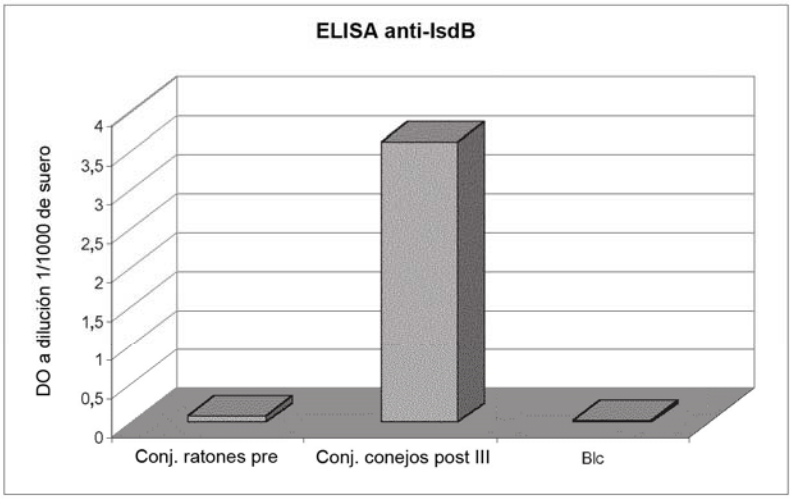
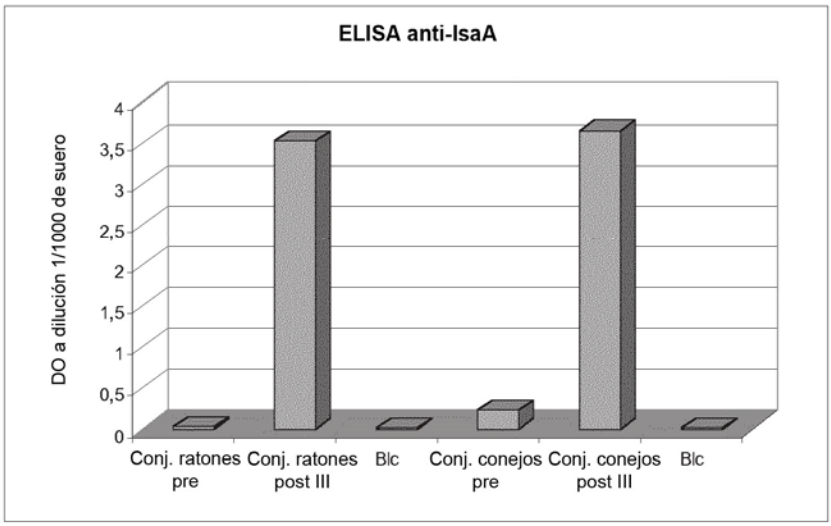

ELISA anti-SdrC
DO a dilución 1/1000 de suero
4
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
Conj. ratones pre
Conj. ratones post III
Blc
Conj. conejos pre
Conj. conejos post III
Blc

Figura 5


ELISA anti-IsdB
DO a dilución 1/1000 de suero
0
0,5
1
1,5
2
2,5
3
3,5
4
Conj. ratones pre
Conj. conejos post III
Blc


ELISA anti-IsaA
DO a dilución 1/1000 de suero
0
0,5
1
1,5
2
2,5
3
3,5
4
Conj. ratones pre
Conj. ratones post III
Blc
Conj. conejos pre
Conj. conejos post III
Blc

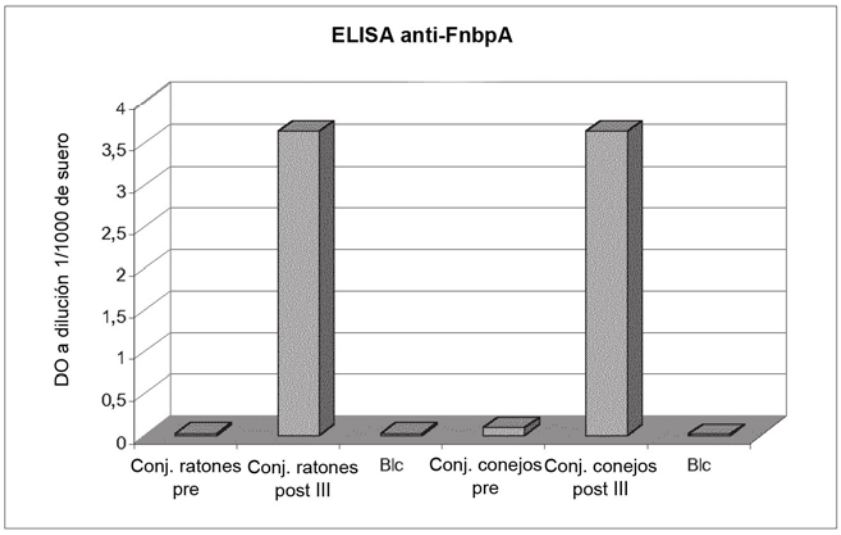
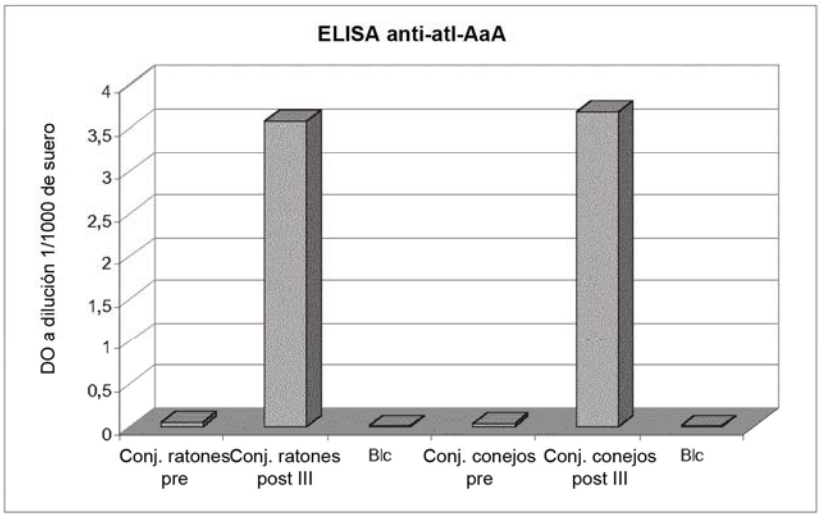
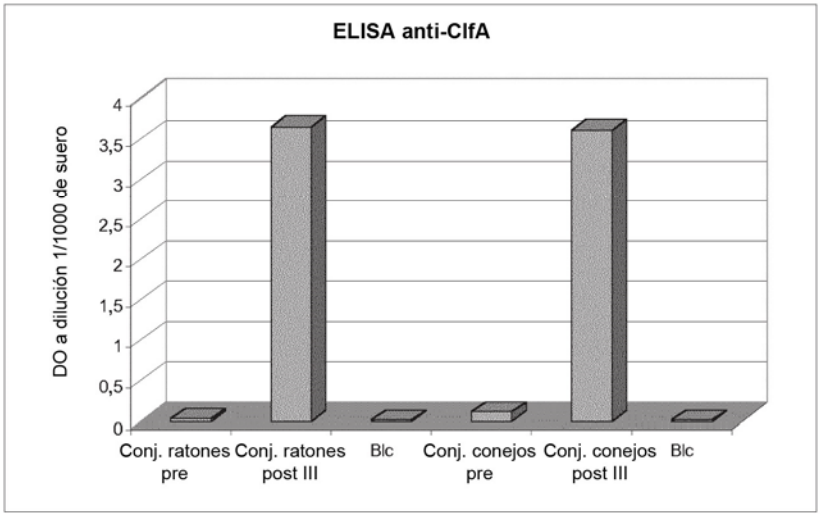

ELISA anti-FnbpA
DO a dilución 1/1000 de suero
0
0,5
1
1,5
2
2,5
3
3,5
4
Conj. ratones pre
Conj. ratones post III
Blc
Conj. conejos pre
Conj. conejos post III
Blc

Figura 5


ELISA anti-atl-AaA
DO a dilución 1/1000 de suero
4
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
Conj. ratones pre
Conj. ratones post III
Blc
Conj. conejos pre
Conj. conejos post III
Blc


ELISA anti-ClfA
DO a dilución 1/1000 de suero
4
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
Conj. ratones pre
Conj. ratones post III
Blc
Conj. conejos pre
Conj. conejos post III
Blc

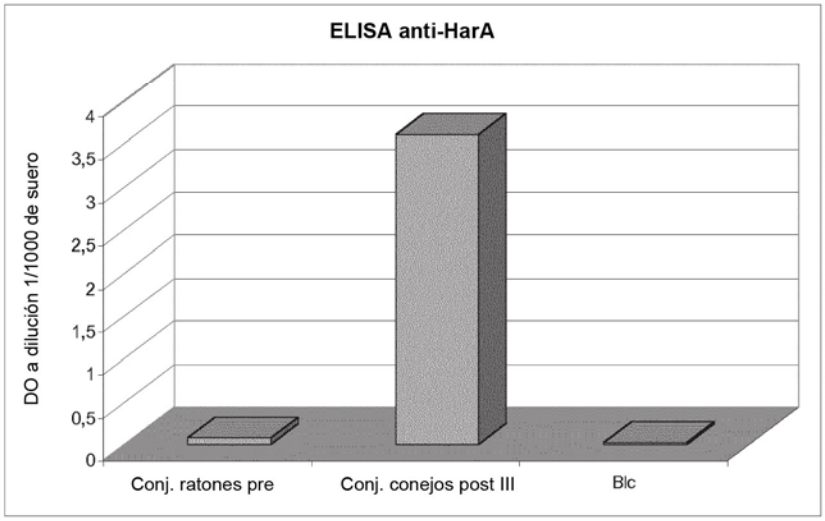
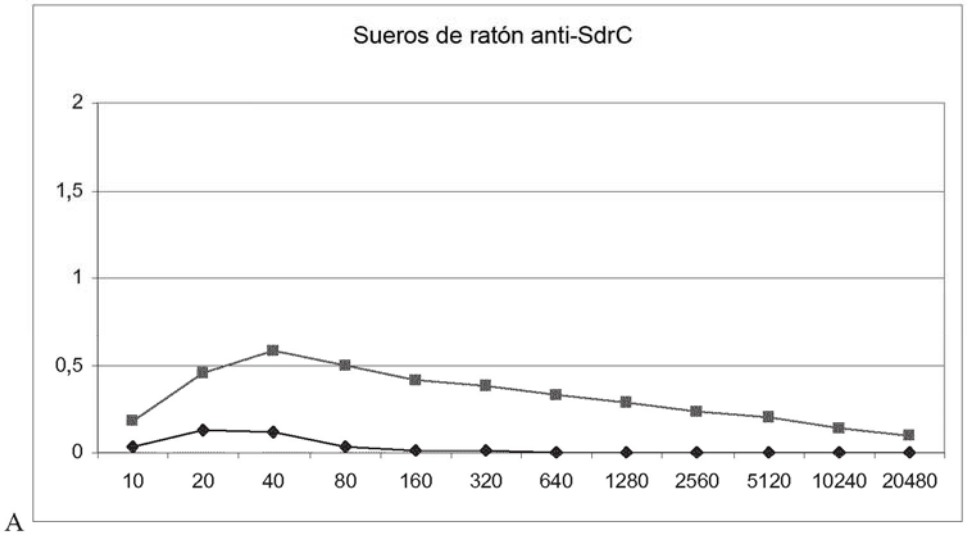
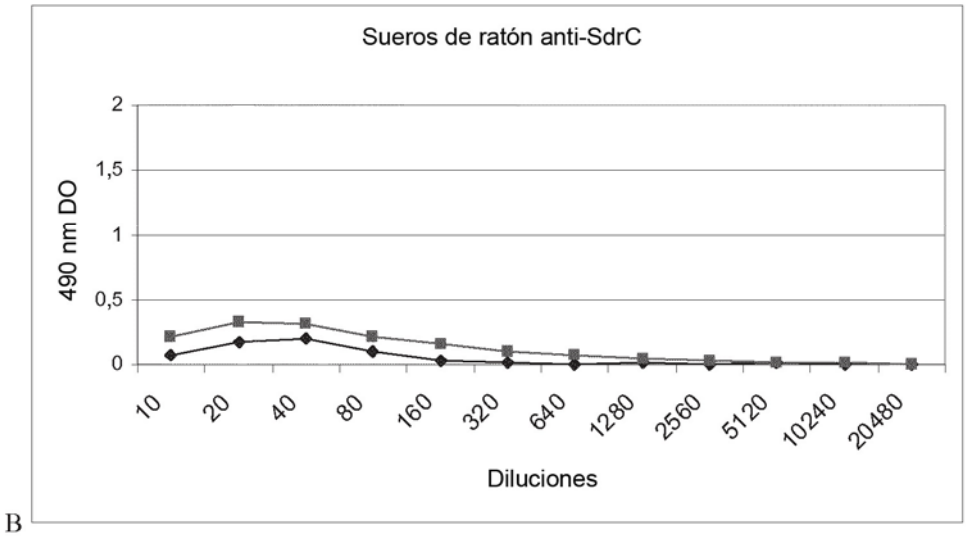

ELISA anti-HarA
DO a dilución 1/1000 de suero
4
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
Conj. ratones pre
Conj. conejos post III
Blc

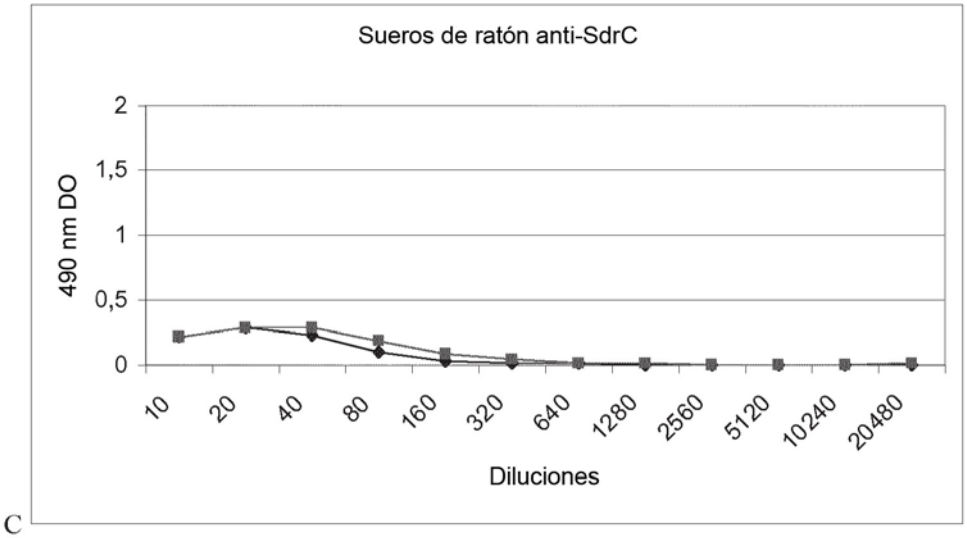
Figura 6


Sueros de ratón anti-SdrC
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480

A

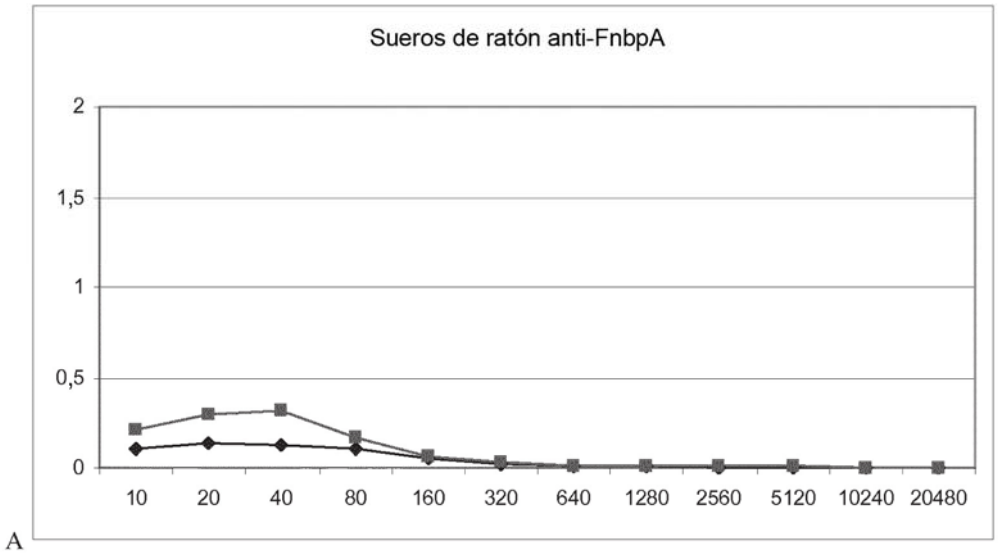

Sueros de ratón anti-SdrC
490 nm DO
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480
Diluciones

B

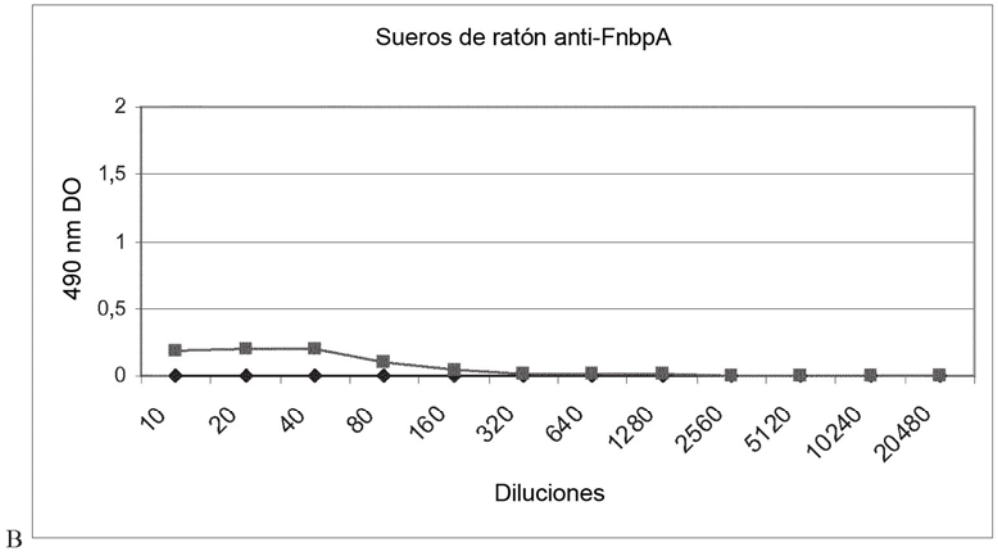

Sueros de ratón anti-SdrC
490 nm DO
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480
Diluciones

C

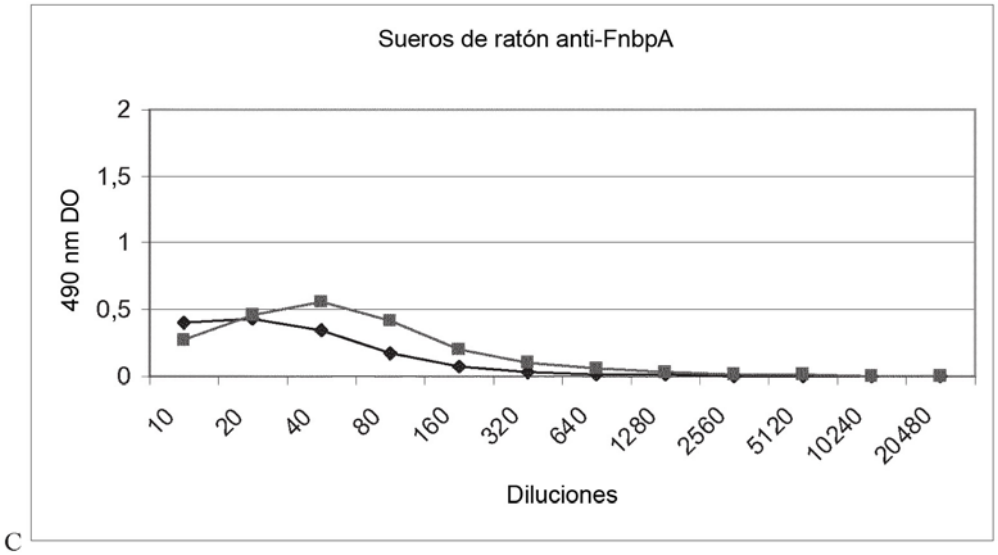
Figura 6


Sueros de ratón anti-FnbpA
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480

A

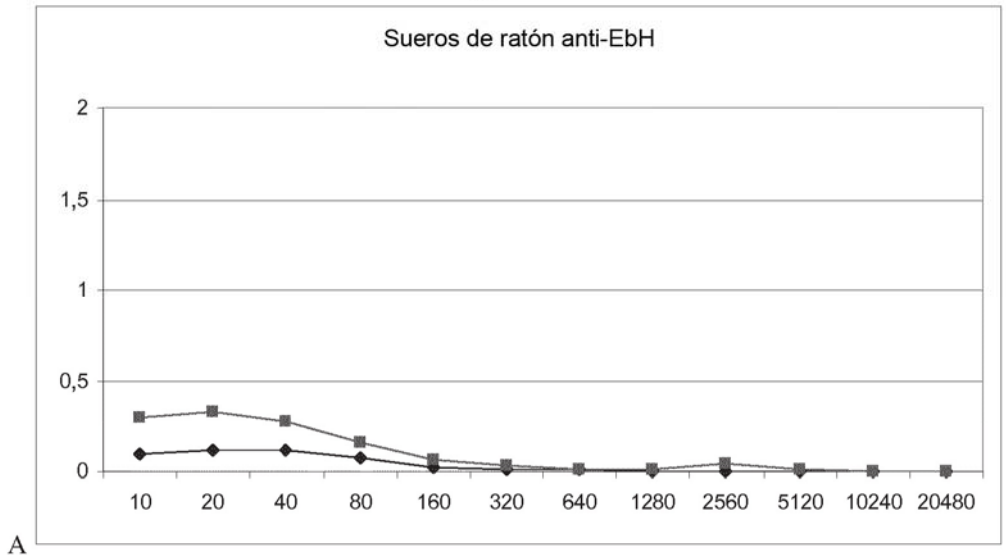

Sueros de ratón anti-FnbpA
490 nm DO
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480
Diluciones

B

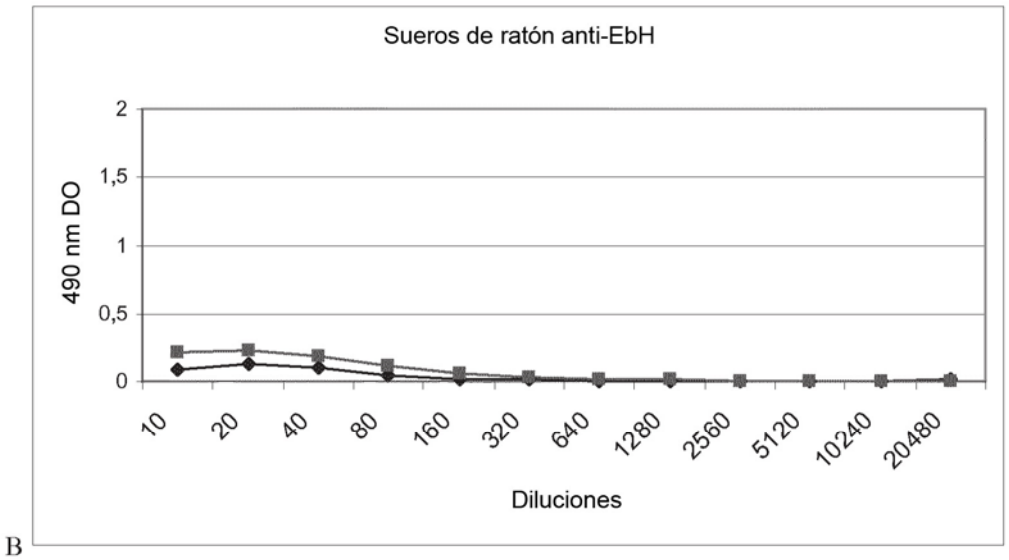

Sueros de ratón anti-FnbpA
490 nm DO
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480
Diluciones

C

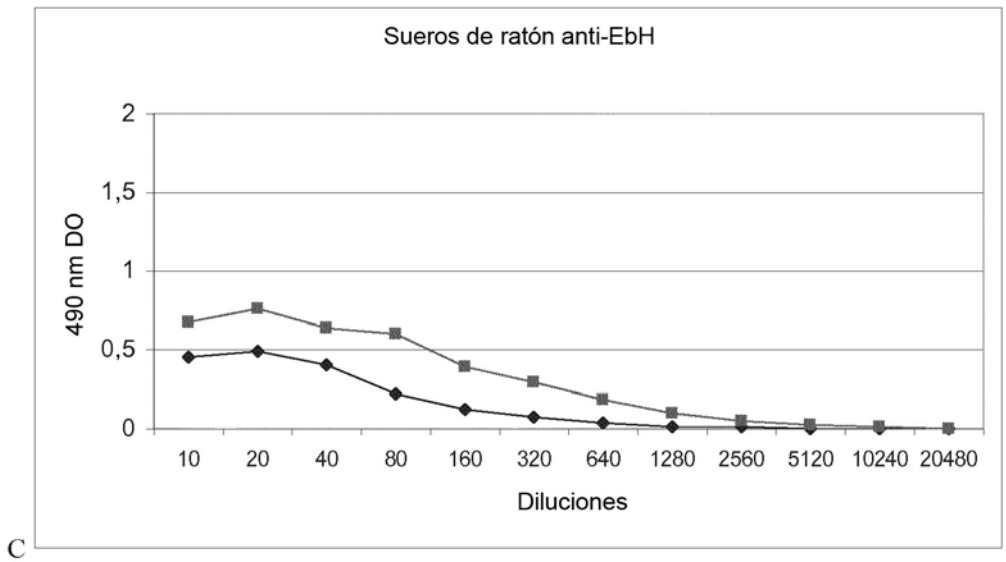
Figura 6


Sueros de ratón anti-EbH
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480

A

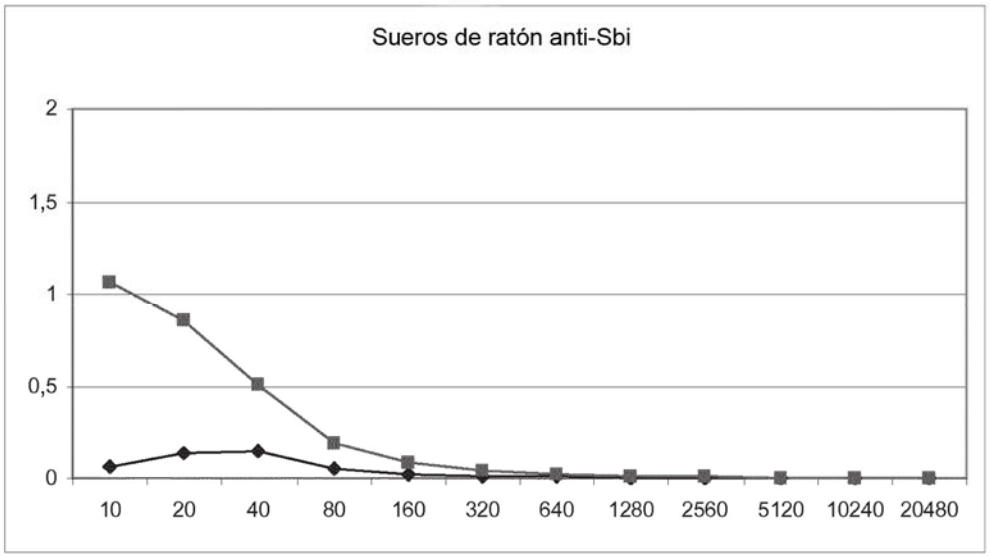

Sueros de ratón anti-EbH
490 nm DO
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480
Diluciones

B

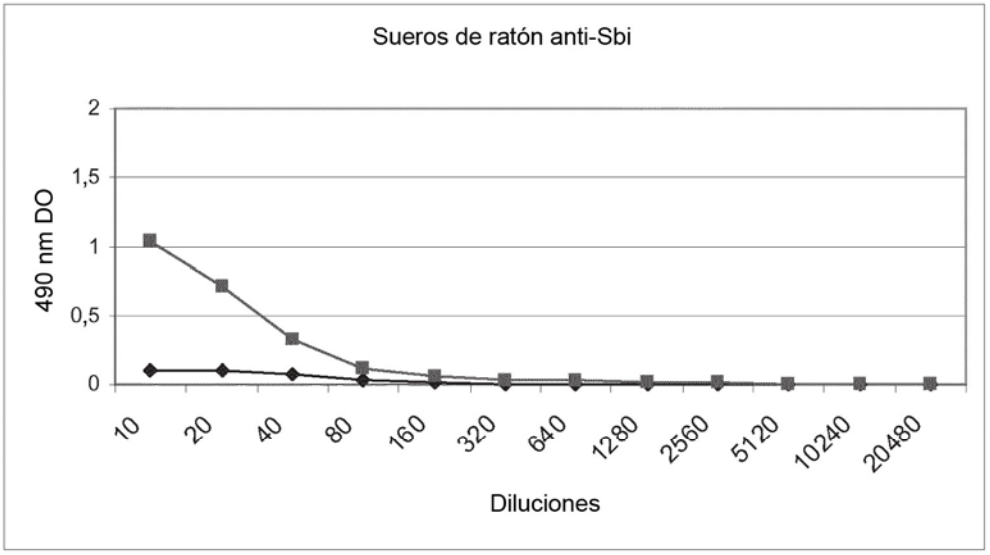

Sueros de ratón anti-EbH
490 nm DO
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480
Diluciones

C

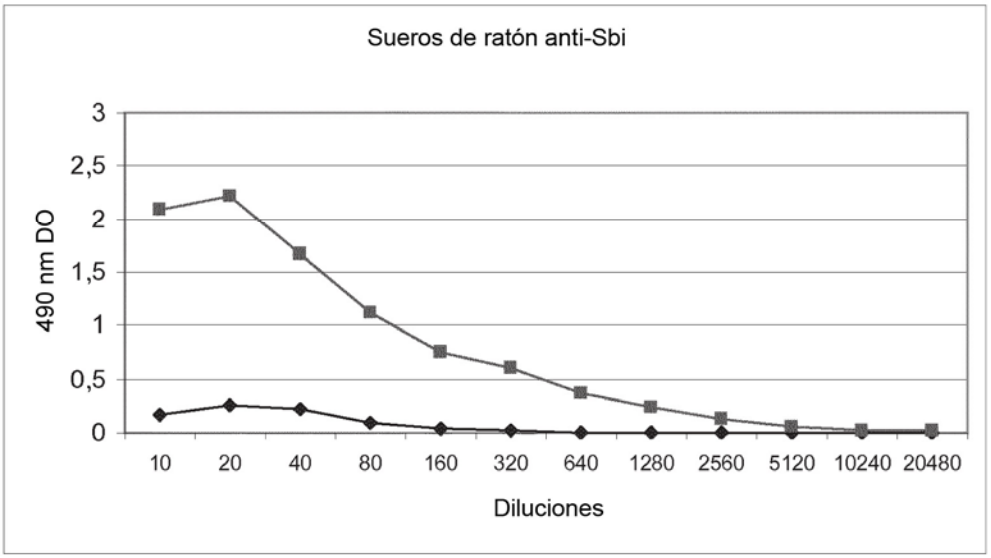
Figura 6


Sueros de ratón anti-Sbi
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480

A


Sueros de ratón anti-Sbi
490 nm DO
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480
Diluciones

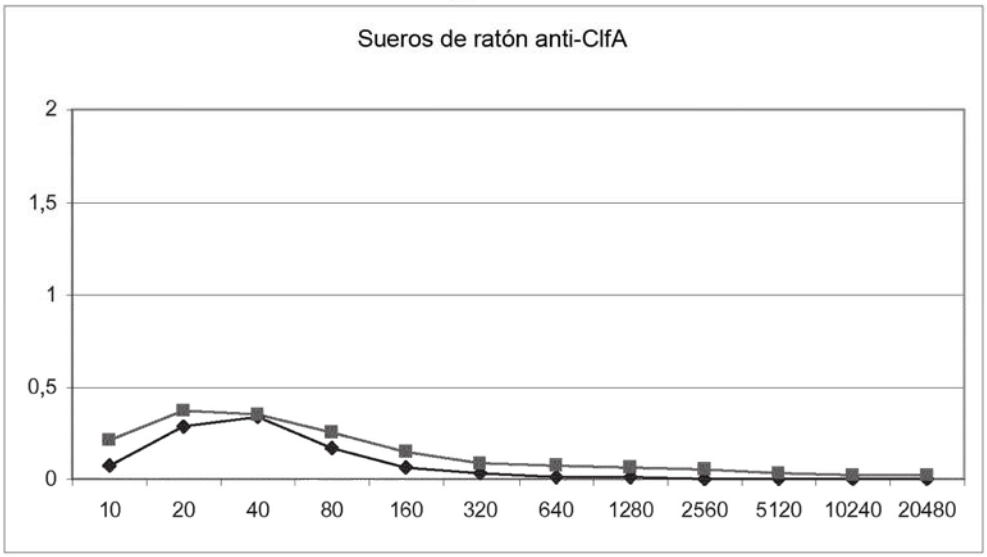
B


Sueros de ratón anti-Sbi
490 nm DO
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480
Diluciones

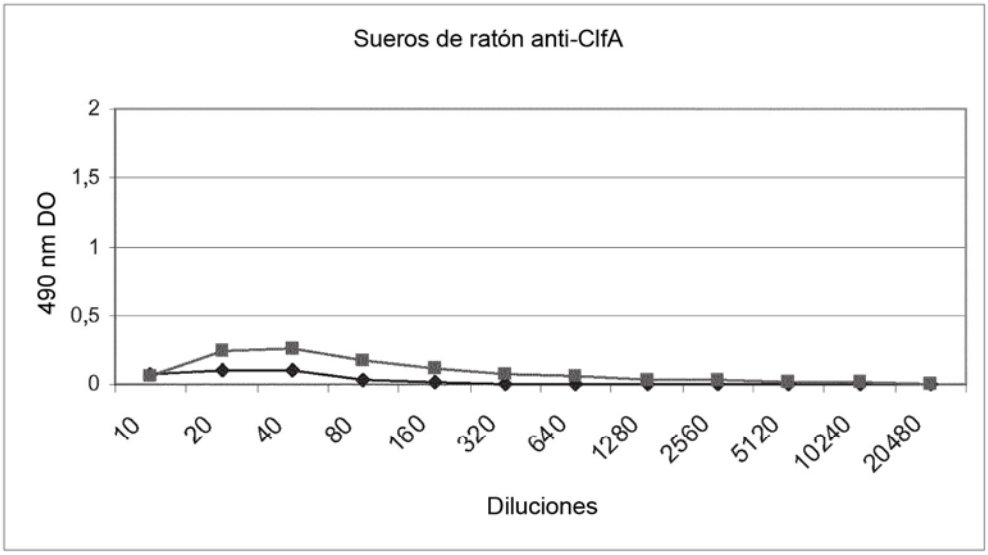
C

Figura 6

A


Sueros de ratón anti-ClfA
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480

B


Sueros de ratón anti-ClfA
490 nm DO
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480
Diluciones

C

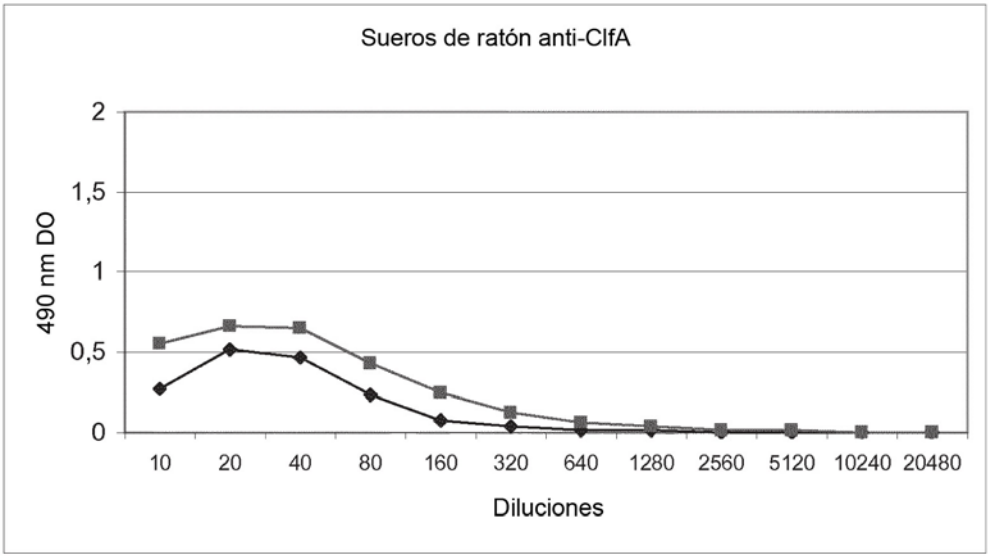
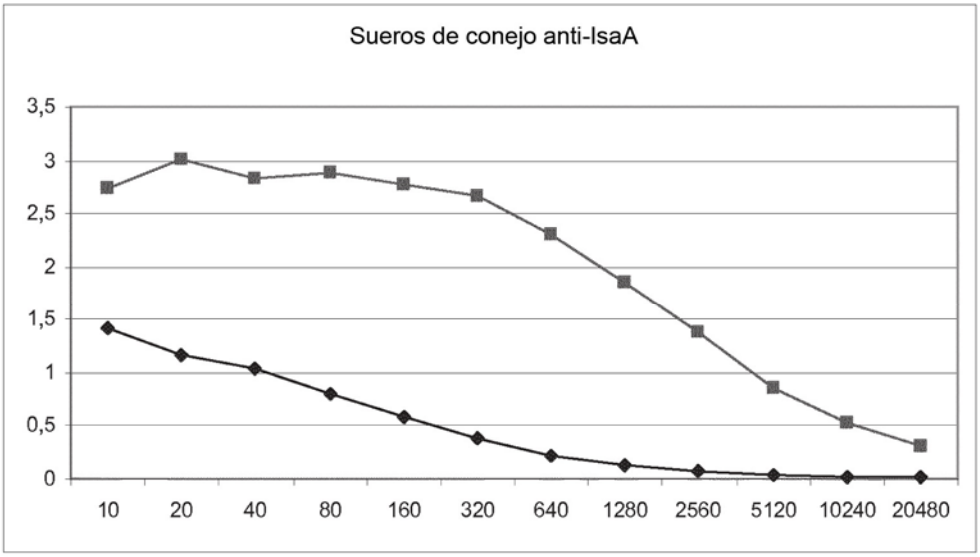
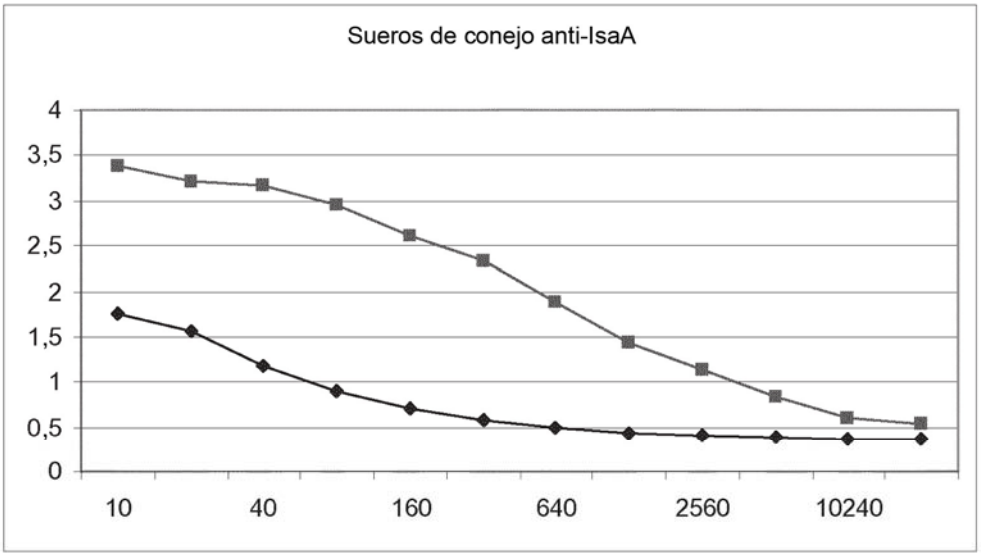

Sueros de ratón anti-ClfA
490 nm DO
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480
Diluciones

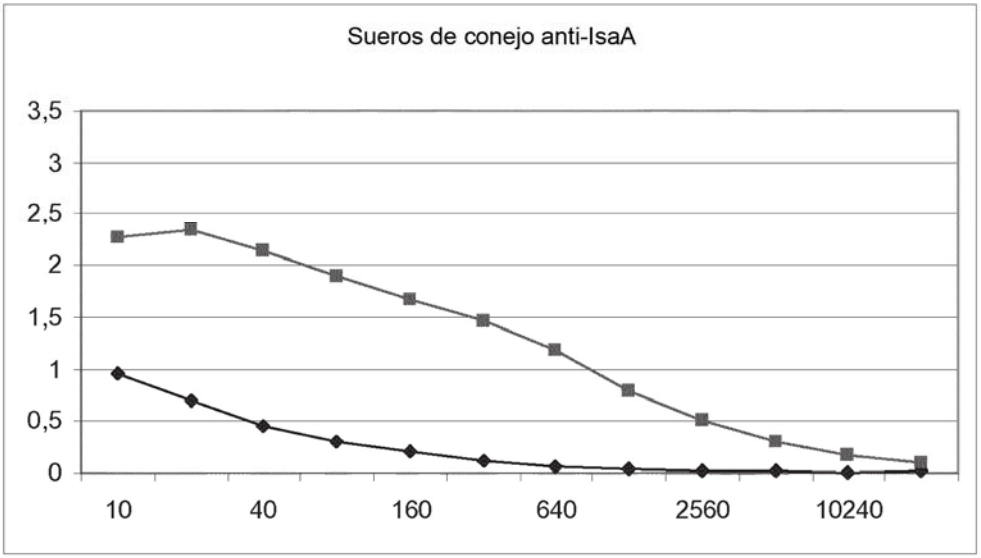
Figura 7


Sueros de conejo anti-IsaA
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480

A

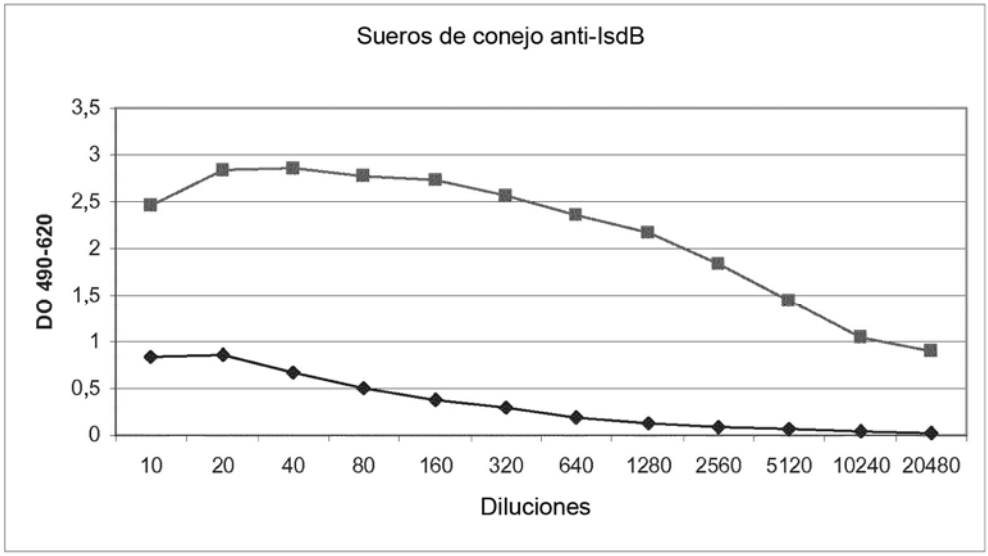

Sueros de conejo anti-IsaA
4
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
10
40
160
640
2560
10240

B

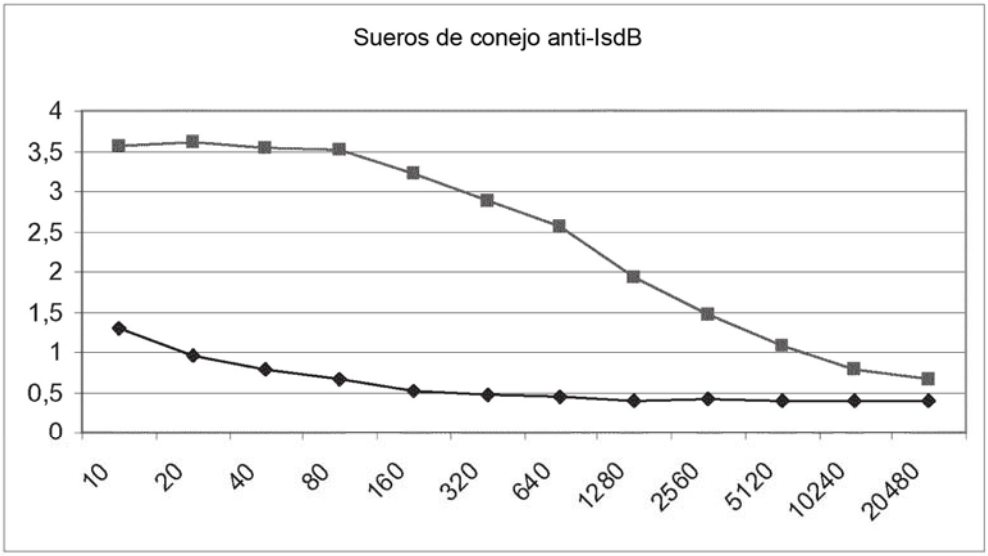

Sueros de conejo anti-IsaA
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
10
40
160
640
2560
10240

C

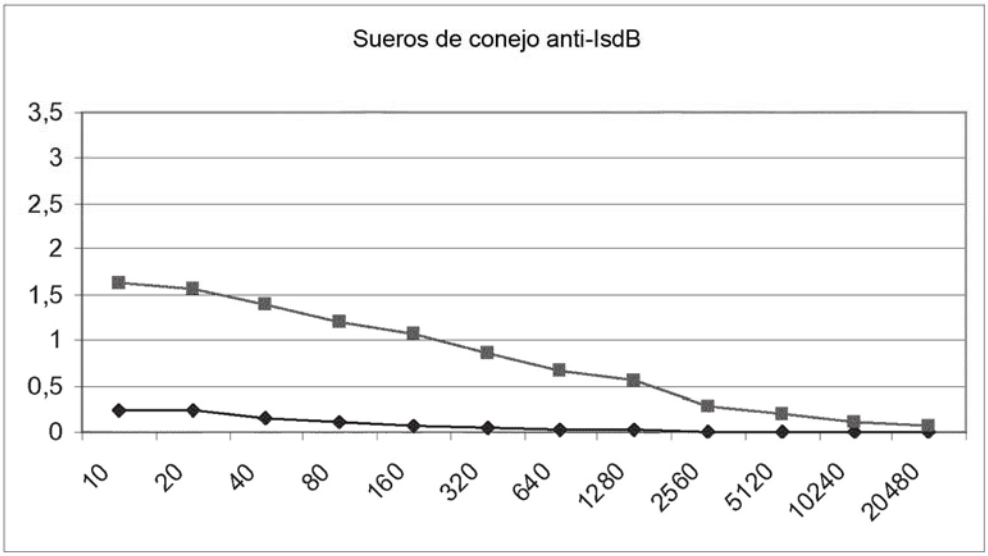
Figura 7


Sueros de conejo anti-IsdB
DO 490-620
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480
Diluciones

A

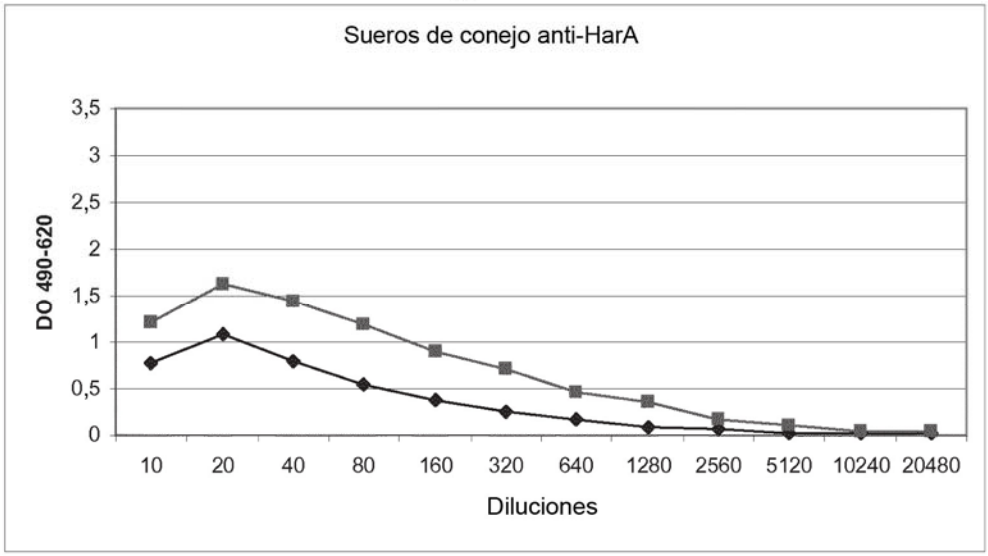

Sueros de conejo anti-IsdB
4
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480

B

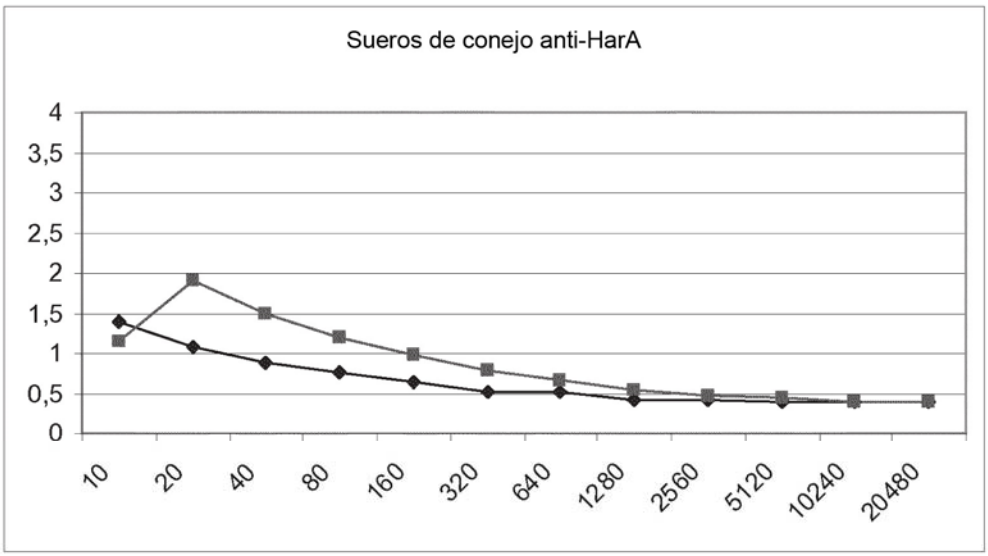

Sueros de conejo anti-IsdB
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480

C

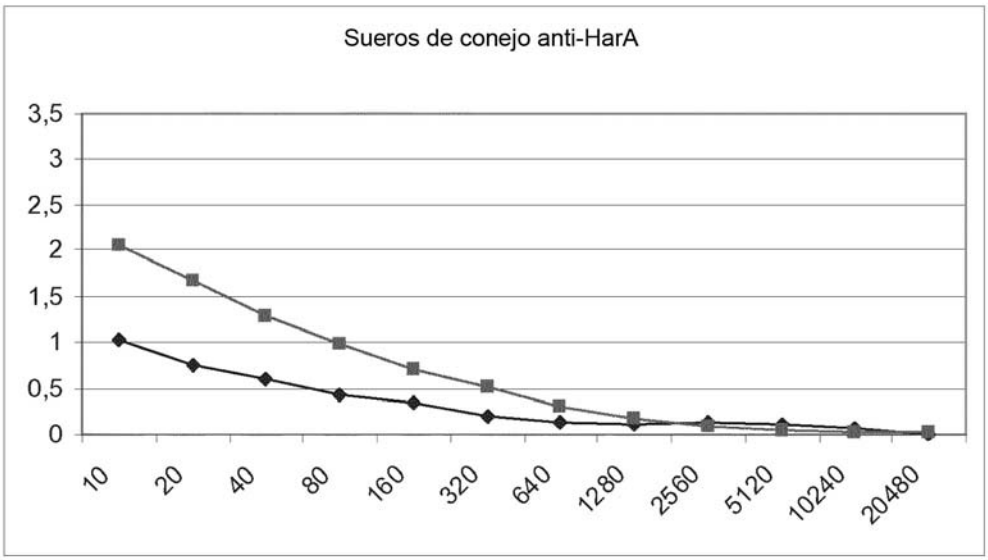
Figura 7


Sueros de conejo anti-HarA
DO 490-620
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480
Diluciones

A

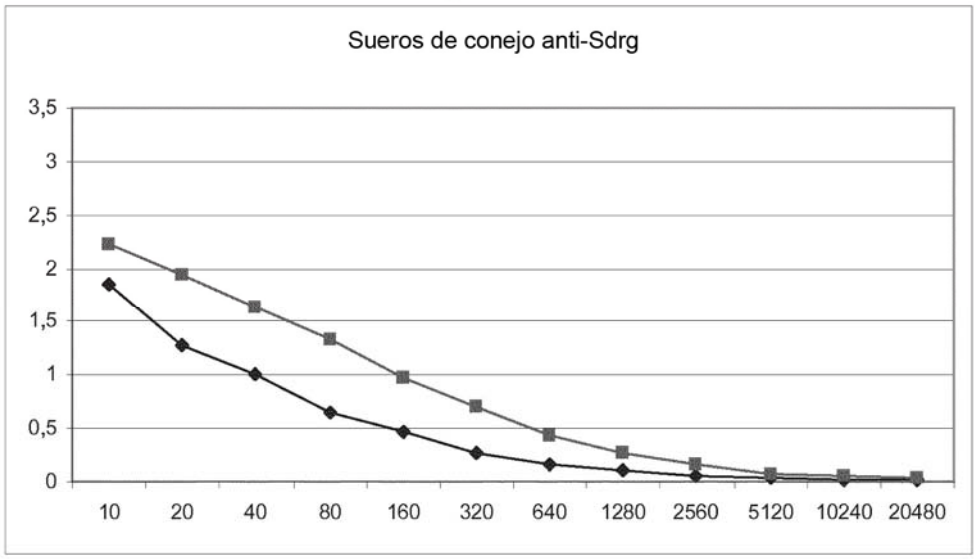

Sueros de conejo anti-HarA
4
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480

B

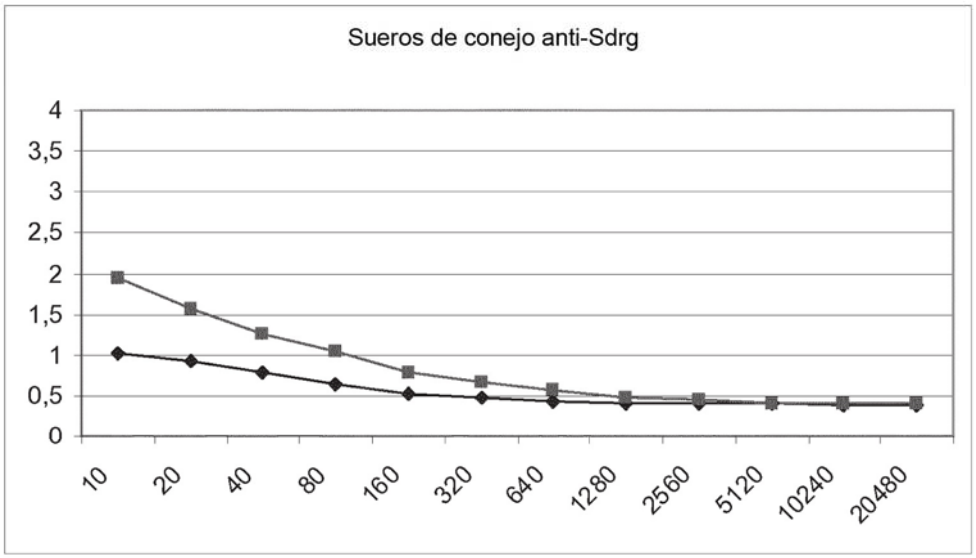

Sueros de conejo anti-HarA
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480

C

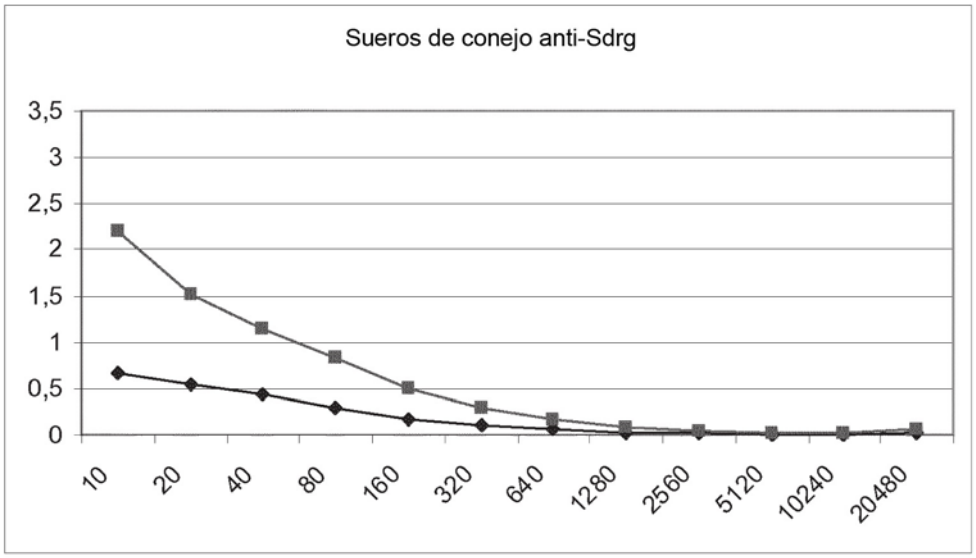
Figura 7


Sueros de conejo anti-Sdrg
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480

A

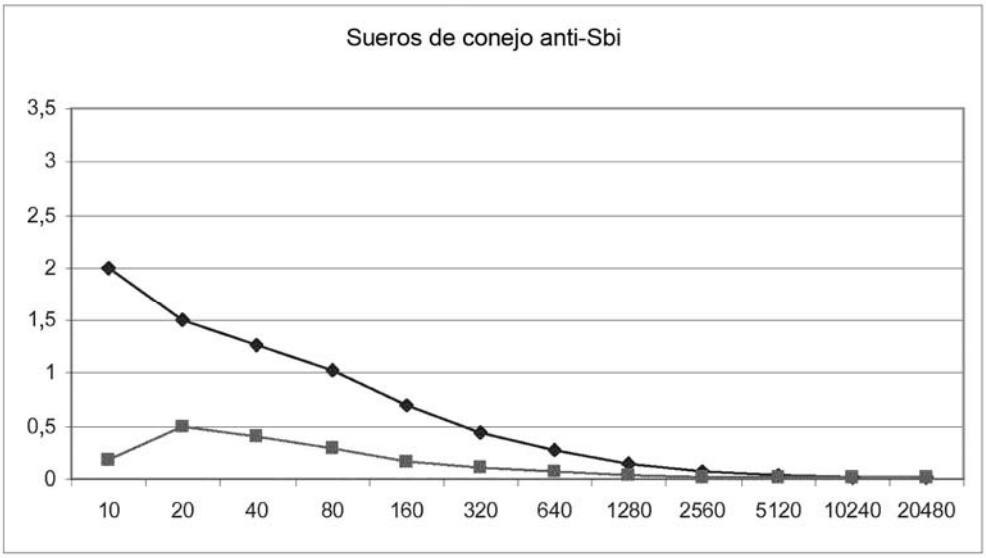

Sueros de conejo anti-Sdrg
4
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480

B

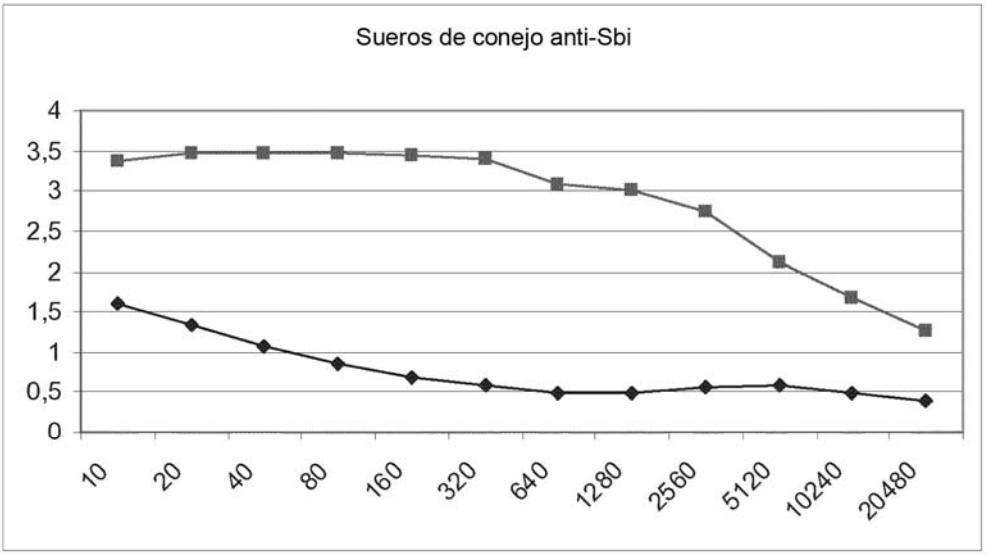

Sueros de conejo anti-Sdrg
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480

C

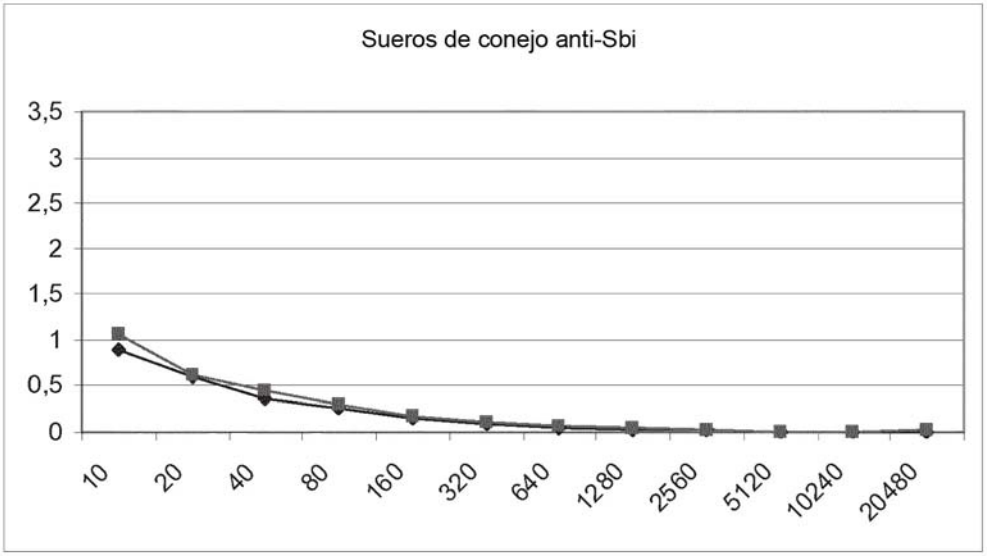
Figura 7


Sueros de conejo anti-Sbi
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480

A

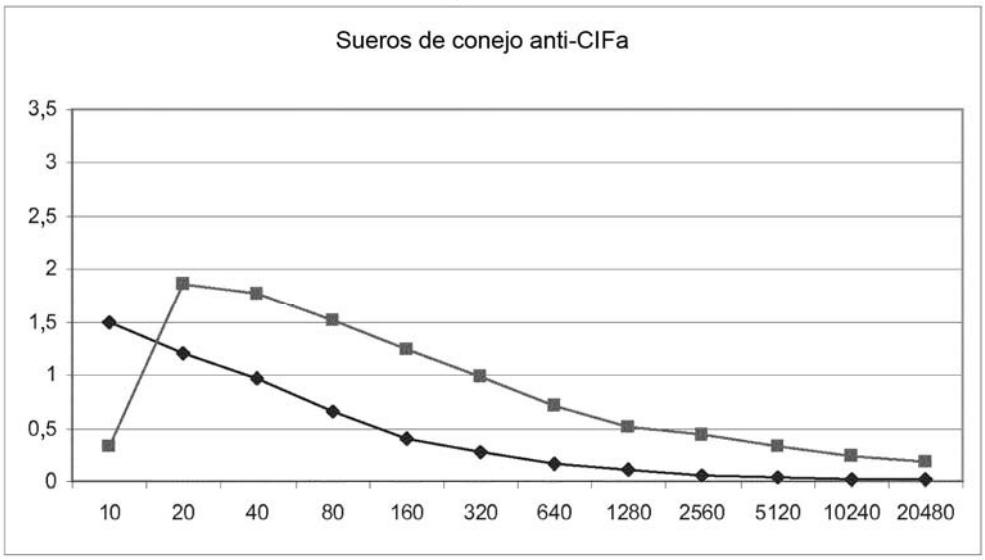

Sueros de conejo anti-Sbi
4
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480

B

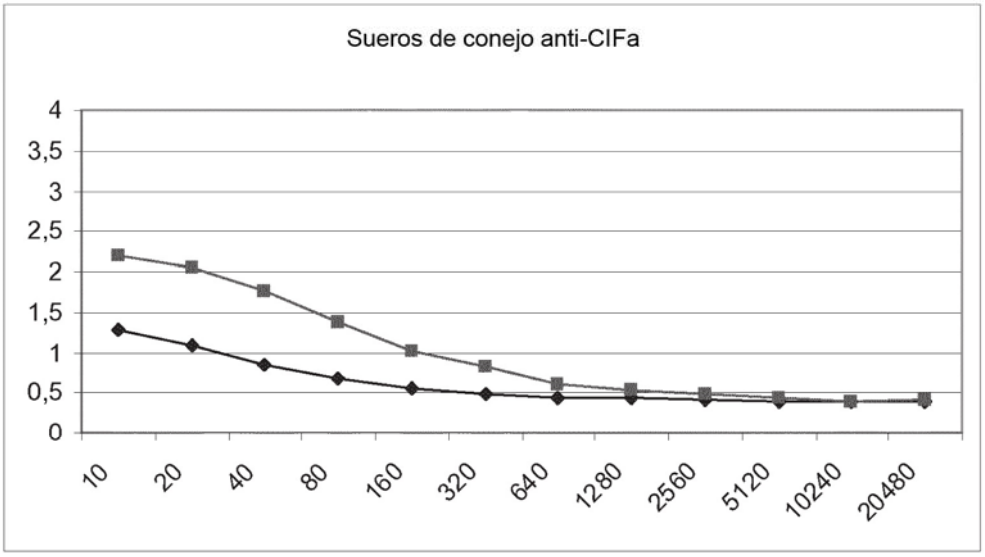

Sueros de conejo anti-Sbi
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480

C

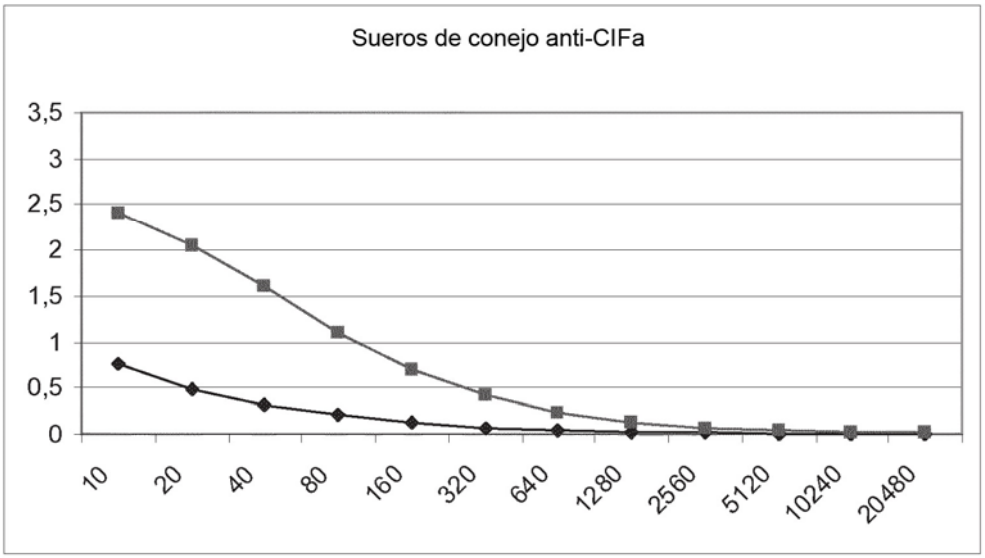
Figura 7


Sueros de conejo anti-CIFa
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480

A

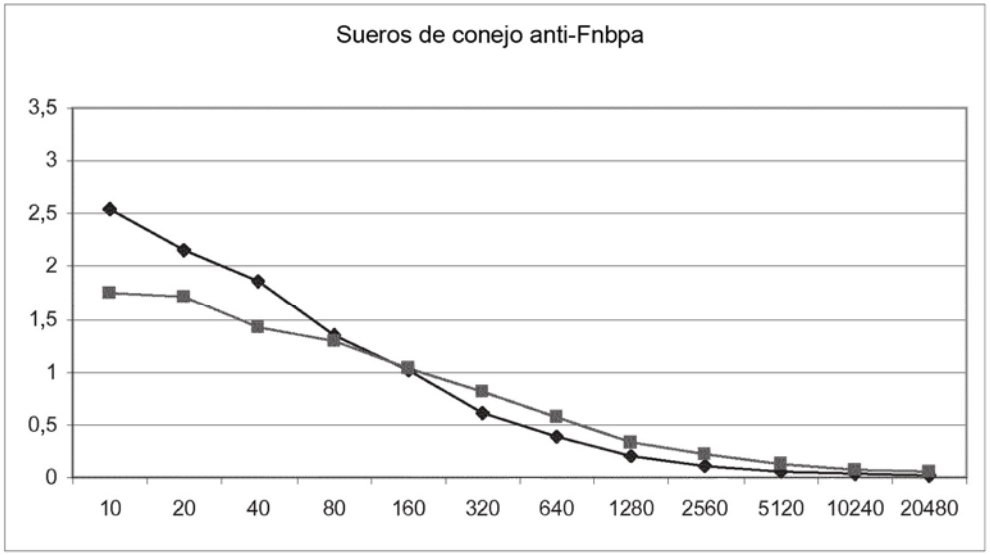

Sueros de conejo anti-CIFa
4
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480

B

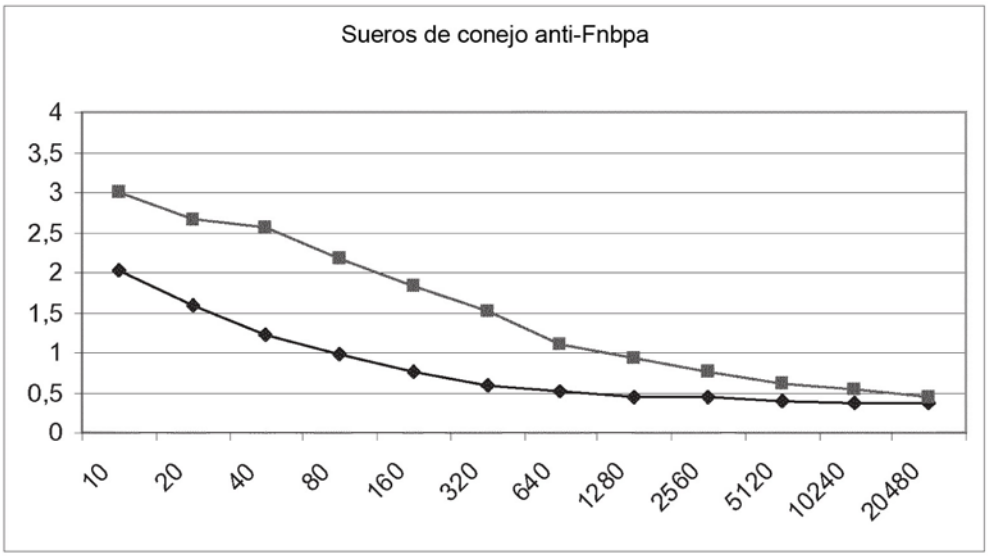

Sueros de conejo anti-CIFa
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480

C

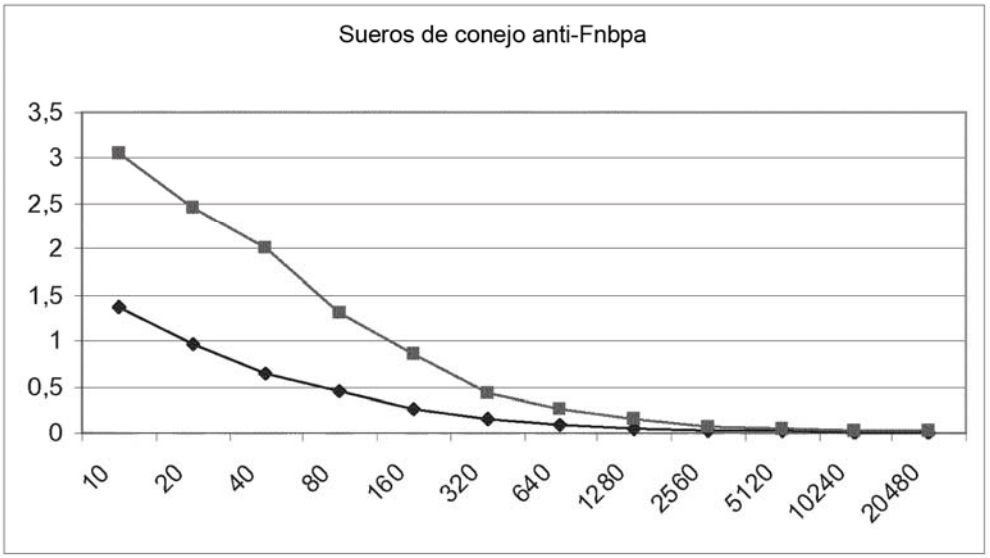
Figura 7


Sueros de conejo anti-Fnbpa
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480

A

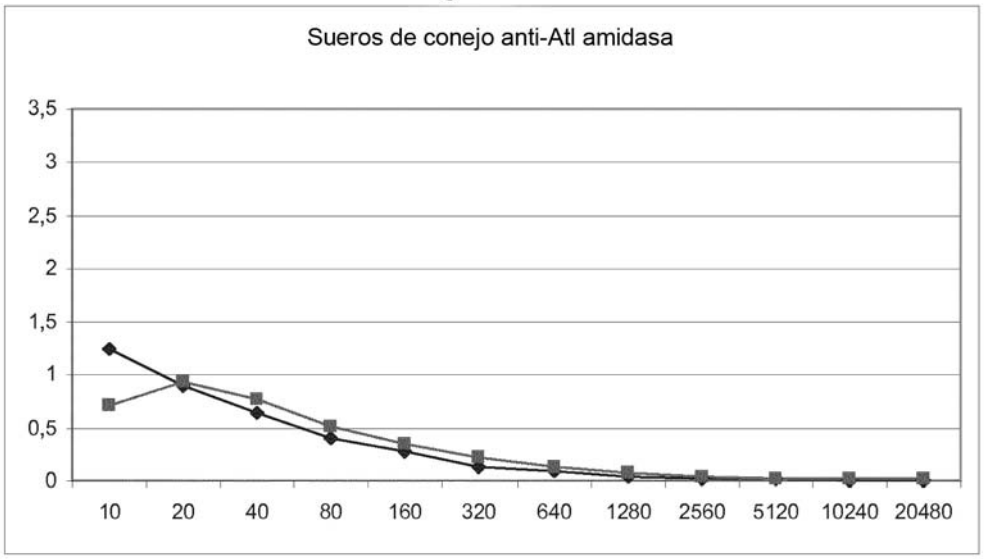

Sueros de conejo anti-Fnbpa
4
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480

B

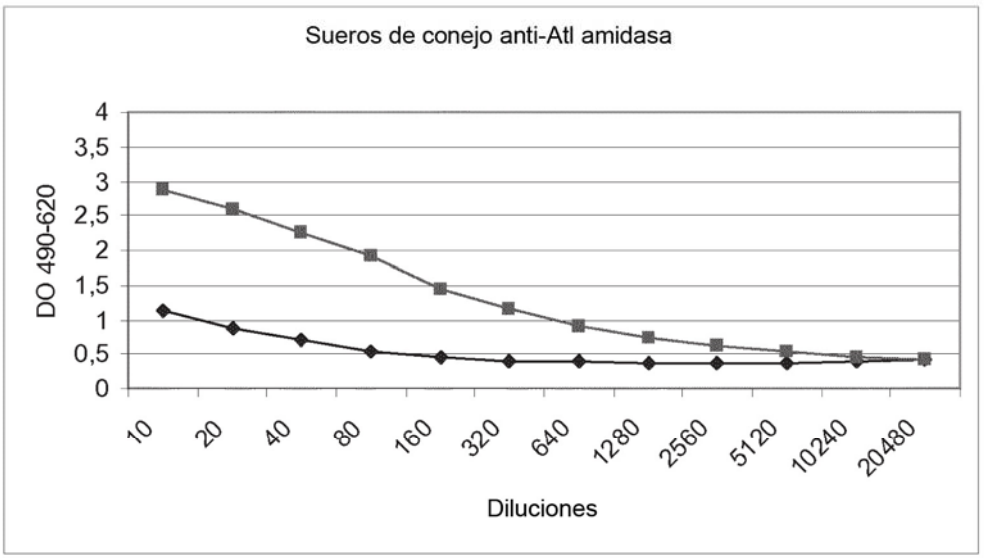

Sueros de conejo anti-Fnbpa
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480

C

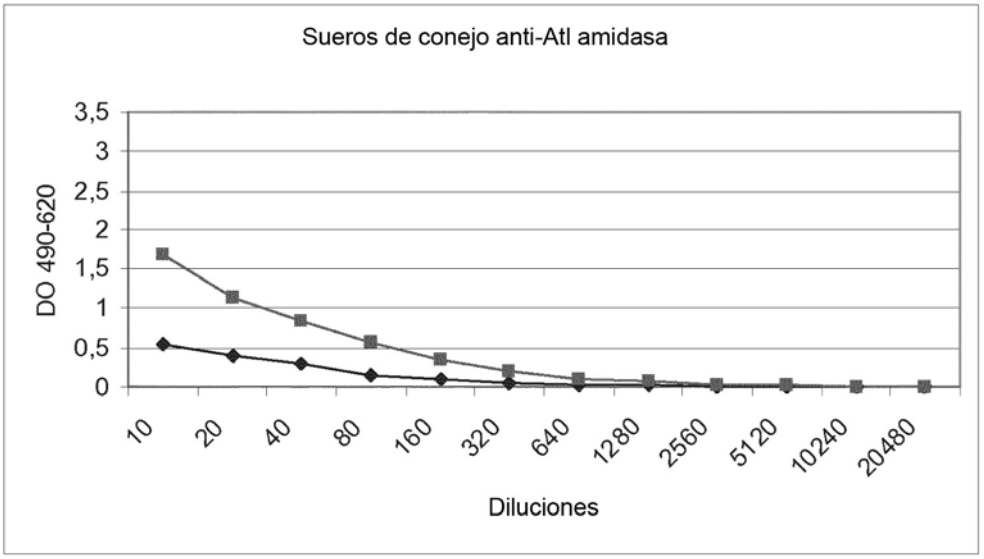
Figura 7


Sueros de conejo anti-Atl amidasa
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480

A


Sueros de conejo anti-Atl amidasa
DO 490-620
4
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480
Diluciones

B


Sueros de conejo anti-Atl amidasa
DO 490-620
3,5
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
10
20
40
80
160
320
640
1280
2560
5120
10240
20480
Diluciones

C