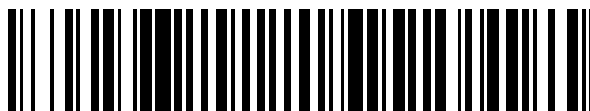


19



OFICINA ESPAÑOLA DE  
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 400 280**

51 Int. Cl.:

**C12N 15/31** (2006.01)

**C12N 15/62** (2006.01)

**C07K 14/315** (2006.01)

**A61K 39/09** (2006.01)

12

## TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **20.12.1999 E 08155317 (4)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **05.12.2012 EP 1950302**

54 Título: **Antígenos de estreptococos**

30 Prioridad:

**23.12.1998 US 113800 P**

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

**08.04.2013**

73 Titular/es:

**ID BIOMEDICAL CORPORATION OF QUEBEC  
(100.0%)**

**525 Cartier Boulevard West  
Laval, QC H7V 3S8, CA**

72 Inventor/es:

**BRODEUR, BERNARD R.;  
CHARLAND, NATHALIE;  
HAMEL, JOSÉE;  
MARTIN, DENIS;  
PINEAU, ISABELLE y  
RIOUX, CLÉMENT**

74 Agente/Representante:

**CARPINTERO LÓPEZ, Mario**

ES 2 400 280 T3

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

## DESCRIPCIÓN

Antígenos de estreptococos

**Campo de la invención**

- 5 La presente invención se refiere a antígenos, más particularmente a antígenos de proteínas del patógeno *Streptococcus pneumoniae* que son útiles como componentes de vacunas para terapia y / o profilaxis.

**Antecedentes de la invención**

- 10 *S. pneumoniae* es un agente importante de enfermedad en el ser humano,, especialmente entre niños, ancianos y personas inmunocomprometidas. Es una bacteria aislada frecuentemente entre pacientes con enfermedades invasivas tales como bacteriemia/septicemia, neumonía, meningitis con alta morbilidad y mortalidad en todo el mundo. Incluso con la terapia apropiada de antibióticos, las infecciones neumocócicas pueden dar como resultado muchas muertes. Aunque la llegada de fármacos antimicrobianos ha reducido la mortalidad global por la enfermedad por neumococos, la presencia de organismos neumocócicos resistentes se ha convertido en un gran problema en todo el mundo hoy en día. Las vacunas eficaces contra neumococos podrían tener un impacto fundamental en la morbilidad y la mortalidad asociadas con enfermedad por *S. pneumoniae*. Tales vacunas deberían ser
- 15 potencialmente útiles para evitar la otitis media en bebés y niños pequeños.

- Los esfuerzos para desarrollar una vacuna neumocócica se han concentrado en general en la generación de respuestas inmunológicas al polisacárido capsular neumocócico. Se han identificado más de 80 serotipos capsulares neumocócicos en base a las diferencias antigénicas. La vacuna neumocócica comercialmente disponible actualmente, que comprende 23 polisacáridos capsulares que con mayor frecuencia provocan enfermedad, tiene
- 20 inconvenientes significativos relacionados principalmente con la escasa inmunogenicidad de algunos polisacáridos capsulares, la diversidad de los serotipos y las diferencias en la distribución de los serotipos con el tiempo, áreas geográficas y grupos de edad. En particular, la falta de vacunas existentes y vacunas conjugadas capsulares actualmente en desarrollo para proteger a los niños pequeños contra todos los serotipos estimula la evaluación de otros componentes de *S. pneumoniae*. Aunque la inmunogenicidad de los polisacáridos capsulares se puede
- 25 mejorar, la especificidad del serotipo representará una limitación principal de las vacunas basadas en polisacáridos. El uso de un antígeno de proteínas neumocócicas inmunogénicas antigénicamente conservado, bien por sí solo o en combinación con componentes adicionales, ofrece la posibilidad de una vacuna neumocócica basada en proteína.

- La Publicación PCT número WO98/18930 publicada el 7 de mayo de 1998 titulada "*Streptococcus Pneumoniae* antigens and vaccines" describe ciertos polipéptidos reivindicados como antigénicos. Sin embargo, no se reseña ninguna actividad biológica de estos polipéptidos.
- 30

Por lo tanto, sigue existiendo la necesidad no satisfecha de antígenos de *Streptococcus* que se pueden usar como componentes de vacuna para la profilaxis y / o la terapia de infección por *Streptococcus*.

**Sumario de la invención**

- 35 De acuerdo con un aspecto, la presente invención proporciona un polinucleótido aislado que codifica un polipéptido que tiene:

- a) una identidad de al menos un 95% con un segundo polipéptido que tiene una secuencia elegida entre las SEC ID N°: 4, 58, 60, 61, 63, 73 a 75 o 79; o
- b) una identidad superior al 99 % con un segundo polipéptido que tiene la secuencia elegida entre las SEC ID N° 14, 67 o 68; y
- 40 c) en el que el polinucleótido no codifica un polipéptido que tiene la secuencia de SEC ID N° 5 del documento WO 00/17370, la SEC ID N° 4 del documento WO 00/37105 o la SEC ID N° 194 del documento 00/06737; y
- d) en el que el polipéptido produce una respuesta inmunitaria antiestreptocócica cuando se administra a un individuo.

- 45 En otros aspectos se proporcionan vectores que comprenden polinucleótidos de la invención unidos de manera operable a una región de control de la expresión, así como células huésped transfectadas con dichos vectores y procedimientos de producción de polipéptidos que comprenden el cultivo de dichas células huésped en las condiciones adecuadas para la expresión.

En otro aspecto, se proporcionan polipéptidos novedosos codificados por polinucleótidos de la invención.

**Breve descripción de los dibujos**

- 50 La figura 1 es la secuencia de ADN del gen BVH-3; **SEC ID N° 1.**

La figura 2 es la secuencia de aminoácidos de la proteína BVH-3; **SEC ID N° 2.**

La figura 3 es la secuencia de ADN del gen de BVH-11; **SEC ID N° 3.**

La figura 4 es la secuencia de aminoácidos de la proteína BVH-11; **SEC ID N° 4.**

La figura 5 es la secuencia de ADN del gen BVH-28; **SEC ID N° 5.**

- La figura 6 es la secuencia de aminoácidos de la proteína BVH-28; **SEC ID Nº 6.**
- La figura 7 es la secuencia de ADN del gen BVH-3A que corresponde al extremo 5' terminal de BVH-3; **SEC ID Nº 7.**
- La figura 8 es la secuencia de aminoácidos de la proteína BVH-3A; **SEC ID Nº 8.**
- La figura 9 es la secuencia de ADN del gen BVH-3B que corresponde al extremo 3' terminal de BVH-3; **SEC ID Nº 9.**
- 5 La figura 10 es la secuencia de aminoácidos de la proteína BVH-3B; **SEC ID Nº 10.**
- La figura 11 representa la comparación de las secuencias de aminoácidos previstas de los marcos de lectura abiertos de BVH-3 de las cepas de *S. pneumoniae* WU2, RX1, JNR.7/87, SP64, P4241 y A66 usando el programa software de análisis de secuencias de Clustal W from MacVector (versión 6.5). Por debajo de la alineación, existe una línea de consenso donde los caracteres \* e indican restos idénticos y similares de aminoácidos, respectivamente.
- 10 La figura 12 representa la comparación de las secuencias de aminoácidos previstas de los marcos de lectura abiertos de BVH-11 de las cepas de *S. pneumoniae* WU2, Rx1, JNR.7/87, SP64, P4241, A66 y SP63 usando el programa software de análisis de secuencias de Clustal W de MacVector (versión 6.5). Por debajo de la alineación, existe una línea de consenso donde \* y los caracteres indican restos idénticos y similares de aminoácidos, respectivamente.
- 15 La figura 13 representa la comparación de las secuencias de aminoácidos previstas de las proteínas BVH-11 de diversas cepas de *S. pneumoniae*. Los grados de identidad (I) y similitud (S) se determinaron usando el programa Clustal W del software de análisis de secuencia de MacVector (versión 6.5).
- La figura 14 es una secuencia de ADN que contiene el gen completo de BVH-3 (marco de lectura abierto "ORF" en los nucleótidos 1777 a 4896); **SEC ID Nº 11.**
- 20 La figura 15 es una secuencia de ADN que contiene el gen completo de BVH- 11 (ORF en los nucleótidos 45 a 2567); **SEC ID Nº 12.**
- La figura 16 es una secuencia de ADN que contiene el gen completo de BVH-11-2 (ORF en los nucleótidos 114 a 2630); **SEC ID Nº 13.**
- La figura 17 es la secuencia de aminoácidos de la proteína BVH-11-2; **SEC ID Nº 14.**
- La figura 18 es la secuencia de ADN de SP63 BVH-3 gene; **SEC ID Nº 15.**
- 25 La figura 19 es la secuencia de aminoácidos de la proteína SP63 BVH-3; **SEC ID Nº 16.**
- La figura 20 es la secuencia de aminoácidos de la proteína BVH-3M; **SEC ID Nº 55.**
- La figura 21 es la secuencia de aminoácidos de la proteína BVH-3AD; **SEC ID Nº 56.**
- La figura 22 es la secuencia de aminoácidos de la proteína L-BVH-3-AD; **SEC ID Nº 57.**
- La figura 23 es la secuencia de aminoácidos de la proteína NEW12; **SEC ID Nº 58.**
- 30 La figura 24 es la secuencia de aminoácidos de la proteína BVH-3C; **SEC ID Nº 59.**
- La figura 25 es la secuencia de aminoácidos de la proteína BVH-11M; **SEC ID Nº 60.**
- La figura 26 es la secuencia de aminoácidos de la proteína BVH-11A; **SEC ID Nº 61.**
- La figura 27 es la secuencia de aminoácidos de la proteína BVH-11B (también llamada New13); **SEC ID Nº 62.**
- La figura 28 es la secuencia de aminoácidos de la proteína BVH-11C; **SEC ID Nº 63.**
- 35 La figura 29 es la secuencia de aminoácidos de la proteína NEW1; **SEC ID Nº 64.**
- La figura 30 es la secuencia de aminoácidos de la proteína NEW2; **SEC ID Nº 65.**
- La figura 31 es la secuencia de aminoácidos de la proteína NEW3; **SEC ID Nº 66.**
- La figura 32 es la secuencia de aminoácidos de la proteína NEW4; **SEC ID Nº 67.**
- La figura 33 es la secuencia de aminoácidos de la proteína NEW5; **SEC ID Nº 68.**
- 40 La figura 34 es la secuencia de aminoácidos de la proteína NEW6; **SEC ID Nº 69.**
- La figura 35 es la secuencia de aminoácidos de la proteína NEW7; **SEC ID Nº 70.**
- La figura 36 es la secuencia de aminoácidos de la proteína NEW8; **SEC ID Nº 71.**
- La figura 37 es la secuencia de aminoácidos de la proteína NEW9; **SEC ID Nº 72.**
- La figura 38 es la secuencia de aminoácidos de la proteína BVH-11-2M; **SEC ID Nº 73.**
- 45 La figura 39 es la secuencia de aminoácidos de la proteína NEW10; **SEC ID Nº 74.**

La figura 40 es la secuencia de aminoácidos de la proteína NEW11; **SEC ID Nº 75**.

La figura 41 es la secuencia de ADN de NEW12 gene; **SEC ID Nº 76**.

La figura 42 es la secuencia de aminoácidos de la proteína NEW14; **SEC ID Nº 77**.

La figura 43 es la secuencia de aminoácidos de la proteína NEW15; **SEC ID Nº 78**.

5 La figura 44 es la secuencia de aminoácidos de la proteína NEW16; **SEC ID Nº 79**.

La figura 45 es la secuencia de ADN del gen GBS BVH-71; **SEC ID Nº 80**.

La figura 46 es la secuencia de aminoácidos de la proteína GBS BVH-71; **SEC ID Nº 81**.

La figura 47 es la secuencia de ADN del gen GAS BVH-71; **SEC ID Nº 82**.

La figura 48 es la secuencia de aminoácidos de la proteína GAS BVH-71; **SEC ID Nº 83**.

#### 10 **Descripción detallada de la invención**

De acuerdo con un aspecto, la presente invención proporciona un polinucleótido aislado que codifica un polipéptido que tiene al menos un 95% de identidad con un segundo polipéptido que comprende una secuencia escogida de las **SEC ID Nº: 4, 58, 60, 61, 63, 73 a 75 o 79**.

15 De acuerdo con un aspecto, la presente invención proporciona un polinucleótido aislado que codifica un polipéptido que tiene al menos un 95% de identidad con un segundo polipéptido que comprende la secuencia **SEC ID Nº 4** o fragmentos, análogos o derivados del mismo.

De acuerdo con un aspecto, la presente invención proporciona un polinucleótido aislado que codifica un polipéptido que tiene una identidad de más del 99% on un segundo polipéptido que comprende la secuencia **SEC ID Nº 14** o fragmentos, análogos o derivados del mismo.

20 De acuerdo con un aspecto, la presente invención proporciona un polinucleótido aislado que codifica un polipéptido que tiene al menos un 95% de identidad con un segundo polipéptido que comprende la secuencia **SEC ID Nº 58** o fragmentos, análogos o derivados del mismo.

De acuerdo con un aspecto, la presente invención proporciona un polinucleótido aislado que codifica un polipéptido que tiene al menos un 95% de identidad con un segundo polipéptido que comprende la secuencia **SEC ID Nº 60** o fragmentos, análogos o derivados del mismo.

25 De acuerdo con un aspecto, la presente invención proporciona un polinucleótido aislado que codifica un polipéptido que tiene una identidad de más del 99% on un segundo polipéptido que comprende la secuencia **SEC ID Nº 67** o fragmentos, análogos o derivados del mismo.

De acuerdo con un aspecto, la presente invención proporciona un polinucleótido aislado que codifica un polipéptido que tiene una identidad de más del 99% on un segundo polipéptido que comprende la secuencia **SEC ID Nº 68** o fragmentos, análogos o derivados del mismo.

De acuerdo con un aspecto, la presente invención proporciona un polinucleótido aislado que codifica un polipéptido que tiene al menos un 95% de identidad con un segundo polipéptido que comprende la secuencia **SEC ID Nº 74** o fragmentos, análogos o derivados del mismo.

35 De acuerdo con un aspecto, la presente invención se refiere a polipéptidos caracterizados por la secuencia de aminoácidos escogida de las **SEC ID Nº 4, 58, 60, 61, 63, 73 a 75, 79**, o fragmentos, análogos o derivados del mismo.

De acuerdo con un aspecto, la presente invención se refiere a polipéptidos caracterizados por la secuencia de aminoácidos escogida de las **SEC ID Nº 14, 67, 68**, o fragmentos, análogos o derivados del mismo.

40 De acuerdo con un aspecto, la presente invención se refiere a polipéptidos caracterizados por la secuencia de aminoácidos escogida de las **SEC ID Nº 4, 14, 60, 73**, o fragmentos, análogos o derivados del mismo.

De acuerdo con un aspecto, la presente invención se refiere a polipéptidos caracterizados por la secuencia de aminoácidos escogida de las **SEC ID Nº 4, 14, 58, 60 a 63, 67, 68, 73 a 75, 77, 79**.

45 De acuerdo con un aspecto, la presente invención se refiere a polipéptidos caracterizados por la secuencia de aminoácidos que comprende la **SEC ID Nº 4**, o fragmentos, análogos o derivados de los mismos.

De acuerdo con un aspecto, la presente invención se refiere a polipéptidos caracterizados por la secuencia de aminoácidos que comprende la **SEC ID Nº 14**, o fragmentos, análogos o derivados de los mismos.

De acuerdo con un aspecto, la presente invención se refiere a polipéptidos caracterizados por la secuencia de aminoácidos que comprende la **SEC ID Nº 58**, o fragmentos, análogos o derivados de los mismos.

50 De acuerdo con un aspecto, la presente invención se refiere a polipéptidos caracterizados por la secuencia de aminoácidos que comprende la **SEC ID Nº 67**, o fragmentos, análogos o derivados de los mismos.



De acuerdo con un aspecto, la presente invención se refiere a polipéptidos caracterizados por la secuencia de aminoácidos que comprende la **SEC ID N° 68**, o fragmentos, análogos o derivados de los mismos.

En una realización adicional, la presente invención también se refiere a polipéptidos quiméricos que comprenden uno o más polipéptidos o sus fragmentos, análogos o derivados como se ha descrito en la presente solicitud.

- 5 En una realización adicional, la presente invención también se refiere a polipéptidos quiméricos que comprenden uno o más polipéptidos o sus fragmentos, análogos o derivados como se ha definido en las figuras de la presente solicitud.

- 10 En una realización adicional, la presente solicitud también se refiere a polipéptidos quiméricos que comprenden dos o más polipéptidos elegidos de las SEQ ID N° 4, 14, 56 a 63, 67 a 75, 77, 79 o fragmentos, análogos o derivados de los mismos: con la condición de que los polipéptidos o fragmentos, análogos o derivados de los mismos estén unidos para formar un polipéptido quimérico.

En una realización adicional, el polipéptido quimérico comprenderá dos o más polipéptidos escogidos de las **SEC ID N° 58, 60, 62, 67, 68, 69, 72, 74, 77** o fragmentos, análogos o derivados de los mismos: con la condición de que los polipéptidos o fragmentos, análogos o derivados de los mismos estén unidos para formar un polipéptido quimérico.

- 15 En una realización adicional, el polipéptido quimérico comprenderá dos o más polipéptidos escogidos de las **SEC ID N° 58, 60, 62, 67, 68, 72, 74, 77** o fragmentos, análogos o derivados de los mismos: con la condición de que los polipéptidos o fragmentos, análogos o derivados de los mismos estén unidos para formar un polipéptido quimérico.

- 20 En una realización adicional, el polipéptido quimérico comprenderá dos o más polipéptidos escogidos de las **SEC ID N° 62, 67, 68, 74, 77** o fragmentos, análogos o derivados de los mismos; con la condición de que los polipéptidos o fragmentos, análogos o derivados de los mismos estén unidos para formar un polipéptido quimérico.

En una realización adicional, el polipéptido quimérico comprenderá entre 2 y 5 polipéptidos.

En una realización adicional, el polipéptido quimérico comprenderá entre 2 y 4 polipéptidos.

En una realización adicional, el polipéptido quimérico comprenderá entre 2 y 3 polipéptidos.

En una realización adicional, el polipéptido quimérico comprenderá 2 polipéptidos.

- 25 En una realización adicional, se proporciona un polipéptido quimérico de fórmula (I)

**A-(B)<sub>m</sub>-(C)<sub>n</sub>-D** (I)

en la que;

m es 0 o 1,

n es 0 o 1,

- 30 A se elige entre las SEC ID N° 14, 4, 56 a 63, 67 a 75, 77, 79;

B se elige entre las SEC ID N°: 14, 4, 56 a 63, 67 a 75, 77, 79;

C se elige entre .SEC ID N°: 14, 4, 56 a 63, 67 a 75, 77, 79; y

D se elige entre SEC ID N°: 14, 4, 56 a 63, 67 a 75, 77, 79; en la que el polipéptido provoca una respuesta inmunitaria antiestreptocócicas cuando se administra a un individuo.

- 35 En una realización adicional, **A** es **SEC ID N°: 58** o sus fragmentos, análogos o derivados

En una realización adicional, **A** es **SEC ID N° 62** o sus fragmentos, análogos y derivados.

En una realización adicional, **A** es **SEC ID N° 68** o sus fragmentos, análogos y derivados.

En una realización adicional, **A** es **SEC ID N° 74** o sus fragmentos, análogos y derivados.

En una realización adicional, **A** es **SEC ID N° 77** o sus fragmentos, análogos y derivados.

- 40 En una realización adicional, **B** es **SEC ID N° 58** o sus fragmentos, análogos y derivados.

En una realización adicional, **B** es **SEC ID N° 67** o sus fragmentos, análogos y derivados.

En una realización adicional, **B** es **SEC ID N° 68** o sus fragmentos, análogos y derivados.

En una realización adicional, **B** es **SEC ID N° 74** o sus fragmentos, análogos y derivados.

En una realización adicional, **B** es **SEC ID N° 77** o sus fragmentos, análogos y derivados.

- 45 En una realización adicional, **C** es **SEC ID N° 58** o sus fragmentos, análogos y derivados.

En una realización adicional, **C** es **SEC ID N° 62** o sus fragmentos, análogos y derivados.

- En una realización adicional, **C** es **SEC ID Nº 67** o sus fragmentos, análogos y derivados.
- En una realización adicional, **C** es **SEC ID Nº 68** o sus fragmentos, análogos y derivados.
- En una realización adicional, **C** es **SEC ID Nº 74** o sus fragmentos, análogos y derivados.
- En una realización adicional, **C** es **SEC ID Nº 77** o sus fragmentos, análogos y derivados.
- 5 En una realización adicional, **D** es **SEC ID Nº 58** o sus fragmentos, análogos y derivados.
- En una realización adicional, **D** es **SEC ID Nº 62** o sus fragmentos, análogos y derivados.
- En una realización adicional, **D** es **SEC ID Nº 67** o sus fragmentos, análogos y derivados.
- En una realización adicional, **D** es **SEC ID Nº 67** o sus fragmentos, análogos y derivados.
- En una realización adicional, **D** es **SEC ID Nº 68** o sus fragmentos, análogos y derivados.
- 10 En una realización adicional, **D** es **SEC ID Nº 74** o sus fragmentos, análogos y derivados.
- En una realización adicional, **D** es **SEC ID Nº 77** o sus fragmentos, análogos y derivados.
- En una realización adicional, **m** es 0.
- En una realización adicional, **n** es 0.
- En una realización adicional, **m** y **n** son 0.
- 15 De acuerdo con la presente invención, todos los nucleótidos que codifican polipéptidos y polipéptidos quiméricos están dentro del alcance de la presente invención.
- En una realización adicional, los polipéptidos o los polipéptidos quiméricos de acuerdo con la presente invención son antigénicos.
- 20 En una realización adicional, los polipéptidos o los polipéptidos quiméricos de acuerdo con la presente invención pueden producir una respuesta inmunológica en un individuo.
- En una realización adicional, la presente invención también se refiere a polipéptidos que son capaces de producir anticuerpos que tienen especificidad de unión a los polipéptidos o a los polipéptidos quiméricos de la presente invención como se ha definido anteriormente.
- 25 Un anticuerpo que "tiene especificidad de unión" es un anticuerpo que reconoce y se une al polipéptido seleccionado pero que sustancialmente no reconocen y se unen a otras moléculas en una muestra, por ejemplo, una muestra biológica, que incluye de manera natural el péptido seleccionado. La unión específica se puede medir usando un ensayo ELISA en el que el polipéptido seleccionado se usa como un antígeno.
- 30 Salvo que se defina de otra manera, todos los términos técnicos y científicos usados en el presente documento tienen los mismos significados que entienden los expertos en la técnica a la que la invención pertenece. Todas las publicaciones, solicitudes de patente, patentes y otras referencias mencionadas en el presente documento se incorporan por referencia en su totalidad. En el caso de conflicto, la presente memoria descriptiva, incluyendo las definiciones, tendrán prioridad. Además, los materiales, procedimientos y ejemplos son solo ilustrativos y no se pretende que sean limitantes.
- 35 Como se usa en el presente documento, "fragmentos", "derivados" o "análogos" de los polipéptidos de la invención incluyen los polipéptidos en los que uno o más de los restos aminoácidos están sustituidos con un resto aminoácido conservado o no conservado (preferentemente conservado) y que puede ser de origen natural o no natural. En una realización, los derivados y análogos de polipéptidos de la invención tendrán una identidad de aproximadamente el 70 % con las secuencias ilustradas en las figuras o fragmentos de los mismos. Es decir, el 70 % de los restos son iguales. En una realización adicional, los polipéptidos tendrán más de un 75 % de homología. En una realización
- 40 adicional, los polipéptidos tendrán más de un 80 % de homología. En una realización adicional, los polipéptidos tendrán más de un 85 % de homología. En una realización adicional, los polipéptidos tendrán más de un 90 % de homología. En una realización adicional, los polipéptidos tendrán más de un 95 % de homología. En una realización adicional, los polipéptidos tendrán más de un 99 % de homología. En una realización adicional, los derivados y análogos de los polipéptidos de la invención tendrán menos de aproximadamente 20 sustituciones, modificaciones o supresiones de restos aminoácidos, y más preferentemente menos de 10. Las sustituciones preferidas son las conocidas en la técnica como conservadas, es decir los restos sustituidos comparten propiedades físicas o químicas tales como hidrofobicidad, tamaño, carga o grupos funcionales.
- 45 De acuerdo con la presente invención, los polipéptidos de la invención incluyen tanto polipéptidos como polipéptidos quiméricos.
- 50 También están incluidos los polipéptidos que tienen condensados a ellos otros compuestos que alteran las propiedades biológicas o farmacológicas de los polipéptidos es decir, polietilenglicol (PEG) para incrementar la semivida; secuencias de aminoácidos líder o secretoras para la facilidad de la purificación; secuencias prepro- y pro-; y (poli)sacáridos.

Además, en las situaciones en las que se encuentra que las regiones de aminoácidos son polimórficas, puede ser deseable variar uno o más aminoácidos más particulares para imitar de manera más eficaz los diferentes epítomos de las diferentes cepas de estreptococos.

Además, los polipéptidos de la presente invención se pueden modificar mediante acilación -NH<sub>2</sub> terminal (por ejemplo, mediante acetilación, o amidación de ácido tioglicólico, carboxiamidación terminal, por ejemplo, con amoníaco o metilamina) para proporcionar estabilidad, aumento de la hidrofobicidad para ligar o unir a un soporte o a otra molécula.

También se contemplan hetero y homomultímeros de polipeptídicos de los fragmentos, análogos y derivados de los polipéptidos. Estas formas poliméricas incluyen, por ejemplo, uno o más polipéptidos que se han reticulado con reticuladores tales como avidina/biotina, glutaraldehído o dimetil-superimidato. Tales formas poliméricas también incluyen polipéptidos que contienen dos o más secuencias contiguas en tándem o invertidas, producidas a partir de ARNm multicistronicos generados mediante tecnología de ADN recombinante.

Preferentemente, un fragmento, análogo o derivado de un polipéptido de la invención comprenderá al menos una región antigénica es decir, al menos un epítomo.

Con el fin de lograr la formación de polímeros antigénicas (es decir, multímeros sintéticos), se pueden utilizar polipéptidos que tengan grupos bishaloacetilo, nitroarilhauros, o similares, en los que los reactivos son específicos de los grupos tio. Por lo tanto, la unión entre dos grupos mercapto de los diferentes péptidos puede ser un único enlace o puede estar compuesto por un grupo de enlace de al menos dos, normalmente al menos cuatro, y no más de 16, pero usualmente no más de aproximadamente 14 átomos de carbono.

En una realización particular, los fragmentos, análogos y derivados de, polipéptidos de la invención no contienen un resto de partida metionina (Met). Preferentemente, los polipéptidos no incorporarán una secuencia líder o secretora (secuencia señal). La parte de señal de un polipéptido de la invención se puede determinar de acuerdo con las técnicas biológicas moleculares establecidas. En general, el polipéptido de interés se puede aislar a partir de un cultivo de estreptococos y posteriormente secuenciarse para determinar el resto inicial de la proteína madura y, por lo tanto, la secuencia del polipéptido maduro.

De acuerdo con otro aspecto, se proporcionan composiciones de vacunas que comprenden uno o más polipéptidos de estreptococos de la invención en mezcla con un vehículo, diluyente o adyuvante farmacéuticamente aceptable. Adyuvantes adecuados incluyen aceites es decir, adyuvante completo o incompleto de Freund; sales es decir, AlK(SO<sub>4</sub>)<sub>2</sub>, AlNa(SO<sub>4</sub>)<sub>2</sub>, AlNH<sub>4</sub>(SO<sub>4</sub>)<sub>2</sub>, sílice, caolín, polinucleótidos de carbono es decir, poli IC y poli AU. Los adyuvantes preferidos incluyen QuilA y Alhydrogel. Las vacunas de la invención se pueden administrar por vía parenteral mediante inyección, infusión rápida, absorción nasofaríngea, dermoabsorción, o bucal u oral. Los vehículos farmacéuticamente aceptables también incluyen el toxoide del tétanos.

Las composiciones de las vacunas de la invención se usan para el tratamiento o profilaxis de la infección por estreptococos y / o enfermedades y síntomas mediados por la infección por estreptococos como se describe en P.R. Murray (Ed, en jefe), E.J. Baron, M.A. Pfaller, F.C. Tenover y R.H. Tenover. Manual of Clinical Microbiology, ASM Press, Washington, D.C. sexta edición, 1995, 1482 p que se incorporan en el presente documento por referencia. En una realización, las composiciones de las vacunas de la presente invención se usan para el tratamiento o profilaxis de meningitis, otitis media, bacteriemia o neumonía. En una realización, las composiciones de las vacunas de la invención se usan para el tratamiento o profilaxis de la infección por estreptococos y / o enfermedades y síntomas mediados por la infección por *estreptococos*, en particular *S. pneumoniae*, grupo A de *streptococcus (pyogenes)*, grupo B de *streptococcus* (GBS o *agalactiae*), *dysgalactiae*, *uberis*, *nocardia* así como *Staphylococcus aureus*. En una realización adicional, la infección por estreptococos es *S.pneumoniae*.

En una realización particular, las vacunas se administran a los individuos en riesgo de infección por estreptococos, tales como bebés, ancianos e individuos inmunocomprometidos.

Como se usa en la presente solicitud, el término " individuos" incluye mamíferos. En una realización adicional, el mamífero es un ser humano.

Las composiciones de las vacunas están preferentemente en forma de dosificación unitaria de aproximadamente 0,001 a 100 µg/kg (antígeno/peso corporal) y, más preferentemente, de 0,01 a 10 µg/kg y, lo más preferentemente, de 0,1 a 1 µg/kg 1 a 3 veces con un intervalo de aproximadamente 1 a 6 semanas de intervalos entre inmunizaciones.

De acuerdo con otro aspecto, se proporcionan polinucleótidos que codifican polipéptidos caracterizados por la secuencia de aminoácidos elegida entre las **SEC ID N°: 4, 14, 58, 60, 61, 63, 73 a 75, 77, 79** o fragmentos, análogos o derivados de los mismos.

En una realización, los polinucleótidos son los ilustrados en las **SEC ID N°: 12, 13, 76**, que pueden incluir los marcos de lectura abiertos (ORF), que codifican los polipéptidos de la invención. Se apreciará que las secuencias de polinucleótidos ilustradas en las figuras se pueden alterar con codones degenerados que incluso codifican los polipéptidos de la invención. De acuerdo con lo anterior, la presente invención además proporciona polinucleótidos que hibridan con las secuencias de polinucleótidos descritas anteriormente en el presente documento (o sus secuencias complementarias) que tienen una identidad del 50 % entre las secuencias. En una realización, al menos un 70 % de identidad entre secuencias. En una realización, al menos 75 % de identidad entre secuencias. En una realización, al menos 80 % de identidad entre secuencias. En una realización, al menos 85 % de identidad entre secuencias. En una realización, al menos 90 % de identidad entre secuencias. En una realización adicional, los polinucleótidos se pueden hibridar en condiciones rigurosas es decir, teniendo al menos 95% de identidad. En una realización adicional, más de 97 % de identidad.

En una realización adicional, los polinucleótidos son los ilustrados en las **SEC ID N°: 3, 12, 13, 76**, que codifican los polipéptidos de la invención.

En una realización adicional, los polinucleótidos son los ilustrados en la **SEC ID N°: 3**, que codifican los polipéptidos de la invención.

5 En una realización adicional, los polinucleótidos son los ilustrados en la **SEC ID N°: 12**, que codifican los polipéptidos de la invención.

En una realización adicional, los polinucleótidos son los ilustrados en la **SEC ID N°: 13**, que codifican los polipéptidos de la invención.

10 En una realización adicional, los polinucleótidos son los ilustrados en la **SEC ID N°: 76**, que codifican los polipéptidos de la invención.

Como fácilmente apreciarán los expertos en la técnica, los polinucleótidos incluyen tanto ADN como ARN.

La presente invención también incluyen polinucleótidos complementarios a los polinucleótidos descritos en la presente solicitud.

15 En un aspecto adicional, los polinucleótidos que codifican los polipéptidos de la invención, o sus fragmentos, análogos o derivados, se pueden usar en un procedimiento de inmunización de ADN. Esto es, se pueden incorporar en un vector que se puede replicar y expresar tras la inyección produciendo por lo tanto el polipéptido antigénico in vivo. Por ejemplo, los polinucleótidos se pueden incorporar en un vector plásmido bajo el control del promotor de CMV que es funcional en células eucarióticas.

Preferentemente, el vector se inyecta por vía intramuscular.

20 De acuerdo con otro aspecto, se proporciona un procedimiento para producir polipéptidos de la invención mediante técnicas recombinantes mediante la expresión de un polinucleótido que codifica dicho polipéptido en una célula huésped y recuperando el producto de polipéptido expresado. Como alternativa, los polipéptidos se pueden producir de acuerdo con las técnicas químicas sintéticas establecidas es decir, síntesis en fase en solución o en fase sólida de oligopéptidos que se ligan para producir el polipéptido completo (ligamiento en bloque).

25 Los procedimientos generales para la obtención y evaluación de polinucleótidos y polipéptidos se describen en las siguientes referencias: Sambrook y col., Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 2ª ed, Cold Spring Harbor, N.Y., 1989; Current Protocols in Molecular Biology, editado por Ausubel F.M. et al., John Wiley y Sons, Inc. New York; PCR Cloning Protocols, from Molecular Cloning to Genetic Engineering, editado por White B.A., Humana Press, Totowa, New Jersey, 1997, 490 páginas; Protein Purification, Principles y Practices, Scopes R.K., Springer-Verlag, New York, 3ª Edición, 1993, 380 páginas; Current Protocols in Immunology, Edited by Coligan J.E. y col., John Wiley & Sons Inc., New York que se incorporan en el presente documento por referencia.

35 Para la producción recombinante, las células huésped se transfectan con vectores que codifican el polipéptido, y después se cultivan en un medio nutriente modificado según sea adecuado para activar promotores, selección de transformantes o amplificación de los genes. Los vectores adecuados son aquellos que son viables y se pueden replicar en el huésped elegido e incluyen secuencias cromosómicas, no cromosómicas de ADN sintético por ejemplo, plásmidos bacterianos, ADN de fago, baculovirus, plásmidos de levaduras, vectores derivados de combinaciones de plásmidos y ADN de fago. La secuencia de polipéptidos se puede incorporar en el vector en el sitio apropiado usando enzimas de restricción tal como la que está unida de manera operativa a una región de control de expresión que comprende un promotor, sitio de unión a ribosomas (región de consenso o secuencia Shine-Dalgarno), y opcionalmente un operador (elemento de control). Se pueden seleccionar componentes individuales de la región de control de expresión que son apropiados para un huésped y vector dado de acuerdo con los principios de biología molecular establecidos (Sambrook et al, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 2ª ed, Cold Spring Harbor, N.Y., 1989; Current Protocols in Molecular Biology, Edited by Ausubel F.M. et al., John Wiley y Sons, Inc. New York incorporadas en el presente documento por referencia). Los promotores adecuados incluyen pero no se limitan a LTR o promotor de SV40, E.coli lac, promotores tac o trp y el promotor P<sub>L</sub> del fago lambda. Los vectores preferentemente incorporarán preferentemente incorporan un origen de replicación así como marcadores de selección es decir, gen de resistencia a ampicilina. Los vectores bacterianos adecuados incluyen pET, pQE70, pQE60, pQE-9, pbs, pD10 phagescript, psiX174, pbluescript SK, pbsks, pNH8A, pNH16a, pNH18A, pNH46A, ptrc99a, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 y eukaryotic vectors pBlueBacIII, pWLNEO, pSV2CAT, pOG44, pXT1, pSG, pSVK3, pBPV, pMSG y pSVL. Las células huésped pueden ser bacterianas es decir, E.coli, Bacillus subtilis, Streptomyces; hongos es decir, Aspergillus niger, Aspergillus nidulans; levaduras es decir, Saccharomyces o eucarióticas es decir, CHO, COS.

45 Tras la expresión del polipéptido en cultivo, las células se recogen típicamente mediante centrifugación después se rompen mediante medios físicos o químicos (si el polipéptido expresado no se secreta en el medio) y el extracto bruto resultante retenido para aislar el polipéptido de interés. La purificación del polipéptido a partir del medio de cultivo o lisado se puede lograr mediante las técnicas establecidas dependiendo de las propiedades del polipéptido es decir, usando sulfato de amonio o etanol, precipitación, extracción por ácido, cromatografía de intercambio aniónico o catiónico, cromatografía de fosfocelulosa, cromatografía de interacción hidrofóbica, cromatografía de hidroxiapatita y cromatografía de lectina. La purificación final se puede lograr usando HPLC.

60 El polipéptido se puede expresar con o sin una secuencia líder o de secreción. En el caso anterior, la líder se puede retirar usando un procedimiento posterior a la traducción (véanse los documentos US 4.431.739; US 4.425.437; y US 4.338.397 incorporados en el presente documento por referencia) o retirarse químicamente posteriormente a la purificación del polipéptido expresado.

De acuerdo con un aspecto adicional, los polipéptidos de estreptococos de la invención se pueden usar en un ensayo de diagnóstico para la infección por estreptococos, en particular infección por S. pneumoniae. Son posibles varios procedimientos de diagnóstico, por ejemplo detección de organismos de estreptococos en una muestra biológica, se puede seguir el siguiente procedimiento:

- 5 a) obtener una muestra biológica de un paciente;
- b) incubar un anticuerpo o su fragmento reactivo con un polipéptido de estreptococos de la invención con la muestra biológica para formar una mezcla; y
- c) detectar el anticuerpo unido de manera específica en la mezcla que indica la presencia de estreptococos.

10 Como alternativa, se puede realizar un procedimiento para la detección de un anticuerpo específico para un antígeno de estreptococos en una muestra biológica que contiene o es sospechosa de contener dicho anticuerpo se puede realizar del siguiente modo:

- a) obtener una muestra biológica de un paciente;
- b) incubar uno o más polipéptidos de estreptococos de la invención o sus fragmentos con la muestra biológica para formar una mezcla; y
- 15 c) detectar el antígeno unido de manera específica o fragmento unido en la mezcla que indica la presencia de anticuerpo específico de.

20 Los expertos en la técnica reconocerán que este ensayo diagnóstico puede tener varias formas, incluyendo un ensayo inmunológico tal como ensayo de inmunoabsorción ligado a enzimas (ELISA), un radioinmunoensayo o un ensayo de aglutinación de látex, esencialmente para determinar si los anticuerpos específicos para la proteína están presentes en un organismo.

Las secuencias de ADN que codifican los polipéptidos de la invención también se pueden usar para diseñar sondas de ADN para uso en la detección de la presencia de estreptococos en una muestra biológica sospechosa de contener tal bacteria. El procedimiento de detección de la presente invención comprende:

- a) obtener una muestra biológica de un paciente;
- 25 b) incubar una o más sondas de ADN que tienen una secuencia de ADN que codifica un polipéptido de la invención o sus fragmentos con la muestra biológica para formar una mezcla; y
- c) detectar la sonda de ADN unida específicamente en la mezcla que indica la presencia de bacterias de estreptococos.

30 Las sondas de ADN de la presente invención también se pueden usar para detectar estreptococos circulantes es decir, ácidos nucleicos de S. pneumoniae en una muestra, por ejemplo usando una reacción en cadena de la polimerasa, como un procedimiento para la diagnosis de de infecciones por estreptococos. La sonda se puede sintetizar usando técnicas convencionales y se puede inmovilizar sobre una fase sólida, o se puede marcar con una etiqueta detectable. Una sonda de ADN preferida para esta aplicación es un ligómero que tiene una secuencia complementaria a al menos aproximadamente 6 nucleótidos contiguos de los polipéptidos de streptococcus pneumoniae de la invención.

Otro procedimiento de diagnóstico para la detección de estreptococos en un paciente comprende:

- a) marcar un anticuerpo reactivo con un polipéptido de la invención o su fragmento con una etiqueta detectable;
- b) administrar el anticuerpo marcado o fragmento marcado al paciente; y
- 40 c) detectar el anticuerpo marcado unido de manera específica o fragmento marcado en el paciente que indica la presencia de estreptococos.

45 Un aspecto adicional de la invención es el uso de los polipéptidos de estreptococos de la invención como inmunógenos para la producción de anticuerpos específicos para el diagnóstico y en el tratamiento de la infección por estreptococos. Los anticuerpos adecuados se pueden determinar usando procedimientos de selección apropiados, por ejemplo midiendo la capacidad de un anticuerpo particular para proteger de manera pasiva contra infección por estreptococos en un modelo de ensayo. Un ejemplo de un modelo animal es el modelo de ratón descrito en los ejemplos en el presente documento. El anticuerpo puede ser un anticuerpo completo o un fragmento de unión a antígeno y puede pertenecer a cualquier clase de inmunoglobulina. El anticuerpo o fragmento puede ser de origen animal, específicamente de origen de mamíferos y más específicamente de murino, rata o humano. Puede ser un anticuerpo de origen natural o su fragmento, o si se desea, un anticuerpo recombinante o fragmento de anticuerpo. El término anticuerpo recombinante fragmento de anticuerpo significa anticuerpo o fragmento de anticuerpo que se produjo usando las técnicas de biología molecular. El anticuerpo o fragmentos de anticuerpo pueden ser policlonales, o preferentemente monoclonales. Puede ser específico para numerosos epítopos asociados a los polipéptidos de streptococcus pneumoniae pero preferentemente específicos para uno.

55 Sin limitar su alcance, la presente invención también se refiere a nuevos antígenos designados BVH-3, BVH-11, BVH-11-2, BVH-28 y BVH-71. La presente invención también se refiere a polipéptidos truncados que comprenden fragmentos de los nuevos antígenos designados BVH-3, BVH-11, BVH-11-2, BVH-28 y BVH-71. La presente invención también se refiere a polipéptidos quiméricos que comprenden los antígenos designados BVH-3, BVH-11,

## ES 2 400 280 T3

BVH- 11-2, BVH-28 y BVH-71. Lo siguiente es una tabla de referencia que resume la relación entre los antígenos de la presente invención.

Familia	SEC ID N° de nucleótidos	SEC ID N° de polipéptidos
BVH-3		
BVH-3	1, 11	2
BVH-3A	7	8
BVH-3B	9	10
BVH-3 SP63	15	16
BVH-3M		55
BVH-3AD (		56
L-BVH-3AD		57
New12	76	58
BVH-3C		59
New1		64
New2		65
New3		66
New15		78
BVH-11		
BVH-11 - 1	3, 12	4
BVH-11-2	13	14
BVH-11M		60
BVH-11A		61
BVH-11B también conocido como NEW13		62
BVH-11C		63
New4		67
New5		68
New6		69
New7		70
New8		71
New9		72
BVH-11-2M		73
New10		74
New11		75
New12	76	58
New14		77
New16		79

BVH-28		
BVH-28	5	6
BVH-71		
GBS	80	81
GAS	82	83

### Ejemplo 1

Este ejemplo ilustra la clonación de los genes de *S. pneumoniae*.

La región codificante del gen de *S. pneumoniae* BVH-3 (**SEC ID Nº 1**) y la región codificante del gen de *S. pneumoniae* BVH-28 (**SEC ID Nº 5**) se amplificaron mediante la PCR (DNA Thermal Cycler GeneAmp PCR Sistema 2400 Perkin Elmer, San José, CA) del ADN genómico del serogrupo 6 de la cepa SP64 de *S. pneumoniae* usando los oligos que contenían extensiones de bases para la adición de los sitios de restricción BglII (AGATCT) y XbaI (TCTAGA). Los productos de PCR se purificaron a partir de gel de agarosa usando un kit de extracción en gel QIAquick de QIAGEN (Chatsworth, CA), digerido por BglII-XbaI (Pharmacia Canadá Inc, Baie d'Urfé, Canadá), se extrajo con fenol: cloroformo y se precipitó con etanol. El vector Superlinker pSL301 (Invitrogen, San Diego, CA) se digirió con BglII y XbaI y se purificó en gel de agarosa usando un kit de extracción QIAquick de QIAGEN (Chatsworth, CA). Los fragmentos de ADN genómicos de BglII-XbaI se ligaron al vector BglII-XbaI pSL301. Los productos ligados se transformaron en la cepa DH5a de *E. coli* [f80 *lacZ* DM15 *endA1* *recA1* *hsdR17* ( $K^{-}K^{+}$ ) *supE44* *thi-11*- *gyrA96* *relA1* D(*lacZYA-argF*)U169] (Gibco BRL, Gaithersburg, MD) de acuerdo con el procedimiento de Simanis (Hanahan, D. DNA Cloning, 1985, D.M. Glover (ed), p. 109 - 135). Los plásmidos pSL301 recombinantes (rpSL301) que contienen o bien el gen BVH-3 o BVH-28 se purificaron usando el kit de QIAGEN (Chatsworth, CA) y la inserción de ADN se confirmaron mediante análisis de secuencia de nucleótidos (kit Taq Dye Deoxy Terminator Cycle Sequencing, ABI, Foster City, CA). rpSL301 recombinante (rpSL301) se digirió con las enzimas de restricción BglII (AGATCT) y XhoI (CTCGAG). Los fragmentos de ADN BglII-XhoI se ligaron al vector BglII-XhoI pET-32c(+) que contiene la secuencia tioredoxin-His-Tag se digirió con BamHI (GGATCC) y XhoI y se extrajo en gel usando el kit de extracción en gel QIAquick de QIAGEN (Chatsworth, CA). El vector de expresión pET-32c(+) (Novagen, Madison, WI) que contiene la secuencia tioredoxin-His-Tag se digirió con BamHI (GGATCC) y XhoI y se extrajo en gel usando el kit de extracción en gel QIAquick de QIAGEN (Chatsworth, CA). Los fragmentos de ADN de BglII-XhoI se ligaron al vector BamHI-XhoI pET-32c(+) para crear la secuencia de codificación para la proteína de fusión tioredoxina-His-Tag-BVH-3 o tioredoxina-His-Tag-BVH-28. Los productos ligados se transformaron en la cepa DH5a de *E. coli* [f80 *lacZ* DM15 *endA1* *recA1* *hsdR17* ( $K^{-}K^{+}$ ) *supE44* *thi-11*-*gyrA96* *relA1* D(*lacZYA-argF*)U169] (Gibco BRL, Gaithersburg, MD) de acuerdo con el procedimiento de Simanis (Hanahan, D. DNA Cloning, 1985, D.M. Glover (ed), p. 109 - 135). Los plásmidos pET-32c(+) recombinantes se purificaron usando un kit de QIAGEN (Chatsworth, CA) y las secuencias de nucleótidos en los sitios de tioredoxin-His-Tag y la inserción de ADN se verificaron mediante la secuenciación de ADN (kit Taq Dye Deoxy Terminator Cycle Sequencing, ABI, Foster City, CA).

### Ejemplo 2

Este ejemplo ilustra la clonación de los genes de proteína de *S. pneumoniae* en el plásmido pCMV-GH de CMV.

La región codificante de una proteína de *S. pneumoniae* se insertó en fase cadena debajo de un gen de la hormona de crecimiento (hGH) que estaba bajo el control de transcripción del promotor de citomegalavirus (CMV) en el vector de plásmido pCMV-GH (Tang et al., Nature, 1992, 356 :152). El promotor de CMV es un plásmido no funcional en células de *E. coli* pero activo tras la administración del plásmido en células eucarióticas. El vector también incorporaba el gen de resistencia a ampicilina.

La región codificante del gen BVH-3 (**SEC ID Nº 1**) y gen BVH-28 (**SEC ID Nº 5**) se obtuvieron de rpSL301 (véase el ejemplo 1) usando las enzimas de restricción BglII (AGATCT) y XbaI (TCTAGA). Los productos digeridos se purificaron en gel de agarosa usando el kit de extracción en gel de agarosa QIAquick de QIAGEN (Chatsworth, CA). El vector pCMV-GH (Laboratory del Dr. Stephen A. Johnston, Departamento de Bioquímica, Universidad de Texas, Dallas, Texas) que contiene la hormona de crecimiento humana para crear las proteínas de fusión se digirió con BglII y XbaI y se purificó en gel de agarosa usando el kit de extracción en gel QIAquick de QIAGEN (Chatsworth, CA). Los fragmentos de ADN de BglII-XbaI se ligaron al vector BglII-XbaI pCMV- GH para crear la proteína de fusión hGH-BVH-3 o hGH-BVH-28 bajo el control del promotor de CMV. Los productos ligados se transformaron en la cepa de *E. coli* DH5a[f80 *lacZ* DM15 *endA1* *recA1* *hsdR17* ( $K^{-}K^{+}$ ) *supE44* *thi-11*- *gyrA96* *relA1* D(*lacZYA-argF*)U169] (Gibco BRL, Gaithersburg, MD) de acuerdo con el procedimiento de Simanis (Hanahan, D. DNA Cloning, 1985, D.M. Glover (ed), p. 109 - 135). Los plásmidos pCMV recombinantes se purificaron usando un kit de QIAGEN (QIAGEN, Chatsworth, CA).

La región codificante del gen BVH-11 (**SEC ID Nº 3**) se amplificó mediante la PCR (DNA Thermal Cycler GeneAmp PCR sistema 2400 Perkin Elmer, San Jose, CA) a partir del ADN genómico del serogrupo 6 de la cepa SP64 de *S. pneumoniae* usando los oligos que contenían extensiones de bases para la adición de los sitios de restricción BglII (AGATCT) y HindIII (AAGCTT). El producto de la PCR se purificó en gel de agarosa usando el kit de extracción en gel QIAquick de QIAGEN (Chatsworth, CA), digerido con las enzimas de restricción (Pharmacia Canadá Inc, Baie d'Urfe, Canadá), se extrajo con fenol : cloroformo y se precipitó con etanol. El vector pCMV-GH (Laboratorios del Dr. Stephen A. Johnston, Departamento de Bioquímica, Universidad de Texas, Dallas, Texas) se digirió con BglII y HindIII y se purificó en gel de agarosa usando el kit de extracción QIAquick de QIAGEN (Chatsworth, CA). El fragmento de ADN BglII-HindIII se ligó al vector BglII-HindIII pCMVGH para crear la proteína de fusión hGH-BVH-11 bajo el control del promotor de CMV. Los productos ligados se transformaron en la cepa de *E. coli* DH5a[f80 *lacZ*

DM15 *endA1 recA1 hsdR17* (<sup>l</sup>K-<sup>m</sup>K+) *supE44 thi-11- gyrA96 relA1 D (lacZYA- argF)U169]* (Gibco BRL, Gaithersburg, MD) de acuerdo con el procedimiento de Simanis (Hanahan, D. DNA Cloning, 1985, D.M. Glover (ed), p. 109 - 135). El plásmido de pCMV recombinante se purificó usando un kit de QIAgen (Chatsworth, CA) y la secuencia de nucleótidos de la inserción de ADN se verificó mediante secuenciación de ADN.

### 5 Ejemplo 3

Este ejemplo ilustra el uso de ADN para inducir una respuesta inmunológica a los antígenos de *S. pneumoniae*.

Un grupo de 8 hembras de ratones BALB/c (Charles River, St-Constant, Quebec, Canadá) se inmunizaron mediante inyección intramuscular de 50 µl tres veces a intervalos de dos o tres semanas con 100 µg de pCMV-GH recombinante que codifica el gen BVH-3, BVH-11 o el gen BVH-28 en presencia de 50 µg del factor estimulante de la colonia de granulocitos - macrófagos (GM-CSF)- que expresa el plásmido pCMV-GH-GM-CSF (Laboratory of Dr. Stephen A. Johnston, Departamento de Bioquímica, Universidad de Texas, Dallas, Texas). Como control, se inyectó a un grupo de ratones 100 µg de pCMV-GH en presencia de 50 µg de pCMV-GH-GM-CSF. Se recogieron muestras de sangre del orbital antes de cada inmunización y siete días después de la tercera inyección y se determinaron las respuestas de anticuerpo en suero mediante ELISA usando la proteína de fusión tioredoxin- His-Tag-*S. pneumoniae* como antígeno de recubrimiento. La inmunización de ADN con plásmido recombinante pCMV-GH que codifica la proteína de *S. pneumoniae* BVH-3, BVH-11 o BVH-28 indujo un anticuerpo reactivo contra la proteína recombinante respectiva. Los títulos de anticuerpos recíprocos, definidos como la mayor dilución en suero a la que los valores de absorbancia eran 0,1 por encima de los valores de fondo, eran superiores a  $4 \times 10^3$ .

### Ejemplo 4

20 Este ejemplo ilustra la producción y purificación de las proteínas recombinantes de *S. pneumoniae*.

Los plásmidos Pet recombinantes que contienen el gen BVH-3, BVH-11 o BVH-28 que corresponde a la **SEC ID N° 1, SEC ID N° 3 o SEC ID N°: 5** respectivamente se transformaron mediante electroporación (aparato Gene Pulser II, BIO-RAD Labs, Mississauga, Canadá) en la cepa de *E. coli* AD494 (DE3) (*Dara-leu7697 DlacX74 DphoA PvuII phoR DmalF3 F'[/lac+(/lacIq) pro] trxB::Kan*) (Novagen, Madison, WI). En esta cepa de *E. coli*, el promotor de T7 que controla la expresión de la proteína de fusión se reconoce específicamente por la ARN polimerasa de T7 (presente en el profago 1DE3) cuyo gen está bajo el control del promotor lac que se puede inducir por isopropil-β-D-tiogalactopiranosido (IPTG). El AD494(DE3)/rpET transformante se desarrolló a 37°C con agitación a 250 rpm en caldo LB (peptona 10g/l, extracto de levadura 5g/l, NaCl 10g/l) que contiene 100 µg de ampicilina (Sigma-Aldrich Canadá Ltd., Oakville, Canadá) por ml hasta que A<sub>600</sub> alcanzó un valor de 0,6. Con el fin de inducir la producción de la proteína de fusión tioredoxin-His-Tag-BVH-3, tioredoxin- His-Tag-BVH-11 o tioredoxin-His-Tag-BVH-28, las células se incubaron durante 2 horas adicionales en presencia de IPTG a una concentración final de 1 mM. Las células inducidas de 100 ml de cultivo se sedimentaron mediante centrifugación y se congelaron a -70°C.

La purificación de las proteínas de fusión de la fracción citoplásmica de AD494(DE3)/rpET Inducida por IPTG se realizó mediante cromatografía social basándose en las propiedades de la secuencia His-Tag (6 restos de histidina consecutivos) para unirse a cationes divalentes (Ni<sup>2+</sup>) inmovilizados sobre la resina de quelación de metales His-Bind. En resumen, las células sedimentadas obtenidas a partir de un cultivo de 100 ml inducido con IPTG se volvieron a suspender en solución tamponada con fosfato (PBS):500 mM NaCl pH 7,1, se sonicaron y se centrifugaron a 20.000 X g durante 20 min para eliminar los desechos. Se filtró el sobrenadante (membrana de tamaño de poro 0,22 µm) y se depositó en 1 ml de columna quelante empaquetada previamente lista para uso HiTrap® (Pharmacia Biotech, Baie d'Urfé, Canadá). La proteína de fusión tioredoxin-His-Tag-*S. pneumoniae* se eluyó con 1 M imidazol-500mM NaCl-PBS pH 7,1. la eliminación de la sal e imidazol de la muestra se realizó mediante diálisis contra PBS a 4°C. Las cantidades de la proteína de fusión obtenidas de la fracción soluble de *E. coli* se estimó mediante MicroBCA (Pierce, Rockford, Illinois).

### Ejemplo 5

45 Este ejemplo ilustra la protección de ratones contra la infección neumocócica fatal mediante inmunización.

Grupos de 8 hembras de ratones BALB/c (Charles River) se inmunizaron por vía subcutánea tres veces a intervalos de tres semanas con o 25 µg de proteína de fusión tioredoxin-His-Tag-BVH-3 purificada por afinidad en presencia de 15 µg de adyuvante QuilA (Cedarlane Laboratories Ltd, Hornby, Canadá) o, como control, con adyuvante QuilA solo en PBS. Se recogieron muestras de sangre del seno orbital el día 1, 22 y 43 antes de cada inmunización y siete días (día 50) después de la tercera inyección. Una semana después los ratones se expusieron con aproximadamente 10<sup>6</sup> UFC del tipo 3 la cepa de *S. pneumoniae* WU2. Muestras del inóculo de de exposición de *S. pneumoniae* se sembraron sobre placas de agar de chocolate para determinar la UFC y para verificar la dosis de exposición. Se registraron las muertes durante un período de 14 días y el día 14 después de la exposición, los ratones supervivientes se sacrificaron y se ensayaron las muestras de sangre para determinar la presencia de organismos de *S. pneumoniae*. Los datos de supervivencia se muestran en la tabla 1.

Se analizaron sueros antes de la exposición para determinar la presencia de anticuerpos reactivos con *S. pneumoniae* mediante inmunoensayos convencionales. Los análisis ELISA y de inmunotransferencia indicaron que la inmunización con la proteína recombinante de *S. pneumoniae* en *E. coli* indujo anticuerpos reactivos con tanto la proteína recombinante como nativa neumocócica.

60 Tabla 1. Protección mediada por la proteína BVH-3 recombinante

Inmunógeno	Nº de ratones vivos : nº de ratones muertos 14 días después de la exposición	Mediana del día de muerte



(Cont.)

BVH-3	8 : 0	> 14
ninguno	0 : 8	1

Todos los ratones inmunizados con la proteína recombinante BVH-3 sobrevivieron a la infección mientras que ninguno de los ratones control a los que se les proporcionó adyuvante sobrevivió. Existe una diferencia significativa en la supervivencia entre los dos grupos de ratones ( $P < 0,0001$ , ensayo de intervalo log para un análisis no paramétrico de curvas de supervivencia;  $P = 0,0002$ , prueba exacto de Fisher). Todos los hemocultivos de los ratones supervivientes fueron negativos el día 14 después de la exposición.

### Ejemplo 6

Este ejemplo describe la clonación de los genes BVH-3 y BVH-11 de una diversidad de cepas de *S. pneumoniae* y la conservación molecular de estos genes.

El análisis molecular de ADN cromosómico de diversos aislamientos de *S. pneumoniae* con sondas de ADN que se expanden sobre diferentes regiones de BVH-3 o BVH-11 revelaron la presencia de una copia del gen de *BVH-3* dos copias del gen de *BVH-11*. Las dos copias del gen *BVH-11* no eran idénticas y los genes se designaron de manera arbitraria *BVH-11* (SEC ID N°12; ORF en los nucleótidos 45 a 2567) y *BVH-11-2* (SEC ID N°13; ORF en los nucleótidos 114 a 2630).

Los primeros aminoácidos de las regiones que codifican *BVH-3* y *BVH-11* tienen las características de las secuencias guía también conocidas como secuencias señal. El sitio de escisión de la peptidasa de señal de consenso L-X-X-C se los sitios de modificación/ procesamiento estaba presente en las secuencias. Las proteínas maduras *BVH-3*, *BVH-11* y *BVH-11-2* de *S. pneumoniae* SP64 tienen 1019, 821 y 819 aminoácidos, respectivamente. Las regiones de los genes de *S. pneumoniae* que codifican *BVH-3* maduro, llamado *BVH-3M*, (nucleótidos 1837 - 4896; SEC ID N° 11), *BVH-11M* (nucleótidos 102 - 2567; SEC ID N° 12) y *BVH-11-2M* (nucleótidos 171 - 2630; SEC ID N° 13), se amplificaron mediante PCR (DNA Thermal Cycler GeneAmp PCR sistema 2400 Perkin Elmer, San José, CA) a partir del ADN genómico de 6 ó 7 cepas de *S. pneumoniae*. Los aislamientos clínicos del serogrupo 6 de *S. pneumoniae* SP64 y serogrupo 9 SP63 se proporcionaron por los laboratorios de la salud pública de Québec, Sainte-Anne-de-Bellevue; serotipo 4 cepa JNR.7/87 fue proporcionada por Andrew Camilli, Tufts Universidad de la Escuela de Medicina, Boston; cepa Rx1, un derivado no encapsulado de la cepa D39 de tipo 2 y las cepas de tipo 3 A66 y WU2 se proporcionaron por David E. Briles de la Universidad de Alabama, Birmingham y el aislamiento clínico de P4241 3 se proporcionó por el centro de investigación de infecciones del centro hospitalario de la universidad de Laval, Sainte-Foy. Los conjuntos de cebadores de OCRR479-OCRR480; HAMJ160-OCRR488 y HAMJ160-HAMJ186, que contenían extensiones de bases para la adición de los sitios de restricción se usaron para la amplificación del gen *BVH-3*, *BVH-11* y *BVH-11-2*, respectivamente, con la excepción del gen *BVH-11* de la cepa SP64 que se amplificó usando el conjunto de cebadores constituidos por HAMJ487 y OCRR488. Las secuencias de cebadores se enumeran a continuación (Tabla 2). Los productos de la PCR se pueden purificar en gel de azarosa usando un kit de extracción en gel QIAquick de QIAGEN (Chatsworth, CA) y se digieren mediante BglII-XbaI o BglII-HindIII (Pharmacia Canadá Inc, Baie d'Urfé, Canadá). Las digestiones se limpiaron usando un kit de purificación de PCR QIAquick de QIAGEN (Chatsworth, CA). Los productos de la PCR se ligaron al vector de pSL301 BglII-XbaI o BglII-HindIII. Los productos ligados se transformaron en la cepa de *E. coli* strain DH5 $\alpha$ -[ $\Phi$ 80 *lacZ*  $\Delta$ M15 *endA1* *recA1* *hsdR17* ( $K^{m}K^{+}$ ) *supE44* *thi-1*  $\lambda^{-}$  *gyrA96* *relA1*  $\Delta$  (*lacZYA-argF*)U169] (Gibco BRL, Gaithersburg, MD) de acuerdo con el procedimiento de Simanis (Hanahan, D. DNA Cloning, 1985, D.M. Glover (ed), p. 109 - 135). Los plásmidos recombinantes pSL301 (rpSL301) que contiene *BVH-3*, *BVH-11* o *BVH11-2* se purificaron usando un kit de QIAGEN (Chatsworth, CA) y se secuenciaron las inserciones de ADN (kit Taq Dye Deoxy Terminator Cycle Sequencing, ABI, Foster City, CA). Las figuras 11 y 12 muestran las secuencias de consenso establecidas a partir de las secuencias de aminoácidos deducidas *BVH-3*, y *BVH-11*, respectivamente. La comparación de las secuencias de proteínas de *BVH-3* reveló un 99 a 100% de identidad de secuencias con la excepción que *BVH-3* del serogrupo 9 de la cepa SP63 (SEC ID N° 15 y SEC ID N° 16) carecía de un tramo de 177 aminoácidos correspondiente a los residuos 244 a 420 sobre la secuencia de proteínas de *BVH-3'* de *S. pneumoniae* SP64. El análisis de las secuencias de las cepas adicionales del serogrupo 9 reveló que la molécula *BVH-3* tiene la misma supresión en 3 de 4 cepas sugiriendo de esta manera que las 3 cepas son miembros de un clon del serogrupo 9 de *S. pneumoniae*.

La comparación de 13 secuencias de nucleótidos de *BVH-11* obtenidas de 7 cepas de *S. pneumoniae*, reveló que las secuencias de nucleótidos son muy similares. El análisis por ordenador (MacVector, Clustal W 1.4) que usa alineación múltiple de las secuencias de proteínas de *BVH-11* previstas reveló que estas secuencias eran 75% idénticas y 82 % homólogas en una longitud de 834 aminoácidos. La alineación de emparejamiento reveló un 80 a 100% de identidad (La figura 13). Las secuencias mostraron gran similitud en la organización global. La variabilidad en la secuencia principal de de estas proteínas casi está restringida a los últimos 125 aminoácidos en la parte C-terminal de las proteínas. Esta región constituye un dominio. El examen estrecho de este dominio reveló dos grupos de secuencias. Las primeras 9 secuencias de la figura 13 pertenecen a un grupo mientras las últimas 4 secuencias pertenecen a otro grupo. Un 39% de valor de identidad se obtiene cuando se comparan las secuencias de dominio de las 13 proteínas (MacVector, Clustal W 1.4). El valor de identidad aumentó a más de 92% cuando se comparan las secuencias que pertenecen al mismo grupo.

### Ejemplo 7

Este ejemplo ilustra la homología de porciones de los genes de BVH-3 y BVH-11.

El análisis molecular con sondas de ADN derivadas de los genes BVH-3 y BVH-11 indicó que BVH-3 y BVH-11 estaban relacionados. En estudios de hibridación de transferencia de puntos, la sonda de ADN que consistía o bien, de BVH-3 o BVH-11, la secuencia de genes BVH-3 y BVH-11 se hibridaba a tanto los genes BVH-3 como BVH-11 indicando que los genes BVH-3 y BVH-11 compartían secuencias homólogas. La comparación de secuencias reveló que los ORF y las proteínas eran 43 y 33% idénticas, respectivamente. El examen más estrecho reveló que la región correspondiente a los aminoácidos 1 a 225 en BVH-3 y 1 a 228 en BVH-11 eran 73 y 75% idénticas y el nivel de proteína, respectivamente. Por el contrario, las regiones 3' correspondientes a los aminoácidos 226 a 1039 de BVH-3 y aminoácidos 229 - 840 de BVH-11 eran solamente 34 y 22% idénticas a nivel de ADN y de proteína, respectivamente. De este modo los extremos 5' de los genes BVH-3 y BVH-11 parecen contener secuencias altamente conservadas mientras que las partes restantes de los genes son altamente divergentes. Estos resultados sugieren que BVH-3 y BVH-11 pudieran compartir funciones similares mediadas por las secuencias presentes en la región conservada mientras que las funciones específicas de BVH-3- y BVH-11- podrían estar mediadas por las secuencias en la región divergente.

### Ejemplo 8

Este ejemplo la clonación de los genes truncados de BVH-3, BVH-11 y BVH-11-2 mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y la expresión de las moléculas truncaads de BVH-3 y BVH-11.

Se amplificaron los fragmentos génicos mediante la PCR usando pares de oligonucleótidos modificados por ingeniería genética para amplificar los fragmentos que se extienden sobre el gen BVH-3 (**SEC ID N° 1** y **SEC ID N° 11**), BVH-11 (**SEC ID N° 3** y **SEC ID N° 12**) o BVH-11-2 (**SEC ID N° 13**) de la cepa SP64 de *S. pneumoniae*. Cada uno de los cebadores tenía un sitio de endonucleasa de restricción en el extremo 5', permitiendo por lo tanto la clonación direccional en fase del producto amplificado en el vector del plásmido digerido (Tablas 2 y 3). Los productos amplificados por PCR se digirieron con endonucleasas de restricción y se ligaron a o bien el plásmido linealizado pSL301 (véase el ejemplo 1), pCMV-GH (véase el ejemplo 2) o pET (Novagen, Madison, WI) vector de expresión digerido de la misma manera con enzimas que producen extremos cohesivos compatibles. Los plásmidos pSL301 recombinante y pCMV-GH recombinante se digirieron con enzimas de restricción para la clonación en fase en el vector de expresión de pET. Primero los clones se estabilizaron en *E. coli* DH5 $\alpha$  antes de la introducción en *E. coli* BL21( $\lambda$ DE3) o AD494 ( $\lambda$ DE3) para la expresión de las moléculas de BVH-3 o BVH-11. Cada una de las construcciones de plásmidos resultantes se confirmó mediante análisis de secuencias de nucleótidos. Las proteínas recombinantes se expresaron como fusiones N-terminal con la tioredoxin y His-tag o como fusiones C-terminal con una His-tag. Las proteínas recombinantes expresados se purificaron a partir de las fracciones sobrenadantes obtenidas a partir de centrifugación de cultivos de *E. coli* inducidos por IPTG –usando una resina de quelación de metal His-Bind (QIAgen, Chatsworth, CA). Los productos génicos generados se enumeran en la tabla 3. Los productos génicos correspondientes a la región N-terminal que incluye la secuencia señal se denominan proteínas lapidadas o lipoproteínas (L-proteínas). Losd productos génicos correspondientes a la región N-terminal que carece de la secuencia señal se identifican como proteína sin secuencia señal (w/o ss).

Tabla 2. Lista de cebadores de oligonucleótidos de PCR

Cebador	SEC ID	Secuencia 5' - 3'	Posición de los nucleótidos	Sitios de restricción
OCRR 479	17	cagtagatctgtgcctatgcactaac	SEC ID 1 :6178	BgIII
OCRR 480	18	gatctctagactactgctattccttacgctatg	SEC ID 11 : 49094887	XbaI
OCRR 497	19	atcactcgagcattacctggataatcctgt	SEC ID 1: 15251506	XhoI
OCRR 498	20	ctgctaagcttatgaaagatttagat	SEC ID 1 : 15341548	HindIII
OCRR 499	21	gatactcgagctgctattccttac	SEC ID 11: 49064893	XhoI
HAMJ 172	22	gaatctcgagttaagctgctgctaattc	SEC ID 1 : 675 - 661	XhoI

ES 2 400 280 T3

(Cont.)

HAMJ 247	23	gacgctcgagcgctatgaaatcagataaattc	SEC ID 1 : 3117 - 3096	XhoI
HAMJ 248	24	gacgctcgagggcattacctggataatcctgttcag	SEC ID 1 : 1527 - 1501	XhoI
HAMJ 249	25	cagtagatctctcatcatttattgaaaagagg	SEC ID 11 : 1749 - 1771	BglII
HAMJ 278	26	ttatttctccatattgacttgacagaagagcaaattaag	SEC ID 1 : 1414 - 1437	NdeI
HAMJ 279	27	cgccaagcttcgctatgaaatcagataaattc	SEC ID 1 : 3117 - 3096	HindIII
HAMJ 280	28	cgccaagctttccacaatataagtcgattgatt	SEC ID 1 : 2400 - 2377	HindIII
HAMJ 281	29	ttatttctccatattggaagtacatatcttgaaaaagaa	SEC ID 1 : 2398 - 2421	NdeI
HAMJ 300	30	ttatttctccatattgtgcctatgcactaaaccagc	SEC ID 1 : 6282	NdeI
HAMJ 313	31	ataagaatcgggccgcttccacaatataagtcgattgatt	SEC ID 1 : 2400 - 2377	NotI
OCRR 487	32	cagtagatctgtgcttatgaactaggttgc	SEC ID 3 : 58 - 79	BglII
OCRR 488	33	gatcaagcttgctgctaccttacttactctc	SEC ID 12 : 2577 - 2556	HindIII
HAMJ 171	34	ctgagatatccgttatcggtcaaacc	SEC ID 3 : 1060 - 1075	EcoRV
HAMJ 251	35	ctgcaagctttaaagggaataatcag	SEC ID 3 : 1059 - 1045	HindIII
HAMJ 264	36	cagtagatctgcagaagccttctatctg	SEC ID 3 : 682700	BglII
HAMJ 282	37	tcgccaagcttcgttatcggtcaaaccattggg	SEC ID 3 : 1060 - 1081	HindIII
HAMJ 283	38	ataagaatcgggccgcttacttactctcttataaaagccaatagtt	SEC ID 3 : 2520 - 2492	NdeI
HAMJ 284	39	catgccatggacattgatagctcttgaaacagc	SEC ID 3 : 856880	NcoI
HAMJ 285	40	cgccaagcttcttactctcttataaaagccaatag	SEC ID 3 : 2520 - 2494	HindIII

(Cont.)

HAMJ 286	41	cgacaagcttaacatggtcgctagcggtacc	SEC ID 3: 2139-2119	HindIII
HAMJ 287	42	cataccatgggcctttatgaggcacctaag	SEC ID 3 : 2014 - 2034	NcoI
HAMJ 288	43	cgacaagcttaagtaaattctcagcctctctcag	SEC ID 3: 2376 - 2353	HindIII
HAMJ 289	44	gataccatggctagcgacatgttcaaagaa	SEC ID 3: 2125 - 2146	NcoI
HAMJ 290	45	cgccaagcttatcatccactaactgactttatcac	SEC ID 3: 1533 - 1508	HindIII
HAMJ 291	46	cataccatggatattctgccttcttagctccg	SEC ID 3: 1531 - 1554	NcoI
HAMJ 301	47	catgccatggtgcttatgaactaggtttgc	SEC ID 3 : 5979	NcoI
HAMJ 302	48	cgccaagctttagcgttaccaaaaccattatc	SEC ID 3 : 2128 - 2107	HindIII
HAMJ 160	49	gtattagatctgttcctatgaactggctgcacca	SEC ID 13 : 172 - 196	BglII
HAMJ 186	50	cgcctctagactactgtataggagccgg	SEC ID 13: 2460 - 2443	XbaI
HAMJ 292	51	catgccatggaaaacatttcaagcctttacgtg	SEC ID 11: 754 - 778	NcoI
HAMJ 293	52	cgacaagcttctgtataggagccggtgacttc	SEC ID 11: 2457 - 2434	HindIII
HAMJ 294	53	catgccatggttcgtaaaaataaggcagaccaag	SEC ID 11 : 2038 - 2062	NcoI
HAMJ 297	54	catgccatggaagcctattggaatggaag	SEC ID 11 : 622 - 642	NcoI

Tabla 3. Lista de los productos génicos de BVH-3 y BVH-11 generados a partir de *S. pneumoniae* SP64

Conjuntos de cebadores de PCR	Denominación de proteínas	Identificación (aminoácidos codificados)	SEC ID N°	Vector de clonación
OCRR479-OCRR480	BVH-3M	BVH-3 w/o ss (21-1039)	55	pSL301
OCRR479-OCRR497	BVH-3AD	BVH-3 N' extremo w/o ss (21-509)	56	pSL301

# ES 2 400 280 T3

(Cont.)

HAMJ248- HAMJ249	L-BVH-3AD	BVH-3 N' extremo (1- 509)	57	pET-21(+)
OCRR498- OCRR499	BVH-3B	BVH-3 C' extremo (512- 1039)	10	pSL301
OCRR479- HAMJ172	BVH-3C	BVH-3 N' extremo w/o ss (21-225)	59	pET-32 c(+)
OCRR487- OCRR488	BVH-11M	BVH-11 w/o ss (20-840)	60	pCMV-GH
HAMJ251- OCRR487	BVH-11A	BVH-11 N' extremo w/o ss (20-353)	61	pET-32 c (+)
HAMJ171- OCRR488	BVH-11B	BVH-11 C' extremo (354- 840)	62	pET-32 a(+)
HAMJ264- OCRR488	BVH-11C	BVH-11 C' extremo (228- 840)	63	pET-32a(+)
HAMJ278- HAMJ279	NEW1	BVH-3 C' extremo (472-1039)	64	pET-21b(+)
HAMJ278- HAMJ280	NEW2	BVH-3 C' extremo (472- 800)	65	pET-21b(+)
HAMJ281- HAMJ279	NEW3	BVH-3 C' extremo (800- 1039)	66	pET-21b(+)
HAMJ284- HAMJ285	NEW4	BVH-11 C' extremo (286- 840)	67	pET-21d(+)
HAMJ284- HAMJ286	NEW5	BVH-11 interno (286- 713)	68	pET-21d(+)
HAMJ287- HAMJ288	NEW6	BVH-11 interno (672- 792)	69	pET-21d(+)
HAMJ285- HAMJ289	NEW7	BVH-11 interno (709- 840)	70	pET-21d(+)
HAMJ284- HAMJ290	NEW8	BVH-11 interno (286- 511)	71	pET-21d(+)
HAMJ286- HAMJ291	NEW9	BVH-11 interno (511- 713)	72	pET-21d(+)
HAMJ160- HAMJ186	BVH-11-2M	BVH-11-2 w/o ss (20-838)	73	pSL301
HAMJ292- HAMJ293	NEW10	BVH-11-2 C' extremo (271-838)	74	pET-21d(+)
HAMJ293- HAMJ294	NEW11	BVH-11-2 C' extremo (699- 838)	75	pET-21d(+)
HAMJ282- HAMJ283	BVH-11B	BVH-11 C' extremo (354- 840)	62	pET-21b(+)

(Cont.)

HAMJ286- HAMJ297	NEW14	BVH-11-2 interno (227- 699)	77	pET-21d(+)
HAMJ300- HAMJ313	NEW15	BVH-3 N' extremo w/o ss (21-800)	78	pET-21b(+)
HAMJ301- HAMJ302	NEW16	BVH-11 N' extremo w/o ss (20-709)	79	pET-21d(+)

**Ejemplo 9**

Este ejemplo describe el aislamiento de anticuerpos monoclonales (Mabs) y el uso de los Mabs para caracterizar los epítomos de proteínas de BVH-3, BVH-11 y BVH-11-2.

Ratones hembra BALB/c (Charles River) se inmunizaron por vía subcutánea con productos de los genes BVH-3, BVH-11 o BVH-11-2 de S. pneumoniae cepa SP64 en presencia de 15 µg de adyuvante QuilA (Laboratorios Cedarlane Ltd, Hornby, Canadá). Un conjunto de ratones (experimento de fusión 1) se inmunizaron el día 1 y 14 con 25 µg de proteína de fusión tioredoxina- His•Tag-BVH-3M purificada por afinidad. Se inmunizó un segundo grupo de ratones (experimento de fusión 2) tres veces a intervalos de tres semanas con 25 µg de tioredoxina-His•Tag-BVH-11M purificada por afinidad. Un tercer grupo de ratones (experimento de fusión 3) se inmunizó el día 1 y día 15 con 25 µg de proteína de fusión tioredoxina-His•Tag-BVH-11-2M purificada por afinidad. Un cuarto grupo de ratones (experimento de fusión 4) se inmunizó el día 1 con 25 µg de proteína de fusión tioredoxina-His•BVH-11B purificada por afinidad y se volvieron a inmunizar mediante inyección intravenosa el día 16 y el día 37 con BVH-11B recombinante en PBS. Tres a cuatro días antes de la fusión, a los ratones se les inyectó por vía intravenosa con 25 µg del antígeno respectivo suspendido en PBS solo. Se produjeron hibridomas mediante la fusión de células de bazo con células de mieloma SP2/0 no secretoras como se ha descrito previamente por J. Hamel et al. [J. Med. Microbiol., 23, p 163 - 170 (1987)]. Los sobrenadantes de cultivo de los hibridomas se seleccionaron inicialmente mediante inmunoensayo ligado a enzimas de acuerdo con el procedimiento descrito por Hamel et al. (Supra) usando placas revestidas con preparaciones de proteínas recombinantes purificadas o suspensiones de células de S. pneumoniae eliminadas por calor. Los hibridomas positivos seleccionados en la base de reactividad de ELISA con una diversidad de de antígenos se clonaron después mediante diluciones limitantes, se expandieron y se congelaron.

Se ensayaron los hibridomas mediante ELISA o inmunotransferencia tipo Western contra los productos génicos de BVH-3 y BVH-11 con el fin de caracterizar los epítomos reconocidos por los Mabs. BVH-3 y BVH-11 compartían epítomos comunes con 6 Mabs (H3-1-F9, H3-1-D4, H3-1-H12, H11- 1-E7, H11-1-H10 y H11-1.1-G11) que muestran reactividades con ambas proteínas (Tabla 4). Las moléculas de BVH-11 y BVH-11-2 de S. pneumoniae SP64 compartían epítomos comunes sobre BVH-3 con los Mabs (3A1, 13C11, 10H10, 1D8, 10G9, 10A2, 3E8, 10D7, 2H7 y 6H7) reactivos con tanto, las proteínas recombinantes BVH-11 como BVH-11-2, (Tabla 5) .

Tabla 4. Reactividad de Mabs BVH-3-inmunorreactivos con un panel de productos génicos BVH-3 y BVH-11

MAbs	a. Inmunorreactividad con						
	BVH-3M 21-1039	BVH-3A 21-509	BVH-3B 512-1039	BVH-3C 21-225	NEW2 472-800	NEW3 800-1039	BVH-11M 20-840
H3-1-F9	+	+	-	+	-	-	+
H3-1-D4	+	+	-	+	-	-	+
H3-1-H12	+	+	-	+	-	-	+
H3-2-G2	+	+	-	-	-	-	-
H3-3-A1	+	+	-	-	-	-	-
H3-4-D3	+	-	+	-	-	+	-
H11-1-E7	+	+	-	+	-	-	+
H11-1-H10	+	+	-	+	-	-	+
H11-1.1- G11	+	+	-	+	+	-	+

Tabla 5. Reactividad de Mabs inducidos contra la proteína BVH-11-2 de *S. pneumoniae* cepa SP64 con un panel de productos génicos de BVH-11

Mabs <sup>a</sup>	b. Inmunorreactividad con							
	C. Productos BVH-11				d. Productos BVH-11-2			
	BVH-11M 20-840	NEW8 286-511	NEW9 511-713	BVH-11B 354-840	BVH-11-2 20-838	NEW10 271-838	NEW11 699-838	NEW14 227-699
3A1	+	+	-	+	+	+	-	+
13C1	+	+	+	+	+	+	-	+
10H10	+	+	+	+	+	+	-	+
1D8	+	+	-	+	+	+	-	+
10G9	+	-	-	+	+	+	-	+
10A2	+	-	-	+	+	+	-	+
3E8	+	-	-	+	+	+	-	+
10D7	+	-	-	+	+	+	-	+
2H7	+	-	-	-	+	-	-	-
6H7	+	-	-	-	+	-	-	-
3A4	-	-	-	-	+	+	+	-
14H6	-	-	-	-	+	+	+	-
7G2	-	-	-	-	+	+	-	+
13H10	-	-	-	-	+	-	-	+
7E8	-	-	-	-	+	-	-	-
7H6	-	-	-	-	+	-	-	-
<sup>a</sup> Mabs enumerados en esta tabla no eran reactivos con la molécula recombinante de BVH-3								

- 5 Los resultados obtenidos a partir de los estudios de los Mabs (Tabla 4 y Tabla 5) están de acuerdo con las secuencias de proteínas derivadas de las secuencias génicas respectivas. De hecho los Mabs de reacción cruzada con las moléculas de BVH-3 y BVH-11 proteína de BVH-3C reconocida correspondiente a la región conservada, y los Mabs específicos de BVH-11 y BVH-11-2 eran reactivos con los epítopos localizados en las partes variables de estas moléculas. BVH-3 y BVH-11, y BVH-11 y BVH-11-2 se pueden distinguir de su reactividad con Mabs.

### Ejemplo 10

- 10 Este ejemplo ilustra la expresión simultánea de los productos génicos de BVH-3 y BVH-11 por *S. pneumoniae*.

- Se usó una técnica de transferencia tipo Western para investigar si los genes de BVH-3 y BVH-11 se expresaron en *S. pneumoniae*. *S. pneumoniae* cepa SP64 y SP63 se hicieron crecer durante toda una noche a 37°C en 5% de CO<sub>2</sub> sobre placas de agar clorato, las bacterias se suspendieron en PBS y se eliminaron por calor a 56°C durante 20 min. Para la preparación de antígenos, las suspensiones de *S. pneumoniae* se trataron con tampón de muestra que contenía SDS y 2-mercaptoetanol durante 5 min a 100°C. Se resolvieron antígenos de proteínas neumocócicas mediante electroforesis de SDS-PAGE de acuerdo con el procedimiento de Laemmli [Nature, 227, p. 680 - 685 (1970)]. Después de SDS-PAGE, las proteínas se transfirieron de manera electroforética a partir del gel a papel de nitrocelulosa mediante el procedimiento de Towbin [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 76, p. 4350 - 4354 (1979)] y se probó con antisuero de ratón o anticuerpos monoclonales. La detección de antígenos reactivos con los anticuerpos se realizó mediante inmunoensayo de enzimas usando inmunoglobulinas anti - ratón conjugadas y un sustrato de color. Cuando el antisuero inducido al BVH-3 recombinante se ensayó contra los antígenos *S. pneumoniae* SP64, se detectaron dos bandas que tenían pesos moleculares aparentes de 127 kDa y 99 kDa. Las bandas que tenían los mismos pesos moleculares aparentes también se detectaron cuando los Mabs H3-1-F9, H3-1-D4, H3-1-H12, H11-1-E7, H11-1-H10 y H11-1.1-G11 se usaron de manera individual como sondas inmunológicas. Por el contrario los Mabs específicos para la molécula detectada de BVH-3 solamente la banda de 127 kDa y los Mabs específicos para BVH-11 detectaron la banda de 99 kDa confirmando así solamente de esta manera la identidad de las bandas de 127 y 99 kDa como BVH-3 y BVH-11, respectivamente. Estos estudios proporcionaron la evidencia que las proteínas BVH-3 y BVH-11 están simultáneamente presentes en *S. pneumoniae*. Además los resultados son consistentes con las observaciones previas de los investigadores en que BVH-3 y BVH-11 poseen epítopos que son comunes para tanto las proteínas como los epítopos que son exclusivos a cualquier otra proteína.

En *S. pneumoniae* SP64, BVH-3, BVH-11 y BVH-11-2 maduras son proteínas de 1019, 821 y 819 aminoácidos con peso molecular de predicho de 112,5 kDa, 92,4 kDa, y 91,7 kDa, respectivamente. Aunque existe una discrepancia

entre el peso molecular predicho de la secuencia y el peso molecular calculado en SDS-PAGE, BVH-3 se puede distinguir entre BVH-11 mediante su peso molecular mayor. Además, las moléculas BVH-3 de *S. pneumoniae* cepa SP63 tienen un peso molecular aparente de 112 kDa en SDS-PAGE comparado con 127 kDa para BVH-3 de la cepa SP64. Estos datos son consistentes con la supresión de un tramo de 177 restos de aminoácidos en BVH-3 de *S. pneumoniae* cepa SP63.

### Ejemplo 11

Este ejemplo describe la protección conferida en la infección experimental de ratones vacunados con productos génicos recombinantes de BVH-3 o BVH-11.

Grupos de 7 u 8 ratones hembra BALB/c (Charles River) se inmunizaron por vía subcutánea tres veces a intervalos de tres semanas con o bien proteína de fusión thioredoxin-His•Tag-BVH-3M purificada por afinidad, proteína de fusión thioredoxina- His•Tag-BVH-11M purificada por afinidad o, como control, con adyuvante Qui1A solo en PBS. Doce a 14 días después de la tercera inmunización, los ratones se expusieron por vía intravenosa con la cepa WU2 de *S. pneumoniae* o por vía intranasal con la cepa P4241. Las muestras del inóculo de desafío de *S. pneumoniae* se sembraron sobre placas de agar chocolate para determinar las UFC y para verificar la dosis de desafío. La dosis de desafío era aproximadamente  $10^6$  UFC. Se registraron las muertes durante un período de 14 días y el día 14 después de la exposición, los ratones supervivientes se sacrificaron y se ensayaron las muestras de sangre para determinar la presencia de organismos de *S. pneumoniae*. Los datos de supervivencia se muestran en las Tablas 6 y 7.

Tabla 6. Protección mediada por las proteínas de BVH-3M y BVH-11M recombinantes en infección experimental con *S. pneumoniae* WU2 virulento

Experimento	Inmunógeno	Vivos : Muertos <sup>a</sup>	Mediana de días de supervivencia
1	1 BVH-3M	8 : 0	> 14
	ninguno	0 : 8	1
2	2 BVH-11M	8 : 0	> 14
	ninguno	0 : 8	1
<sup>a</sup> El número de ratones vivos : el número de ratones muertos del día 14 después de la exposición			

Tabla 7. Protección mediada por las proteínas de BVH-3M y BVH-11M recombinantes en neumonía experimental con *S. pneumoniae* P4241 virulento

Experimento	Inmunógeno	Vivos : Muertos <sup>a</sup>	Mediana de días de supervivencia
1	BVH-3M	6 : 1	> 14
	ninguno	1 : 7	4,5
2	BVH-3M	8 : 0	> 14
	BVH-11M	8 : 0	> 14
	ninguno	0 : 8	4
<sup>a</sup> El número de ratones vivos : el número de ratones muertos el día 14 después de la exposición			

Todos los ratones inmunizados con proteína BVH-3M o BVH-11M recombinante sobrevivieron a la infección con WU2 mientras ninguno de los ratones de control a los que se les proporcionó adyuvante solo sobrevivieron. Todos los ratones excepto uno inmunizados con proteína BVH-3M o BVH-11M recombinante sobrevivieron a la infección con P4241 mientras solamente uno de los ratones de control a los que se proporcionó adyuvante solo sobrevivió. Todos los hemocultivos de los ratones que sobrevivieron eran negativos el día 14 después de la exposición. Estos resultados claramente indican que tanto BVH-3M como BVH-11M, inducen respuestas inmunológicas anti-neumocócicas protectoras en ratones. El hecho que estas proteínas están altamente conservadas entre aislamientos de *S. pneumoniae* enfatiza el potencial de BVH-3 y BVH-11 como candidatos de vacunas universales. De hecho, las proteínas BVH-3 y BVH-11 del serogrupo 6 de *S. pneumoniae* cepa SP64 inducían protección contra infecciones neumocócicas con cepas de diferentes serotipos capsulares.

De manera ideal, una vacuna que podría proteger contra enfermedad neumocócica, podría proteger contra meningitis, otitis media, bacteriemia y neumonía. BVH-3 y BVH-11 eran protectoras contra modelos de infección sistémicos y de neumonía letal sugiriendo de esta manera que, en seres humanos, las vacunas basadas en proteína de BVH-3- y BVH-11- podrían reducir la incidencia de un amplio espectro de enfermedades provocadas por virtualmente todos los *S. pneumoniae* independientemente del serotipo capsular.



Los datos de las tablas 6 y 7 demuestran claramente que BVH-3 y BVH-11 eran, ambas, moléculas que inducen protección de *S. pneumoniae*. Sin embargo, no se conocía, si la protección se puede mediar mediante secuencias específicas que no se compartían sobre las moléculas de BVH-3 y BVH-11. Grupos de ratones hembras BALB/c (Charles River) se inmunizaron por vía subcutánea dos veces a intervalos de tres semanas con o bien proteína de fusión tioredoxina-His•Tag- BVH-3AD, -BVH-3B -BVH-3C purificada por afinidad en presencia de 15 µg de adyuvante QuilA (Cedarlane Laboratories Ltd, Hornby, Canadá). Se inmunizaron ratones de control con adyuvante QuilA solo en PBS o proteína de fusión tioredoxina-His•Tag o tioredoxina-His•Tagf (His-Thio) purificada por afinidad en presencia de Qui1A.

Para determinar la capacidad protectora de un conjunto de proteínas truncadas, denominadas NEW4, NEW5, NEW6, NEW7, NEW8, NEW9, NEW10, NEW11, NEW14 y BVH-11B, grupos de ratones hembra BALB/c (Charles River) se inmunizaron por vía subcutánea dos veces a intervalos de tres semanas con 25 µg de cualquier proteína de fusión His•Tag-purificada por afinidad en presencia de 15 µg adyuvante QuilA. Diez a 14 días después de la última inmunización, los ratones se expusieron con *S. pneumoniae* virulento. Los resultados de los investigadores indican que, BVH-3B, una molécula de BVH-3 truncada de los aminoácidos 512 - 1039, inducían protección contra las cepas WU2 y P4241 virulentas para los ratones. De manera similar, moléculas BVH-11B, NEW4 y NEW5, tres moléculas de BVH-11 truncadas que constan de los aminoácidos 354 - 840, aminoácidos 286 - 840 y aminoácidos 286 - 713, respectivamente, inducían protección contra la exposición intravenosa experimental con WU2 y exposición intranasal con P4241. Además, la vacunación con NEW10 y NEW14, que constan de los aminoácidos 272 - 838 y aminoácidos 227 - 699 de la molécula de BVH-11-2 también dio como resultado protección contra la muerte con las cepas neumocócicas. Estos resultados indican que la región que comprende 428 aminoácidos que se extiende desde los aminoácidos 286 - 713 y aminoácidos 272 - 699 sobre *S. pneumoniae* SP64 BVH-11 y BVH-11-2 secuencias de proteínas, respectivamente, contiene epítomos protectores. Esta región está altamente conservada con una identidad global del 91% y 94% de homología entre trece secuencias de proteína de BVH-11.

Tabla 8. Evaluación de la protección inducida por la vacunación de ratones con los productos génicos de BVH-3 y BVH-11

Experimento	Inmunógeno	Exposición a WU2		Exposición con P4241	
		Vivos : Muertos <sup>a</sup>	Mediana de días de supervivencia	Vivos : Muertos	Mediana de días de supervivencia
1 <sup>o</sup>	Ninguno	0 : 8	1, 5	1 : 7	4,5
	NEW4	8 : 0	> 14	8 : 0	> 14
	NEW5	8 : 0	> 14	8 : 0	> 14
	NEW7	0 : 8	2	0 : 8	5
	BVH-11M	8 : 0	> 14	8 : 0	>14
2 <sup>o</sup>	Ninguno	0 : 8	1	0 : 8	4
	NEW5	8 : 0	> 14	8 : 0	> 14
	NEW8	0 : 8	1,5	0 : 8	5,5
	NEW9	3 : 5	3,5	2 : 6	7
	BVH-11M	8 : 0	> 14	8 : 0	>14
3 <sup>o</sup>	Ninguno	0 : 8	1	0 : 8	4
	NEW6	0 : 8	1	4 : 4	10,5 <sup>c</sup>
	NEW10	8 : 0	> 14	8 : 0	> 14
	NEW11	0 : 8	1,5	1 : 7	6
	BVH-11M	8 : 0	> 14	8 : 0	>14
4 <sup>o</sup>	Ninguno	0 : 8	2	0 : 8	4
	BVH-11B	7 : 1	> 14	8 : 0	> 14
	NEW 14	8 : 0	> 14	8 : 0	>14
5	His-tio	0 : 8	2		
	BVH-3AD	1 : 7	2,5		
	BVH-3B	5 : 3	> 14		
6	His-tio	0 : 8	1		

	BVH-3C	0.8	1	
<sup>a</sup> El número de ratones vivos : el número de ratones muertos el día 14 después de la exposición. <sup>b</sup> La dosis de exposición WU2 era 10 <sup>5</sup> UFC. <sup>c</sup> A los ratones que viven más de 14 días se les asignaron un tiempo de supervivencia de 14 días para la determinación de valores medios.				

### Ejemplo 12

Este ejemplo describió la clonación y expresión de un gen quimérico que codifica un polipéptido quimérico que corresponde con la región carboxi terminal de BVH-3 en fusión en el extremo C' de la región carboxi terminal de BVH-11 y la protección aditiva observada después de la vacunación con un polipéptido quimérico.

Está claro a partir de los estudios descritos anteriormente que BVH-3 y BVH-11 son serológicamente moléculas distintas presentes de manera simultánea sobre *S. pneumoniae*. Los resultados de estudios inmunológicos de ratones indican que ambas proteínas son buenos candidatos de vacunas. Estas proteínas tienen el potencial de proporcionar protección contra todos los neumococos, independientemente del serotipo. Incluso aunque las dos proteínas comparten epítomos y secuencias, tienen características diferentes y pueden tener diferentes funciones biológicas. De este modo, la inmunización contra las dos proteínas puede proporcionar un nivel de protección mayor que la impartida por cada uno de ellos individualmente. Para examinar esto, varias avenidas donde BVH-3 de longitud completa o truncada y BVH-11 se administran en combinación o conjuntamente se pueden explorar. En el presente documento los inventores describen la modificación por ingeniería genética de un gen de fusión BVH-3-BVH-11 y proteína, denominado NEW12 (SEC ID N°76 y SEC ID N°58, respectivamente), y el uso potencial de la proteína NEW12 como una vacuna. Los fragmentos génicos de BVH-3 y BVH-11 que corresponden al extremo de los genes se amplificaron mediante la PCR usando pares de oligonucleótidos modificados por ingeniería genética para amplificar los fragmentos que se extienden sobre los nucleótidos 1414 a 3117 (SEC ID N° 1) y los nucleótidos 1060 a 2520 (SEC ID N° 3) de los genes de BVH-3 y BVH-11 de *S. pneumoniae* cepa SP64, respectivamente. Los cebadores usados, HAMJ278 y HAMJ279; HAMJ282 y HAMJ283 tenían un sitio de endonucleasa de restricción en el extremo 5', permitiendo por lo tanto la clonación direccional en fase del producto amplificado en el vector de plásmido pET21b(+) digerido (Tabla 2). Los productos amplificados por la PCR se digirieron por endonucleasas de restricción y se ligaron al vector pET21b(+) de plásmido linealizado digerido de manera similar. Las construcciones de plásmido resultantes se confirmaron mediante análisis de secuencia de nucleótidos. El plásmido pET21b(+) recombinante que contiene el producto NdeI-HindIII BVH-3 PCR se linealizó mediante digestión con las enzimas de restricción HindIII y NotI para la clonación en fase del fragmento de ADN HindIII-NotI obtenido a partir del vector pET21(+) recombinante que contiene el fragmento génico de BVH-11. Se estabilizaron primero los clones en *E. coli* DH5α antes de la introducción en *E. coli* BL21(ΔDE3) para la expresión de una molécula de proteína neumocócica quimérica. El polipéptido quimérico recombinante, denominado NEW 12, se expresó como fusión C-terminal con una His-tag. La proteína recombinante expresada NEW 12 se purificó a partir de las fracciones sobrenadantes obtenidas a partir de la centrifugación se cultivos de *E. coli* inducidos por IPTG usando una resina de quelación de metales His-Bind (QIAGEN, Chatsworth, CA).

De acuerdo con el mismo procedimiento descrito anteriormente, es posible construir otros polipéptidos quiméricos, como resultado de la expresión simultánea de New 1 y New 4, New 1 y New 5, New 1 y New 10, o New 1 y New 14. La construcción puede ser con New 1 cadena arriba o cadena abajo de New 4, New 5, New 10, BVH-11B o New 14. También es posible construir otros polipéptidos quiméricos como resultado de de una expresión simultánea de más de dos fragmentos de cualesquiera de los genes de BVH-3, BVH-11 o BVH-11-2.

Grupos de 8 ratones hembra BALB/c (Charles River) se inmunizaron por vía subcutánea dos veces a intervalos de tres semanas con 25 µg de proteína de fusión His-Tag- NEW1, BVH-11B o NEW12 purificada por afinidad en presencia de 15 µg de adyuvante QuilA. Diez a 14 días después de la última inmunización, los ratones se expusieron con *S. pneumoniae* virulento. Como se ha demostrado anteriormente, las moléculas de NEW1 y BVH-11B que comprenden los aminoácidos 472 a 1039 de la proteína de BVH-3 y los aminoácidos 354 - 840 de la proteína BVH-11, respectivamente, corresponden a las partes de las proteínas capaces de inducir una respuesta inmunológica protectora. Para determinar si un polipéptido quimérico mejorarían de manera significativa la protección comparado con los observados para los homólogos individuales, la dosis de desafío se ajustó de una manera que la protección no se esperaba con las moléculas de NEW1 y BVH-11B. De manera interesante, la proteína quimérica NEW12, indujo protección contra las cepas WU2 y P4241 virulentas para los ratones. Siete de 8 ratones inmunizados con NEW12 estaban todavía vivos después de 10 de la exposición mientras 28 de 32 ratones inmunizados con NEW1, BVH-11B, BVH-3M o adyuvante solo murieron 5 días después de la exposición. De este modo, la vacunación de ratones con NEW12 proporcionó el mayor grado de protección contra la exposición con WU2. Estos resultados indican que la inmunización con un polipéptido quimérico y posiblemente una combinación de los productos génicos BVH-3 y BVH-11 pueden proporcionar protección adicional a la obtenida mediante la administración de antígenos BVH-3 o BVH-11 solos.

Tabla 9. Evaluación de la protección inducida mediante vacunación de ratones con la molécula de NEW12 quimérica

	Exposición con WU2	Exposición con P4241
--	--------------------	----------------------

Inmunógeno	Vivos : Muertos <sup>a</sup>	Mediana de días de supervivencia	Vivos : Muertos	Mediana de días de supervivencia
Ninguno	0 : 8	1	0 : 8	5
NEW1	2 : 6	2	1 : 7	8
BVH-11B	1 : 7	3,5	8 : 0	> 14
NEW12	6 : 2	> 14	7 : 1	>14
BVH-3M	1 : 7	3	8 : 1	> 14

### Ejemplo 13

Este ejemplo ilustra la identificación de secuencias relacionadas con BVH-3 y BVH-11 en las especies de estreptococos diferentes de S. pneumoniae.

- 5 Se ha mostrado previamente que BVH-3, BVH-11 y BVH-11-2 son una familia de las proteínas relacionaads que comparten secuencias comunes. Las investigaciones de homología se realizaron con la secuencia de nucleótidos de la región conservada de estos genes y se comparan con las secuencias del GenBank y EMBL usando FASTA. La homología más significativa se observó con un gen de 2.469-kb que codifica una proteína calculada de 92-kDa (**SEC ID N° 81**) de función desconocida en S. agalactiae también llamado grupo B de streptococcus o GBS. El gen se denominó BVH-71. Una proteína que demuestra un 99,2% de identidad y 99.5% de similitud con la de GBS también se identificó en S. pyogenes también llamado grupo A de Streptococcus o GAS (**SEC ID N° 83**). La región 5' de las secuencias BVH-71 (**SEC ID N° 80 y SEC ID N° 82**), que se extienden sobre los nucleótidos 1 a 717, demostró un 58 y 60% de identidad con las regiones conservadas de los genes de BVH- 3 (nucleótidos 1 a 675) y BVH-11 (nucleótidos 1 a 684) respectivamente. Los primeros 239 aminoácidos de las secuencias traducidas de los marcos de lectura abiertos de GBS y GAS BVH-71 son un 51 y 54 % idénticos a 225 y 228 aminoácidos de BVH-3 y BVH-11, respectivamente. Además de las similitudes estructurales, las proteínas de estreptococos BVH-3, BVH-11 y BVH-71 también comparten epítomos antigénicos. Se reveló una banda de 97-kDa en las transferencias de Western de GAS o GBS cuyas células, que usan Mab H11-1.1-G11 reactivos con las regiones conservadas de BVH-3 y BVH-11. De manera similar, las proteínas recombinantes de BVH-71 GAS y GBS se detectaron en análisis de inmunotransferencia de tipo Western .
- 10
- 15
- 20

Estos resultados indican que las proteínas de BVH-71, BVH-3 y BVH-11 podrían compartir funciones similares. Los resultados de los investigadores también sugieren que las proteínas de BVH-71 se pueden usar como componentes de vacunas de proteínas de vacunas anti-GAS o anti-GBS.

LISTADO DE SECUENCIAS

<110> BIOCHEM PHARMA INC. HAMEL, Josée

BRODEUR, Bernard R.

PINEAU, Isabelle

5 MARTIN, Denis

RIOUX, Clément

CHARLAND, Nathalie

<120> NUEVOS ANTÍGENOS DE ESTREPTOCOCOS

<130> 12806-11PCT

10 <150> US 60/113,800

<151> 1998-12-23

<160> 102

<170> FastSEQ for Windows Versión 3.0

<210> 1

15 <211> 3120

<212> ADN

<213> S. pneumoniae

<220>

<400> 1

atg	aaa	ttt	agt	aaa	aaa	tat	ata	gca	gct	gga	tca	gct	gtt	atc	gta	48
tcc	ttg	agt	cta	tgt	gcc	tat	gca	cta	aac	cag	cat	cgt	tcg	cag	gaa	96
aat	aag	gac	aat	aat	cgt	gtc	tct	tat	gtg	gat	ggc	agc	cag	tca	agt	144
cag	aaa	agt	gaa	aac	ttg	aca	cca	gac	cag	gtt	agc	cag	aaa	gaa	gga	192
att	cag	gct	gag	caa	att	gta	atc	aaa	att	aca	gat	cag	ggc	tat	gta	240
acg	tca	cac	ggt	gac	cac	tat	cat	tac	tat	aat	ggg	aaa	gtt	cct	tat	288
gat	gcc	ctc	ttt	agt	gaa	gaa	ctc	ttg	atg	aag	gat	cca	aac	tat	caa	336
ctt	aaa	gac	gct	gat	att	gtc	aat	gaa	gtc	aag	ggt	ggt	tat	atc	atc	384
aag	gtc	gat	gga	aaa	tat	tat	gtc	tac	ctg	aaa	gat	gca	gct	cat	gct	432
gat	aat	gtt	cga	act	aaa	gat	gaa	atc	aat	cgt	caa	aaa	caa	gaa	cat	480
gtc	aaa	gat	aat	gag	aag	gtt	aac	tct	aat	gtt	gct	gta	gca	agg	tct	528
cag	gga	cga	tat	acg	aca	aat	gat	ggt	tat	gtc	ttt	aat	cca	gct	gat	576
att	atc	gaa	gat	acg	ggt	aat	gct	tat	atc	gtt	cct	cat	gga	ggt	cac	624
tat	cac	tac	att	ccc	aaa	agc	gat	tta	tct	gct	agt	gaa	tta	gca	gca	672
gct	aaa	gca	cat	ctg	gct	gga	aaa	aat	atg	caa	ccg	agt	cag	tta	agc	720
tat	tct	tca	aca	gct	agt	gac	aat	aac	acg	caa	tct	gta	gca	aaa	gga	768
tca	act	agc	aag	cca	gca	aat	aaa	tct	gaa	aat	ctc	cag	agt	ctt	ttg	816
aag	gaa	ctc	tat	gat	tca	cct	agc	gcc	caa	cgt	tac	agt	gaa	tca	gat	864
ggc	ctg	gtc	ttt	gac	cct	gct	aag	att	atc	agt	cgt	aca	cca	aat	gga	912
gtt	gcg	att	ccg	cat	ggc	gac	cat	tac	cac	ttt	att	cct	tac	agc	aag	960
ctt	tct	gct	tta	gaa	gaa	aag	att	gcc	aga	atg	gtg	cct	atc	agt	gga	1008
act	ggt	tct	aca	gtt	tct	aca	aat	gca	aaa	cct	aat	gaa	gta	gtg	tct	1056
agt	cta	ggc	agt	ctt	tca	agc	aat	cct	tct	tct	tta	acg	aca	agt	aag	1104
gag	ctc	tct	tca	gca	tct	gat	ggt	tat	att	ttt	aat	cca	aaa	gat	atc	1152
gtt	gaa	gaa	acg	gct	aca	gct	tat	att	gta	aga	cat	ggt	gat	cat	ttc	1200
cat	tac	att	cca	aaa	tca	aat	caa	att	ggg	caa	ccg	act	ctt	cca	aac	1248
aat	agt	cta	gca	aca	cct	tct	cca	tct	ctt	cca	atc	aat	cca	gga	act	1296
tca	cat	gag	aaa	cat	gaa	gaa	gat	gga	tac	gga	ttt	gat	gct	aat	cgt	1344
att	atc	gct	gaa	gat	gaa	tca	ggt	ttt	gtc	atg	agt	cac	gga	gac	cac	1392

20

# ES 2 400 280 T3

aat cat tat ttc ttc aag aag gac ttg aca gaa gag caa att aag gct	1440
gcg caa aaa cat tta gag gaa gtt aaa act agt cat aat gga tta gat	1488
tct ttg tca tct cat gaa cag gat tat cca ggt aat gcc aaa gaa atg	1536
aaa gat tta gat aaa aaa atc gaa gaa aaa att gct ggc att atg aaa	1584
caa tat ggt gtc aaa cgt gaa agt att gtc gtg aat aaa gaa aaa aat	1632
gcg att att tat ccg cat gga gat cac cat cat gca gat ccg att gat	1680
gaa cat aaa ccg gtt gga att ggt cat tct cac agt aac tat gaa ctg	1728
ttt aaa ccc gaa gaa gga gtt gct aaa aaa gaa ggg aat aaa gtt tat	1776
act gga gaa gaa tta acg aat gtt gtt aat ttg tta aaa aat agt acg	1824
ttt aat aat caa aac ttt act cta gcc aat ggt caa aaa cgc gtt tct	1872
ttt agt ttt ccg cct gaa ttg gag aaa aaa tta ggt atc aat atg cta	1920
gta aaa tta ata aca cca gat gga aaa gta ttg gag aaa gta tct ggt	1968
aaa gta ttt gga gaa gga gta ggg aat att gca aac ttt gaa tta gat	2016
caa cct tat tta cca gga caa aca ttt aag tat act atc gct tca aaa	2064
gat tat cca gaa gta agt tat gat ggt aca ttt aca gtt cca acc tct	2112
tta gct tac aaa atg gcc agt caa acg att ttc tat cct ttc cat gca	2160
ggg gat act tat tta aga gtg aac cct caa ttt gca gtg cct aaa gga	2208
act gat gct tta gtc aga gtg ttt gat gaa ttt cat gga aat gct tat	2256
tta gaa aat aac tat aaa gtt ggt gaa atc aaa tta ccg att ccg aaa	2304
tta aac caa gga aca acc aga acg gcc gga aat aaa att cct gta acc	2352
ttc atg gca aat gct tat ttg gac aat caa tcg act tat att gtg gaa	2400
gta cct atc ttg gaa aaa gaa aat caa act gat aaa cca agt att cta	2448
cca caa ttt aaa agg aat aaa gca caa gaa aac tca aaa ctt gat gaa	2496
aag gta gaa gaa cca aag act agt gag aag gta gaa aaa gaa aaa ctt	2544
tct gaa act ggg aat agt act agt aat tca acg tta gaa gaa gtt cct	2592
aca gtg gat cct gta caa gaa aaa gta gca aaa ttt gct gaa agt tat	2640
ggg atg aag cta gaa aat gtc ttg ttt aat atg gac gga aca att gaa	2688
tta tat tta cca tca gga gaa gtc att aaa aag aat atg gca gat ttt	2736
aca gga gaa gca cct caa gga aat ggt gaa aat aaa cca tct gaa aat	2784
gga aaa gta tct act gga aca gtt gag aac caa cca aca gaa aat aaa	2832
cca gca gat tct tta cca gag gca cca aac gaa aaa cct gta aaa cca	2880
gaa aac tca acg gat aat gga atg ttg aat cca gaa ggg aat gtg ggg	2928
agt gac cct atg tta gat cca gca tta gag gaa gct cca gca gta gat	2976
cct gta caa gaa aaa tta gaa aaa ttt aca gct agt tac gga tta ggc	3024
tta gat agt gtt ata ttc aat atg gat gga acg att gaa tta aga ttg	3072
cca agt gga gaa gtg ata aaa aag aat tta tct gat ttc ata gcg	3117
taa	3120

<210> 2

<211> 1039

5 <212> PRT

<213> S. pneumoniae

<400> 2

# ES 2 400 280 T3

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

# ES 2 400 280 T3

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

ES 2 400 280 T3

Phe 625	Ser	Phe	Pro	Pro	Glu 630	Leu	Glu	Lys	Lys	Leu 635	Gly	Ile	Asn	Met	Leu 640
Val	Lys	Leu	Ile	Thr 645	Pro	Asp	Gly	Lys	Val	Leu	Glu	Lys	Val	Ser	Gly 655
Lys	Val	Phe	Gly 660	Glu	Gly	Val	Gly	Asn 665	Ile	Ala	Asn	Phe	Glu 670	Leu	Asp
Gln	Pro	Tyr 675	Leu	Pro	Gly	Gln	Thr 680	Phe	Lys	Tyr	Thr	Ile 685	Ala	Ser	Lys
Asp	Tyr 690	Pro	Glu	Val	Ser	Tyr 695	Asp	Gly	Thr	Phe	Thr 700	Val	Pro	Thr	Ser
Leu 705	Ala	Tyr	Lys	Met	Ala 710	Ser	Gln	Thr	Ile	Phe 715	Tyr	Pro	Phe	His	Ala 720
Gly	Asp	Thr	Tyr	Leu 725	Arg	Val	Asn	Pro	Gln 730	Phe	Ala	Val	Pro	Lys	Gly 735
Thr	Asp	Ala	Leu 740	Val	Arg	Val	Phe 745	Asp	Glu	Phe	His	Gly 750	Asn	Ala	Tyr
Leu	Glu	Asn 755	Asn	Tyr	Lys	Val	Gly 760	Glu	Ile	Lys	Leu	Pro 765	Ile	Pro	Lys
Leu 770	Asn	Gln	Gly	Thr	Thr 775	Arg	Thr	Ala	Gly	Asn	Lys 780	Ile	Pro	Val	Thr
Phe 785	Met	Ala	Asn	Ala 790	Tyr	Leu	Asp	Asn	Gln	Ser 795	Thr	Tyr	Ile	Val	Glu 800
Val	Pro	Ile	Leu	Glu 805	Lys	Glu	Asn	Gln	Thr 810	Asp	Lys	Pro	Ser	Ile	Leu 815
Pro	Gln	Phe	Lys 820	Arg	Asn	Lys	Ala	Gln	Glu 825	Asn	Ser	Lys	Leu 830	Asp	Glu
Lys	Val	Glu 835	Glu	Pro	Lys	Thr	Ser 840	Glu	Lys	Val	Glu	Lys 845	Glu	Lys	Leu
Ser	Glu 850	Thr	Gly	Asn	Ser	Thr 855	Ser	Asn	Ser	Thr	Leu 860	Glu	Glu	Val	Pro
Thr 865	Val	Asp	Pro	Val	Gln 870	Glu	Lys	Val	Ala	Lys 875	Phe	Ala	Glu	Ser	Tyr 880
Gly	Met	Lys	Leu	Glu 885	Asn	Val	Leu	Phe	Asn 890	Met	Asp	Gly	Thr	Ile	Glu 895
Leu	Tyr	Leu 900	Pro	Ser	Gly	Glu	Val 905	Ile	Lys	Lys	Asn	Met 910	Ala	Asp	Phe
Thr	Gly 915	Glu	Ala	Pro	Gln	Gly	Asn 920	Gly	Glu	Asn	Lys	Pro 925	Ser	Glu	Asn
Gly	Lys 930	Val	Ser	Thr	Gly	Thr	Val 935	Glu	Asn	Gln	Pro	Thr 940	Glu	Asn	Lys
Pro 945	Ala	Asp	Ser	Leu	Pro	Glu	Ala	Pro	Asn	Glu 955	Lys	Pro	Val	Lys	Pro 960
Glu	Asn	Ser	Thr	Asp 965	Asn	Gly	Met	Leu	Asn 970	Pro	Glu	Gly	Asn	Val	Gly 975
Ser	Asp	Pro	Met 980	Leu	Asp	Pro	Ala	Leu 985	Glu	Glu	Ala	Pro	Ala 990	Val	Asp
Pro	Val 995	Gln	Glu	Lys	Leu	Glu	Lys 1000	Phe	Thr	Ala	Ser	Tyr 1005	Gly	Leu	Gly
Leu 1010	Asp	Ser	Val	Ile	Phe	Asn 1015	Met	Asp	Gly	Thr	Ile 1020	Glu	Leu	Arg	Leu
Pro	Ser	Gly	Glu	Val	Ile	Lys	Lys	Asn	Leu	Ser	Asp	Phe	Ile	Ala	
1025					1030					1035					



<210> 3

<211> 2523

<212> ADN

<213> S. pneumoniae

5 <220>

<221> CDS

<222> (1)...(2520)

<223> Región de codificación del gen BVH-11

<400> 3

# ES 2 400 280 T3

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

# ES 2 400 280 T3

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

# ES 2 400 280 T3

aat aaa ggt cga caa gtt gat ttt gag gct ttg gat aac ctg ttg gaa	1488
Asn Lys Gly Arg Gln Val Asp Phe Glu Ala Leu Asp Asn Leu Leu Glu	
485 490 495	
cga ctc aag gat gtc tca agt gat aaa gtc aag tta gtg gat gat att	1536
Arg Leu Lys Asp Val Ser Ser Asp Lys Val Lys Leu Val Asp Asp Ile	
500 505 510	
ctt gcc ttc tta gct ccg att cgt cat cca gaa cgt tta gga aaa cca	1584
Leu Ala Phe Leu Ala Pro Ile Arg His Pro Glu Arg Leu Gly Lys Pro	
515 520 525	
aat gcg caa att acc tac act gat gat gag att caa gta gcc aag ttg	1632
Asn Ala Gln Ile Thr Tyr Thr Asp Asp Glu Ile Gln Val Ala Lys Leu	
530 535 540	
gca ggc aag tac aca aca gaa gac ggt tat atc ttt gat cct cgt gat	1680
Ala Gly Lys Tyr Thr Thr Glu Asp Gly Tyr Ile Phe Asp Pro Arg Asp	
545 550 555 560	
ata acc agt gat gag ggg gat gcc tat gta act cca cat atg acc cat	1728
Ile Thr Ser Asp Glu Gly Asp Ala Tyr Val Thr Pro His Met Thr His	
565 570 575	
agc cac tgg att aaa aaa gat agt ttg tct gaa gct gag aga gcg gca	1776
Ser His Trp Ile Lys Lys Asp Ser Leu Ser Glu Ala Glu Arg Ala Ala	
580 585 590	
gcc cag gct tat gct aaa gag aaa ggt ttg acc cct cct tcg aca gac	1824
Ala Gln Ala Tyr Ala Lys Glu Lys Gly Leu Thr Pro Pro Ser Thr Asp	
595 600 605	
cat cag gat tca gga aat act gag gca aaa gga gca gaa gct atc tac	1872
His Gln Asp Ser Gly Asn Thr Glu Ala Lys Gly Ala Glu Ala Ile Tyr	
610 615 620	
aac cgc gtg aaa gca gct aag aag gtg cca ctt gat cgt atg cct tac	1920
Asn Arg Val Lys Ala Ala Lys Lys Val Pro Leu Asp Arg Met Pro Tyr	
625 630 635 640	
aat ctt caa tat act gta gaa gtc aaa aac ggt agt tta atc ata cct	1968
Asn Leu Gln Tyr Thr Val Glu Val Lys Asn Gly Ser Leu Ile Ile Pro	
645 650 655	
cat tat gac cat tac cat aac atc aaa ttt gag tgg ttt gac gaa ggc	2016
His Tyr Asp His Tyr His Asn Ile Lys Phe Glu Trp Phe Asp Glu Gly	
660 665 670	
ctt tat gag gca cct aag ggg tat act ctt gag gat ctt ttg gcg act	2064
Leu Tyr Glu Ala Pro Lys Gly Tyr Thr Leu Glu Asp Leu Leu Ala Thr	
675 680 685	
gtc aag tac tat gtc gaa cat cca aac gaa cgt ccg cat tca gat aat	2112
Val Lys Tyr Tyr Val Glu His Pro Asn Glu Arg Pro His Ser Asp Asn	
690 695 700	
ggt ttt ggt aac gct agc gac cat gtt caa aga aac aaa aat ggt caa	2160
Gly Phe Gly Asn Ala Ser Asp His Val Gln Arg Asn Lys Asn Gly Gln	
705 710 715 720	

# ES 2 400 280 T3

gct gat acc aat caa acg gaa aaa cca agc gag gag aaa cct cag aca	2208
Ala Asp Thr Asn Gln Thr Glu Lys Pro Ser Glu Glu Lys Pro Gln Thr	
725 730 735	
gaa aaa cct gag gaa gaa acc cct cga gaa gag aaa cca caa agc gag	2256
Glu Lys Pro Glu Glu Glu Thr Pro Arg Glu Glu Lys Pro Gln Ser Glu	
740 745 750	
aaa cca gag tct cca aaa cca aca gag gaa cca gaa gaa gaa tca cca	2304
Lys Pro Glu Ser Pro Lys Pro Thr Glu Glu Pro Glu Glu Glu Ser Pro	
755 760 765	
gag gaa tca gaa gaa cct cag gtc gag act gaa aag gtt gaa gaa aaa	2352
Glu Glu Ser Glu Glu Pro Gln Val Glu Thr Glu Lys Val Glu Glu Lys	
770 775 780	
ctg aga gag gct gaa gat tta ctt gga aaa atc cag gat cca att atc	2400
Leu Arg Glu Ala Glu Asp Leu Leu Gly Lys Ile Gln Asp Pro Ile Ile	
785 790 795 800	
aag tcc aat gcc aaa gag act ctc aca gga tta aaa aat aat tta cta	2448
Lys Ser Asn Ala Lys Glu Thr Leu Thr Gly Leu Lys Asn Asn Leu Leu	
805 810 815	
ttt ggc acc cag gac aac aat act att atg gca gaa gct gaa aaa cta	2496
Phe Gly Thr Gln Asp Asn Asn Thr Ile Met Ala Glu Ala Glu Lys Leu	
820 825 830	
ttg gct tta tta aag gag agt aag taa	2523
Leu Ala Leu Leu Lys Glu Ser Lys	
835 840	

<210> 4

<211> 840

5 <212> PRT

<213> S. pneumoniae

<400> 4

# ES 2 400 280 T3

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

ES 2 400 280 T3

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

# ES 2 400 280 T3

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

<210> 5

<211> 1581

<212> ADN

5 <213> S. pneumoniae

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(1578)

<400> 5



# ES 2 400 280 T3

atg gag aat ata gac atg ttt aaa tca aat cat gag cga aga atg cgt	48
Met Glu Asn Ile Asp Met Phe Lys Ser Asn His Glu Arg Arg Met Arg	
1 5 10 15	
tat tcc att cgt aaa ttt agt gta gga gta gct agc gta gct gtt gcc	96
Tyr Ser Ile Arg Lys Phe Ser Val Gly Val Ala Ser Val Ala Val Ala	
20 25 30	
agt ctt ttt atg gga agt gtt gta cat gcg aca gag aaa gag gga agt	144
Ser Leu Phe Met Gly Ser Val Val His Ala Thr Glu Lys Glu Gly Ser	
35 40 45	
acc caa gca gcc act tct ttt aat agg gga aat gga agt cag gca gaa	192
Thr Gln Ala Ala Thr Ser Phe Asn Arg Gly Asn Gly Ser Gln Ala Glu	
50 55 60	
caa cgt gga gaa ctc gat tta gaa cga gat aag gca atg aaa gcg gtc	240
Gln Arg Gly Glu Leu Asp Leu Glu Arg Asp Lys Ala Met Lys Ala Val	
65 70 75 80	
agt gaa tat gta gga aaa atg gtg aga gat gcc tat gta aaa tca gat	288
Ser Glu Tyr Val Gly Lys Met Val Arg Asp Ala Tyr Val Lys Ser Asp	
85 90 95	
aga aaa cga cat aaa aat act gta gct cta gtt aac cag ttg gga aac	336
Arg Lys Arg His Lys Asn Thr Val Ala Leu Val Asn Gln Leu Gly Asn	
100 105 110	

# ES 2 400 280 T3

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

# ES 2 400 280 T3

aaa cca gag gtt aaa ccg cag ccg gaa aaa cca aaa cca gag gtt aaa	1104
Lys Pro Glu Val Lys Pro Gln Pro Glu Lys Pro Lys Pro Glu Val Lys	
355 360 365	
ccg cag ccg gaa aaa cca aaa cca gag gtt aaa ccg cag ccg gaa aaa	1152
Pro Gln Pro Glu Lys Pro Lys Pro Glu Val Lys Pro Gln Pro Glu Lys	
370 375 380	
cca aaa cca gag gtt aaa ccg cag ccg gaa aaa cca aaa cca gag gtt	1200
Pro Lys Pro Glu Val Lys Pro Gln Pro Glu Lys Pro Lys Pro Glu Val	
385 390 395 400	
aaa ccg cag ccg gaa aaa cca aaa cca gag gtt aaa ccg cag ccg gaa	1248
Lys Pro Gln Pro Glu Lys Pro Lys Pro Glu Val Lys Pro Gln Pro Glu	
405 410 415	
aaa cca aaa cca gag gtt aaa ccg cag ccg gaa aaa cca aaa cca gag	1296
Lys Pro Lys Pro Glu Val Lys Pro Gln Pro Glu Lys Pro Lys Pro Glu	
420 425 430	
gtt aaa ccg caa cca gaa aaa cca aaa cca gag gtt aaa ccg caa cca	1344
Val Lys Pro Gln Pro Glu Lys Pro Lys Pro Glu Val Lys Pro Gln Pro	
435 440 445	
gaa aaa cca aaa cca gat aat agc aag cca caa gca gat gat aag aag	1392
Glu Lys Pro Lys Pro Asp Asn Ser Lys Pro Gln Ala Asp Asp Lys Lys	
450 455 460	
cca tca act aca aat aat tta agc aag gac aag caa cct tct aac caa	1440
Pro Ser Thr Thr Asn Asn Leu Ser Lys Asp Lys Gln Pro Ser Asn Gln	
465 470 475 480	
gct tca aca aac gaa aaa gca aca aat aaa ccg aag aag tca ttg cca	1488
Ala Ser Thr Asn Glu Lys Ala Thr Asn Lys Pro Lys Lys Ser Leu Pro	
485 490 495	
tca act gga tct att tca aat cta gca ctt gaa att gca ggt ctt ctt	1536
Ser Thr Gly Ser Ile Ser Asn Leu Ala Leu Glu Ile Ala Gly Leu Leu	
500 505 510	
acc ttg gcg ggg gca acc att ctt gct aag aaa aga atg aaa	1578
Thr Leu Ala Gly Ala Thr Ile Leu Ala Lys Lys Arg Met Lys	
515 520 525	
tag	1581

<210> 6

<211> 526

<212> PRT

5 <213> S. pneumoniae

<400> 6

# ES 2 400 280 T3

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

ES 2 400 280 T3

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

<210> 7

<211> 1455

<212> ADN

<213> S. pneumoniae

5 <220>

<221> CDS

<222> (1)...(1452)

<400> 7

# ES 2 400 280 T3

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

# ES 2 400 280 T3

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



ES 2 400 280 T3

aat cat tat ttc ttc aag aag gac ttg aca gaa gag caa att aag gtg 1440  
Asn His Tyr Phe Phe Lys Lys Asp Leu Thr Glu Glu Gln Ile Lys Val  
465 470 475 480

```

cgc aaa aac att tag                                     1455
Arg Lys Asn Ile

```

<210> 8

<211> 484

<212> PRT

5 <213> S. pneumoniae

<400> 8

ES 2 400 280 T3

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

# ES 2 400 280 T3

		355					360					365					
Glu	Leu	Ser	Ser	Ala	Ser	Asp	Gly	Tyr	Ile	Phe	Asn	Pro	Lys	Asp	Ile		
	370					375					380						
Val	Glu	Glu	Thr	Ala	Thr	Ala	Tyr	Ile	Val	Arg	His	Gly	Asp	His	Phe		
385					390					395					400		
His	Tyr	Ile	Pro	Lys	Ser	Asn	Gln	Ile	Gly	Gln	Pro	Thr	Leu	Pro	Asn		
				405					410					415			
Asn	Ser	Leu	Ala	Thr	Pro	Ser	Pro	Ser	Leu	Pro	Ile	Asn	Pro	Gly	Thr		
			420				425					430					
Ser	His	Glu	Lys	His	Glu	Glu	Asp	Gly	Tyr	Gly	Phe	Asp	Ala	Asn	Arg		
	435					440					445						
Ile	Ile	Ala	Glu	Asp	Glu	Ser	Gly	Phe	Val	Met	Ser	His	Gly	Asp	His		
	450				455					460							
Asn	His	Tyr	Phe	Phe	Lys	Lys	Asp	Leu	Thr	Glu	Glu	Gln	Ile	Lys	Val		
465					470					475					480		
Arg	Lys	Asn	Ile														

<210> 9

<211> 1587

<212> ADN

5 <213> S pneumoniae

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(1584)

<400> 9

# ES 2 400 280 T3

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

# ES 2 400 280 T3

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

# ES 2 400 280 T3

370	375	380	
gaa tta tat tta cca tca gga gaa gtc att aaa aag aat atg gca gat Glu Leu Tyr Leu Pro Ser Gly Glu Val Ile Lys Lys Asn Met Ala Asp 385 390 395 400			1200
ttt aca gga gaa gca cct caa gga aat ggt gaa aat aaa cca tct gaa Phe Thr Gly Glu Ala Pro Gln Gly Asn Gly Glu Asn Lys Pro Ser Glu 405 410 415			1248
aat gga aaa gta tct act gga aca gtt gag aac caa cca aca gaa aat Asn Gly Lys Val Ser Thr Gly Thr Val Glu Asn Gln Pro Thr Glu Asn 420 425 430			1296
aaa cca gca gat tct tta cca gag gca cca aac gaa aaa cct gta aaa Lys Pro Ala Asp Ser Leu Pro Glu Ala Pro Asn Glu Lys Pro Val Lys 435 440 445			1344
cca gaa aac tca acg gat aat gga atg ttg aat cca gaa ggg aat gtg Pro Glu Asn Ser Thr Asp Asn Gly Met Leu Asn Pro Glu Gly Asn Val 450 455 460			1392
ggg agt gac cct atg tta gat cca gca tta gag gaa gct cca gca gta Gly Ser Asp Pro Met Leu Asp Pro Ala Leu Glu Glu Ala Pro Ala Val 465 470 475 480			1440
gat cct gta caa gaa aaa tta gaa aaa ttt aca gct agt tac gga tta Asp Pro Val Gln Glu Lys Leu Glu Lys Phe Thr Ala Ser Tyr Gly Leu 485 490 495			1488
ggc tta gat agt gtt ata ttc aat atg gat gga acg att gaa tta aga Gly Leu Asp Ser Val Ile Phe Asn Met Asp Gly Thr Ile Glu Leu Arg 500 505 510			1536
ttg cca agt gga gaa gtg ata aaa aag aat tta tct gat ttc ata gcg Leu Pro Ser Gly Glu Val Ile Lys Lys Asn Leu Ser Asp Phe Ile Ala 515 520 525			1584
taa			1587
<210> 10			
<211> 528			
<212> PRT			
5 <213> S pneumoniae			
<400> 10			

# ES 2 400 280 T3

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

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



## ES 2 400 280 T3

<210> 11

<211> 5048

<212> ADN

<213> S. pneumoniae

5 <400> 11

aattccttgt	cgggtaagtt	ccgacccgca	cgaaaggcgt	aatgatttgg	gcactgtctc	60
aacgagagac	tcggtgaaat	tttagtacct	gtgaagatgc	aggttaccgc	cgacaggacg	120
gaaagacccc	atggagcttt	actgcagttt	gatattgagt	gtctgtacca	catgtacagg	180

ataggttagga	gtctaagaga	tcgggacgcc	agtttcgaag	gagacgctgt	tgggatacta	240
cccttggtgt	atggccactc	taaccagat	aggtgatccc	tatcggagac	agtgtctgac	300
gggcagtttg	actggggcgg	tcgcctccta	aaaggtaacg	gaggcgccca	aaggttccct	360
cagaatggtt	ggaaatcatt	cgcagagtgt	aaaggataaa	gggagcttga	ctgcgagagc	420
tacaactcga	gcagggaacg	aagtcgggct	tagtgatccg	gtggttccgt	atggaagggc	480
catcgctcaa	cggataaaa	ctaccctggg	gataacaggc	ttatctcccc	caagagttca	540
catcgacggg	gaggtttggc	acctcgatgt	cggctcgtcg	catcctgggg	ctgtagtcgg	600
tcccaaggg	tgggctgttc	gcccattaaa	gcggcacgcg	agctgggttc	agaacgtcgt	660
gagacagttc	ggtccctatc	cgtcgcgggc	gtaggaaatt	tgagaggatc	tgctcctagt	720
acgagaggac	cagagtggac	ttaccgctgg	tgtaccagtt	gtcttgccaa	aggcatcgct	780
gggtagctat	gtagggaagg	gataaacgct	gaaagcatct	aagtgtgaaa	cccacctcaa	840
gatgagattt	cccatgatta	tatatcagta	agagccctga	gagatgatca	ggtagatagg	900
ttagaagtgg	aagtgtggcg	acacatgtag	cggactaata	ctaatagctc	gaggacttat	960
ccaaagtaac	tgagaatatg	aaagcgaacg	gttttcttaa	attgaataga	tattcaattt	1020
tgagttaggt	ttactcagag	ttaagtgaacg	atagcctagg	agatacacct	gtacccatgc	1080
cgaacacaga	agttaagccc	tagaacgccg	gaagtagttg	ggggttgccc	cctgtgagat	1140
aggggaagtcg	cttagctcta	gggagtttag	ctcagctggg	agagcatctg	ccttacaagc	1200
agagggtcag	cggttcgatc	ccgttaactc	ccaaagggtcc	cgtagtgtag	cggttatcac	1260
gtcgccctgt	cacggcgaag	atcgcgggtt	cgattcccgt	cgggaccgtt	taaggtaacg	1320
caagttattt	tagactcggt	agctcagttg	gtagagcaat	tgacttttaa	tcaatgggtc	1380
actggttcga	gcccagtagc	ggtcatatat	gcgggtttgg	cggaattcta	atctctttga	1440
aatcatcttc	tctcactttc	caaaactcta	ttacctctta	ttataccaca	tttcaatctt	1500
caacttccca	gtaatatata	cacctctggc	gaaagaagtt	tcaatgtcct	aaagtaataa	1560
gtgaatccaa	ttcaggaact	ccaagaacaa	aagaaacatc	tggtgtcaca	agtattggat	1620
ggcacagagt	cacgtggtag	tctgacccta	gcagaaaattt	taaatagtaa	actattttact	1680
ggttaatttaa	atggttaaat	aaccggttta	gaaaactatt	taataaagta	aaagaagttg	1740
agaaaaaact	tcatcattta	ttgaaatgag	ggattttatga	aatttagtaa	aaaatatata	1800
gcagctggat	cagctgttat	cgtatccttg	agtctatgtg	cctatgcact	aaaccagcat	1860
cgttcgcagg	aaaataagga	caataatcgt	gtctcttatg	tggatggcag	ccagtcgaag	1920
cagaaaagt	aaaacttgac	accagaccag	gttagccaga	aagaagggaat	tcaggctgag	1980
caaattgtaa	tcaaaattac	agatcagggc	tatgtaacgt	cacacggtga	ccactatcat	2040
tactataatg	ggaaagtccc	ttatgatgcc	ctcttttagtg	aagaactctt	gatgaaggat	2100
ccaaactatc	aacttaaaga	cgctgatatt	gtcaatgaag	tcaaggggtg	ttatatcatc	2160
aaggtegatg	gaaaatatta	tgtctacctg	aaagatgcag	ctcatgctga	taagtgtcga	2220
actaaagatg	aaatcaatcg	tcaaaaacaa	gaacatgtca	aagataatga	gaaggttaac	2280
tctaattgtg	ctgtagcaag	gtctcagggg	cgatatacga	caaatgatgg	ttatgtcttt	2340
aatccagctg	atattatcga	agatacgggt	aatgcttata	tcgttccctca	tggaggtcac	2400
tatcactaca	ttcccaaaag	cgatttatct	gctagtgaat	tagcagcagc	taaagcacat	2460
ctggctggaa	aaaatatgca	accgagtcag	ttaagctatt	cttcaacagc	tagtgacaat	2520
aacacgcaat	ctgtagcaaa	aggatcaact	agcaagccag	caaataaatc	tgaaaatctc	2580
cagagtcttt	tgaaggaact	ctatgattca	cctagcgccc	aacgttacag	tgaatcagat	2640
ggcctgggtc	ttgaccctgc	taagattatc	agtcgtacac	caaattggagt	tgcgattccg	2700
catggcgacc	attaccactt	tattccttac	agcaagcttt	ctgcttttaga	agaaaagatt	2760
gccagaatgg	tgccatcag	tggaaactgt	tctacagttt	ctacaaatgc	aaaacctaat	2820
gaagtagtgt	ctagtctagg	cagtctttca	agcaatcctt	cttctttaac	gacaagtaag	2880
gagctctctt	cagcatctga	tggttatatt	tttaatccaa	aagatatcgt	tgaagaaacg	2940
gctacagctt	atattgtaag	acatgggtgat	catttccatt	acattccaaa	atcaaatcaa	3000
attgggcaac	cgactcttcc	aaacaatagt	ctagcaacac	cttctccatc	tcttccaatc	3060
aatccaggaa	cttcacatga	gaaacatgaa	gaagatggat	acggatttga	tgctaactgt	3120
attatcgctg	aagatgaatc	aggttttgtc	atgagtcacg	gagaccacaa	tcattatttc	3180
ttcaagaagg	acttgacaga	agagcaaatt	aaggctgcgc	aaaaacattt	agaggaagtt	3240
aaaactagtc	ataatggatt	agattctttg	tcatctcatg	aacaggatta	tccaggtaat	3300
gccaaagaaa	tgaagatttt	agataaaaaa	atcgaagaaa	aaattgctgg	cattatgaaa	3360
caatatgggtg	tcaaacgtga	aagtattgtc	gtgaataaag	aaaaaaatgc	gattattttat	3420
ccgcatggag	atcaccatca	tgcagatccg	attgatgaac	ataaaccggt	tgggaattggt	3480
cattctcaca	gtaactatga	actgttttaa	cccgaagaag	gagttgctaa	aaaagaaggg	3540
aataaagttt	atactggaga	agaattaacg	aatgttggtta	atttgttaaa	aaatagtacg	3600
tttaataatc	aaaactttac	tctagccaat	ggtcaaaaaa	gcgtttcttt	tagttttccg	3660
cctgaatttg	agaaaaaatt	aggatcaaat	atgctagtaa	aattaataac	accagatgga	3720
aaagtaattg	agaaagtatc	tggtaaagta	tttggaagaag	gagtagggaa	tattgcaaac	3780
tttgaattag	atcaacctta	tttaccagga	caaacattta	agtatactat	cgcttcaaaa	3840

# ES 2 400 280 T3

gattatccag	aagtaagtta	tgatggtaca	tttacagttc	caacctcttt	agcttacaaa	3900
atggccagtc	aaacgatttt	ctatcctttc	catgcagggg	atacttattt	aagagtgaac	3960
cctcaatttg	cagtgcctaa	aggaactgat	gctttagtca	gagtgtttga	tgaatttcat	4020
ggaaatgctt	atttagaaaa	taactataaa	gttggtgaaa	tcaaattacc	gattccgaaa	4080
ttaaaccaag	gaacaaccag	aacggccgga	aataaaattc	ctgtaacctt	catggcaaat	4140
gcttatttgg	acaatcaate	gacttatatt	gtggaagtac	ctatcttgga	aaaagaaaat	4200
caaactgata	aaccaagtat	tctaccacaa	tttaaaagga	ataaagcaca	agaaaactca	4260
aaacttgatg	aaaaggtaga	agaaccaaag	actagtgaga	aggtagaaaa	agaaaaactt	4320
tctgaaactg	ggaatagtac	tagtaattca	acgttagaag	aagttcctac	agtggatcct	4380
gtacaagaaa	aagtagcaaa	atttgctgaa	agttatggga	tgaagctaga	aaatgtcttg	4440
tttaatatgg	acggaacaat	tgaattatat	ttaccatcag	gagaagtcac	taaaaagaat	4500
atggcagatt	ttacaggaga	agcacctcaa	ggaaatggtg	aaaataaacc	atctgaaaat	4560
ggaaaagtat	ctactggaac	agttgagaac	caaccaacag	aaaataaacc	agcagattct	4620
ttaccagagg	caccaaacga	aaaacctgta	aaaccagaaa	actcaacgga	taatggaatg	4680
ttgaatccag	aagggaatgt	ggggagtgac	cctatgttag	atccagcatt	agaggaagct	4740
ccagcagtag	atcctgtaca	agaaaaatta	gaaaaattta	cagctagtta	cggattaggc	4800
ttagatagtg	ttatattcaa	tatggatgga	acgattgaat	taagattgcc	aagtggagaa	4860
gtgataaaaa	agaatttatc	tgatttcata	gcgtaaggaa	tagcagtaga	aaaagtctga	4920
atcaaaaatg	aagttctctc	aaaagttaga	aataaaactc	tgactttggg	agaatttcat	4980
tttattatta	atatataaaa	tttcttgaca	tacaacttaa	aaagaggtgg	aatattttact	5040
agttaatt						5048

<210> 12

<211> 2647

<212> ADN

5 <213> S. pneumoniae

<400> 12

# ES 2 400 280 T3

cagagatctt	agtgaatcaa	atatacttaa	gaaaagagga	aagaatgaaa	atcaataaaa	60
aatatctagc	tgggtcagta	gtacacttg	ttttaagtgt	ctgtgcttat	gaactaggtt	120
tgcatacaagc	tcaaactgta	aaagaaaata	atcgtgtttc	ctatatagat	ggaaaacaag	180
cgacgcaaaa	aacggagaat	ttgactcctg	atgaggtttag	caagcgtgaa	ggaatcaacg	240
ccgaacaaat	cgatcatcaag	attacggatc	aaggttatgt	gacctctcat	ggagaccatt	300
atcattacta	taatggcaag	gtcccttatg	atgccatcat	cagtgaagag	ctcctcatga	360
aagatccgaa	ttatcagttg	aaggattcag	acattgtcaa	tgaaatcaag	ggtggttatg	420
tcattaaggt	aaacggtaaa	tactatgttt	accttaagga	tgagctcat	gcggataatg	480
tccgtacaaa	agaagaaatc	aatcgcaaaa	aacaagaaca	tagtcagcat	cgtgaaggag	540
ggacttcagc	aaacgatggt	gcggtagcct	ttgcacgttc	acagggacgc	tacaccacag	600
atgatggtta	tatcttcaat	gcattctgata	tcacgaaga	tacggcgat	gcctatatcg	660
ttcctcatgg	agatcattac	cattacattc	ctaagaatga	gttatcagct	agcgagttgg	720
ctgctgcaga	agccttcccta	tctggctcggg	aaaatctgtc	aaatttaaga	acctatcgcc	780
gacaaaatag	cgataacact	ccaagaacaa	actgggtacc	ttctgtaagc	aatccaggaa	840
ctacaaatac	taacacaagc	aacaacagca	acactaacag	tcaagcaagt	caaagtaatg	900
acattgatag	tctcttgaaa	cagctctaca	aactgccttt	gagtcaacgc	catgtagaat	960
ctgatggcct	tattttcgac	ccagcgcaaa	tcacaagtcg	aaccgccaga	ggtgtagctg	1020
tcctcatgg	taaccattac	cactttatcc	cttatgaaca	aatgtctgaa	ttggaaaaac	1080
gaattgctcg	tattattccc	cttcgttatc	gttcaaacca	ttgggtacca	gattcaagac	1140
cagaagaacc	aagtccacaa	ccgactccag	aacctagtcc	aagtcgcgaa	cctgcaccaa	1200
atcctcaacc	agctccaagc	aatccaattg	atgagaaatt	ggtcaaagaa	gctgttcgaa	1260
aagtaggcga	tggttatgtc	tttgaggaga	atggagtttc	tcgttatatc	ccagccaaga	1320
atctttcagc	agaaacagca	gcaggcattg	atagcaaact	ggccaagcag	gaaagtttat	1380
ctcataagct	aggagctaag	aaaactgacc	tcccatctag	tgatcgagaa	ttttacaata	1440
aggcttatga	cttactagca	agaattcacc	aagatttact	tgataataaa	ggtcgacaag	1500
ttgattttga	ggctttggat	aacctgttgg	aacgactcaa	ggatgtctca	agtgataaag	1560
tcaagttagt	ggatgatatt	cttgcccttc	tagctccgat	tcgtcatcca	gaacgtttag	1620
gaaaaccaaa	tgcgcaaatt	acctacactg	atgatgagat	tcaagtagcc	aagttaggcag	1680
gcaagtacac	aacagaagac	ggttatatct	ttgatcctcg	tgatataacc	agtgatgagg	1740
gggatgccta	tgtaactcca	catatgaccc	atagccactg	gattaaaaaa	gatagtttgt	1800
ctgaagctga	gagagcgga	gccaggcctt	atgctaaaga	gaaaggtttg	acccctcctt	1860
cgacagacca	tcaggattca	ggaaatactg	aggcaaaagg	agcagaagct	atctacaacc	1920
gcgtgaaagc	agctaagaag	gtgccacttg	atcgtatgcc	ttacaatctt	caatatactg	1980
tagaagtcaa	aaacggtagt	ttaatcatac	ctcattatga	ccattaccat	aacatcaaat	2040
ttgagtgggt	tgacgaaggc	ctttatgagg	cacctaaagg	gtatactctt	gaggatcttt	2100
tggcgactgt	caagtactat	gtcgaacatc	caaacgaacg	tccgcattca	gataatgggt	2160
ttggtaacgc	tagcgaccat	gttcaaagaa	acaaaaatgg	tcaagctgat	accaatcaaa	2220
cggaaaaaacc	aagcgaggag	aaacctcaga	cagaaaaaacc	tgaggaagaa	acccctcgag	2280
aagagaaacc	acaaagcgag	aaaccagagt	ctccaaaacc	aacagaggaa	ccagaagaag	2340
aatcaccaga	ggaatcagaa	gaacctcagg	tcgagactga	aaaggttgaa	gaaaaactga	2400
gagaggctga	agatttactt	ggaaaaatcc	aggatccaat	tatcaagtcc	aatgccaaag	2460
agactctcac	aggattaaaa	aataatttac	tatttggcac	ccaggacaac	aatactatta	2520
tggcagaagc	tgaaaaacta	ttggctttat	taaaggagag	taagtaaagg	tagcagcatt	2580
ttctaactcc	taaaaacagg	ataggagaac	gggaaaacga	aaaatgagag	cagaatgtga	2640
gttctag						2647

<210> 13

<211> 2639

5 <212> ADN

<213> S. pneumoniae

<220>

<221> CDS

<222> (114)...(2627)

# ES 2 400 280 T3

<400> 13

gggtctttaa	actctgaatc	ctttagaggc	agaccacaa	aatgacaaga	cctatttaga	60
aaatctggaa	gaaaatatga	gtgttctagc	agaagaatta	aagtgaggaa	aga atg	116
					Met	
					1	
aaa atc aat aaa aaa tat cta gca ggt tca gtg gca gtc ctt gcc cta	164					
Lys Ile Asn Lys Lys Tyr Leu Ala Gly Ser Val Ala Val Leu Ala Leu						
5 10 15						
agt gtt tgt tcc tat gaa ctt ggt cgt cac caa gct ggt cag gtt aag	212					
Ser Val Cys Ser Tyr Glu Leu Gly Arg His Gln Ala Gly Gln Val Lys						
20 25 30						
aaa gag tct aat cga gtt tct tat ata gat ggt gat cag gct ggt caa	260					
Lys Glu Ser Asn Arg Val Ser Tyr Ile Asp Gly Asp Gln Ala Gly Gln						
35 40 45						
aag gca gaa aat ttg aca cca gat gaa gtc agt aag aga gag ggg atc	308					
Lys Ala Glu Asn Leu Thr Pro Asp Glu Val Ser Lys Arg Glu Gly Ile						
50 55 60 65						
aac gcc gaa caa att gtt atc aag att acg gat caa ggt tat gtg acc	356					
Asn Ala Glu Gln Ile Val Ile Lys Ile Thr Asp Gln Gly Tyr Val Thr						
70 75 80						
tct cat gga gac cat tat cat tac tat aat ggc aag gtt cct tat gat	404					
Ser His Gly Asp His Tyr His Tyr Tyr Asn Gly Lys Val Pro Tyr Asp						
85 90 95						
gcc atc atc agt gaa gaa ctt ctc atg aaa gat ccg aat tat cag ttg	452					
Ala Ile Ile Ser Glu Glu Leu Leu Met Lys Asp Pro Asn Tyr Gln Leu						
100 105 110						
aag gat tca gac att gtc aat gaa atc aag ggt ggc tat gtg att aag	500					
Lys Asp Ser Asp Ile Val Asn Glu Ile Lys Gly Gly Tyr Val Ile Lys						
115 120 125						
gta gac gga aaa tac tat gtt tac ctt aaa gat gcg gcc cat gcg gac	548					
Val Asp Gly Lys Tyr Tyr Val Tyr Leu Lys Asp Ala Ala His Ala Asp						

# ES 2 400 280 T3

130					135					140					145	
aat att cgg aca aaa gaa gag att aaa cgt cag aag cag gaa cac agt	596															
Asn Ile Arg Thr Lys Glu Glu Ile Lys Arg Gln Lys Gln Glu His Ser																
				150					155						160	
cat aat cat aac tca aga gca gat aat gct gtt gct gca gcc aga gcc	644															
His Asn His Asn Ser Arg Ala Asp Asn Ala Val Ala Ala Arg Ala																
				165				170						175		
caa gga cgt tat aca acg gat gat ggg tat atc ttc aat gca tct gat	692															
Gln Gly Arg Tyr Thr Thr Asp Asp Gly Tyr Ile Phe Asn Ala Ser Asp																
				180				185					190			
atc att gag gac acg ggt gat gct tat atc gtt cct cac ggc gac cat	740															
Ile Ile Glu Asp Thr Gly Asp Ala Tyr Ile Val Pro His Gly Asp His																
				195				200				205				
tac cat tac att cct aag aat gag tta tca gct agc gag tta gct gct	788															
Tyr His Tyr Ile Pro Lys Asn Glu Leu Ser Ala Ser Glu Leu Ala Ala																
				210				215				220				225
gca gaa gcc tat tgg aat ggg aag cag gga tct cgt cct tct tca agt	836															
Ala Glu Ala Tyr Trp Asn Gly Lys Gln Gly Ser Arg Pro Ser Ser Ser																
				230					235						240	
tct agt tat aat gca aat cca gtt caa cca aga ttg tca gag aac cac	884															
Ser Ser Tyr Asn Ala Asn Pro Val Gln Pro Arg Leu Ser Glu Asn His																
				245					250					255		
aat ctg act gtc act cca act tat cat caa aat caa ggg gaa aac att	932															
Asn Leu Thr Val Thr Pro Thr Tyr His Gln Asn Gln Gly Glu Asn Ile																
				260				265					270			
tca agc ctt tta cgt gaa ttg tat gct aaa ccc tta tca gaa cgc cat	980															
Ser Ser Leu Leu Arg Glu Leu Tyr Ala Lys Pro Leu Ser Glu Arg His																
				275				280				285				
gta gaa tct gat ggc ctt att ttc gac cca gcg caa atc aca agt cga	1028															
Val Glu Ser Asp Gly Leu Ile Phe Asp Pro Ala Gln Ile Thr Ser Arg																
				290				295				300				305
acc gcc aga ggt gta gct gtc cct cat ggt aac cat tac cac ttt atc	1076															
Thr Ala Arg Gly Val Ala Val Pro His Gly Asn His Tyr His Phe Ile																
				310					315						320	
cct tat gaa caa atg tct gaa ttg gaa aaa cga att gct cgt att att	1124															
Pro Tyr Glu Gln Met Ser Glu Leu Glu Lys Arg Ile Ala Arg Ile Ile																
				325					330					335		
ccc ctt cgt tat cgt tca aac cat tgg gta cca gat tca aga cca gaa	1172															
Pro Leu Arg Tyr Arg Ser Asn His Trp Val Pro Asp Ser Arg Pro Glu																
				340					345					350		
caa cca agt cca caa tcg act ccg gaa cct agt cca agt ctg caa cct	1220															
Gln Pro Ser Pro Gln Ser Thr Pro Glu Pro Ser Pro Ser Leu Gln Pro																
				355				360						365		
gca cca aat cct caa cca gct cca agc aat cca att gat gag aaa ttg	1268															
Ala Pro Asn Pro Gln Pro Ala Pro Ser Asn Pro Ile Asp Glu Lys Leu																
				370				375				380				385

# ES 2 400 280 T3

gtc	aaa	gaa	gct	gtt	cga	aaa	gta	ggc	gat	ggg	tat	gtc	ttt	gag	gag	1316
Val	Lys	Glu	Ala	Val	Arg	Lys	Val	Gly	Asp	Gly	Tyr	Val	Phe	Glu	Glu	
				390					395					400		
aat	gga	glt	tct	cgt	tat	alc	cca	gcc	aag	gat	ctt	tca	gca	gaa	aca	1364
Asn	Gly	Val	Ser	Arg	Tyr	Ile	Pro	Ala	Lys	Asp	Leu	Ser	Ala	Glu	Thr	
			405					410					415			
gca	gca	ggc	att	gat	agc	aaa	ctg	gcc	aag	cag	gaa	agt	tta	tct	cat	1412
Ala	Ala	Gly	Ile	Asp	Ser	Lys	Leu	Ala	Lys	Gln	Glu	Ser	Leu	Ser	His	
		420					425					430				
aag	cta	gga	gct	aag	aaa	act	gac	ctc	cca	tct	agt	gat	cga	gaa	ttt	1460
Lys	Leu	Gly	Ala	Lys	Lys	Thr	Asp	Leu	Pro	Ser	Ser	Asp	Arg	Glu	Phe	
	435					440					445					
tac	aat	aag	gct	tat	gac	tta	cta	gca	aga	att	cac	caa	gat	tta	ctt	1508
Tyr	Asn	Lys	Ala	Tyr	Asp	Leu	Leu	Ala	Arg	Ile	His	Gln	Asp	Leu	Leu	
450					455				460						465	
gat	aat	aaa	ggg	cga	caa	gtt	gat	ttt	gag	gtt	ttg	gat	aac	ctg	ttg	1556
Asp	Asn	Lys	Gly	Arg	Gln	Val	Asp	Phe	Glu	Val	Leu	Asp	Asn	Leu	Leu	
			470					475					480			
gaa	cga	ctc	aag	gat	gtc	tca	agt	gat	aaa	gtc	aag	tta	gtg	gat	gat	1604
Glu	Arg	Leu	Lys	Asp	Val	Ser	Ser	Asp	Lys	Val	Lys	Leu	Val	Asp	Asp	
			485					490					495			
att	ctt	gcc	ttc	tta	gct	ccg	att	cgt	cat	cca	gaa	cgt	tta	gga	aaa	1652
Ile	Leu	Ala	Phe	Leu	Ala	Pro	Ile	Arg	His	Pro	Glu	Arg	Leu	Gly	Lys	
		500					505					510				
cca	aat	gcg	caa	att	acc	tac	act	gat	gat	gag	att	caa	gta	gcc	aag	1700
Pro	Asn	Ala	Gln	Ile	Thr	Tyr	Thr	Asp	Asp	Glu	Ile	Gln	Val	Ala	Lys	
	515					520					525					
ttg	gca	ggc	aag	tac	aca	aca	gaa	gac	ggg	tat	atc	ttt	gat	cct	cgt	1748
Leu	Ala	Gly	Lys	Tyr	Thr	Thr	Glu	Asp	Gly	Tyr	Ile	Phe	Asp	Pro	Arg	
530					535				540						545	
gat	ata	acc	agt	gat	gag	ggg	gat	gcc	tat	gta	act	cca	cat	atg	acc	1796
Asp	Ile	Thr	Ser	Asp	Glu	Gly	Asp	Ala	Tyr	Val	Thr	Pro	His	Met	Thr	
			550					555					560			
cat	agc	cac	tgg	att	aaa	aaa	gat	agt	ttg	tct	gaa	gct	gag	aga	gcg	1844
His	Ser	His	Trp	Ile	Lys	Lys	Asp	Ser	Leu	Ser	Glu	Ala	Glu	Arg	Ala	
			565					570					575			
gca	gcc	cag	gct	tat	gct	aaa	gag	aaa	ggg	ttg	acc	cct	cct	tcg	aca	1892
Ala	Ala	Gln	Ala	Tyr	Ala	Lys	Glu	Lys	Gly	Leu	Thr	Pro	Pro	Ser	Thr	
		580					585					590				
gac	cac	cag	gat	tca	gga	aat	act	gag	gca	aaa	gga	gca	gaa	gct	atc	1940
Asp	His	Gln	Asp	Ser	Gly	Asn	Thr	Glu	Ala	Lys	Gly	Ala	Glu	Ala	Ile	
	595					600					605					
tac	aac	cgc	gtg	aaa	gca	gct	aag	aag	gtg	cca	ctt	gat	cgt	atg	cct	1988
Tyr	Asn	Arg	Val	Lys	Ala	Ala	Lys	Lys	Val	Pro	Leu	Asp	Arg	Met	Pro	
610					615				620						625	

# ES 2 400 280 T3

tac aat ctt caa tat act gta gaa gtc aaa aac ggt agt tta atc ata	2036
Tyr Asn Leu Gln Tyr Thr Val Glu Val Lys Asn Gly Ser Leu Ile Ile	
630 635 640	
cct cat tat gac cat tac cat aac atc aaa ttt gag tgg ttt gac gaa	2084
Pro His Tyr Asp His Tyr His Asn Ile Lys Phe Glu Trp Phe Asp Glu	
645 650 655	
ggc ctt tat gag gca cct aag ggg tat agt ctt gag gat ctt ttg gcg	2132
Gly Leu Tyr Glu Ala Pro Lys Gly Tyr Ser Leu Glu Asp Leu Leu Ala	
660 665 670	
act gtc aag tac tat gtc gaa cat cca aac gaa cgt ccg cat tca gat	2180
Thr Val Lys Tyr Tyr Val Glu His Pro Asn Glu Arg Pro His Ser Asp	
675 680 685	
aat ggt ttt ggt aac gct agt gac cat gtt cgt aaa aat aag gca gac	2228
Asn Gly Phe Gly Asn Ala Ser Asp His Val Arg Lys Asn Lys Ala Asp	
690 695 700 705	
caa gat agt aaa cct gat gaa gat aag gaa cat gat gaa gta agt gag	2276
Gln Asp Ser Lys Pro Asp Glu Asp Lys Glu His Asp Glu Val Ser Glu	
710 715 720	
cca act cac cct gaa tct gat gaa aaa gag aat cac gct ggt tta aat	2324
Pro Thr His Pro Glu Ser Asp Glu Lys Glu Asn His Ala Gly Leu Asn	
725 730 735	
cct tca gca gat aat ctt tat aaa cca agc act gat acg gaa gag aca	2372
Pro Ser Ala Asp Asn Leu Tyr Lys Pro Ser Thr Asp Thr Glu Glu Thr	
740 745 750	
gag gaa gaa gct gaa gat acc aca gat gag gct gaa att cct caa gta	2420
Glu Glu Glu Ala Glu Asp Thr Thr Asp Glu Ala Glu Ile Pro Gln Val	
755 760 765	
gag aat tct gtt att aac gct aag ata gca gat gcg gag gcc ttg cta	2468
Glu Asn Ser Val Ile Asn Ala Lys Ile Ala Asp Ala Glu Ala Leu Leu	
770 775 780 785	
gaa aaa gta aca gat cct agt att aga caa aat gct atg gag aca ttg	2516
Glu Lys Val Thr Asp Pro Ser Ile Arg Gln Asn Ala Met Glu Thr Leu	
790 795 800	
act ggt cta aaa agt agt ctt ctt ctc gga acg aaa gat aat aac act	2564
Thr Gly Leu Lys Ser Ser Leu Leu Leu Gly Thr Lys Asp Asn Asn Thr	
805 810 815	
att tca gca gaa gta gat agt ctc ttg gct ttg tta aaa gaa agt caa	2612
Ile Ser Ala Glu Val Asp Ser Leu Leu Ala Leu Leu Lys Glu Ser Gln	
820 825 830	
ccg gct cct ata cag tagtaaaatg aa	2639
Pro Ala Pro Ile Gln	
835	



<210> 14

<211> 838

<212> PRT

<213> S. pneumoniae

5 <400> 14

ES 2 400 280 T3

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

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

&lt;210&gt; 15

&lt;211&gt; 2528

# ES 2 400 280 T3

<212> ADN

<213> S. pneumoniae

<220>

<221> CDS

5 <222> (1)...(2520)

<400> 15

```
tgt gcc tat gca cta aac cag cat cgt tcg cag gaa aat aag gac aat
Cys Ala Tyr Ala Leu Asn Gln His Arg Ser Gln Glu Asn Lys Asp Asn
  1              5              10              15
```

48

# ES 2 400 280 T3

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

# ES 2 400 280 T3

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

# ES 2 400 280 T3

Ser	Tyr	Asp	Gly	Thr	Phe	Thr	Val	Pro	Thr	Ser	Leu	Ala	Tyr	Lys	Met	
			500					505					510			
gcc	agt	caa	acg	att	ttc	tat	cct	ttc	cat	gca	ggg	gat	act	tat	tta	1584
Ala	Ser	Gln	Thr	Ile	Phe	Tyr	Pro	Phe	His	Ala	Gly	Asp	Thr	Tyr	Leu	
		515					520					525				
aga	gtg	aac	cct	caa	ttt	gca	gtg	cct	aaa	gga	act	gat	gct	tta	gtc	1632
Arg	Val	Asn	Pro	Gln	Phe	Ala	Val	Pro	Lys	Gly	Thr	Asp	Ala	Leu	Val	
	530					535					540					
aga	gtg	ttt	gat	gaa	ttt	cat	gga	aat	gct	tat	tta	gaa	aat	aac	tat	1680
Arg	Val	Phe	Asp	Glu	Phe	His	Gly	Asn	Ala	Tyr	Leu	Glu	Asn	Asn	Tyr	
545					550				555						560	
aaa	gtt	ggt	gaa	atc	aaa	tta	ccg	att	ccg	aaa	tta	aac	caa	gga	aca	1728
Lys	Val	Gly	Glu	Ile	Lys	Leu	Pro	Ile	Pro	Lys	Leu	Asn	Gln	Gly	Thr	
				565					570					575		
acc	aga	acg	gcc	gga	aat	aaa	att	cct	gta	acc	ttc	atg	gca	aat	gct	1776
Thr	Arg	Thr	Ala	Gly	Asn	Lys	Ile	Pro	Val	Thr	Phe	Met	Ala	Asn	Ala	
			580					585					590			
tat	ttg	gac	aat	caa	tcg	act	tat	att	gtg	gaa	gta	cct	atc	ttg	gaa	1824
Tyr	Leu	Asp	Asn	Gln	Ser	Thr	Tyr	Ile	Val	Glu	Val	Pro	Ile	Leu	Glu	
		595					600					605				
aaa	gaa	aat	caa	act	gat	aaa	cca	agt	att	cta	cca	caa	ttt	aaa	agg	1872
Lys	Glu	Asn	Gln	Thr	Asp	Lys	Pro	Ser	Ile	Leu	Pro	Gln	Phe	Lys	Arg	
	610					615					620					
aat	aaa	gca	caa	gaa	aac	tca	aaa	ctt	gat	gaa	aag	gta	gaa	gaa	cca	1920
Asn	Lys	Ala	Gln	Glu	Asn	Ser	Lys	Leu	Asp	Glu	Lys	Val	Glu	Glu	Pro	
625					630				635						640	
aag	act	agt	gag	aag	gta	gaa	aaa	gaa	aaa	ctt	tct	gaa	act	ggg	aat	1968
Lys	Thr	Ser	Glu	Lys	Val	Glu	Lys	Glu	Lys	Leu	Ser	Glu	Thr	Gly	Asn	
				645				650						655		
agt	act	agt	aat	tca	acg	tta	gaa	gaa	gtt	cct	aca	gtg	gat	cct	gta	2016
Ser	Thr	Ser	Asn	Ser	Thr	Leu	Glu	Glu	Val	Pro	Thr	Val	Asp	Pro	Val	
			660					665					670			
caa	gaa	aaa	gta	gca	aaa	ttt	gct	gaa	agt	tat	ggg	atg	aag	cta	gaa	2064
Gln	Glu	Lys	Val	Ala	Lys	Phe	Ala	Glu	Ser	Tyr	Gly	Met	Lys	Leu	Glu	
		675					680					685				
aat	gtc	ttg	ttt	aat	atg	gac	gga	aca	att	gaa	tta	tat	tta	cca	tcg	2112
Asn	Val	Leu	Phe	Asn	Met	Asp	Gly	Thr	Ile	Glu	Leu	Tyr	Leu	Pro	Ser	
	690					695					700					
gga	gaa	gtc	att	aaa	aag	aat	atg	gca	gat	ttt	aca	gga	gaa	gca	cct	2160
Gly	Glu	Val	Ile	Lys	Lys	Asn	Met	Ala	Asp	Phe	Thr	Gly	Glu	Ala	Pro	
705					710					715					720	
caa	gga	aat	ggt	gaa	aat	aaa	cca	tct	gaa	aat	gga	aaa	gta	tct	act	2208
Gln	Gly	Asn	Gly	Glu	Asn	Lys	Pro	Ser	Glu	Asn	Gly	Lys	Val	Ser	Thr	
				725				730						735		
gga	aca	gtt	gag	aac	caa	cca	aca	gaa	aat	aaa	cca	gca	gat	tct	tta	2256
Gly	Thr	Val	Glu	Asn	Gln	Pro	Thr	Glu	Asn	Lys	Pro	Ala	Asp	Ser	Leu	

# ES 2 400 280 T3

740	745	750	
cca gag gca cca aac gaa aaa cct gta aaa cca gaa aac tca acg gat			2304
Pro Glu Ala Pro Asn Glu Lys	Pro Val Lys	Pro Glu Asn Ser Thr Asp	
755	760	765	
aat gga atg ttg aat cca gaa ggg aat gtg ggg agt gac cct atg tta			2352
Asn Gly Met Leu Asn Pro Glu Gly Asn Val Gly Ser Asp Pro Met Leu			
770	775	780	
gat tca gca tta gag gaa gct cca gca gta gat cct gta caa gaa aaa			2400
Asp Ser Ala Leu Glu Glu Ala Pro Ala Val Asp Pro Val Gln Glu Lys			
785	790	795	800
tta gaa aaa ttt aca gct agt tac gga tta ggc tta gat agt gtt ata			2448
Leu Glu Lys Phe Thr Ala Ser Tyr Gly Leu Gly Leu Asp Ser Val Ile			
805	810	815	
ttc aat atg gat gga acg att gaa tta aga ttg cca agt gga gaa gtg			2496
Phe Asn Met Asp Gly Thr Ile Glu Leu Arg Leu Pro Ser Gly Glu Val			
820	825	830	
ata aaa aag aat tta ttg atc tca tagcgtaa			2528
Ile Lys Lys Asn Leu Leu Ile Ser			
835	840		

<210> 16

<211> 840

<212> PRT

5 <213> S. pneumoniae

<400> 16



# ES 2 400 280 T3

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

ES 2 400 280 T3

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

705					710					715					720
Gln	Gly	Asn	Gly	Glu	Asn	Lys	Pro	Ser	Glu	Asn	Gly	Lys	Val	Ser	Thr
				725					730					735	
Gly	Thr	Val	Glu	Asn	Gln	Pro	Thr	Glu	Asn	Lys	Pro	Ala	Asp	Ser	Leu
			740					745					750		
Pro	Glu	Ala	Pro	Asn	Glu	Lys	Pro	Val	Lys	Pro	Glu	Asn	Ser	Thr	Asp
		755					760					765			
Asn	Gly	Met	Leu	Asn	Pro	Glu	Gly	Asn	Val	Gly	Ser	Asp	Pro	Met	Leu
	770					775					780				
Asp	Ser	Ala	Leu	Glu	Glu	Ala	Pro	Ala	Val	Asp	Pro	Val	Gln	Glu	Lys
785					790					795					800
Leu	Glu	Lys	Phe	Thr	Ala	Ser	Tyr	Gly	Leu	Gly	Leu	Asp	Ser	Val	Ile
				805					810					815	
Phe	Asn	Met	Asp	Gly	Thr	Ile	Glu	Leu	Arg	Leu	Pro	Ser	Gly	Glu	Val
			820					825					830		
Ile	Lys	Lys	Asn	Leu	Leu	Ile	Ser								
		835					840								

<210> 17

<211> 27

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Cebador oligonucleotídico para

<400> 17

cagtagatct gtcctatgc actaaac 27

10

<210> 18

<211> 33

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

15 <220>

<223> Cebador oligonucleotídico para PCR

<400> 18

gatctctaga ctactgctat tccttagcgt atg 33

20 <210> 19

<211> 30

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

25 <223> Cebador oligonucleotídico para PCR

<400> 19

	atcactcgag cattacctgg ataactcgt	30
	<210> 20	
	<211> 26	
5	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR <400> 20	
	ctgctaagct tatgaaagat ttagat	26
10	<210> 21	
	<211> 24	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
15	<220>	
	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR	
	<400> 21	
	gatactcgag ctgctattcc ttac	24
20	<210> 22	
	<211> 28	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
25	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR	
	<400> 22	
	gaatctcgag ttaagctgct gctaattc	28
	<210> 23	
30	<211> 32	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR	
35	<400> 23	
	gacgctcgag cgctatgaaa tcagataaat tc	32
	<210> 24	
	<211> 37	

	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR	
5	<400> 24	
	gacgctcgag ggcattacct ggataatcct gttcatg	37
	<210> 25	
	<211> 33	
10	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR	
	<400> 25	
15	cagtagatct cttcatcatt tattgaaaag agg	33
	<210> 26	
	<211> 40	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR	
	<400> 26	
	ttattcttc catatggact tgacagaaga gcaaattaag	40
25	<210> 27	
	<211> 32	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR	
	<400> 27	
	cgccaagctt cgctatgaaa tcagataaat tc	32
35	<210> 28	
	<211> 34	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	

	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR	
	<400> 28	
	cgccaagctt ttccacaata taagtcgatt gatt	34
5	<210> 29	
	<211> 40	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
10	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR	
	<400> 29	
	ttatttcttc catatggaag tacctatctt gaga	40
	<210> 30	
15	<211> 37	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR	
20	<400> 30	
	ttatttcttc catatggtgc ctatgcacta aaccagc	37
	<210> 31	
	<211> 40	
25	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR	
	<400> 31	
30	ataagaatgc ggccgcttcc acaatataag tcgattgatt	40
	<210> 32	
	<211> 31	
	<212> ADN	
35	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR	
	<400> 32	
	cagtagatct gtgcttatga actaggttg c	31

	<210> 33	
	<211> 32	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
5	<220>	
	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR	
	<400> 33	
	gatcaagctt gctgctacct ttacttactc tc	32
10	<210> 34	
	<211> 26	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
15	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR	
	<400> 34	
	ctgagatatc cgttatcgtt caaacc	26
20	<210> 35	
	<211> 28	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR	
25	<400> 35	
	ctgcaagctt ttaaagggga ataatacg	28
30	<210> 36	
	<211> 29	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR	
	<400> 36	
35	cagtagatct gcagaagcct tcctatctg	29
	<210> 37	
	<211> 33	
	<212> ADN	

	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR	
	<400> 37	
5	tcgccaagct tcgtatcgt tcaaaccatt ggg	33
	<210> 38	
	<211> 45	
	<212> ADN	
10	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR	
	<400> 38	
	ataagaatgc ggccgcctta ctctcctta ataaagccaa tagtt	45
15		
	<210> 39	
	<211> 34	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
20	<220>	
	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR	
	<400> 39	
	catgccatgg acattgatag tctcttgaaa cagc	34
25		
	<210> 40	
	<211> 37	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
30	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR	
	<400> 40	
	cgccaagctt ctactctcc ttaataaag ccaatag	37
35		
	<210> 41	
	<211> 31	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR	



	<400> 41	
	cgacaagctt aacatggtcg ctagcgttac c	31
	<210> 42	
5	<211> 30	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR	
10	<400> 42	
	cataccatgg gcctttatga ggcacctaag	30
	<210> 43	
	<211> 34	
15	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR	
	<400> 43	
20	cgacaagctt aagtaaattc tcagcctctc tcag	34
	<210> 44	
	<211> 31	
	<212> ADN	
25	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR	
	<400> 44	
30	gataccatgg ctagcgacca tgtcaaaga a	31
	<210> 45	
	<211> 36	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
35	<220>	
	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR	
	<400> 45	
	cgccaagctt atcatccact aacttgactt tatcac	36

	<210> 46		
	<211> 33		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
5	<220>		
	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR		
	<400> 46		
	cataccatgg atattcttgc cttcttagct ccg	33	
10	<210> 47		
	<211> 30		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
15	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR		
	<400> 47		
	catgccatgg tgcttatgaa ctaggtttgc	30	
20	<210> 48		
	<211> 32		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
25	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR		
	<400> 48		
	cgccaagctt tagcgttacc aaaaccatta tc	32	
	<210> 49		
30	<211> 36		
	<212> ADN		
	<213> Secuencia artificial		
	<220>		
	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR		
35	<400> 49		
	gtattagatc tgttcctatg aacttggtcg tcacca	36	
	<210> 50		
	<211> 28		

	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR	
5	<400> 50	
	cgctctaga ctactgtata ggagccgg	28
	<210> 51	
	<211> 34	
10	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR	
	<400> 51	
15	catgccatgg aaaacatttc aagcctttta cgtg	34
	<210> 52	
	<211> 34	
	<212> ADN	
20	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR	
	<400> 52	
	cgacaagctt ctgtatagga gccggtgac tttc	34
25	<210> 53	
	<211> 34	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
30	<220>	
	<223> Cebador oligonucleotídico para PCR	
	<400> 53	
	catgccatgg ttcgtaaaaa taaggcagac caag	34
35	<210> 54	
	<211> 30	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	

<223> Cebador oligonucleotídico para PCR

<400> 54

catgccatgg aagcctattg gaatgggaag 30

5 <210> 55

<211> 1019

<212> PRT

<213> S. pneumoniae

<400> 55

ES 2 400 280 T3

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

ES 2 400 280 T3

Ala	Thr	Ala	Tyr	Ile	Val	Arg	His	Gly	Asp	His	Phe	His	Tyr	Ile	Pro
370						375					380				
Lys	Ser	Asn	Gln	Ile	Gly	Gln	Pro	Thr	Leu	Pro	Asn	Asn	Ser	Leu	Ala
385					390					395					400
Thr	Pro	Ser	Pro	Ser	Leu	Pro	Ile	Asn	Pro	Gly	Thr	Ser	His	Glu	Lys
				405					410					415	
His	Glu	Glu	Asp	Gly	Tyr	Gly	Phe	Asp	Ala	Asn	Arg	Ile	Ile	Ala	Glu
			420					425					430		
Asp	Glu	Ser	Gly	Phe	Val	Met	Ser	His	Gly	Asp	His	Asn	His	Tyr	Phe
		435					440					445			
Phe	Lys	Lys	Asp	Leu	Thr	Glu	Glu	Gln	Ile	Lys	Ala	Ala	Gln	Lys	His
450						455					460				
Leu	Glu	Glu	Val	Lys	Thr	Ser	His	Asn	Gly	Leu	Asp	Ser	Leu	Ser	Ser
465					470					475					480
His	Glu	Gln	Asp	Tyr	Pro	Gly	Asn	Ala	Lys	Glu	Met	Lys	Asp	Leu	Asp
			485						490					495	
Lys	Lys	Ile	Glu	Glu	Lys	Ile	Ala	Gly	Ile	Met	Lys	Gln	Tyr	Gly	Val
			500					505					510		
Lys	Arg	Glu	Ser	Ile	Val	Val	Asn	Lys	Glu	Lys	Asn	Ala	Ile	Ile	Tyr
	515						520					525			
Pro	His	Gly	Asp	His	His	His	Ala	Asp	Pro	Ile	Asp	Glu	His	Lys	Pro
	530					535					540				
Val	Gly	Ile	Gly	His	Ser	His	Ser	Asn	Tyr	Glu	Leu	Phe	Lys	Pro	Glu
545					550					555					560
Glu	Gly	Val	Ala	Lys	Lys	Glu	Gly	Asn	Lys	Val	Tyr	Thr	Gly	Glu	Glu
			565						570					575	
Leu	Thr	Asn	Val	Val	Asn	Leu	Leu	Lys	Asn	Ser	Thr	Phe	Asn	Asn	Gln
			580					585					590		
Asn	Phe	Thr	Leu	Ala	Asn	Gly	Gln	Lys	Arg	Val	Ser	Phe	Ser	Phe	Pro
	595					600						605			
Pro	Glu	Leu	Glu	Lys	Lys	Leu	Gly	Ile	Asn	Met	Leu	Val	Lys	Leu	Ile
	610					615					620				
Thr	Pro	Asp	Gly	Lys	Val	Leu	Glu	Lys	Val	Ser	Gly	Lys	Val	Phe	Gly
625					630					635					640
Glu	Gly	Val	Gly	Asn	Ile	Ala	Asn	Phe	Glu	Leu	Asp	Gln	Pro	Tyr	Leu
			645						650					655	
Pro	Gly	Gln	Thr	Phe	Lys	Tyr	Thr	Ile	Ala	Ser	Lys	Asp	Tyr	Pro	Glu
			660					665					670		
Val	Ser	Tyr	Asp	Gly	Thr	Phe	Thr	Val	Pro	Thr	Ser	Leu	Ala	Tyr	Lys
	675						680					685			
Met	Ala	Ser	Gln	Thr	Ile	Phe	Tyr	Pro	Phe	His	Ala	Gly	Asp	Thr	Tyr
	690					695					700				
Leu	Arg	Val	Asn	Pro	Gln	Phe	Ala	Val	Pro	Lys	Gly	Thr	Asp	Ala	Leu
705					710					715					720
Val	Arg	Val	Phe	Asp	Glu	Phe	His	Gly	Asn	Ala	Tyr	Leu	Glu	Asn	Asn
			725						730					735	
Tyr	Lys	Val	Gly	Glu	Ile	Lys	Leu	Pro	Ile	Pro	Lys	Leu	Asn	Gln	Gly
			740					745					750		
Thr	Thr	Arg	Thr	Ala	Gly	Asn	Lys	Ile	Pro	Val	Thr	Phe	Met	Ala	Asn
		755					760					765			
Ala	Tyr	Leu	Asp	Asn	Gln	Ser	Thr	Tyr	Ile	Val	Glu	Val	Pro	Ile	Leu
	770					775					780				
Glu	Lys	Glu	Asn	Gln	Thr	Asp	Lys	Pro	Ser	Ile	Leu	Pro	Gln	Phe	Lys
785					790					795					800
Arg	Asn	Lys	Ala	Gln	Glu	Asn	Ser	Lys	Leu	Asp	Glu	Lys	Val	Glu	Glu
			805						810					815	
Pro	Lys	Thr	Ser	Glu	Lys	Val	Glu	Lys	Glu	Lys	Leu	Ser	Glu	Thr	Gly
			820					825					830		
Asn	Ser	Thr	Ser	Asn	Ser	Thr	Leu	Glu	Glu	Val	Pro	Thr	Val	Asp	Pro
		835					840					845			
Val	Gln	Glu	Lys	Val	Ala	Lys	Phe	Ala	Glu	Ser	Tyr	Gly	Met	Lys	Leu

# ES 2 400 280 T3

850		855		860
Glu Asn Val Leu Phe Asn Met Asp Gly Thr Ile Glu Leu Tyr Leu Pro				
865		870		875
Ser Gly Glu Val Ile Lys Lys Asn Met Ala Asp Phe Thr Gly Glu Ala				
	885		890	
Pro Gln Gly Asn Gly Glu Asn Lys Pro Ser Glu Asn Gly Lys Val Ser				
	900		905	
Thr Gly Thr Val Glu Asn Gln Pro Thr Glu Asn Lys Pro Ala Asp Ser				
	915		920	
Leu Pro Glu Ala Pro Asn Glu Lys Pro Val Lys Pro Glu Asn Ser Thr				
	930		935	
Asp Asn Gly Met Leu Asn Pro Glu Gly Asn Val Gly Ser Asp Pro Met				
	945		950	
Leu Asp Pro Ala Leu Glu Glu Ala Pro Ala Val Asp Pro Val Gln Glu				
	965		970	
Lys Leu Glu Lys Phe Thr Ala Ser Tyr Gly Leu Gly Leu Asp Ser Val				
	980		985	
Ile Phe Asn Met Asp Gly Thr Ile Glu Leu Arg Leu Pro Ser Gly Glu				
	995		1000	
Val Ile Lys Lys Asn Leu Ser Asp Phe Ile Ala				
	1010		1015	

<210> 56

<211> 489

<212> PRT

5 <213> S. pneumoniae

<400> 56

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



# ES 2 400 280 T3

			260					265				270				
Asp	Pro	Ala	Lys	Ile	Ile	Ser	Arg	Thr	Pro	Asn	Gly	Val	Ala	Ile	Pro	
		275					280					285				
His	Gly	Asp	His	Tyr	His	Phe	Ile	Pro	Tyr	Ser	Lys	Leu	Ser	Ala	Leu	
	290					295					300					
Glu	Glu	Lys	Ile	Ala	Arg	Met	Val	Pro	Ile	Ser	Gly	Thr	Gly	Ser	Thr	
305					310					315					320	
Val	Ser	Thr	Asn	Ala	Lys	Pro	Asn	Glu	Val	Val	Ser	Ser	Leu	Gly	Ser	
			325						330					335		
Leu	Ser	Ser	Asn	Pro	Ser	Ser	Leu	Thr	Thr	Ser	Lys	Glu	Leu	Ser	Ser	
			340					345					350			
Ala	Ser	Asp	Gly	Tyr	Ile	Phe	Asn	Pro	Lys	Asp	Ile	Val	Glu	Glu	Thr	
	355						360					365				
Ala	Thr	Ala	Tyr	Ile	Val	Arg	His	Gly	Asp	His	Phe	His	Tyr	Ile	Pro	
	370					375					380					
Lys	Ser	Asn	Gln	Ile	Gly	Gln	Pro	Thr	Leu	Pro	Asn	Asn	Ser	Leu	Ala	
385					390					395					400	
Thr	Pro	Ser	Pro	Ser	Leu	Pro	Ile	Asn	Pro	Gly	Thr	Ser	His	Glu	Lys	
			405						410					415		
His	Glu	Glu	Asp	Gly	Tyr	Gly	Phe	Asp	Ala	Asn	Arg	Ile	Ile	Ala	Glu	
			420					425					430			
Asp	Glu	Ser	Gly	Phe	Val	Met	Ser	His	Gly	Asp	His	Asn	His	Tyr	Phe	
	435						440					445				
Phe	Lys	Lys	Asp	Leu	Thr	Glu	Glu	Gln	Ile	Lys	Ala	Ala	Gln	Lys	His	
	450					455					460					
Leu	Glu	Glu	Val	Lys	Thr	Ser	His	Asn	Gly	Leu	Asp	Ser	Leu	Ser	Ser	
465					470					475					480	
His	Glu	Gln	Asp	Tyr	Pro	Gly	Asn	Ala								
			485													

<210> 57

<211> 509

5 <212> PRT

<213> S. pneumoniae

<400> 57

ES 2 400 280 T3

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

ES 2 400 280 T3

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

<210> 58

<211> 1057

5 <212> PRT

<213> S. pneumoniae

<400> 58

# ES 2 400 280 T3

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

ES 2 400 280 T3

		115					120					125			
Val	Val	Asn	Leu	Leu	Lys	Asn	Ser	Thr	Phe	Asn	Asn	Gln	Asn	Phe	Thr
	130					135					140				
Leu	Ala	Asn	Gly	Gln	Lys	Arg	Val	Ser	Phe	Ser	Phe	Pro	Pro	Glu	Leu
145					150					155					160
Glu	Lys	Lys	Leu	Gly	Ile	Asn	Met	Leu	Val	Lys	Leu	Ile	Thr	Pro	Asp
				165					170					175	
Gly	Lys	Val	Leu	Glu	Lys	Val	Ser	Gly	Lys	Val	Phe	Gly	Glu	Gly	Val
			180					185					190		
Gly	Asn	Ile	Ala	Asn	Phe	Glu	Leu	Asp	Gln	Pro	Tyr	Leu	Pro	Gly	Gln
		195					200					205			
Thr	Phe	Lys	Tyr	Thr	Ile	Ala	Ser	Lys	Asp	Tyr	Pro	Glu	Val	Ser	Tyr
	210					215					220				
Asp	Gly	Thr	Phe	Thr	Val	Pro	Thr	Ser	Leu	Ala	Tyr	Lys	Met	Ala	Ser
225					230					235					240
Gln	Thr	Ile	Phe	Tyr	Pro	Phe	His	Ala	Gly	Asp	Thr	Tyr	Leu	Arg	Val
				245					250					255	
Asn	Pro	Gln	Phe	Ala	Val	Pro	Lys	Gly	Thr	Asp	Ala	Leu	Val	Arg	Val
			260					265					270		
Phe	Asp	Glu	Phe	His	Gly	Asn	Ala	Tyr	Leu	Glu	Asn	Asn	Tyr	Lys	Val
		275					280					285			
Gly	Glu	Ile	Lys	Leu	Pro	Ile	Pro	Lys	Leu	Asn	Gln	Gly	Thr	Thr	Arg
	290					295					300				
Thr	Ala	Gly	Asn	Lys	Ile	Pro	Val	Thr	Phe	Met	Ala	Asn	Ala	Tyr	Leu
305					310					315					320
Asp	Asn	Gln	Ser	Thr	Tyr	Ile	Val	Glu	Val	Pro	Ile	Leu	Glu	Lys	Glu
				325					330					335	
Asn	Gln	Thr	Asp	Lys	Pro	Ser	Ile	Leu	Pro	Gln	Phe	Lys	Arg	Asn	Lys
			340					345					350		
Ala	Gln	Glu	Asn	Ser	Lys	Leu	Asp	Glu	Lys	Val	Glu	Glu	Pro	Lys	Thr
		355					360					365			
Ser	Glu	Lys	Val	Glu	Lys	Glu	Lys	Leu	Ser	Glu	Thr	Gly	Asn	Ser	Thr
	370					375					380				
Ser	Asn	Ser	Thr	Leu	Glu	Glu	Val	Pro	Thr	Val	Asp	Pro	Val	Gln	Glu
385					390					395					400
Lys	Val	Ala	Lys	Phe	Ala	Glu	Ser	Tyr	Gly	Met	Lys	Leu	Glu	Asn	Val
				405					410					415	
Leu	Phe	Asn	Met	Asp	Gly	Thr	Ile	Glu	Leu	Tyr	Leu	Pro	Ser	Gly	Glu
			420					425					430		
Val	Ile	Lys	Lys	Asn	Met	Ala	Asp	Phe	Thr	Gly	Glu	Ala	Pro	Gln	Gly
		435					440					445			
Asn	Gly	Glu	Asn	Lys	Pro	Ser	Glu	Asn	Gly	Lys	Val	Ser	Thr	Gly	Thr
	450					455					460				
Val	Glu	Asn	Gln	Pro	Thr	Glu	Asn	Lys	Pro	Ala	Asp	Ser	Leu	Pro	Glu
465					4										

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

<210> 59

<211> 205

<212> PRT

<213> S. pneumoniae

5 <400> 59

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

<210> 60

<211> 821

10 <212> PRT

<213> S. pneumoniae

<400> 60

ES 2 400 280 T3

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



ES 2 400 280 T3

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

# ES 2 400 280 T3

		675					680					685					
Asn	Ala	Ser	Asp	His	Val	Gln	Arg	Asn	Lys	Asn	Gly	Gln	Ala	Asp	Thr		
	690					695					700						
Asn	Gln	Thr	Glu	Lys	Pro	Ser	Glu	Glu	Lys	Pro	Gln	Thr	Glu	Lys	Pro		
705					710					715					720		
Glu	Glu	Glu	Thr	Pro	Arg	Glu	Glu	Lys	Pro	Gln	Ser	Glu	Lys	Pro	Glu		
				725					730					735			
Ser	Pro	Lys	Pro	Thr	Glu	Glu	Pro	Glu	Glu	Glu	Ser	Pro	Glu	Glu	Ser		
			740					745					750				
Glu	Glu	Pro	Gln	Val	Glu	Thr	Glu	Lys	Val	Glu	Glu	Lys	Leu	Arg	Glu		
		755					760					765					
Ala	Glu	Asp	Leu	Leu	Gly	Lys	Ile	Gln	Asp	Pro	Ile	Ile	Lys	Ser	Asn		
	770					775					780						
Ala	Lys	Glu	Thr	Leu	Thr	Gly	Leu	Lys	Asn	Asn	Leu	Leu	Phe	Gly	Thr		
785					790					795					800		
Gln	Asp	Asn	Asn	Thr	Ile	Met	Ala	Glu	Ala	Glu	Lys	Leu	Leu	Ala	Leu		
				805					810					815			
Leu	Lys	Glu	Ser	Lys													
			820														

<210> 61

<211> 334

5 <212> PRT

<213> S. pneumoniae

<400> 61

ES 2 400 280 T3

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

<210> 62

<211> 487

5 <212> PRT

<213> S. pneumoniae

<400> 62

ES 2 400 280 T3

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

# ES 2 400 280 T3

370		375		380
Lys Pro Glu Glu Glu Thr Pro Arg Glu Glu Lys Pro Gln Ser Glu Lys				
385		390		400
Pro Glu Ser Pro Lys Pro Thr Glu Glu Pro Glu Glu Glu Ser Pro Glu				
	405		410	415
Glu Ser Glu Glu Pro Gln Val Glu Thr Glu Lys Val Glu Glu Lys Leu				
	420		425	430
Arg Glu Ala Glu Asp Leu Leu Gly Lys Ile Gln Asp Pro Ile Ile Lys				
	435		440	445
Ser Asn Ala Lys Glu Thr Leu Thr Gly Leu Lys Asn Asn Leu Leu Phe				
	450		455	460
Gly Thr Gln Asp Asn Asn Thr Ile Met Ala Glu Ala Glu Lys Leu Leu				
465		470		480
Ala Leu Leu Lys Glu Ser Lys				
	485			

<210> 63

<211> 613

5 <212> PRT

<213> S. pneumoniae

<400> 63

ES 2 400 280 T3

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

ES 2 400 280 T3

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

<210> 64

<211> 568

5 <212> PRT

<213> S. pneumoniae

<400> 64

# ES 2 400 280 T3

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



ES 2 400 280 T3

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

<210> 65

<211> 329

<212> PRT

<213> S. pneumoniae

5 <400> 65

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

# ES 2 400 280 T3

<210> 66

<211> 240

<212> PRT

<213> S. pneumoniae

5 <400> 66

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

<210> 67

<211> 555

10 <212> PRT

<213> S. pneumoniae

<400> 67

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

ES 2 400 280 T3

			260					265				270				
Pro	Arg	Asp	Ile	Thr	Ser	Asp	Glu	Gly	Asp	Ala	Tyr	Val	Thr	Pro	His	
		275					280					285				
Met	Thr	His	Ser	His	Trp	Ile	Lys	Lys	Asp	Ser	Leu	Ser	Glu	Ala	Glu	
	290					295					300					
Arg	Ala	Ala	Ala	Gln	Ala	Tyr	Ala	Lys	Glu	Lys	Gly	Leu	Thr	Pro	Pro	
305					310					315					320	
Ser	Thr	Asp	His	Gln	Asp	Ser	Gly	Asn	Thr	Glu	Ala	Lys	Gly	Ala	Glu	
				325					330					335		
Ala	Ile	Tyr	Asn	Arg	Val	Lys	Ala	Ala	Lys	Lys	Val	Pro	Leu	Asp	Arg	
			340					345					350			
Met	Pro	Tyr	Asn	Leu	Gln	Tyr	Thr	Val	Glu	Val	Lys	Asn	Gly	Ser	Leu	
		355					360					365				
Ile	Ile	Pro	His	Tyr	Asp	His	Tyr	His	Asn	Ile	Lys	Phe	Glu	Trp	Phe	
	370					375					380					
Asp	Glu	Gly	Leu	Tyr	Glu	Ala	Pro	Lys	Gly	Tyr	Thr	Leu	Glu	Asp	Leu	
385					390					395					400	
Leu	Ala	Thr	Val	Lys	Tyr	Tyr	Val	Glu	His	Pro	Asn	Glu	Arg	Pro	His	
				405					410					415		
Ser	Asp	Asn	Gly	Phe	Gly	Asn	Ala	Ser	Asp	His	Val	Gln	Arg	Asn	Lys	
			420					425					430			
Asn	Gly	Gln	Ala	Asp	Thr	Asn	Gln	Thr	Glu	Lys	Pro	Ser	Glu	Glu	Lys	
		435					440					445				
Pro	Gln	Thr	Glu	Lys	Pro	Glu	Glu	Glu	Thr	Pro	Arg	Glu	Glu	Lys	Pro	
	450					455					460					
Gln	Ser	Glu	Lys	Pro	Glu	Ser	Pro	Lys	Pro	Thr	Glu	Glu	Pro	Glu	Glu	
465					470					475					480	
Glu	Ser	Pro	Glu	Glu	Ser	Glu	Glu	Pro	Gln	Val	Glu	Thr	Glu	Lys	Val	
				485					490					495		
Glu	Glu	Lys	Leu	Arg	Glu	Ala	Glu	Asp	Leu	Leu	Gly	Lys	Ile	Gln	Asp	
			500					505					510			
Pro	Ile	Ile	Lys	Ser	Asn	Ala	Lys	Glu	Thr	Leu	Thr	Gly	Leu	Lys	Asn	
		515					520					525				
Asn	Leu	Leu	Phe	Gly	Thr	Gln	Asp	Asn	Asn	Thr	Ile	Met	Ala	Glu	Ala	
	530					535					540					
Glu	Lys	Leu	Leu	Ala	Leu	Leu	Lys	Glu	Ser	Lys						
545					550					555						

<210> 68

<211> 428

<212> PRT

5 <213> S. pneumoniae

<400> 68

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

		130						135						140	
Glu	Thr	Ala	Ala	Gly	Ile	Asp	Ser	Lys	Leu	Ala	Lys	Gln	Glu	Ser	Leu
145					150					155					160
Ser	His	Lys	Leu	Gly	Ala	Lys	Lys	Thr	Asp	Leu	Pro	Ser	Ser	Asp	Arg
				165					170					175	
Glu	Phe	Tyr	Asn	Lys	Ala	Tyr	Asp	Leu	Leu	Ala	Arg	Ile	His	Gln	Asp
			180					185					190		
Leu	Leu	Asp	Asn	Lys	Gly	Arg	Gln	Val	Asp	Phe	Glu	Ala	Leu	Asp	Asn
		195					200					205			
Leu	Leu	Glu	Arg	Leu	Lys	Asp	Val	Ser	Ser	Asp	Lys	Val	Lys	Leu	Val
	210				215						220				
Asp	Asp	Ile	Leu	Ala	Phe	Leu	Ala	Pro	Ile	Arg	His	Pro	Glu	Arg	Leu
225				230						235					240
Gly	Lys	Pro	Asn	Ala	Gln	Ile	Thr	Tyr	Thr	Asp	Asp	Glu	Ile	Gln	Val
				245					250					255	
Ala	Lys	Leu	Ala	Gly	Lys	Tyr	Thr	Thr	Glu	Asp	Gly	Tyr	Ile	Phe	Asp
			260					265					270		
Pro	Arg	Asp	Ile	Thr	Ser	Asp	Glu	Gly	Asp	Ala	Tyr	Val	Thr	Pro	His
		275					280					285			
Met	Thr	His	Ser	His	Trp	Ile	Lys	Lys	Asp	Ser	Leu	Ser	Glu	Ala	Glu
	290					295					300				
Arg	Ala	Ala	Ala	Gln	Ala	Tyr	Ala	Lys	Glu	Lys	Gly	Leu	Thr	Pro	Pro
305				310						315					320
Ser	Thr	Asp	His	Gln	Asp	Ser	Gly	Asn	Thr	Glu	Ala	Lys	Gly	Ala	Glu
				325					330					335	
Ala	Ile	Tyr	Asn	Arg	Val	Lys	Ala	Ala	Lys	Lys	Val	Pro	Leu	Asp	Arg
			340					345					350		
Met	Pro	Tyr	Asn	Leu	Gln	Tyr	Thr	Val	Glu	Val	Lys	Asn	Gly	Ser	Leu
		355					360					365			
Ile	Ile	Pro	His	Tyr	Asp	His	Tyr	His	Asn	Ile	Lys	Phe	Glu	Trp	Phe
	370					375					380				
Asp	Glu	Gly	Leu	Tyr	Glu	Ala	Pro	Lys	Gly	Tyr	Thr	Leu	Glu	Asp	Leu
385					390					395					400
Leu	Ala	Thr	Val	Lys	Tyr	Tyr	Val	Glu	His	Pro	Asn	Glu	Arg	Pro	His
				405					410					415	
Ser	Asp	Asn	Gly	Phe	Gly	Asn	Ala	Ser	Asp	His	Val				
			420					425							

# ES 2 400 280 T3

<210> 69

<211> 121

<212> PRT

<213> S. pneumoniae

5 <400> 69

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

<210> 70

10 <211> 132

<212> PRT

<213> S. pneumoniae

<400> 70

# ES 2 400 280 T3

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

<210> 71

<211> 226

<212> PRT

5 <213> S. pneumoniae

<400> 71



# ES 2 400 280 T3

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

<210> 72

<211> 203

<212> PRT

5 <213> S. pneumoniae

<400> 72

## ES 2 400 280 T3

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

<210> 73

<211> 819

5 <212> PRT

<213> S. pneumoniae

<400> 73

ES 2 400 280 T3

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

ES 2 400 280 T3

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

# ES 2 400 280 T3

Lys	Tyr	Tyr	Val	Glu	His	Pro	Asn	Glu	Arg	Pro	His	Ser	Asp	Asn	Gly
			660					665					670		
Phe	Gly	Asn	Ala	Ser	Asp	His	Val	Arg	Lys	Asn	Lys	Ala	Asp	Gln	Asp
		675					680					685			
Ser	Lys	Pro	Asp	Glu	Asp	Lys	Glu	His	Asp	Glu	Val	Ser	Glu	Pro	Thr
	690					695					700				
His	Pro	Glu	Ser	Asp	Glu	Lys	Glu	Asn	His	Ala	Gly	Leu	Asn	Pro	Ser
705					710					715					720
Ala	Asp	Asn	Leu	Tyr	Lys	Pro	Ser	Thr	Asp	Thr	Glu	Glu	Thr	Glu	Glu
			725					730						735	
Glu	Ala	Glu	Asp	Thr	Thr	Asp	Glu	Ala	Glu	Ile	Pro	Gln	Val	Glu	Asn
			740					745					750		
Ser	Val	Ile	Asn	Ala	Lys	Ile	Ala	Asp	Ala	Glu	Ala	Leu	Leu	Glu	Lys
		755					760					765			
Val	Thr	Asp	Pro	Ser	Ile	Arg	Gln	Asn	Ala	Met	Glu	Thr	Leu	Thr	Gly
	770					775						780			
Leu	Lys	Ser	Ser	Leu	Leu	Leu	Gly	Thr	Lys	Asp	Asn	Asn	Thr	Ile	Ser
785					790					795					800
Ala	Glu	Val	Asp	Ser	Leu	Leu	Ala	Leu	Leu	Lys	Glu	Ser	Gln	Pro	Ala
				805					810					815	
Pro	Ile	Gln													

<210> 74

<211> 568

5 <212> PRT

<213> S. pneumoniae

<400> 74

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

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

<210> 75

<211> 140

5 <212> PRT

<213> S. pneumoniae

<400> 75

# ES 2 400 280 T3

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

<210> 76

<211> 3171

<212> ADN

5 <213> S. pneumoniae

<400> 76



gacttgacag	aagagcaaat	taaggctgcg	caaaaacatt	tagaggaagt	taaaactagt	60
cataatggat	tagattcttt	gtcatctcat	gaacaggatt	atccaggtaa	tgccaaagaa	120
atgaaagatt	tagataaaaa	aatcgaagaa	aaaattgctg	gcattatgaa	acaatatggt	180
gtcaaacgtg	aaagtattgt	cgtgaataaa	gaaaaaaatg	cgattattta	tccgcatgga	240
gatcaccatc	atgcagatcc	gattgatgaa	cataaaccgg	ttggaattgg	tcattctcac	300
agtaactatg	aactgtttta	acccgaagaa	ggagttgcta	aaaaagaagg	gaataaagtt	360
tatactggag	aagaattaac	gaatgttggt	aatttgttta	aaaatagtac	gtttaataat	420
caaaacttta	ctctagccaa	tggtcaaaaa	cgcgtttctt	ttagttttcc	gcctgaattg	480
gagaaaaaat	taggtatcaa	tatgctagta	aaattaataa	caccagatgg	aaaagtattg	540
gagaaagtat	ctggtaaagt	atgttgagaa	ggagtaggga	atattgcaaa	ctttgaatta	600
gatcaacctt	atttaccagg	acaaacattt	aagtatacta	tcgcttcaaa	agattatcca	660
gaagtaagtt	atgatggtag	atttacagtt	ccaacctctt	tagcttacaa	aatggccagt	720
caaacgattt	tctatccttt	ccatgcaggg	gatacttatt	taagagtga	ccctcaattt	780
gcagtgccta	aaggaactga	tgcttttagtc	agagtgtttg	atgaatttca	tggaaatgct	840
tatttagaaa	ataactataa	agttggtgaa	atcaaattac	cgattccgaa	attaaaccaa	900
ggaacaacca	gaacggccgg	aaataaaatt	cctgtaacct	tcattggcaa	tgcttatttg	960
gacaatcaat	cgacttatat	tgtggaagta	cctatcttgg	aaaaagaaaa	tcaactgat	1020
aaaccaagta	ttctaccaca	atttaaaagg	aataaagcac	aagaaaactc	aaaacttgat	1080
gaaaaggtag	aagaaccaa	gactagttag	aaggtagaaa	aagaaaaact	ttctgaaact	1140
gggaatagta	ctagtaattc	aacgttagaa	gaagttccta	cagtggatcc	tgtacaagaa	1200
aaagtagcaa	aatttgctga	aagttatggg	atgaagctag	aaaatgtctt	gtttaatatg	1260
gacggaacaa	ttgaattata	tttaccatca	ggagaagtca	ttaaaaagaa	tatggcagat	1320
tttacaggag	aagcacctca	aggaaatggt	gaaaataaac	catctgaaaa	tggaaaagta	1380
tctactggaa	cagttgagaa	ccaaccaaca	gaaaataaac	cagcagattc	tttaccagag	1440
gcaccaaacg	aaaaacctgt	aaaaccagaa	aactcaacgg	ataatggaat	gttgaatcca	1500
gaagggaatg	tggggagtag	ccctatgtta	gatccagcat	tagaggaagc	tccagagta	1560
gatcctgtac	aagaaaaatt	agaaaaattt	acagctagtt	acggattagg	cttagatagt	1620
gttatattca	atatggatgg	aacgattgaa	ttaagattgc	caagtggaga	agtataaaaa	1680
aagaatttat	ctgatttcat	agcgaagctt	cgttatcgtt	caaaccattg	ggtaccagat	1740
tcaagaccag	aagaaccaag	tccacaaccg	actccagaac	ctagtccaag	tccgcaacct	1800
gcaccaaatc	ctcaaccagc	tccaagcaat	ccaattgatg	agaaatttgt	caaagaagct	1860
gttcgaaaag	taggcgatgg	ttatgtcttt	gaggagaatg	gagtttctcg	ttatatccca	1920
gccaaagaatc	tttcagcaga	aacagcagca	ggcattgata	gcaaactggc	caagcaggaa	1980
agtttatctc	ataagctagg	agctaagaaa	actgacctcc	catctagtga	tcgagaattt	2040
tacaataagg	cttatgactt	actagcaaga	attcaccaag	atttacttga	taataaagg	2100
cgacaagttg	attttgaggc	tttggtatac	ctggttggaac	gactcaagga	tgtctcaagt	2160
gataaagtca	agttagtggg	tgatattctt	gccttcttag	ctccgattcg	tcattccagaa	2220
cgtttaggaa	aaccaaattg	gcaaattacc	tacactgatg	atgagattca	agtagccaag	2280
ttggcaggga	agtacacaac	agaagacggg	tatatctttg	atcctcgtga	tataaccagt	2340
gatgaggggg	atgcctatgt	aactccacat	atgaccata	gccactggat	taaaaaagat	2400
agtttgtctg	aagctgagag	agcggcagcc	caggcttatg	ctaaagagaa	aggtttgacc	2460
cctccttcga	cagaccatca	ggattcagga	aatactgagg	caaaaggagc	agaagctatc	2520
tacaaccgcg	tgaaagcagc	taagaaggtg	ccacttgatc	gtatgcctta	caatcttcaa	2580
tatactgtag	aagtcaaaaa	cggtagttta	atcatacctc	attatgacca	ttaccataac	2640
atcaaatttg	agtggtttga	cgaaggcctt	tatgaggcac	ctaaggggta	tactcttgag	2700
gatcttttgg	cgactgtcaa	gtactatgtc	gaacatccaa	acgaacgtcc	gcattcagat	2760
aatgggtttg	gtaacgctag	cgaccatggt	caaagaaaca	aaaatggtca	agctgatacc	2820
aatcaaacgg	aaaaaccaag	cgaggagaaa	cctcagacag	aaaaacctga	ggaagaaacc	2880
cctcgagaag	agaaaccaca	aagcgagaaa	ccagagtctc	caaaaccaac	agaggaacca	2940
gaagaagaat	caccagagga	atcagaagaa	cctcaggtcg	agactgaaaa	ggttgaagaa	3000
aaactgagag	aggtgaaga	tttacttggg	aaaatccagg	atccaattat	caagtccaat	3060
gccaaagaga	ctctcacagg	attaaaaaat	aatttactat	ttggcaccca	ggacaacaat	3120
actattatgg	cagaagctga	aaaactattg	gctttattaa	aggagagtaa	g	3171

<211> 473

<212> PRT

<213> S. pneumoniae

<400> 77

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

# ES 2 400 280 T3

				405					410					415		
His	Tyr	Asp	His	Tyr	His	Asn	Ile	Lys	Phe	Glu	Trp	Phe	Asp	Glu	Gly	
			420					425					430			
Leu	Tyr	Glu	Ala	Pro	Lys	Gly	Tyr	Ser	Leu	Glu	Asp	Leu	Leu	Ala	Thr	
		435					440					445				
Val	Lys	Tyr	Tyr	Val	Glu	His	Pro	Asn	Glu	Arg	Pro	His	Ser	Asp	Asn	
	450					455					460					
Gly	Phe	Gly	Asn	Ala	Ser	Asp	His	Val								
465					470											

<210> 78

<211> 780

<212> PRT

5 <213> S. pneumoniae

<400> 78

ES 2 400 280 T3

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

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

<210> 79

<211> 690

<212> PRT

<213> S. pneumoniae

5 <400> 79

Cys Ala Tyr Glu Leu Gly Leu His Gln Ala Gln Thr Val Lys Glu Asn

ES 2 400 280 T3

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



# ES 2 400 280 T3

Leu	Ala	Pro	Ile	Arg	His	Pro	Glu	Arg	Leu	Gly	Lys	Pro	Asn	Ala	Gln	
			500					505					510			
Ile	Thr	Tyr	Thr	Asp	Asp	Glu	Ile	Gln	Val	Ala	Lys	Leu	Ala	Gly	Lys	
		515					520					525				
Tyr	Thr	Thr	Glu	Asp	Gly	Tyr	Ile	Phe	Asp	Pro	Arg	Asp	Ile	Thr	Ser	
	530					535					540					
Asp	Glu	Gly	Asp	Ala	Tyr	Val	Thr	Pro	His	Met	Thr	His	Ser	His	Trp	
545					550					555					560	
Ile	Lys	Lys	Asp	Ser	Leu	Ser	Glu	Ala	Glu	Arg	Ala	Ala	Ala	Gln	Ala	
				565					570					575		
Tyr	Ala	Lys	Glu	Lys	Gly	Leu	Thr	Pro	Pro	Ser	Thr	Asp	His	Gln	Asp	
			580					585					590			
Ser	Gly	Asn	Thr	Glu	Ala	Lys	Gly	Ala	Glu	Ala	Ile	Tyr	Asn	Arg	Val	
		595					600					605				
Lys	Ala	Ala	Lys	Lys	Val	Pro	Leu	Asp	Arg	Met	Pro	Tyr	Asn	Leu	Gln	
	610					615					620					
Tyr	Thr	Val	Glu	Val	Lys	Asn	Gly	Ser	Leu	Ile	Ile	Pro	His	Tyr	Asp	
625					630					635					640	
His	Tyr	His	Asn	Ile	Lys	Phe	Glu	Trp	Phe	Asp	Glu	Gly	Leu	Tyr	Glu	
				645					650					655		
Ala	Pro	Lys	Gly	Tyr	Thr	Leu	Glu	Asp	Leu	Leu	Ala	Thr	Val	Lys	Tyr	
			660					665					670			
Tyr	Val	Glu	His	Pro	Asn	Glu	Arg	Pro	His	Ser	Asp	Asn	Gly	Phe	Gly	
		675					680					685				
Asn	Ala															
	690															

<210> 80

<211> 2469

5 <212> ADN

<213> S. pneumoniae

<400> 80

gtgaagaaaa	catatgggta	tatcggtctca	gttgctgccca	ttttactagc	tactcatatt	60
ggaagttacc	aacttggtta	gcacatcatg	gggtctagcaa	caaaggacaa	tcagattgcc	120
tatattgatg	acagcaaagg	taaggcaaaa	gcccctaaaa	caaacaaaac	gatggatcaa	180
atcagtgtcg	aagaaggcat	ctctgctgaa	cagatcgtag	tcaaaattac	tgaccaaggc	240
tatgtgacct	cacacgggtga	ccattatcat	ttttacaatg	ggaaagtcc	ttatgatgcg	300
attattagtg	aagagttgtt	gatgacggat	cctaattacc	gttttaaaaca	atcagacggt	360
atcaatgaaa	tcttagacgg	ttacgtttatt	aaagtcaatg	gcaactatta	tgtttacctc	420
aagccaggta	gtaagcgcaa	aaacattcga	accaaacaac	aaattgctga	gcaagtagcc	480
aaaggaacta	aagaagctaa	agaaaaaggt	ttagctcaag	tggcccatct	cagtaaagaa	540
gaagttgcgg	cagtcaatga	agcaaaaaga	caaggacgct	atactacaga	cgatggctat	600
atttttagtc	cgacagatat	cattgatgat	ttaggagatg	cttatttagt	acctcatggt	660
aatcactatc	attatatctc	taaaaaggat	ttgtctccaa	gtgagctagc	tgctgcacaa	720
gctactgga	gtcaaaaaca	aggtcgaggt	gctagaccgt	ctgattaccg	cccgcaccca	780
gccccaggtc	gtaggaaagc	cccaattcct	gatgtgacgc	ctaaccctgg	acaagggtcat	840
cagccagata	acggtggcta	tcattccagcg	cctcctaggc	caaatgatgc	gtcacaaaac	900
aaacacaaaa	gagatgagtt	taaaggaaaa	acctttaagg	aacttttaga	tcaactacac	960
cgtcttgatt	tgaaataccg	tcattgtgaa	gaagatgggt	tgatttttga	accgactcaa	1020
gtgatcaaat	caaacgcttt	tgggtatgtg	gtgcctcatg	gagatcatta	tcattattatc	1080
ccaagaagtc	agttatcacc	tcttgaaatg	gaattagcag	atcgatactt	agctggccaa	1140
actgaggaca	atgactcagg	ttcagagcac	tcaaaaccat	cagataaaga	agtgcacat	1200
acctttcttg	gtcatcgcat	caaagcttac	ggaaaaggct	tagatggtaa	accatatgat	1260
acgagtgatg	cttatgtttt	tagtaaagaa	tccattcatt	cagtggataa	atcaggaggt	1320
acagctaaac	acggagatca	tttccactat	ataggatttg	gagaacttga	acaatatgag	1380
ttggatgagg	tcgctaactg	ggtgaaagca	aaaggctcaag	ctgatgagct	tgctgctgct	1440
ttggatcagg	aacaaggcaa	agaaaaacca	ctctttgaca	ctaaaaaagt	gagtcgcaaa	1500
gtaacaaaag	atggtaaagt	gggctatatg	atgccaaaag	atggtaagga	ctattttctat	1560
gctcgtgatc	aacttgattt	gactcagatt	gcctttgccc	aacaagaact	aatgcttaaa	1620
gataagaagc	attaccgtta	tgacattggt	gacacaggta	ttgagccacg	acttgctgta	1680
gatgtgtcaa	gtctgccgat	gcattgctggt	aatgctactt	acgatactgg	aagttcgttt	1740
gttatcccac	atattgatca	tatccatgct	gttccgtatt	catgggtgac	gcgcgatcag	1800
attgcaacag	tcaagtatgt	gatgcaacac	cccgaagttc	gtccggatgt	atgggtctaa	1860
ccaggggcatg	aagagtcagg	ttcgggtcatt	ccaaatgtta	cgctcttga	taaacgtgct	1920
ggtatgccaa	actggcaaat	tatccattct	gctgaagaag	ttcaaaaagc	cctagcagaa	1980
ggctggtttt	caacaccaga	cggttatatt	ttcgatccac	gagatgtttt	ggccaaagaa	2040
acttttgtat	ggaaagatgg	ctccttttagc	atcccaagag	cagatggcag	ttcattgaga	2100
accattaata	aatctgatct	atcccaagct	gagtggaac	aagctcaaga	gttattggca	2160
aagaaaaata	ctgggtgatc	tactgatacg	gataaaacca	aagaaaaagca	acaggcagat	2220
aagagcaatg	aaaaccaaca	gccaaagtga	gccagtaaag	aagaaaaaga	atcagatgac	2280
tttatagaca	gtttaccaga	ctatggtcta	gatagagcaa	ccctagaaga	tcatatcaat	2340
caattagcac	aaaaagctaa	tatcgatcct	aagtatctca	ttttccaacc	agaagggtgc	2400
caattttata	ataaaaatgg	tgaattggta	acttatgata	tcaagacact	tcaacaaata	2460
aacccttaa						2469

<210> 81

<211> 823

5 <212> PRT

<213> S. pneumoniae

<400> 81

ES 2 400 280 T3

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

ES 2 400 280 T3

Arg	Leu	Asp	Leu	Lys	Tyr	Arg	His	Val	Glu	Glu	Asp	Gly	Leu	Ile	Phe
				325					330					335	
Glu	Pro	Thr	Gln	Val	Ile	Lys	Ser	Asn	Ala	Phe	Gly	Tyr	Val	Val	Pro
			340					345					350		
His	Gly	Asp	His	Tyr	His	Ile	Ile	Pro	Arg	Ser	Gln	Leu	Ser	Pro	Leu
		355					360					365			
Glu	Met	Glu	Leu	Ala	Asp	Arg	Tyr	Leu	Ala	Gly	Gln	Thr	Glu	Asp	Asn
	370					375					380				
Asp	Ser	Gly	Ser	Glu	His	Ser	Lys	Pro	Ser	Asp	Lys	Glu	Val	Thr	His
385					390					395					400
Thr	Phe	Leu	Gly	His	Arg	Ile	Lys	Ala	Tyr	Gly	Lys	Gly	Leu	Asp	Gly
				405					410					415	
Lys	Pro	Tyr	Asp	Thr	Ser	Asp	Ala	Tyr	Val	Phe	Ser	Lys	Glu	Ser	Ile
			420					425					430		
His	Ser	Val	Asp	Lys	Ser	Gly	Val	Thr	Ala	Lys	His	Gly	Asp	His	Phe
		435					440					445			
His	Tyr	Ile	Gly	Phe	Gly	Glu	Leu	Glu	Gln	Tyr	Glu	Leu	Asp	Glu	Val
	450					455					460				
Ala	Asn	Trp	Val	Lys	Ala	Lys	Gly	Gln	Ala	Asp	Glu	Leu	Ala	Ala	Ala
465					470					475					480
Leu	Asp	Gln	Glu	Gln	Gly	Lys	Glu	Lys	Pro	Leu	Phe	Asp	Thr	Lys	Lys
				485					490					495	
Val	Ser	Arg	Lys	Val	Thr	Lys	Asp	Gly	Lys	Val	Gly	Tyr	Met	Met	Pro
			500					505					510		
Lys	Asp	Gly	Lys	Asp	Tyr	Phe	Tyr	Ala	Arg	Asp	Gln	Leu	Asp	Leu	Thr
		515					520					525			
Gln	Ile	Ala	Phe	Ala	Glu	Gln	Glu	Leu	Met	Leu	Lys	Asp	Lys	Lys	His
	530					535					540				
Tyr	Arg	Tyr	Asp	Ile	Val	Asp	Thr	Gly	Ile	Glu	Pro	Arg	Leu	Ala	Val
545					550					555					560
Asp	Val	Ser	Ser	Leu	Pro	Met	His	Ala	Gly	Asn	Ala	Thr	Tyr	Asp	Thr
				565					570					575	
Gly	Ser	Ser	Phe	Val	Ile	Pro	His	Ile	Asp	His	Ile	His	Val	Val	Pro
			580					585					590		
Tyr	Ser	Trp	Leu	Thr	Arg	Asp	Gln	Ile	Ala	Thr	Val	Lys	Tyr	Val	Met
		595					600					605			
Gln	His	Pro	Glu	Val	Arg	Pro	Asp	Val	Trp	Ser	Lys	Pro	Gly	His	Glu
	610					615					620				
Glu	Ser	Gly	Ser	Val	Ile	Pro	Asn	Val	Thr	Pro	Leu	Asp	Lys	Arg	Ala
625					630					635					640
Gly	Met	Pro	Asn	Trp	Gln	Ile	Ile	His	Ser	Ala	Glu	Glu	Val	Gln	Lys
				645					650					655	
Ala	Leu	Ala	Glu	Gly	Arg	Phe	Ala	Thr	Pro	Asp	Gly	Tyr	Ile	Phe	Asp
			660					665					670		
Pro	Arg	Asp	Val	Leu	Ala	Lys	Glu	Thr	Phe	Val	Trp	Lys	Asp	Gly	Ser
		675					680					685			
Phe	Ser	Ile	Pro	Arg	Ala	Asp	Gly	Ser	Ser	Leu	Arg	Thr	Ile	Asn	Lys
	690					695					700				
Ser	Asp	Leu	Ser	Gln	Ala	Glu	Trp	Gln	Gln	Ala	Gln	Glu	Leu	Leu	Ala
705					710					715					720
Lys	Lys	Asn	Thr	Gly	Asp	Ala	Thr	Asp	Thr	Asp	Lys	Pro	Lys	Glu	Lys
				725					730					735	
Gln	Gln	Ala	Asp	Lys	Ser	Asn	Glu	Asn	Gln	Gln	Pro	Ser	Glu	Ala	Ser
			740					745					750		
Lys	Glu	Glu	Lys	Glu	Ser	Asp	Asp	Phe	Ile	Asp	Ser	Leu	Pro	Asp	Tyr
		755					760					765			
Gly	Leu	Asp	Arg	Ala	Thr	Leu	Glu	Asp	His	Ile	Asn	Gln	Leu	Ala	Gln
	770					775					780				
Lys	Ala	Asn	Ile	Asp	Pro	Lys	Tyr	Leu	Ile	Phe	Gln	Pro	Glu	Gly	Val
785					790					795					800
Gln	Phe	Tyr	Asn	Lys	Asn	Gly	Glu	Leu	Val	Thr	Tyr	Asp	Ile	Lys	Thr

805  
Leu Gln Gln Ile Asn Pro Pro  
820

810

815

<210> 82

<211> 2472

<212> ADN

5 <213> S. pneumoniae

<400> 82

gtgaagaaaa	catatgggta	tatcggtcca	gttgctgcca	ttttactagc	tactcatatt	60
ggaagttacc	aacttggtta	gcacatattg	ggctctagca	caaaggacaa	tcagattgcc	120
tatattgatg	atagcaaagg	taaggcaaaa	gcccctaaaa	caaacaaaac	gatggatcaa	180
atcagtgtctg	aagaaggcat	ctctgtctgaa	cagatcgtag	tcaaaaattac	tgaccaaggt	240
tatgtgacct	cacacgggtga	ccattatcat	ttttacaatg	ggaaagtctc	ttatgatgctg	300
attatttagtg	aagagttgtt	gatgacggat	cctaattacc	atttttaaca	atcagacggt	360
atcaatgaaa	tcttagacgg	ttacgttatt	aaagtcaatg	gcaactatta	tgtttacctc	420
aagccaggta	gtaagcgcaa	aaacattcga	accaaacaac	aaattgctga	gcaagtagcc	480
aaaggaacta	agaagctaa	agaaaaagg	ttagctcaag	tgccccatct	cagtaaagaa	540
gaagttgcgg	cagtcaatga	agcaaaaaga	caaggacgct	atactacaga	cgatggctat	600
atTTTTtagtc	cgacagatat	cattgatgat	ttaggagacg	cttatttagt	acctcatggt	660
aatcactatc	attatatctc	taaaaaagat	ttgtctccaa	gtgagctagc	tgctgcacaa	720
gcttactgga	gtcaaaaaca	aggtcgagg	gctagaccgt	ctgattaccg	cccagacacca	780
gccccaggtc	gtaggaaagc	tccaattcct	gatgtgacgc	ctaaccctgg	acaaggatcat	840
cagccagata	acggtggcta	tcattccagcg	cctcctaggc	caaattgatgc	gtcacaaaac	900
aaacacccaaa	gagatgagtt	taaaggaaaa	acctttaagg	aacttttaga	tcaactacac	960
cgtcttgatt	tgaaataccg	tcattgtggaa	gaagatgggt	tgatttttga	accgactcaa	1020
gtgatcaaat	caaacgcttt	tgggtatgtg	gtgcctcatg	gagatcatta	tcattattatc	1080
ccaagaagtc	agttatcacc	tcttgaaatg	gaattagcag	atcgatactt	agccgggtcaa	1140
actgaggaca	atgattcagg	ttcagatcac	tcaaaacat	cagataaaga	agtgcacacat	1200
acctttcttg	gtcatcgcat	caaagcttac	ggaaaaggct	tagatggtaa	accatattgat	1260
acgagtgatg	cttatgtttt	tagtaaaaga	tccattcatt	cagtggataa	atacaggagt	1320
acagctaaac	acggagatca	tttccactat	ataggatttg	gagaacttga	acaatatgag	1380
ttggatgagg	tcgctaactg	ggtgaaagca	aaaggctcaag	ctgatgagct	tgctgctgct	1440
ttggatcagg	aacaaggcaa	agaaaaacca	ctctttgaca	ctaaaaaagt	gagtcgcaaa	1500
gtaacaaaag	atggtaaagt	gggctatat	atgccaaaag	atggcaagg	ctattttctat	1560
gctcgtgac	aacttgattt	gactcagatt	gcctttgccg	aacaagaact	aatgcttaaa	1620
gataagaacc	attaccgtta	tgacattggt	gacacaggta	ttgagccacg	acttgctgta	1680
gatgtgtcaa	gtctgccgat	gcattgctgt	aatgctactt	acgatactgg	aagttcgttt	1740
gttatccctc	atattgatca	tatccatgtc	gttccgtatt	catgggtgac	gcgcgatcag	1800
attgcaacaa	tcaagtatgt	gatgcaaac	cccgaagttc	gtccagatgt	atggtctaag	1860
ccagggcattg	aagagtcagg	ttcgggtcatt	ccaaatgtta	cgctcttga	taaacgtgct	1920
ggtatgccaa	attggcaaat	catccattct	gctgaagaag	ttcaaaaagc	cctagcagaa	1980
ggtcgtttttg	caacaccaga	cggctatat	ttcgatccac	gagatgtttt	ggccaaagaa	2040
acttttgtat	ggaaagatgg	ctccttttagc	atcccaagag	cagatggcag	ttcattgaga	2100
accattaata	aatctgatct	atcccaagct	gagtggcaac	aagctcaaga	gttattggca	2160
aagaaaaacg	ctggtgatgc	tactgatacg	gataaaacca	aagaaaagca	acaggcagat	2220
aagagcaatg	aaaaccaaca	gccaaagtga	gccagtaaag	aagaagaaaa	agaatcagat	2280
gacttttatag	acagtttacc	agactatggt	ctagatagag	caaccctaga	agatcatatc	2340
aatcaatttag	cacaaaaagc	taatatcgat	cctaagtatc	tcattttcca	accagaaggt	2400
gtccaattttt	ataataaaaa	tggtgaatta	gtaacttatg	atatcaagac	gcttcaacaa	2460
ataaacctt	aa					2472

# ES 2 400 280 T3

<210> 83

<211> 824

<212> PRT

<213> S. pneumoniae

5 <400> 83

Val	Lys	Lys	Thr	Tyr	Gly	Tyr	Ile	Gly	Ser	Val	Ala	Ala	Ile	Leu	Leu
1				5					10					15	

# ES 2 400 280 T3

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

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

<210> 84

<211> 1019

<212> PRT

5 <213> S. pneumoniae

<400> 84



# ES 2 400 280 T3

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

## ES 2 400 280 T3

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

ES 2 400 280 T3

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

<210> 85

<211> 1019

<212> PRT

<213> S. pneumoniae

5 <400> 85

ES 2 400 280 T3

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

ES 2 400 280 T3

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

# ES 2 400 280 T3

```

Lys Leu Glu Lys Phe Thr Ala Ser Tyr Gly Leu Gly Leu Asp Ser Val
      980                      985                      990
Ile Phe Asn Met Asp Gly Thr Ile Glu Leu Arg Leu Pro Ser Gly Glu
      995                      1000                      1005
Val Ile Lys Lys Asn Leu Ser Asp Leu Ile Ala
      1010                      1015

```

<210> 86

<211> 1019

<212> PRT

5 <213> S. pneumoniae

<400> 86

ES 2 400 280 T3

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



ES 2 400 280 T3

Lys	Ser	Asn	Gln	Ile	Gly	Gln	Pro	Thr	Leu	Pro	Asn	Asn	Ser	Leu	Ala
385					390					395					400
Thr	Pro	Ser	Pro	Ser	Leu	Pro	Ile	Asn	Pro	Gly	Thr	Ser	His	Glu	Lys
				405					410					415	
His	Glu	Glu	Asp	Gly	Tyr	Gly	Phe	Asp	Ala	Asn	Arg	Ile	Ile	Ala	Glu
			420					425					430		
Asp	Glu	Ser	Gly	Phe	Val	Met	Ser	His	Gly	Asp	His	Asn	His	Tyr	Phe
		435					440					445			
Phe	Lys	Lys	Asp	Leu	Thr	Glu	Gln	Ile	Lys	Ala	Ala	Gln	Lys	His	
	450					455				460					
Leu	Glu	Glu	Val	Lys	Thr	Ser	His	Asn	Gly	Leu	Asp	Ser	Leu	Ser	Ser
465					470					475					480
His	Glu	Gln	Asp	Tyr	Pro	Ser	Asn	Ala	Lys	Glu	Met	Lys	Asp	Leu	Asp
			485						490					495	
Lys	Lys	Ile	Glu	Glu	Lys	Ile	Ala	Gly	Ile	Met	Lys	Gln	Tyr	Gly	Val
		500						505					510		
Lys	Arg	Glu	Ser	Ile	Val	Val	Asn	Lys	Glu	Lys	Asn	Ala	Ile	Ile	Tyr
	515						520					525			
Pro	His	Gly	Asp	His	His	His	Ala	Asp	Pro	Ile	Asp	Glu	His	Lys	Pro
	530					535					540				
Val	Gly	Ile	Gly	His	Ser	His	Ser	Asn	Tyr	Glu	Leu	Phe	Lys	Pro	Glu
545					550					555					560
Glu	Gly	Val	Ala	Lys	Lys	Glu	Gly	Asn	Lys	Val	Tyr	Thr	Gly	Glu	Glu
			565					570						575	
Leu	Thr	Asn	Val	Val	Asn	Leu	Leu	Lys	Asn	Ser	Thr	Phe	Asn	Asn	Gln
		580						585					590		
Asn	Phe	Thr	Leu	Ala	Asn	Gly	Gln	Lys	Arg	Val	Ser	Phe	Ser	Phe	Pro
	595					600						605			
Pro	Glu	Leu	Glu	Lys	Lys	Leu	Gly	Ile	Asn	Met	Leu	Val	Lys	Leu	Ile
	610					615					620				
Thr	Pro	Asp	Gly	Lys	Val	Leu	Glu	Lys	Val	Ser	Gly	Lys	Val	Phe	Gly
625					630					635					640
Glu	Gly	Val	Gly	Asn	Ile	Ala	Asn	Phe	Glu	Leu	Asp	Gln	Pro	Tyr	Leu
			645					650						655	
Pro	Gly	Gln	Thr	Phe	Lys	Tyr	Thr	Ile	Ala	Ser	Lys	Asp	Tyr	Pro	Glu
		660						665					670		
Val	Ser	Tyr	Asp	Gly	Thr	Phe	Thr	Val	Pro	Thr	Ser	Leu	Ala	Tyr	Lys
	675					680						685			
Met	Ala	Ser	Gln	Thr	Ile	Phe	Tyr	Pro	Phe	His	Ala	Gly	Asp	Thr	Tyr
	690					695					700				
Leu	Arg	Val	Asn	Pro	Gln	Phe	Ala	Val	Pro	Lys	Gly	Thr	Asp	Ala	Leu
705					710				715						720
Val	Arg	Val	Phe	Asp	Glu	Phe	His	Gly	Asn	Ala	Tyr	Leu	Glu	Asn	Asn
			725					730						735	
Tyr	Lys	Val	Gly	Glu	Ile	Lys	Leu	Pro	Ile	Pro	Lys	Leu	Asn	Gln	Gly
		740						745					750		
Thr	Thr	Arg	Thr	Ala	Gly	Asn	Lys	Ile	Pro	Val	Thr	Phe	Met	Ala	Asn
	755					760						765			
Ala	Tyr	Leu	Asp	Asn	Gln	Ser	Thr	Tyr	Ile	Val	Glu	Val	Pro	Ile	Leu
	770					775					780				
Glu	Lys	Glu	Asn	Gln	Thr	Asp	Lys	Pro	Ser	Ile	Leu	Pro	Gln	Phe	Lys
785					790					795					800
Arg	Asn	Lys	Ala	Gln	Glu	Asn	Leu	Lys	Leu	Asp	Glu	Lys	Val	Glu	Glu
			805					810						815	
Pro	Lys	Thr	Ser	Glu	Lys	Val	Glu	Lys	Glu	Lys	Leu	Ser	Glu	Thr	Gly
			820					825					830		
Asn	Ser	Thr	Ser	Asn	Ser	Thr	Leu	Glu	Glu	Val	Pro	Thr	Val	Asp	Pro
	835					840						845			
Val	Gln	Glu	Lys	Val	Ala	Lys	Phe	Ala	Glu	Ser	Tyr	Gly	Met	Lys	Leu
	850					855					860				
Glu	Asn	Val	Leu	Phe	Asn	Met	Asp	Gly	Thr	Ile	Glu	Leu	Tyr	Leu	Pro

# ES 2 400 280 T3

865					870					875					880
Ser	Gly	Glu	Val	Ile	Lys	Lys	Asn	Met	Ala	Asp	Phe	Thr	Gly	Glu	Ala
				885					890					895	
Pro	Gln	Gly	Asn	Gly	Glu	Asn	Lys	Pro	Ser	Glu	Asn	Gly	Lys	Val	Ser
			900					905					910		
Thr	Gly	Thr	Val	Glu	Asn	Gln	Pro	Thr	Glu	Asn	Lys	Pro	Ala	Asp	Ser
		915					920					925			
Leu	Pro	Glu	Ala	Pro	Asn	Glu	Lys	Pro	Val	Lys	Pro	Glu	Asn	Ser	Thr
	930					935					940				
Asp	Asn	Gly	Met	Leu	Asn	Pro	Glu	Gly	Asn	Val	Gly	Ser	Asp	Pro	Met
945					950					955				960	
Leu	Asp	Pro	Ala	Leu	Glu	Glu	Ala	Pro	Ala	Val	Asp	Pro	Val	Gln	Glu
				965				970						975	
Lys	Leu	Glu	Lys	Phe	Thr	Ala	Ser	Tyr	Gly	Leu	Gly	Leu	Asp	Ser	Val
			980					985					990		
Ile	Phe	Asn	Met	Asp	Gly	Thr	Ile	Glu	Leu	Arg	Leu	Pro	Ser	Gly	Glu
		995					1000					1005			
Val	Ile	Lys	Lys	Asn	Leu	Ser	Asp	Leu	Ile	Ala					
	1010					1015									

<210> 87

<211> 1019

<212> PRT

5 <213> S. pneumoniae

<400> 87

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

## ES 2 400 280 T3

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

ES 2 400 280 T3

Ala	Tyr	Leu	Asp	Asn	Gln	Ser	Thr	Tyr	Ile	Val	Glu	Val	Pro	Ile	Leu
	770					775					780				
Glu	Lys	Glu	Asn	Gln	Thr	Asp	Lys	Pro	Ser	Ile	Leu	Pro	Gln	Phe	Lys
785					790					795					800
Arg	Asn	Lys	Ala	Gln	Glu	Asn	Ser	Lys	Leu	Asp	Glu	Lys	Val	Glu	Glu
				805					810					815	
Pro	Lys	Thr	Ser	Glu	Lys	Val	Glu	Lys	Glu	Lys	Leu	Ser	Glu	Thr	Gly
			820					825					830		
Asn	Ser	Thr	Ser	Asn	Ser	Thr	Leu	Glu	Glu	Val	Pro	Thr	Val	Asp	Pro
		835				840						845			
Val	Gln	Glu	Lys	Val	Ala	Lys	Phe	Ala	Glu	Ser	Tyr	Gly	Met	Lys	Leu
	850					855					860				
Glu	Asn	Val	Leu	Phe	Asn	Met	Asp	Gly	Thr	Ile	Glu	Leu	Tyr	Leu	Pro
865					870					875					880
Ser	Gly	Glu	Val	Ile	Lys	Lys	Asn	Met	Ala	Asp	Phe	Thr	Gly	Glu	Ala
				885					890					895	
Pro	Gln	Gly	Asn	Gly	Glu	Asn	Lys	Pro	Ser	Glu	Asn	Gly	Lys	Val	Ser
			900					905					910		
Thr	Gly	Thr	Val	Glu	Asn	Gln	Pro	Thr	Glu	Asn	Lys	Pro	Ala	Asp	Ser
		915					920						925		
Leu	Pro	Glu	Ala	Pro	Asn	Glu	Lys	Pro	Val	Lys	Pro	Glu	Asn	Ser	Thr
	930					935					940				
Asp	Asn	Gly	Met	Leu	Asn	Pro	Glu	Gly	Asn	Val	Gly	Ser	Asp	Pro	Met
945					950					955					960
Leu	Asp	Pro	Ala	Leu	Glu	Glu	Ala	Pro	Ala	Val	Asp	Pro	Val	Gln	Glu
				965					970					975	
Lys	Leu	Glu	Lys	Phe	Thr	Ala	Ser	Tyr	Gly	Leu	Gly	Leu	Asp	Ser	Val
			980					985					990		
Ile	Phe	Asn	Met	Asp	Gly	Thr	Ile	Glu	Leu	Arg	Leu	Pro	Ser	Gly	Glu
		995					1000					1005			
Val	Ile	Lys	Lys	Asn	Leu	Ser	Asp	Phe	Ile	Ala					
	1010					1015									

<210> 88

<211> 1019

<212> PRT

5 <213> S. pneumoniae

<400> 88

ES 2 400 280 T3

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

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

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

&lt;210&gt; 89

&lt;211&gt; 1019

&lt;212&gt; PRT



# ES 2 400 280 T3

<213> S. pneumoniae

<400> 89

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

ES 2 400 280 T3

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

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

<210> 90

<211> 819

<212> PRT

<213> S. pneumoniae

5 <400> 90

ES 2 400 280 T3

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

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

# ES 2 400 280 T3

<210> 91

<211> 820

<212> PRT

<213> S. pneumoniae

5 <400> 91

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

ES 2 400 280 T3

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



Ser	His	Trp	Ile	Lys	Lys	Asp	Ser	Leu	Ser	Glu	Ala	Glu	Arg	Ala	Ala	
545					550					555					560	
Ala	Gln	Ala	Tyr	Ala	Lys	Glu	Lys	Gly	Leu	Thr	Pro	Pro	Ser	Thr	Asp	
				565					570						575	
His	Gln	Asp	Ser	Gly	Asn	Thr	Glu	Ala	Lys	Gly	Ala	Glu	Ala	Ile	Tyr	
			580					585					590			
Asn	Arg	Val	Lys	Ala	Ala	Lys	Lys	Val	Pro	Leu	Asp	Arg	Met	Pro	Tyr	
		595					600				605					
Asn	Leu	Gln	Tyr	Thr	Val	Glu	Val	Lys	Asn	Gly	Ser	Leu	Ile	Ile	Pro	
	610					615					620					
His	Tyr	Asp	His	Tyr	His	Asn	Ile	Lys	Phe	Glu	Trp	Phe	Asp	Glu	Gly	
625					630					635					640	
Leu	Tyr	Glu	Ala	Pro	Lys	Gly	Tyr	Thr	Leu	Glu	Asp	Leu	Leu	Ala	Thr	
				645					650						655	
Val	Lys	Tyr	Tyr	Val	Glu	His	Pro	Asn	Glu	Arg	Pro	His	Ser	Asp	Asn	
			660					665						670		
Gly	Phe	Gly	Asn	Ala	Ser	Asp	His	Val	Arg	Lys	Asn	Lys	Val	Asp	Gln	
		675					680					685				
Asp	Ser	Lys	Pro	Asp	Glu	Asp	Lys	Glu	His	Asp	Glu	Val	Ser	Glu	Pro	
	690					695					700					
Thr	His	Pro	Glu	Ser	Asp	Glu	Lys	Glu	Asn	His	Ala	Gly	Leu	Asn	Pro	
705					710					715					720	
Ser	Ala	Asp	Asn	Leu	Tyr	Lys	Pro	Ser	Thr	Asp	Thr	Glu	Glu	Thr	Glu	
			725						730						735	
Glu	Glu	Ala	Glu	Asp	Thr	Thr	Asp	Glu	Ala	Glu	Ile	Pro	Gln	Val	Glu	
			740					745						750		
Asn	Ser	Val	Ile	Asn	Ala	Lys	Ile	Ala	Asp	Ala	Glu	Ala	Leu	Leu	Glu	
		755					760					765				
Lys	Val	Thr	Asp	Pro	Ser	Ile	Arg	Gln	Asn	Ala	Met	Glu	Thr	Leu	Thr	
	770					775					780					
Gly	Leu	Lys	Ser	Ser	Leu	Leu	Leu	Gly	Thr	Lys	Asp	Asn	Asn	Thr	Ile	
785					790					795					800	
Ser	Ala	Glu	Val	Asp	Ser	Leu	Leu	Ala	Leu	Leu	Lys	Glu	Ser	Gln	Pro	
				805					810						815	
Ala	Pro	Ile	Gln													
			820													

<210> 92

<211> 816

<212> PRT

5 <213> S. pneumoniae

<400> 92

ES 2 400 280 T3

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

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

# ES 2 400 280 T3

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

<210> 93

<211> 816

5 <212> PRT

<213> S. pneumoniae

<400> 93

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

ES 2 400 280 T3

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

# ES 2 400 280 T3

Asp	Thr	Thr	Asp	Glu	Ala	Glu	Ile	Pro	Gln	Val	Glu	His	Ser	Val	Ile
			740					745					750		
Asn	Ala	Lys	Ile	Ala	Asp	Ala	Glu	Ala	Leu	Leu	Glu	Lys	Val	Thr	Asp
		755					760					765			
Pro	Ser	Ile	Arg	Gln	Asn	Ala	Met	Glu	Thr	Leu	Thr	Gly	Leu	Lys	Ser
	770					775					780				
Ser	Leu	Leu	Leu	Gly	Thr	Lys	Asp	Asn	Asn	Thr	Ile	Ser	Ala	Glu	Val
785					790					795					800
Asp	Ser	Leu	Leu	Ala	Leu	Leu	Lys	Lys	Ser	Gln	Pro	Ala	Pro	Ile	Gln
				805					810					815	

<210> 94

<211> 816

<212> PRT

5 <213> S. pneumoniae

<400> 94

ES 2 400 280 T3

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



ES 2 400 280 T3

Pro	Ala	Pro	Ser	Asn	Pro	Ile	Asp	Glu	Lys	Leu	Val	Lys	Glu	Ala	Val
		355					360					365			
Arg	Lys	Val	Gly	Asp	Gly	Tyr	Val	Phe	Glu	Glu	Asn	Gly	Val	Ser	Arg
	370					375					380				
Tyr	Ile	Pro	Ala	Lys	Asp	Leu	Ser	Ala	Glu	Thr	Ala	Ala	Gly	Ile	Asp
385					390					395					400
Ser	Lys	Leu	Ala	Lys	Gln	Glu	Ser	Leu	Ser	His	Lys	Leu	Gly	Thr	Lys
				405					410					415	
Lys	Thr	Asp	Leu	Pro	Ser	Ser	Asp	Arg	Glu	Phe	Tyr	Asn	Lys	Ala	Tyr
			420					425					430		
Asp	Leu	Leu	Ala	Arg	Ile	His	Gln	Asp	Leu	Leu	Asp	Asn	Lys	Gly	Arg
		435					440					445			
Gln	Val	Asp	Phe	Glu	Ala	Leu	Asp	Asn	Leu	Leu	Glu	Arg	Leu	Lys	Asp
	450					455					460				
Val	Ser	Ser	Asp	Lys	Val	Lys	Leu	Val	Glu	Asp	Ile	Leu	Ala	Phe	Leu
465					470					475					480
Ala	Pro	Ile	Arg	His	Pro	Glu	Arg	Leu	Gly	Lys	Pro	Asn	Ser	Gln	Ile
				485					490					495	
Thr	Tyr	Thr	Asp	Asp	Glu	Ile	Gln	Val	Ala	Lys	Leu	Ala	Gly	Lys	Tyr
			500					505					510		
Thr	Thr	Glu	Asp	Gly	Tyr	Ile	Phe	Asp	Pro	Arg	Asp	Ile	Thr	Ser	Asp
		515					520					525			
Glu	Gly	Asp	Ala	Tyr	Val	Thr	Pro	His	Met	Thr	His	Ser	His	Trp	Ile
	530					535					540				
Lys	Lys	Asp	Ser	Leu	Ser	Glu	Ala	Glu	Arg	Ala	Ala	Gln	Ala	Tyr	
545					550					555				560	
Ala	Lys	Glu	Lys	Gly	Leu	Thr	Pro	Pro	Ser	Thr	Asp	His	Gln	Asp	Ser
				565					570					575	
Gly	Asn	Thr	Glu	Ala	Lys	Gly	Ala	Glu	Ala	Ile	Tyr	Asn	Arg	Val	Lys
			580					585					590		
Ala	Ala	Lys	Lys	Val	Pro	Leu	Asp	Arg	Met	Pro	Tyr	Asn	Leu	Gln	Tyr
		595					600					605			
Thr	Val	Glu	Val	Lys	Asn	Gly	Ser	Leu	Ile	Ile	Pro	His	Tyr	Asp	His
	610					615					620				
Tyr	His	Asn	Ile	Lys	Phe	Glu	Trp	Phe	Asp	Glu	Gly	Leu	Tyr	Glu	Ala
625				630						635					640
Pro	Lys	Gly	Tyr	Thr	Leu	Glu	Asp	Leu	Leu	Ala	Thr	Val	Lys	Tyr	Tyr
				645					650					655	
Val	Glu	His	Pro	Asn	Glu	Arg	Pro	His	Ser	Asp	Asn	Gly	Phe	Gly	Asn
			660					665					670		
Ala	Ser	Asp	His	Val	Arg	Lys	Asn	Lys	Ala	Asp	Gln	Asp	Ser	Lys	Pro
		675					680					685			
Asp	Glu	Asp	Lys	Gly	His	Asp	Glu	Val	Ser	Glu	Pro	Thr	His	Pro	Glu
	690					695					700				
Ser	As														

## ES 2 400 280 T3

<210> 95

<211> 834

<212> PRT

<213> S. pneumoniae

5 <400> 95

ES 2 400 280 T3

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

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

<210> 96  
 <211> 811  
 <212> PRT  
 <213> S. pneumoniae

# ES 2 400 280 T3

<400> 96

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

ES 2 400 280 T3

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

Glu 530	Gly	Asp	Ala	Tyr	Val	Thr	Pro	His	Met	Thr	His	Ser	His	Trp	Ile
Lys 545	Lys	Asp	Ser	Leu	Ser	Glu	Ala	Glu	Arg	Ala	Ala	Ala	Gln	Ala	Tyr
Ala	Lys	Glu	Lys	Gly	Leu	Thr	Pro	Pro	Ser	Thr	Asp	His	Gln	Asp	Ser
Gly	Asn	Thr	Glu	Ala	Lys	Gly	Ala	Glu	Ala	Ile	Tyr	Asn	Arg	Val	Lys
Ala	Ala	Lys	Lys	Val	Pro	Leu	Asp	Arg	Met	Pro	Tyr	Asn	Leu	Gln	Tyr
Thr	Val	Glu	Val	Lys	Asn	Gly	Ser	Leu	Ile	Ile	Pro	His	Tyr	Asp	His
Tyr 625	His	Asn	Ile	Lys	Phe	Glu	Trp	Phe	Asp	Glu	Gly	Leu	Tyr	Glu	Ala
Pro	Lys	Gly	Tyr	Thr	Leu	Glu	Asp	Leu	Leu	Ala	Thr	Val	Lys	Tyr	Tyr
Val	Glu	His	Pro	Asn	Glu	Arg	Pro	His	Ser	Asp	Asn	Gly	Phe	Gly	Asn
Ala	Ser	Asp	His	Val	Arg	Lys	Asn	Lys	Ala	Asp	Gln	Asp	Ser	Lys	Pro
Asp 690	Glu	Asp	Lys	Gly	His	Asp	Glu	Val	Ser	Glu	Pro	Thr	His	Pro	Glu
Ser 705	Asp	Glu	Lys	Glu	Asn	His	Ala	Gly	Leu	Asn	Pro	Ser	Ala	Asp	Asn
Leu	Tyr	Lys	Pro	Ser	Thr	Asp	Thr	Glu	Glu	Thr	Glu	Glu	Glu	Ala	Glu
Asp	Thr	Thr	Asp	Glu	Ala	Glu	Ile	Pro	Gln	Val	Glu	His	Ser	Val	Ile
Asn	Ala	Lys	Ile	Ala	Asp	Ala	Glu	Ala	Leu	Leu	Glu	Lys	Val	Thr	Asp
Pro	Ser	Ile	Arg	Gln	Asn	Ala	Met	Glu	Thr	Leu	Thr	Gly	Leu	Lys	Ser
Ser 785	Leu	Leu	Leu	Gly	Thr	Lys	Asp	Asn	Asn	Thr	Ile	Ser	Ala	Glu	Val
Asp	Ser	Leu	Leu	Ala	Leu	Leu	Lys	Glu	Ser	Lys					

<210> 97

<211> 811

5 <212> PRT

<213> S. pneumoniae

<400> 97

# ES 2 400 280 T3

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



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

ES 2 400 280 T3

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

<210> 98

<211> 811

5 <212> PRT

<213> S. pneumoniae

<400> 98

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

ES 2 400 280 T3

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

# ES 2 400 280 T3

Asp	Thr	Thr	Asp	Glu	Ala	Glu	Ile	Pro	Gln	Val	Glu	His	Ser	Val	Ile
			740					745					750		
Asn	Ala	Lys	Ile	Ala	Asp	Ala	Glu	Ala	Leu	Leu	Glu	Lys	Val	Thr	Asp
		755					760					765			
Pro	Ser	Ile	Arg	Gln	Asn	Ala	Met	Glu	Thr	Leu	Thr	Gly	Leu	Lys	Ser
	770					775					780				
Ser	Leu	Leu	Leu	Gly	Thr	Lys	Asp	Asn	Asn	Thr	Ile	Ser	Ala	Glu	Val
785					790					795					800
Asp	Ser	Leu	Leu	Ala	Leu	Leu	Lys	Glu	Ser	Lys					
				805					810						

<210> 99

<211> 811

5 <212> PRT

<213> S. pneumoniae

<400> 99

ES 2 400 280 T3

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

Asn	Pro	Gln	Pro	Ala	Pro	Ser	Asn	Pro	Ile	Asp	Glu	Lys	Leu	Val	Lys
		355					360					365			
Glu	Ala	Val	Arg	Lys	Val	Gly	Asp	Gly	Tyr	Val	Phe	Glu	Glu	Asn	Gly
	370					375					380				
Val	Pro	Arg	Tyr	Ile	Pro	Ala	Lys	Asp	Leu	Ser	Ala	Glu	Thr	Ala	Ala
385					390					395					400
Gly	Ile	Asp	Ser	Lys	Leu	Ala	Lys	Gln	Glu	Ser	Leu	Ser	His	Lys	Leu
				405					410					415	
Gly	Ala	Lys	Lys	Thr	Asp	Leu	Pro	Ser	Ser	Asp	Arg	Glu	Phe	Tyr	Asn
			420					425					430		
Lys	Ala	Tyr	Asp	Leu	Leu	Ala	Arg	Ile	His	Gln	Asp	Leu	Leu	Asp	Asn
		435					440					445			
Lys	Gly	Arg	Gln	Val	Asp	Phe	Glu	Ala	Leu	Asp	Asn	Leu	Leu	Glu	Arg
	450					455					460				
Leu	Lys	Asp	Val	Ser	Ser	Asp	Lys	Val	Lys	Leu	Val	Asp	Asp	Ile	Leu
465					470					475					480
Ala	Phe	Leu	Ala	Pro	Ile	Arg	His	Pro	Glu	Arg	Leu	Gly	Lys	Pro	Asn
				485					490						495
Ala	Gln	Ile	Thr	Tyr	Thr	Asp	Asp	Glu	Ile	Gln	Val	Ala	Lys	Leu	Ala
			500					505					510		
Gly	Lys	Tyr	Thr	Thr	Glu	Asp	Gly	Tyr	Ile	Phe	Asp	Pro	Arg	Asp	Ile
		515					520					525			
Thr	Ser	Asp	Glu	Gly	Asp	Ala	Tyr	Val	Thr	Pro	His	Met	Thr	His	Ser
	530					535					540				
His	Trp	Ile	Lys	Lys	Asp	Ser	Leu	Ser	Glu	Ala	Glu	Arg	Ala	Ala	Ala
545					550					555					560
Gln	Ala	Tyr	Ala	Lys	Glu	Lys	Gly	Leu	Thr	Pro	Pro	Ser	Thr	Asp	His
				565					570					575	
Gln	Asp	Ser	Gly	Asn	Thr	Glu	Ala	Lys	Gly	Ala	Glu	Ala	Ile	Tyr	Asn
			580					585					590		
Arg	Val	Lys	Ala	Ala	Lys	Lys	Val	Pro	Leu	Asp	Arg	Met	Pro	Tyr	Asn
		595					600					605			
Leu	Gln	Tyr	Thr	Val	Glu	Val	Lys	Asn	Gly	Ser	Leu	Ile	Ile	Pro	His
	610					615					620				
Tyr	Asp	His	Tyr	His	Asn	Ile	Lys	Phe	Glu	Trp	Phe	Asp	Glu	Gly	Leu
625					630				635						640
Tyr	Glu	Ala	Pro	Lys	Gly	Tyr	Ser	Leu	Glu	Asp	Leu	Leu	Ala	Thr	Val
				645					650					655	
Lys	Tyr	Tyr	Val	Glu	His	Pro	Asn	Glu	Arg	Pro	His	Ser	Asp	Asn	Gly
			660					665					670		
Phe	Gly	Asn	Ala	Ser	Asp	His	Val	Gln	Arg	Asn	Lys	Asn	Gly	Gln	Ala
		675					680					685			
Asp	Thr	Asn	Gln	Thr	Glu	Lys	Pro	Asn	Glu	Glu	Lys	Pro	Gln	Thr	Glu
	690					695					700				
Lys	Pro	Glu	Glu	Glu	Thr	Pro	Arg	Glu	Glu	Lys	Pro	Gln	Ser	Glu	Lys
705					710					715					720
Pro	Glu	Ser	Pro	Lys	Pro	Thr	Glu	Glu	Pro	Glu	Glu	Glu	Ser	Pro	Glu
				725					730					735	
Glu	Ser	Pro	Glu	Glu	Ser	Glu	Glu	Pro	Gln	Val	Glu	Thr	Glu	Lys	Val
			740					745					750		
Lys	Glu	Lys	Leu	Arg	Glu	Ala	Glu	Asp	Leu	Leu	Gly	Lys	Ile	Gln	Asn
		755					760					765			
Pro	Ile	Ile	Lys	Ser	Asn	Ala	Lys	Glu	Thr	Leu	Thr	Gly	Leu	Lys	Asn
	770					775					780				
Asn	Leu	Leu	Phe	Gly	Thr	Gln	Asp	Asn	Asn	Thr	Ile	Met	Ala	Glu	Ala
785					790					795					800
Glu	Lys	Leu	Leu	Ala	Leu	Leu	Lys	Glu	Ser	Lys					
				805					810						

## ES 2 400 280 T3

<210> 100

<211> 805

<212> PRT

<213> S. pneumoniae

5 <400> 100



ES 2 400 280 T3

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

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

<210> 101

<211> 807

5 <212> PRT

<213> S. pneumoniae

# ES 2 400 280 T3

<400> 101

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

ES 2 400 280 T3

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

Gln	Ala	Tyr	Ala	Lys	Glu	Lys	Gly	Leu	Thr	Pro	Pro	Ser	Thr	Asp	His	
				565					570					575		
Gln	Asp	Ser	Gly	Asn	Thr	Glu	Ala	Lys	Gly	Ala	Glu	Ala	Ile	Tyr	Asn	
			580					585					590			
Arg	Val	Lys	Ala	Ala	Lys	Lys	Val	Pro	Leu	Asp	Arg	Met	Pro	Tyr	Asn	
		595					600					605				
Leu	Gln	Tyr	Thr	Val	Glu	Val	Lys	Asn	Gly	Ser	Leu	Ile	Ile	Pro	His	
	610					615					620					
Tyr	Asp	His	Tyr	His	Asn	Ile	Lys	Phe	Glu	Trp	Phe	Asp	Glu	Gly	Leu	
625					630					635					640	
Tyr	Glu	Ala	Pro	Lys	Gly	Tyr	Thr	Leu	Glu	Asp	Leu	Leu	Ala	Thr	Val	
				645					650					655		
Lys	Tyr	Tyr	Val	Glu	His	Pro	Asn	Glu	Arg	Pro	His	Ser	Asp	Asn	Gly	
			660					665					670			
Phe	Gly	Asn	Ala	Ser	Asp	His	Val	Gln	Arg	Asn	Lys	Asn	Gly	Gln	Ala	
		675					680					685				
Asp	Thr	Asn	Gln	Thr	Glu	Lys	Pro	Ser	Glu	Glu	Lys	Pro	Gln	Thr	Glu	
	690					695						700				
Lys	Pro	Glu	Glu	Glu	Thr	Pro	Arg	Glu	Glu	Lys	Pro	Gln	Ser	Glu	Lys	
705					710					715					720	
Pro	Glu	Ser	Pro	Lys	Pro	Thr	Glu	Glu	Pro	Glu	Glu	Glu	Ser	Pro	Glu	
				725					730					735		
Glu	Ser	Glu	Glu	Pro	Gln	Val	Glu	Thr	Glu	Lys	Val	Glu	Glu	Lys	Leu	
			740					745					750			
Arg	Glu	Ala	Glu	Asp	Leu	Leu	Gly	Lys	Ile	Gln	Asp	Pro	Ile	Ile	Lys	
		755					760					765				
Ser	Asn	Ala	Lys	Glu	Thr	Leu	Thr	Gly	Leu	Lys	Asn	Asn	Leu	Leu	Phe	
	770					775					780					
Gly	Thr	Gln	Asp	Asn	Asn	Thr	Ile	Met	Ala	Glu	Ala	Glu	Lys	Leu	Leu	
785					790					795					800	
Ala	Leu	Leu	Lys	Glu	Ser	Lys										
				805												

<210> 102

<211> 821

<212> PRT

5 <213> S. pneumoniae

<400> 102

ES 2 400 280 T3

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

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

			660					665					670			
Tyr	Val	Glu	His	Pro	Asn	Glu	Arg	Pro	His	Ser	Asp	Asn	Gly	Phe	Gly	
		675					680					685				
Asn	Ala	Ser	Asp	His	Val	Gln	Arg	Asn	Lys	Asn	Gly	Gln	Ala	Asp	Thr	
	690					695					700					
Asn	Gln	Thr	Glu	Lys	Pro	Ser	Glu	Glu	Lys	Pro	Gln	Thr	Glu	Lys	Pro	
705					710					715					720	
Glu	Glu	Glu	Thr	Pro	Arg	Glu	Glu	Lys	Pro	Gln	Ser	Glu	Lys	Pro	Glu	
				725					730					735		
Ser	Pro	Lys	Pro	Thr	Glu	Glu	Pro	Glu	Glu	Glu	Ser	Pro	Glu	Glu	Ser	
			740					745					750			
Glu	Glu	Pro	Gln	Val	Glu	Thr	Glu	Lys	Val	Glu	Glu	Lys	Leu	Arg	Glu	
		755					760					765				
Ala	Glu	Asp	Leu	Leu	Gly	Lys	Ile	Gln	Asp	Pro	Ile	Ile	Lys	Ser	Asn	
	770				775					780						
Ala	Lys	Glu	Thr	Leu	Thr	Gly	Leu	Lys	Asn	Asn	Leu	Leu	Phe	Gly	Thr	
785					790				795						800	
Gln	Asp	Asn	Asn	Thr	Ile	Met	Ala	Glu	Ala	Glu	Lys	Leu	Leu	Ala	Leu	
				805					810					815		
Leu	Lys	Glu	Ser	Lys												
			820													



## REIVINDICACIONES

1. Un polinucleótido aislado que codifica un polipéptido que tiene:
  - a) al menos un 95 % de identidad con un segundo polipéptido que tiene una secuencia elegida de las: **SEC ID N°: 4, 58, 60, 61, 63, 73 a 75 o 79;** o
  - 5 b) más de un 99 % de identidad con un segundo polipéptido que tiene una secuencia elegida de las: **SEC ID N°: 14, 67 o 68;** y
  - c) en el que el polinucleótido no codifica un polipéptido que tiene la secuencia de SEC ID N° 5 del documento WO 00/17370, SEC ID N° 4 del documento WO 00/37105 o SEC ID N° 194 del documento WO 00/06737; y
  - 10 d) en el que el polipéptido produce una respuesta inmunológica antistreptocócica cuando se administra a un individuo.
2. Un polinucleótido aislado que es complementario al polinucleótido de la reivindicación 1.
3. Un vector que comprende el polinucleótido de la reivindicación 1, en el que dicho polinucleótido está unido de forma operable a una región de control de expresión.
4. Una célula huésped transfectada con el vector de la reivindicación 3.
- 15 5. Un procedimiento para producir un polipéptido que comprende cultivar una célula huésped de acuerdo con la reivindicación 4 en condiciones adecuadas para la expresión de dicho polipéptido.
6. Un polipéptido aislado que tiene:
  - a) más de un 95 % de identidad con un segundo polipéptido que tiene una secuencia de aminoácidos elegida de las: **SEC ID N°: 4, 58, 60, 61, 63, 73 a 75 o 79 o;**
  - 20 b) más de un 99 % de identidad con un segundo polipéptido que tiene una secuencia elegida de las: **SEC ID N°: 14, 67 o 68;** y
  - c) en el que el polipéptido no es la SEC ID N° 5 del documento WO 00/17370, SEC ID N° 4 del documento WO 00/37105 o SEC ID N° 194 del documento WO 00/06737; y d) en el que el polipéptido produce una respuesta inmunológica antistreptocócica cuando se administra a un individuo.
- 25 7. Un polipéptido aislado de acuerdo con la reivindicación 6 que tiene más de un 99 % de identidad con la secuencia de un segundo polipéptido elegida de las: **SEC ID N° 14, 4, 60 o 73.**
8. Un polipéptido aislado de acuerdo con la reivindicación 6 que tiene más de un 99 % de identidad con un segundo polipéptido que tiene una secuencia de aminoácidos **SEC ID N° 14.**
- 30 9. Un polipéptido aislado de acuerdo con la reivindicación 6 que tiene más de un 99 % de identidad con un segundo polipéptido que tiene una secuencia de aminoácidos **SEC ID N° 73.**
10. Un polipéptido aislado que tiene una secuencia de aminoácidos elegida de entre las **SEC ID N° 14, 4, 58, 60 A 63, 67, 68, 73 A 75, 77, 79,** y en el que el polipéptido produce una respuesta inmunitaria antistreptocócica.
11. Un polipéptido aislado de acuerdo con la reivindicación 10, en el que la Met en N- terminal está deletionada.
- 35 12. Un polipéptido aislado de acuerdo con la reivindicación 10, en el que la secuencia secretora de aminoácidos está deletionada.
13. Un polipéptido aislado de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 6 a 12, en el que el polipéptido aislado es un polipéptido recombinante.
14. Un polipéptido quimérico que comprende dos o más polipéptidos elegidos de las SEC ID N°: 14, 4, 56 a 63, 67 a 75, 77, 79 o un polipéptido que tiene más de un 90 % de identidad del mismo, con la condición de que los polipéptidos estén unidos de modo que formen un polipéptido quimérico en el que el polipéptido produce una respuesta inmunológica antistreptocócica cuando se administra a un individuo.
- 40 15. Un polipéptido quimérico de fórmula (I):
 
$$A-(B)_m-(C)_n-D \quad (I)$$

en la que

45 m es 0 o 1,

n es 0 o 1,

A está seleccionado de las SEC ID N°: 14, 4, 56 a 63, 67 a 75, 77, 79;

B está seleccionado de las SEC ID N°: 14, 4, 56 a 63, 67 a 75, 77, 79;

C está seleccionado de las SEC ID N°: 14, 4, 56 a 63, 67 a 75, 77, 79; y

D se selecciona de las SEC ID N°: 14, 4, 56 a 63, 67 a 75, 77, 79, en el que el polipéptido produce una respuesta inmunológica antiestreptocócica cuando se administra a un individuo.

16. Una composición de vacuna que comprende un polipéptido de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 6 a 15 y a un vehículo, diluyente o adyuvante farmacéuticamente aceptable.

- 5 17. Una composición de vacuna que comprende una cantidad profiláctica o terapéutica del polipéptido aislado que tiene a) más de un 95 % de identidad con un segundo polipéptido que tiene una secuencia de aminoácidos seleccionada de las: **SEC ID N° 4, 58, 60, 61, 63, 73 a 75 o 79** o b) más de un 99 % de identidad con un segundo polipéptido que tiene una secuencia de aminoácidos seleccionada de las: **SEC ID N° 14, 67 o 68**, en el que el polipéptido no es la SEC ID N° 5 del documento WI 00/17370, la SEC ID N° 4 del documento WO 00/37105 o la SEC ID N° 194 del documento WO00/06737; y en el que el polipéptido produce una respuesta inmunitaria antiestreptocócica cuando se administra a un individuo, y un vehículo, diluyente o adyuvante farmacéuticamente aceptable, para su uso en el tratamiento profiláctico o terapéutico de la infección por estreptococos en un animal susceptible a, o infectado con, una infección por estreptococos.
- 10

15

ATGAAATTTA	GTAAAAATA	TATAGCAGCT	GGATCAGCTG	TTATCGTATC	CTTGAGTCTA	60
TGTGCCTATG	CACTAAACCA	GCATCGTTTC	CAGGAAAATA	AGGACAATAA	TCGTGTCTCT	120
TATGTGGATG	GCAGCCAGTC	AAGTCAGAAA	AGTGAAAACT	TGACACCAGA	CCAGGTTAGC	180
CAGAAAGAAG	GAATTCAGGC	TGAGCAAATT	GTAATCAAAA	TTACAGATCA	GGGCTATGTA	240
ACGTCACACG	GTGACCACCTA	TCATTACTAT	AATGGGAAAAG	TTCCCTTATGA	TGCCCTCTTT	300
AGTGAAGAAC	TCCTTGATGAA	GGATCCAAAC	TATCAACTTA	AAGACGCTGA	TATTGTCAAT	360
GAAGTCAAGG	GTGGTTATAT	CATCAAGGTC	GATGGAAAAT	ATTATGTCTA	CCTGAAAGAT	420
GCAGCTCATG	CTGATAATGT	TCGAACTAAA	GATGAAATCA	ATCGTCAAAA	ACAAGAACAT	480
GTCAAAAGATA	ATGAGAAGGT	TAACTCTAAT	GTTGCTGTAG	CAAGGTCTCA	GGGACGATAT	540
ACGACAAATG	ATGGTTATGT	CTTTAATCCA	GCTGATATTA	TCGAAGATAC	GGGTAATGCT	600
TATATCGTTC	CTCATGGAGG	TCACTATCAC	TACATTCCCA	AAAGCGATT	ATCTGCTAGT	660
GAATTAGCAG	CAGCTAAAGC	ACATCTGGCT	GGAAAAAATA	TGCAACCGAG	TCAGTTAAGC	720
TATTCTTCAA	CAGCTAGTGA	CAATAACACG	CAATCTGTAG	CAAAAGGATC	AACTAGCAAG	780
CCAGCAAATA	AATCTGAAAA	TCTCCAGAGT	CTTTTGAAAG	AACTCTATGA	TTCACCTAGC	840
GCCCAACGTT	ACAGTGAATC	AGATGGCCTG	GTCCTTGACC	CTGCTAAGAT	TATCAGTCGT	900
ACACCAAATG	GAGTTGCGAT	TCCGCATGGC	GACCATTACC	ACTTTATTCC	TTACAGCAAG	960
CTTTCTGCTT	TAGAAGAAAA	GATTGCCAGA	ATGGTGCCTA	TCAGTGGAAC	TGGTTCTACA	1020
GTTTCTACAA	ATGCAAAACC	TAATGAAGTA	GTGTCTAGTC	TAGGCAGTCT	TTCAAGCAAT	1080
CCTTCTTCTT	TAACGACAGG	TAATGGAGCTC	TCTTCAGCAT	CTGATGGTTA	TATTTTTAAT	1140
CCAAAAGATA	TCGTTGAAGA	AACGGCTACA	GCTTATATTG	TAAGACATGG	TGATCATTTT	1200
CATTACATTC	CAAAATCAAA	TCAAATTGGG	CAACCGACTC	TTCCAAACAA	TAGTCTAGCA	1260
ACACCTTCTC	CATCTCTTCC	AATCAATCCA	GGAACCTCAC	ATGAGAAACA	TGAAGAAGAT	1320
GGATACGGAT	TTGATGCTAA	TCGTATTATC	GCTGAAAGATG	AATCAGGTTT	TGTCATGAGT	1380
CACGGAGACC	ACAATCATTA	TTTCTTCAAG	AAGGACTTGA	CAGAAGAGCA	AATTAAGGCT	1440
GCGCAAAAAA	ATTTAGAGGA	AGTTAAAACT	AGTCATAATG	GATTAGATTC	TTTGTCTATC	1500
CATGAACAGG	ATTATCCAGG	TAATGCCAAA	GAAATGAAAG	ATTTAGATAA	AAAAATCGAA	1560
GAAAAAATTG	CTGGCATTAT	GAAACAATAT	GGTGTCAAAC	GTGAAAGTAT	TGTCGTGAAT	1620
AAAGAAAAAA	ATGCGATTAT	TTATCCGCAT	GGAGATCACC	ATCATGCAGA	TCCGATTGAT	1680
GAACATAAAC	CGGTTGGAAT	TGGTCATTCT	CACAGTAACT	ATGAACTGTT	TAAACCCGAA	1740
GAAGGAGTTG	CTAAAAAGA	AGGGAATAAA	GTTTATACTG	GAGAAGAATT	AACGAATGTT	1800
GTTAATTTGT	TAAAAATAG	TACGTTTAAT	AATCAAAACT	TTACTCTAGC	CAATGGTCAA	1860
AAACGCGTTT	CTTTTAGTTT	TCCGCCTGAA	TTGGAGAAAA	AATTAGGTAT	CAATATGCTA	1920
GTAAAAATTAA	TAACACCAGA	TGGAAAAGTA	TTGGAGAAAG	TATCTGGTAA	AGTATTTGGA	1980
GAAGGAGTAG	GGAATATTGC	AAACTTTGAA	TTAGATCAAC	CTTATTTACC	AGGACAAACA	2040
TTTAAGTATA	CTATCGCTTC	AAAAGATTAT	CCAGAAGTAA	GTTATGATGG	TACATTTACA	2100
GTTCCAACCT	CTTTAGCTTA	CAAAATGGCC	AGTCAAAACGA	TTTTCTATCC	TTTCCATGCA	2160
GGGGATACTT	ATTTAAGAGT	GAACCCCTCAA	TTTGCAGTGC	CTAAAGGAAC	TGATGCTTTA	2220
GTCAGAGTGT	TTGATGAATT	TCATGGAAAT	GCTTATTTAG	AAAATAACTA	TAAAGTTGGT	2280
GAAATCAAAT	TACCGATTCC	GAAATTAAAC	CAAGGAACAA	CCAGAACGGC	CGGAAATAAA	2340
ATTCTGTAA	CCTTCATGGC	AAATGCTTAT	TTGGACAATC	AATCGACTTA	TATTGTGGAA	2400
GTACCTATCT	TGGA AAAAGA	AAATCAAAC	GATAAAACCA	GTATTCTACC	ACAATTTAAA	2460
AGGAATAAAG	CACAAGAAAA	CTCAAAACTT	GATGAAAAGG	TAGAAGAACC	AAAGACTAGT	2520
GAGAAGGTAG	AAAAAGAAAA	ACTTTCTGAA	ACTGGGAATA	GTACTAGTAA	TTCAACGTTA	2580
GAAGAAGTTC	CTACAGTGGA	TCCTGTACAA	GAAAAAGTAG	CAAAATTTGC	TGAAAGTTAT	2640
GGGATGAAGC	TAGAAAATGT	CTTGTTTAAT	ATGGACGGAA	CAATTGAATT	ATATTTACCA	2700
TCAGGAGAAG	TCATTAAAAA	GAATATGGCA	GATTTTACAG	GAGAAGCACC	TCAAGGAAAT	2760
GGTGAAAAATA	AACCATCTGA	AAATGGAAAA	GTATCTACTG	GAACAGTTGA	GAACCAACCA	2820
ACAGAAAAATA	AACCAGCAGA	TTCTTTACCA	GAGGCACCAA	ACGAAAAACC	TGTAAAACCA	2880
GAAAACTCAA	CGGATAATGG	AATGTTGAAT	CCAGAAGGGA	ATGTGGGGAG	TGACCCTATG	2940
TTAGATCCAG	CATTAGAGGA	AGCTCCAGCA	GTAGATCCTG	TACAAGAAAA	ATTAGAAAAA	3000
TTTACAGCTA	GTTACGGATT	AGGCTTAGAT	AGTGTTATAT	TCAATATGGA	TGGAACGATT	3060
GAATTAAGAT	TGCCAAGTGG	AGAAGTGATA	AAAAAGAATT	TATCTGATTT	CATAGCGTAA	3120

(SEC ID N° 1)

FIGURA 1

MKFSKKYIAA	GSAVIVSLSL	CAYALNQHRS	QENKDNNRVS	YVDGSQSSQK	50
SENLTDPQVS	QKEGIQAEQI	VIKITDQGYV	TSHGDHYHYY	NGKVPYDALF	100
SEELLMKDPN	YQLKDADIVN	EVKGGYIIKV	DGKYVYVLKD	AAHADNVRTK	150
DEINRQKQEH	VKDNEKVNSN	VAVARSQGRY	TTNDGYVFNP	ADIIEDTGNA	200
YIVPHGGHYH	YIPKSDLAS	ELAAAKAHLA	GKNMQPSQLS	YSSTASDNNT	250
QSVAKGSTSK	PANKSENLOS	LLKELYDSPS	AQRYSESDGL	VFDPAKIISR	300
TPNGVAIPHG	DHYHFIPYSK	LSALEEKIAR	MVPISGTGST	VSTNAKPNEV	350
VSSLGSLSSN	PSSLTTSKEL	SSASDGYIFN	PKDIVEETAT	AYIVRHGDHF	400
HYIPKSNQIG	QPTLPNNSLA	TPSPSLPINP	GTSHEKHEED	GYGFDANRII	450
AEDESGFVMS	HGDHNHYFFK	KDLTEEQIKA	AQKHLEEVKT	SHNGLDLSS	500
HEQDYPGNAK	EMKDLDKKIE	EKIAGIMKQY	GVKRESIVVN	KEKNAIYYPH	550
GDHHHADPID	EHPVVGIGHS	HSNYELFKPE	EGVAKKEGNK	VYTGEELTNV	600
VNLLKNSTFN	NQNFTLANGQ	KRVSFSPPE	LEKKLGINML	VKLITPDGKV	650
LEKVSGKVFG	EGVGNIANFE	LDQPYPGQGT	FKYTIASKDY	PEVSYDGTFT	700
VPTSLAYKMA	SQTIFYPFHA	GDTYLRVNPQ	FAVPKGTDAL	VRVFDEFHGN	750
AYLENNYKVG	EIKLPIPKLN	QGTTRTAGNK	IPVTFMANAY	LDNQSTYIVE	800
VPILEKENQT	DKPSILPQFK	RNKAQENSKL	DEKVEEPKTS	EKVEKEKLSE	850
TGNSTSNSTL	EEVPTVDPVQ	EKVAKFAESY	GMKLENVLFN	MDGTIELYLP	900
SGEVIKKNMA	DFTGEAPQGN	GENKPSENGK	VSTGTVENQP	TENKPADSLP	950
EAPNEKPVKP	ENSTDNGMLN	PEGNVGSDPM	LDPALEEAPA	VDPVQEKLEK	1000
FTASYGLGLD	SVIFNMGTI	ELRLPSGEVI	KKNLSDFIA	(SEQ ID NO: 2)	1039

FIGURA 2

ATGAAAATCA	ATAAAAAATA	TCTAGCTGGG	TCAGTAGCTA	CACTTGTTTT	AAGTGCTGT	60
GCTTATGAAC	TAGGTTTGCA	TCAAGCTCAA	ACTGTAAAAG	AAAATAATCG	TGTTTCCTAT	120
ATAGATGGAA	AACAAGCGAC	GCAAAAAACG	GAGAATTTGA	CTCCTGATGA	GGTTAGCAAG	180
CGTGAAGGAA	TCAACGCCGA	ACAAATCGTC	ATCAAGATTA	CGGATCAAGG	TTATGTGACC	240
TCTCATGGAG	ACCATTATCA	TTACTATAAT	GGCAAGGTCC	CTTATGATGC	CATCATCAGT	300
GAAGAGCTCC	TCATGAAAGA	TCCGAATTAT	CAGTTGAAGG	ATTCAGACAT	TGTCAATGAA	360
ATCAAGGGTG	GTTATGTCAT	TAAGGTAAAC	GGTAAATACT	ATGTTTACCT	TAAGGATGCA	420
GCTCATGCGG	ATAATGTCCG	TACAAAAGAA	GAAATCAATC	GGCAAAAACA	AGAACATAGT	480
CAGCATCGTG	AAGGAGGGAC	TTCAGCAAAC	GATGGTGCGG	TAGCCTTTGC	ACGTTACACAG	540
GGACGCTACA	CCACAGATGA	TGGTTATATC	TTCAATGCAT	CTGATATCAT	CGAAGATACG	600
GGCGATGCCT	ATATCGTTCC	TCATGGAGAT	CATTACCATT	ACATTCCCTAA	GAATGAGTTA	660
TCAGCTAGCG	AGTTGGCTGC	TGCAGAAGCC	TTCTTATCTG	GTCTGGGAAA	TCTGTCAAAT	720
TTAAGAACCT	ATCGCCGACA	AAATAGCGAT	AACACTCCAA	GAACAAACTG	GGTACCTTCT	780
GTAAGCAATC	CAGGAACTAC	AAATACTAAC	ACAAGCAACA	ACAGCAACAC	TAACAGTCAA	840
GCAAGTCAAA	GTAATGACAT	TGATAGTCTC	TTGAAACAGC	TCTACAAACT	GCCTTTGAGT	900
CAACGCCATG	TAGAATCTGA	TGGCCTTATT	TTCGACCCAG	CGCAAATCAC	AAGTCGAACC	960
GCCAGAGGTG	TAGCTGTCCC	TCATGGTAAC	CATTACCACT	TTATCCCTTA	TGAACAAATG	1020
TCTGAATTGG	AAAAACGAAT	TGCTCGTATT	ATTCCCCTTC	GTTATCGTTC	AAACCATTGG	1080
GTACCAGATT	CAAGACCAGA	AGAACCAAGT	CCACAACCGA	CTCCAGAACC	TAGTCCAAGT	1140
CCGCAACCTG	CACCAAATCC	TCAACCAGCT	CCAAGCAATC	CAATTGATGA	GAAATTGGTC	1200
AAAGAAGCTG	TTCGAAAAGT	AGGCGATGGT	TATGTCCTTG	AGGAGAATGG	AGTTTCTCGT	1260
TATATCCCAG	CCAAGAATCT	TTCAGCAGAA	ACAGCAGCAG	GCATTGATAG	CAAACCTGGC	1320
AAGCAGGAAA	GTTTATCTCA	TAAGCTAGGA	GCTAAGAAAA	CTGACCTCCC	ATCTAGTGAT	1380
CGAGAATTTT	ACAATAAGGC	TTATGACTTA	CTAGCAAGAA	TTCACCAAGA	TTTACTTGAT	1440
AATAAAGGTC	GACAAGTTGA	TTTTGAGGCT	TTGGATAACC	TGTTGGAACG	ACTCAAGGAT	1500
GTCTCAAGTG	ATAAAGTCAA	GTTAGTGGAT	GATATTCTTG	CCTTCTTAGC	TCCGATTTCGT	1560
CATCCAGAAC	GTTTAGGAAA	ACCAAATGCG	CAAATTACCT	ACACTGATGA	TGAGATTCAA	1620
GTAGCCAAGT	TGGCAGGCAA	GTACACAACA	GAAGACGGTT	ATATCTTTGA	TCCTCGTGAT	1680
ATAACCAGTG	ATGAGGGGGA	TGCCTATGTA	ACTCCACATA	TGACCCATAG	CCACTGGATT	1740
AAAAAAGATA	GTTTGTCTGA	AGCTGAGAGA	GCGGCAGCCC	AGGCTTATGC	TAAAGAGAAA	1800
GGTTTGACCC	CTCCTTCGAC	AGACCATCAG	GATTCAAGAA	ATACTGAGGC	AAAAGGAGCA	1860
GAAGCTATCT	ACAACCGCGT	GAAAGCAGCT	AAGAAGGTGC	CACTTGATCG	TATGCCTTAC	1920
AATCTTCAAT	ATACTGTAGA	AGTCAAAAAC	GGTAGTTTAA	TCATACCTCA	TTATGACCAT	1980
TACCATAACA	TCAAATTTGA	GTGGTTTGAC	GAAGGCCCTT	ATGAGGCACC	TAAGGGGTAT	2040
ACTCTTGAGG	ATCTTTTGGC	GACTGTCAAG	TACTATGTCT	AACATCCAAA	CGAACGTCCG	2100
CATTAGATA	ATGGTTTTGG	TAACGCTAGC	GACCATGTTC	AAAGAAACAA	AAATGGTCAA	2160
GCTGATACCA	ATCAAACGGA	AAAACCAAGC	GAGGAGAAAC	CTCAGACAGA	AAAACCTGAG	2220
GAAGAAACCC	CTCGAGAAGA	GAAACCACAA	AGCGAGAAAC	CAGAGTCTCC	AAAACCAACA	2280
GAGGAACCAG	AAGAAGAATC	ACCAGAGGAA	TCAGAAGAAC	CTCAGGTCGA	GACTGAAAAG	2340
GTTGAAGAAA	AACTGAGAGA	GGCTGAAGAT	TTACTTGGAA	AAATCCAGGA	TCCAATTATC	2400
AAGTCCAATG	CCAAAGAGAC	TCTCACAGGA	TTAAAAAATA	ATTTACTATT	TGGCACCCAG	2460
GACAACAATA	CTATTATGGC	AGAAGCTGAA	AAACTATTGG	CTTTATTAAA	GGAGAGTAAG	2520
TAA (SEQ ID NO: 3)						2523

FIGURA 3

MKINKKYL	AG	SVATLVLSVC	AYELGLHQAQ	TVKENNRVSY	IDGKQATQKT	50
ENLTPDEVSK	REGINAEQIV	IKITDQGYVT	SHGDHYHYYN	GKVPYDAIIS	100	
EELLMKDPNY	QLKDSDIVNE	IKGGYVIKVN	GKYYVYLKDA	AHADNVRTKE	150	
EINRQKQEH	S	QHREGGTSAN	DGAVAFARSQ	GRYTTDDGYI	FNASDIIEDT	200
GDAYIVPHGD	HYHYIPKNEL	SASELAAAEA	FLSGRENLSN	LRTYRRQNSD	250	
NTPRTNWVPS	VSNPGTTNTN	TSNNSNTNSQ	ASQSNIDDSL	LKQLYKLPLS	300	
QRHVESDGLI	FDPAQITSRT	ARGVAVPHGN	HYHFIPYEQM	SELEKRIARI	350	
IPLRYRSNHW	VPDSRPEEPS	PQPTPEPSPS	PQPAPNPQPA	PSNPIDEKLV	400	
KEAVRKVGDG	YVFEENGVS	YIPAKNLSAE	TAAGIDSKLA	KQESLSHKL	450	
AKKTDLPSSD	REFYNKAYDL	LARIHQDILL	NKGRQVDFEA	LDNLLERLKD	500	
VSSDKVKLVD	DILAFLAPIR	HPERLGKPN	A	QITYTDDEIQ	VAKLAGKYTT	550
EDGYIFDPRD	ITSDEGDAYV	TPHMTSHWI	KKDSLSEAER	AAAQAYAKEK	600	
GLTPPSTDHQ	DSGNTEAKGA	EAIYNRVKAA	KKVPLDRMPY	NLQYTVEVKN	650	
GSLIIPHYDH	YHNIKFEWFD	EGLYEAPKGY	TLEDLLATVK	YYVEHPNERP	700	
HSDNGFGNAS	DHVQRNKNQ	ADTNQTEKPS	EEKPQTEKPE	EETPREEKPQ	750	
SEKPESPKPT	EEPEESPEE	SEEPQVETEK	VEEKLREABD	LLGKIQDPII	800	
KSNAKETLTG	LKNLLFGTQ	DNNTIMAEAE	KLLALLKESK	(SEQ ID NO: 4)	840	

FIGURA 4

ATGGAGAATA	TAGACATGTT	TAAATCAAAT	CATGAGCGAA	GAATGCGTTA	TTCCATTTCGT	60
AAATTTAGTG	TAGGAGTAGC	TAGCGTAGCT	GTTGCCAGTC	TTTTTATGGG	AAGTGTGTGA	120
CATGCGACAG	AGAAAGAGGG	AAGTACCCAA	GCAGCCACTT	CTTTTAAATAG	GGGAAATGGA	180
AGTCAGGCAG	AACAACGTGG	AGAACTCGAT	TTAGAACGAG	ATAAGGCAAT	GAAAGCGGTC	240
AGTGAATATG	TAGGAAAAAT	GGTGAGAGAT	GCCTATGTAA	AATCAGATAG	AAAACGACAT	300
AAAAATACTG	TAGCTCTAGT	TAACCACTTG	GGAAACATTA	AGAACAGGTA	TTTGAATGAA	360
ATAGTTCATT	CAACCTCAA	AAGCCAACTA	CAGGAACTGA	TGATGAAGAG	TCAATCAGAA	420
GTAGATGAAG	CTGTGTCTAA	ATTTGAAAAAG	GACTCATTTT	CTTCGTCAAG	TTCAGGATCC	480
TCCACTAAAC	CAGAAACTCC	GCAGCCGGAA	AATCCAGAGC	ATCAAAAACC	AACAACTCCA	540
TCTCCGGATA	CCAAACCAAG	CCCTCAACCA	GAAGGCAAGA	AACCAAGCGT	ACCAGACATT	600
AATCAGGAAA	AAGAAAAAGC	TAAGCTTGCT	GTAGTAACCT	ACATGAGCAA	GATTTTAGAT	660
GATATACAAA	AACATCATCT	GCAGAAAGAA	AAACATCGTC	AGATTGTTGC	TCTTATTAAG	720
GAGCTTGATG	AGCTTAAAA	GCAAGCTCTT	TCTGAAATTG	ATAATGTAAA	TACCAAAGTA	780
GAAATTGAAA	ATACAGTCCA	CAAGATATTT	GCAGACATGG	ATGCAGTTGT	GACTAAATTC	840
AAAAAAGGCT	TAACTCAGGA	CACACCAAAA	GAACCAGGTA	ACAAAAAACC	ATCTGCTCCA	900
AAACCAGGTA	TGCAACCAAG	TCCTCAACCA	GAGGTTAAAC	CGCAGCTGGA	AAAACCAAAA	960
CCAGAGGTTA	AACCGCAACC	AGAAAAACCA	AAACCAGAGG	TTAAACCGCA	GCCGGAAAAA	1020
CCAAAACCAAG	AGGTTAAACC	GCAGCCGGAA	AAACCAAAAC	CAGAGGTTAA	ACCGCAGCCG	1080
GAAAAACCAA	AACCAGAGGT	TAAACCGCAG	CCGGAAAAAC	CAAAACCAGA	GGTTAAACCG	1140
CAGCCGGAAA	AACCAAAACC	AGAGGTTAAA	CCGCAGCCGG	AAAAACCAAA	ACCAGAGGTT	1200
AAACCGCAGC	CGGAAAAACC	AAAACCAGAG	GTTAAACCGC	AGCCGGAAAA	ACCAAAACCA	1260
GAGGTTAAAC	CGCAGCCGGA	AAAACCAAAA	CCAGAGGTTA	AACCGCAACC	AGAAAAACCA	1320
AAACCAGAGG	TTAAACCGCA	ACCAGAAAAA	CCAAAACCAAG	ATAATAGCAA	GCCACAAGCA	1380
GATGATAAGA	AGCCATCAAC	TACAAATAAT	TTAAGCAAGG	ACAAGCAACC	TTCTAACCAA	1440
GCTTCAACAA	ACGAAAAAGC	AACAAATAAA	CCGAAGAAGT	CATTGCCATC	AACTGGATCT	1500
ATTTCAAATC	TAGCACTTGA	AATTGCAGGT	CTTCTTACCT	TGGCGGGGGC	AACCATTCTT	1560
GCTAAGAAAA	GAATGAAATA	G	(SEQ ID NO: 5)			1581

FIGURA 5

MENIDMFKSN	HERRMYSIR	KFSVGVASVA	VASLFMGSVV	HATEKEGSTQ	50
AATSFNRNG	SQAEQRGELD	LERDKAMKAV	SEYVGKMVRD	AYVKSDRKRH	100
KNTVALVNQL	GNIKNRYLNE	IVHSTSKSQL	QELMMKSQSE	VDEAVSKFEK	150
DSFSSSSSGS	STKPETPQPE	NPEHQKPTTP	SPDTKPSPQP	EGKKPSVPDI	200
NQEKEKAKLA	VVTYMSKILD	DIQKHHLQKE	KHRQIVALIK	ELDELKKQAL	250
SEIDNVNTKV	EIENTVHKIF	ADMDAVVTKF	KKGLTQDTPK	EPGNKKPSAP	300
KPGMQPSPQP	EVKPPQLEKPK	PEVKPPQPEK	KPEVKPPQPEK	PKPEVKPPQPE	350
KPKPEVKPPQ	EKPKPEVKPPQ	PEKPKPEVKP	QPEKPKPEVK	PQPEKPKPEV	400
KPQPEKPKPE	VKPPQPEKPK	EVKPPQPEKPK	PEVKPPQPEK	KPEVKPPQPEK	450
PKPDNSKPQA	DDKKPSTTNN	LSKDKQPSNQ	ASTNEKATNK	PKKSLPSTGS	500
ISNLALEIAG	LLTLGATIL	AKKRMK	(SEQ ID NO: 6)		526

FIGURA 6

ATGAAATTTA	GTAAAAATA	TATAGCAGCT	GGATCAGCTG	TTATCGTATC	CTTGAGTCTA	60
TGTGCCTATG	CACTAAACCA	GCATCGTTTCG	CAGGAAAATA	AGGACAATAA	TCGTGTCTCT	120
TATGTGGATG	GCAGCCAGTC	AAGTCAGAAA	AGTGAAAACT	TGACACCAGA	CCAGGTTAGC	180
CAGAAAGAAG	GAATTCAGGC	TGAGCAAATT	GTAATCAAAA	TTACAGATCA	GGGCTATGTA	240
ACGTCACACG	GTGACCACTA	TCATTACTAT	AATGGGAAAAG	TTCTTATGA	TGCCCTCTTT	300
AGTGAAGAAC	TCTTGATGAA	GGATCCAAAC	TATCAACTTA	AAGACGCTGA	TATTGTCAAT	360
GAAGTCAAGG	GTGGTTATAT	CATCAAGGTC	GATGGAAAAT	ATTATGTCTA	CCTGAAAAGAT	420
GCAGCTCATG	CTGATAATGT	TCGAACTAAA	GATGAAATCA	ATCGTCAAAA	ACAAGAACAT	480
GTCAAAGATA	ATGAGAAGGT	TAACCTAAT	GTTGCTGTAG	CAAGGTCTCA	GGGACGATAT	540
ACGACAAATG	ATGGTTATGT	CTTTAATCCA	GCTGATATTA	TCGAAGATAC	GGGTAATGCT	600
TATATCGTTC	CTCATGGAGG	TCATCTATC	TACATTCCCA	AAAGCGATTT	ATCTGCTAGT	660
GAATTAGCAG	CAGCTAAAGC	ACATCTGGCT	GGAAAAATA	TGCAACCGAG	TCAGTTAAGC	720
TATTCTTCAA	CAGCTAGTGA	CAATAACACG	CAATCTGTAG	CAAAAGGATC	AACTAGCAAG	780
CCAGCAAATA	AATCTGAAAA	TCTCCAGAGT	CTTTTGAAGG	AACTCTATGA	TTACCTTAGC	840
GCCCAACGTT	ACAGTGAATC	AGATGGCCTG	GTCTTTGACC	CTGCTAAGAT	TATCAGTCGT	900
ACACCAAATG	GAGTTGCGAT	TCCGCATGGC	GACCATTACC	ACTTTATTCC	TTACAGCAAG	960
CTTTCTGCTT	TAGAAGAAAA	GATTGCCAGA	ATGGTGCCTA	TCAGTGGAAC	TGGTCTTACA	1020
GTTTCTACAA	ATGCAAAACC	TAATGAAGTA	GTGTCTAGTC	TAGGCAGTCT	TTCAAGCAAT	1080
CCTTCTTCTT	TAACGACAAG	TAAGGAGCTC	TCTTCAGCAT	CTGATGGTTA	TATTTTAAAT	1140
CCAAAAGATA	TCGTTGAAGA	AACGGCTACA	GCTTATATTG	TAAGACATGG	TGATCATTTT	1200
CATTACATTC	CAAAATCAAA	TCAAATGGG	CAACCGACTC	TTCCAAACAA	TAGTCTAGCA	1260
ACACCTTCTC	CATCTCTTCC	AATCAATCCA	GGAACCTCAC	ATGAGAAACA	TGAAGAAGAT	1320
GGATACGGAT	TTGATGCTAA	TCGTATTATC	GCTGAAGATG	AATCAGGTTT	TGTCATGAGT	1380
CACGGAGACC	ACAATCATTA	TTTCTTCAAG	AAGGACTTGA	CAGAAGAGCA	AATTAAGGTG	1440
CGCAAAAACA	TTTAG	(SEQ ID NO: 7)				1455

FIGURA 7

MKFSKKYIAA	GSAVIVSLSL	CAYALNQHRS	QENKDNRRVS	YVDGSQSSQK	50
SENLTDPQVS	QKEGIAEQEI	VIKITDQGYV	TSHGDHYHYH	NGKVPYDALF	100
SEELLMKDPN	YQLKDADIVN	EVKGGYIIKV	DGKYVYVYLD	AAHADNVRTK	150
DEINRQKQEH	VKDNEKVNSN	VAVARSQGRY	TTNDGYVFNP	ADIIEDTGNA	200
YIVPHGGHYH	YIPKSDLSAS	ELAAAKAHLA	GKNMQPSQLS	YSSTASDNNT	250
QSVAKGSTSK	PANKSENLOS	LLKELYDSPS	AQRYSESDGL	VFDPAKIISR	300
TPNGVAIPHG	DHYHFIPYSK	LSALEEKIAR	MVPISGTGST	VSTNAKPNEV	350
VSSLGSLSSN	PSSLTTSKEL	SSASDGYIFN	PKDIVEETAT	AYIVRHGDHF	400
HYIPKSNQIG	QPTLPNNSLA	TPSPSLPINP	GTSHEKHEED	GYGFDANRII	450
AEDESGFVMS	HGDHNHYFFK	KDLTEEQIKV	RKNI	(SEQ ID NO: 8)	484

FIGURA 8

ATGAAAGATT	TAGATAAAAA	AATCGAAGAA	AAAATTGCTG	GCATTATGAA	ACAATATGGT	60
GTCAAACGTG	AAAGTATTGT	CGTGAATAAA	GAAAAAATG	CGATTATTTA	TCCGCATGGA	120
GATCACCATC	ATGCAGATCC	GATTGATGAA	CATAAACCGG	TTGGAATTGG	TCATTCTCAC	180
AGTAACTATG	AACGTGTTAA	ACCCGAAGAA	GGAGTTGCTA	AAAAAGAAGG	GAATAAAGTT	240
TATACTGGAG	AAGAATTAAC	GAATGTTGTT	AATTTGTTAA	AAAATAGTAC	GTTTAATAAT	300
CAAAACTTTA	CTCTAGCCAA	TGGTCAAAAA	CGCGTTTCTT	TTAGTTTTCC	GCCTGAATTG	360
GAGAAAAAAT	TAGGTATCAA	TATGCTAGTA	AAATTAATAA	CACCAGATGG	AAAAGTATTG	420
GAGAAAGTAT	CTGGTAAAGT	ATTTGGAGAA	GGAGTAGGGA	ATATTGCAAA	CTTTGAATTA	480
GATCAACCTT	ATTTACCAGG	ACAAACATTT	AAGTATACTA	TCGCTTCAAA	AGATTATCCA	540
GAAGTAAGTT	ATGATGGTAC	ATTTACAGTT	CCAACCTCTT	TAGCTTACAA	AATGGCCAGT	600
CAAACGATTT	TCTATCCTTT	CCATGCAGGG	GATACTTATT	TAAGAGTGAA	CCCTCAATTT	660
GCAGTGCCTA	AAGGAAGTGA	TGCTTTAGTC	AGAGTGTGTT	ATGAATTTCA	TGGAAATGCT	720
TATTTAGAAA	ATAACTATAA	AGTTGGTGAA	ATCAAATTAC	CGATTCCGAA	ATTAAACCAA	780
GGAACAACCA	GAACGGCCGG	AAATAAAATT	CCTGTAACCT	TCATGGCAAA	TGCTTATTTG	840
GACAAATCAAT	CGACTTATAT	TGTGGAAGTA	CCTATCTTGG	AAAAAGAAAA	TCAAACTGAT	900
AAACCAAGTA	TTCTACCACA	ATTTAAAAGG	AATAAAGCAC	AAGAAAACTC	AAAACCTGAT	960
GAAAAGGTAG	AAGAACCATA	GACTAGTGAG	AAGGTAGAAA	AAGAAAAACT	TTCTGAAACT	1020
GGGAATAGTA	CTAGTAATTC	AACGTTAGAA	GAAGTTCCTA	CAGTGGATCC	TGTACAAGAA	1080
AAAGTAGCAA	AATTTGCTGA	AAGTTATGGG	ATGAAGCTAG	AAAATGTCTT	GTTTAATATG	1140
GACGGAACAA	TTGAATTATA	TTTACCATCA	GGAGAAGTCA	TTAAAAAGAA	TATGGCAGAT	1200
TTTACAGGAG	AAGCACCTCA	AGGAAATGGT	GAAAATAAAC	CATCTGAAAA	TGGAAAAGTA	1260
TCTACTGGAA	CAGTTGAGAA	CCAACCAACA	GAAAATAAAC	CAGCAGATTC	TTTACCAGAG	1320
GCACCAACG	AAAAACCTGT	AAAACCAGAA	AACCTAACCG	ATAATGGAAT	GTTGAATCCA	1380
GAAGGGAATG	TGGGGAGTGA	CCCTATGTGA	GATCCAGCAT	TAGAGGAAGC	TCCAGCAGTA	1440
GATCCTGTAC	AAGAAAAATT	AGAAAAATTT	ACAGCTAGTT	ACGGATTAGG	CTTAGATAGT	1500
GTTATATTCA	ATATGGATGG	AACGATTGAA	TTAAGATTGC	CAAGTGGAGA	AGTGATAAAA	1560
AAGAATTTAT	CTGATTTTCAT	AGCGTAA	(SEQ ID NO: 9)			1587

5

FIGURA 9

MKOLDKKIEE	KIAGIMKQYG	VKRESIVVNK	EKNAIIPYHG	DHHHADPIDE	50
HKPVGIGHSH	SNYELFKPEE	GVAKKEGNKV	YTGEELTNVV	NLLKNSTFNN	100
QNFTLANGQK	RVSFSFPPEL	EKKLGINMLV	KLITPDGKVL	EKVSGKVFG	150
GVGNIANFEL	DQPYLPGQTF	KYTIASKDYP	EVSYDGTFTV	PTSLAYKMAS	200
QTIFYPFHAG	DTYLRVNPQF	AVPKGTDALV	RVFDEFHGNA	YLENNYKVGE	250
IKLPIPKLNQ	GTTRTAGNKI	PVTFMANAYL	DNQSTYIVEV	PILEKENQTD	300
KPSILPQFKR	NKAQENSKLD	EKVEEPTSE	KVEKEKLSET	GNSTSNSTLE	350
EVPTVDPVQE	KVAKFAESYG	MKLENVLFNM	DGTIELYLPS	GEVIKKNMAD	400
FTGEAPQNG	ENKPSENGKV	STGTVENQPT	ENKPADSLPE	APNEKPVKPE	450
NSTDNGMLNP	EGNVGSDPML	DPALEEAPAV	DPVQEKLEKF	TASYGLGLDS	500
VIFNMDDGTIE	LRLPSGEVIK	KNLSDFIA	(SEQ ID NO: 10)		528

FIGURA 10

10



10

BVH3 WU2	1	CAYALNQHRSQENKDNRRVSYVDGSSQSSQKSENLTDPQVSQKEGIAEQIVIKITDQGYV	60
BVH3 RX1	1	CAYALNQHRSQENKDNRRVSYVDGSSQSSQKSENLTDPQVSQKEGIAEQIVIKITDQGYV	60
BVH3 JNR7/87	1	CAYALNQHRSQENKDNRRVSYVDGSSQSSQKSENLTDPQVSQKEGIAEQIVIKITDQGYV	60
BVH3 SP64	1	CAYALNQHRSQENKDNRRVSYVDGSSQSSQKSENLTDPQVSQKEGIAEQIVIKITDQGYV	60
BVH3 P4241	1	CAYALNQHRSQENKDNRRVSYVDGSSQSSQKSENLTDPQVSQKEGIAEQIVIKITDQGYV	60
BVH3 A66	1	CAYALNQHRSQENKDNRRVSYVDGSSQSSQKSENLTDPQVSQKEGIAEQIVIKITDQGYV	60
*****			
BVH3 WU2	61	TSHGDHYHYNGKVPYDALFSEELMKDPNYQLKDADIVNEVKGGYIIKVDGKYVYVYVKD	120
BVH3 RX1	61	TSHGDHYHYNGKVPYDALFSEELMKDPNYQLKDADIVNEVKGGYIIKVDGKYVYVYVKD	120
BVH3 JNR7/87	61	TSHGDHYHYNGKVPYDALFSEELMKDPNYQLKDADIVNEVKGGYIIKVDGKYVYVYVKD	120
BVH3 SP64	61	TSHGDHYHYNGKVPYDALFSEELMKDPNYQLKDADIVNEVKGGYIIKVDGKYVYVYVKD	120
BVH3 P4241	61	TSHGDHYHYNGKVPYDALFSEELMKDPNYQLKDADIVNEVKGGYIIKVDGKYVYVYVKD	120
BVH3 A66	61	TSHGDHYHYNGKVPYDALFSEELMKDPNYQLKDADIVNEVKGGYIIKVDGKYVYVYVKD	120
*****			
BVH3 WU2	121	AAHADNVRTKDEINRQKQEHVKDNEKVNSNVAVARSQGRYTTNDGYVFNPAIDIEDTGNA	180
BVH3 RX1	121	AAHADNVRTKDEINRQKQEHVKDNEKVNSNVAVARSQGRYTTNDGYVFNPAIDIEDTGNA	180
BVH3 JNR7/87	121	AAHADNVRTKDEINRQKQEHVKDNEKVNSNVAVARSQGRYTTNDGYVFNPAIDIEDTGNA	180
BVH3 SP64	121	AAHADNVRTKDEINRQKQEHVKDNEKVNSNVAVARSQGRYTTNDGYVFNPAIDIEDTGNA	180
BVH3 P4241	121	AAHADNVRTKDEINRQKQEHVKDNEKVNSNVAVARSQGRYTTNDGYVFNPAIDIEDTGNA	180
BVH3 A66	121	AAHADNVRTKDEINRQKQEHVKDNEKVNSNVAVARSQGRYTTNDGYVFNPAIDIEDTGNA	180
*****			
BVH3 WU2	181	YIVPHRGHYHYIPKSDLSASELAAAKAHLAGKNMQPSQLSYSSTASDNNTQSVAKGSTSK	240
BVH3 RX1	181	YIVPHRGHYHYIPKSDLSASELAAAKAHLAGKNMQPSQLSYSSTASDNNTQSVAKGSTSK	240
BVH3 JNR7/87	181	YIVPHRGHYHYIPKSDLSASELAAAKAHLAGKNMQPSQLSYSSTASDNNTQSVAKGSTSK	240
BVH3 SP64	181	YIVPHRGHYHYIPKSDLSASELAAAKAHLAGKNMQPSQLSYSSTASDNNTQSVAKGSTSK	240
BVH3 P4241	181	YIVPHRGHYHYIPKSDLSASELAAAKAHLAGKNMQPSQLSYSSTASDNNTQSVAKGSTSK	240
BVH3 A66	181	YIVPHRGHYHYIPKSDLSASELAAAKAHLAGKNMQPSQLSYSSTASDNNTQSVAKGSTSK	240
*****			
BVH3 WU2	241	PANKSENLSLLKELYDSPAQRYSSES DGLVFDPAKIIISRTPNGVAIPHGDHYHFIPYSK	300
BVH3 RX1	241	PANKSENLSLLKELYDSPAQRYSSES DGLVFDPAKIIISRTPNGVAIPHGDHYHFIPYSK	300
BVH3 JNR7/87	241	PANKSENLSLLKELYDSPAQRYSSES DGLVFDPAKIIISRTPNGVAIPHGDHYHFIPYSK	300
BVH3 SP64	241	PANKSENLSLLKELYDSPAQRYSSES DGLVFDPAKIIISRTPNGVAIPHGDHYHFIPYSK	300
BVH3 P4241	241	PANKSENLSLLKELYDSPAQRYSSES DGLVFDPAKIIISRTPNGVAIPHGDHYHFIPYSK	300
BVH3 A66	241	PANKSENLSLLKELYDSPAQRYSSES DGLVFDPAKIIISRTPNGVAIPHGDHYHFIPYSK	300
*****			
BVH3 WU2	301	LSALEEKIARMVPIISGTGSTVSTNAKPNEVVSSLGSLSSNPSSLTTSKELSSASDGYIFN	360
BVH3 RX1	301	LSALEEKIARMVPIISGTGSTVSTNAKPNEVVSSLGSLSSNPSSLTTSKELSSASDGYIFN	360
BVH3 JNR7/87	301	LSALEEKIARMVPIISGTGSTVSTNAKPNEVVSSLGSLSSNPSSLTTSKELSSASDGYIFN	360
BVH3 SP64	301	LSALEEKIARMVPIISGTGSTVSTNAKPNEVVSSLGSLSSNPSSLTTSKELSSASDGYIFN	360
BVH3 P4241	301	LSALEEKIARMVPIISGTGSTVSTNAKPNEVVSSLGSLSSNPSSLTTSKELSSASDGYIFN	360
BVH3 A66	301	LSALEEKIARMVPIISGTGSTVSTNAKPNEVVSSLGSLSSNPSSLTTSKELSSASDGYIFN	360
*****			
BVH3 WU2	361	PKDIVEETATAYIVRHGDHFFHYIPKSNQIGQPTLPNNSLATPSPSLPINPGTSHEKHEED	420
BVH3 RX1	361	PKDIVEETATAYIVRHGDHFFHYIPKSNQIGQPTLPNNSLATPSPSLPINPGTSHEKHEED	420
BVH3 JNR7/87	361	PKDIVEETATAYIVRHGDHFFHYIPKSNQIGQPTLPNNSLATPSPSLPINPGTSHEKHEED	420
BVH3 SP64	361	PKDIVEETATAYIVRHGDHFFHYIPKSNQIGQPTLPNNSLATPSPSLPINPGTSHEKHEED	420
BVH3 P4241	361	PKDIVEETATAYIVRHGDHFFHYIPKSNQIGQPTLPNNSLATPSPSLPINPGTSHEKHEED	420
BVH3 A66	361	PKDIVEETATAYIVRHGDHFFHYIPKSNQIGQPTLPNNSLATPSPSLPINPGTSHEKHEED	420
*****			
BVH3 WU2	421	GYGFDANRIIAEDES GFVMSHGDNHNYFFKKDLTEEQIKAAQKHLEEVKTS HNGLDLSLSS	480
BVH3 RX1	421	GYGFDANRIIAEDES GFVMSHGDNHNYFFKKDLTEEQIKAAQKHLEEVKTS HNGLDLSLSS	480
BVH3 JNR7/87	421	GYGFDANRIIAEDES GFVMSHGDNHNYFFKKDLTEEQIKAAQKHLEEVKTS HNGLDLSLSS	480
BVH3 SP64	421	GYGFDANRIIAEDES GFVMSHGDNHNYFFKKDLTEEQIKAAQKHLEEVKTS HNGLDLSLSS	480
BVH3 P4241	421	GYGFDANRIIAEDES GFVMSHGDNHNYFFKKDLTEEQIKAAQKHLEEVKTS HNGLDLSLSS	480
BVH3 A66	421	GYGFDANRIIAEDES GFVMSHGDNHNYFFKKDLTEEQIKAAQKHLEEVKTS HNGLDLSLSS	480
*****			

BVH3 WU2 481 HEQDYF3NAKEMKOLDKKIEEKIAGIMKQYGVKRESIVVNKEKNAIYPHGDHHDADPID 540

BVH3 RX1	481	HEQDYPSNAKEMKDLDDKKIEEKIAGIMKQYGVKRESIVVNKEKNAIYYPHGDHHDADPID	540
BVH3 JNR7/87	481	HEQDYPSNAKEMKDLDDKKIEEKIAGIMKQYGVKRESIVVNKEKNAIYYPHGDHHDADPID	540
BVH3 SP64	481	HEQDYPSNAKEMKDLDDKKIEEKIAGIMKQYGVKRESIVVNKEKNAIYYPHGDHHDADPID	540
BVH3 P4241	481	HEQDYPSNAKEMKDLDDKKIEEKIAGIMKQYGVKRESIVVNKEKNAIYYPHGDHHDADPID	540
BVH3 A66	481	HEQDYPSNAKEMKDLDDKKIEEKIAGIMKQYGVKRESIVVNKEKNAIYYPHGDHHDADPID	540
*****			
BVH3 WU2	541	EHKPVGIGHSHSNYELFKPEEGVAKKEGNKVYTGEELTNVVNLLKNSTFNNQNFTLANGQ	600
BVH3 RX1	541	EHKPVGIGHSHSNYELFKPEEGVAKKEGNKVYTGEELTNVVNLLKNSTFNNQNFTLANGQ	600
BVH3 JNR7/87	541	EHKPVGIGHSHSNYELFKPEEGVAKKEGNKVYTGEELTNVVNLLKNSTFNNQNFTLANGQ	600
BVH3 SP64	541	EHKPVGIGHSHSNYELFKPEEGVAKKEGNKVYTGEELTNVVNLLKNSTFNNQNFTLANGQ	600
BVH3 P4241	541	EHKPVGIGHSHSNYELFKPEEGVAKKEGNKVYTGEELTNVVNLLKNSTFNNQNFTLANGQ	600
BVH3 A66	541	EHKPVGIGHSHSNYELFKPEEGVAKKEGNKVYTGEELTNVVNLLKNSTFNNQNFTLANGQ	600
*****			
BVH3 WU2	601	KRVSFSPPELEKKLGINMLVKLITPDGKVLKESVSGKVFGEVGNIANFELDQPYLPGQT	660
BVH3 RX1	601	KRVSFSPPELEKKLGINMLVKLITPDGKVLKESVSGKVFGEVGNIANFELDQPYLPGQT	660
BVH3 JNR7/87	601	KRVSFSPPELEKKLGINMLVKLITPDGKVLKESVSGKVFGEVGNIANFELDQPYLPGQT	660
BVH3 SP64	601	KRVSFSPPELEKKLGINMLVKLITPDGKVLKESVSGKVFGEVGNIANFELDQPYLPGQT	660
BVH3 P4241	601	KRVSFSPPELEKKLGINMLVKLITPDGKVLKESVSGKVFGEVGNIANFELDQPYLPGQT	660
BVH3 A66	601	KRVSFSPPELEKKLGINMLVKLITPDGKVLKESVSGKVFGEVGNIANFELDQPYLPGQT	660
*****			
BVH3 WU2	661	FKYTIASKDYPEVSYDGTFTVPTSLAYKMASQTIIFYPFHAGDTYLRVNPQFAVPKGTDAL	720
BVH3 RX1	661	FKYTIASKDYPEVSYDGTFTVPTSLAYKMASQTIIFYPFHAGDTYLRVNPQFAVPKGTDAL	720
BVH3 JNR7/87	661	FKYTIASKDYPEVSYDGTFTVPTSLAYKMASQTIIFYPFHAGDTYLRVNPQFAVPKGTDAL	720
BVH3 SP64	661	FKYTIASKDYPEVSYDGTFTVPTSLAYKMASQTIIFYPFHAGDTYLRVNPQFAVPKGTDAL	720
BVH3 P4241	661	FKYTIASKDYPEVSYDGTFTVPTSLAYKMASQTIIFYPFHAGDTYLRVNPQFAVPKGTDAL	720
BVH3 A66	661	FKYTIASKDYPEVSYDGTFTVPTSLAYKMASQTIIFYPFHAGDTYLRVNPQFAVPKGTDAL	720
*****			
BVH3 WU2	721	VRVFDEFHGNAYLENNYKVGEIKLPIPKLNQGTTRTAGNKIPVTFMANAYLDNQSTYIVE	780
BVH3 RX1	721	VRVFDEFHGNAYLENNYKVGEIKLPIPKLNQGTTRTAGNKIPVTFMANAYLDNQSTYIVE	780
BVH3 JNR7/87	721	VRVFDEFHGNAYLENNYKVGEIKLPIPKLNQGTTRTAGNKIPVTFMANAYLDNQSTYIVE	780
BVH3 SP64	721	VRVFDEFHGNAYLENNYKVGEIKLPIPKLNQGTTRTAGNKIPVTFMANAYLDNQSTYIVE	780
BVH3 P4241	721	VRVFDEFHGNAYLENNYKVGEIKLPIPKLNQGTTRTAGNKIPVTFMANAYLDNQSTYIVE	780
BVH3 A66	721	VRVFDEFHGNAYLENNYKVGEIKLPIPKLNQGTTRTAGNKIPVTFMANAYLDNQSTYIVE	780
*****			
BVH3 WU2	781	VPILEKENQTDKPSILPQFKRNKAQENSKFDEKVEEPTSEKVEKEKLSETGNSTSNSTL	840
BVH3 RX1	781	VPILEKENQTDKPSILPQFKRNKAQENSKLDEKVEEPTSEKVEKEKLSETGNSTSNSTL	840
BVH3 JNR7/87	781	VPILEKENQTDKPSILPQFKRNKAQENSKLDEKVEEPTSEKVEKEKLSETGNSTSNSTL	840
BVH3 SP64	781	VPILEKENQTDKPSILPQFKRNKAQENSKLDEKVEEPTSEKVEKEKLSETGNSTSNSTL	840
BVH3 P4241	781	VPILEKENQTDKPSILPQFKRNKAQENSKFDEKVEEPTSEKVEKEKLSETGNSTSNSTL	840
BVH3 A66	781	VPILEKENQTDKPSILPQFKRNKAQENSKFDEKVEEPTSEKVEKEKLSETGNSTSNSTL	840
*****			
BVH3 WU2	841	EEVPTVDPVQEKVAKFAESYGMKLENVLFNMDGTIELYLPSEGEVIKKNMADFTGEAPQGN	900
BVH3 RX1	841	EEVPTVDPVQEKVAKFAESYGMKLENVLFNMDGTIELYLPSEGEVIKKNMADFTGEAPQGN	900
BVH3 JNR7/87	841	EEVPTVDPVQEKVAKFAESYGMKLENVLFNMDGTIELYLPSEGEVIKKNMADFTGEAPQGN	900
BVH3 SP64	841	EEVPTVDPVQEKVAKFAESYGMKLENVLFNMDGTIELYLPSEGEVIKKNMADFTGEAPQGN	900
BVH3 P4241	841	EEVPTVDPVQEKVAKFAESYGMKLENVLFNMDGTIELYLPSEGEVIKKNMADFTGEAPQGN	900
BVH3 A66	841	EEVPTVDPVQEKVAKFAESYGMKLENVLFNMDGTIELYLPSEGEVIKKNMADFTGEAPQGN	900
*****			
BVH3 WU2	901	GENKPSSENGKVSTGTVENQPTENKPADSLPEAPNEKPVKPNSTDNGLNPEGNVGSDDPM	960
BVH3 RX1	901	GENKPSSENGKVSTGTGTVENQPTENKPADSLPEAPNEKPVKPNSTDNGLNPEGNVGSDDPM	960
BVH3 JNR7/87	901	GENKPSSENGKVSTGTGTVENQPTENKPADSLPEAPNEKPVKPNSTDNGLNPEGNVGSDDPM	960
BVH3 SP64	901	GENKPSSENGKVSTGTGTVENQPTENKPADSLPEAPNEKPVKPNSTDNGLNPEGNVGSDDPM	960
BVH3 P4241	901	GENKPSSENGKVSTGTGTVENQPTENKPADSLPEAPNEKPVKPNSTDNGLNPEGNVGSDDPM	960
BVH3 A66	901	GENKPSSENGKVSTGTGTVENQPTENKPADSLPEAPNEKPVKPNSTDNGLNPEGNVGSDDPM	960
*****			
BVH3 WU2	961	LDPALAEAPAVDPVQEKLEKFTASYGLGLDSVIFNMDGTIELRLPSGEVIKKNLSDLIA	1019
BVH3 RX1	961	LDPALAEAPAVDPVQEKLEKFTASYGLGLDSVIFNMDGTIELRLPSGEVIKKNLSDLIA	1019
BVH3 JNR7/87	961	LDPALAEAPAVDPVQEKLEKFTASYGLGLDSVIFNMDGTIELRLPSGEVIKKNLSDLIA	1019
BVH3 SP64	961	LDPALAEAPAVDPVQEKLEKFTASYGLGLDSVIFNMDGTIELRLPSGEVIKKNLSDLIA	1019
BVH3 P4241	961	LDPALAEAPAVDPVQEKLEKFTASYGLGLDSVIFNMDGTIELRLPSGEVIKKNLSDLIA	1019
BVH3 A66	961	LDPALAEAPAVDPVQEKLEKFTASYGLGLDSVIFNMDGTIELRLPSGEVIKKNLSDLIA	1019
*****			

FIGURA 11

BVH11-2	SP64	1	CSYELGRHQAGQVKKESNRVSYIDGDQAGQKAENLTPDEVSKREGINAEQIVIKITDQGY	60
BVH11-2	JNR7/87	1	CSYELGRHQAGQVKKESNRVSYIDGDQAGQKAENLTPDEVSKREGINAEQIVIKITDQGY	60
BVH11-2	P4241	1	CSYELGRHQAGQDKKESNRVAYIDGDQAGQKAENLTPDEVSKREGINAEQIVIKITDQGY	60
BVH11-2	A66	1	CSYELGRHQAGQDKKESNRVAYIDGDQAGQKAENLTPDEVSKREGINAEQIVIKITDQGY	60
BVH11-2	WU2	1	CSYELGRHQAGQDKKESNRVAYIDGDQAGQKAENLTPDEVSKREGINAEQIVIKITDQGY	60
BVH11-2	Rx1	1	CSYELGRHQAGQVKKESNRVSYIDGDQAGQKAENLTPDEVSKREGINAEQIVIKITDQGY	60
BVH11	P4241	1	CSYELGRHQAGQDKKESNRVAYIDGDQAGQKAENLTPDEVSKREGINAEQIVIKITDQGY	60
BVH11	WU2	1	CSYELGRHQAGQDKKESNRVAYIDGDQAGQKAENLTPDEVSKREGINAEQIVIKITDQGY	60
BVH11	A66	1	CSYELGRHQAGQDKKESNRVAYIDGDQAGQKAENLTPDEVSKREGINAEQIVIKITDQGY	60
BVH11	Rx1	1	CSYELGRHQAGQVKKESNRVSYIDGDQAGQKAENLTPDEVSKREGINAEQIVIKITDQGY	60
BVH11	JNR7/87	1	CSYELGRHQAGQDKKESNRVAYIDGDQAGQKAENLTPDEVSKREGINAEQIVIKITDQGY	60
BVH11	SP63	1	CSYELGRHQAGQVKKESNRVSYIDGDQAGQKAENLTPDEVSKREGINAEQIVIKITDQGY	60
BVH11	SP64	1	CAYELGLHQA-QTVKENNRVSYIDGKQATQKTENLTPDEVSKREGINAEQIVIKITDQGY	59

BVH11-2 SP64	61	VTSHGDHYHYHYNGKVPYDAI	I	SEELLMKDPNYQLKDS	I	VNEIKGGYVIKVDGKYYVY	120
BVH11-2 JNR7/87	61	VTSHGDHYHYHYNGKVPYDAI	I	SEELLMKDPNYQLKDS	I	VNEIKGGYVIKVDGKYYVY	120
BVH11-2 P4241	61	VTSHGDHYHYHYNGKVPYDAI	I	SEELLMKDPNYQLKDS	I	VNEIKGGYVIKVGNGKYYVY	120
BVH11-2 A66	61	VTSHGDHYHYHYNGKVPYDAI	I	SEELLMKDPNYQLKDS	I	VNEIKGGYVIKVGNGKYYVY	120
BVH11-2 WU2	61	VTSHGDHYHYHYNGKVPYDAI	I	SEELLMKDPNYQLKDS	I	VNEIKGGYVIKVGNGKYYVY	120
BVH11-2 Rx1	61	VTSHGDHYHYHYNGKVPYDAI	I	SEELLMKDPNYQLKDS	I	VNEIKGGYVIKVDGKYYVY	120
BVH11 P4241	61	VTSHGDHYHYHYNGKVPYDAI	I	SEELLMKDPNYQLKDS	I	VNEIKGGYVIKVGNGKYYVY	120
BVH11 WU2	61	VTSHGDHYHYHYNGKVPYDAI	I	SEELLMKDPNYQLKDS	I	VNEIKGGYVIKVGNGKYYGY	120
BVH11 A66	61	VTSHGDHYHYHYNGKVPYDAI	I	SEELLMKDPNYQLKDS	I	VNEIKGGYVIKVGNGKYYVY	120
BVH11 Rx1	61	VTSHGDHYHYHYNGKVPYDAI	I	SEELLMKDPNYQLKDS	I	VNEIKGGYVIKVDGKYYVY	120
BVH11 JNR7/87	61	VTSHGDHYHYHYNGKVPYDAI	I	SEELLMKDPNYQLKDS	I	VNEIKGGYVIKVGNGKYYVY	120
BVH11 SP63	61	VTSHGDHYHYHYNGKVPYDAI	I	SEELLMKDPNYQLKDS	I	VNEIKGGYVIKVDGKYYVY	120
BVH11 SP64	60	VTSHGDHYHYHYNGKVPYDAI	I	SEELLMKDPNYQLKDS	I	VNEIKGGYVIKVGNGKYYVY	119

BVH11-2	SP64	121	DAAHADNIRTKEEIKRQKQEHSHNHNNSRA--DNAAAAARAQGRYTTDDGYIFNASDII	177
BVH11-2	JNR7/87	121	DAAHADNIRTKEEIKRQKQEHSHNHGGGSN--DQAVVAARAQGRYTTDDGYIFNASDII	178
BVH11-2	P4241	121	DAAHADNIRTKEEIKRQKQEHSHNHGGGSN--DQAVVAARAQGRYTTDDGYIFNASDII	178
BVH11-2	A66	121	DAAHADNIRTKEEIKRQKQEHSHNHGGGSN--DQAVVAARAQGRYTTDDGYIFNASDII	178
BVH11-2	WU2	121	DAAHADNIRTKEEIKRQKQEHSHNHGGGSN--DQAVVAARAQGRYTTDDGYIFNASDII	178
BVH11-2	Rx1	121	DAAHADNIRTKEEIKRQKQERSHNHNNSRA--DNAAAAARAQGRYTTDDGYIFNASDII	177
BVH11	P4241	121	DAAHADNIRTKEEIKRQKQEHSHNHGGGSN--DQAVVAARAQGRYTTDDGYIFNASDII	178
BVH11	WU2	121	DAAHADNIRTKEEIKRQKQEHSHNHGGGSN--DQAVVAARAQGRYTTDDGYIFNASDII	178
BVH11	A66	121	DAAHADNIRTKEEIKRQKQEHSHNHGGGSN--DQAVVAARAQGRYTTDDGYIFNASDII	178
BVH11	Rx1	121	DAAHADNIRTKEEIKRQKQERSHNHNNSRA--DNAAAAARAQGRYTTDDGYIFNASDII	177
BVH11	JNR7/87	121	DAAHADNIRTKEEIKRQKQERSHNHNNSRA--DNAAAAARAQGRYTTDDGYIFNASDII	177
BVH11	SP63	121	DAAHADNIRTKEEIKRQKQERSHNHNNSRA--DNAAAAARAQGRYTTDDGYIFNASDII	177
BVH11	SP64	120	DAAHADNVRTKEEINRQKQEQHSQHREGGTSANDGAVAFARSQGRYTTDDGYIFNASDII	179
*****				

BVH11-2	SP64	178	DTGDAYIVPHGDHYHYI	PKNELSASELAAAAEAYWNGKQGSRPSSSSSSYNANPVQPRLSEN	237
BVH11-2	JNR7/87	179	DTGDAYIVPHGDHYHYI	PKNELSASELAAAAEAYWNGKQGSRPSSSSSSYNANPAQPRLSEN	238
BVH11-2	P4241	179	DTGDAYIVPHGNHFHYI	PKSDLSASELAAAQAYWNGKQGSRPSSSSSSHNANPAQPRLSEN	238
BVH11-2	A66	179	DTGDAYIVPHGNHFHYI	PKSDLSASELAAAQAYWNGKQGSRPSSSSSSHNANPAQPRLSEN	238
BVH11-2	WU2	179	DTGDAYIVPRGNHFHYI	PKSDLSASELAAAQAYWNGKQGSRPSSSSSSHNANPAQPRLSEN	238
BVH11-2	Rx1	178	DTGDAYIVPHGDHYHYI	PKSDLSASELAAAQAYWNGKQGSRPSSSSSSHNANPAQPRLSEN	237
BVH11	P4241	179	DTGDAYIVPHGNHFHYI	PKSDLSASELAAAQAYWNGKQGSRPSSSSSSHNANPAQPRLSEN	238
BVH11	WU2	179	DTGDAYIVPHGNHFHYI	PKSDLSASELAAAQAYWNGKQGSRPSSSSSSHNANPAQPRLSEN	238
BVH11	A66	179	DTGDAYIVPHGNHFHYI	PKSDLSASELAAAQAYWNGKQGSRPSSSSSSHNANPAQPRLSEN	238
BVH11	Rx1	178	DTGDAYIVPHGDHYHYI	PKSDLSASELAAAQAYWNGKQGSRPSSSSSSHNANPAQPRLSEN	237
BVH11	JNR7/87	178	DTGDAYIVPHGDHYHYI	PKNELSASELAAAAEAYWNGKQGSRPSSSSSSYNANPAQPRLSEN	237
BVH11	SP63	178	DTGDAYIVPHGNHFHYI	PKSDLSASELAAAQAYWNGKQGSRPSSSSSSHNANPAQPRLSEN	237
BVH11	SP64	180	DTGDAYIVPHGDHYHYI	PKNELSASELAAAAEAFSLGRENLSNLRTRYRRQNSDNTPRTNWV	239

BVH11-2 SP64	238	HNLTVTPTYHQN-----QGENISSLLRELYAKPLSERHVESDGLIFDPAQITS	285
BVH11-2 JNR7/87	239	HNLTVTPTYHQN-----QGENISSLLRELYAKPLSERHVESDGLIFDPAQITS	286
BVH11-2 P4241	239	HNLTVTPTYHQN-----QGENISSLLRELYAKPLSERHVESDGLIFDPAQITS	286
BVH11-2 A66	239	HNLTVTPTYHQN-----QGENISSLLRELYAKPLSERHVESDGLIFDPAQITS	286
BVH11-2 WU2	239	HNLTVTPTYHQN-----QGENISSLLRELYAKPLSERHVESDGLIFDPAQITS	286
BVH11-2 Rx1	238	HNLTVTPTYHQN-----QGENISSLLRELYAKPLSERHVESDGLIFDPAQITS	285
BVH11 P4241	239	HNLTVTPTYHQN-----QGENISSLLRELYAKPLSERHVESDGLIFDPAQITS	286
BVH11 WU2	239	HNLTVTPTYHQN-----QGENISSLLRELYAKPLSERHVESDGLIFDPAQITS	286
BVH11 A66	239	HNLTVTPTYHQN-----QGENISSLLRELYAKPLSERHVESDGLIFDPAQITS	286
BVH11 Rx1	238	HNLTVTPTYHQN-----QGENISSLLRELYAKPLSERHVESDGLIFDPAQITS	285
BVH11 JNR7/87	238	HNLTVTPTYHQN-----QGENISSLLRELYAKPLSERHVESDGLIFDPAQITS	285
BVH11 SP63	238	HNLTVTPTYHQN-----QGENISSLLRELYAKPLSERHVESDGLIFDPAQITS	285
BVH11 SP64	240	PSVSNP GTTNTNTSNNSTNSQASQSNIDISLLKQLYKLPLSQRHVESDGLIFDPAQITS	299
<p style="text-align: center;">* * * * *</p>			
BVH11-2 SP64	286	RTARGVAVPHGNHYHFI PYEQMSELEKRIARI I PLRYRSNHWVPDSRPEQSPQSTPEPS	345
BVH11-2 JNR7/87	287	RTARGVAVPHGNHYHFI PYEQMSELEKRIARI I PLRYRSNHWVPDSRPEQSPQSTPEPS	346
BVH11-2 P4241	287	RTARGVAVPHGNHYHFI PYEQMSELEKRIARI I PLRYRSNHWVPDSRPEQSPQSTPEPS	346
BVH11-2 A66	287	RTARGVAVPHGNHYHFI PYEQMSELEKRIARI I PLRYRSNHWVPDSRPEQSPQSTPEPS	346
BVH11-2 WU2	287	RTARGVAVPHGNHYHFI PYEQMSELEKRIARI I PLRYRSNHWVPDSRPEQSPQSTPEPS	346
BVH11-2 Rx1	286	RTANGVAVPHGDHYHFI PYSQSPLEEKLARI I PLRYRSNHWVPDSRPEQSPQSTPEPS	345
BVH11 P4241	287	RTARGVAVPHGNHYHFI PYEQMSELEKRIARI I PLRYRSNHWVPDSRPEQSPQSTPEPS	346
BVH11 WU2	287	RTARGVAVPHGNHYHFI PYEQMSELEKRIARI I PLRYRSNHWVPDSRPEQSPQSTPEPS	346
BVH11 A66	287	RTARGVAVPHGNHYHFI PYEQMSELEKRIARI I PLRYRSNHWVPDSRPEQSPQSTPEPS	346
BVH11 Rx1	286	RTANGVAVPHGDHYHFI PYSQSPLEEKLARI I PLRYRSNHWVPDSRPEQSPQSTPEPS	345
BVH11 JNR7/87	286	RTARGVAVPHGNHYHFI PYEQMSELEKRIARI I PLRYRSNHWVPDSRPEQSPQSTPEPS	345
BVH11 SP63	286	RTARGVAVPHGNHYHFI PYSQSPLEEKLARI I PLRYRSNHWVPDSRPEQSPQSTPEPS	345
BVH11 SP64	300	RTARGVAVPHGNHYHFI PYEQMSELEKRIARI I PLRYRSNHWVPDSRPEQSPQSTPEPS	359
<p style="text-align: center;">* * * * *</p>			
BVH11-2 SP64	346	PSLQPAPNPQPAPSNPIDEKLVEAVRKVG DGYVFEENGVSRYI PAKDLSAETAAGIDSK	405
BVH11-2 JNR7/87	347	PSPQPAPNPQPAPSNPIDEKLVEAVRKVG DGYVFEENGVSRYI PAKDLSAETAAGIDSK	406
BVH11-2 P4241	343	PSPQPAPNPQPAPSNPIDEKLVEAVRKVG DGYVFEENGVSRYI PAKDLSAETAAGIDSK	402
BVH11-2 A66	343	PSPQPAPNPQPAPSNPIDEKLVEAVRKVG DGYVFEENGVSRYI PAKDLSAETAAGIDSK	402
BVH11-2 WU2	343	PSPQPAPNPQPAPSNPIDEKLVEAVRKVG DGYVFEENGVSRYI PAKDLSAETAAGIDSK	402
BVH11-2 Rx1	346	PSPQPAPNPQPAPSNPIDEKLVEAVRKVG DGYVFEENGVSRYI PAKDLSAETAAGIDSK	405
BVH11 P4241	343	PSPQPAPNPQPAPSNPIDEKLVEAVRKVG DGYVFEENGVSRYI PAKDLSAETAAGIDSK	402
BVH11 WU2	343	PSPQPAPNPQPAPSNPIDEKLVEAVRKVG DGYVFEENGVSRYI PAKDLSAETAAGIDSK	402
BVH11 A66	343	PSPQPAPNPQPAPSNPIDEKLVEAVRKVG DGYVFEENGVSRYI PAKDLSAETAAGIDSK	402
BVH11 Rx1	346	PSPQPAPNPQPAPSNPIDEKLVEAVRKVG DGYVFEENGVSRYI PAKDLSAETAAGIDSK	405
BVH11 JNR7/87	346	PSP-----QPAPSNPIDEKLVEAVRKVG DGYVFEENGVSRYI PAKDLSAETAAGIDSK	399
BVH11 SP63	346	PSPQSAPNPQPAPSNPIDEKLVEAVRKVG DGYVFEENGVSRYI PAKDLSAETAAGIDSK	405
BVH11 SP64	360	PSPQPAPNPQPAPSNPIDEKLVEAVRKVG DGYVFEENGVSRYI PAKDLSAETAAGIDSK	419
<p style="text-align: center;">* * * * *</p>			
BVH11-2 SP64	406	LAKQESLSHKLGA KKTDL P SSDREFYNKAYDLLARIHQD LLDNKG RQVDFEALDNLLERL	465
BVH11-2 JNR7/87	407	LAKQESLSHKLGA KKTDL P SSDREFYNKAYDLLARIHQD LLDNKG RQVDFEALDNLLERL	466
BVH11-2 P4241	403	LAKQESLSHKLGT KKTDL P SSDREFYNKAYDLLARIHQD LLDNKG RQVDFEALDNLLERL	462
BVH11-2 A66	403	LAKQESLSHKLGT KKTDL P SSDREFYNKAYDLLARIHQD LLDNKG RQVDFEALDNLLERL	462
BVH11-2 WU2	403	LAKQESLSHKLGT KKTDL P SSDREFYNKAYDLLARIHQD LLDNKG RQVDFEALDNLLERL	462
BVH11-2 Rx1	406	LAKQESLSHKLGA KKTDL P SSDREFYNKAYDLLARIHQD LLDNKG RQVDFEALDNLLERL	465
BVH11 P4241	403	LAKQESLSHKLGT KKTDL P SSDREFYNKAYDLLARIHQD LLDNKG RQVDFEALDNLLERL	462
BVH11 WU2	403	LAKQESLSHKLGT KKTDL P SSDREFYNKAYDLLARIHQD LLDNKG RQVDFEALDNLLERL	462
BVH11 A66	403	LAKQESLSHKLGT KKTDL P SSDREFYNKAYDLLARIHQD LLDNKG RQVDFEALDNLLERL	462
BVH11 Rx1	406	LAKQESLSHKLGA KKTDL P SSDREFYNKAYDLLARIHQD LLDNKG RQVDFEALDNLLERL	465
BVH11 JNR7/87	400	LAKQESLSHKLGA KKTDL P SSDREFYNKAYDLLARIHQD LLDNKG RQVDFEALDNLLERL	459
BVH11 SP63	406	LAKQESLSHKLGA KKTDL P SSDREFYNKAYDLLARIHQD LLDNKG RQVDFEALDNLLERL	465
BVH11 SP64	420	LAKQESLSHKLGA KKTDL P SSDREFYNKAYDLLARIHQD LLDNKG RQVDFEALDNLLERL	479
<p style="text-align: center;">* * * * *</p>			

```

BVH11-2 SP64      466 KDVSSDKVKLVDDILAFAPIRHPERLGKPNQAITYTDDDEIQVAKLAGKYTTEDGYIFDP 525
BVH11-2 JNR7/87  467 KDVPSDKVKLVDDILAFAPIRHPERLGKPNQAITYTDDDEIQVAKLAGKYTTEDGYIFDP 526
BVH11-2 P4241    463 KDVSSDKVKLVVEDILAFAPIRHPERLGKPNQSQITYTDDDEIQVAKLAGKYTTEDGYIFDP 522
BVH11-2 A66      463 KDVSSDKVKLVVEDILAFAPIRHPERLGKPNQSQITYTDDDEIQVAKLAGKYTTEDGYIFDP 522
BVH11-2 WU2      463 KDVSSDKVKLVVEDILAFAPIRHPERLGKPNQSQITYTDDDEIQVAKLAGKYTTEDGYIFDP 522
BVH11-2 Rx1      466 KDVSSDKVKLVDDILAFAPIRHPERLGKPNQAITYTDDDEIQVAKLAGKYTTEDGYIFDP 525
BVH11 P4241      463 KDVSSDKVKLVVEDILAFAPIRHPERLGKPNQSQITYTDDDEIQVAKLAGKYTTEDGYIFDP 522
BVH11 WU2        463 KDVSSDKVKLVVEDILAFAPIRHPERLGKPNQSQITYTDDDEIQVAKLAGKYTTEDGYIFDP 522
BVH11 A66        463 KDVSSDKVKLVVEDILAFAPIRHPERLGKPNQSQITYTDDDEIQVAKLAGKYTTEDGYIFDP 522
BVH11 Rx1        466 KDVSSDKVKLVDDILAFAPIRHPERLGKPNQAITYTDDDEIQVAKLAGKYTTEDGYIFDP 525
BVH11 JNR7/87    460 KDVSSDKVKLVDDILAFAPIRHPERLGKPNQAITYTDDDEIQVAKLAGKYTTEDGYIFDP 519
BVH11 SP63       466 EDVPSDKVKLVDDILAFAPIRHPERLGKPNQAITYTDDDEIQVAKLAGKYTTEDGYIFDP 525
BVH11 SP64       480 KDVSSDKVKLVDDILAFAPIRHPERLGKPNQAITYTDDDEIQVAKLAGKYTTEDGYIFDP 539
      ** *****

BVH11-2 SP64      526 RDITSDEGDAYVTPHMTSHWIKKDSLSEAERAAAQAYAKEKGLTPPSTDHQDSGNTEAK 585
BVH11-2 JNR7/87  527 RDITSDEGDAYVTPHMTSHWIKKDSLSEAERAAAQAYAKEKGLTPPSTDHQDSGNTEAK 586
BVH11-2 P4241    523 RDITSDEGDAYVTPHMTSHWIKKDSLSEAERAAAQAYAKEKGLTPPSTDHRDSDGNTEAK 582
BVH11-2 A66      523 RDITSDEGDAYVTPHMTSHWIKKDSLSEAERAAAQAYAKEKGLTPPSTDHQDSGNTEAK 582
BVH11-2 WU2      523 RDITSDEGDAYVTPHMTSHWIKKDSLSEAERAAAQAYAKEKGLTPPSTDHQDSGNTEAK 582
BVH11-2 Rx1      526 RDITSDEGDAYVTPHMTSHWIKKDSLSEAERAAAQAYAKEKGLTPPSTDHQDSGNTEAK 585
BVH11 P4241      523 RDITSDEGDAYVTPHMTSHWIKKDSLSEAERAAAQAYAKEKGLTPPSTDHQDSGNTEAK 582
BVH11 WU2        523 RDITSDEGDAYVTPHMTSHWIKKDSLSEAERAAAQAYAKEKGLTPPSTDHQDSGNTEAK 582
BVH11 A66        523 RDITSDEGDAYVTPHMTSHWIKKDSLSEAERAAAQAYAKEKGLTPPSTDHQDSGNTEAK 582
BVH11 Rx1        526 RDITSDEGDAYVTPHMTSHWIKKDSLSEAERAAAQAYAKEKGLTPPSTDHQDSGNTEAK 585
BVH11 JNR7/87    520 RDITSDEGDAYVTPHMTSHWIKKDSLSEAERAAAQAYAKEKGLTPPSTDHQDSGNTEAK 579
BVH11 SP63       526 RDITSDEGDAYVTPHMTSHWIKKDSLSEAERAAAQAYAKEKGLTPPSTDHQDSGNTEAK 585
BVH11 SP64       540 RDITSDEGDAYVTPHMTSHWIKKDSLSEAERAAAQAYAKEKGLTPPSTDHQDSGNTEAK 599
      *****

BVH11-2 SP64      586 GAEAIYNRVKAAKKVPLDRMPYNLQYTTVEVKNGSLIIPHYDHYHNIKFEWFDEGLYEAPK 645
BVH11-2 JNR7/87  587 GAEAIYNRVKAAKKVPLDRMPYNLQYTTVEVKNGSLIIPHYDHYHNIKFEWFDEGLYEAPK 646
BVH11-2 P4241    583 GAEAIYNRVKAAKKVPLDRMPYNLQYTTVEVKNGSLIIPHYDHYHNIKFEWFDEGLYEAPK 642
BVH11-2 A66      583 GAEAIYNRVKAAKKVPLDRMPYNLQYTTVEVKNGSLIIPHYDHYHNIKFEWFDEGLYEAPK 642
BVH11-2 WU2      583 GAEAIYNRVKAAKKVPLDRMPYNLQYTTVEVKNGSLIIPHYDHYHNIKFEWFDEGLYEAPK 642
BVH11-2 Rx1      586 GAEAIYNRVKAAKKVPLDRMPYNLQYTTVEVKNGSLIIPHYDHYHNIKFEWFDEGLYEAPK 645
BVH11 P4241      583 GAEAIYNRVKAAKKVPLDRMPYNLQYTTVEVKNGSLIIPHYDHYHNIKFEWFDEGLYEAPK 642
BVH11 WU2        583 GAEAIYNRVKAAKKVPLDRMPYNLQYTTVEVKNGSLIIPHYDHYHNIKFEWFDEGLYEAPK 642
BVH11 A66        583 GAEAIYNRVKAAKKVPLDRMPYNLQYTTVEVKNGSLIIPHYDHYHNIKFEWFDEGLYEAPK 642
BVH11 Rx1        586 GAEAIYNRVKAAKKVPLDRMPYNLQYTTVEVKNGSLIIPHYDHYHNIKFEWFDEGLYEAPK 645
BVH11 JNR7/87    580 GAEAIYNRVKAAKKVPLDRMPYNLQYTTVEVKNGSLIIPHYDHYHNIKFEWFDEGLYEAPK 639
BVH11 SP63       586 GAEAIYNRVKAAKKVPLDRMPYNLQYTTVEVKNGSLIIPHYDHYHNIKFEWFDEGLYEAPK 645
BVH11 SP64       600 GAEAIYNRVKAAKKVPLDRMPYNLQYTTVEVKNGSLIIPHYDHYHNIKFEWFDEGLYEAPK 659
      *****

BVH11-2 SP64      646 GYSLEDLLATVKYVVEHPNERPHSDNGFGNASDHVRKNK-----ADQDSK 690
BVH11-2 JNR7/87  647 GYTLEDLLATVKYVVEHPNERPHSDNGFGNASDHVRKNK-----VDQDSK 691
BVH11-2 P4241    643 GYTLEDLLATVKYVVEHPNERPHSDNGFGNASDHVRKNK-----ADQDSK 687
BVH11-2 A66      643 GYTLEDLLATVKYVVEHPNERPHSDNGFGNASDHVRKNK-----ADQDSK 687
BVH11-2 WU2      643 GYTLEDLLATVKYVVEHPNERPHSDNGFGNASDHVRKNK-----ADQDSK 687
BVH11-2 Rx1      646 GYSLEDLLATVKYVVEHPNERPHSDNGFGNASDHVQRNKGQADTNQTEKPNEEKPOTEK 705
BVH11 P4241      643 GYTLEDLLATVKYVVEHPNERPHSDNGFGNASDHVRKNK-----ADQDSK 687
BVH11 WU2        643 GYTLEDLLATVKYVVEHPNERPHSDNGFGNASDHVRKNK-----ADQDSK 687
BVH11 A66        643 GYTLEDLLATVKYVVEHPNERPHSDNGFGNASDHVRKNK-----ADQDSK 687
BVH11 Rx1        646 GYSLEDLLATVKYVVEHPNERPHSDNGFGNASDHVQRNK-----NGQ 687
BVH11 JNR7/87    640 GYSLEDLLATVKYVVEHPNERPHSDNGFGNASDHVQRNK-----NGQ 681
BVH11 SP63       646 GYTLEDLLATVKYVVEHPNERPHSDNGFGNASDHVQRNK-----NGQ 687
BVH11 SP64       660 GYTLEDLLATVKYVVEHPNERPHSDNGFGNASDHVQRNK-----NGQ 701
      ** *****

```

BVH11-2 SP64	691	PDEDKEHDEVSEPTHPESDEKENHAGLNPSADNLYKPSTDTEETEEAAEDTTDEAEIPQV	750
BVH11-2 JNR7/87	692	PDEDKEHDEVSEPTHPESDEKENHAGLNPSADNLYKPSTDTEETEEAAEDTTDEAEIPQV	751
BVH11-2 P4241	688	PDEDKGHDEVSEPTHPESDEKENHAGLNPSADNLYKPSTDTEETEEAAEDTTDEAEIPQV	747
BVH11-2 A66	688	PDEDKGHDEVSEPTHPESDEKENHAGLNPSADNLYKPSTDTEETEEAAEDTTDEAEIPQV	747
BVH11-2 WU2	688	PDEDKGHDEVSEPTHPESDEKENHAGLNPSADNLYKPSTDTEETEEAAEDTTDEAEIPQV	747
BVH11-2 Rx1	706	PEEDKEHDEVSEPTHPESDEKENHAGLNPSADNLYKPSTDTEETEEAAEDTTDEAEIPQV	765
BVH11 P4241	688	PDEDKGHDEVSEPTHPESDEKENHAGLNPSADNLYKPSTDTEETEEAAEDTTDEAEIPQV	747
BVH11 WU2	688	PDEDKGHDEVSEPTHPESDEKENHAGLNPSADNLYKPSTDTEETEEAAEDTTDEAEIPQV	747
BVH11 A66	688	PDEDKGHDEVSEPTHPESDEKENHAGLNPSADNLYKPSTDTEETEEAAEDTTDEAEIPQV	747
BVH11 Rx1	688	ADTNQTEKPNEEKPQTEKPEEETPREKKPQSEKPSPKPTEEPPEESPEESPEESEPQV	747
BVH11 JNR7/87	682	ADTNQTEKPNEEKPQTEKPEEETPREKKPQSEKPSPKPTEEPPEESPEESPEESEPQV	741
BVH11 SP63	688	ADTNQTEKPNEEKPQTEKPEEETPREKKPQSEKPS-----KPTEEPPEESPEESPEESEPQV	743
BVH11 SP64	702	ADTNQTEKPNEEKPQTEKPEEETPREKKPQSEKPS-----KPTEEPPEESPEESPEESEPQV	757
		* . . . * . . . * . . . * . . . * . . . * . . . *	
BVH11-2 SP64	751	ENSVINAKIADAEALLEKVTDPsirQNAMEtLTGLKSSLLLGTKDNNTISAEVDSLALL	810
BVH11-2 JNR7/87	752	ENSVINAKIADAEALLEKVTDPsirQNAMEtLTGLKSSLLLGTKDNNTISAEVDSLALL	811
BVH11-2 P4241	748	EHSVINAKIADAEALLEKVTDPsirQNAMEtLTGLKSSLLLGTKDNNTISAEVDSLALL	807
BVH11-2 A66	748	EHSVINAKIADAEALLEKVTDPsirQNAMEtLTGLKSSLLLGTKDNNTISAEVDSLALL	807
BVH11-2 WU2	748	EHSVINAKIADAEALLEKVTDPsirQNAMEtLTGLKSSLLLGTKDNNTISAEVDSLALL	807
BVH11-2 Rx1	766	EYSVINAKIAEAEALLEKVTDPsirQNAMEtLTGLKSSLLLGTKDNNTISAEVDSLALL	825
BVH11 P4241	748	EHSVINAKIADAEALLEKVTDPsirQNAMEtLTGLKSSLLLGTKDNNTISAEVDSLALL	807
BVH11 WU2	748	EHSVINAKIADAEALLEKVTDPsirQNAMEtLTGLKSSLLLGTKDNNTISAEVDSLALL	807
BVH11 A66	748	EHSVINAKIADAEALLEKVTDPsirQNAMEtLTGLKSSLLLGTKDNNTISAEVDSLALL	807
BVH11 Rx1	748	ETEKVKEKLREAEDLLGKIQNPIIKSNAKETLTGLKNNLLFGTQDNNTIMAEAEKLLALL	807
BVH11 JNR7/87	742	ETEKVKEKLREAEDLLGKIQNPIIKSNAKETLTGLKNNLLFGTQDNNTIMAEAEKLLALL	801
BVH11 SP63	744	ETEKVEEKLREAEDLLGKIQDPPIIKSNAKETLTGLKNNLLFGTQDNNTIMAEAEKLLALL	803
BVH11 SP64	758	ETEKVEEKLREAEDLLGKIQDPPIIKSNAKETLTGLKNNLLFGTQDNNTIMAEAEKLLALL	817
		* . . . * . . . * . . . * . . . * . . . * . . . *	
BVH11-2 SP64	811	KESQPAPIQ	819
BVH11-2 JNR7/87	812	KESQPAPIQ	820
BVH11-2 P4241	808	KKSQPAPIQ	816
BVH11-2 A66	808	KKSQPAPIQ	816
BVH11-2 WU2	808	KKSQPAPIQ	816
BVH11-2 Rx1	826	KESQPAPIQ	834
BVH11 P4241	808	KESK	811
BVH11 WU2	808	KESK	811
BVH11 A66	808	KESK	811
BVH11 Rx1	808	KESK	811
BVH11 JNR7/87	802	KESK	805
BVH11 SP63	804	KESK	807
BVH11 SP64	818	KESK	821
		* . . .	

FIGURA 12



[illegible]

FIGURA 13

AATTCCTTGT	CGGGTAAGTT	CCGACCCGCA	CGAAAGGCGT	AATGATTG	GCACGTCTCTC	60
AACGAGAGAC	TCGGTGAAAT	TTTAGTACCT	GTGAAGATGC	AGGTTACCCG	CGACAGGACG	120
GAAAGACCCC	ATGGAGCTTT	ACTGCAGTTT	GATATTGAGT	GTCTGTACCA	CATGTACAGG	180
ATAGGTAGGA	GTCTAAGAGA	TCGGGACGCC	AGTTTCGAAG	GAGACGCTGT	TGGGATACTA	240
CCCTTGTGTT	ATGGCCACTC	TAACCCAGAT	AGGTGATCCC	TATCGGAGAC	AGTGTCTGAC	300
GGGCAGTTTG	ACTGGGGCGG	TCGCCTCCTA	AAAGGTAACG	GAGGCGCCCA	AAGGTTCCCT	360
CAGAAATGGTT	GGAAATCATT	CGCAGAGTGT	AAAGGTATAA	GGGAGCTTGA	CTGCGAGAGC	420
TACAACTCGA	GCAGGGACGA	AAGTCGGGCT	TAGTGATCCG	GTGGTTCCGT	ATGGAAGGGC	480
CATCGCTCAA	CGGATAAAAAG	CTACCCTGGG	GATAACAGGC	TTATCTCCCC	CAAGAGTTCA	540
CATCGACGGG	GAGGTTTGGC	ACCTCGATGT	CGGCTCGTCG	CATCCTGGGG	CTGTAGTCGG	600
TCCCAAGGGT	TGGGCTGTTC	GCCCATTAAA	GCGGCACGCG	AGCTGGGTTT	AGAACGTCGT	660
GAGACAGTTC	GGTCCCTATC	CGTCGCGGGC	GTAGGAAATT	TGAGAGGATC	TGCTCCTAGT	720
ACGAGAGGAC	CAGAGTGGAC	TTACCGCTGG	TGTACCAGTT	GTCTTGCCAA	AGGCATCGCT	780
GGGTAGCTAT	GTAGGGAAGG	GATAAACGCT	GAAAGCATCT	AAGTGTGAAA	CCCACCTCAA	840
GATGAGATTT	CCCATGATTA	TATATCAGTA	AGAGCCCTGA	GAGATGATCA	GGTAGATAGG	900
TTAGAAGTGG	AAGTGTGGCG	ACACATGTAG	CGGACTAATA	CTAATAGCTC	GAGGACTTAT	960
CCAAAGTAAC	TGAGAATATG	AAAGCGAACG	GTTTTCTTAA	ATTGAATAGA	TATTCAATTT	1020
TGAGTAGGTA	TTACTCAGAG	TTAAGTGACG	ATAGCCTAGG	AGATACACCT	GTACCCATGC	1080
CGAACACAGA	AGTTAAGCCC	TAGAACGCCG	GAAGTAGTTG	GGGGTTGCCC	CCTGTGAGAT	1140
AGGGAAGTCG	CTTAGCTCTA	GGGAGTTTAG	CTCAGCTGGG	AGAGCATCTG	CCTTACAAGC	1200
AGAGGGTCAG	CGGTTTCGATC	CCGTTAACTC	CCAAAGGTCC	CGTAGTGTAG	CGGTTATCAC	1260
GTGCGCCTGT	CACGGCGAAG	ATCGCGGGTT	GATTTCCTGT	CGGGACCGTT	TAAGGTAACG	1320
CAAGTTATTT	TAGACTCGTT	AGCTCAGTTG	GTAGAGCAAT	TGACTTTTAA	TCAATGGGTC	1380
ACTGGTTCTGA	GCCCAGTACG	GGTCATATAT	GCGGGTTTGG	CGGAATTCTA	ATCTCTTTGA	1440
AATCATCTTC	TCTCACTTTC	CAAAACTCTA	TTACCTCTTA	TTATACCACA	TTTCAATCTT	1500
CAACTTCCCA	GTAATATAAG	CACCTCTGGC	GAAAGAAGTT	TCAATGTCCT	AAAGTAATAA	1560
GTGAATCCAA	TTCAGGAAC	CCAAGAACAA	AAGAAACATC	TGGTGTCA	AGTATTGGAT	1620
GGCACAGAGT	CACGTGGTAG	TCTGACCCTA	GCAGAAATTT	TAAATAGTAA	ACTATTTACT	1680
GGTTAAATTA	ATGGTTAAAT	AACCGGTTTA	GAAAACATTT	TAATAAAGTA	AAAGAAGTTG	1740
AGAAAAAAT	TCATCATTTA	TTGAAATGAG	GGATTTATGA	AATTTAGTAA	AAAATATATA	1800
GCAGCTGGAT	CAGCTGTTAT	CGTATCCTTG	AGTCTATGTG	CCTATGCAT	AAACCAGCAT	1860
CGTTTCGAGG	AAAATAAGGA	CAATAATCGT	GTCTCTTATG	TGGATGGCAG	CCAGTCAAGT	1920
CAGAAAAGTG	AAAACCTTGAC	ACCAGACCAG	GTTAGCCAGA	AAGAAGGAAT	TCAGGCTGAG	1980
CAAATTGTA	TCAAAATTAC	AGATCAGGGC	TATGTAACGT	CACACGGTGA	CCACTATCAT	2040
TACTATAATG	GGAAAGTTCC	TTATGATGCC	CTCTTTAGTG	AAGAACTCTT	GATGAAGGAT	2100
CCAAACTATC	AACTTAAAGA	CGCTGATATT	GTCAATGAAG	TCAAGGGTGG	TTATATCATC	2160
AAGGTCGATG	GAAAAATATTA	TGTCTACCTG	AAAGATGCAG	CTCATGCTGA	TATGTTTCGA	2220
ACTAAAGATG	AAATCAATCG	TCAAAAACAA	GAACATGTCA	AAGATAATGA	GAAGGTTAAC	2280
TCTAATGTTG	CTGTAGCAAG	GTCTCAGGGA	CGATATACGA	CAAATGATGG	TTATGTCCTT	2340
AATCCAGCTG	ATATTATCGA	AGATACGGGT	AATGCTTATA	TCGTTCCCTA	TGGAGGTCAC	2400
TATCACTACA	TTCCCAAAAG	CGATTTATCT	GCTAGTGAAT	TAGCAGCAGC	TAAAGCACAT	2460
CTGGCTGGAA	AAAATATGCA	ACCGAGTCAG	TTAAGCTATT	CTTCAACAGC	TAGTGACAAT	2520
AACACGCAAT	CTGTAGCAAA	AGGATCAACT	AGCAAGCCAG	CAAATAAATC	TGAAAATCTC	2580
CAGAGTCTTT	TGAAGGAAC	CTATGATTCA	CCTAGCGCCC	AACGTTACAG	TGAATCAGAT	2640
GGCCTGGTCT	TTGACCCCTG	TAAGATTATC	AGTCGTACAC	CAAATGGAGT	TGCGATTCCG	2700
CATGGCGACC	ATTACCACTT	TATTCCTTAC	AGCAAGCTTT	CTGCTTTAGA	AGAAAAGATT	2760
GCCAGAAATGG	TGCCTATCAG	TGGAACCTGG	TCTACAGTTT	CTACAAATGC	AAAACCTAAT	2820
GAAGTAGTGT	CTAGTCTAGG	CAGTCTTTCA	AGCAATCCTT	CTTCTTTAAC	GACAAGTAAG	2880
GAGCTCTCTT	CAGCATCTGA	TGGTTATATT	TTTAATCCAA	AAGATATCGT	TGAAGAAACG	2940
GCTACGACOTT	ATATTGTAAG	ACATGGTGAT	CATTTCACAT	CAATTCCAAA	ATCAAATCAA	3000
ATTGGGCAAC	CGACTCTTCC	AAACAATAGT	CATGCAACAC	CTTCTCCATC	TCTTCCCAATC	3060
AATCCAGGAA	CTTCACATGA	GAAACATGAA	GAAGATGGAT	ACGGATTTGA	TGCTAATCGT	3120
ATTATCGCTG	AAGATGAATC	AGGTTTTGTC	ATGAGTCACG	GAGACCACAA	TCATTATTTT	3180
TTCAAGAAGG	ACTTGACAGA	AGAGCAAATT	AAGGCTGCGC	AAAAACATTT	AGAGGAAGTT	3240
AAAAC TAGTC	ATAATGGATT	AGATTCTTTG	TCATCTCATG	AACAGGATTA	TCCAGGTAAT	3300
GCCAAAGAAA	TGAAAGATTT	AGATAAAAAA	ATCGAAGAAA	AAATTGCTGG	CATTATGAAA	3360



CAATATGGTG	TCAAACGTGA	AAGTATTGTC	GTGAATAAAG	AAAAAAATGC	GATTATTTAT	3420
CCGCATGGAG	ATCACCATCA	TGCAGATCCG	ATTGATGAAC	ATAAACCGGT	TGGAATTGGT	3480
CATTCTCACA	GTAACATGA	ACTGTTTAAA	CCCGAAGAAG	GAGTTGCTAA	AAAAGAAGGG	3540
AATAAAGTTT	ATACTGGAGA	AGAATTAACG	AATGTTGTTA	ATTTGTTAAA	AAATAGTACG	3600
TTTAATAATC	AAAACTTTAC	TCTAGCCAAT	GGTCAAAAAC	GCGTTTCTTT	TAGTTTTCCG	3660
CCTGAATTGG	AGAAAAAATT	AGGTATCAAT	ATGCTAGTAA	AATTAATAAC	ACCAGATGGA	3720
AAAGTATTGG	AGAAAGTATC	TGGTAAAGTA	TTTGGAGAAG	GAGTAGGGAA	TATTGCAAAAC	3780
TTTGAATTAG	ATCAACCTTA	TTTACCAGGA	CAAACATTTA	AGTATACTAT	CGCTTCAAAA	3840
GATTATCCAG	AAGTAAGTTA	TGATGGTACA	TTTACAGTTC	CAACCTCTTT	AGCTTACAAA	3900
ATGGCCAGTC	AAACGATTTT	CTATCCTTTC	CATGCAGGGG	ATACTTATTT	AAGAGTGAAC	3960
CCTCAATTTG	CAGTGCCTAA	AGGAACTGAT	GCTTTAGTCA	GAGTGTTTGA	TGAATTTTCAT	4020
GGAAATGCTT	ATTTAGAAAA	TAACTATAAA	GTTGGTGAAA	TCAAATTACC	GATTCCGAAA	4080
TTAAACCAAG	GAACAACCAG	AACGGCCGGA	AATAAAATTC	CTGTAACCTT	CATGGCAAAT	4140
GCTTATTTGG	ACAATCAATC	GACTTATATT	GTGGAAGTAC	CTATCTTGGA	AAAAGAAAAAT	4200
CAAACTGATA	AACCAAGTAT	TCTACCACAA	TTTAAAAGGA	ATAAAGCACA	AGAAAACTCA	4260
AAACTTGATG	AAAAGGTAGA	AGAACCAAAG	ACTAGTGAGA	AGGTAGAAAA	AGAAAAACTT	4320
TCTGAAACTG	GGAATAGTAC	TAGTAATTCA	ACGTTAGAAG	AAGTTCCTAC	AGTGGATCCT	4380
GTACAAGAAA	AAGTAGCAAA	ATTTGCTGAA	AGTTATGGGA	TGAAGCTAGA	AAATGTCTTG	4440
TTTAATATGG	ACGGAACAAT	TGAATTATAT	TTACCATCAG	GAGAAGTCAT	TAAAAAGAAT	4500
ATGGCAGATT	TTACAGGAGA	AGCACCTCAA	GGAAATGGTG	AAAATAAACC	ATCTGAAAAAT	4560
GGAAAAGTAT	CTACTGGAAC	AGTTGAGAAC	CAACCAACAG	AAAATAAACC	AGCAGATTCT	4620
TTACCAGAGG	CACCAAACGA	AAAACCTGTA	AAACCAGAAA	ACTCAACGGA	TAATGGAATG	4680
TTGAATCCAG	AAGGGAATGT	GGGGAGTGAC	CCTATGTTAG	ATCCAGCATT	AGAGGAAGCT	4740
CCAGCAGTAG	ATCCTGTACA	AGAAAAATTA	GAAAAATTTA	CAGCTAGTTA	CGGATTAGGC	4800
TTAGATAGTG	TTATATTCAA	TATGGATGGA	ACGATTGAAT	TAAGATTGCC	AAGTGGAGAA	4860
GTGATAAAAA	AGAATTTATC	TGATTTTCATA	GCGTAAGGAA	TAGCAGTAGA	AAAAGTCTGA	4920
ATCAAAAATG	AAGTTCTCTC	AAAAGTTAGA	AATAAAACTC	TGACTTTGGG	AGAATTTTCAT	4980
TTTATTATTA	ATATATAAAA	TTTCTTGACA	TACAACTTAA	AAAGAGGTGG	AATATTTACT	5040
AGTTAATT	(SEQ ID NO : 11)					5048

FIGURA 14

CAGAGATCTT	AGTGAATCAA	ATATACTTAA	GAAAAGAGGA	AAGAATGAAA	ATCAATAAAA	60
AATATCTAGC	TGGGTCAGTA	GCTACACTTG	TTTTAAGTGT	CTGTGCTTAT	GAAC TAGGTT	120
TGCATCAAGC	TCAAAC TGTA	AAAGAAAATA	ATCGTGTTTC	CTATATAGAT	GGAAAACAAG	180
CGACGCAAAA	AACGGAGAAT	TTGACTCCTG	ATGAGGTTAG	CAAGCGTGAA	GGAAATCAACG	240
CCGAACAAAT	CGTCATCAAG	ATTACGGATC	AAGGTTATGT	GACCTCTCAT	GGAGACCATT	300
ATCATTACTA	TAATGGCAAG	GTCCCTTATG	ATGCCATCAT	CAGTGAAGAG	CTCCTCATGA	360
AAGATCCGAA	TTATCAGTTG	AAGGATTCAG	ACATTGTCAA	TGAAATCAAG	GGTGGTTATG	420
TCATTAAGGT	AAACGGTAAA	TACTATGTTT	ACCTTAAGGA	TGCAGCTCAT	GCGGATAATG	480
TCCGTACAAA	AGAAGAAATC	AATCGGCAAA	AACAAGAACA	TAGTCAGCAT	CGTGAAGGAG	540
GGACTTCAGC	AAACGATGGT	GCGGTAGCCT	TTGCACGTTT	ACAGGGACGC	TACACCACAG	600
ATGATGGTTA	TATCTTCAAT	GCATCTGATA	TCATCGAAGA	TACGGGCGAT	GCCTATATCG	660
TTCTCATGG	AGATCATTAC	CATTACATTC	CTAAGAATGA	GTTATCAGCT	AGCGAGTTGG	720
CTGCTGCAGA	AGCCTTCCTA	TCTGGTCGGG	AAAATCTGTC	AAATTTAAGA	ACCTATCGCC	780
GACAAAATAG	CGATAACACT	CCAAGAACAA	ACTGGGTACC	TTCTGTAAAG	AATCCAGGAA	840
CTACAAATAC	TAACACAAGC	AACAACAGCA	ACACTAACAG	TCAAGCAAGT	CAAAGTAATG	900
ACATTGATAG	TCTCTTGAAA	CAGCTCTACA	AACTGCCTTT	GAGTCAACGC	CATGTAGAAT	960
CTGATGGCCT	TATTTTCGAC	CCAGCGCAAA	TCACAAGTCG	AACCGCCAGA	GGTGTAGCTG	1020
TCCCTCATGG	TAACCATTAC	CAC TTTATCC	CTTATGAACA	AATGTCTGAA	TTGGAAAAAC	1080
GAATTGCTCG	TATTATTCCC	CTTCGTTATC	GTTCAAACCA	TTGGGTACCA	GATTCAAGAC	1140
CAGAAGAACC	AAGTCCACAA	CCGACTCCAG	AACCTAGTCC	AAGTCCGCAA	CCTGCACCAA	1200
ATCCTCAACC	AGCTCCAAGC	AATCCAATTG	ATGAGAAATT	GGTCAAAGAA	GCTGTTCGAA	1260
AAGTAGGCGA	TGGTTATGTC	TTTGAGGAGA	ATGGAGTTTC	TCGTTATATC	CCAGCCAAGA	1320
ATCTTTCAGC	AGAAACAGCA	GCAGGCATTG	ATAGCAAATC	GGCCAAGCAG	GAAAGTTTAT	1380
CTCATAGGCT	AGGACTAAG	AAAAC TGACC	TCCCATCTAG	TGATCGAGAA	TTTTACATAA	1440
AGGCTTATGA	CTTACTAGCA	AGAATTCACC	AAGATTTACT	TGATAATAAA	GGTCGACAAG	1500
TTGATTTTGA	GGCTTTGGAT	AACCTGTTGG	AACGACTCAA	GGATGTCTCA	AGTGATAAAG	1560
TCAAGTTAGT	GGATGATATT	CTTGCCCTTCT	TAGCTCCGAT	TCGTCAATCA	GAACGTTTAT	1620
GAAAACCAAA	TGCGCAAATT	ACCTACACTG	ATGATGAGAT	TCAAGTAGCC	AAGTTGGCAG	1680
GCAAGTACAC	AACAGAAGAC	GGTTATATCT	TTGATCCTCG	TGATATAACC	AGTGATGAGG	1740
GGGATGCCTA	TGTAACTCCA	CATATGACCC	ATAGCCACTG	GATTAAAAAA	GATAGTTTGT	1800
CTGAAGCTGA	GAGAGCGGCA	GCCCAGGCTT	ATGCTAAAGA	GAAAGGTTTG	ACCCCTCCTT	1860
CGACAGACCA	TCAGGATTCA	GGAAATACTG	AGGCAAAAGG	AGCAGAAGCT	ATCTACAACC	1920
GCGTGAAAGC	AGCTAAGAAG	GTGCCACTTG	ATCGTATGCC	TTACAATCTT	CAATATACTG	1980
TAGAAGTCAA	AAACGGTAGT	TTAATCATAC	CTCATTATGA	CCATTACCAT	AACATCAAAT	2040
TTGAGTGGTT	TGACGAAGGC	CTTTATGAGG	CACCTAAGGG	GTATACTCTT	GAGGATCTTT	2100
TGGCGACTGT	CAAGTACTAT	GTCGAACATC	CAAACGAACG	TCCGCATTCA	GATAATGGTT	2160
TTGGTAACGC	TAGCGACCAT	GTTCAAAGAA	ACAAAAATGG	TCAAGCTGAT	ACCAATCAAA	2220
CGGAAAAACC	AAGCGAGGAG	AAACCTCAGA	CAGAAAAACC	TGAGGAAGAA	ACCCCTCGAG	2280
AAGAGAAAACC	ACAAAGCGAG	AAACCAGAGT	CTCCAAAACC	AACAGAGGAA	CCAGAAGAAG	2340
AATCACCAGA	GGAATCAGAA	GAACCTCAGG	TCGAGACTGA	AAAGGTTGAA	GAAAAACTGA	2400
GAGAGGCTGA	AGATTTACTT	GGAAAAATCC	AGGATCCAAT	TATCAAGTCC	AATGCCAAAG	2460
AGACTCTCAC	AGGATTAAAA	AATAATTTAC	TATTTGGCAC	CCAGGACAAC	AATACTATTA	2520
TGGCAGAAGC	TGAAAACTA	TTGGCTTTAT	TAAAGGAGAG	TAAGTAAAGG	TAGCAGCATT	2580
TTCTAACTCC	TAAAAACAGG	ATAGGAGAAC	GGGAAAACGA	AAAATGAGAG	CAGAATGTGA	2640
GTTCTAG	(SED ID NO : 12)					2647

FIGURA 15

GGGTCTTAAA	ACTCTGAATC	CTTTAGAGGC	AGACCCACAA	AAIGACAAGA	CTTATTTAGA	60
AAATCTGGAA	GAAAATATGA	GTGTTCTAGC	AGAAGAATTA	AAGTGAGGAA	AGAATGAAAA	120
TCAATAAAAA	ATATCTAGCA	GGTTCAGTGG	CAGTCCTTGC	CCTAAGTGTT	TGTTCCCTATG	180
AACCTGGTCG	TCACCAAGCT	GGTCAGGTTA	AGAAAGAGTC	TAATCGAGTT	TCTTATATAG	240
ATGGTGATCA	GGCTGGTCAA	AAGGCAGAAA	ATTTGACACC	AGATGAAGTC	AGTAAGAGAG	300
AGGGGATCAA	CGCCGAACAA	ATTGTTATCA	AGATTACGGA	TCAAGGTTAT	GTGACCTCTC	360
ATGGAGACCA	TTATCATTAC	TATAATGGCA	AGGTTCTTAA	TGATGCCATC	ATCAGTGAAG	420
AACCTTCTCAT	GAAAGATCCG	AATTATCAGT	TGAAGGATTC	AGACATTGTC	AATGAAATCA	480
AGGGTGCGTA	TGTGATTAAG	GTAGACGGAA	AATACTATGT	TTACCTTAAA	GATGCGGCCC	540
ATGCGGACAA	TATTCGGACA	AAAGAAGAGA	TTAAACGTCA	GAAGCAGGAA	CACAGTCATA	600
ATCATAACTC	AAGAGCAGAT	AATGCTGTTG	CTGCAGCCAG	AGCCCAAGGA	CGTTATACAA	660
CGGATGATCG	GTATATCTTC	AATGCATCTG	ATATCATTGA	GGACACGGGT	GATGCTTATA	720
TCGTTCCCTCA	CGGCGACCAT	TACCATTACA	TTCTAAGAA	TGAGTTATCA	GCTAGCGAGT	780
TAGCTGCTGC	AGAAGCCTAT	TGGAATGGGA	AGCAGGGATC	TCGTCCTTCT	TCAAGTTCTA	840
GTTATAATGC	AAATCCAGTT	CAACCAAGAT	TGTCAGAGAA	CCACAATCTG	ACTGTCACTC	900
CAACTTATCA	TCAAAATCAA	GGGGAAAACA	TTTCAAGCCT	TTTACGTGAA	TTGTATGCTA	960
AACCCTTATC	AGAACGCCAT	GTAGAATCTG	ATGGCCTTAT	TTTCGACCCA	GCGCAAATCA	1020
CAAGTCGAAC	CGCCAGAGGT	GTAGCTGTCC	CTCATGGTAA	CCATTACCAC	TTTATCCCTT	1080
ATGAACAAAT	GTCTGAATTG	GAAAAACGAA	TTGCTCGTAT	TATTCCCCTT	CGTTATCGTT	1140
CAAACCATTG	GGTACCAGAT	TCAAGACCCAG	AACAACCAAG	TCCACAATCG	ACTCCGGAAC	1200
CTAGTCCAAG	TCTGCAACCT	GCACCAAATC	CTCAACCAGC	TCCAAGCAAT	CCAATTGATG	1260
AGAAATTGGT	CAAAGAAGCT	GTTGGAAGAG	TAGGCGATGG	TTATGTCCTT	GAGGAGAATG	1320
GAGTTTCTCG	TTATATCCCA	GCCAAGGATC	TTTCAGCAGA	AACAGCAGCA	GGCATTGATA	1380
GCAAACCTGGC	CAAGCAGGAA	AGTTTATCTC	ATAAGCTAGG	AGCTAAGAAA	ACTGACCTCC	1440
CATCTAGTGA	TCGAGAATTT	TACAATAAGG	CTTATGACTT	ACTAGCAAGA	ATTACCAAG	1500
ATTTACTTGA	TAATAAAGGT	CGACAAGTTG	ATTTTGAGGT	TTTGATAAC	CTGTTGGAAC	1560
GACTCAAGGA	TGTCTCAAGT	GATAAAGTCA	AGTTAGTGG	TGATATTCTT	GCCTTCTTAG	1620
CTCCGATTCTG	TCATCCAGAA	CGTTTAGGAA	AACCAAATGC	GCAAATTACC	TACACTGATG	1680
ATGAGATTCA	AGTAGCCAAG	TTGGCAGGCA	AGTACACAAC	AGAAGACGGT	TATATCTTTG	1740
ATCCTCGTGA	TATAACCAGT	GATGAGGGGG	ATGCCTATGT	AACTCCACAT	ATGACCCATA	1800
GCCACTGGAT	TAAAAAAGAT	AGTTTGTCTG	AAGCTGAGAG	AGCGGCAGCC	CAGGCTTATG	1860
CTAAAGAGAA	AGGTTTGACC	CCTCCTTCGA	CAGACCACCA	GGATTGAGGA	AATACTGAGG	1920
CAAAAGGAGC	AGAAGCTATC	TACAACCGCG	TGAAAGCAGC	TAAGAAGGTG	CCACTTGATC	1980
GTATGCCTTA	CAATCTTCAA	TATACTGTAG	AAGTCAAAAA	CGGTAGTTTA	ATCATACCTC	2040
ATTATGACCA	TTACCATAAC	ATCAAATTTG	AGTGGTTTGA	CGAAGGCCCTT	TATGAGGCAC	2100
CTAAGGGGTA	TAGTCTTGAG	GATCTTTTGG	CGACTGTCAA	GTACTATGTC	GAACATCCAA	2160
ACGAACGTCC	GCATTGAGAT	AATGGTTTTG	GTAACGCTAG	TGACCATGTT	CGTAAAAATA	2220
AGGCAGACCA	AGATAGTAAA	CCTGATGAAG	ATAAGGAACA	TGATGAAGTA	AGTGAGCCAA	2280
CTCACCTGTA	ATCTGATGAA	AAAGAGAATC	ACGCTGGTTT	AAATCCTTCA	GCAGATAATC	2340
TTTATAAACC	AAGCACTGAT	ACGGAAGAGA	CAGAGGAAGA	AGCTGAAGAT	ACCACAGATG	2400
AGGCTGAAAT	TCCTCAAGTA	GAGAATTCTG	TTATTAACGC	TAAGATAGCA	GATGCGGAGG	2460
CCTTGCTAGA	AAAAGTAACA	GATCCTAGTA	TTAGACAAAA	TGCTATGGAG	ACATTGACTG	2520
GTCTAAAAAG	TAGTCTTCTT	CTCGGAACGA	AAGATAATAA	CACTATTTCA	GCAGAAGTAG	2580
ATAGTCTCTT	GGCTTTGTTA	AAAGAAAGTC	AACCGGCTCC	TATACAGTAG	TAAAATGAA	2639

(SEQ ID NO : 13)

FIGURA 16

MKINKKYL	AG	SVAVLALSVC	SYELGRHQAG	QVKKESNRVS	YIDGDQAGQK	50
AENLTPDEV	S	KREGINAEQI	VIKITDQGYV	TSHGDHYHYY	NGKVPYDAII	100
SEELLMKDP	N	YQLKDSDIVN	EIKGGYVIKV	DGKYVYVLKD	AAHADNIRTK	150
EEIKRQKQEH		SHNHNSRADN	AVAAAAAQGR	YTTDDGYIFN	ASDIIEDTGD	200
AYIVPHGDHY		HYIPKNELSA	SELAAAEAYW	NGKQGSRPSS	SSSYNANPVQ	250
PRLSENHNLT		VTPTYHONQG	ENISSLLREL	YAKPLSERHV	ESDGLIFDPA	300
QITSRTARGV		AVPHGNHYHF	IPYEQMSELE	KRIARIIPLR	YRSNHWVPDS	350
RPEQSPSQST		PEPSPSLQPA	PNPQPAPSNP	IDEKLVKEAV	RKVGDGYVFE	400
ENGVSRYIPA		KOLSAETAAG	IDSKLAKQES	LSHKLGAOKT	DLPSSDREFY	450
NKAYDLLARI		HQDLLDNKGR	QVDFEVLNLL	LERLKDVSSD	KVKLVDDILA	500
FLAPIRHPER		LGKPNQITY	TDDEIQVAKL	AGKYTTEDGY	IFDPRDITSD	550
EGDAYVTPHM		THSHWIKKDS	LSEAERAAAQ	AYAKEKGLTP	PSTDHQDSGN	600
TEAKGAELIY		NRVKAACKVP	LDRMPYNLQY	TVEVKNGSLI	IPHYDHYHNI	650
KFEWFDEGLY		EAPKGYSLED	LLATVKYYYVE	HPNERPHSDN	GFGNASDHVR	700
KNKADQDSKP		DEDKEHDEVS	EPHPESDEK	ENHAGLNPSA	DNLYKPSTDT	750
EETEEEAEDT		TDEAEIPQVE	NSVINAKIAD	AEALLEKVTD	PSIRQNAMET	800
LTGLKSSLLL		GTKDNNTISA	EVDSLLALLK	ESQPAPIQ		838

(SEQ ID NO : 14)

FIGURA 17

TGTGCCTATG	CACTAAACCA	GCATCGTTTCG	CAGGAAAATA	AGGACAATAA	TCGTGTCTCT	60
TATGTGGATG	GCAGCCAGTC	AAGTCAGAAA	AGTGAAAAC	TGACACCAGA	CCAGGTTAGC	120
CAGAAAGAAG	GAATTCAGGC	TGAGCAAATT	GTAATCAAAA	TTACAGATCA	GGGCTATGTA	180
ACGTCACACG	GTGATCACTA	TCATTACTAT	AATGGGAAA	TTCCTTATGA	TGCCCTCTTT	240
AGTGAAGAAC	TCTTGATGAA	GGATCCAAAC	TATCAACTTA	AAGACGCTGA	TATTGTCAAT	300
GAAGTCAAGG	GTGGTTATAT	CATCAAGGTC	GATGGAAAAT	ATTATGTCTA	CCTGAAAGAT	360
GCAGCTCATG	CTGATAATGT	TCGAACTAAA	GATGAAATCA	ATCGTCAAAA	ACAAGAACAT	420
GTCAAAGATA	ATGAGAAGGT	TAACTCTAAT	GTTGCTGTAG	CAAGGTCTCA	GGGACGATAT	480
ACGACAAATG	ATGGTTATGT	CTTTAATCCA	GCTGATATTA	TCGAAGATAC	GGGTAATGCT	540
TATATCGTTC	CTCATGGAGG	TCACTATCAC	TACATTCCCA	AAAGCGATTT	ATCTGCTAGT	600
GAATTAGCAG	CAGCTAAAGC	ACATCTGGCT	GGAAAAATA	TGCAACCGAG	TCAGTTAAGC	660
TATTCTTCAA	CACCTTCTCC	ATCTCTTCCA	ATCAATCCAG	GAACCTCACA	TGAGAAACAT	720
GAAGAAGATG	GATACGGATT	TGATGCTAAT	CGTATTATCG	CTGAAGATGA	ATCAGGTTTT	780
GTCATGAGTC	ACGGAGACCA	CAATCATTAT	TTCTTCAAGA	AGGACTTGAC	AGAAGAGCAA	840
ATTAAGGCTG	CGCAAAAACA	TTTAGAGGAA	GTTAAAACTA	GTCATAATGG	ATTAGATTCT	900
TTGTCACTCT	ATGAACAGGA	TTATCCAAGT	AATGCCAAAG	AAATGAAAGA	TTTAGATAAA	960
AAAATCGAAG	AAAAAATTGC	TGGCATTATG	AAACAATATG	GTGTCAAACG	TGAAAGTATT	1020
GTCTGTGAATA	AAGAAAAAAA	TGCGATTATT	TATCCGCATG	GAGATCACCA	TCATGCAGAT	1080
CCGATTGATG	AACATAAAC	GGTTGGAATT	GGTCATTCTC	ACAGTAACTA	TGAAGTGT	1140
AAACCCGAAG	AAGGAGTTGC	TAAAAAAGAA	GGGAATAAAG	TTTATACTGG	AGAAGAATTA	1200
ACGAATGTTG	TTAATTTGTT	AAAAAATAGT	ACGTTTAATA	ATCAAACTT	TACTCTAGCC	1260
AATGGTCAAA	AACGCGTTTC	TTTTAGTTTT	CCGCTGAAT	TGGAGAAAAA	ATTAGGTATC	1320
AATATGCTAG	TAAAATTAAT	AACACCAGAT	GGAAAAGTAT	TGGAGAAAGT	ATCTGGTAAA	1380
GTATTTGGAG	AAGGAGTAGG	GAATATTGCA	AACCTTGAAT	TAGATCAACC	TTATTTACCA	1440
GGACAAACAT	TTAAGTATAC	TATCGCTTCA	AAAGATTATC	CAGAAGTAAG	TTATGATGGT	1500
ACATTTACAG	TTCCAACCTC	TTTAGCTTAC	AAAATGGCCA	GTCAAACGAT	TTTCTATCCT	1560
TTCCATGCAG	GGGATACTTA	TTTAAGAGTG	AACCTTCAAT	TTGCAGTGCC	TAAAGGAACT	1620
GATGCTTTAG	TCAGAGTGTT	TGATGAATTT	CATGGAAATG	CTTATTTAGA	AAATAACTAT	1680
AAAGTTGGTG	AAATCAAATT	ACCGATTCCG	AAATTAAACC	AAGGAACAAC	CAGAACGGCC	1740
GGAAATAAAA	TTCTGTAAAC	CTTCATGGCA	AATGCTTATT	TGGACAATCA	ATCGACTTAT	1800
ATTGTGGAAG	TACCTATCTT	GGAAAAAGAA	AATCAAAC	ATAAACCAAG	TATTCTACCA	1860
CAATTTAAAA	GGAATAAAGC	ACAAGAAAAC	TCAAACCTTG	ATGAAAAGGT	AGAAGAACCA	1920
AAGACTAGTG	AGAAGGTAGA	AAAAGAAAAA	CTTTCTGAAA	CTGGGAATAG	TACTAGTAAT	1980
TCAACGTTAG	AAGAAGTTCC	TACAGTGGAT	CCTGTACAAG	AAAAAGTAGC	AAAATTTGCT	2040
GAAAGTTATG	GGATGAAGCT	AGAAAATGTC	TTGTTTAATA	TGGACGGAAC	AATTGAATTA	2100
TATTTACCAT	CGGGAGAAGT	CATTAAAAAG	AATATGGCAG	ATTTTACAGG	AGAAGCACCT	2160
CAAGGAAATG	GTGAAAATAA	ACCATCTGAA	AATGGAAAAAG	TATCTACTGG	AACAGTTGAG	2220
AACCAACCAA	CAGAAAATAA	ACCAGCAGAT	TCTTTACCAG	AGGCACCAA	CGAAAAACCT	2280
GTAAAACCAG	AAAAC	GGATAATGGA	ATGTTGAATC	CAGAAGGGAA	TGTGGGGAGT	2340
GACCCTATGT	TAGATTCAGC	ATTAGAGGAA	GCTCCAGCAG	TAGATCCTGT	ACAAGAAAAA	2400
TTAGAAAAAT	TTACAGCTAG	TTACGGATTA	GGCTTAGATA	GTGTTATATT	CAATATGGAT	2460
GGAACGATTG	AATTAAGATT	GCCAAGTGGA	GAAGTGATAA	AAAAGAATTT	ATTGATCTCA	2520
TAGCGTAA	(SEQ ID NO : 15)					2528

FIGURA 18

CAYALNQHRS	QENKDNRRVS	YVDGSQSSQK	SENLTPDOVS	QKEGIAEQI	50
VIKITDQGYV	TSHGDHYHY	NGKVPYDALF	SEELLMKDPN	YQLKDADIVN	100
EVKGGYIIKV	DGKYVYVLKD	AAHADNVRTK	DEINRQKQEH	VKDNEKVNNSN	150
VAVARSQGRY	TTNDGYVFNP	ADIIEDTGNA	YIVPHGGHYH	YIPKSDLSAS	200
ELAAAKAHLA	GKNMQPSQLS	YSSTPSPSLP	INPGTSHEKH	EEDGYGFDAN	250
RIIAEDES GF	VMSHGDHNY	FFKKDLTEEQ	IKAAQKHLEE	VKTSHNGLDS	300
LSSHEQDYPS	NAKEMKDLDK	KIEEKIAGIM	KQYGVKRESI	VVNKEKNAI	350
YPHGDHHD	PIDEHKPVG	GHSNSYELF	KPEEGVAKKE	GNKVYTGEEL	400
TNVVNLLKNS	TFNNQNFTLA	NGQKRVSFSF	PPELEKKLGI	NMLVKLITPD	450
GKVLKVS	VFGEGVGNIA	NFELDQPYLP	GQTFKYTIAS	KDYPEVSYDG	500
TFTVPTSLAY	KMASQTIFYP	FHAGDTYLRV	NPQFAVPKGT	DALVRVFDEF	550
HGNAYLENNY	KVGEIKLPIP	KLNQGTTRTA	GNKIPVTFMA	NAYLDNQSTY	600
IVEVPILEKE	NQTDKPSILP	QFKRNKAQEN	SKLDEKVEEP	KTSEKVEKEK	650
LSETGNSTSN	STLEEVPTVD	PVQEKVAKFA	ESYGMKLENV	LFNMDGTIEL	700
YLPSGEVIKK	NMADFTGEAP	QNGENKPS	NGKVSTGTVE	NQPTENKPAD	750
SLPEAPNEKP	VKPNSTDN	MLNPEGNVGS	DPMLDSALEE	APAVDPVQEK	800
LEKFTASYGL	GLDSVIFNMD	GTIELRLPSG	EVIKNLLIS		840

(SEQ ID NO : 16)

FIGURA 19

5

CAYALNQHRS	QENKDNRRVS	YVDGSQSSQK	SENLTPDOVS	QKEGIAEQI	50
VIKITDQGYV	TSHGDHYHY	NGKVPYDALF	SEELLMKDPN	YQLKDADIVN	100
EVKGGYIIKV	DGKYVYVLKD	AAHADNVRTK	DEINRQKQEH	VKDNEKVNNSN	150
VAVARSQGRY	TTNDGYVFNP	ADIIEDTGNA	YIVPHGGHYH	YIPKSDLSAS	200
ELAAAKAHLA	GKNMQPSQLS	YSSTASDNNT	QSVAKGSTSK	PANKSENLOS	250
LLKELYDSPS	AQRYSESDGL	VFDPAKIISR	TPNGVAIPHG	DHYHFIPYSK	300
LSALEEKIAR	MVPISGTGST	VSTNAKPNEV	VSSLGSLSSN	PSSLTTSKEL	350
SSASDGYIFN	PKDIVEETAT	AYIVRHGDHF	HYIPKSNQIG	QPTLPNNSLA	400
TPSPSLPINP	GTSHEKHEED	GYGFDANRII	AEDES GFVMS	HGDHNYFFK	450
KDLTEEQIKA	AQKHLEEVKT	SHNGLDSLSS	HEQDYPGNAK	EMKDLDKKIE	500
EKIAGIMKQY	GVKRESIVVN	KEKNAIYYPH	GDHHHADPID	EHKPVGIGHS	550
HSNYELFKPE	EGVAKKEGNK	VYTGEELTNV	VNLLKNSTFN	NQNFTLANGQ	600
KRVSFSPPE	LEKKLGINML	VKLITPDGKV	LEKVS	EGVGNIANFE	650
LDQPYLP	FKYTIASKDY	PEVSYDGTFT	VPTSLAYKMA	SQTIFYPFHA	700
GDTYLRVNPQ	FAVPKGTDAL	VRVFDEFHGN	AYLENNYKVG	EIKLPIPKLN	750
QGTTRTAGNK	IPVTFMANAY	LDNQSTYIVE	VPILEKENQT	DKPSILPQFK	800
RNKAQENSKL	DEKVEEPKTS	EKVEKEKLSE	TGNSTSNSTL	EEVPTVDPVQ	850
EKVAKFAESY	GKLENVLFN	MDGTIELYLP	SGEVIKKNMA	DFTGEAPQGN	900
GENKPS	VSTGTVENQP	TENKPADSLP	EAPNEKPVKP	ENSTDNGMLN	950
PEGNVGSDPM	LDPALEEAPA	VDPVQEKLEK	FTASYGLGLD	SVIFNMDGTI	1000
ELRLPSGEVI	KKNLSDFIA	(SEQ ID NO : 55)			1019

FIGURA 20

CAYALNQHRS	QENKDNRRVS	YVDGSQSSQK	SENLTDPQVS	QKEGIAEQI	50
VIKITDQGYV	TSHGDHYHY	NGKVPYDALF	SEELLMKDPN	YQLKDADIVN	100
EVKGGYIIKV	DGKYVYVLKD	AAHADNVRTK	DEINRQKQEH	VKDNEKVNSN	150
VAVARSQGRY	TTNDGYVFNP	ADIIEDTGNA	YIVPHGGHYH	YIPKSDLSAS	200
ELAAAKAHLA	GKNMQPSQLS	YSSTASDNNT	QSVAKGSTSK	PANKSENLOS	250
LLKELYDSPA	AQRYSESDGL	VFDPAKIISR	TPNGVAIPHG	DHYHFIPYSK	300
LSALEEKIAR	MVPISGTGST	VSTNAKPNEV	VSSLGSLSSN	PSSLTTSKEL	350
SSASDGYIFN	PKDIVEETAT	AYIVRHGDHF	HYIPKSNQIG	QPTLPNNSLA	400
TPSPSLPINP	GTSHEKHEED	GYGFDANRII	AEDESGFVMS	HGDHNHYFFK	450
KDLTEEQIKA	AQKHLEEVKT	SHNGLDSLSS	HEQDYPGNA		489

(SEQ ID NO : 56)

FIGURA 21

MKFSKKYIAA	GSAVIVLSL	CAYALNQHRS	QENKDNRRVS	YVDGSQSSQK	SENLTDPQVS	60
QKEGIAEQI	VIKITDQGYV	TSHGDHYHY	NGKVPYDALF	SEELLMKDPN	YQLKDADIVN	120
EVKGGYIIKV	DGKYVYVLKD	AAHADNVRTK	DEINRQKQEH	VKDNEKVNSN	VAVARSQGRY	180
TTNDGYVFNP	ADIIEDTGNA	YIVPHGGHYH	YIPKSDLSAS	ELAAAKAHLA	GKNMQPSQLS	240
YSSTASDNNT	QSVAKGSTSK	PANKSENLOS	LLKELYDSPA	AQRYSESDGL	VFDPAKIISR	300
TPNGVAIPHG	DHYHFIPYSK	LSALEEKIAR	MVPISGTGST	VSTNAKPNEV	VSSLGSLSSN	360
PSSLTTSKEL	SSASDGYIFN	PKDIVEETAT	AYIVRHGDHF	HYIPKSNQIG	QPTLPNNSLA	420
TPSPSLPINP	GTSHEKHEED	GYGFDANRII	AEDESGFVMS	HGDHNHYFFK	KDLTEEQIKA	480
AQKHLEEVKT	SHNGLDSLSS	HEQDYPGNA	(SEQ ID NO : 57)			509

5

FIGURA 22

DLTEEQIKAA	QKHLEEVKTS	HNGLDSLSSH	EQDYPGNAKE	MKDLDKKIEE	50
KIAGIMKQYG	VKRESIVVNK	EKNAIIPYHG	DHHHADPIDE	HKPVGIGHSH	100
SNYELFKPEE	GVAKKEGNKV	YTGEELTNVV	NLLKNSTFNN	QNFTLANGQK	150
RVSFSFPPEL	EKKLGINMLV	KLITPDGKVL	EKVSGKVFGF	GVGNIANFEL	200
DQPYLPGQTF	KYTIASKDYP	EVSYDGTFTV	PTSLAYKMAS	QTIFYPFHAG	250
DTYLRVNPQF	AVPKGTDALV	RVFDEFHGNA	YLENNYKVGE	IKLPIPKLNQ	300
GTTTRTAGNKI	PVTFMANAYL	DNQSTYIVEV	PILEKENQTD	KPSILPQFKR	350
NKAQENSKLD	EKVEEPTKSE	KVEKEKLSET	GNSTSNSTLE	EVPTVDPVQE	400
KVAKFAESYG	MKLENVLFNM	DGTIELYLPS	GEVIKKNMAD	FTGEAPQGNG	450
ENKPSENGKV	STGTVENQPT	ENKPADSLPE	APNEKPVKPE	NSTDNGMLNP	500
EGNVGSDPML	DPALEEAPAV	DPVQEKLEKF	TASYGLGLDS	VIFNMDGTIE	550
LRLPSGEVIK	KNLSDFIAKL	RYRSNHVWPD	SRPEEPSQPQ	TPEPSPSPQP	600
APNPQPAPSN	FIDEKLVKEA	VRKVGDDGYV	EENGVSRYIP	AKNLSAETAA	650
GIDSKLAKQE	SLSHKLGAKK	TDLPSDREF	YNKAYDLLAR	IHQDLLDNKG	700
RQVDFEALDN	LLERLKDVSS	DKVKLVDDIL	AFLAPIRHPE	RLGKPNQAQIT	750
YTDDEIQVAK	LAGKYTTEDG	YIFDPRDITS	DEGDAYVTPH	MTHSHWIKKD	800
SLSEAERAAA	QAYAKEKGLT	PPSTDHQDSG	NTEAKGAELI	YNRVKAAKKV	850
PLDRMPYNLQ	YTVEVKNGSL	IIPHYDHYHN	IKFEWFDEGL	YEAPKGYTLE	900
DLLATVKYYV	EHPNERPHSD	NGFGNASDHV	QRNKNQADT	NQTEKPSEEK	950
PQTEKPEEET	PREEKPQSEK	PESPKPTEEP	EEESPREESE	PQVETEKVEE	1000
KLREAEDLLG	KIQDPPIKSN	AKETLTGLKN	NLLFGTQDNN	TIMAEAEKLL	1050
ALLKESK	(SEQ ID NO : 58)				1057

FIGURA 23

CAYALNQHRS	QENKDNRRVS	YVDGSQSSQK	SENLTDPQVS	QKEGIAEQI	50
VIKITDQGYV	TSHGDHYHYH	NGKVPYDALF	SEELLMKDPN	YQLKDADIVN	100
EVKGGYIIKV	DGKYVYVLKD	AAHADNVRTK	DEINRQKQEH	VKDNEKVNNS	150
VAVARSQGRY	TTNDGYVFNP	ADIIEDTGNA	YIVPHGGHYH	YIPKSDLSAS	200
ELAAA	(SEQ ID NO : 59)				205

FIGURA 24

CAYELGLHQA	QTVKENNRVS	YIDGKQATQK	TENLTPEVS	KREGINAEQI	50
VIKITDQGYV	TSHGDHYHYH	NGKVPYDAII	SEELLMKDPN	YQLKDSDIVN	100
EIKGGYVIKV	NGKYVYVLKD	AAHADNVRTK	EEINRQKQEH	SQHREGGTS	150
NDGAVAFARS	QGRYTDDGY	IFNASDIIED	TGDAYIVPHG	DHYHYIPKNE	200
LSASELAAAE	AFLSGRENLS	NLRTYRRQNS	DNTPRTNWVP	SVSNPGTTNT	250
NTSNNSNTNS	QASQSDIDS	LLKQLYKLPL	SQRHVESDGL	IFDPAQITSR	300
TARGVAVPHG	NHYHFIPYEQ	MSELEKRIAR	IIPLRYSNH	WVPDSRPEEP	350
SPQPTPEPSP	SPQPAPNPQP	APSNPIDEKL	VKEAVRKVGD	GYVFEENGVS	400
RYIPAKNLSA	ETAAGIDSKL	AKQESLSHKL	GAKKTDLPSS	DREFYNKAYD	450
LLARIHQDLL	DNKGRQVDFE	ALDNLLERLK	DVSSDKVKLV	DDILAFLAPI	500
RHPERLGKPN	AQITYTDDEI	QVAKLAGKYT	TEDGYIFDPR	DITSDEGDAY	550
VTPHMTSHSW	IKKDSLSEAE	RAAAQAYAKE	KGLTPPSTDH	QDSGNTAKG	600
AEAIYNRVKA	AKKVPLDRMP	YNLQYTVVEK	NGSLIIPHYD	HYHNIKFEWF	650
DEGLYEAPKG	YTLEDLLATV	KYYVEHPNER	PHSDNGFGNA	SDHVQRNKNG	700
QADTNQTEKP	SEEKQTEKP	EEETPREKP	QSEKPEPKP	TEEPPEESPE	750
ESEEPQVETE	KVEEKLREAE	DLLGKIQDPI	IKSNAKETLT	GLKNNLLFGT	800
QDNNTIMAEA	EKLLALLKES	K	((SEQ ID NO : 60)		821

FIGURA 25

CAYELGLHQA	QTVKENNRVS	YIDGKQATQK	TENLTPEVS	KREGINAEQI	50
VIKITDQGYV	TSHGDHYHYH	NGKVPYDAII	SEELLMKDPN	YQLKDSDIVN	100
EIKGGYVIKV	NGKYVYVLKD	AAHADNVRTK	EEINRQKQEH	SQHREGGTS	150
NDGAVAFARS	QGRYTDDGY	IFNASDIIED	TGDAYIVPHG	DHYHYIPKNE	200
LSASELAAAE	AFLSGRENLS	NLRTYRRQNS	DNTPRTNWVP	SVSNPGTTNT	250
NTSNNSNTNS	QASQSDIDS	LLKQLYKLPL	SQRHVESDGL	IFDPAQITSR	300
TARGVAVPHG	NHYHFIPYEQ	MSELEKRIAR	IIPL		334
(SEQ ID NO : 61)					

FIGURA 26

RYRSNHVVPD	SRPEEPSQPQ	TPEPSPSPQP	APNPQPAPSN	PIDEKLVKEA	50
VRKVGDDGYV	EENGVSRYIP	AKNLSAETAA	GIDSKLAKQE	SLSHKLGAKK	100
TDLPSSDREF	YNKAYDLLAR	IHQDLLDNKG	RQVDFEALDN	LLERLKDVS	150
DKVKLVDDIL	AFLAPIRHPE	RLGKPNQAQIT	YTDDEIQVAK	LAGKYTTEDG	200
YIFDPRDITS	DEGDAYVTPH	MTHSHWIKKD	SLSEAERAAA	QAYAKEKGLT	250
PPSTDHQDSG	NTEAKGAEAI	YNRVKAAKKV	PLDRMPYNLQ	YTVEVKNGSL	300
IIPHYDHYHN	IKFEWFDEGL	YEAPKGYTLE	DLLATVKYYV	EHPNERPHSD	350
NGFGNASDHV	QRNKNGQADT	NQTEKPSEK	PQTEKPEEET	PREKPKQSEK	400
PESPKPTQEP	EEESPEESEE	PQVETEKVEE	KLREAEDLLG	KIQDPIIKSN	450
AKETLTGLKN	NLLFGTQDNN	TIMAEAEKLL	ALLKESK		487
(SEQ ID NO : 62)					

FIGURA 27



AEAFLSGREN	LSNLRITYRRQ	NSDNTPRTNW	VPSVSNPGTT	NTNTSNNSNT	50
NSQASQSNDI	DSLLKQLYKL	PLSQRHVESD	GLIFDPAQIT	SRTARGVAVP	100
HGNHYHFIPY	EQMSELEKRI	ARIIPLYRYS	NHWVPDSRPE	EPSPQPTPEP	150
SPSPQPAPNP	QPAPSNPIDE	KLVKEAVRKV	GDGYVFEENG	VSRYIPAKNL	200
SAETAAGIDS	KLAKQESLSH	KLGAKKTDLP	SSDREFYNKA	YDLLARIHQD	250
LLDNKGRQVD	FEALDNLLER	LKDVSSDKVK	LVDDILAFLA	PIRHPERLGK	300
PNAQITYTDD	EIQVAKLAGK	YTTEDGYIFD	PRDITSDEGD	AYVTPHMTSH	350
HWIKKDSLSE	AERAAAQAYA	KEKGLTPPST	DHQDSGNTEA	KGAEAIYNRV	400
KAACKVPLDR	MPYNLQYTVE	VKNGSLIIPH	YDHYHNIKFE	WFDEGLYEAP	450
KGYTLEDLLA	TVKYYVEHPN	ERPHSDNGFG	NASDHVQRNK	NGQADTNQTE	500
KPSEEEKPQTE	KPEEETPREE	KPQSEKPESP	KPTEEPPEES	PEESEEPQVE	550
TEKVEEKLRE	AEDLLGKIQD	PIIKSNAKET	LTGLKNNLLF	GTQDNNTIMA	600
EAEKLLALLK	ESK	(SEQ ID NO : 63)			613

FIGURA 28

DLTEEQIKAA	QKHLEEVKTS	HNGLDSLSSH	EQDYPGNAKE	MKDLDKKIEE	50
KIAGIMKQYG	VKRESIVVNK	EKNAIYYPHG	DHHHADPIDE	HKPVGIGHSH	100
SNYELFKPEE	GVAKKEGNKV	YTGEELTNVV	NLLKNSTFNN	QNFTLANGQK	150
RVSFSFPPEL	EKKLGINMLV	KLITPDGKVL	EKVSGKVFG	GVGNIANFEL	200
DQPYLPGQTF	KYTIASKDYP	EVSYDGTFTV	PTSLAYKMAS	QTIFYPFHAG	250
DTYLRVNPQF	AVPKGTDALV	RVFDEFHGNA	YLENNYKVGE	IKLPIPKLNQ	300
GTTRTAGNKI	PVTFMANAYL	DNQSTYIVEV	PILEKENQTD	KPSILPQFKR	350
NKAQENSKLD	EKVEEPTSE	KVEKEKLSET	GNSTSNSTLE	EVPTVDPVQE	400
KVAKFAESYG	MKLENVLFNM	DGTIELYLPS	GEVIKKNMAD	FTGEAPQNG	450
ENKPSENGKV	STGTVENQPT	ENKPADSLPE	APNEKPVKPE	NSTDNGMLNP	500
EGNVGSDPML	DPALEEAPAV	DPVQEKLEKF	TASYGLGLDS	VIFNMDGTIE	550
LRLPSGEVIK	KNLSDFIA	(SEQ ID NO : 64)			568

5

FIGURA 29

DLTEEQIKAA	QKHLEEVKTS	HNGLDSLSSH	EQDYPGNAKE	MKDLDKKIEE	50
KIAGIMKQYG	VKRESIVVNK	EKNAIYYPHG	DHHHADPIDE	HKPVGIGHSH	100
SNYELFKPEE	GVAKKEGNKV	YTGEELTNVV	NLLKNSTFNN	QNFTLANGQK	150
RVSFSFPPEL	EKKLGINMLV	KLITPDGKVL	EKVSGKVFG	GVGNIANFEL	200
DQPYLPGQTF	KYTIASKDYP	EVSYDGTFTV	PTSLAYKMAS	QTIFYPFHAG	250
DTYLRVNPQF	AVPKGTDALV	RVFDEFHGNA	YLENNYKVGE	IKLPIPKLNQ	300
GTTRTAGNKI	PVTFMANAYL	DNQSTYIVE	(SEQ ID NO : 65)		329

FIGURA 30

EVPILEKENQ	TDKPSILPQF	KRNKAQENSK	LDEKVEEPT	SEKVEKEKLS	50
ETGNSTSNST	LEEVPTVDPV	QEKVAKFAES	YGMKLENVLF	NMDGTIELYL	100
PSGEVIKKNM	ADFTGEAPQG	NGENKPSENG	KVSTGTVENQ	PTENKPADSL	150
PEAPNEKPVK	PENSTDNGML	NPEGNVGS DP	MLDPALEEAP	AVDPVQEKLE	200
KFTASYGLGL	DSVIFNMDGT	IELRLPSGEV	IKKNLSDFIA		240
(SEQ ID NO : 66)					

FIGURA 31

DIDSLKQLY	KLPLSQRHVE	SDGLIFDPAQ	ITSRTARGVA	VPHGNHYHFI	50
PYEQMSELEK	RIARIIPRLY	RSNHWVPDSR	PEEPSQPTP	EPSPSPQAP	100
NPQPAPSNPI	DEKLVKEAVR	KVG DGYVFEE	NGVSRYPAP	NLSAETAAGI	150
DSKLAKQESL	SHKLGAKKTD	LPSSDREFYN	KAYDLLARIH	QDLLDNKGRQ	200
VDFEALDNLL	ERLKDVSDDK	VKLVDLILAF	LAPIRHPERL	GKPNAQITYT	250
DDEIQVAKLA	GKYTTEDGYI	FDPRDITSDE	GDAYVTPHMT	HSHWIKKDSL	300
SEAERAAAQA	YAKEKGLTPP	STDHQDSGNT	EAKGAEAIYN	RVKAAKKVPL	350
DRMPYNLQYT	VEVKNGSLII	PHYDHYHNIK	FEWFDEGLYE	APKGYTLEDL	400
LATVKYYVEH	PNERPHSDNG	FGNASDHVQR	NKNGQADTNQ	TEKPSEEKPO	450
TEKPEEETPR	EEKPQSEKPE	SPKPTEEPEE	ESPEESEEPQ	VETEKVEEKL	500
REAEDLLGKI	QDPIIKSNAK	ETLTGLKNNL	LFGTQDNNTI	MAEAEKLLAL	550
LKESK	(SEQ ID NO : 67)				555

5

FIGURA 32

DIDSLKQLY	KLPLSQRHVE	SDGLIFDPAQ	ITSRTARGVA	VPHGNHYHFI	50
PYEQMSELEK	RIARIIPRLY	RSNHWVPDSR	PEEPSQPTP	EPSPSPQAP	100
NPQPAPSNPI	DEKLVKEAVR	KVG DGYVFEE	NGVSRYPAP	NLSAETAAGI	150
DSKLAKQESL	SHKLGAKKTD	LPSSDREFYN	KAYDLLARIH	QDLLDNKGRQ	200
VDFEALDNLL	ERLKDVSDDK	VKLVDLILAF	LAPIRHPERL	GKPNAQITYT	250
DDEIQVAKLA	GKYTTEDGYI	FDPRDITSDE	GDAYVTPHMT	HSHWIKKDSL	300
SEAERAAAQA	YAKEKGLTPP	STDHQDSGNT	EAKGAEAIYN	RVKAAKKVPL	350
DRMPYNLQYT	VEVKNGSLII	PHYDHYHNIK	FEWFDEGLYE	APKGYTLEDL	400
LATVKYYVEH	PNERPHSDNG	FGNASDHV	(SEQ ID NO : 68)		428

FIGURA 33

GLYEAPKGYT	LEDLLATVKY	YVEHPNERPH	SDNGFGNASD	HVQRNKGQA	50
DTNQTEKPSE	EKPQTEKPEE	ETPREEKPOS	EKPESPKPTE	EPEEESPEES	100
EEPQVETEKV	EEKLREAEDL	L	(SEQ ID NO : 69)		121

10

FIGURA 34

ASDHVQRNKN	GQADTNQTEK	PSEEKQTEK	PEEETPREEK	PQSEKPEPK	50
PTEEPPEESP	ESEEPQVET	EKVEEKLREA	EDLLGKIQDP	IIKSNAKETL	100
TGLKNNLLFG	TQDNNTIMAE	AEKLLALLKE	SK		132
(SEQ ID NO : 70)					

FIGURA 35

DIDSLLKQLY	KLPLSORHVE	SDGLIFDPAQ	ITSRTARGVA	VPHGNHYHFI	50
PYEQMSELEK	RIARIIPRLY	RSNHVWVDSR	PEEPSPOPTP	EPSPSPQPAP	100
NPQPAPSNPI	DEKLVKEAVR	KVGDGYVFEE	NGVSRYPAP	NLSAETAAGI	150
DSKLAKQESL	SHKLGAKKTD	LPSSDREFYN	KAYDLLARIH	QDLLDNKGRQ	200
VDFEALDNLL	ERLKDVSSDK	VKLVD	(SEQ ID NO : 71)		226

FIGURA 36

DILAFLAPIR	HPERLGKPN	QITYTDDEIQ	VAKLAGKYTT	EDGYIFDPRD	50
ITSDEGDAYV	TPHMTSHWI	KKDSLSEAER	AAAQAYAKEK	GLTPPSTDHQ	100
DSGNTEAKGA	EAIYNRVKAA	KKVPLDRMPY	NLQYTVEVKN	GSLIIPHYDH	150
YHNIKFEWFD	EGLYEAPKGY	TLEDLLATVK	YYVEHPNERP	HSDNGFGNAS	200
DHV	(SEQ ID NO : 72)				203

5

FIGURA 37

CSYELGRHQA	GOVKKESNRV	SYIDGDQAGQ	KAENLTPDEV	SKREGINAEQ	50
IVIKITDQGY	VTSHGDHYHY	YNGKVPYDAI	ISEELLMKDP	NYQLKDSDIV	100
NEIKGGYVIK	VDGKYVYVLK	DAAHADNIRT	KEEIKRQKQE	HSHNHNSRAD	150
NAVAAARAQ	RYTTDDGYIF	NASDIIEDTG	DAYIVPHGDH	YHYIPKNELS	200
ASELAAAEAY	WNGKQGSRPS	SSSSYNANPV	QPRLSEHNHNL	TVTPTYHQNQ	250
GENISSLLRE	LYAKPLSERH	VESDGLIFDP	AQITSRTARG	VAVPHGNHYH	300
FIPYEQMSEL	EKRIARIIPL	RYRSNHVWPD	SRPEQSPSQS	TPEPSPSLQP	350
APNPQPAPSN	PIDEKLVKEA	VRKVG DG YVF	EENGVSRYIP	AKDLSAETAA	400
GIDSKLAKQE	SLSHKLGAKK	TDLPSSDREF	YNKAYDLLAR	IHQDLLDNKG	450
RQVDFEVLN	LLERLKDVSS	DKVKLVDDIL	AFLAPIRHPE	RLGKPNQAQIT	500
YTDEIQVAK	LAGKYTTEDG	YIFDPRDITS	DEGDAYVTPH	MTHSHWIKKD	550
SLSEAERAAA	QAYAKEKGLT	PPSTDHQDSG	NTEAKGAEAI	YNRVKAACKV	600
PLDRMPYNLQ	YTVEVKNGSL	IIPHYDHYHN	IKFEWFDEGL	YEAPKGYSLE	650
DLLATVKYYV	EHPNERPHSD	NGFGNASDHV	RKNKADQDSK	PDEDKEHDEV	700
SEPTHPESDE	KENHAGLNPS	ADNLYKPSTD	TEETEEEAED	TTDEAEIPQV	750
ENSVINAKIA	DAEALLEKVT	DPSIRQNAME	TLTGLKSSLL	LGTKDNNTIS	800
AEVDSLLALL	KESQPAPIQ	(SEQ ID NO : 73)			819

FIGURA 38

ENISSLLREL	YAKPLSERHV	ESDGLIFDPA	QITSRTARGV	AVPHGNHYHF	50
IPYEQMSELE	KRIARIIPLR	YRSNHVWVDS	RPEQSPSQST	PEPSPSLQPA	100
PNPQPAPSNP	IDKLVKEAV	RKVG DG YVFE	ENGVSRYIPA	KDLSAETAAG	150
IDSKLAKQES	LSHKLGAKKT	DLPSSDREFY	NKAYDLLARI	HQDLLDNKGR	200
QVDFEVLN	LERLKDVSSD	KVKLVDDILA	FLAPIRHPER	LGKPNQAQITY	250
TDDEIQVAK	AGKYTTEDGY	IFDPRDITS	EGDAYVTPHM	THSHWIKKDS	300
LSEAERAAAQ	AYAKEKGLTP	PSTDHQDSGN	TEAKGAEAIY	NRVKAACKVP	350
LDRMPYNLQY	TVEVKNGSLI	IIPHYDHYHNI	KFEWFDEGLY	EAPKGYSLED	400
LLATVKYYVE	HPNERPHSDN	GFGNASDHVR	KNKADQDSKP	DEDKEHDEVS	450
EPHTHPESDEK	ENHAGLNPSA	DNLYKPSTD	EETEEEAEDT	TDEAEIPQVE	500
NSVINAKIAD	AEALLEKVT	PSIRQNAME	LTGLKSSLLL	GTKDNNTISA	550
EVDSLLALLK	ESQPAPIQ	(SEQ ID NO : 74)			568

10

FIGURA 39

VRKNKADQDS	KPDEDKEHDE	VSEPTHPESD	EKENHAGLNP	SADNLYKPST	50
DTEETEEAE	DTTDEAEIPQ	VENSVINAKI	ADAEALLEKV	TDPSIRQNAM	100
ETLTGLKSSL	LLGTKDNNTI	SAEVDSSLAL	LKESQPAPIQ		140

(SEQ ID NO : 75)

FIGURA 40

GACTTGACAG	AAGAGCAAAT	TAAGGCTGCG	CAAAAACATT	TAGAGGAAGT	50
TAAACTAGT	CATAATGGAT	TAGATTCTTT	GTCATCTCAT	GAACAGGATT	100
ATCCAGGTAA	TGCCAAAGAA	ATGAAAGATT	TAGATAAAAA	AATCGAAGAA	150
AAAATTGCTG	GCATTATGAA	ACAATATGGT	GTCAAACGTG	AAAGTATTGT	200
CGTGAATAAA	GAAAAAAATG	CGATTATTTA	TCCGCATGGA	GATCACCATC	250
ATGCAGATCC	GATTGATGAA	CATAAACCGG	TTGGAATTGG	TCATTCTCAC	300
AGTAACTATG	AACTGTTTAA	ACCCGAAGAA	GGAGTTGCTA	AAAAAGAAGG	350
GAATAAAGTT	TATACTGGAG	AAGAATTAAC	GAATGTTGTT	AATTTGTTAA	400
AAAATAGTAC	GTTTAATAAT	CAAACTTTA	CTCTAGCCAA	TGGTCAAAAA	450
CGCGTTTCTT	TTAGTTTTC	GCCTGAATTG	GAGAAAAAAT	TAGGTATCAA	500
TATGCTAGTA	AAATTAATAA	CACCAGATGG	AAAAGTATTG	GAGAAAGTAT	550
CTGGTAAAGT	ATTTGGAGAA	GGAGTAGGGA	ATATTGCAAA	CTTTGAATTA	600
GATCAACCTT	ATTTACCAGG	ACAAACATTT	AAGTATACTA	TCGCTTCAAA	650
AGATTATCCA	GAAGTAAGTT	ATGATGGTAC	ATTTACAGTT	CCAACCTCTT	700
TAGCTTACAA	AATGGCCAGT	CAAACGATTT	TCTATCCTTT	CCATGCAGGG	750
GATACTTATT	TAAGAGTGAA	CCCTCAATTT	GCAGTGCCTA	AAGGAAGTGA	800
TGCTTTAGTC	AGAGTGTTTG	ATGAATTTCA	TGGAAATGCT	TATTTAGAAA	850
ATAACTATAA	AGTTGGTGAA	ATCAAATTAC	CGATTCCGAA	ATTAAACCAA	900
GGAACAACCA	GAACGGCCGG	AAATAAAATT	CCTGTAACCT	TCATGGCAAA	950
TGCTTATTTG	GACAAATCAAT	CGACTTATAT	TGTGGAAGTA	CCTATCTTGG	1000
AAAAAGAAAA	TCAAACGTAT	AAACCAAGTA	TTCTACCACA	ATTTAAAGAG	1050
AATAAAGCAC	AAGAAAACCT	AAAACCTGAT	GAAAAGGTAG	AAGAACCAAA	1100
GACTAGTGAG	AAGGTAGAAA	AAGAAAAACT	TTCTGAAACT	GGGAATAGTA	1150
CTAGTAATTC	AACGTTAGAA	GAAGTTCCTA	CAGTGGATCC	TGTACAAGAA	1200
AAAGTAGCAA	AATTTGCTGA	AAGTTATGGG	ATGAAGCTAG	AAAATGTCTT	1250
GTTTAATATG	GACGGAACAA	TTGAATTATA	TTTACCATCA	GGAGAAGTCA	1300
TTAAAAAGAA	TATGGCAGAT	TTTACAGGAG	AAGCACCTCA	AGGAAATGGT	1350
GAAAATAAAC	CATCTGAAAA	TGGAAAAGTA	TCTACTGGAA	CAGTTGAGAA	1400
CCAACCAACA	GAAAATAAAC	CAGCAGATTC	TTTACCAGAG	GCACCAACG	1450
AAAAACCTGT	AAAACCAGAA	AACTCAACGG	ATAATGGAAT	GTTGAATCCA	1500
GAAGGGAATG	TGGGGAGTGA	CCCTATGTTA	GATCCAGCAT	TAGAGGAAGC	1550
TCCAGCAGTA	GATCCTGTAC	AAGAAAAATT	AGAAAAATTT	ACAGCTAGTT	1600
ACGGATTAGG	CTTAGATAGT	GTTATATTCA	ATATGGATGG	AACGATTGAA	1650
TTAAGATTGC	CAAGTGGAGA	AGTGATAAAA	AAGAATTTAT	CTGATTTTCAT	1700
AGCGAAGCTT	CGTTATCGTT	CAAACCATTT	GGTACCAGAT	TCAAGACCAG	1750
AAGAACCAAG	TCCACAACCG	ACTCCAGAAC	CTAGTCCAAG	TCCGCAACCT	1800
GCACCAAACT	CTCAACCAAG	TCCAAGCAAT	CCAATTGATG	AGAAATTGGT	1850
CAAAGAAGCT	GTTTCGAAAAG	TAGGCGATGG	TTATGTCTTT	GAGGAGAATG	1900
GAGTTTCTCG	TTATATCCCA	GCCAAGAATC	TTTCAGCAGA	AACAGCAGCA	1950
GGCATTGATA	GCAAACTGGC	CAAGCAGGAA	AGTTTATCTC	ATAAGCTAGG	2000
AGCTAAGAAA	ACTGACCTCC	CATCTAGTGA	TCGAGAATTT	TACAATAAGG	2050
CTTATGAÇTT	ACTAGCAAGA	ATTCACCAAG	ATTTACTTGA	TAATAAAGGT	2100
CGACAAGTTG	ATTTTGAGGC	TTTGGATAAC	CTGTTGGAAC	GACTCAAGGA	2150
TGTCTCAAGT	GATAAAGTCA	AGTTAGTGGA	TGATATTCTT	GCCTTCTTAG	2200
CTCCGATTCTG	TCATCCAGAA	CGTTTAGGAA	AACCAAATGC	GCAAAATACC	2250
TCACTGATG	ATGAGATTCA	AGTAGCCAAG	TTGGCAGGCA	AGTACACAAC	2300
AGAAGACGGT	TATATCTTTG	ATCCTCGTGA	TATAACCAGT	GATGAGGGGG	2350
ATGCCTATGT	AACTCCACAT	ATGACCCATA	GCCACTGGAT	TAAAAAAGAT	2400

AGTTTGTCTG	AAGCTGAGAG	AGCGGCAGCC	CAGGCTTATG	CTAAAGAGAA	2450
AGGTTTGACC	CCTCCTTCGA	CAGACCATCA	GGATTCAGGA	AATACTGAGG	2500
CAAAAGGAGC	AGAAGCTATC	TACAACCGCG	TGAAAGCAGC	TAAGAAGGTG	2550
CCACTTGATC	GTATGCCTTA	CAATCTTCAA	TATACTGTAG	AAGTCAAAAA	2600
CGGTAGTTTA	ATCATACCTC	ATTATGACCA	TTACCATAAC	ATCAAATTTG	2650
AGTGGTTTGA	CGAAGGCCTT	TATGAGGCAC	CTAAGGGGTA	TACTCTTGAG	2700
GATCTTTTGG	CGACTGTCAA	GTACTATGTC	GAACATCCAA	ACGAACGTCC	2750
GCATTCAGAT	AATGGTTTTG	GTAACGCTAG	CGACCATGTT	CAAAGAAACA	2800
AAAATGGTCA	AGCTGATACC	AATCAAACGG	AAAAACCAAG	CGAGGAGAAA	2850
CCTCAGACAG	AAAAACCTGA	GGAAGAAACC	CCTCGAGAAG	AGAAACCACA	2900
AAGCGAGAAA	CCAGAGTCTC	CAAAACCAAC	AGAGGAACCA	GAAGAAGAAT	2950
CACCAGAGGA	ATCAGAAGAA	CCTCAGGTCG	AGACTGAAAA	GGTTGAAGAA	3000
AAACTGAGAG	AGGCTGAAGA	TTTACTTGGA	AAAATCCAGG	ATCCAATTAT	3050
CAAGTCCAAT	GCCAAAGAGA	CTCTCACAGG	ATTAAAAAAT	AATTTACTAT	3100
TTGGCACCCA	GGACAACAAT	ACTATTATGG	CAGAAGCTGA	AAAAC TATTG	3150
GCTTTATTAA	AGGAGAGTAA	G	(SEQ ID NO : 76)		3171

FIGURA 41

EAYWNGKQGS	RPSSSSSYNA	NPVQPRLSN	HNLTVTPTYH	QNQGENISSL	50
LRELYAKPLS	ERHVESDGLI	FDPAQITSRT	ARGVAVPHGN	HYHFIPYEQM	100
SELEKRIARI	IPLRYRSNHW	VPDSRPEQPS	POSTPEPSPS	LQPAPNPQPA	150
PSNPIDEKLV	KEAVRKVG DG	YVFEENG VSR	YIPAKDLSAE	TAAGIDSKLA	200
KQESLSHKL G	AKKTDLPSSD	REFYNKAYDL	LARIHQDLLD	NKGRQVDFEV	250
LDNLLERLKD	VSSDKVKLVD	DILAFLAPIR	HPERLGKPNA	QITYTDDEIQ	300
VAKLAGKYTT	EDGYIFDPRD	ITSDEGDAYV	TPHMTSHSWI	KKDSLSEAE R	350
AAAQAYAKEK	GLTPPSTDHQ	DSGNTEAKGA	EAIYNRVKAA	KKVPLDRMPY	400
NLQYTVEVK N	GSLIIPHYDH	YHNIKFEWFD	EGLYEAPKGY	SLEDLLATVK	450
YYVEHPNERP	HSDNGFGNAS	DHV	(SEQ ID NO : 77)		473

FIGURA 42

CAYALNQHRS	QENKDNNRVS	YVDGSQSSQK	SENLTDPQVS	QKEGIAEQI	50
VIKITDQGYV	TSHGDHYHY	NGKVPYDALF	SEELLMKDPN	YQLKDADIVN	100
EVKGGYIIKV	DGKYVYVLKD	AAHADNVRTK	DEINRQKQEH	VKDNEKVNSN	150
VAVARSQGRY	TTNDGYVFNP	ADI IEDTGNA	YIVPHGGHYH	YIPKSDLAS	200
ELAAAKAHLA	GKNMQPSQLS	YSSTASDNNT	QSVAKGSTSK	PANKSENLOS	250
LLKELYDSPS	AQRYSESDGL	VFDPAKIISR	TPNGVAIPHG	DHYHFIPYSK	300
LSALEEKIAR	MVPISGTGST	VSTNAKPNEV	VSSLGSLSSN	PSSLTTSKEL	350
SSASDGYIFN	PKDIVEETAT	AYIVRHGDHF	HYIPKSNQIG	QPTLPNNSLA	400
TPSPSLPINP	GTSHEKHEED	GYGFDANRII	AEDESGFVMS	HGDHNHYFFK	450
KDLTEEQIKA	AQKHLEEVKT	SHNGLDSLSS	HEQDYPGNAK	EMKDLDKKIE	500
EKIAGIMKQY	GVKRESIVVN	KEKNAIIPYH	GDHHHADPID	EHKPVGIGHS	550
HSNYELFKPE	EGVAKKEGNK	VYTGEELTNV	VNLLKNSTFN	NQNFTLANGQ	600
KRVSFSPPE	LEKKLGINML	VKLITPDGKV	LEKVSGKVFG	EGVGNIANFE	650
LDQPYLPGQT	FKYTIASKDY	PEVSYDGTFT	VPTSLAYKMA	SQTIFYPFHA	700
GDTYLRVNPQ	FAVPKGTDAL	VRVFDEFHGN	AYLENNYKVG	EIKLPIPKLN	750
QGTTRTAGNK	IPVTFMANAY	LDNQSTYIVE	(SEQ ID NO : 78)		780

FIGURA 43

CAYELGLHQA	QTVKENNRVS	YIDGKQATQK	TENLTPDEVS	KREGINAEQI	50
VIKITDQGYV	TSHGDHYHY	NGKVPYDAII	SEELLMKDPN	YQLKDSDIVN	100
EIKGGYVIKV	NGKYVYVLKD	AAHADNVRTK	EEINRQKQEH	SQHREGGTSA	150
NDGAVAFARS	QGRYTDDGY	IFNASDIIED	TGDAYIVPHG	DHYHYIPKNE	200
LSASELAAAE	AFLSGRENLS	NLRTYRRQNS	DNTPRTNWVP	SVSNPGTTNT	250
NTSNNSTNS	QASQNDIDS	LLKQLYKLPL	SQRHVESDGL	IFDPAQITSR	300
TARGVAVPHG	NHYHFIPYEQ	MSELEKRIAR	IIPLRYSNH	WVPDSRPEEP	350
SPQPTPEPSP	SPQPAPNPQP	APSNPIDEKL	VKEAVRKVGD	GYVFEENGVS	400
RYIPAKNLSA	ETAAGIDSKL	AKQESLSHKL	GAKKTDLPSS	DREFYNKAYD	450
LLARIHQDLL	DNKGRQVDFE	ALDNLLERLK	DVSSDKVKLV	DDILAFLAPI	500
RHPERLGKPN	AQITYTDDEI	QVAKLAGKYT	TEDGYIFDPR	DITSDEGDAY	550
VTPHMTSHSW	IKKDSLSEAE	RAAAQAYAKE	KGLTPPSTDH	QDSGNTAEAKG	600
AEAIYNRVKA	AKKVPLDRMP	YNLQYTVEVK	NGSLIIPHYD	HYHNIKFEWF	650
DEGLYEAPKG	YTLEDLLATV	KYYVEHPNER	PHSDNGFGNA		690
(SEQ ID NO : 79)					

FIGURA 44

GTGAAGAAAA	CATATGGTTA	TATCGGCTCA	GTTGCTGCCA	TTTTACTAGC	TACTCATATT	60
GGAAGTTACC	AACTTGGTAA	GCATCATATG	GGTCTAGCAA	CAAAGGACAA	TCAGATTGCC	120
TATATTGATG	ACAGCAAAGG	TAAGGCAAAA	GCCCCTAAAA	CAAACAAAAC	GATGGATCAA	180
ATCAGTGTCTG	AAGAAGGCAT	CTCTGCTGAA	CAGATCGTAG	TCAAAATTAC	TGACCAAGGC	240
TATGTGACCT	CACACGGTGA	CCATTATCAT	TTTTACAATG	GGAAAGTTCC	TTATGATGCG	300
ATTATTAGTG	AAGAGTTGTT	GATGACGGAT	CCTAATTACC	GTTTTAAACA	ATCAGACGTT	360
ATCAATGAAA	TCTTAGACGG	TTACGTTATT	AAAGTCAATG	GCAACTATTA	TGTTTACCTC	420
AAGCCAGGTA	GTAAGCGCAA	AAACATTTCGA	ACCAAACAAC	AAATTGCTGA	GCAAGTAGCC	480
AAAGGAACTA	AAGAAGCTAA	AGAAAAAGGT	TTAGCTCAAG	TGGCCCATCT	CAGTAAAGAA	540
GAAGTTGCGG	CAGTCAATGA	AGCAAAAAGA	CAAGGACGCT	ATACTACAGA	CGATGGCTAT	600
ATTTTTAGTC	CGACAGATAT	CATTGATGAT	TTAGGAGATG	CTTATTTAGT	ACCTCATGGT	660
AATCACTATC	ATTATATTCC	TAAAAAGGAT	TTGTCTCCAA	GTGAGCTAGC	TGCTGCACAA	720
GCCTACTGGA	GTCAAAAACA	AGGTCGAGGT	GCTAGACCGT	CTGATTACCG	CCCGACACCA	780
GCCCCAGGTC	GTAGGAAAGC	CCCAATTCCCT	GATGTGACGC	CTAACCCTGG	ACAAGGTCAT	840
CAGCCAGATA	ACGGTGGCTA	TCATCCAGCG	CCTCCTAGGC	CAAATGATGC	GTCACAAAAC	900
AAACACCAAA	GAGATGAGTT	TAAAGGAAAA	ACCTTTAAGG	AACTTTTAGA	TCAACTACAC	960
CGTCTTGATT	TGAAATACCG	TCATGTGGAA	GAAGATGGGT	TGATTTTTGA	ACCGACTCAA	1020
GTGATCAAA	CAACCGCTTT	TGGGTATGTG	GTGCCTCATG	GAGATCATT	TCATATTATC	1080
CCAAGAAGTC	AGTTATCACC	TCTTGAAATG	GAATTAGCAG	ATCGATACTT	AGCTGGCCAA	1140
ACTGAGGACA	ATGACTCAGG	TTGAGAGCAC	TCAAAACCAT	CAGATAAAGA	AGTGACACAT	1200
ACCTTTCCTG	GTCATCGCAT	CAAAGCTTAC	GGAAAAGGCT	TAGATGGTAA	ACCATATGAT	1260
ACGAGTGATG	CTTATGTTTT	TAGTAAAGAA	TCCATTTCAT	CAGTGGATAA	ATCAGGAGTT	1320
ACAGCTAAAC	ACGGAGATCA	TTTCCACTAT	ATAGGATTTG	GAGAACTTGA	ACAATATGAG	1380
TTGGATGAGG	TCGCTAACTG	GGTGAAAGCA	AAAGGTCAAG	CTGATGAGCT	TGCTGCTGCT	1440
TTGGATCAGG	AACAAGGCAA	AGAAAAACCA	CTCTTTGACA	CTAAAAAAGT	GAGTCGCAAA	1500
GTAACAAAAG	ATGGTAAAGT	GGGCTATATG	ATGCCAAAAG	ATGGTAAGGA	CTATTTCTAT	1560
GCTCGTGATC	AACTTGATTT	GACTCAGATT	GCCTTTGCCG	AACAAGAACT	AATGCTTAAA	1620
GATAAGAAGC	ATTACCGTTA	TGACATTGTT	GACACAGGTA	TTGAGCCACG	ACTTGCTGTA	1680
GATGTGTCAA	GTCTGCCGAT	GCATGCTGGT	AATGCTACTT	ACGATACTGG	AAGTTCGTTT	1740
GTTATCCAC	ATATTGATCA	TATCCATGTC	GTTCCGTATT	CATGGTTGAC	GCGCGATCAG	1800
ATTGCAACAG	TCAAGTATGT	GATGCAACAC	CCCGAAGTTC	GTCCGGATGT	ATGGTCTAAG	1860
CCAGGGCATG	AAGAGTCAGG	TTCGGTCATT	CCAAATGTGA	CGCCTCTTGA	TAAACGTGCT	1920
GGTATGCCAA	ACTGGCAAA	TATCCATTCT	GCTGAAGAAG	TTCAAAAAGC	CCTAGCAGAA	1980
GGTCGTTTTG	CAACACCAGA	CGGCTATATT	TTCGATCCAC	GAGATGTTTT	GGCCAAAGAA	2040
ACTTTTGTAT	GGAAAGATGG	CTCCTTTAGC	ATCCCAAGAG	CAGATGGCAG	TTCATTGAGA	2100
ACCATTAATA	AATCTGATCT	ATCCCAAGCT	GAGTGGCAAC	AAGCTCAAGA	GTTATTGGCA	2160
AAGAAAAATA	CTGGTGATGC	TACTGATACG	GATAAACCCA	AAGAAAAAGCA	ACAGGCAGAT	2220
AAGAGCAATG	AAAACCAACA	GCCAAGTGAA	GCCAGTAAAG	AAGAAAAAGA	ATCAGATGAC	2280
TTTATAGACA	GTTTACCAGA	CTATGGTCTA	GATAGAGCAA	CCCTAGAAGA	TCATATCAAT	2340
CAATTAGCAC	AAAAAGCTAA	TATCGATCCT	AAGTATCTCA	TTTTCCAACC	AGAAGGTGTC	2400
CAATTTTATA	ATAAAAATGG	TGAATTGGTA	ACTTATGATA	TCAAGACACT	TCAACAAATA	2460
AACCCTTAA	(SEQ ID NO : 80)					2469

FIGURA 45

VKKTYGYIGS	VAAILLATHI	GSYQLGKHHM	GLATKDNQIA	YIDDSKGKAK	50
APKTNKTMDO	ISAEEGISAE	QIVVKITDQG	YVTSHGDHYH	FYNGKVPYDA	100
IISEELLMTD	PNYRFKQSDV	INEILDGYVI	KVNGNYYVYL	KPGSKRKNIR	150
TKQQIAEQVA	KGTKEAKEKG	LAQVAHLSKE	EVAAVNEAKR	QGRYTTDDGY	200
IFSPTDIIDD	LGDAYLVPHG	NHYHYIPKID	LSPSELAAAQ	AYWSQKQGRG	250
ARPSDYRPTP	APGRRKAPIP	DVTPNPGQGH	QPDNGGYHPA	PPRPNDASQN	300
KHQRDEFKKG	TFKELLDQLH	RLDLKYRHVE	EDGLIFEPTQ	VIKSNAFGYV	350
VPHGDHYHII	PRSQLSPLEM	ELADRYLAGQ	TEDNDSGSEH	SKPSDKEVTH	400
TFLGHRIKAY	GKGLDGKPYD	TSDAYVFSKE	SIHSVDKSGV	TAKHGDHFHY	450
IGFGELEQYE	LDEVANWVKA	KGQADELAAA	LDQEQGKEKP	LFDTKKVSRK	500
VTKDGGKVGYM	MPKDGKDYFY	ARDQLDLTQI	AFAEQELMLK	DKKHRYRYDIV	550
DTGIEPRLAV	DVSSLPMHAG	NATYDTGSSF	VIPHIDHIHV	VPYSWLTRDQ	600
IATVKYVMQH	PEVRPDVWSK	PGHEESGSVI	PNVTPLDKRA	GMPNWQIIHS	650
AEEVQKALAE	GRFATPDGYI	FDPRDVLAKE	TFVWKDGSFS	IPRADGSSLR	700
TINKSDLSQA	EWQQAQELLA	KKNTGDATDT	DKPKEKQQAD	KSNENQQPSE	750
ASKEEKESDD	FIDSLPDYGL	DRATLEDHIN	QLAQKANIDP	KYLIFQPEGV	800
QFYNKNGELV	TYDIKTLQOI	NPP	(SEQ ID NO : 81)		823

FIGURA 46



GTGAAGAAAA	CATATGGTTA	TATCGGCTCA	GTTGCTGCCA	TTTTACTAGC	TACTCATATT	60
GGAAGTTACC	AACCTGGTAA	GCATCATATG	GGTCTAGCAA	CAAAGGACAA	TCAGATTGCC	120
TATATTGATG	ATAGCAAAGG	TAAGGCAAAA	GCCCCTAAAA	CAAACAAAAC	GATGGATCAA	180
ATCAGTGCTG	AAGAAGGCAT	CTCTGCTGAA	CAGATCGTAG	TCAAAATTAC	TGACCAAGGT	240
TATGTGACCT	CACACGGTGA	CCATTATCAT	TTTTACAATG	GGAAAGTTCC	TTATGATGCG	300
ATTATTAGTG	AAGAGTTGTT	GATGACGGAT	CCTAATTACC	ATTTTAAACA	ATCAGACGTT	360
ATCAATGAAA	TCTTAGACGG	TTACGTTATT	AAAGTCAATG	GCAACTATTA	TGTTTACCTC	420
AAGCCAGGTA	GTAAGCGCAA	AAACATTCTG	ACCAAACAAC	AAATTGCTGA	GCAAGTAGCC	480
AAAGGAACTA	AAGAAGCTAA	AGAAAAAGGT	TTAGCTCAAG	TGGCCCATCT	CAGTAAAGAA	540
GAAGTTGCGG	CAGTCAATGA	AGCAAAAAGA	CAAGGACGCT	ATACTACAGA	CGATGGCTAT	600
ATTTTTAGTC	CGACAGATAT	CATTGATGAT	TTAGGAGACG	CTTATTTAGT	ACCTCATGGT	660
AATCACTATC	ATTATATTCC	TAAAAAAGAT	TTGTCTCCAA	GTGAGCTAGC	TGCTGCACAA	720
GCTTACTGGA	GTCAAAAACA	AGGTCGAGGT	GCTAGACCGT	CTGATTACCG	CCCGACACCA	780
GCCCCAGGTC	GTAGGAAAGC	TCCAATTCCCT	GATGTGACGC	CTAACCTTGG	ACAAGTTCAT	840
CAGCCAGATA	ACGGTGCGTA	TCATCCAGCG	CCTCCTAGGC	CAAATGATGC	GTCACAAAAC	900
AAACACCAAA	GAGATGAGTT	TAAAGGAAAA	ACCTTTAAGG	AACCTTTAGA	TCAACTACAC	960
CGTCTTGATT	TGAAATACCG	TCATGTGGAA	GAAGATGGGT	TGATTTTGA	ACCGACTCAA	1020
GTGATCAAAT	CAAACGCTTT	TGGGTATGTG	GTGCCTCATG	GAGATCATT	TCATATTATC	1080
CCAAGAAGTC	AGTTATCACC	TCTTGAAATG	GAATTAGCAG	ATCGATACTT	AGCCGGTCAA	1140
ACTGAGGACA	ATGATTTCAGG	TTCAGATCAC	TCAAAACCAT	CAGATAAAGA	AGTGACACAT	1200
ACCTTTCTTG	GTCATCGCAT	CAAAGCTTAC	GGAAAAGGCT	TAGATGGTAA	ACCATATGAT	1260
ACGAGTGATG	CTTATGTTTT	TAGTAAAGAA	TCCATTTCAT	CAGTGGATAA	ATCAGGAGTT	1320
ACAGCTAAAC	ACGGAGATCA	TTTCCACTAT	ATAGGATTTG	GAGAACTTGA	ACAATATGAG	1380
TTGGATGAGG	TCGCTAACTG	GGTGAAAGCA	AAAGGTCAAG	CTGATGAGCT	TGCTGCTGCT	1440
TTGGATCAGG	AACAAGGCAA	AGAAAAACCA	CTCTTTGACA	CTAAAAAAGT	GAGTCGCAAA	1500
GTAACAAAAG	ATGGTAAAGT	GGGCTATATT	ATGCCAAAAG	ATGGCAAGGA	CTATTTCTAT	1560
GCTCGTGATC	AACCTTGATTT	GACTCAGATT	GCCTTTGCCG	AACAAGAAGT	AATGCTTAAA	1620
GATAAGAACC	ATTACCGTTA	TGACATTGTT	GACACAGGTA	TTGAGCCACG	ACTTGCTGTA	1680
GATGTGTCAA	GTCTGCCGAT	GCATGCTGGT	AATGCTACTT	ACGATACTGG	AAGTTCGTTT	1740
GTTATCCCTC	ATATTGATCA	TATCCATGTC	GTTCCGTATT	CATGGTTGAC	GCGCGATCAG	1800
ATTGCAACAA	TCAAGTATGT	GATGCAACAC	CCCGAAGTTC	GTCCAGATGT	ATGGTCTAAG	1860
CCAGGGCATG	AAGAGTCAGG	TTCGGTCATT	CCAAATGTGA	CGCCTCTTGA	TAAACGTGCT	1920
GGTATGCCAA	ATTGGCAAAT	CATCCATTCT	GCTGAAGAAG	TTCAAAAAGC	CCTAGCAGAA	1980
GGTCGTTTTG	CAACACCAGA	CGGCTATATT	TTCGATCCAC	GAGATGTTTT	GGCCAAAGAA	2040
ACTTTTGTAT	GGAAAGATGG	CTCCTTTAGC	ATCCCAAGAG	CAGATGGCAG	TTTATTGAGA	2100
ACCATTAATA	AATCTGATCT	ATCCCAAGCT	GAGTGGCAAC	AAGCTCAAGA	GTTATTGGCA	2160
AAGAAAAACG	CTGGTGATGC	TACTGATACG	GATAAACCCA	AAGAAAAGCA	ACAGGCAGAT	2220
AAGAGCAATG	AAAACCAACA	GCCAAGTGAA	GCCAGTAAAG	AAGAAGAAAA	AGAATCAGAT	2280
GACTTTATAG	ACAGTTTACC	AGACTATGGT	CTAGATAGAG	CAACCCTAGA	AGATCATATC	2340
AATCAATTAG	CACAAAAAGC	TAATATCGAT	CCTAAGTATC	TCATTTTCCA	ACCAGAAGGT	2400
GTCCAATTTT	ATAATAAAAA	TGGTGAATTA	GTAACTTATG	ATATCAAGAC	GCTTCAACAA	2460
ATAAACCTTT	AA (SEQ ID NO : 82)					2472

FIGURA 47

VKKTYGYIGS	VAAILLATHI	GSYQLGKHHM	GLATKDNQIA	YIDDSK GKAK	50
APKTNKTMDQ	ISAEEGISAE	QIVVKITDQG	YVTSHGDHYH	FYNGKV PYDA	100
IISEELLMTD	PNYHFKQSDV	INEILDGYVI	KVNGNYVYVL	KPGSKRKNIR	150
TKQQIAEQVA	KGTKEAKEKG	LAQVAHLSKE	EVAAVNEAKR	QGRTTDDGY	200
IFSPTDIIDD	LGDAYLVPHG	NHYHYIPK KD	LSPSELAAAQ	AYWSQKQGRG	250
ARPSDYRPTP	APGRRKAPIP	DVTPNPGQGH	QPDNGGYHPA	PPRPNDASQN	300
KHQRDEFK GK	TFKELLDQLH	RLDLKYRHVE	EDGLIFEPTQ	VIKSNAFGYV	350
VPHGHDYHII	PRSQLSPLEM	ELADRYLAGQ	TEDNDSGSDH	SKPSDKEVTH	400
TFLGHRIKAY	GKGLDGKPYD	TSDAYVFSKE	SIHSVDKSGV	TAKHGDH FHY	450
IGFGELEQYE	LDEVANWVKA	KGQADELAAA	LDQEQQKEKP	LFDTKKVS RK	500
VTKDGVGYI	MPKDGKDYFY	ARDQLDLTQI	AFAEQELMLK	DKNHYRYDIV	550
DTGIEPRLAV	DVSSLPMHAG	NATYDTGSSF	VIPHIDHIHV	VPYSWLTRDQ	600
IATIKYVMQH	PEVRPDVWSK	PGHEESG SVI	PNVTPLDKRA	GMPNWKI IHS	650
AEVQKALAE	GRFATPDGYI	FDPRDVLAK E	TFVWKDGSFS	IPRADGSSLR	700
TINKSDLSQA	EWQQAQELLA	KKNAGDATDT	DKPKEKQQAD	KSNENQQPSE	750
ASKEEEKESD	DFIDSLPDYG	LDRATLEDHI	NQLAQKANID	PKYLIFQPEG	800
VQFYNKNGEL	VTYDIKTLQQ	INPP	(SEQ ID NO : 83)		824

FIGURA 48