



(19)대한민국특허청(KR)
(12) 공개특허공보(A)

(51) 。 Int. Cl. (11) 공개번호 10-2007-0011622
C12N 1/21 (2006.01) (43) 공개일자 2007년01월24일

(21) 출원번호	10-2006-7027580(분할)		
(22) 출원일자	2006년12월28일		
심사청구일자	없음		
번역문 제출일자	2006년12월28일		
(62) 원출원	특허10-2006-7025082		
	원출원일자 : 2006년11월29일	심사청구일자	2006년12월28일
(86) 국제출원번호	PCT/US2000/009218	(87) 국제공개번호	WO 2000/61724
국제출원일자	2000년04월06일	국제공개일자	2000년10월19일

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

(71) 출원인
파마시아 앤드 업존 캄파니 엘엘씨
미국 미시간주 칼라마주

(72) 발명자
로우어리, 데이비드, 이.
미국 49024 미시간주 포티지 우드랜드 드라이브 1207
풀러, 트로이, 이.
미국 49014 미시간주 배틀 크릭 드럼필드 드라이브 111
케네디, 마이클, 제이.
미국 49024 미시간주 포티지 퀸시 애비뉴 2364

(74) 대리인
주성민
김영

전체 청구항 수 : 총 31 항

(54) 항균성 백신 조성물

(57) 요약

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

특허청구의 범위

청구항 1.

서열 19에 기재된 뉴클레오티드 서열을 갖는 *pfhaC* 유전자, 또는 그의 중 동족체의 오픈 리딩 프레임(open reading frame) 또는 조절 DNA 서열을 손상시켜(disrupt) 세균의 독성을 감소시키고 약화시키는 돌연변이를 포함하는 독성약화 파스테우렐라세아 (*Pasteurellaceae*) 세균.

청구항 2.

제1항에 있어서, 상기 돌연변이의 결과로써 돌연변이된 유전자에 의해 코딩되는 유전자 산물의 발현이 감소되고, 상기 유전자 발현의 감소가 세균을 약화시키는 독성약화 파스테우렐라세아 세균.

청구항 3.

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

청구항 4.

제1항에 있어서, 상기 돌연변이의 결과로써 *pfhaC* 유전자의 전부 또는 일부가 결실되는 것인 독성약화 파스테우렐라세아 세균.

청구항 5.

제1항에 있어서, 상기 돌연변이의 결과로써 상기 유전자의 약 10% 이상이 결실되는 것인 독성약화 파스테우렐라세아 세균.

청구항 6.

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

청구항 7.

제1항 내지 제6항 중 어느 한 항에 있어서, 파스테우렐라 헤몰리티카(*Pasteurella haemolytica*), 파스테우렐라 멀토시다(*Pasteurella multocida*), 악티노바실러스 플레우로뉴모니아(*Actinobacillus pleuropneumoniae*) 및 헤모필러스 솜너스(*Haemophilus somnus*)로 이루어진 군으로부터 선택되는 것인 독성약화 파스테우렐라세아 세균.

청구항 8.

제7항에 있어서, 파스테우렐라 멀토시다(*Pasteurella multocida*)인 독성약화 파스테우렐라세아 세균.

청구항 9.

제7항에 따른 세균을 포함하는 면역원성 조성물.

청구항 10.

제9항의 면역원성 조성물 및 제약상 허용되는 담체를 포함하는 백신 조성물.

청구항 11.

제10항에 있어서, 면역보강제를 더 포함하는 백신 조성물.

청구항 12.

제1항 내지 제6항 중 어느 한 항에 따른 세균을 포함하는 면역원성 조성물.

청구항 13.

제12항의 면역원성 조성물 및 제약상 허용되는 담체를 포함하는 백신 조성물.

청구항 14.

제13항에 있어서, 면역보강제를 더 포함하는 백신 조성물.

청구항 15.

서열 19에 기재된 뉴클레오티드 서열을 갖는 *pfhaC* 유전자, 또는 그의 종 동족체의 오픈 리딩 프레임 또는 조절 DNA 서열을 손상시켜 세균의 독성을 감소시키고 약화시키는 돌연변이를 도입하는 단계를 포함하는 독성약화 그람 음성 세균의 제조 방법.

청구항 16.

서열 19에 기재된 뉴클레오티드 서열을 갖는, 정제 및 단리된 파스테우렐라세아 폴리뉴클레오티드 또는 그의 종 동족체.

청구항 17.

a) 제16항의 폴리뉴클레오티드, 및

b) 폴리뉴클레오티드 (a)에 의해 코딩되는 폴리펩티드를 코딩하는 폴리뉴클레오티드

로 이루어진 군으로부터 선택되며, 파스테우렐라세아의 독성 유전자 산물을 코딩하는, 정제 및 단리된 폴리뉴클레오티드 또는 그의 종 동족체.

청구항 18.

서열 20에 기재된 아미노산 서열을 갖는 폴리펩티드를 코딩하는, 정제 및 단리된 파스테우렐라세아 폴리뉴클레오티드 또는 그의 중 동족체.

청구항 19.

제18항에 있어서, DNA인 폴리뉴클레오티드.

청구항 20.

제19항의 DNA를 포함하는 벡터.

청구항 21.

제20항에 있어서, 상기 DNA가 발현 조절 DNA 서열에 작동가능하게 연결된 발현 벡터인 벡터.

청구항 22.

코딩된 폴리펩티드가 숙주 세포 내에서 발현되도록 제19항의 DNA가 안정하게 형질전환 또는 형질감염된 비인간 숙주 세포.

청구항 23.

영양 배지에서 제22항의 숙주 세포를 배양하고, 상기 숙주 세포 또는 상기 영양 배지로부터 코딩된 폴리펩티드를 단리하는 것을 포함하는 재조합 폴리펩티드의 제조 방법.

청구항 24.

서열 20에 기재된 아미노산 서열을 갖는 정제된 폴리펩티드 또는 그의 중 동족체.

청구항 25.

제24항의 폴리펩티드와 특이적으로 반응하는 단리된 항체.

청구항 26.

제25항에 있어서, 모노클로날 항체인 항체.

청구항 27.

세균 추출물을 제26항의 모노클로날 항체와 접촉시키고 상기 모노클로날 항체가 결합하는지 또는 결합하지 않는지를 검출하는 단계를 포함하는,

제26항의 모노클로날 항체를 이용하여 제1항의 세균을 확인하는 방법.

청구항 28.

세균 추출물을 제26항의 모노클로날 항체와 접촉시키고 상기 모노클로날 항체가 결합하는지 또는 결합하지 않는지를 검출하는 단계를 포함하는,

제26항의 모노클로날 항체를 이용하여 제7항의 세균을 확인하는 방법.

청구항 29.

서열 20에 기재된 아미노산 서열로 표시되는 *pfhaC* 유전자 산물 또는 그의 중 동족체의 발현 또는 활성을 방해하는 능력에 대해 잠재적 약제를 분석하고, 상기 유전자 산물의 발현 또는 생물학적 활성을 방해하는 약제를 확인하는 단계를 포함하는 항균제의 동정 방법.

청구항 30.

a) 서열 20에 기재된 아미노산 서열로 표시되는 *pfhaC* 유전자 산물 또는 그의 중 동족체의 발현 또는 활성을 측정하는 단계,

b) (a)의 유전자 산물을 시험 화합물과 접촉시키는 단계,

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

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

를 포함하는 항균제의 동정 방법.

청구항 31.

코딩된 폴리펩티드가 숙주 세포 내에서 발현되도록 제19항의 DNA가 안정하게 시험관내 형질전환 또는 형질감염된 숙주 세포.

명세서

발명의 상세한 설명

발명의 목적

발명이 속하는 기술 및 그 분야의 종래기술

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

파스테우렐라(*Pasteurella*)과에는 광범위한 동물을 감염시키는 여러가지 중요한 병원균이 포함된다. 피. 멀토시다(*P. multocida*) 이외에, 이 과의 주요 구성원으로는 파스테우렐라 헤몰리티카(*Pasteurella haemolytica*), 악티노바실러스 플

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

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

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

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

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

에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*)의 주요 RTX 독소로는 Apx I, Apx II 및 Apx III이 포함된다. Apx I 및 Apx II는 용혈 활성을 가지며, Apx I의 활성이 더 강력하다. Apx III은 용혈 활성을 갖지는 않지만, 폐포 대식세포 및 호중구에 대한 세포독성이 있다. 대부분의 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*) 혈청형은 상기 3가지 독소 중 2가지를 생산한다. 예를 들어, 혈청형 1, 5, 9 및 11은 Apx I 및 Apx II를 발현하고, 혈청형 2, 3, 4, 6 및 8은 Apx II 및

Ap_xⅢ을 발현한다. 그러나, 혈청형 10은 단지 Ap_xⅠ만을 생산하고, 혈청형 7 및 12는 단지 Ap_xⅡ만을 발현한다. Ap_xⅠ과 Ap_xⅡ를 모두 생산하는 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*) 혈청형이 이 세균 중 가장 독성이 강한 균주이다.

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

백신 조성물을 제조하려는 시도에서, 전통적인 전세포 사균은 특정 혈청형에만 특이적인 보호를 제공했지만[MacInnes 및 Smart의 상기 문헌], 독성이 높은 한 혈청형으로 자연 감염되면 여러가지 혈청형에 대해 강력한 보호적 면역성을 촉진할 수 있음이 입증되었다[Nielsen, Nord Vet Med. 31:407-13 (1979), Nielsen, Nord Vet Med. 36:221-234 (1984), Nielsen, Can J Vet Res. 29:580-582 (1988), Nielsen, ACTA Vet Scand. 15:80-89 (1994)]. Ap_xⅡ 독소의 불활성화 형태를 생산하는 특성화된 독성약화 생백신 균주가 돼지에서 교차 보호에 대한 장래성을 나타내는[Prideaux et al., Infection & Immunity 67:1962-1966 (1999)] 한편, 다른 특성화되지 않은 독성약화 생돌연변이체들도 또한 교차 보호에 대한 장래성을 나타냈다[Inzana et al., Infect Immun. 61:1682-6, (1993), Paltineanu et al., In International Pig Veterinary Society, 1992, p. 214, Utrera et al., In International Pig Veterinary Society, 1992, p. 213].

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

발명이 이루고자 하는 기술적 과제

<발명의 개요>

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

발명의 구성

본 발명의 한 측면은 서열 1, 3, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 29, 31, 33, 37, 39, 41, 51, 53, 55, 57, 58, 60, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 163 및 164 중 어느 하나, 또는 그의 중 동족체로 표시되는 유전자 서열에 기능적 돌연변이를 함유하는 그람 음성 세균 생물체를 제공하며, 여기서 돌연변이는 코딩되는 유전자 산물(즉, 유전자에 의해 코딩되는 폴리펩티드)의 발현 및(또는) 생물학적 활성을 억제 또는 제거하고, 상기 기능적 돌연변이는 세균 군주의 독성을 약화시킨다. 당업계에서 이해되는 바와 같이, 중 동족체에는 실질적인 폴리뉴클레오티드 서열 상동성을 갖고 동일하거나 유사한 생물학적 기능 및(또는) 특징을 갖는, 2종 이상의 상이한 종에서 발견되는 유전자가 포함된다. 바람직하게는, 중 동족체인 폴리뉴클레오티드 서열들이 실시예에 기재되는 중간 정도의 엄격 조건하에서 혼성화되고, 동일하거나 유사한 생물학적 활성 및(또는) 특징을 가질 것이다. 또다른 측면에서, 중 동족체인 폴리뉴클레오티드들은 약 60%가 넘는 서열 상동성, 약 70%가 넘는 서열 상동성, 약 80%가 넘는 서열 상동성, 약 90%가 넘는 서열 상동성 또는 약 95%가 넘는 서열 상동성을 공유할 것이다. 유전자 산물의 발현 및(또는) 생물학적 활성을 변화(즉, 증가 또는 감소)시키는 기능적 돌연변이로는 유전자 그 자체의 단백질 코딩 영역에서 삽입 또는 결실되는 것, 또는 유전자 발현의 조절을 담당하거나 이와 관련된 서열에서 삽입 또는 결실되는 것이 포함된다. 결실 돌연변이체에는 특정 유전자 서열의 전부 또는 일부가 결실된 것이 포함된다. 한 측면에서, 돌연변이의 결과 상기 유전자의 약 10% 이상, 약 20% 이상, 약 30% 이상, 약 40% 이상, 약 50% 이상, 약 60% 이상, 약 70% 이상, 약 80% 이상, 약 90% 이상, 약 95% 이상, 약 98% 이상 또는 약 99% 이상이 결실된다. 또다른 측면에서, 돌연변이의 결과 유전자에서 삽입이 발생하며, 여기서 삽입으로 인해 돌연변이 유전자에 의해 코딩되는 유전자 산물의 발현이 감소되고(거나) 돌연변이 유전자에 의해 코딩되는 불활성화 유전자 산물이 발현된다. 또한, 본 발명의 조성물, 바람직하게는 백신 조성물은 돌연변이화된 독성약화 그람 음성 세균 생물체를 포함하며, 임의로 적합한 면역보강제 및(또는) 제약상 허용되는 희석제 또는 담체를 포함할 수 있다. 변화된 군주가 백신 조성물에 효과적일도록 하기 위해서는, 병원체로부터의 심각한 임상적 증상의 발병을 예방하기에 충분하도록 독성약화 효과가 커야 하지만, 또한 숙주에서 세균의 복제 및 성장을 억제하기에 충분하도록 독성약화 효과가 작아야 한다.

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

또한, 본 발명은 본 발명의 폴리뉴클레오티드를 포함하는 발현 작제물을 포함한다. 본 발명의 폴리뉴클레오티드로 형질전환, 형질감염 또는 전기전공된 숙주 세포도 본 발명에 포함된다. 본 발명은 본 발명의 폴리뉴클레오티드에 의해 코딩되는

유전자 산물의 발현을 허용, 바람직하게는 촉진하는 조건하에서 본 발명의 숙주 세포를 배양하는 단계, 및 숙주 세포 또는 그의 배지로부터 유전자 산물을 분리하는 단계를 포함하는, 상기 폴리뉴클레오티드에 의해 코딩되는 폴리펩티드의 생산 방법을 제공한다.

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

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

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

발명의 효과

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

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

[발명의 상세한 설명]

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

본원에 사용되는 "시그너처 태그가 부착된 돌연변이 유발법(signature-tagged mutagenesis, STM)은 이 거명을 통해 본 명세서에 포함되는 국제 특허 공개 WO 96/17951호에 일반적으로 기재된 방법이며, 예를 들면 균혈증의 쥐과 모델에서 독성에 필요한 세균 유전자를 찾아내는 방법이 여기에 포함된다. 이 방법에서, 게놈에 무작위 돌연변이를 갖는 각 세균 군주는 트랜스포손(transposon) 통합을 이용하여 생성되고; 각각의 삽입 돌연변이는 돌연변이체가 서로 구별되게 하는 상이한 DNA 시그너처 태그를 지니고 있다. 이 태그는 중심 영역이 중합효소 연쇄 반응(PCR)에 의해 함께 증폭되게 하는 20 bp의 불변체 "암(arm)"에 인접한 40 bp의 가변성 중심 영역을 포함한다. 태그가 부착된 돌연변이 군주를 미세적정(microtiter) 접시에 모은 후, 혼합하여 감염 연구를 위한 "접종물 풀(inoculum pool)"을 생성한다. 접종 후 적절한 시간에, 세균을 동물로부터 분리한 후, 이를 모아서 "회수 풀(recovered pool)"을 생성한다. 회수 풀에서의 태그 및 접종물 풀에서의 태그를 별도로 증폭하고 표지한 후, 접종물에서 돌연변이를 나타내는 모든 상이한 태그로 배열된 필터를 조사하는데 사용하였다. 독성이 약화된 돌연변이 군주는 감염된 동물로부터 회수할 수 없는 군주, 즉 태그로 조사했을 때 접종물 풀로부터는 혼성화 신호를 나타내지만 태그로 조사했을 때 회수 풀로부터는 혼성화 신호를 나타내지 않는 태그를 갖는 군주이다. 이 방법에 대한 변형으로, 화학발광법과 같은 비-방사선 검출법이 이용될 수 있다.

시그너처 태그가 부착된 돌연변이 유발법을 통해 한 동물에서 독성의 손실에 대해 다수의 삽입 돌연변이 균주를 동시에 스크리닝할 수 있다. 돌연변이 피. 멀토시다(*P. multocida*) 균주의 풀 19개를 스크리닝하여 독성이 감소된 60가지 이상의 균주를 찾아내었고, 이들 중 대부분은 이후에 개개 돌연변이체의 대략적인 LD₅₀을 측정함으로써 독성의 약화가 확인되었다. 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*) 돌연변이체의 스크리닝 결과, 35 종의 상이한 유전자에 돌연변이를 갖는 100가지 이상의 균주를 찾아내었다. 이들 중, 22 종의 유전자에 돌연변이가 유발된 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*)에서 상당한 독성약화 효과가 나타났다. 트랜스포손 삽입에 의해 붕괴된 오픈 리딩 프레임(open reading frame)의 뉴클레오티드 서열은 양쪽 가닥 모두의 서열분석에 의해 결정하였고, 코딩된 아미노산 서열을 추정하였다. 폴리뉴클레오티드와 아미노산 서열의 신규성은 이 서열들을 DNA 및 단백질 데이터베이스 서열과 비교함으로써 결정하였다.

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

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

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

STM을 이용하여 확인된 독성약화 피. 멀토시다(*P. multocida*) 균주는 오픈 리딩 프레임 또는 조절 DNA 서열에 트랜스포손 서열이 삽입되어 독성 유전자의 기능이 상실된 삽입 돌연변이체이다. 따라서, 한 측면에서, 본 발명의 독성약화 피. 멀토시다(*P. multocida*) 균주 및 기타 그람 음성 돌연변이체 세균 균주는 유전자에 삽입을 초래하는 하나 이상의 돌연변이를 포함할 수 있으며, 여기서 삽입은 돌연변이가 유전자에 의해 코딩되는 유전자 산물의 발현을 감소시키고(거나) 돌연변이가 유전자에 의해 코딩되는 불활성화 유전자 산물을 발현시키게 된다. 이러한 삽입 돌연변이는 여전히 세균의 독성에 필요한 유전 정보를 모두 함유하고 있으며, 삽입된 트랜스포손의 결실에 의해 병원성 상태로 되돌아갈 수도 있다. 따라서, 백신 제형

의 제조에 있어서, 독성약화 균주로부터 수집된 정보를 이용하여 독성 유전자 서열이 일부, 대부분 또는 모두 제거됨으로써 세균이 독성 상태로 되돌아갈 가능성이 없는 결실 돌연변이체 균주를 생성하는 것이 바람직하다. 따라서, 본 발명의 독성약화 피. 멀토시다(*P. multocida*) 균주 및 기타 그람 음성 돌연변이체 세균 균주에는 독성 유전자의 약 10% 이상, 약 20% 이상, 약 30% 이상, 약 40% 이상, 약 50% 이상, 약 60% 이상, 약 70% 이상, 약 80% 이상, 약 90% 이상, 약 95% 이상, 약 98% 이상 또는 약 99% 이상이 결실된 돌연변이를 하나 이상 포함하는 균주들이 포함된다.

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

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

또다른 기술에서, *cre-lox* 시스템이 DNA의 부위 특이적 재조합을 위해 사용된다. 이 시스템은 세균의 *cre* 리컴비나제 유전자에 의해 인식되는 34 염기쌍의 *lox* 서열로 이루어져 있다. *lox* 부위가 DNA에 적합한 방향으로 존재하면, *lox* 부위에 인접한 DNA는 *cre* 리컴비나제에 의해 절단될 것이고, 그 결과 남아있는 *lox* 서열 1 복제본을 제외하고 모든 서열이 결실되게 된다. 표준 재조합 기술을 이용하여, 피. 멀토시다(*P. multocida*) 또는 에이. 플레우로뉴모니아(*A.*

pleuropneumoniae)의 계놈에서 관심있는 표적 유전자를 결실시키고, 이를 *lox* 부위에 인접한 선택가능 마커(예를 들어, 카나마이신 내성을 코딩하는 유전자)로 대체할 수 있다. *cre* 리컴비나제의 일시적 발현(피. 멀토시다(*P. multocida*) 또는 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*)에서 작동하는 프로모터의 조절하에 *cre* 유전자를 함유하는 자살 플라스미드의 전기천공에 의한 발현)에 의해 *lox*에 인접한 마커가 효율적으로 제거되어야 한다. 이 과정은 원하는 결실 돌연변이 및 1 복제본의 *lox* 서열을 함유하는 돌연변이를 만들어낼 것이다.

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

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

pleuropneumoniae) 또는 기타 병원성 미생물로부터의 독성에 의해 유발되는 질병으로부터 보호를 요하는 환자이다.

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

또한, 본 발명은 피. 멀토시다(*P. multocida*) 또는 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*)의 독성에 필요한 폴리펩티드 및 상응하는 폴리뉴클레오티드를 제공한다. 본 발명은 자연 발생적 또는 인공 폴리뉴클레오티드 및 그의 폴리펩티드 산물을 포함한다. 자연 발생적 독성 산물로는 독특한 유전자 및 폴리펩티드 중 뿐만 아니라, 피. 멀토시다(*P.*

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

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

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

또한, 본 발명은 중간 정도의 엄격 조건 내지 고도의 엄격 조건하에서 서열 1, 3, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 29, 31, 33, 37, 39, 41, 51, 53, 55, 57, 58, 60, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 163 및 164에 기재된 어느 한 폴리뉴클레오티드, 및 그의 중 동족체의 비코딩 가닥 또는 상보 가닥에 혼성화되는, 세균 유전자 산물을 코딩하는 DNA 서열을 포함한다. 유전자 코드의 축퇴(degeneracy)가 없다면 상기 서열에 혼성화할, 독성 폴리펩티드를 코딩하는 DNA 서열도 본 발명에 포함된다. 고도의 엄격 조건의 예로는 65℃ 내지 75℃에서 0.2X SSC/0.1% SDS를 포함하는 완충액으로 최종 세척하는 것이 포함되며, 중간 정도의 엄격 조건의 예로는 35℃ 내지 45℃에서 2X SSC/0.1% SDS를 포함하는 완충액으로 최종 세척하는 것이 포함된다. 당업자라면, 문헌 [Ausubel et al. (Eds.), *Protocols in Molecular Biology*, John Wiley & Sons (1994), pp. 6.0.3 내지 6.4.10]에 기재된 바와 같이 온도

와 완충액 또는 염 농도를 변화시킴으로써 동등한 엄격도가 성취될 수 있음을 이해할 것이다. 혼성화 조건의 변화는 경험적으로 결정하거나, 또는 프로브의 길이 및 구아노신/시토신(GC) 염기쌍 비율에 기초하여 정확하게 계산할 수 있다. 혼성화 조건은 문헌 [Sambrook et al., (Eds.), Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press: Cold Spring Harbor, New York (1989), pp. 9.47 내지 9.51]에 기재된 바와 같이 계산할 수 있다.

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

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

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

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

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

[표 A]

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

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

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

[표 B]

보존적 치환 II	
측쇄 특성	아미노산
비극성 (소수성)	
A. 지방족	A L I V P
B. 방향족	F W
C. 황-함유	M
D. 양면성	G
무전하-극성	
A. 히드록실	S T Y
B. 아미드	N Q
C. 설프히드릴	C
D. 양면성	G
양전하성 (염기성)	K R H
음전하성 (산성)	D E

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

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

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

또한, 본 발명에서 제공되는 DNA 및 아미노산 서열 정보도 독성 유전자와 그 코딩된 유전자 산물의 구조 및 기능에 대한 체계적 분석을 가능하도록 한다. 또한, 본 발명의 독성 유전자 산물을 코딩하는 폴리뉴클레오티드에 대한 지식을 습득하면, 본 발명의 독성 폴리펩티드 코딩 폴리뉴클레오티드를 인식하고 이에 혼성화되는 안티센스 폴리뉴클레오티드를 이용할 수 있다. 전장 및 단편 안티센스 폴리뉴클레오티드가 본 발명에서 제공된다. 당업자는 본 발명의 단편 안티센스 분자가 (i) 특정 RNA(본 발명의 독성 유전자를 코딩하는 DNA와 기타 공지된 분자를 코딩하는 DNA를 서열 비교함으로써 결정됨)를 특이적으로 인식하고 이에 혼성화되는 분자, 및 (ii) 독성 단백질족의 변이체를 코딩하는 RNA를 인식하고 이에 혼성화되는 분자를 포함한다는 것을 이해할 것이다. 또한, 독성 단백질족의 다른 구성원을 코딩하는 RNA에 혼성화되는 안티센스 폴리뉴클레오티드는 상기 독성 단백질족의 특징적 서열이나 시그너처 서열을 확인하는 서열 비교를 통하여 확인할 수 있다.

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

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

또한, 본 발명은 올리고뉴클레오티드에 의해 유도되는 삼중 나선 형성을 이용하여 본 발명의 독성 유전자의 전사를 조절하는 방법을 포함한다. 이는 문헌 [Lavrovsky et al., Biochem.Mol.Med. 62:11-22 (1997)]을 참조한다. 삼중 나선 형성은 왓슨-크릭 모델에서 정의된 이중 나선 DNA의 주구(major groove)에 혼성화되는 서열 특이적 올리고뉴클레오티드를 이용하여 수행한다. 서열 특이적 올리고뉴클레오티드를 혼성화시키면 그 후에, 예를 들어 전사 인자 및 중합효소를 포함하는

DNA 결합 단백질의 활성을 조절할 수 있다. 혼성화에 바람직한 표적 서열은 독성 유전자 산물의 발현을 조절하는 전사 조절 영역을 포함한다. 또한, 삼중 나선 형성이 가능한 올리고뉴클레오타이드는 표적 DNA 서열의 부위 특이적 공유 결합 변형에 유용하다. 공유 결합 변형에 유용한 올리고뉴클레오타이드는 라브로브스키 (Lavrovsky) 등의 상기 문헌에 기재된 다양한 DNA 손상 인자와 커플링될 수 있다.

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

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

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

본 발명에 포함되는 후보 억제제에는 잠재적 억제제의 라이브러리로부터 선택된 화합물들이 포함된다. 소분자 조절인자를 확인하기 위한 다양한 라이브러리가 있으며, 여기에는 (1) 화합물 라이브러리, (2) 천연물 라이브러리, 및 (3) 무작위 펩티드, 올리고뉴클레오타이드 또는 유기 분자의 조합 라이브러리가 포함된다. 화합물 라이브러리는 공지된 화합물 또는 천연물 스크리닝을 통해 "적중물질(hit)" 또는 "선도물질(lead)"로 확인된 화합물의 구조적 유사체로 이루어져 있다. 천연물 라이브러리는 (1) 토양, 식물 또는 해양 미생물로부터의 배양액 및 배양 추출물, 또는 (2) 식물 또는 해양 생물의 추출물로 스크리닝하기 위한 혼합물을 생성하는데 사용하는 미생물, 동물, 식물 또는 해양 생물의 수집물이다. 천연물 라이브러리는 폴리케티드, 비리보솜계 펩티드 및 그의 (인공) 변이체를 포함한다. 이는 문헌 [Science 282:63-68 (1998)]을 참조한다. 조합 라이브러리는 다수의 펩티드, 올리고뉴클레오타이드 또는 유기 화합물의 혼합물로서 이루어져 있다. 조합 라이브러리는

통상적인 자동화 합성법, PCR, 클로닝 또는 특허받은 합성법에 의해서 비교적 용이하게 제조할 수 있다. 특히 관심있는 것은 펩티드와 올리고뉴클레오타이드의 조합 라이브러리이다. 또한, 관심있는 다른 라이브러리에는 펩티드, 단백질, 펩티드 모방체, 다중평행(multiparallel) 합성 수집물, 재조합체 및 폴리펩티드 라이브러리가 포함된다. 조합 화학 및 그로부터 생성된 라이브러리에 대해서는 문헌 [Myers, Curr. Opin. Biotechnol. 8:701-707 (1997)]을 참조한다. 본 명세서에 기재된 수종의 라이브러리를 사용하여 조절제를 확인함으로써 후보 "적중물질" (또는 "선도물질")을 변형하여 활성을 조절하도록 상기 "적중물질"의 능력을 최적화할 수 있다.

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

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

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

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

이 거명을 통해 본 명세서에 포함되는 문헌 [Wieboldt et al., Anal.Chem., 69:1683-1691 (1997)]에 표적 단백질에 대한 리간드를 확인하는 또다른 방법이 기재되어 있다. 이 기술을 이용하여, 약제 20 내지 30개의 조합 라이브러리의 표적 단백질에 대한 결합 여부를 용액 상태에서 한번에 스크리닝할 수 있다. 표적 단백질에 결합하는 약제는 원심분리성 한외여과에

의해서 다른 라이브러리 성분으로부터 분리한다. 필터 상에 잔존하는 특이적으로 선별된 분자는 이후에 표적 단백질로부터 유리되어 HPLC 및 공기식 전자분무(이온 분무) 이온화 질량 분석기로 분석된다. 이 방법으로 표적 단백질에 가장 높은 친화성을 갖는 라이브러리 성분을 선별할 수 있으며, 특히 소분자 라이브러리에 대해 유용하다.

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

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

임의로 백신 조성은 제약학적 비히클, 부형제 또는 매개체로서 작용하는, 백신 상용성이며 제약상 허용되는(즉, 살균 및 무독성) 액체, 반고체 또는 고체 희석제를 포함할 수 있다. 당업계에 공지된 어떠한 희석제라도 사용할 수 있다. 희석제의 예로는 폴리옥시에틸렌 소르비탄 모노라우레이트, 스테아르산 마그네슘, 메틸하이드록시벤조에이트, 프로필하이드록시벤조에이트, 활석, 알긴산염, 전분, 락토스, 수크로스, 텍스트로스, 소르비톨, 만니톨, 아카시아 검, 인산 칼슘, 광유, 코코아 버터 및 테오브로마(theobroma) 오일이 포함되지만 이에 제한되지는 않는다.

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

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

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

본 발명은 하기 실시예에 의해 예시된다. 실시예 1은 피. 멀토시다(*P. multocida*) 돌연변이체의 제작에 대해 기술하고 있다. 실시예 2는 피. 멀토시다(*P. multocida*) 돌연변이체의 스크리닝에 관한 것이다. 실시예 3은 피. 멀토시다(*P. multocida*) 돌연변이체의 독성을 측정하는 방법을 다루고 있다. 실시예 4는 피. 멀토시다(*P. multocida*) 독성 유전자의 클로닝에 대해 기술하고 있다. 실시예 5는 피. 멀토시다(*P. multocida*) 독성 유전자에 관련된 다른 종의 유전자들에 대한 확인을 다루고 있다. 실시예 6은 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*) 돌연변이체의 제작에 대해 기술하고 있다. 실시예 7은 독성약화 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*) 돌연변이체의 스크리닝을 다루고 있다. 실시예 8은 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*) 독성 유전자의 확인에 관한 것이다. 실시예 9는 에이. 플레우로뉴모니아

(*A. pleuropneumoniae*) 돌연변이체 및 야생형 세균의 경쟁 감염을 기술하고 있다. 실시예 10은 확인된 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*) 유전자를 특성화하고 있다. 실시예 11은 야생형 세균 감염을 예방하기 위한 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*) 변종의 효능을 다루고 있다.

[실시예]

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

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

먼저 플라스미드 pLOF/Km을 변형하여 다중 클로닝 영역내의 유일한 *KpnI* 제한 부위를 제거한 다음, 미니-Tn10 영역내에 새로운 *KpnI* 부위를 도입하였다. 플라스미드를 *KpnI*로 절단하고, 생성된 돌출 말단을 제조자가 제안하는 프로토콜에 따라 클레나우(Klenow) 중합효소로 채워넣었다. 본원에 설명된 제한효소 절단 및 라이게이션은 제조자가 제안하는 프로토콜(Gibco BRL, Gaithersburg, MD 및 Boehringer Mannheim, Indianapolis, IN)에 따라 수행하였다. 평활 말단 생성물을 셀프-라이게이션하여 pLOF/Km-*KpnI*로 명명되는 플라스미드를 생성시키고, 증폭을 위해 대장균(*E. coli*) DH5α:λpir 내에 형질전환시켰다. 대장균 DH5α:λpirΦ80dlacZ ΔM15, recA1, endA1, gyrA96, thi-1, hsdR17(r_k⁻, m_k⁻, supE44, relA1, deoR, Δ(lacZYA-argF)U169를 37℃에서 루리아-베르타니(Luria-Bertani, LB) 배지에서 증식시켰다. 퀴아젠, 인크(QIAGEN, Inc, Santa Clarita, CA)사로부터 구입한 퀴아젠 스피프랩(QIAGEN SpinPreps)을 사용하여 플라스미드를 제조하고, 미니-Tn10 전위성 인자내의 소정의 유니크 부위를 자르는 *SfiI*로 절단하였다. 올리고뉴클레오타이드 TEF1(서열 86)과 TEF3(서열 87)을 어닐링하여 *SfiI*-*KpnI*-*SfiI* 어댑터를 제조하고, 생성된 이중 가닥 어댑터를 *SfiI* 부위에 라이게이션하여 플라스미드 pTEF-1을 생성시켰다. 올리고뉴클레오타이드 TEF1 및 TEF3(및 본원에 기재된 모든 다른 올리고뉴클레오타이드)은 제노시스 바이오테크놀로지(Genosys Biotechnologies, The Woodlands, TX)사에서 합성하였다.

TEF1 5'-AGGCCGGTACCGGCCGCTT (서열 86)

TEF3 5'-CGGCCGGTACCGGCCCTAGG (서열 87)

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

TEF14 5'-CATGGTACCCATTCTAAC (서열 88)

TEF15 5'-CTAGGTACCTACAACCTC (서열 89)

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

반응 조건에는 95℃에서 1분 동안 최초 인큐베이션한 다음, 95℃에서 30초, 45℃에서 45초 및 72℃에서 15초의 사이클을 30회 반복한 후에, 72℃에서 2분 동안 최종 인큐베이션하는 것이 포함된다. *KpnI*을 사용하여 PCR 산물을 절단하고, 제조자가 제안하는 프로토콜에 따라 퀴아젠 뉴클레오타이드 분리 키트(QIAGEN Nucleotide Removal Kit; QIAGEN, Inc., Chatsworth, GA)를 사용하여 정제하였다. 미리 *KpnI*으로 절단하여 선형으로 만들어진 유니크 태그 서열을, 표준 방법을 이용하여 송아지 장의 알칼리 포스파타제(Boehringer-Mannheim)로 탈인산화시킨 후에 pTEF-1의 미니-Tn10 인자에 라이게이션하였다. 생성된 플라스미드 라이브러리를 대장균 DH5α:λpir내에 형질전환시켰다. 콜로니 블롯 분석은 DIG 사용자 지침서(DIG User's Guide, Boehringer-Mannheim)에 따라 하기와 같이 수행된 혼성화 및 검출과 함께 수행하였다.

혼성화는 본질적으로 제니어스 비-방사성 사용자 지침서(Genius Non-Radioactive User's Guide, Boehringer Mannheim Biochemicals), DIG-PCR 표지 키트의 제품 쉬이트(Boehringer Mannheim Biochemicals) 및 CSPD의 제품 쉬이트(Boehringer Mannheim Biochemicals)에 따라 수행하였다. 프로브의 제조를 위해, 앰플리택(Amplitaq) PCR 완충액(PE Applied Biosystems), 200 μ M dNTP, 프라이머 TEF5(서열 91) 및 TEF6(서열 92) 각 140 pmol, 2 mM $MgCl_2$, 앰플리택(PE Applied Biosystems) 2.5 유닛 및 플라스미드 DNA 1 ng을 사용하여 100 μ l의 1차 PCR 반응을 시작하였다.

TEF5 5'-TACCTACAACCTCAAGCT (서열 91)

TEF6 5'-TACCCATTCTAACCAAGC (서열 92)

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

TEF24 5'-TACCTACAACCTCAAGCTT (서열 93)

TEF25 5'-TACCCATTCTAACCAAGCTT (서열 94)

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

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

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

pTEF-1과 PCR에 의해 생성된 서열 태그의 라이게이션으로부터 생성된 약 400개의 다른 형질전환체를 콜로니 블롯에 의해 스크리닝하고, 추가로 사용하기 위해 혼성화도가 가장 큰 콜로니 96개를 미세적정 플레이트에 모았다. 태그가 복제될 가능성이 매우 적긴하지만, 마스터 태그 플레이트의 절반을 다른 것에 대해 조사한 결과, 어떠한 태그도 복제되지 않았음을 확인하였다. 이러한 태그를 포함하는 플라스미드를 정제하여, 대장균 S17-1: λ pir(pir, *recA*, *thi*, *pro*, *hsd*, (r-m+), RP4-2, (Tc::Mu), (Km::Tn7), [TnpR], [SmR])내에 형질전환시키고, 형질전환된 세균을 37°C에서 루리아-베르타니

(LB) 배지에서 증식시켰다. 태그 플라스미드 pTEF-1을 포함하는 96개의 대장균 S17-1:λpir 형질전환체 각각을 접합 교배(conjugative mating)에서 사용하여 피. 멀토시다(*P. multocida*)의 트랜스포손 돌연변이체를 생성시켰다. 피. 멀토시다(*P. multocida*) 균주 TF5는 소의 임상 단리체인 UC6731로부터 유도되는 자발적 날리딕신산 내성 돌연변이체이다. 평판 배양하는 경우, 피. 멀토시다(*P. multocida*) 균주를 37°C, 5% CO₂에서 뇌 심장 주입액(BHI) 배지(Difco Laboratories, Detroit, MI, USA)에서 배양시켰다. 대장균 S17-1:λpir/pTEF1:[NK]₃₅ 클론 및 TF5 균주 각각을 후기 로그기까지 배양하여 교배를 시작하였다. 각 태그-pTEF-1 클론의 배양물 50 μl를 TF5 배양물 200 μl와 혼합하고, 각각의 교배 혼합물 50 μl를 100 mM IPTG 및 10 mM MgSO₄를 함유하는 BHI 플레이트 상에 놓인 0.22 μm 필터에 스폿팅하였다. 37°C, 5% CO₂에서 밤새 인큐베이션한 다음, 각 필터 상의 교배 혼합물을 PBS 3 ml로 세척해내어, 각 25 μl를 BHIN⁵⁰K⁵⁰ 플레이트 상에 플레이팅하였다. 선별을 위해 밤새 배양한 다음, 콜로니를 이주시개로 200 μl BHIN⁵⁰K⁵⁰에 옮겨서 미세적정 플레이트에 모으고, 미세적정 플레이트내의 각 웰이 동일한 서열 태그를 갖는 트랜스포손 돌연변이체를 항상 포함하도록 하였다. 밤새 배양한 다음, 75% 글리세롤 50 μl를 각 웰에 가하고, 플레이트를 -80°C에서 동결보관하였다.

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

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

폐혈증 쥐과 모델을 사용하여 파스테우렐라 멀토시다(*Pasteurella multocida*) 트랜스포손 돌연변이체로 구성되는 19개의 풀을 스크리닝하였다. 모아진 피. 멀토시다(*P. multocida*) 트랜스포손 돌연변이체의 동결된 플레이트를 -80°C의 보관소에서 꺼내어, 각 웰로부터 10 μl를 날리딕신산(Sigma) 50 μg/ml 및 카나마이신(Sigma) 50 μg/ml를 함유하는 뇌 심장 주입액(DIFCO, BHIN⁵⁰K⁵⁰) 200 μl가 들어있는 새로운 96 웰 둥근 바닥 플레이트(Corning Costar, Cambridge, MA, USA)에 옮겨서 2차배양하였다. 플레이트를 진탕하지 않으면서 37°C, 5% CO₂에서 밤새 배양하였다. 각 웰로부터 10 μl를 웰 당 BHI 100 μl를 함유하는 새로운 평면 바닥 96-웰 플레이트(Corning Costar)에 옮기고, 대략 150 rpm으로 진탕하면서 37°C에서 배양함으로써 밤새 배양한 플레이트를 2차배양하였다. 미세적정 플레이트 판독기를 사용하여 OD₅₄₀ 값을 모니터링하였다. 약 0.2 내지 0.25의 OD₅₄₀에서, 미세적정 플레이트의 웰로부터 각각 100 μl를 합하여 각 플레이트를 모음으로써 "유입 풀(input pool)"을 형성하였다. 배양물을 BHI 중에 약 10⁴, 10⁵, 10⁶ CFU/ml의 투여량으로 대략적으로 희석시키고, 각 희석액 0.2 ml를 사용하여 복강내 투여에 의해 체중이 14 g 내지 16 g인 암컷 BALB/c 생쥐를 감염시켰다. 감염 후 2일째, 생존한 생쥐 1 마리 또는 2마리를 안락사시키고, 비장을 적출하였다. 비장 전체를 0.9%의 멸균된 식염수 1.0 ml 중에 균질화하였다. 10⁻² 내지 10⁻⁵의 균질 희석액을 제조하여 BHIN⁵⁰K⁵⁰ 플레이트 상에 플레이팅하였다. 밤새 배양한 다음, 대략 20,000개의 콜로니를 BHI 브로쓰 10 ml 중에 모아서 "회수 풀"을 형성시키고, 회수 풀 0.5 ml을 3,500 X g에서 원심분리하여, 형성된 펠릿을 사용하여 선행 기술 문헌[Wilson, In F.M. Ausubel et al., (ed.), Current Protocols in Molecular Biology, vol.1. John Wiley and Sons, New York, p. 2.4.1 - 2.4.5. (1997)]에 기재된 프로토콜에 따라 게놈 DNA를 제조하였다.

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

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

비장 조직으로부터 감소된 회수율을 나타내는 각각의 잠재적인 돌연변이체를 원래의 풀 플레이트로부터 단리하여, 트랜스포손 돌연변이에 의해 유발되는 독성약화를 조사하고 대략적으로 평가하기 위한 면역성 실험에 개별적으로 사용하였다. 생체내 스크리닝으로부터의 각 후보 돌연변이체를 37°C, 5% CO₂에서 양 혈액 아가(Sheep Blood Agar) 플레이트 상에서

밤새 배양하였다. 각 돌연변이체로 구성되는 대략 6개의 콜로니를 BHI 배지에 접종하고, 6시간 동안 배양하였다. 희석액을 제조하고, 생쥐 5마리를 상기 설명한 바와 같이 10^2 , 10^3 , 10^4 및 10^5 CFU로 각각 감염시켰다. 6일 후에, 사망률을 야생형의 것과 비교하여 독성약화를 측정하였다. 생존한 생쥐는 보호된 것으로 추정하였으며, 이어서 야생형 피. 멀토시다(*P. multocida*)를 야생형 균주에 대한 LD₅₀보다 대략 200배를 초과하는 농도의 투여량으로 시험하였다. 이어서, 시험된 각 생쥐 군에 대한 생존률을 측정하였다.

실험 결과, 잠재적인 트랜스포손 돌연변이체 120개 중 62개의 독성이 약화되었고, LD₅₀은 야생형 균주보다 대략 10배 이상 더 높은 것으로 나타났다. 클론 및 이들의 대략적인 LD₅₀ 값은 하기 표 1에 기재되어 있다. 야생형 균주와의 대조 실험은 각 시험 세트와 동시에 수행하였고, 모든 경우에서 야생형-시험 군의 사망률은 100%이었다.

LD₅₀ 값 이외에도, 표 1은 면역화 및 면역성 실험으로부터의 데이터를 제공한다. 요컨대, 표 1에 나타난 각각의 피. 멀토시다(*P. multocida*) 균주를 독성 야생형 균주의 LD₅₀보다 대략 200배를 초과하는 투여량으로 복강내 주입하여 일군의 생쥐(개체수는 5 내지 10마리임)를 면역화하였다.

[표 1]
피. 멀토시다 독성 유전자

뉴클레오타이드 서열 번호	대표적 단리체	가능한 유전자 기능	백신접종 # 생존수/총	감염 # 생존수/총	LD ₅₀
--	야생형	-	0/10	-	<10
23	PM1B1	guaB	10/10, 10/10, 10/10	9/10, 9/10	4.3 x 10 ⁶
11	PM1D1	dsbB	10/10, 5/10	10/10, 5/5	8.4 x 10 ⁴
3	PM1BD7	atpG	5/5, 10/10	10/10	>3 x 10 ⁵
74	PM1BE11	yhcJ (HI10145)	10/10	5/10	>2 x 10 ⁵
70	PM1BF6	yabK (HI1020)	3/5, 8/10	9/9	>2 x 10 ⁵
19	PM2G8	fhaC	4/5, 9/10	9/9	>4 x 10 ⁵

[표 1-계속]

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

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

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

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

TEF-32 GGCAGAGCATTACGCTGAC (서열 95)

TEF-40 GTACCGGCCAGGCGGCCACGCGTATTC (서열 96)

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

독성이 약화된 것으로 확인된 클론의 37%에서, 미니-Tn10 전위성 인자가 여러번 삽입되어 있었다. 그의 인접 서열과 함께 각 삽입체를 각각 pGP704에 클로닝하고, 야생형 균주와 교배하여 피. 멀토시다(*P. multocida*)의 신규 돌연변이체를 생성시켰으며, 이들은 각각 원래의 여러 삽입체 중 하나만을 보유하였다. 각 돌연변이체를 각각 재시험하여 독성약화 형질의 원인이 되는 삽입체를 결정하였다. 손상된 예상 오픈 리딩 프레임의 뉴클레오타이드 서열은 양쪽 가닥을 서열분석하여 결정

하였고, 예상 아미노산 서열을 사용하여 현재 이용가능한 데이터베이스에서 유사한 서열을 검색하였다. 이 서열은 공지 유전자, 비공지 유전자, 및 이미 서열이 분석된 이론상의 오픈 리딩 프레임과 매치되거나 기존에 확인된 어떠한 서열과도 매치되지 않았다. 기존에 확인된 서열과 상동성을 갖는 유전자의 경우, 잠재적 기능은 표 1에 기재되어 있는 바와 같이 지정하였다.

<실시예 5>: 다른 종에서 관련 유전자의 확인

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

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

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

DEL-1389 TCTCCATTCCCTTGCTGCGGCAGGG (서열 98)

TEF-46 GGAATTACAGCCGGATCCGGG (서열 99)

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

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

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

pLOF/Km을 사용한 트랜스포손 돌연변이 유발이 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*)에서 작용성이며, 랜덤 하다라는 사실은 이미 보고된 바 있다[Tascon et al., J. Bacteriol. 175:5717-22(1993)]. 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*)의 태그 트랜스포손 돌연변이체를 제작하기 위해, 예비-선별된 태그 플라스미드(pTEF-1:[NK]₃₅)를 포함하는 96개의 대장균 S17-1:λpir 형질전환체 각각을 접합 교배에서 사용하여 에이. 플레우로뉴모니아(*A. pleuropneumoniae*) 균주 AP225의 트랜스포손 돌연변이체인, 생체내 계대배양된 ATCC 27088 균주로부터 유도된 혈청형 1의 자연발생 날리딘산 내성 돌연변이체를 생성시켰다. 평판배양하는 경우, 에이. 플루로뉴모니아 균주를 37℃, 5% CO₂에서 B-니코틴아미드 아데닌 디뉴클레오티드(V¹⁰)(Sigma, St.Louis, Missouri) 10 µg/ml이 들어있는 뇌 심장 주입액

(BHI)(Difco Laboratories, Detroit, MI) 배지에서 배양하였다. 대장균 S17-1: λ pir(λ pir, *recA*, *thi*, *pro*, *hsdR*(r_k^- , m_k^+), RP4-2, ($Tc^R::Mu$), ($Km^R::Tn7$), [Tmp^R], [Sm^R])를 37°C에서 루리아-베르타니(LB) 배지에서 증식시켰다. 필요하다면 암피실린(Sigma) 100 μ g/ml, 나리딕신산(N^{50})(Sigma) 50 μ g/ml 및 카나마이신(Sigma) 50 (K^{50}) 또는 100 (K^{100}) μ g/ml의 농도로 항생제를 사용하였다.

대장균 S17-1: λ pir/pTEF1:[NK]₃₅ 클론 및 AP225 균주를 각각 후기 로그기까지 배양하여 교배를 시작하였다. 태그-pTEF1 클론 각각에 대해 배양물 분취액 50 μ l를 APP225 배양액 150 μ l와 혼합한 다음, 각 교배 혼합물 50 μ l를, 100 μ M IPTG 및 10 mM $MgSO_4$ 를 함유하는 BHIV¹⁰ 플레이트 상에 놓인 0.22 μ M 필터에 스폿팅하였다. 37°C, 5% CO_2 에서 밤새 배양한 다음, 각 필터 상의 교배 혼합물을 PBS 2 ml로 세척해내고, 200 μ l를 BHIV¹⁰ $N^{50}K^{100}$ 플레이트 상에 플레이트팅하였다. 선별을 위해 밤새 배양한 다음, 콜로니를 이쑤시개로 200 μ l BHIV¹⁰ $N^{50}K^{100}$ 에 옮겨서 미세적정 플레이트에 모으고, 미세적정 플레이트내의 각 웰이 동일한 서열 태그를 갖는 트랜스포손 돌연변이체를 항상 포함하도록 하였다. 밤새 배양한 다음, 75% 글리세롤 50 μ l를 각 웰에 가하고, 플레이트를 -80°C에서 동결보관하였다.

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

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

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

모은 악티노바실러스 플레우로뉴모니아 트랜스포손 돌연변이체의 동결된 플레이트를 -80°C 저장기에서 꺼내고 20 μ l를 각 웰로부터 BHIV¹⁰ $N^{50}K^{50}$ 180 μ l가 들어있는 새로운 96웰 둥근 바닥 플레이트(Corning Costar, Cambridge, MA, USA)로 옮겨서 2차배양하였다. 플레이트를 진탕하지 않고 37°C, 5% CO_2 에서 밤새 배양하였다. 그 다음으로, 10 μ l를 각 웰로부터 웰당 100 μ l의 BHIV¹⁰이 함유된 새로운 평면 바닥 96웰 플레이트(Corning Costar)에 옮기고, 150 rpm으로 진탕하면서 37°C에서 배양함으로써 밤새 배양한 플레이트를 2차배양하였다. 미세적정 플레이트 판독기를 이용하여 OD₅₆₂를 모니터링하였다. 약 0.2 내지 0.25의 OD₅₆₂에서 미세적정 플레이트의 웰 각각으로부터 100 μ l를 합하여 각 플레이트를 모음으로써 "유입 풀"을 형성하였다. 배양물을 대략 2×10^6 CFU/ml까지 BHI에서 적절하게 희석하였다. 기관 튜브를 사용하는 기관내 투여에 의해 10-20 kg의 SPF 돼지(Whiteshire-Hamroc, Albion, IN)를 감염시키기 위해 희석된 각 풀을 4.0 ml씩 사용하였다. 감염 후 대략 20시간에 모든 생존 동물을 안락사시키고 폐를 적출하였다. 150 ml의 멸균 PBS를 폐에 관주한 후 마사지하여 PBS를 분산시킴으로써 세척을 수행하여 생존 세균을 회수하였다. 세척액을 회수하고, 이 과정을 한번 더 반복하였다. 세척액을 450 x g에서 10분 동안 원심분리하여 큰 찌꺼기(debris)를 분리하였다. 그 다음으로, 상청액을 2,800 x g에서 원심분리하여 세균 펠렛을 얻었다. 펠렛을 5 ml의 BHI에 재현탁하고 10^{-2} 내지 10^{-5} 로 희석하여 BHIV¹⁰ $N^{50}K^{50}$ 플레이트 상에 플레이트팅하였다. 밤새 배양한 후, 100,000개 이상의 콜로니를 10 ml의 BHI 배지에 모아 "회수 풀"을 형성하였다. 각 회수 풀에서 0.7 ml의 분취액을 사용하여 CTAB 방법 [Wilson, In Ausubel et al., (eds.), Current Protocols in Molecular Biology, vol. 1. John Wiley and Sons, New York, p. 2.4.1-2.4.5 (1997)]에 의해 게놈 DNA를 제조하였다.

동물로부터의 회수물은 통상 폐 세척액으로부터 10^8 CFU 범위내이었다.

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

TEF69 GACGTTTCCCGTTGAATATGGCTC (서열 166)

TEF65 GCCGGATCCGGGATCATATGACAAGA (서열 167)

TEF66 GACAAGATGTGTATCCACCTTAAC (서열 168)

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

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

<실시예 8>: 에이. 플레우로뉴모니아 독성 유전자의 확인

역 PCR 및 생성물의 직접 서열분석에 의해 110개의 돌연변이체 각각에 대해 일부 인접 서열을 결정하였다. 상기와 같이 직접 서열분석을 위한 인접 DNA 생성물을 얻기 위해 역 PCR을 이용하였다. 서열분석 반응은 PE 어플라이드 바이오시스템사 [PE Applied Biosystems (Foster City, CA)]의 빅다이 (BigDye; 상표명) 터미네이터 케미스트리 키트를 사용하여 ABI 프리즘 377 DNA 서열분석기로 수행하였다. 시퀀처(Sequencher) 3.0 소프트웨어 (Genecodes, Corp., Ann Arbor, MI)를 이용하여 서열 데이터를 수집 및 분석하였다. GCG 프로그램 [Devereux and Haeblerli, Wisconsin Package Version 9.0, 9.0 ed. Genetics Computer Group, Inc., Madison (1997)]을 사용하여 현재 이용가능한 데이터베이스에서 상동성 서열을 검색하였다.

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

[표 2]

에이. 플레우로뉴모니아 오픈 리딩 프레임			
완전한 오픈 리딩 프레임		개시코돈 부재 - 정지코돈 존재	
atpH	서열 134	dkS A	
aptG	서열 132	dnaK	
exbB	서열 140	H10379	서열 136
OmpP5	서열 152		서열 138
OmpP5-2	서열 150		서열 144
tig	서열 160		
fkpA	서열 142		
hupA	서열 146		
rpmF	서열 158		
		개시코돈 부재 - 정지코돈 부재	
		pnp	서열 154
		apvA-or 1	서열 122
		apvA-or 2	서열 124
		apvB	서열 126
		apvD	서열 130
개시코돈 존재 - 정지코돈 부재			

lpdA	서열 148	RNA 또는 비코딩 서열	
potD	서열 156	tRNA-leu	서열 162
yaeE	서열 164	tRNA-glu	서열 163
apvC	서열 128		

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

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

회수된 집단에 부재하거나 매우 감소된 것으로 상기에서 확인된 유니크 독성약화 돌연변이체군 각각으로부터 대표적인 클론을 원래의 풀 플레이트로부터 단리하고 야생형 균주(AP225)와의 경쟁 감염 실험에 사용하여 트랜스포손 돌연변이에 의해 야기되는 상대적인 독성약화를 입증하였다. 돌연변이체 및 야생형 균주를 BHIV¹⁰에서 0.6-0.9의 OD₅₉₀까지 증식시켰다. 대략 5.0×10^6 CFU의 야생형 및 돌연변이 균주 각각을 4 ml의 BHI에 가하였다. 기관 튜브로의 기관내 투여에 의해 총 4 ml의 투여량으로 10-20 kg의 SPF 돼지를 감염시켰다. 감염 후 대략 20시간에 모든 생존 동물을 안락사시키고 폐를 적출하였다. 상기와 같이 폐 세척을 수행하였다. BHIV¹⁰N⁵⁰ 및 BHIV¹⁰N⁵⁰K¹⁰⁰ 상에서 플레이트를 계수하여 유입 배양물 및 폐 세척 샘플 둘다에서의 돌연변이체에 대한 야생형 균주의 상대적 수를 결정하였다. 경쟁 지수(CI)를 [돌연변이체 CFU /야생형 CFU]_{유입} / [돌연변이체 CFU/야생형 CFU]_{회수}로서 계산하였다.

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

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

[표 3]

돌연변이체	유사성	추정 기능 또는 공지된 기능	C.I.
AP20A6	atpH	ATP 합성효소	.009
AP7F10	atpG	ATP 합성효소	.013
AP17C6	lpdA	디히드로리포아미드 데히드로게나제	.039
AP11E7	exbB	철 화합물의 수송	.003, .003, .006
AP3H7	potD	스퍼미딘/퓨트레신 수송	.308
AP8H6	OmpP5	어드헤신/OmpA 동족체	.184
AP18H8	OmpP5-2	어드헤신/OmpA 동족체	.552
AP13E9	tig	펩티달-프롤릴 이소머라제	.050
AP13C2	fkpA	펩티달-프롤릴 이소머라제	<.001
AP15C11	pnp	폴리뉴클레오티드 포스포릴라제	.032
AP18F12	hupA	히스톤-유사 단백질	.001
AP20F8	dksA	dnaK 돌연변이의 투여량 의존성 억제제	.075
AP5G4	dnaK	열 충격 단백질-분자 샤페론 (chaperone)	.376
AP17C9	tRNA-leu	단백질 합성 (유전자 조절?)	.059
AP5D6	tRNA-glu	단백질 합성	.055

AP18B2	rpmF	단백질 합성	.112
AP10E7	yaeA	공지되어 있지 않음	.001
AP19A5	HI0379	공지되어 있지 않음	.061
AP10C10	apvA	공지되어 있지 않음	.157
AP18F5	apvB	공지되어 있지 않음	.103
AP2A6	apvC	공지되어 있지 않음	.091
AP2C11	apvD	공지되어 있지 않음	.014

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

<실시예 10>: 에이. 플레우로뉴모니아 독성 유전자의 특성 규명

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

F₀F₁ H⁺-ATPase 복합체의 FI-γ서브유닛을 코딩하는 atpG 유전자는 ATP의 생산 또는 ATP의 가수분해에 의한 양성자 전달에 작용할 수 있다. 관련된 atpG 독성약화 돌연변이체도 피. 멀토시다(*P. multocida*)에서 확인하였다. F₁δ 서브유닛을 코딩하는 또다른 atp 유전자인 atpH도 확인하였다. atp 돌연변이체의 표현형으로는 비적응성 산-민감성 표현형 [Foster, J Bacteriol. 173: 6896-6902 (1991)], 살모넬라 티피무리움(*Salmonella typhimurium*) [Garcia del Portillo et al., Infect Immun. 61: 4489-4492 (1993)] 및 피. 멀토시다(*P. multocida*)(상기)에서 독성이 상실되는 표현형, 및 헤모필러스 인플루엔자 Rd(*Haemophilus influenzae* Rd) [Gwinn et al., J Bacteriol. 179: 7315-20 (1997)]에서의 형질전환 빈도 및 수용능력 조절 유전자의 유도 둘다가 감소되는 표현형이 포함된다.

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

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

헤모필러스 인플루엔자의 OMP P5와의 동족체를 제외하고 어드헤신 또는 독소와 같은 상대적으로 적은 "고전적 독성 인자"를 확인하였다. 에이치. 인플루엔자의 OMP P5는 OmpA 포린 단백질족과 관련된 주요 외막 단백질이다 [Munson et al., M Infect Immun. 61: 4017-20 (1993)]. 분류되지 않은 헤모필러스 인플루엔자의 OMP P5는 독성, 및 뮤신과 상피세포의 결합에 기여하는, 선상 구조로 발현되는 섬모 서브유닛 단백질 [Sirakova et al., Infect Immun. 62: 2002-20

(1994)]을 코딩하는 것으로 밝혀진 바 있다 [Miyamoto and Bakaletz, Microb Pathog. 21: 343-56 (1996), Reddy et al., Infect Immun. 64: 1477-9 (1996), Sirakova et al., Infect Immun. 62: 2002-20 (1994)]. OMP P5 동족체를 코딩하는 것으로 보이는 두 가지 다른 ORF를 확인한 것도 대단한 발견이었다. 헤모필러스 듀크레이 (*Haemophilus ducreyi*)의 매우 유사한 두 단백질인 MOMP 및 OmpA2의 경우에도 두 가지 다른 ORF가 확인되었다. 두 ORF가 섬모의 생성에 기능적으로 관련되어 있는지, 그리고 두 ORF의 존재가 중복되거나 보충하는 기능을 나타내는 별개의 중복을 나타내는지를 밝히는 것이 남아 있다. 흥미롭게도, 두 OMP P5 돌연변이체는 다른 CI값을 갖는 것으로 보이는데, 이는 단지 한 복제본에 대한 본성 및 기능성에서의 차이점을 암시한다. OMP P5는 만성 감염 동안 분자 변이를 받는 것으로 보이지만 [Duim et al., Infect Immun. 65: 1351-1356 (1997)], 이는 많은 유전자의 구별 발현으로 인한 "유형 변경(type switching)"이 아니라 아미노산 변화를 초래하는 점 돌연변이를 받는 한개의 유전자에 한정되는 것으로 보인다.

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

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

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

DnaK는 다양한 스트레스성 환경 변화에 대한 조절 반응에 관여하는, 잘 공지되어 있고 매우 보존적인 열 충격 단백질이다 [Lindquist and Craig, Annu Rev Genet. 22: 631-77 (1988)]. DnaK는 예르시니아 엔테로콜리티카(*Yersinia enterocolitica*)에서 대식세포에 의한 대식작용 후에 가장 많이 유도되는 스트레스 단백질 중 하나이기도 하고 [Yamamoto et al., Microbiol Immunol. 38: 295-300 (1994)], 브루셀라 수이스(*Brucella suis*) dnaK 돌연변이체는 인간 대식세포-유사 세포내에서 복제하지 못하였다 [Kohler et al., Mol Microbiol. 20: 701-12 (1996)]. 반대로, 또다른 세포내 병원체인 리스테리아 모노사이토젠스(*Listeria monocytogenes*)는 대식작용 후 dnaK의 유도를 보이지 않았다 [Hanawa et al., Infect Immun. 63: 4595-9 (1995)]. 비브리오 콜레라(*Vibrio cholera*)의 dnaK 돌연변이체는 ToxR의

생산 및 시험관내에서의 그의 조절된 독성 인자에 영향을 주지만, 생체내에서 성장된 세포로부터 유사한 결과가가 얻어지지 않았다 [Chakrabarti et al., Infect Immun. 67: 1025-1033 (1999)]. 에이. 플레우로뉴모니아 dnaK 돌연변이체의 CI는 여전히 양성 대조군 균주의 대략 절반이지만 대다수의 독성약화 돌연변이체보다 더 높았다.

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

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

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

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

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

[표 4]

백신	비강내 감염 후 사망률%	
	백신접종	감염
플레우로문	0	37.5
exbB	0	0

tig	12.5	0
fkpA	12.5	0
HI0385	50	0
pnp	0	0
yaeE	0	0
atpG	0	0
없음	N/A	50.0

exbB, atpG, pnp 및 yaeA 돌연변이체는 10^{10} CFU의 투여량으로 비강내 투여할 때 전혀 사망을 초래하지 않았다. fkpA 및 tig 돌연변이체 군은 각각 1마리가 사망했고, HI0379 군 (실시에 9에 나타낸 바와 같이 시험된 7가지 돌연변이체의 CI는 2000년 4월 6일 가장 높았음)은 4마리가 사망했다. 이 모델을 사용한 야생형 LD_{50} 은 대체적으로 1×10^7 CFU인데, 이는 이들 돌연변이체 각각이 100 배 이상 독성이 약화되어 있고 CI와 독성약화 사이에 합리적인 연관성이 있음을 의미한다.

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

서열목록

<110> Lowery E., David

Fuller E., Troy

Kennedy J., Michael

<120> Anti-Bacterial Vaccine Compositions

<130> 28341/6227.NCP

<140> 09/545,199

<141> 2000-04-06

<150> 60/153,453

<151> 1999-09-10

<150> 60/128,689

<151> 1999-04-09

<160> 169

<170> PatentIn Ver. 2.0

<210> 1

<211> 1112

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (210) .. (1001)

<220>

<223> atpB

<220>

<221> misc_feature

<222> 1099

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

<220>

<221> misc_feature

<222> 1104

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

<400> 1

```

gtcaacaaca ttttatggtg gagaggccgt taaatttata tccacaattt ttttgattgt 60

acttgctttt aaactgttca attcaatgca ttttattgca ttttttgttg gatattttat 120

aacaatagtt ttaaacaata ttcttccatt ttttataagt aagtacttaa atataaagca 180

ttttcataaaa tatcaataaaa ggattagtt atg gca gca gag ctt aca aca gcg      233
                               Met Ala Ala Glu Leu Thr Thr Ala
                               1                               5

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

      10                      15                      20

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

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

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

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

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

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

```

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

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

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

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

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

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

aat aat ttt gca ctt aat tca atg ggt att ttc atg cat ttg gct tgg 905
Asn Asn Phe Ala Leu Asn Ser Met Gly Ile Phe Met His Leu Ala Trp
220 225 230

gct att ttc cat att ctt gtg att acc tta caa gca ttt att ttt atg 953
Ala Ile Phe His Ile Leu Val Ile Thr Leu Gln Ala Phe Ile Phe Met
235 240 245

atg ctt aca gtg gtt tat ttg agt atg ggt tat aac aaa gca gaa cac 1001
Met Leu Thr Val Val Tyr Leu Ser Met Gly Tyr Asn Lys Ala Glu His
250 255 260

taatttttta taaacaaaac cagaccttgg gtctaaattt caatcttatg gagaacatta 1061

tggaacactg taattactac aacaatcatc gcactctgnaa ttnttcttgc t 1112

<210> 2

<211> 264

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 2

Met Ala Ala Glu Leu Thr Thr Ala Gly Tyr Ile Gly His His Leu Ala
1 5 10 15

Phe Leu Lys Thr Gly Asp Ser Phe Trp His Val His Leu Asp Thr Leu

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

<210> 3

<211> 1972

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (364)..(1230)

<220>

<223> atpG

<400> 3

agcggggccat ttggctcagt tcggcttcgg attccttatga tgcacacgta agcaattatc 60

acatgggtcaa aaagtaactg aattattgaa acaaaaccaa tactctccgt tatctgtagc 120

acaacaagca ttagtggttat ttgcagtaga gtttggttac ttagaagaag tggacttaga 180

tcgtattggg tcatattgaat cagcactttt agagtatgct aaccataact atgctgattt 240

tatgcgtgag ttaacccaat ctggcaatta caatgatgaa attaaagagt cattaaaagg 300

cattttggat agcttcaaag caaacagtgc gtggtaagtt aacactttta atggagagac 360

aaa atg gca ggt gct aaa gag ata aga acc aaa atc gcg agt gta aaa	408
Met Ala Gly Ala Lys Glu Ile Arg Thr Lys Ile Ala Ser Val Lys	
1 5 10 15	

agt aca caa aaa att act aaa gcg atg gaa atg gtt gct gcc tcg aaa	456
Ser Thr Gln Lys Ile Thr Lys Ala Met Glu Met Val Ala Ala Ser Lys	
20 25 30	

atg cgt aaa acg caa gaa cgc atg tct tct tca cgc cct tat tca gaa	504
Met Arg Lys Thr Gln Glu Arg Met Ser Ser Ser Arg Pro Tyr Ser Glu	
35 40 45	

aca ata cgt aac gtg att agc cac gtt tcc aaa gca acg att ggt tac	552
Thr Ile Arg Asn Val Ile Ser His Val Ser Lys Ala Thr Ile Gly Tyr	
50 55 60	

aag cat cca ttt tta gtg gat cgc gaa gta aaa aaa gtg ggc atg att	600
Lys His Pro Phe Leu Val Asp Arg Glu Val Lys Lys Val Gly Met Ile	
65 70 75	

gtt gtg tcc aca gat cgt ggt ctt tgt ggt ggc tta aac gtg aac ttg	648
Val Val Ser Thr Asp Arg Gly Leu Cys Gly Gly Leu Asn Val Asn Leu	
80 85 90 95	

ttt aaa act gta tta aat gaa atg aaa gaa tgg aaa gaa aaa gat gtt	696
Phe Lys Thr Val Leu Asn Glu Met Lys Glu Trp Lys Glu Lys Asp Val	
100 105 110	

tcc gtt caa ttg agt tta atc ggt tct aaa tct atc aac ttt ttc caa	744
Ser Val Gln Leu Ser Leu Ile Gly Ser Lys Ser Ile Asn Phe Phe Gln	
115 120 125	

tct ttg gga att aaa att tta acc caa gat tca ggt att ggt gat act 792
 Ser Leu Gly Ile Lys Ile Leu Thr Gln Asp Ser Gly Ile Gly Asp Thr
 130 135 140

ccc tct gtt gag cag tta att ggt tca gtc aat tct atg att gat gct 840
 Pro Ser Val Glu Gln Leu Ile Gly Ser Val Asn Ser Met Ile Asp Ala
 145 150 155

tat aaa aaa ggg gaa gta gat gtt gtg tat tta gtt tat aac aaa ttt 888
 Tyr Lys Lys Gly Glu Val Asp Val Val Tyr Leu Val Tyr Asn Lys Phe
 160 165 170 175

att aac acg atg tcg caa aag cca gta ttg gaa aaa tta att cca tta 936
 Ile Asn Thr Met Ser Gln Lys Pro Val Leu Glu Lys Leu Ile Pro Leu
 180 185 190

cca gaa tta gat aat gat gaa tta ggc gaa aga aaa caa gtt tgg gat 984
 Pro Glu Leu Asp Asn Asp Glu Leu Gly Glu Arg Lys Gln Val Trp Asp
 195 200 205

tat att tac gaa cct gat gcg aaa gta tta tta gat aat tta ttg gtt 1032
 Tyr Ile Tyr Glu Pro Asp Ala Lys Val Leu Leu Asp Asn Leu Leu Val
 210 215 220

cgt tat tta gaa tct cag gtt tat caa gca gca gtt gaa aac ctt gct 1080
 Arg Tyr Leu Glu Ser Gln Val Tyr Gln Ala Ala Val Glu Asn Leu Ala
 225 230 235

tct gag caa gcc gct cga atg gtc gcc atg aaa gca gca aca gat aac 1128
 Ser Glu Gln Ala Ala Arg Met Val Ala Met Lys Ala Ala Thr Asp Asn
 240 245 250 255

gca ggt aac tta att aat gag tta cag tta gtc tat aac aaa gct cgt 1176
 Ala Gly Asn Leu Ile Asn Glu Leu Gln Leu Val Tyr Asn Lys Ala Arg
 260 265 270

caa gca agt att aca aat gaa tta aat gaa att gtt gcc ggt gca gca 1224
 Gln Ala Ser Ile Thr Asn Glu Leu Asn Glu Ile Val Ala Gly Ala Ala
 275 280 285

gca att taacaaatag aggatcggta atggcaactg gaaaaattgt acaaatacatc 1280
 Ala Ile

ggtgcggtta ttgacgttga attcccacaa gatgcagtac caaaagtata tgatgcctta 1340

aatgttgaaa caggttttagt acttgaagtt caacaacaat taggtgggtgg tgtagttcgc 1400

tgtatcgcaa tgggatcatc tgatggatta aaacgcgggtt taagcgtaac aaatacgaat 1460

aaccaatttt ctgttccagt gggaacgaaa acattgggtc gtatcatgaa cgtattgggt 1520

gaaccaatcg atgagcaagg tgaaatcggg gcagaagaga attggtctat tcaccgtgcg 1580
ccaccaagtt atgaagaaca atctaacagt actgaacttt tagaaacggg aattaaagtt 1640
atcgacttag tttgtccggt tgcgaaaggg ggtaaagtag gtttattcgg tggcgcgggg 1700
gtcggtaaaa ccgtaaatat gatggaatta atccgtaaca tcgcaattga gcactcaggt 1760
tactctgtct ttgcgggggt aggtgagcgt acgcgtgaag gtaacgactt ctatcatgag 1820
atgaaagact ctaacgtatt agataaagtg tctcttgttt atggtcaa at gaacgagcca 1880
ccaggtaacc gtttacgtgt ggcattaaca ggcttaacta tggcggaaaa attccgtgat 1940
gaaggtcgtg atgtcttatt cttcgttgat aa 1972

<210> 4

<211> 289

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 4

Met Ala Gly Ala Lys Glu Ile Arg Thr Lys Ile Ala Ser Val Lys Ser
1 5 10 15

Thr Gln Lys Ile Thr Lys Ala Met Glu Met Val Ala Ala Ser Lys Met
20 25 30

Arg Lys Thr Gln Glu Arg Met Ser Ser Ser Arg Pro Tyr Ser Glu Thr
35 40 45

Ile Arg Asn Val Ile Ser His Val Ser Lys Ala Thr Ile Gly Tyr Lys
50 55 60

His Pro Phe Leu Val Asp Arg Glu Val Lys Lys Val Gly Met Ile Val
65 70 75 80

Val Ser Thr Asp Arg Gly Leu Cys Gly Gly Leu Asn Val Asn Leu Phe
85 90 95

Lys Thr Val Leu Asn Glu Met Lys Glu Trp Lys Glu Lys Asp Val Ser
100 105 110

Val Gln Leu Ser Leu Ile Gly Ser Lys Ser Ile Asn Phe Phe Gln Ser
115 120 125

Leu Gly Ile Lys Ile Leu Thr Gln Asp Ser Gly Ile Gly Asp Thr Pro
130 135 140

Ser Val Glu Gln Leu Ile Gly Ser Val Asn Ser Met Ile Asp Ala Tyr
145 150 155 160

Lys Lys Gly Glu Val Asp Val Val Tyr Leu Val Tyr Asn Lys Phe Ile
165 170 175

Asn Thr Met Ser Gln Lys Pro Val Leu Glu Lys Leu Ile Pro Leu Pro
180 185 190

Glu Leu Asp Asn Asp Glu Leu Gly Glu Arg Lys Gln Val Trp Asp Tyr
195 200 205

Ile Tyr Glu Pro Asp Ala Lys Val Leu Leu Asp Asn Leu Leu Val Arg
210 215 220

Tyr Leu Glu Ser Gln Val Tyr Gln Ala Ala Val Glu Asn Leu Ala Ser
225 230 235 240

Glu Gln Ala Ala Arg Met Val Ala Met Lys Ala Ala Thr Asp Asn Ala
245 250 255

Gly Asn Leu Ile Asn Glu Leu Gln Leu Val Tyr Asn Lys Ala Arg Gln
260 265 270

Ala Ser Ile Thr Asn Glu Leu Asn Glu Ile Val Ala Gly Ala Ala Ala
275 280 285

Ile

<210> 5

<211> 1357

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(813)

<220>

<223> cap5E

<400> 5

gtc gac tat att tat cat gct gcc gca tta aag caa gtg cct tca tgc 48
Val Asp Tyr Ile Tyr His Ala Ala Ala Leu Lys Gln Val Pro Ser Cys
1 5 10 15

gag ttt tat ccg tta gag gca gtg aaa acc aat att tta ggt acg gca 96
Glu Phe Tyr Pro Leu Glu Ala Val Lys Thr Asn Ile Leu Gly Thr Ala
20 25 30

aat gtc tta gaa gcc gcc atc caa aac cag ata aaa cgc gtc gtc tgt 144
Asn Val Leu Glu Ala Ala Ile Gln Asn Gln Ile Lys Arg Val Val Cys

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

245	250	255	
ttc ata cag aaa atg att gag ggt gaa tac atc tca ccg gag gta			813
Phe Ile Gln Lys Met Ile Glu Gly Glu Tyr Ile Ser Pro Glu Val			
260	265	270	
taaaaatgaa agtcttagta actggttcaa atggttttat tgcgaaaaat ctgattcagt 873			
ctttatctga ggaacaagat attgagattt tatgttatca ccgtcaatcc tctgagaaaa 933			
cgcttattca tcatgtattg agtgctgatt ggattattca tcttgccgggt gcgaatcgtc 993			
cacctgaaga acaagaattht atgacatcaa atacacaatt gacggaaaaa atttgccgta 1053			
ttttacagcg tcatcagaaa aaaacgcctt tggttatattc ctctagcatt caagtagaaa 1113			
gtcccaaaaat aagtacttat tcgcaaacca aattagaaaag tgaatatcat gttcatcaat 1173			
tacataaaga aaatggtaat ccgatttata tctgccgttt agctaattgtc tttggcaaatt 1233			
ggtcacgacc tcactataac tcggtagtcg ccacattttg ccataactta attcatgatt 1293			
taccatcga aattcatgat catactgcag aaataaggct catttatatt gatgatgtcg 1353			
ttga 1357			

<210> 6

<211> 271

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 6

Val	Asp	Tyr	Ile	Tyr	His	Ala	Ala	Ala	Leu	Lys	Gln	Val	Pro	Ser	Cys
1				5					10					15	

Glu	Phe	Tyr	Pro	Leu	Glu	Ala	Val	Lys	Thr	Asn	Ile	Leu	Gly	Thr	Ala
			20					25					30		

Asn	Val	Leu	Glu	Ala	Ala	Ile	Gln	Asn	Gln	Ile	Lys	Arg	Val	Val	Cys
		35					40					45			

Leu	Ser	Thr	Asp	Lys	Ala	Val	Tyr	Pro	Ile	Asn	Ala	Met	Gly	Ile	Ser
	50					55					60				

Lys	Ala	Met	Met	Glu	Lys	Val	Ile	Ile	Ala	Lys	Ser	Arg	Asn	Leu	Glu
65					70					75				80	

Gly	Thr	Pro	Thr	Thr	Ile	Cys	Cys	Thr	Arg	Tyr	Gly	Asn	Val	Met	Ala
					85				90					95	

Ser	Arg	Gly	Ser	Val	Ile	Pro	Leu	Phe	Val	Asp	Gln	Ile	Arg	Gln	Gly
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

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

<210> 7

<211> 6132

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (4032) .. (4727)

<220>

<223> devB

<400> 7

gtcaacaatt accgcacttt agtggagtaa ataacaatgg cgaaaaagaa taacgggcat 60

gaaaaagagg atgatgttcg cctagataaa tggctttggg ctgcccgttt ttataaaaca 120

cgtacttttag caaaagacat gattgatggc ggtaaagtgc attataatgg gcagcgcacg 180

aaaccaata aaacggttga aattggtggt gtgatcaaac ttcgtcaagg taatgacgaa 240
 aaagaagtgg aagtgcttgc gctttctacg caacgtcgtg gggcgccaga agcacaattg 300
 ttgtatcaag aaacagaaaa aagccttgaa caacgtgcga aaatggcgat tgcacgtaag 360
 attaatgcat taacgatgcc gcacctgat cgtcgcccgga ataaaaaaga gcggcgtgat 420
 ttattgaaat ttaaacaatca agatagcttt tcatcttgat gatgtgattt acctactttt 480
 cttattaaag aaaggaatat ggggaagctg tgtgcttgcc cttaacctga ataaaggctt 540
 tttatgacag acaacacaga caatgacaaa ctgtatcgct accttttcca agatcgcgcg 600
 gtgcgcggtg aatgggtacg gttaaaccac acgtttactg atacgttaaa tacacatcaa 660
 tatccgaaaag tcatccaaaa cttgctcggt gaaatgatgg tggcgaccag tttattgacg 720
 gcgacgttaa aatttgaagg ggatattact gttcaagtac aaggtgatgg accattaaaa 780
 ttagcattag ttaatggcaa tcatcagcag caaatcgcg cattagcgcg tttacaagcg 840
 gatgtcagtg atgatatgag tttggcgcaa ttagtcggga aaggggtatt agtgattacg 900
 attgcaccga cagaaggcga gcgttaccaa ggcgtgattg cgtagataa gccaaccatt 960
 actgcctgtc ttgaagatta ttttgtcgtc tcagaacaat tgcaaacca gcttattatt 1020
 cgtgctggcg aatttgaagg acaacctgtg gcagccggta tggtgttaca aattatgccg 1080
 gacggttcag gttctccaga ggattttgaa cacttagcaa cattggcagc gacggtgaaa 1140
 gaggaagaac tatattggtt aacagcagaa gaattattgt accgtttata tcatgaagag 1200
 cgtgttgaaa ttttcccttc acagccgac tcatttttct gtggctgctc acaagaacgt 1260
 tctggtgccg cattgttggt gatttctgat gaagaattgg atgaagtctt ggcagagcat 1320
 aacggtacca ttgatatgca gtgtgaatgt tgtgggacgc attatttctt caataaagca 1380
 gcgattatgc aattgaaagt agaaaaataa gtcttggtat tatggatttt gttgcaggct 1440
 atcaagatat ttgatagcct gtttttcctt tgcagcaaac gattttatga gaaaaacgcc 1500
 gtcttctcac acagtagttt aggtattgca tagcatgaag cgggaaacta tgtttggcgc 1560
 ttgtctgttt aaaaagggtta tctatgttag cactttcacc atcattactt gaaaaaacac 1620
 ttgaaatcgc ggatcaagca ggagattttt taacgcgatt ttataccgac tcagggcaaa 1680
 atgcgttagc aattcaaacc aaacaagata acacgccagt gactgccgtg gatttatattt 1740

tgagtcaatt ttttaattgaa aaattgaccg cactgacacc tgaggtcccg attctttccg 1800
 aagagagttg taaaatcccc ttacaagatc gtgcacattg ggcagaatat tggttaattg 1860
 acccactcga tggaacccaa caatttatta atcgaccga tcaattttcc attttgatta 1920
 cacttgacca acacaatcaa cccgtcttaa gcattacca tgcccctatt ttacaaacga 1980
 cctattatgc tatgcagggc tttggtgctt acagaaggca gggcaatcaa caagaaaagc 2040
 taaacaacca agcgcgacct gagcagcgaa aaatcaaat tgctgtggga gtcgggggagc 2100
 ttgaacggaa aattcagccc ttgttaaatac cagcttatca atatgaattt ttggtttatg 2160
 gttcaagtgg cttaaaaggc ggcttagtgg ccgatggcac ttgtgattgc tatattcgag 2220
 taggaaaaac gggatgaatgg gatacggggg cggtgaaat cctcttacgt gaaatgggag 2280
 gtgctgtgtt tgactttgct tttcaaccgc ttagctataa tcagagagaa agttttatta 2340
 atcccaattt tgtgatggta gcgaatacag aatttgattg gcagaaaatt tttcaatttc 2400
 attcgacta ggcattattt attataagat gcgatatctt atgacctcta tttttaacaa 2460
 acggatttca ggaaaaaaat gaaaattgaa gcagacaaca attgtattgt aatttttggt 2520
 gcatcaggtg atttaactta tcgtaaattg attcctgcac tgtataactt atataaaatc 2580
 ggtcgtttga ctgagcattt ctccgtgtta ggtgtggcaa gaacggaatt aagtgatgag 2640
 ggtttccgtg aaaaaatgcg ccaagcgttg atcaaaagtg aaaaagcgaa tggcgaaaca 2700
 ctcgatcaat tttgtagcca cttttattat caggcattaa ataccgcgga tgctgccgat 2760
 tatggcaagt taattcctcg tcttgatgac ttacatgata aatatcaaac ttgtggtaac 2820
 acactttact atttatctac gccgccaagc ctttatggcg tgattccaga atgccttgcg 2880
 gcacatgggt taaatactga agagtttggc tggaagcggg taattgtgga aaaaccgttt 2940
 gggttatgata tacgcacggc aaaagaactc gatattcaaa ttcaccgttt ctttgatgaa 3000
 caccaaattt atcgatttga ccactatctt ggtaaagaaa cggttcaaaa tctgcttggtg 3060
 ttgctgtttt ctaatggatg gtttgaacca ctctggaacc gtaatttcat tgattatatt 3120
 gaaatcacgg gcgcagaatc tatcgggtgta gaagagcgtg gtggttatta cgatgattct 3180
 ggcgcaatgc gtgatattgt ccaaaacat ttgttgcaag tgtagccat ggttgcgatg 3240
 gagccaccag caattattaa tgccgactca atgcgtgatg aagtggcaaa agtcttgat 3300

tgtttacatc cattaagtga ggatgactta gaaaatcatt tagtcttagg gcaatatacg 3360
 gcaggcacag ttgaagggtga agcgggttaag ggctacttac aggaaaaagg tgtgccggca 3420
 gagtctaata cggaaaactta catggcatta cgttgtgaaa ttgacaactg gcgttgggcg 3480
 ggtgtgccat tttatgtgcg tactgggaaa cggttaccaa gtcgagtgac cgaaattgtg 3540
 attcatttca aaaccacacc acatccggta tttagccaaa aagcaccaga aaacaaatta 3600
 attatccgta ttcaaccgga tgaagcgatt tcgatgcggt ttggtttgaa aaaaccggga 3660
 gcagggttttg aagcaaaaaga agtgtcgatg gattttccggt atgcggatct tgcctcacca 3720
 agcttactga ccgcttatga gcgtttatta ttggattcta tgaaaggcga tgccactttg 3780
 tttgcgcgta ctgatgcggt acatgcctgt tggcagtttg tggagccgat ttacaatat 3840
 aaagcacaaa atgggcgtgt ttatgagtat gaagccggta cttggggacc gacagaagcc 3900
 gacaaaactga tcgcgaaaac gggtcgtggt tggcgtaaac caagtggatt aatgaaaaag 3960
 aaagtgtaat gtccgcctct ttcgtaagaa atgcgagggg ctaatgtgag cagattgagt 4020
 aaggaaagat c atg aat aca atc att ttt gac agt gca cag cat gcc gta 4070
 Met Asn Thr Ile Ile Phe Asp Ser Ala Gln His Ala Val
 1 5 10
 gag aaa att gca caa gaa ttg tta gcg tat agc tta gaa ggt cgc cct 4118
 Glu Lys Ile Ala Gln Glu Leu Leu Ala Tyr Ser Leu Glu Gly Arg Pro
 15 20 25
 gtg cat att tcc tta tcc gga ggc tca acg ccg aaa ttg tta ttt aaa 4166
 Val His Ile Ser Leu Ser Gly Gly Ser Thr Pro Lys Leu Leu Phe Lys
 30 35 40 45
 act tta gct caa gca ccg tat aac acc gag att caa tgg aaa aat ttg 4214
 Thr Leu Ala Gln Ala Pro Tyr Asn Thr Glu Ile Gln Trp Lys Asn Leu
 50 55 60
 cat ttt tgg tgg ggc gat gat cgt atg gtg cca cca acc gat cca gaa 4262
 His Phe Trp Trp Gly Asp Asp Arg Met Val Pro Pro Thr Asp Pro Glu
 65 70 75
 agt aat tac ggc gag gtg caa aaa ttg tta ttc gat cat att cag atc 4310
 Ser Asn Tyr Gly Glu Val Gln Lys Leu Leu Phe Asp His Ile Gln Ile
 80 85 90
 cct gca gaa aat att cac cgc att cgt ggt gaa gcc ccc gtt gag agt 4358
 Pro Ala Glu Asn Ile His Arg Ile Arg Gly Glu Ala Pro Val Glu Ser
 95 100 105

gaa ctt cac cgt ttt gaa caa gcg cta agt gcg gtc att cct ggg caa 4406
 Glu Leu His Arg Phe Glu Gln Ala Leu Ser Ala Val Ile Pro Gly Gln
 110 115 120 125

gtt ttt gat tgg att att ttg ggc atg gga acg gac ggg cac acg gcc 4454
 Val Phe Asp Trp Ile Ile Leu Gly Met Gly Thr Asp Gly His Thr Ala
 130 135 140

tca tta ttc ccg cat caa acc gat ttt gac gat cct cat ttc gcc gtg 4502
 Ser Leu Phe Pro His Gln Thr Asp Phe Asp Asp Pro His Phe Ala Val
 145 150 155

atc gcg aaa cac cct gaa aca ggg caa att cgt att tca aaa aca gcg 4550
 Ile Ala Lys His Pro Glu Thr Gly Gln Ile Arg Ile Ser Lys Thr Ala
 160 165 170

aaa ttg att gaa caa gca aag cgg gtg acc tat ttg gtg aca ggt agc 4598
 Lys Leu Ile Glu Gln Ala Lys Arg Val Thr Tyr Leu Val Thr Gly Ser
 175 180 185

agt aaa gcc gag atc tta aaa gaa att caa act act ccg gca gaa caa 4646
 Ser Lys Ala Glu Ile Leu Lys Glu Ile Gln Thr Thr Pro Ala Glu Gln
 190 195 200 205

ctg cct tat cct gct gcg aaa atc aaa gcg aag cat ggg gtg acg gaa 4694
 Leu Pro Tyr Pro Ala Ala Lys Ile Lys Ala Lys His Gly Val Thr Glu
 210 215 220

tgg tat ttg gat aag gat gcg gca aaa tta ctg taatgcgtcg tgagattttt 4747
 Trp Tyr Leu Asp Lys Asp Ala Ala Lys Leu Leu
 225 230

caacattttt gcaaagagac ttgaaacaaa atagaccata gcgttcgttt tcaacgagtg 4807

ctgaaaatga aggctctcgt tgaaaatggc gccatttagt gggtaagctt aaggttcgtc 4867

cagacagcgc tatcaaaagg gtaaaagaat gtatcaactc tattttaatc caccaaaatc 4927

ttcatggtca ttacgcgttt ggggtgttatt gaaagaactg gcaattcctt ttgagcctaa 4987

aattgtacgt tatttgatg atttaagtga acaacgcaa caatttaagg cgttttcgcc 5047

gacttcaaaa atcccagtat tgcattgctga tgggtgttgc atttgggaca gtttagcgat 5107

tatcgagttt ttggcagaaa gttatcgcga cgtgtgggag caagataagg cgacaagagc 5167

gtggtcacgt tctgcttggt ctgaaatgca ctctggcttt gaaaatttgc gtgaaatgtg 5227

tgatttcgcc ctttagctc gcaaaccgtt acaagaaatg cccgctgtgt taagccaaga 5287

gctaacaagg cttaatcaat tattagaaga agggttaaca aatcacactg ggcgatttaa 5347

tgcaaacctc cagtgcctttt ggctcgagtag aatcctcggt gtcttttttc cgtaattcct 5407
atgatgactt tgccgcttat cgtgcggtgt taaatcggtt aactggcttt catagcgca 5467
ttaaagcggc taatcgccca agcaaattag tgctcacaga aagtcgtcat gatattgggt 5527
ttcatgatct caacgtagag accccgcaag gaaaaacctt aattgacaag ctcaacctac 5587
aatttcctct cggtagatgg ttattaattc aaggacattc tgggtgtaggg aaaacaacct 5647
tgtaagaac cattgcggga ctatggcctt atgctagtgg gacaattcaa cgtccacaac 5707
aagatactct gtttctttct caaaaacctt atttgccaca aggtcgccta cttgatgccc 5767
tattttatcc tgaactggcg cctgaagacg tgaatgagca acaagttata gacatactcg 5827
cgaaagtaca actcgggcat ttaagcgata aactagaaca agaaaatgat tggacacggg 5887
tactctcttt aggtgaacaa caacgtctgt cgtttgctcg cattttattg cataaaccta 5947
ctgttggttt cttagatgaa gccactgcca gcatggatga aggactggaa gatgcgatgt 6007
accgcttact gaaagatgaa ctgcctcaga ttactgtgat cagtgttgga caccgttcga 6067
cgtaattcc gcaccattca cagcaattac acattcaata acaagacagg gcgttggtgga 6127
gtcga 6132

<210> 8

<211> 232

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 8

Met Asn Thr Ile Ile Phe Asp Ser Ala Gln His Ala Val Glu Lys Ile
1 5 10 15

Ala Gln Glu Leu Leu Ala Tyr Ser Leu Glu Gly Arg Pro Val His Ile
20 25 30

Ser Leu Ser Gly Gly Ser Thr Pro Lys Leu Leu Phe Lys Thr Leu Ala
35 40 45

Gln Ala Pro Tyr Asn Thr Glu Ile Gln Trp Lys Asn Leu His Phe Trp
50 55 60

Trp Gly Asp Asp Arg Met Val Pro Pro Thr Asp Pro Glu Ser Asn Tyr
65 70 75 80

Gly Glu Val Gln Lys Leu Leu Phe Asp His Ile Gln Ile Pro Ala Glu
85 90 95

Asn Ile His Arg Ile Arg Gly Glu Ala Pro Val Glu Ser Glu Leu His
 100 105 110

Arg Phe Glu Gln Ala Leu Ser Ala Val Ile Pro Gly Gln Val Phe Asp
 115 120 125

Trp Ile Ile Leu Gly Met Gly Thr Asp Gly His Thr Ala Ser Leu Phe
 130 135 140

Pro His Gln Thr Asp Phe Asp Asp Pro His Phe Ala Val Ile Ala Lys
 145 150 155 160

His Pro Glu Thr Gly Gln Ile Arg Ile Ser Lys Thr Ala Lys Leu Ile
 165 170 175

Glu Gln Ala Lys Arg Val Thr Tyr Leu Val Thr Gly Ser Ser Lys Ala
 180 185 190

Glu Ile Leu Lys Glu Ile Gln Thr Thr Pro Ala Glu Gln Leu Pro Tyr
 195 200 205

Pro Ala Ala Lys Ile Lys Ala Lys His Gly Val Thr Glu Trp Tyr Leu
 210 215 220

Asp Lys Asp Ala Ala Lys Leu Leu
 225 230

<210> 9

<211> 2438

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (1635) .. (2396)

<220>

<223> dnaA

<400> 9

gacccaatgc ttgccaccgg cggctctatg attgcgacaa tcgatcttct aaaagcgaaa 60

ggctgtaaac acattaaaagt gctcgtgtta gtcgccgcgc ctgaaggcat taaagcatta 120

gaagctgcgc accctgatat cgaattatat accgcatcag ttgatagtca cttaaataa 180

caaggctata ttattccagg tcttggtgat gccggtgata aaatTTTTGG cactaaataa 240

tcccaacaca agcggcatct tatgccgctt ttttccgttc aatttatagc gttacaatc 300

ttaacagctt gaacactata aaatgaaaag ttaattcaga cagagagttg aaacttaaca 360
 tgacaaatca aaatccccct gttcttctag aacaaaatca cgcaaaacaa gccttcggtg 420
 ggctacaaat gcttttttggt gccttcggtg ctttagtcct tgttcccctg attacggggt 480
 taaatgccaa tactgcctta ttgaccgcag ggattgggac actcttattc caactttgta 540
 ctggacgcca agtcccaatt ttcttagcct cttcctttgc ttttattgca ccaattcaat 600
 atggcggtggc aacatggggc attgctacta ctatgggggg gctgggtgtt actggactgg 660
 tttattttgc cctcagtacg ttagtcaaaa ttaaagggtgc tgggtgcttta caaaaagtct 720
 ttccgccagt agttgttggt cccgttatta tcatcatcgg tatgggactt gccctgttg 780
 ccgtggacat ggcattaggt aaaaacagca cttatcaata taacgatgcc gtattcggtt 840
 cgatggcaac attattgaca acgttaggtg ttgcggtgtt tgctaaaggc atgatgaaat 900
 taattcctat catgtttggt attgtcgtcg gctatatacct ctgcttattc ttaggcttaa 960
 ttaatttcca acctgtcatt gatgcacctt ggttttagtgt gccagaaatt actaccctg 1020
 aatttaaatt agaagctatt ctttatttat taccgattgc tatcgcccca gcagttgagc 1080
 atgtcgggtg gatcatggca atcagttcgg tgacagggaa agacttccta caaaaaccag 1140
 gattacatcg cactttatta ggggatggta ttgcaacgag tgccgcctca ttcttaggag 1200
 gaccacctaa tacaacttat gctgaagtca ctggtgctgt catgcttacg cgcaacttta 1260
 accctaaaat catgacatgg gcagccgttt gggcaattgc gatttccttc tgtggtaaag 1320
 tcggggcttt cctctctacc attccaacta ttgtcatggg tggcattatg atgttagtgt 1380
 ttggctctat cgccgtagtc ggtatgagta cactgatccg tggtaaagtg gatgtaacag 1440
 aagcgcgtaa tctgtgtatt atttccgttg tgatgacgtt tggcatcggg ggtatgtttg 1500
 tgaactttgg agaagtctcc ttaaaaggga ttagtttatg cgccgttgtc gcgattttac 1560
 tcaacttaat cttacccaaa gccaaaaaca cccaataga agaaaatcga taagagaaaa 1620
 ttaagggtta agtc ttg ctt aac cct tca ttt ttc gtt tat cct tat tct 1670
 Leu Leu Asn Pro Ser Phe Phe Val Tyr Pro Tyr Ser
 1 5 10
 cct ttt ttc gat ttt gta ggt tgc ttt ttg tta gaa aat ttc caa tta 1718
 Pro Phe Phe Asp Phe Val Gly Cys Phe Leu Leu Glu Asn Phe Gln Leu
 15 20 25

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

tta caa gcc caa cgt aaa tta acg att ccc ttt gta aaa gaa att tta 2390
 Leu Gln Ala Gln Arg Lys Leu Thr Ile Pro Phe Val Lys Glu Ile Leu
 240 245 250

aag cta taaaaaaaga ccacctcttt atcaggtgat ctttcttgtc ga 2438
 Lys Leu

<210> 10

<211> 254

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 10

Leu Leu Asn Pro Ser Phe Phe Val Tyr Pro Tyr Ser Pro Phe Phe Asp
 1 5 10 15

Phe Val Gly Cys Phe Leu Leu Glu Asn Phe Gln Leu Pro Leu Pro Ile
 20 25 30

His Gln Leu Asp Asp Glu Thr Leu Asp Asn Phe Tyr Pro Asp Asn Asn
 35 40 45

Leu Leu Leu Leu Asn Ser Leu Arg Lys Asn Phe Thr Cys Leu Thr Gln
 50 55 60

Gln Phe Phe Tyr Ile Trp Gly Glu Gln Ser Ser Gly Lys Ser His Leu
 65 70 75 80

Leu Lys Gly Ile Thr His His Phe Phe Leu Leu Gln Arg Pro Ala Ile
 85 90 95

Tyr Val Pro Leu Glu Lys Ser Gln Tyr Phe Ser Pro Ala Val Leu Glu
 100 105 110

Asn Leu Glu Gln Gln Gln Leu Val Cys Leu Asp Asn Leu Gln Ala Ile
 115 120 125

Ile Gly Asn Thr Glu Trp Glu Leu Ala Ile Phe Asp Leu Phe Asn Arg
 130 135 140

Ile Lys Ser Val Glu Asn Thr Leu Leu Val Ile Ser Ala Asn Gln Ser
 145 150 155 160

Pro Thr Ala Leu Pro Val Ser Leu Pro Asp Leu Ala Ser Arg Leu Arg
 165 170 175

Trp Gly Glu Ser Tyr Gln Leu Val Pro Leu Asn Asp Gln Gln Lys Ile
 180 185 190

His Val Leu Gln Lys Asn Ala His Gln Arg Gly Ile Glu Leu Pro Asp

195

200

205

Glu Val Ala Asn Phe Leu Leu Lys Arg Leu Glu Arg Asp Met Lys Thr
210 215 220

Leu Phe Glu Ala Leu Ser Lys Leu Asp Lys Ala Ser Leu Gln Ala Gln
225 230 235 240

Arg Lys Leu Thr Ile Pro Phe Val Lys Glu Ile Leu Lys Leu
245 250

<210> 11

<211> 2060

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (856) .. (1389)

<220>

<223> dsbB

<400> 11

gaattcttct tacgtatgct ccagtcacg ttgccagttc tcatttgtgg tttagtgacc 60
tgcttcttag tggaaaaatt tgggtgtattt ggctatggcg ccaaattgcc acgtaaagta 120
tggggcatct tggcaaagtt tgatcgcaat aatcaacaaa aaatgtcacg acaagatcgt 180
ttgaaacttt ttgtgcaagc ttttaattggt atttggttgg ttgttggact cgcattccat 240
ctcgccgccg tcggtatcat tgggtttaacg gtgattattt tggctacttc attttgtggt 300
gtcaccagcg agcatgctat tggtaaagcc tttcaggaat ccttaccctt cacagcattg 360
ttagtgggtgt tcttctcggt tgttgccgtc atcattgacc aacatctgtt tgcgccaatt 420
attcagtttg tgctggctgc cagtgaacat actcagcttg ctcttttcta tatttttaac 480
ggtttgttat ccgccatttc agataatgtg tttgtggcca cagtttatat caatgaaacc 540
aaagcgcat tagaggctgg cttaattgct caaccacaat atgaattact ggcagtagca 600
attaataccg gtaccaatct tccttctggt gcaaccccaa atgggtcaagc cgcattctta 660
tttttattga cctcatcact ggcaccatta attcgtcttt cttatggtag aatggtttat 720
atggcattgc cttataccat cgtattatoc tgtattgggt tattgactgt ggaatatatt 780
ttgcctggcg caaccaatgt gtcattcaa attggtttat taaaaccaat gtaatgacaa 840

gtaaaaggag gaaac atg cta agc ttt ttt aag aca ctc tca aca aaa cga 891
Met Leu Ser Phe Phe Lys Thr Leu Ser Thr Lys Arg
1 5 10

agt gca tgg ttt cta ttg ttt agc tca gct tta cta tta gag gct atc 939
Ser Ala Trp Phe Leu Leu Phe Ser Ser Ala Leu Leu Leu Glu Ala Ile
15 20 25

gct ctt tat ttt caa cat ggc atg ggg ctc gcc cct tgt gtc atg tgt 987
Ala Leu Tyr Phe Gln His Gly Met Gly Leu Ala Pro Cys Val Met Cys
30 35 40

att tac gag agg gta gct att ctt ggc att gct ttc tcc ggt tta ttg 1035
Ile Tyr Glu Arg Val Ala Ile Leu Gly Ile Ala Phe Ser Gly Leu Leu
45 50 55 60

ggg tta ctc tac ccg agt tcg atg ctt ttg cgc ctt gtg gcg tta tta 1083
Gly Leu Leu Tyr Pro Ser Ser Met Leu Leu Arg Leu Val Ala Leu Leu
65 70 75

att ggt tta agc agt gca atc aaa ggc tta atg att agc atc acc cat 1131
Ile Gly Leu Ser Ser Ala Ile Lys Gly Leu Met Ile Ser Ile Thr His
80 85 90

tta gat cta caa ctt tac cct gca cct tgg aaa caa tgt tca gcg gtg 1179
Leu Asp Leu Gln Leu Tyr Pro Ala Pro Trp Lys Gln Cys Ser Ala Val
95 100 105

gca gaa ttt ccc gag act tta ccc tta gat cag tgg ttt cct gca ctc 1227
Ala Glu Phe Pro Glu Thr Leu Pro Leu Asp Gln Trp Phe Pro Ala Leu
110 115 120

ttc ctc cct tca ggc tca tgc agt gaa gta aca tgg caa ttt ctc ggc 1275
Phe Leu Pro Ser Gly Ser Cys Ser Glu Val Thr Trp Gln Phe Leu Gly
125 130 135 140

ttt tct atg gtg caa tgg atc gtc gtc att ttt gca ctc tat acc tta 1323
Phe Ser Met Val Gln Trp Ile Val Val Ile Phe Ala Leu Tyr Thr Leu
145 150 155

tta ctt gct ctc att ttc atc agc caa gtc aaa cgt cta aaa ccc aag 1371
Leu Leu Ala Leu Ile Phe Ile Ser Gln Val Lys Arg Leu Lys Pro Lys
160 165 170

cag cgc aga ctc ttt cat taagtcataa aaaatggtgc gataaagcac 1419
Gln Arg Arg Leu Phe His
175

catttttcat ttctcgttcg gtatagatta aatttcttgc acgacaaact gcagggaatg 1479

tcttgctaataatcttgctt tacgctgctt taagcggtttt aaacgtaatg cgcgtccttg 1539

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

<210> 12

<211> 178

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 12

Met Leu Ser Phe Phe Lys Thr Leu Ser Thr Lys Arg Ser Ala Trp Phe
1 5 10 15

Leu Leu Phe Ser Ser Ala Leu Leu Leu Glu Ala Ile Ala Leu Tyr Phe
20 25 30

Gln His Gly Met Gly Leu Ala Pro Cys Val Met Cys Ile Tyr Glu Arg
35 40 45

Val Ala Ile Leu Gly Ile Ala Phe Ser Gly Leu Leu Gly Leu Leu Tyr
50 55 60

Pro Ser Ser Met Leu Leu Arg Leu Val Ala Leu Leu Ile Gly Leu Ser
65 70 75 80

Ser Ala Ile Lys Gly Leu Met Ile Ser Ile Thr His Leu Asp Leu Gln
85 90 95

Leu Tyr Pro Ala Pro Trp Lys Gln Cys Ser Ala Val Ala Glu Phe Pro
100 105 110

Glu Thr Leu Pro Leu Asp Gln Trp Phe Pro Ala Leu Phe Leu Pro Ser
115 120 125

Gly Ser Cys Ser Glu Val Thr Trp Gln Phe Leu Gly Phe Ser Met Val
130 135 140

Gln Trp Ile Val Val Ile Phe Ala Leu Tyr Thr Leu Leu Leu Ala Leu

145	150	155	160
Ile Phe Ile Ser Gln Val Lys Arg Leu Lys Pro Lys Gln Arg Arg Leu			
	165	170	175
Phe His			

<210> 13
 <211> 4426
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

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

<220>
 <223> exbB

<400> 13
 gaattcttga cctggtgtga ggcttttatt gacttccacc ccaattgcgc gttctttcac 60
 tttattaata aagtcacgta ccactggtaa cgccacatcc gcttctaata atgccatgcg 120
 gacttcacgt agcgtttctt taatattgtc atcagttaaa cgtccacgtc cactaatgtt 180
 acgtagcgtt tttgacaagc gatccgacaa attctcaaac atgcaatctt cctattttaat 240
 ctcgaaaaaa ttgccctaata tatactgaaa tcccatagat tttcatcctt tgtaataaat 300
 ttatagcgat ttcacagtga gaaagttaga atggacggag aacaaagggtg aggggaatttc 360
 aatgtggctt tcaatttttt ccgtgttttt ttatctattg agtgtcttac tcattacccc 420
 tatgttggtt aaaattcaag cgggcgaacc cgcacgggtt cccaatagga tgcctttttt 480
 aacggcagca ttactcgcca ttcttctgca ctttatcaat cttattcctc tttttaccga 540
 ttttaaccagc ggtcaaaaatt tctcggttat cgaaatcagt tccttaatca gtgttatgac 600
 agcaacgatc gccacattag cgttttttatt tcgcatacac actttatggt ttttattacc 660
 gattatttat tctttcgcca tcattaatct ggtcctcagt accttaatgc cggcgcattt 720
 tttatatcat cttaatcaag atatgggctt atttattcat gtaggcttat cactgttgac 780
 ttattcggtc tgttcgattg tcgcgttata ttccattcag ttagtttgga tcgatcgcgc 840
 cttaaaaaat aaaaaactgc ctttttcacc aatgattcca ccgttaatga ccgtagagcg 900

ccattttttt cgtttaatgc tgataggtga aatattactc acgattgtcc tcatttcagg 960
gagctaccat ttatcgaaaa cctttgcccc acaagacatc cagaaagctg ttttttcttt 1020
cttggcttgg atagtctttg ggagtgcact ggttgggtcat tggaagctcc attggcgtgg 1080
aaaaaaagtg gtgtattatg cgcttttagg tatcattctc ctgactatcg cctatttttg 1140
tagtcgtgta atgcttgaaa tataaacaag atttatttat gctacgcat agtaaaagtg 1200
cggttcaaaa aacgaaaaaa tgaccgcact tttcgatttt tgattaactc gcaaaaggat 1260
gcattttgga cagtattccc cttagtaccc tctttattac actcatcatc ttattgatca 1320
tctctgctta tttttcaggc tctgaaaccg gtttgttgtc tgccaatcgt tatcgactac 1380
gccatttagc cgaaaaaggg catagaggtg cgaaaaaagc ggaaaaatta ctgaaaaaaa 1440
cagatgtttt gcttagcctg attttaattt gtaataactt agtcaatatt actgcttctg 1500
ccattaccac gattatcggc atgcgcttat atggcgatgc gggagtcgcc attgcaactg 1560
gggcattaac ctttgtgatg cttatttttg ccgaaatttt gccgaaaact atcgccgccc 1620
gttatccaga aaaagtggca ttcacgtcca gtcatttggt gtccgttttt ctgcgacttt 1680
ttaccccgct ggtctattta atgaatttaa ttattcaggg gatatttgga ctattacgtc 1740
taaaatcaga taataaatca acctattaa gccagagga attacgttcc atcgtaaagt 1800
aatcaggtaa atttattcct tccgcccacc aagaaatgct gttatctatt ttggatttag 1860
aaggggtcac cgtagatgac attatgggtg cacgtaatga cattgggggt attgatattg 1920
acgatgattg gaaagccatt atgcgtcaac ttaaccatgc agcgcacggg cgtgttgtag 1980
tgtataaagg aaatatggat gaaaatattt tggggatggt acgtgtacgt gaagcctatc 2040
gcttaatgct cgataaaaaat gaatttaaca aagaaacttt aatccgtgcc gccgatgaag 2100
tgtattttat tcctgaaggt acgccactga atagccaatt attaaatttc cgcaacaata 2160
aagaaaggat tggtttagtt gtagatgaat atggtgatat taaaggctta gtcaccttag 2220
aagatatctt agaagagatt gtcggtgaat ttaccacttc aacagcccca tcaattaacg 2280
atgaagttat ccacaaatca gacggttcgc ttatcattga gggatccgcc aatttacgtg 2340
atttgaataa attatttgac tggaatctcg ataccgaaga tgcacgtacc ttcaacggct 2400
taattttaga gcatttagaa gaaattccag aagaagggaac ggtatgtgaa attaatgggc 2460

tacaaatcac gattctagaa gtgaatgaca acatgattaa acaagccaaa gtcattaaac 2520

ttaaattcaa catctggcta agcgatgtca tcaagacatc gcttttttat tccgtacatg 2580

aatgtttgat ccaacacaac atttattcaa cattggataa ataatcatcc taaatcgcac 2640

gaatttctta ttaccgccgt ttttggtttt tgctagaatc ttgcaattga aattaattct 2700

caataccgta taatgttcaa cattattttg cgatacaaat taaaggatta ttaaa atg 2758
Met
1

cca caa tta ttc caa ttc tta caa caa tat att gat tac att att cta 2806
Pro Gln Leu Phe Gln Phe Leu Gln Gln Tyr Ile Asp Tyr Ile Ile Leu
5 10 15

ggc tta ctt gcc ttc atg agc ttt att atg gtt tgg ctt gtg att gaa 2854
Gly Leu Leu Ala Phe Met Ser Phe Ile Met Val Trp Leu Val Ile Glu
20 25 30

cgc ttt ctt ttc tta agt cgc gtc aac gtg gca tct tat gaa agc ata 2902
Arg Phe Leu Phe Leu Ser Arg Val Asn Val Ala Ser Tyr Glu Ser Ile
35 40 45

cat gaa tta gac att gac tta caa cgc cac ctc aca gct atc tct aca 2950
His Glu Leu Asp Ile Asp Leu Gln Arg His Leu Thr Ala Ile Ser Thr
50 55 60 65

atc ggt tct aat gca cct tat gta ggt ttg ctt ggt acc gtc att ggt 2998
Ile Gly Ser Asn Ala Pro Tyr Val Gly Leu Leu Gly Thr Val Ile Gly
70 75 80

att ctc tta act ttc tat gaa tta ggt cac tcc ggt ggc gat att gat 3046
Ile Leu Leu Thr Phe Tyr Glu Leu Gly His Ser Gly Gly Asp Ile Asp
85 90 95

gcg gcg gcc att atg gtg cac tta tca tta gcc tta aaa gcc aca gca 3094
Ala Ala Ala Ile Met Val His Leu Ser Leu Ala Leu Lys Ala Thr Ala
100 105 110

gta ggt att tta gtc gcc att cct gca atg gtg tgt tac aac ggt tta 3142
Val Gly Ile Leu Val Ala Ile Pro Ala Met Val Cys Tyr Asn Gly Leu
115 120 125

gga cgt aaa gtc gaa gtt aat cgt ttg aaa tgg ttt gcc tta aat gag 3190
Gly Arg Lys Val Glu Val Asn Arg Leu Lys Trp Phe Ala Leu Asn Glu
130 135 140 145

aaa aaa gcc aaa caa caa gca tagggagccg tcatgaaaaa gtttgatgaa 3241
Lys Lys Ala Lys Gln Gln Ala
150

atcaacatta tcccttttat tgacatcatg ttggtactat tggctatcgt tctgattaca 3301
gcctctttta tttcacaagg taaaatccaa gtgaatgtac caaaagcaag ttcaacagtt 3361
gcgtttcgtt cagatgattt agccaaattg ctgactatta cggaaagcgg tgaaattttt 3421
tatcacgata aaccgattac gatagaggca ttggaacaag aaatcagtaa ttgggaaaaa 3481
gatcaaaaag tcaccttgaa ggtagatgca aaatccagtt tccaagattt cgtttctatc 3541
actgatatta tggctaaaaa tgaaattaaa aatgtcgcta tcgtgacggt taaagaaaag 3601
gcatctcaat gatagataaa agtcgttctt gcatcgggtt tgcaatttca ttgctttttc 3661
acgcaagttt tgtctctttc ctgtattgga ttgtacaaaa agacgatgac agcgcgaatg 3721
gatttgctgc cgatatcatc tcaactcata tttccatgga aatgctggcg gctaccgttt 3781
tagaagaacc agagccgga ccagagccgg cgctccggt agtagaacct gaactgcaa 3841
aagaagtagt cgcagatccg acggtaaaac ctgagccacc aaaagaacc gaaaaaccaa 3901
aagagcctga aaagccaaaa gagaaaccga aagaaaaacc aaaagaaaag ccgaaaaaac 3961
cgaagaaaga acaacgtgat ttaccaaagt cagatcgcca aattgattct aattcatcga 4021
tcaatcaaca agcgaccaca acaggcaaca tcacaaccaa taatccgaat ctggtcggta 4081
aaggtaatag cacagatgaa gtcaatgctt atcgctcggc tttacgcaga gaaattgaaa 4141
aacataaacg ctatccaaac cgtgcacgca tgatgcgcaa acaaggtgtg gtaacaatca 4201
cgttccatct taataatgcc ggcgtaatta gtaatgcgcg aatcagcaaa tcttcggct 4261
cagaagaatt agataacgct gcactggtag ctgtcaataa tgcccgtcca attggtccac 4321
tgctgttgg tatgccaaat gaagtgcggt ttctgtcag tttcagaatc acaaattaaa 4381
aaagtgcggt aaaatttacc gcactttttt ctctctatta gaatt 4426

<210> 14

<211> 152

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 14

Met	Pro	Gln	Leu	Phe	Gln	Phe	Leu	Gln	Gln	Tyr	Ile	Asp	Tyr	Ile	Ile
1				5				10						15	

Leu	Gly	Leu	Leu	Ala	Phe	Met	Ser	Phe	Ile	Met	Val	Trp	Leu	Val	Ile
				20				25					30		

Glu Arg Phe Leu Phe Leu Ser Arg Val Asn Val Ala Ser Tyr Glu Ser
35 40 45

Ile His Glu Leu Asp Ile Asp Leu Gln Arg His Leu Thr Ala Ile Ser
50 55 60

Thr Ile Gly Ser Asn Ala Pro Tyr Val Gly Leu Leu Gly Thr Val Ile
65 70 75 80

Gly Ile Leu Leu Thr Phe Tyr Glu Leu Gly His Ser Gly Gly Asp Ile
85 90 95

Asp Ala Ala Ala Ile Met Val His Leu Ser Leu Ala Leu Lys Ala Thr
100 105 110

Ala Val Gly Ile Leu Val Ala Ile Pro Ala Met Val Cys Tyr Asn Gly
115 120 125

Leu Gly Arg Lys Val Glu Val Asn Arg Leu Lys Trp Phe Ala Leu Asn
130 135 140

Glu Lys Lys Ala Lys Gln Gln Ala
145 150

<210> 15

<211> 6876

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (534) .. (6863)

<220>

<223> fhaB1

<400> 15

agatgcgtga tctgatcctt caactcagca aaagttcgat ttattcaaca aagccgccgt 60

cccgtaagt cagcgtaatg tctgccagtg ttacaccaat taaccaattc tgattagaaa 120

aactcatcga gcatcaaatg aaactgcaat ttattcatat caggattatc aataccatat 180

ttttgaaaaa gccgtttctg taatgaagga gaaaactcac cgaggcagtt ccataggatg 240

gcaagatcct ggtatcggtc tgcgattccg actcgtccaa catcaatata acctattaat 300

ttcccctcgt caaaaataag gttatcaagt gagaaatcac catgagtgac gactgaatcc 360

ggtgagaatg gcaaaagctt atgcatttct ttccagactt gttcaacagg ccagccatta 420

cgctcgtcat caaaatcact cgcacaaacc aaaccgttat tcattcgtga ttgcgcctga 480

gcgagacgaa atacgcgatc gctgttaaaa ggacaattac aaacaggaat cga atg 536
Met
1

caa ccg gcg cag gaa cac tgc cag cgc atc aac aat att gtt aac caa 584
Gln Pro Ala Gln Glu His Cys Gln Arg Ile Asn Asn Ile Val Asn Gln
5 10 15

gaa aac ggt tta ttc cat aca ctc ggt aat atg atg tta gaa gca gag 632
Glu Asn Gly Leu Phe His Thr Leu Gly Asn Met Met Leu Glu Ala Glu
20 25 30

cgt tct gtt tat aat att ggc gat att tat gcg agt aaa aaa tta aca 680
Arg Ser Val Tyr Asn Ile Gly Asp Ile Tyr Ala Ser Lys Lys Leu Thr
35 40 45

gtt cat act cat aat ttg att aat gat gtg cgt tta tct ggc aat gtg 728
Val His Thr His Asn Leu Ile Asn Asp Val Arg Leu Ser Gly Asn Val
50 55 60 65

agt tat aag cct atc ggt tca agt cgt gat tat gat atc agt cgt gtt 776
Ser Tyr Lys Pro Ile Gly Ser Ser Arg Asp Tyr Asp Ile Ser Arg Val
70 75 80

gcg gta cat ggt tgg cac aat aat gtt tat aag ctc aac tta aat ctg 824
Ala Val His Gly Trp His Asn Asn Val Tyr Lys Leu Asn Leu Asn Leu
85 90 95

caa gaa caa gat aaa acc gat att aaa gtt gtg aaa atg ggg gct atc 872
Gln Glu Gln Asp Lys Thr Asp Ile Lys Val Val Lys Met Gly Ala Ile
100 105 110

cgt tct gat ggt gat ttt gac ttt aag gga ata aag gcg aca tca tca 920
Arg Ser Asp Gly Asp Phe Asp Phe Lys Gly Ile Lys Ala Thr Ser Ser
115 120 125

gaa tca aaa ccg cag tta att aat cat gga tta att aat gtc aaa gga 968
Glu Ser Lys Pro Gln Leu Ile Asn His Gly Leu Ile Asn Val Lys Gly
130 135 140 145

aca ttt aat gcg gaa gct gat caa gtg gtg aac caa atg aaa gcg ttt 1016
Thr Phe Asn Ala Glu Ala Asp Gln Val Val Asn Gln Met Lys Ala Phe
150 155 160

aac caa aat gca tta gca agc gtg ttt aag aat cca gcg aaa atc acg 1064
Asn Gln Asn Ala Leu Ala Ser Val Phe Lys Asn Pro Ala Lys Ile Thr
165 170 175

atg tac tat caa cca ctt act cgt tat att tgg aca cca tta tcg ggt	1112
Met Tyr Tyr Gln Pro Leu Thr Arg Tyr Ile Trp Thr Pro Leu Ser Gly	
180 185 190	
aat gca tcg cgt gaa ttt aac aat tta gag tct ttc ctc gat gcc ttg	1160
Asn Ala Ser Arg Glu Phe Asn Asn Leu Glu Ser Phe Leu Asp Ala Leu	
195 200 205	
ttt ggc tca aca aca atc tta aaa tca agt ttc tat agt acg gaa aat	1208
Phe Gly Ser Thr Thr Ile Leu Lys Ser Ser Phe Tyr Ser Thr Glu Asn	
210 215 220 225	
ttt agt gct tat cag ctt cta tct cat att cag cat tca cca atg tac	1256
Phe Ser Ala Tyr Gln Leu Leu Ser His Ile Gln His Ser Pro Met Tyr	
230 235 240	
caa aaa gcg atg gca caa gtg ttt ggt gca gag tgg cat agt aaa tcc	1304
Gln Lys Ala Met Ala Gln Val Phe Gly Ala Glu Trp His Ser Lys Ser	
245 250 255	
tat gat gag atg cga aac aaa tgg aaa agc ttt aaa gaa aat cca aca	1352
Tyr Asp Glu Met Arg Asn Lys Trp Lys Ser Phe Lys Glu Asn Pro Thr	
260 265 270	
gat ttc att tat tac cca tca gaa aaa gca aaa atc cta gcg gga aaa	1400
Asp Phe Ile Tyr Tyr Pro Ser Glu Lys Ala Lys Ile Leu Ala Gly Lys	
275 280 285	
cta gaa ggt aag ctt aca acg cta caa aat ggt gaa tat gcc gaa cgt	1448
Leu Glu Gly Lys Leu Thr Thr Leu Gln Asn Gly Glu Tyr Ala Glu Arg	
290 295 300 305	
ggt aag ttt gat gag agt atc caa att ggt aaa cac caa tta tcg cta	1496
Gly Lys Phe Asp Glu Ser Ile Gln Ile Gly Lys His Gln Leu Ser Leu	
310 315 320	
cca tca gta gag ctt aaa gcg gag ttt agt gat aaa gaa cgt ttg gaa	1544
Pro Ser Val Glu Leu Lys Ala Glu Phe Ser Asp Lys Glu Arg Leu Glu	
325 330 335	
gag gac ggg gta gat tta tcc tcg atc gcc gaa ctc tta gaa atg cca	1592
Glu Asp Gly Val Asp Leu Ser Ser Ile Ala Glu Leu Leu Glu Met Pro	
340 345 350	
aac tta ttt att gat aat agt atc caa tta gaa aag aaa aag ttg tct	1640
Asn Leu Phe Ile Asp Asn Ser Ile Gln Leu Glu Lys Lys Lys Leu Ser	
355 360 365	
cct att gag gat cta gat gaa gaa cca cgt aaa aat ctg gat ata gaa	1688
Pro Ile Glu Asp Leu Asp Glu Glu Pro Arg Lys Asn Leu Asp Ile Glu	
370 375 380 385	

gaa agc cat tct aat tca tcg gat gac gtg ctt agc atg aat gat gat	1736
Glu Ser His Ser Asn Ser Ser Asp Asp Val Leu Ser Met Asn Asp Asp	
390 395 400	
gag tct gat aca gac gat agc aag tgg agt atg ggc aat gat gag aaa	1784
Glu Ser Asp Thr Asp Asp Ser Lys Trp Ser Met Gly Asn Asp Glu Lys	
405 410 415	
gag atg ccc gat gat aag ctg ggt ata agt cgt gat gat cgt gga aat	1832
Glu Met Pro Asp Asp Lys Leu Gly Ile Ser Arg Asp Asp Arg Gly Asn	
420 425 430	
aaa cca cct cgt act gat cct aca gtt gat tat ctt aac cct gat gaa	1880
Lys Pro Pro Arg Thr Asp Pro Thr Val Asp Tyr Leu Asn Pro Asp Glu	
435 440 445	
ttc ttt gaa aat ggt tat ctc ttg aat gag cta cta cag gag ctt gga	1928
Phe Phe Glu Asn Gly Tyr Leu Leu Asn Glu Leu Leu Gln Glu Leu Gly	
450 455 460 465	
gaa gag ccg tta cta aaa gaa ggg gaa gat cat ttt aaa cgt tct acc	1976
Glu Glu Pro Leu Leu Lys Glu Gly Glu Asp His Phe Lys Arg Ser Thr	
470 475 480	
aat cta gtc cgt cta ggc gag aga gat agg caa aat aga gaa aag aga	2024
Asn Leu Val Arg Leu Gly Glu Arg Asp Arg Gln Asn Arg Glu Lys Arg	
485 490 495	
gaa aaa gag ggg tat ttt gat ctg cct ggt aca tta gat atg aaa ctg	2072
Glu Lys Glu Gly Tyr Phe Asp Leu Pro Gly Thr Leu Asp Met Lys Leu	
500 505 510	
cag gag tta ttc gaa aaa aga aaa caa aaa cac gaa gca gaa cag aaa	2120
Gln Glu Leu Phe Glu Lys Arg Lys Gln Lys His Glu Ala Glu Gln Lys	
515 520 525	
gca aga ata gaa aaa gca ctt cta caa aaa tca gaa caa caa gaa aaa	2168
Ala Arg Ile Glu Lys Ala Leu Leu Gln Lys Ser Glu Gln Gln Glu Lys	
530 535 540 545	
cgt gtt gaa gaa cgt aag caa gag gaa aaa cgt caa gcg caa gat aaa	2216
Arg Val Glu Glu Arg Lys Gln Glu Glu Lys Arg Gln Ala Gln Asp Lys	
550 555 560	
att gct aag caa gta gaa att gca aaa gaa atg caa cgg gta gaa gaa	2264
Ile Ala Lys Gln Val Glu Ile Ala Lys Glu Met Gln Arg Val Glu Glu	
565 570 575	
att cgc cag aga gaa aaa caa ctt gcg atc caa ctg caa gaa gaa gag	2312
Ile Arg Gln Arg Glu Lys Gln Leu Ala Ile Gln Leu Gln Glu Glu Glu	

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

790	795	800	
ggc act ggg act atc aga gtt ggt gaa gct aag att aaa gcc aaa gat			2984
Gly Thr Gly Thr Ile Arg Val Gly Glu Ala Lys Ile Lys Ala Lys Asp			
805	810	815	
gtg gtg aat acc ggg aca tta gct ggg aga aaa ctc aat gtt gaa gcg			3032
Val Val Asn Thr Gly Thr Leu Ala Gly Arg Lys Leu Asn Val Glu Ala			
820	825	830	
agt aat aaa atc aaa aat caa ggg agt atc tta agt act caa gaa aca			3080
Ser Asn Lys Ile Lys Asn Gln Gly Ser Ile Leu Ser Thr Gln Glu Thr			
835	840	845	
cgt tta gtc ggg cgt aaa ggt att gaa aac gta tct cgt tca ttt gca			3128
Arg Leu Val Gly Arg Lys Gly Ile Glu Asn Val Ser Arg Ser Phe Ala			
850	855	860	865
aat gat gaa tta gga gtc act gca caa cgc tca gaa atc aaa acg gaa			3176
Asn Asp Glu Leu Gly Val Thr Ala Gln Arg Ser Glu Ile Lys Thr Glu			
870	875	880	
ggt cat tta cat ctt gaa aca gat aag gat tca act att gat gta caa			3224
Gly His Leu His Leu Glu Thr Asp Lys Asp Ser Thr Ile Asp Val Gln			
885	890	895	
gca tcg gat att aaa gca aaa aca agc ttt gtg aag act ggt gat gtg			3272
Ala Ser Asp Ile Lys Ala Lys Thr Ser Phe Val Lys Thr Gly Asp Val			
900	905	910	
aat ctc aaa aat aca tac aat act aaa cat gcc tac cgt gag aaa ttc			3320
Asn Leu Lys Asn Thr Tyr Asn Thr Lys His Ala Tyr Arg Glu Lys Phe			
915	920	925	
tcg ccg agt gca cta caa gtt gca gaa ctt gat gtg gca ggg ctt aaa			3368
Ser Pro Ser Ala Leu Gln Val Ala Glu Leu Asp Val Ala Gly Leu Lys			
930	935	940	945
gtc cca ctt tta ggc gtg tcg tct cca tcc agt tat tca gag cat act			3416
Val Pro Leu Leu Gly Val Ser Ser Pro Ser Ser Tyr Ser Glu His Thr			
950	955	960	
agt gag gca act tca gag gga tca atc ttc gaa gta ggg cac tta cat			3464
Ser Glu Ala Thr Ser Glu Gly Ser Ile Phe Glu Val Gly His Leu His			
965	970	975	
ctt gcg gta gac aga gat gtg aac caa gcg ggg agt aaa att aag gct			3512
Leu Ala Val Asp Arg Asp Val Asn Gln Ala Gly Ser Lys Ile Lys Ala			
980	985	990	
aag tat acc act ggt gtt gtg aaa ggg aac ttt aat act gaa gcg ggc			3560
Lys Tyr Thr Thr Gly Val Val Lys Gly Asn Phe Asn Thr Glu Ala Gly			

995	1000	1005	
aag aat att aaa cat gtc gaa aaa gaa gaa tat agt tca cag cta ttt			3608
Lys Asn Ile Lys His Val Glu Lys Glu Glu Tyr Ser Ser Gln Leu Phe			
1010	1015	1020	1025
gct tca gca cac gcg agt ggt ggt ggc acc tca gtt cgt tat gac tat			3656
Ala Ser Ala His Ala Ser Gly Gly Gly Thr Ser Val Arg Tyr Asp Tyr			
	1030	1035	1040
aac agc caa gat ggt ggc aat gcc tct gtt ggt gtt ccg aca aac cat			3704
Asn Ser Gln Asp Gly Gly Asn Ala Ser Val Gly Val Pro Thr Asn His			
	1045	1050	1055
act gga gtt ggg gca gag gca gga atg tca ttc acc cat acc aaa gac			3752
Thr Gly Val Gly Ala Glu Ala Gly Met Ser Phe Thr His Thr Lys Asp			
	1060	1065	1070
aaa gaa aca ctg ctc act cac acc aat agt gaa tta caa gtc aaa cat			3800
Lys Glu Thr Leu Leu Thr His Thr Asn Ser Glu Leu Gln Val Lys His			
	1075	1080	1085
ggg aaa tta cat gtg ctt ggt tat gcc gat att ggt gga gta gat att			3848
Gly Lys Leu His Val Leu Gly Tyr Ala Asp Ile Gly Gly Val Asp Ile			
1090	1095	1100	1105
aat act aaa cta cca gaa gat gca caa agc aaa gca cag aaa gag ata			3896
Asn Thr Lys Leu Pro Glu Asp Ala Gln Ser Lys Ala Gln Lys Glu Ile			
	1110	1115	1120
gcg gct agc aag cca gag aag acc gag caa tct gca cag gat gtg gct			3944
Ala Ala Ser Lys Pro Glu Lys Thr Glu Gln Ser Ala Gln Asp Val Ala			
	1125	1130	1135
caa gct caa tca aat gcc aat aag gat aag gaa aat aaa gcc cca gaa			3992
Gln Ala Gln Ser Asn Ala Asn Lys Asp Lys Glu Asn Lys Ala Pro Glu			
	1140	1145	1150
ata aaa gaa tta tca gag gct gaa atc gcg gat ctc atg tca gaa aaa			4040
Ile Lys Glu Leu Ser Glu Ala Glu Ile Ala Asp Leu Met Ser Glu Lys			
	1155	1160	1165
tca aaa gcg tat ttt gat gat ttt gca gag caa gcg aaa aaa gca cct			4088
Ser Lys Ala Tyr Phe Asp Asp Phe Ala Glu Gln Ala Lys Lys Ala Pro			
1170	1175	1180	1185
gaa aac aat cga ttt gaa ttg tct gcg aaa gaa att aag tcg agc aaa			4136
Glu Asn Asn Arg Phe Glu Leu Ser Ala Lys Glu Ile Lys Ser Ser Lys			
	1190	1195	1200
caa aaa gac caa tat gat cat gag tct gaa cgg acg act ttt aaa gtt			4184
Gln Lys Asp Gln Tyr Asp His Glu Ser Glu Arg Thr Thr Phe Lys Val			

1205	1210	1215	
gga cct gaa gcg gag gct cat tct gcg gtt gcc gat atg gtg agc cat			4232
Gly Pro Glu Ala Glu Ala His Ser Ala Val Ala Asp Met Val Ser His			
1220	1225	1230	
tta gtg aaa gaa tat aga gat gca caa aat ggg act aaa caa gac ggt			4280
Leu Val Lys Glu Tyr Arg Asp Ala Gln Asn Gly Thr Lys Gln Asp Gly			
1235	1240	1245	
aca gta gca tta caa cat gct agt gat gtc tta aat att gtg acg ggg			4328
Thr Val Ala Leu Gln His Ala Ser Asp Val Leu Asn Ile Val Thr Gly			
1250	1255	1260	1265
gat tta gcg ggg agt tca gct aaa ttg tct gtt gaa aga aca cat gag			4376
Asp Leu Ala Gly Ser Ser Ala Lys Leu Ser Val Glu Arg Thr His Glu			
1270	1275	1280	
aca aaa cga acg aca gaa acg ggg gat att gtt act aag att ggt ggc			4424
Thr Lys Arg Thr Thr Glu Thr Gly Asp Ile Val Thr Lys Ile Gly Gly			
1285	1290	1295	
aat gtc aca ctg tca gca cgc agt ggt agt gtg aac ctt aaa aat gta			4472
Asn Val Thr Leu Ser Ala Arg Ser Gly Ser Val Asn Leu Lys Asn Val			
1300	1305	1310	
caa agt gat gaa caa gct aat ttg acc tta aga gca aaa gaa gat gtg			4520
Gln Ser Asp Glu Gln Ala Asn Leu Thr Leu Arg Ala Lys Glu Asp Val			
1315	1320	1325	
aat gtg ctg tct ggt gaa aaa aca cga gaa acc aca gaa aca gta tca			4568
Asn Val Leu Ser Gly Glu Lys Thr Arg Glu Thr Thr Glu Thr Val Ser			
1330	1335	1340	1345
aga cag aaa ctt tct cat ggt gtg aac gca ggt tgc agt atg atg agt			4616
Arg Gln Lys Leu Ser His Gly Val Asn Ala Gly Cys Ser Met Met Ser			
1350	1355	1360	
ggc gcc tgt act gcc ggt gtt agc aca tca ctt gaa gga aat gaa agc			4664
Gly Ala Cys Thr Ala Gly Val Ser Thr Ser Leu Glu Gly Asn Glu Ser			
1365	1370	1375	
tat acg tca gaa cgt gaa acg gct caa aat aac agt ttc tta aaa gca			4712
Tyr Thr Ser Glu Arg Glu Thr Ala Gln Asn Asn Ser Phe Leu Lys Ala			
1380	1385	1390	
cgc aac atg aaa gtt gaa gca ggt cgc gat ttt aat gtt gtc agt tcg			4760
Arg Asn Met Lys Val Glu Ala Gly Arg Asp Phe Asn Val Val Ser Ser			
1395	1400	1405	
aat att gat gca gat aag ctc gat ctc cac gtt aaa gga aaa acg aat			4808
Asn Ile Asp Ala Asp Lys Leu Asp Leu His Val Lys Gly Lys Thr Asn			

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

1620	1625	1630	
tta cgc tcg cgt tct act aca gaa gaa gca gat gta cca aca aca aga			5480
Leu Arg Ser Arg Ser Thr Thr Glu Glu Ala Asp Val Pro Thr Thr Arg			
1635	1640	1645	
tcg cgt gta acg gat gag gcg gat tct gta tcc gtg aaa aat ccg att			5528
Ser Arg Val Thr Asp Glu Ala Asp Ser Val Ser Val Lys Asn Pro Ile			
1650	1655	1660	1665
tat gaa agt gca gat gct gtt gta cca aca cca cgt agt aga aat gtg			5576
Tyr Glu Ser Ala Asp Ala Val Val Pro Thr Pro Arg Ser Arg Asn Val			
1670	1675	1680	
gac agt acc gat ctt gtg gac aat cca ctg tat gct agt gcc act aca			5624
Asp Ser Thr Asp Leu Val Asp Asn Pro Leu Tyr Ala Ser Ala Thr Thr			
1685	1690	1695	
aaa gca aac atc cat gat tat gaa gaa att cca gcc gtt tat agc aaa			5672
Lys Ala Asn Ile His Asp Tyr Glu Glu Ile Pro Ala Val Tyr Ser Lys			
1700	1705	1710	
gtc ggt gat aac aat gct gat ctt gtt cgt cat aaa acg gca act agt			5720
Val Gly Asp Asn Asn Ala Asp Leu Val Arg His Lys Thr Ala Thr Ser			
1715	1720	1725	
gat gag cat ctt tat gca gag att aat gaa cca aca tat agc cgt gtt			5768
Asp Glu His Leu Tyr Ala Glu Ile Asn Glu Pro Thr Tyr Ser Arg Val			
1730	1735	1740	1745
ggt gat aaa aat gca gat atg aga cgt cat aac gcg gca ggt aca aca			5816
Gly Asp Lys Asn Ala Asp Met Arg Arg His Asn Ala Ala Gly Thr Thr			
1750	1755	1760	
gac tat gcc gat gtc gtg caa gca cat aca aga aag gca gat gat cca			5864
Asp Tyr Ala Asp Val Val Gln Ala His Thr Arg Lys Ala Asp Asp Pro			
1765	1770	1775	
cta cca gca tta ccg aat cag ggt aaa gca aga acg gta aac gac ggt			5912
Leu Pro Ala Leu Pro Asn Gln Gly Lys Ala Arg Thr Val Asn Asp Gly			
1780	1785	1790	
tca gag cat att tat act gat att agc gac gtg ggc act caa act aaa			5960
Ser Glu His Ile Tyr Thr Asp Ile Ser Asp Val Gly Thr Gln Thr Lys			
1795	1800	1805	
gct att gat agt act tat gca aca gta ggc atg ccg aaa gcg aat gcc			6008
Ala Ile Asp Ser Thr Tyr Ala Thr Val Gly Met Pro Lys Ala Asn Ala			
1810	1815	1820	1825
gtt aac ttg ata ggg caa aat ggc tta ggc agc att tat cac agc cca			6056
Val Asn Leu Ile Gly Gln Asn Gly Leu Gly Ser Ile Tyr His Ser Pro			

1830	1835	1840	
gac agt gct tat aaa aca tgg caa ttg ctt gat caa ttt gcc aac aaa			6104
Asp Ser Ala Tyr Lys Thr Trp Gln Leu Leu Asp Gln Phe Ala Asn Lys			
1845	1850	1855	
ggc gga gat gcg gtc ttc tta cgc cct gca aca gaa atg aaa tgt gca			6152
Gly Gly Asp Ala Val Phe Leu Arg Pro Ala Thr Glu Met Lys Cys Ala			
1860	1865	1870	
ggt gca cct tta aaa tat acc ttt atc gtg cgt gat tat ttg ctc aga			6200
Gly Ala Pro Leu Lys Tyr Thr Phe Ile Val Arg Asp Tyr Leu Leu Arg			
1875	1880	1885	
cgc cat acc tta gat aaa tca aga tta ttt tat aac gca cat aat aaa			6248
Arg His Thr Leu Asp Lys Ser Arg Leu Phe Tyr Asn Ala His Asn Lys			
1890	1895	1900	1905
acc tta ttt agc gtg cct atc gtt gat gca aaa gtc aaa atg ctg ttt			6296
Thr Leu Phe Ser Val Pro Ile Val Asp Ala Lys Val Lys Met Leu Phe			
1910	1915	1920	
gct gaa aaa aat atc caa gtc aat tac gat cgt agc ctt aca gcc att			6344
Ala Glu Lys Asn Ile Gln Val Asn Tyr Asp Arg Ser Leu Thr Ala Ile			
1925	1930	1935	
gat ctg agt aaa cgt att gcg acc ttt aat agc cca gaa gga gtt gta			6392
Asp Leu Ser Lys Arg Ile Ala Thr Phe Asn Ser Pro Glu Gly Val Val			
1940	1945	1950	
gaa gtc cct tat gat ttt att aat gtg gta cct cca atg cga gca cct			6440
Glu Val Pro Tyr Asp Phe Ile Asn Val Val Pro Pro Met Arg Ala Pro			
1955	1960	1965	
gat gcc gtt cgt caa tca gca ctc gcg tgg caa gaa gga aaa tgg gct			6488
Asp Ala Val Arg Gln Ser Ala Leu Ala Trp Gln Glu Gly Lys Trp Ala			
1970	1975	1980	1985
aac gat ggt tgg gtt gaa gta gaa aaa cat acc ttg cgt cac cgt cgt			6536
Asn Asp Gly Trp Val Glu Val Glu Lys His Thr Leu Arg His Arg Arg			
1990	1995	2000	
tat gcc aat gtg ttt gct gtg ggt gat gtg gca ggg gtc cca aaa ggc			6584
Tyr Ala Asn Val Phe Ala Val Gly Asp Val Ala Gly Val Pro Lys Gly			
2005	2010	2015	
aaa acg gct gcc agt gtc aaa tgg caa gtt cct gtt gca gtg gca cat			6632
Lys Thr Ala Ala Ser Val Lys Trp Gln Val Pro Val Ala Val Ala His			
2020	2025	2030	
tta ctc gca gaa tta gag ggc aaa cct tgt gat gaa att tac aac ggt			6680
Leu Leu Ala Glu Leu Glu Gly Lys Pro Cys Asp Glu Ile Tyr Asn Gly			

2035	2040	2045	
tat aca tct tgt cca tta att act caa tta gga aag ggg atg cta gta			6728
Tyr Thr Ser Cys Pro Leu Ile Thr Gln Leu Gly Lys Gly Met Leu Val			
2050	2055	2060	2065
gaa ttt gat tat aac aac cac tta aca cct tct ttc ccc ggt gta ata			6776
Glu Phe Asp Tyr Asn Asn His Leu Thr Pro Ser Phe Pro Gly Val Ile			
2070	2075	2080	
gcg cca tta gaa gaa ctg tgg gca aca tgg gca att aaa aca tta ggt			6824
Ala Pro Leu Glu Glu Leu Trp Ala Thr Trp Ala Ile Lys Thr Leu Gly			
2085	2090	2095	
tta aaa ccc act tat tta ggt atg tta cgt gga tta gct taaggagcgt			6873
Leu Lys Pro Thr Tyr Leu Gly Met Leu Arg Gly Leu Ala			
2100	2105	2110	
tga			6876
<210> 16			
<211> 2110			
<212> PRT			
<213> Pasteurella multocida			
<400> 16			
Met Gln Pro Ala Gln Glu His Cys Gln Arg Ile Asn Asn Ile Val Asn			
1	5	10	15
Gln Glu Asn Gly Leu Phe His Thr Leu Gly Asn Met Met Leu Glu Ala			
20	25	30	
Glu Arg Ser Val Tyr Asn Ile Gly Asp Ile Tyr Ala Ser Lys Lys Leu			
35	40	45	
Thr Val His Thr His Asn Leu Ile Asn Asp Val Arg Leu Ser Gly Asn			
50	55	60	
Val Ser Tyr Lys Pro Ile Gly Ser Ser Arg Asp Tyr Asp Ile Ser Arg			
65	70	75	80
Val Ala Val His Gly Trp His Asn Asn Val Tyr Lys Leu Asn Leu Asn			
85	90	95	
Leu Gln Glu Gln Asp Lys Thr Asp Ile Lys Val Val Lys Met Gly Ala			
100	105	110	
Ile Arg Ser Asp Gly Asp Phe Asp Phe Lys Gly Ile Lys Ala Thr Ser			
115	120	125	
Ser Glu Ser Lys Pro Gln Leu Ile Asn His Gly Leu Ile Asn Val Lys			
130	135	140	

Gly Thr Phe Asn Ala Glu Ala Asp Gln Val Val Asn Gln Met Lys Ala
145 150 155 160

Phe Asn Gln Asn Ala Leu Ala Ser Val Phe Lys Asn Pro Ala Lys Ile
165 170 175

Thr Met Tyr Tyr Gln Pro Leu Thr Arg Tyr Ile Trp Thr Pro Leu Ser
180 185 190

Gly Asn Ala Ser Arg Glu Phe Asn Asn Leu Glu Ser Phe Leu Asp Ala
195 200 205

Leu Phe Gly Ser Thr Thr Ile Leu Lys Ser Ser Phe Tyr Ser Thr Glu
210 215 220

Asn Phe Ser Ala Tyr Gln Leu Leu Ser His Ile Gln His Ser Pro Met
225 230 235 240

Tyr Gln Lys Ala Met Ala Gln Val Phe Gly Ala Glu Trp His Ser Lys
245 250 255

Ser Tyr Asp Glu Met Arg Asn Lys Trp Lys Ser Phe Lys Glu Asn Pro
260 265 270

Thr Asp Phe Ile Tyr Tyr Pro Ser Glu Lys Ala Lys Ile Leu Ala Gly
275 280 285

Lys Leu Glu Gly Lys Leu Thr Thr Leu Gln Asn Gly Glu Tyr Ala Glu
290 295 300

Arg Gly Lys Phe Asp Glu Ser Ile Gln Ile Gly Lys His Gln Leu Ser
305 310 315 320

Leu Pro Ser Val Glu Leu Lys Ala Glu Phe Ser Asp Lys Glu Arg Leu
325 330 335

Glu Glu Asp Gly Val Asp Leu Ser Ser Ile Ala Glu Leu Leu Glu Met
340 345 350

Pro Asn Leu Phe Ile Asp Asn Ser Ile Gln Leu Glu Lys Lys Lys Leu
355 360 365

Ser Pro Ile Glu Asp Leu Asp Glu Glu Pro Arg Lys Asn Leu Asp Ile
370 375 380

Glu Glu Ser His Ser Asn Ser Ser Asp Asp Val Leu Ser Met Asn Asp
385 390 395 400

Asp Glu Ser Asp Thr Asp Asp Ser Lys Trp Ser Met Gly Asn Asp Glu
405 410 415

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

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

Thr Ser Glu Ala Thr Ser Glu Gly Ser Ile Phe Glu Val Gly His Leu
965 970 975

His Leu Ala Val Asp Arg Asp Val Asn Gln Ala Gly Ser Lys Ile Lys
980 985 990

Ala Lys Tyr Thr Thr Gly Val Val Lys Gly Asn Phe Asn Thr Glu Ala
995 1000 1005

Gly Lys Asn Ile Lys His Val Glu Lys Glu Glu Tyr Ser Ser Gln Leu
1010 1015 1020

Phe Ala Ser Ala His Ala Ser Gly Gly Gly Thr Ser Val Arg Tyr Asp
1025 1030 1035 1040

Tyr Asn Ser Gln Asp Gly Gly Asn Ala Ser Val Gly Val Pro Thr Asn
1045 1050 1055

His Thr Gly Val Gly Ala Glu Ala Gly Met Ser Phe Thr His Thr Lys
1060 1065 1070

Asp Lys Glu Thr Leu Leu Thr His Thr Asn Ser Glu Leu Gln Val Lys
1075 1080 1085

His Gly Lys Leu His Val Leu Gly Tyr Ala Asp Ile Gly Gly Val Asp
1090 1095 1100

Ile Asn Thr Lys Leu Pro Glu Asp Ala Gln Ser Lys Ala Gln Lys Glu
1105 1110 1115 1120

Ile Ala Ala Ser Lys Pro Glu Lys Thr Glu Gln Ser Ala Gln Asp Val
1125 1130 1135

Ala Gln Ala Gln Ser Asn Ala Asn Lys Asp Lys Glu Asn Lys Ala Pro
1140 1145 1150

Glu Ile Lys Glu Leu Ser Glu Ala Glu Ile Ala Asp Leu Met Ser Glu
1155 1160 1165

Lys Ser Lys Ala Tyr Phe Asp Asp Phe Ala Glu Gln Ala Lys Lys Ala
1170 1175 1180

Pro Glu Asn Asn Arg Phe Glu Leu Ser Ala Lys Glu Ile Lys Ser Ser
1185 1190 1195 1200

Lys Gln Lys Asp Gln Tyr Asp His Glu Ser Glu Arg Thr Thr Phe Lys
1205 1210 1215

Val Gly Pro Glu Ala Glu Ala His Ser Ala Val Ala Asp Met Val Ser

1220	1225	1230
His Leu Val Lys Glu Tyr Arg Asp Ala Gln Asn Gly Thr Lys Gln Asp		
1235	1240	1245
Gly Thr Val Ala Leu Gln His Ala Ser Asp Val Leu Asn Ile Val Thr		
1250	1255	1260
Gly Asp Leu Ala Gly Ser Ser Ala Lys Leu Ser Val Glu Arg Thr His		
1265	1270	1275
		1280
Glu Thr Lys Arg Thr Thr Glu Thr Gly Asp Ile Val Thr Lys Ile Gly		
	1285	1290
		1295
Gly Asn Val Thr Leu Ser Ala Arg Ser Gly Ser Val Asn Leu Lys Asn		
1300	1305	1310
Val Gln Ser Asp Glu Gln Ala Asn Leu Thr Leu Arg Ala Lys Glu Asp		
1315	1320	1325
Val Asn Val Leu Ser Gly Glu Lys Thr Arg Glu Thr Thr Glu Thr Val		
1330	1335	1340
Ser Arg Gln Lys Leu Ser His Gly Val Asn Ala Gly Cys Ser Met Met		
1345	1350	1355
		1360
Ser Gly Ala Cys Thr Ala Gly Val Ser Thr Ser Leu Glu Gly Asn Glu		
	1365	1370
		1375
Ser Tyr Thr Ser Glu Arg Glu Thr Ala Gln Asn Asn Ser Phe Leu Lys		
1380	1385	1390
Ala Arg Asn Met Lys Val Glu Ala Gly Arg Asp Phe Asn Val Val Ser		
1395	1400	1405
Ser Asn Ile Asp Ala Asp Lys Leu Asp Leu His Val Lys Gly Lys Thr		
1410	1415	1420
Asn Val Val Ser Lys Gln Asp Thr Leu Gln Lys Val Thr His Gly Val		
1425	1430	1435
		1440
Asp Tyr Asn Leu Ser Ala Gly Val Ala Leu Ser Ser Ala Thr Ile Ala		
	1445	1450
		1455
Thr Pro Thr Gly Asn Val Gly Phe Gly Tyr Thr Asn Glu Thr Glu Ser		
1460	1465	1470
Lys Arg Thr Val Asn Gln Gln Ala Gly Ile Lys Ala Asn Lys Ile Thr		
1475	1480	1485
Gly Gln Thr His Asp Leu Asn Leu Glu Gly Gly Tyr Leu Val Ser Asn		
1490	1495	1500

Asp Lys Asp Asn Gln Leu Lys Val Thr Gly Asp Val Thr Thr Lys Ala
 1505 1510 1515 1520
 Leu His Asp Gln His Asp Lys Asp Gly Gly Thr Phe Gly Leu Ser Val
 1525 1530 1535
 Gly Ile Ser Glu Arg Gly Thr Thr Ala Phe Asn Val Arg Gly Gly Arg
 1540 1545 1550
 Ala Glu Gln Lys His Tyr Asn Ala Thr Gln Lys Ser Thr Leu Ser Gly
 1555 1560 1565
 Val Asp Thr Ser Gln Ala Asn Val Ser Gly Gln Val Asn Thr Asp Leu
 1570 1575 1580
 Thr Lys Ala Lys Ala Val Thr Arg Asp Asp Thr Tyr Ala Ser Thr Gln
 1585 1590 1595 1600
 Phe Ser Phe Glu Val Ala Asp Ile Val Glu Leu Gly Gln Arg Ala Lys
 1605 1610 1615
 Asn Lys Leu Ser Ala Pro Asn Asn Asp Thr Asp Met Ala Ser Gly Ser
 1620 1625 1630
 Thr Leu Arg Ser Arg Ser Thr Thr Glu Glu Ala Asp Val Pro Thr Thr
 1635 1640 1645
 Arg Ser Arg Val Thr Asp Glu Ala Asp Ser Val Ser Val Lys Asn Pro
 1650 1655 1660
 Ile Tyr Glu Ser Ala Asp Ala Val Val Pro Thr Pro Arg Ser Arg Asn
 1665 1670 1675 1680
 Val Asp Ser Thr Asp Leu Val Asp Asn Pro Leu Tyr Ala Ser Ala Thr
 1685 1690 1695
 Thr Lys Ala Asn Ile His Asp Tyr Glu Glu Ile Pro Ala Val Tyr Ser
 1700 1705 1710
 Lys Val Gly Asp Asn Asn Ala Asp Leu Val Arg His Lys Thr Ala Thr
 1715 1720 1725
 Ser Asp Glu His Leu Tyr Ala Glu Ile Asn Glu Pro Thr Tyr Ser Arg
 1730 1735 1740
 Val Gly Asp Lys Asn Ala Asp Met Arg Arg His Asn Ala Ala Gly Thr
 1745 1750 1755 1760
 Thr Asp Tyr Ala Asp Val Val Gln Ala His Thr Arg Lys Ala Asp Asp
 1765 1770 1775

Pro Leu Pro Ala Leu Pro Asn Gln Gly Lys Ala Arg Thr Val Asn Asp
1780 1785 1790

Gly Ser Glu His Ile Tyr Thr Asp Ile Ser Asp Val Gly Thr Gln Thr
1795 1800 1805

Lys Ala Ile Asp Ser Thr Tyr Ala Thr Val Gly Met Pro Lys Ala Asn
1810 1815 1820

Ala Val Asn Leu Ile Gly Gln Asn Gly Leu Gly Ser Ile Tyr His Ser
1825 1830 1835 1840

Pro Asp Ser Ala Tyr Lys Thr Trp Gln Leu Leu Asp Gln Phe Ala Asn
1845 1850 1855

Lys Gly Gly Asp Ala Val Phe Leu Arg Pro Ala Thr Glu Met Lys Cys
1860 1865 1870

Ala Gly Ala Pro Leu Lys Tyr Thr Phe Ile Val Arg Asp Tyr Leu Leu
1875 1880 1885

Arg Arg His Thr Leu Asp Lys Ser Arg Leu Phe Tyr Asn Ala His Asn
1890 1895 1900

Lys Thr Leu Phe Ser Val Pro Ile Val Asp Ala Lys Val Lys Met Leu
1905 1910 1915 1920

Phe Ala Glu Lys Asn Ile Gln Val Asn Tyr Asp Arg Ser Leu Thr Ala
1925 1930 1935

Ile Asp Leu Ser Lys Arg Ile Ala Thr Phe Asn Ser Pro Glu Gly Val
1940 1945 1950

Val Glu Val Pro Tyr Asp Phe Ile Asn Val Val Pro Pro Met Arg Ala
1955 1960 1965

Pro Asp Ala Val Arg Gln Ser Ala Leu Ala Trp Gln Glu Gly Lys Trp
1970 1975 1980

Ala Asn Asp Gly Trp Val Glu Val Glu Lys His Thr Leu Arg His Arg
1985 1990 1995 2000

Arg Tyr Ala Asn Val Phe Ala Val Gly Asp Val Ala Gly Val Pro Lys
2005 2010 2015

Gly Lys Thr Ala Ala Ser Val Lys Trp Gln Val Pro Val Ala Val Ala
2020 2025 2030

His Leu Leu Ala Glu Leu Glu Gly Lys Pro Cys Asp Glu Ile Tyr Asn
2035 2040 2045

Gly Tyr Thr Ser Cys Pro Leu Ile Thr Gln Leu Gly Lys Gly Met Leu
2050 2055 2060

Val Glu Phe Asp Tyr Asn Asn His Leu Thr Pro Ser Phe Pro Gly Val
2065 2070 2075 2080

Ile Ala Pro Leu Glu Glu Leu Trp Ala Thr Trp Ala Ile Lys Thr Leu
2085 2090 2095

Gly Leu Lys Pro Thr Tyr Leu Gly Met Leu Arg Gly Leu Ala
2100 2105 2110

<210> 17

<211> 3247

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (1479) .. (3245)

<220>

<223> fhaB2

<400> 17

gtcgcaccttg cgggtgaaaa ggtatctcta aattttggcg atatcattca tgcttaccaa 60
aaccagcccc tatcaacaaa agttgttttt caattagtga aagatttgac ggaagtttta 120
taccgttctg gctacgtgac aagtgcattt ggttttaaaaa attcaaaaat cagcaatggc 180
gatcttgaat ttattgtact gtggggaaga actcgcgac tgtttgtgaa tggggagaaa 240
ccaacccgtt ttagagataa aacaatgtta tcagtcctac ccaatttaat cggaaatcgc 300
ttaagtattc acgacattga ccagttgatc gaaatcttaa atactacgaa taaaaaagcc 360
acagtgaatg tggttgcaag tgaagaaaaa ggcagctcaa atctaaatat tgaaagacaa 420
tatgatgttt ttccgcaagt gagtgtcgga ttcaataatt caggtgctgg caataatgcc 480
aatgggcgta atcaagctac attgaatatt gcttggagtg atctattagg cacgaatgat 540
cgttggagtt tctcgagtag ttaccgttta tataaaaaatc atcatgctaa ccagcaacgc 600
aattatactt tgtcttacag tcagcctata ggcttttcta cagtagaaat taaagcatcg 660
gaatctacgt atgaaaaaga acttcgcggg ataaatactc attcttctca tgggaaaacc 720
caaagcttag ctgtcaagct gatgcatgtg ttattgcgta ataaggagag tattttatct 780

acatataccg	agttcgagtt	taaaaaacgg	attagttatt	tttctgatat	tttgattggg	840
aaatatcaca	ataataaagt	gagcgtaggg	ttatcttaca	tgactaattt	tgcttacggg	900
aagctttaca	gcgacattgc	ttacgcgaat	gggttgagat	ggtttggggc	gaattattca	960
gcatatgatg	caaatcgtga	aaaaacctta	aaattattgt	caggaagtat	taattggcag	1020
cgtccaatat	ccctgtttga	acgtgcgatg	aattatcaat	tacgtattgg	tgcccaatat	1080
ggttttgata	gtttgtattc	tgaaaatcaa	ttttcaattg	gtgatgaata	tacagtaaga	1140
ggatttaaag	gtggtgcggt	ttctggtgat	agtggtgogt	atztatcaca	aacactgacg	1200
gttccttttt	atccacaaaa	agcatattta	tctcaggtat	ccccttttat	tggatttgat	1260
atgggtaaag	tacatattaa	atcaaagcat	aaaacaacca	ctttagtcgg	ttttgcccta	1320
ggcttgaaaa	cgcaaataaa	gttatttttca	ttatcattaa	cctatgcaca	accaatgaat	1380
ggtgtgagtg	gtgttacgca	acatcgtcaa	aaaccgattt	attatttctc	aggatcactt	1440
tctttttaat	ctctttttaag	tttaaggatt	aacttaat	atg aac aaa aat	cgt tac	1496

Met Asn Lys Asn Arg Tyr

5

aaa ctc att ttt agt caa gtc aaa ggt tgt ctc gtt cct gtg gca gaa 1544
Lys Leu Ile Phe Ser Gln Val Lys Gly Cys Leu Val Pro Val Ala Glu
10 15 20

tgt att aac tca gct att agc aat ggt tca tct gat tca aca tcc aca 1592
Cys Ile Asn Ser Ala Ile Ser Asn Gly Ser Ser Asp Ser Thr Ser Thr
25 30 35

tca gaa caa gtt gaa gag gaa cct ttc ctt cta gaa caa tat tca ctt 1640
Ser Glu Gln Val Glu Glu Glu Pro Phe Leu Leu Glu Gln Tyr Ser Leu
40 45 50

tcc tcc gtg tct tta tta gta aaa agc acg ttc aat cct gtt tcg tat 1688
Ser Ser Val Ser Leu Leu Val Lys Ser Thr Phe Asn Pro Val Ser Tyr
55 60 65 70

gca atg caa ttg act tgg aaa cag ctt tct att tta ttt tta act gtg 1736
Ala Met Gln Leu Thr Trp Lys Gln Leu Ser Ile Leu Phe Leu Thr Val
75 80 85

att tct gtt cct gtt ttg gct gag gga aaa ggg gat gaa aga aat caa 1784
Ile Ser Val Pro Val Leu Ala Glu Gly Lys Gly Asp Glu Arg Asn Gln
90 95 100

tta aca gtg att gat aat agc gat cat att aaa tta gat gca tct aat 1832
Leu Thr Val Ile Asp Asn Ser Asp His Ile Lys Leu Asp Ala Ser Asn

105	110	115	
ctt gct ggt aat gat aaa aca aaa atc tat caa gca gaa aat aaa gtt			1880
Leu Ala Gly Asn Asp Lys Thr Lys Ile Tyr Gln Ala Glu Asn Lys Val			
120	125	130	
ctg gtt att gat att gct aaa cca aat ggg aaa ggg att tca gat aac			1928
Leu Val Ile Asp Ile Ala Lys Pro Asn Gly Lys Gly Ile Ser Asp Asn			
135	140	145	150
cgt ttt gaa aaa ttt aat att cca aat agc gcg gtg ttt aat aat aat			1976
Arg Phe Glu Lys Phe Asn Ile Pro Asn Ser Ala Val Phe Asn Asn Asn			
	155	160	165
ggg act gaa gcg cag gca aga tca aca tta att ggt tac att ccg caa			2024
Gly Thr Glu Ala Gln Ala Arg Ser Thr Leu Ile Gly Tyr Ile Pro Gln			
	170	175	180
aat caa aat tta agg gga ggg aaa gaa gct gat gtt ata tta aat caa			2072
Asn Gln Asn Leu Arg Gly Gly Lys Glu Ala Asp Val Ile Leu Asn Gln			
	185	190	195
gtg aca ggt cct caa gaa agt aaa att gtt ggc gcg ctt gaa gta tta			2120
Val Thr Gly Pro Gln Glu Ser Lys Ile Val Gly Ala Leu Glu Val Leu			
	200	205	210
ggt aaa aaa gct gat atc gtc att gca aac caa aat ggt att acc tta			2168
Gly Lys Lys Ala Asp Ile Val Ile Ala Asn Gln Asn Gly Ile Thr Leu			
215	220	225	230
aat ggt gta aga aca ata aat tca gat cgt ttt gtt gcc act acg agt			2216
Asn Gly Val Arg Thr Ile Asn Ser Asp Arg Phe Val Ala Thr Thr Ser			
	235	240	245
gag ctt ata gat ccg aat cag atg atg tta aag gtt aca aaa gga aat			2264
Glu Leu Ile Asp Pro Asn Gln Met Met Leu Lys Val Thr Lys Gly Asn			
	250	255	260
gtg atc att gat att gat ggt ttt tcg aca gat gga tta aag tat tta			2312
Val Ile Ile Asp Ile Asp Gly Phe Ser Thr Asp Gly Leu Lys Tyr Leu			
	265	270	275
gat att att gct aaa aaa att gaa caa aag caa tca att aca tca ggg			2360
Asp Ile Ile Ala Lys Lys Ile Glu Gln Lys Gln Ser Ile Thr Ser Gly			
	280	285	290
gat aat tca gaa gca aaa aca gat gtc act ctt att gcg ggt tcc agt			2408
Asp Asn Ser Glu Ala Lys Thr Asp Val Thr Leu Ile Ala Gly Ser Ser			
295	300	305	310
gaa tat gat tta agc aaa cat gag ctg aaa aaa acg agc ggt gaa aat			2456
Glu Tyr Asp Leu Ser Lys His Glu Leu Lys Lys Thr Ser Gly Glu Asn			

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

520	525	530	
ttc tca ata tct ccg tcg atg ctc gca agc ctt agt gca cag ttt aag			3128
Phe Ser Ile Ser Pro Ser Met Leu Ala Ser Leu Ser Ala Gln Phe Lys			
535	540	545	550
cct ggt ttt gtg aat aag gga ctc att gaa agt gcg ggg agt gca gaa			3176
Pro Gly Phe Val Asn Lys Gly Leu Ile Glu Ser Ala Gly Ser Ala Glu			
	555	560	565
tta act ttt aaa gaa aaa acc agt ttt tta aca gag ggc aat aat ttt			3224
Leu Thr Phe Lys Glu Lys Thr Ser Phe Leu Thr Glu Gly Asn Asn Phe			
	570	575	580
att aga gct aaa gat gcg tta ac			3247
Ile Arg Ala Lys Asp Ala Leu			
	585		
<210> 18			
<211> 589			
<212> PRT			
<213> Pasteurella multocida			
<400> 18			
Met Asn Lys Asn Arg Tyr Lys Leu Ile Phe Ser Gln Val Lys Gly Cys			
1	5	10	15
Leu Val Pro Val Ala Glu Cys Ile Asn Ser Ala Ile Ser Asn Gly Ser			
	20	25	30
Ser Asp Ser Thr Ser Thr Ser Glu Gln Val Glu Glu Glu Pro Phe Leu			
	35	40	45
Leu Glu Gln Tyr Ser Leu Ser Ser Val Ser Leu Leu Val Lys Ser Thr			
	50	55	60
Phe Asn Pro Val Ser Tyr Ala Met Gln Leu Thr Trp Lys Gln Leu Ser			
	65	70	75
			80
Ile Leu Phe Leu Thr Val Ile Ser Val Pro Val Leu Ala Glu Gly Lys			
	85	90	95
Gly Asp Glu Arg Asn Gln Leu Thr Val Ile Asp Asn Ser Asp His Ile			
	100	105	110
Lys Leu Asp Ala Ser Asn Leu Ala Gly Asn Asp Lys Thr Lys Ile Tyr			
	115	120	125
Gln Ala Glu Asn Lys Val Leu Val Ile Asp Ile Ala Lys Pro Asn Gly			
	130	135	140
Lys Gly Ile Ser Asp Asn Arg Phe Glu Lys Phe Asn Ile Pro Asn Ser			

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

```

                420                      425                      430
Asn Ala Glu Ile Arg Ser Thr Thr Gln Ala Lys Ile Val Ala Lys Gly
    435                      440                      445

Ala Leu Ser Ile Glu Gln Asn Ala Lys Leu Val Ala Lys Lys Ile Asp
    450                      455                      460

Val Ala Thr Glu Thr Leu Thr Asn Ala Gly Arg Ile Tyr Gly Arg Glu
    465                      470                      475                      480

Val Lys Leu Asp Thr Asn Asn Leu Ile Asn Asp Lys Glu Ile Tyr Ala
    485                      490                      495

Glu Arg Lys Leu Ser Ile Leu Thr Lys Gly Lys Asp Leu Glu Ile Ile
    500                      505                      510

Gln Asp Arg Tyr Leu Ser Pro Leu Met Arg Val Lys Ser Ser Val Arg
    515                      520                      525

Phe Leu Gly Ser Pro Phe Phe Ser Ile Ser Pro Ser Met Leu Ala Ser
    530                      535                      540

Leu Ser Ala Gln Phe Lys Pro Gly Phe Val Asn Lys Gly Leu Ile Glu
    545                      550                      555                      560

Ser Ala Gly Ser Ala Glu Leu Thr Phe Lys Glu Lys Thr Ser Phe Leu
    565                      570                      575

Thr Glu Gly Asn Asn Phe Ile Arg Ala Lys Asp Ala Leu
    580                      585

```

<210> 19
 <211> 3247
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (1) .. (1446)

<220>
 <223> fhaC

```

<400> 19
gtc gac ctt gcg ggt gaa aag gta tct cta aat ttt ggc gat atc att    48
Val Asp Leu Ala Gly Glu Lys Val Ser Leu Asn Phe Gly Asp Ile Ile
    1              5              10              15

cat gct tac caa aac cag ccc cta tca aca aaa gtt gtt ttt caa tta    96
His Ala Tyr Gln Asn Gln Pro Leu Ser Thr Lys Val Val Phe Gln Leu

```

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

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

435	440	445	
ttt tca tta tca tta acc tat gca caa cca atg aat ggt gtg agt ggt			1392
Phe Ser Leu Ser Leu Thr Tyr Ala Gln Pro Met Asn Gly Val Ser Gly			
450	455	460	
ggt acg caa cat cgt caa aaa ccg att tat tat ttc tca gga tca ctt			1440
Val Thr Gln His Arg Gln Lys Pro Ile Tyr Tyr Phe Ser Gly Ser Leu			
465	470	475	480
tct ttt taatctcttt taagttaaag gattaactta atatgaacaa aaatcggtac			1496
Ser Phe			
aaactcattt ttagtcaagt caaagggtgt ctcgttcctg tggcagaatg tattaactca			1556
gctattagca atggttcatc tgattcaaca tccacatcag aacaagttga agaggaacct			1616
ttccttctag aacaatattc actttcctcc gtgtctttat tagtaaaaag cacgttcaat			1676
cctgtttcgt atgcaatgca attgacttgg aaacagcttt ctattttatt tttaactgtg			1736
atttctgttc ctgttttggc tgagggaaaa ggggatgaaa gaaatcaatt aacagtgatt			1796
gataatagcg atcatattaa attagatgca tctaattctg ctggtaatga taaaacaaaa			1856
atctatcaag cagaaaataa agttctgggtt attgatattg ctaaaccaaa tgggaaaggg			1916
atttcagata accgttttga aaaatttaat attccaaata gcgcggtgtt taataataat			1976
gggactgaag cgcaggcaag atcaacatta attggttaca ttccgcaaaa tcaaaattta			2036
aggggagggga aagaagctga tgttatatta aatcaagtga caggtcctca agaaagtaaa			2096
attgttggcg cgcttgaagt attaggtaaa aaagctgata tcgtcattgc aaacaaaaat			2156
ggtattacct taaatgggtgt aagaacaata aattcagatc gttttgttgc cactacgagt			2216
gagcttatag atccgaatca gatgatgtta aaggttacaa aaggaaatgt gatcattgat			2276
attgatggtt ttctgacaga tggattaaag tatttagata ttattgctaa aaaaattgaa			2336
caaaagcaat caattacatc aggggataat tcagaagcaa aaacagatgt cactcttatt			2396
gcgggttcca gtgaatatga tttaagcaaa catgagctga aaaaaacgag cggtgaaaat			2456
gtatctaattg atgttattgc tatcacggga tctagtacag gcgcaatgca tggtaaaaaat			2516
attaagttga ttgtgacaga taaaggtgca ggcgtaaaac atgatggaat tattttgtct			2576
gaaaatgata ttcagattga aatgaatgaa ggtgacttag aacttggcaa tacgattcag			2636
caaacagtgg taaaaaaaga ccgaaatatt cgagccaaga aaaaaattga agtgaaaaac			2696

gctaatacgtg tttttgttgg tagtcaaacg aaatcagatg aaatttcgtt agaggcgaaa 2756
 caagttaaaa tcagaaaaaa cgcagagatt aggagtagca cacaagccaa aatcgtagca 2816
 aaggggtgcc tgtctattga gcaaaatgcg aagctcgctg ctaaaaagat agatgtggca 2876
 acagaaaactc taactaatgc tgggcgtatt tatggctcag aggttaagct tgacactaat 2936
 aatttgatta atgataaaga aatttatgct gaacggaaat tgagtatttt gacgaaagga 2996
 aaagatcttg aaattattca agatagatat ttgtctccac tgatgcgcgt aaaaagtagt 3056
 gtccgctttt taggctctcc gtttttctca atatctccgt cgatgctcgc aagccttagt 3116
 gcacagttaa agcctggttt tgtgaataag ggactcattg aaagtgcggg gagtgcagaa 3176
 ttaactttta aagaaaaaac cagtttttta acagagggca ataattttat tagagctaaa 3236
 gatgcgttaa c 3247

<210> 20

<211> 482

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 20

Val Asp Leu Ala Gly Glu Lys Val Ser Leu Asn Phe Gly Asp Ile Ile
 1 5 10 15

His Ala Tyr Gln Asn Gln Pro Leu Ser Thr Lys Val Val Phe Gln Leu
 20 25 30

Val Lys Asp Leu Thr Glu Val Leu Tyr Arg Ser Gly Tyr Val Thr Ser
 35 40 45

Ala Ile Gly Leu Lys Asn Ser Lys Ile Ser Asn Gly Asp Leu Glu Phe
 50 55 60

Ile Val Leu Trp Gly Arg Thr Arg Asp Leu Phe Val Asn Gly Glu Lys
 65 70 75 80

Pro Thr Arg Phe Arg Asp Lys Thr Met Leu Ser Val Leu Pro Asn Leu
 85 90 95

Ile Gly Asn Arg Leu Ser Ile His Asp Ile Asp Gln Leu Ile Glu Ile
 100 105 110

Leu Asn Thr Thr Asn Lys Lys Ala Thr Val Asn Val Val Ala Ser Glu
 115 120 125

Glu Lys Gly Ser Ser Asn Leu Asn Ile Glu Arg Gln Tyr Asp Val Phe

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

Ile Gly Phe Asp Met Gly Lys Val His Ile Lys Ser Lys His Lys Thr
420 425 430

Thr Thr Leu Val Gly Phe Ala Leu Gly Leu Lys Thr Gln Ile Lys Leu
435 440 445

Phe Ser Leu Ser Leu Thr Tyr Ala Gln Pro Met Asn Gly Val Ser Gly
450 455 460

Val Thr Gln His Arg Gln Lys Pro Ile Tyr Tyr Phe Ser Gly Ser Leu
465 470 475 480

Ser Phe

<210> 21

<211> 1170

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (639)..(1022)

<220>

<223> greA

<400> 21

gtcaacaaac ggcaaccact tcggcaaaaa gcgattgcgc ttgtgttctg ctctaagctc 60
aagcgttggg atcgcgcgaa ttgcgttgac cactggtgag atcggggtca cctgtaaaac 120
gtacgataag atcgccatgc atttcattgt tttttatttt tccattgggt aatagactgg 180
tttcaaattg aaattgggtca cttagtagca gtttggcggg taaggcgggt agcacttttt 240
gtgtactggc gggtaacata aaggtagctg cttggtgcgc tacaattttt tcattacgat 300
ttaagttttt agccacaaaa cctaggtctg tcccttcggg taaatgagcg ttgatttcag 360
caagatcaat ctcagcataa ctgaaatgac tgacgagtaa actacatata agtatcggtc 420
gtttgaaaag gcgtaaaagc gtggcagtaa aaaaagaaga tattttatac ataattggct 480
cgagcagttg ctattttttt attgtcgaac aataatagta tttgaaccct cgagagtaaa 540
tccttttctc gttaaactact tattttttta ttcaactacg gcattgtttt tacaatgttg 600
tggttttgtt tttatctaaa aaggaagaaa aaacgatt atg aaa cag att cca atg 656
Met Lys Gln Ile Pro Met

```

                                1                               5

act ata cgt ggt gcg gaa caa tta aga caa gaa ctc gat ttt ttg aaa   704
Thr Ile Arg Gly Ala Glu Gln Leu Arg Gln Glu Leu Asp Phe Leu Lys
      10                15                20

aac act cgt cgc cca gaa att att aat gct atc gca gaa gct cgt gaa   752
Asn Thr Arg Arg Pro Glu Ile Ile Asn Ala Ile Ala Glu Ala Arg Glu
      25                30                35

cat ggc gat cta aaa gaa aat gca gaa tac cat gct gcg cgt gaa cag   800
His Gly Asp Leu Lys Glu Asn Ala Glu Tyr His Ala Ala Arg Glu Gln
      40                45                50

caa gga ttt tgt gaa gga cga atc caa gaa att gaa ggg aaa tta gcg   848
Gln Gly Phe Cys Glu Gly Arg Ile Gln Glu Ile Glu Gly Lys Leu Ala
      55                60                65                70

aat agt caa att att gat gtc aca aag atc cca aat aat ggc aaa gtg   896
Asn Ser Gln Ile Ile Asp Val Thr Lys Ile Pro Asn Asn Gly Lys Val
      75                80                85

att ttt ggt gcc aca att ttg tta ctg aat att gac acg gaa gaa gaa   944
Ile Phe Gly Ala Thr Ile Leu Leu Leu Asn Ile Asp Thr Glu Glu Glu
      90                95                100

gtc tcg tac caa att gta ggc gat gat gaa gcc aat att aaa gca ggg   992
Val Ser Tyr Gln Ile Val Gly Asp Asp Glu Ala Asn Ile Lys Ala Gly
      105                110                115

cta att tca gtt aac gcc acg cga ttg aat tagagaaagc taaatggatt   1042
Leu Ile Ser Val Asn Ala Thr Arg Leu Asn
      120                125

gcccaagatc ttggcgtcaa acaaacgtta attgacactt ccgtcattaa agcgattacg 1102

caaaatgcct taatggacga acaggcaaga attgagcaac atggcagtac accgaatact 1162

ttcgttga                                                                1170

```

<210> 22

<211> 128

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 22

```

Met Lys Gln Ile Pro Met Thr Ile Arg Gly Ala Glu Gln Leu Arg Gln
  1                5                10                15

```

```

Glu Leu Asp Phe Leu Lys Asn Thr Arg Arg Pro Glu Ile Ile Asn Ala
      20                25                30

```

Ile Ala Glu Ala Arg Glu His Gly Asp Leu Lys Glu Asn Ala Glu Tyr
35 40 45

His Ala Ala Arg Glu Gln Gln Gly Phe Cys Glu Gly Arg Ile Gln Glu
50 55 60

Ile Glu Gly Lys Leu Ala Asn Ser Gln Ile Ile Asp Val Thr Lys Ile
65 70 75 80

Pro Asn Asn Gly Lys Val Ile Phe Gly Ala Thr Ile Leu Leu Leu Asn
85 90 95

Ile Asp Thr Glu Glu Glu Val Ser Tyr Gln Ile Val Gly Asp Asp Glu
100 105 110

Ala Asn Ile Lys Ala Gly Leu Ile Ser Val Asn Ala Thr Arg Leu Asn
115 120 125

<210> 23

<211> 4666

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (980) .. (2440)

<220>

<223> guaB

<400> 23

aacacatgaa cctcttcccc aaaatacgca tccatatctc gccaatcttg gcgaaatgct 60
tcatcaattc ctgcttggtc aaaatgttgt aaacgtgcaa tcaacttttt acctaattct 120
gcgatcaatt tattccgata aatcggttgt aatacttcaa tcagctctgc ccaagggtga 180
tcaatttgct gtgtttgttt tgggaaagac aaattaatgc caaagccaat cacgagatta 240
tgttgattat tctgacgatt ggcgatttcg accaaaatcc ctgctaattt gcgcccattg 300
aatagcacat catttggtcca ttttaatcca atgttcaaag cacctgcttg ctttagcggt 360
tctgcgattg ccataccac tactaaactc aagccttcta aattgacctt ttggtcacat 420
gccaataca aactcataat cacttggtcca gcaaaaggag aaagccattg acgaccacgt 480
cgtccacgtc ccgcagtttg atattctgct aagcaaatac cgcctttttc caaatgtgca 540
atattgtcaa gcaagaattg attggtcgag ttaataatcg gcttaatata aagtgggtaa 600

```

ggtgctaacg cttgctgcaa ataagattca ttttaagcgac ttaattgagg tatgagacga 660
aaatggttga cttgctgttc tatttgtatc ccttgttggt tcaatttttc gatattgtgt 720
aagatatctt gttctgaata acctaaaagt gcagtcaatt ctgctaaaga aagttgttga 780
tagctagcga gtaatgcaag tacgttttgc ataaaaatcc ttatttatat aaccaaagag 840
aggcaactta ttatagacaa tgattttctc gaaaatcgat aaaaaaatcc attttcaaac 900
agcaacgaaa tctgtataat gcgaccgcaa ttttttttac ctttttattt ttcatatcaa 960

cctaagagag aatattgca atg tta cga gta ata aaa gaa gca tta acc ttc 1012
          Met Leu Arg Val Ile Lys Glu Ala Leu Thr Phe
              1              5              10

gat gat gtt ttg ctt gtc cca gca cat tct act gtg ctc cca aat acc 1060
Asp Asp Val Leu Leu Val Pro Ala His Ser Thr Val Leu Pro Asn Thr
          15              20              25

gca gac ctt tcc act caa ctc acc aaa act atc cgc ctc aat atc cca 1108
Ala Asp Leu Ser Thr Gln Leu Thr Lys Thr Ile Arg Leu Asn Ile Pro
          30              35              40

atg tta tcc gcc gcc atg gat acc gtg aca gaa act aaa ctg gca atc 1156
Met Leu Ser Ala Ala Met Asp Thr Val Thr Glu Thr Lys Leu Ala Ile
          45              50              55

tct ctt gca caa gaa ggt ggc atc ggg ttt att cat aaa aat atg tct 1204
Ser Leu Ala Gln Glu Gly Gly Ile Gly Phe Ile His Lys Asn Met Ser
          60              65              70              75

att gag cgt caa gcg gaa cgt gtc cgc aaa gtg aaa aaa ttt gag agc 1252
Ile Glu Arg Gln Ala Glu Arg Val Arg Lys Val Lys Lys Phe Glu Ser
          80              85              90

ggt att gta tcc gat cct gtc acc gtt tca cca acc tta tct tta gca 1300
Gly Ile Val Ser Asp Pro Val Thr Val Ser Pro Thr Leu Ser Leu Ala
          95              100              105

gaa tta agt gaa tta gtg aag aaa aat ggt ttt gcg agt ttc cct gtt 1348
Glu Leu Ser Glu Leu Val Lys Lys Asn Gly Phe Ala Ser Phe Pro Val
          110              115              120

gtt gat gat gaa aaa aat ctt gtc ggt atc att act ggt cgt gat aca 1396
Val Asp Asp Glu Lys Asn Leu Val Gly Ile Ile Thr Gly Arg Asp Thr
          125              130              135

cgc ttt gtc acg gat tta aat aaa aca gtg gcg gac ttt atg acc cct 1444
Arg Phe Val Thr Asp Leu Asn Lys Thr Val Ala Asp Phe Met Thr Pro
          140              145              150              155

```

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

ttt gca ggt aca gaa gaa gca cca ggt gaa atc gaa ctt tat caa ggt 2116
 Phe Ala Gly Thr Glu Glu Ala Pro Gly Glu Ile Glu Leu Tyr Gln Gly
 365 370 375

cgt gcc ttt aaa tct tat cga ggt atg gga tcg tta ggt gcg atg agc 2164
 Arg Ala Phe Lys Ser Tyr Arg Gly Met Gly Ser Leu Gly Ala Met Ser
 380 385 390 395

aaa ggc tca agc gac cgc tat ttc cag tcc gat aat gca gct gac aaa 2212
 Lys Gly Ser Ser Asp Arg Tyr Phe Gln Ser Asp Asn Ala Ala Asp Lys
 400 405 410

tta gta cca gaa ggt att gaa gga cgt att cca tat aaa gga ttc tta 2260
 Leu Val Pro Glu Gly Ile Glu Gly Arg Ile Pro Tyr Lys Gly Phe Leu
 415 420 425

aaa gaa att atc cat caa caa atg ggt gga ttg cgt tct tgt atg ggc 2308
 Lys Glu Ile Ile His Gln Gln Met Gly Gly Leu Arg Ser Cys Met Gly
 430 435 440

tta acg ggt tgt gca acc att gat gaa ctc cgt acc aaa gcg cag ttt 2356
 Leu Thr Gly Cys Ala Thr Ile Asp Glu Leu Arg Thr Lys Ala Gln Phe
 445 450 455

gtg cgc att agt ggt gca ggg atc caa gaa agc cat gtg cat gat gtg 2404
 Val Arg Ile Ser Gly Ala Gly Ile Gln Glu Ser His Val His Asp Val
 460 465 470 475

act atc aca aaa gaa gcc cct aat tat cgt atg ggt taaacattgc 2450
 Thr Ile Thr Lys Glu Ala Pro Asn Tyr Arg Met Gly
 480 485

ttaggtgggg attatcccca cctaagttta ttttaaataa caacgttaat agagaagctt 2510

atttttatgt atggcattaa aattaaaaat gttattaaac tttttctatt aaagttttta 2570

agaaataaat atcgatataa aatcaatatt caacatcatc tcattagtat tgaaggaaaa 2630

tgcggtgagt ttgatttaag ccagctaaac tatgtttatt tgggtgaaaga tcctgagata 2690

agaaataatc gactgacact gtacttgaat gattttttca aaattggggg aaattatcat 2750

ggatttactc aaatgtatca gacactatca tccaagtatg gttttgatga cgcaacgttt 2810

tttgaatatc tttgtaagaa agggcctttt tctattcaaa tttggcgtaa aaaacaaact 2870

caaaattatg tgattcttga tgaagcctat actgactata cacaaggttt tgaaattcaa 2930

tctcctgaaa aaatatattat tccttggggg actacttatg aagccttatt tcagcagaca 2990

caatttaaag aaaaaggaat ctcttatgac tttatcttcc ctattcggat agggcggtta 3050

ttactcaagg atgtgtggat cacaccaagt gtccgaaaag atgtaccgat tttagcggtta 3110
 tacactgagt gctatcatga atccgcgaca gaaaaaagtt atcaggaatt aaccgccgca 3170
 ttacgtgaga accaacagtt aatcagatca tgtgttgaag aacgagccga tccgaaatta 3230
 tataagtctg ttttacgcct taacgcgaca gaatttgaat tgcgttatta tcgacatata 3290
 cgagacgatt ttgatagggg atacactaaa ttcagcatta gagatacgac agactattta 3350
 gattatgtga tcaacgagcc ttatgaaaat caattagtga taacggatta tttagtgatt 3410
 gaggcgcaaa atttaataaa aatggattat accgataatt ccattattaa acgccgacca 3470
 ccaaaaaataa aagaaaagtt tcgtgatgca caaagcctga tttggacaga tgatctcaat 3530
 cataaaatcg gttttaccag tgatgaccgc gctatcgtct ttgataaagc ggacattgaa 3590
 tcctttactc tggcaaatat agagacaacc cgaagacata atcgcagttc actcagcatc 3650
 tgttttgtgg ataaaaataa ggaagccatc actgtatttc tagctgaaca tcattttctg 3710
 ataccctatg tggataaaat aaaaacactg acacaaaaag aggtgttggt tcttgaagaa 3770
 tatatagagg atgtttaaaa aaccgataac atcttgatgt catcgcaaat tcaaactcct 3830
 ttacacaat atatttaaac ttttaaccga ttttaatattt acgtaaaaac aactaagaga 3890
 acttaaatga acaacattca caaccataaa attttaattt tggacttcgg ttcacaatat 3950
 acccagttga ttgccgcgcg tgtacgtgaa attggcgtgt actgcgaact ttgggcatgg 4010
 gatgtatccg aagccgatat tcgtgagttt aatccaactg ggattattct ttctggtggt 4070
 cctgaaagta cactgaaga aaacagccca cgagctcccg aatacgtatt caacgccggt 4130
 gtacccgat tagggatctg ttatgggatg caaaccatgg cgatgcaact aggtgggtta 4190
 actgaaactt ctactcaccg agaatttggt tatgcatcag tgaatctaaa agccgcggac 4250
 gcgttatttg ctcaattaaa tgatgatgtc gcaagttcac agcccaaatt agacgttttg 4310
 atgagccatg gcgataaagt gacgcgtttg ccagatcatt tccaagtcac cgcaatgacc 4370
 tcaacctgtc caatcgcagc tatgtcggat gaacgtcgtc gtttttatgg tgtccaattc 4430
 caccagaag tgactcatac aaaaagcggg cttgaattat taacgaattt tgtggtgaag 4490
 atctgtggtt gtgaacgtaa ctggacacca gaaaatatca ttgaagatgc cgttgctcgt 4550
 cttaaagcac aagtgggcga tgatgaagtg attttaggct tatctggtgg cgtaactgc 4610
 cgtataggca gcttagaaaa agtgtccgcg ctcacgttaa tcccgtgaag cgttga 4666

<210> 24

<211> 487

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 24

Met Leu Arg Val Ile Lys Glu Ala Leu Thr Phe Asp Asp Val Leu Leu
1 5 10 15

Val Pro Ala His Ser Thr Val Leu Pro Asn Thr Ala Asp Leu Ser Thr
20 25 30

Gln Leu Thr Lys Thr Ile Arg Leu Asn Ile Pro Met Leu Ser Ala Ala
35 40 45

Met Asp Thr Val Thr Glu Thr Lys Leu Ala Ile Ser Leu Ala Gln Glu
50 55 60

Gly Gly Ile Gly Phe Ile His Lys Asn Met Ser Ile Glu Arg Gln Ala
65 70 75 80

Glu Arg Val Arg Lys Val Lys Lys Phe Glu Ser Gly Ile Val Ser Asp
85 90 95

Pro Val Thr Val Ser Pro Thr Leu Ser Leu Ala Glu Leu Ser Glu Leu
100 105 110

Val Lys Lys Asn Gly Phe Ala Ser Phe Pro Val Val Asp Asp Glu Lys
115 120 125

Asn Leu Val Gly Ile Ile Thr Gly Arg Asp Thr Arg Phe Val Thr Asp
130 135 140

Leu Asn Lys Thr Val Ala Asp Phe Met Thr Pro Lys Ala Arg Leu Val
145 150 155 160

Thr Val Lys Arg Asn Ala Ser Arg Asp Glu Ile Phe Gly Leu Met His
165 170 175

Thr His Arg Val Glu Lys Val Leu Val Val Ser Asp Asp Phe Lys Leu
180 185 190

Lys Gly Met Ile Thr Leu Lys Asp Tyr Gln Lys Ser Glu Gln Lys Pro
195 200 205

Gln Ala Cys Lys Asp Glu Phe Gly Arg Leu Arg Val Gly Ala Ala Val
210 215 220

Gly Ala Gly Pro Gly Asn Glu Glu Arg Ile Asp Ala Leu Val Lys Ala
225 230 235 240

Gly Val Asp Val Leu Leu Ile Asp Ser Ser His Gly His Ser Glu Gly
245 250 255

Val Leu Gln Arg Val Arg Glu Thr Arg Ala Lys Tyr Pro Asp Leu Pro
260 265 270

Ile Val Ala Gly Asn Val Ala Thr Ala Glu Gly Ala Ile Ala Leu Ala
275 280 285

Asp Ala Gly Ala Ser Ala Val Lys Val Gly Ile Gly Pro Gly Ser Ile
290 295 300

Cys Thr Thr Arg Ile Val Thr Gly Val Gly Val Pro Gln Ile Thr Ala
305 310 315 320

Ile Ala Asp Ala Ala Glu Ala Leu Lys Asp Arg Gly Ile Pro Val Ile
325 330 335

Ala Asp Gly Gly Ile Arg Phe Ser Gly Asp Ile Ser Lys Ala Ile Ala
340 345 350

Ala Gly Ala Ser Cys Val Met Val Gly Ser Met Phe Ala Gly Thr Glu
355 360 365

Glu Ala Pro Gly Glu Ile Glu Leu Tyr Gln Gly Arg Ala Phe Lys Ser
370 375 380

Tyr Arg Gly Met Gly Ser Leu Gly Ala Met Ser Lys Gly Ser Ser Asp
385 390 395 400

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

Ile Glu Gly Arg Ile Pro Tyr Lys Gly Phe Leu Lys Glu Ile Ile His
420 425 430

Gln Gln Met Gly Gly Leu Arg Ser Cys Met Gly Leu Thr Gly Cys Ala
435 440 445

Thr Ile Asp Glu Leu Arg Thr Lys Ala Gln Phe Val Arg Ile Ser Gly
450 455 460

Ala Gly Ile Gln Glu Ser His Val His Asp Val Thr Ile Thr Lys Glu
465 470 475 480

Ala Pro Asn Tyr Arg Met Gly
485

<210> 25
<211> 2364
<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (191) .. (1828)

<220>

<223> Hi1501

<400> 25

gtcaacactc atcgcacagc tgaggcattt cccgaaagct gatcatgatg atggacctga 60

tgcgctagag atgctgtgga aaaatgcggt aagcagctct gccccgattg agttcatgac 120

aattgacggc gatttagggc gtgatgaatt tgatgacggc gatttataca gtatttggcg 180

gagataaaaa atg gcg aag aaa aag aaa aaa tta caa caa gcg aaa aaa 229

Met Ala Lys Lys Lys Lys Lys Leu Gln Gln Ala Lys Lys

1

5

10

gta caa gtt ggc tta gat aca caa aca aat gag gcg cgt gtc acg gag 277

Val Gln Val Gly Leu Asp Thr Gln Thr Asn Glu Ala Arg Val Thr Glu

15

20

25

aca gga aga att att tct gat cac cca agc aat aaa att acc ccc gca 325

Thr Gly Arg Ile Ile Ser Asp His Pro Ser Asn Lys Ile Thr Pro Ala

30

35

40

45

aag tta aaa ggg att tta gaa gat gct gaa ggt ggt gat att acc gcg 373

Lys Leu Lys Gly Ile Leu Glu Asp Ala Glu Gly Gly Asp Ile Thr Ala

50

55

60

caa cat gag ctt ttc atg gat att gaa gaa cgc gac agt tgc atc ggg 421

Gln His Glu Leu Phe Met Asp Ile Glu Glu Arg Asp Ser Cys Ile Gly

65

70

75

gca aat att caa acc cgt aag cgt gcg att tta acc ctt gac tgg cgc 469

Ala Asn Ile Gln Thr Arg Lys Arg Ala Ile Leu Thr Leu Asp Trp Arg

80

85

90

att gca gag cca cgt aat gcc aca ccg caa gaa gaa aaa ctg caa gtc 517

Ile Ala Glu Pro Arg Asn Ala Thr Pro Gln Glu Glu Lys Leu Gln Val

95

100

105

gaa att gac gag ctt ttc tat caa ttc cca atg cta gaa gat tta atg 565

Glu Ile Asp Glu Leu Phe Tyr Gln Phe Pro Met Leu Glu Asp Leu Met

110

115

120

125

gtg gat atg atg gat gcg gta gga cat ggt ttt tcg gcg tta gaa att 613

Val Asp Met Met Asp Ala Val Gly His Gly Phe Ser Ala Leu Glu Ile

130

135

140

gaa tgg aag caa gct gaa agt aaa tgg att cca gtt aat ttt atc gca	661
Glu Trp Lys Gln Ala Glu Ser Lys Trp Ile Pro Val Asn Phe Ile Ala	
145 150 155	
cg t ccg cag tcg tgg ttt aaa cta gac aag gat gat aat tta ctg ctt	709
Arg Pro Gln Ser Trp Phe Lys Leu Asp Lys Asp Asp Asn Leu Leu Leu	
160 165 170	
aaa acg cca gat aat caa gac ggt gag ccg ttg aga caa tat ggc tgg	757
Lys Thr Pro Asp Asn Gln Asp Gly Glu Pro Leu Arg Gln Tyr Gly Trp	
175 180 185	
gta gtg cat acc cac aaa tca aga aca gta cag ctt gct cgt atg ggt	805
Val Val His Thr His Lys Ser Arg Thr Val Gln Leu Ala Arg Met Gly	
190 195 200 205	
tta ttt aga acg ctc gca tgg ctt tat atg ttt aaa cac tac tcg gtg	853
Leu Phe Arg Thr Leu Ala Trp Leu Tyr Met Phe Lys His Tyr Ser Val	
210 215 220	
cat gat ttt gcc gaa ttt cta gag ctt tat ggt atg ccg att cgt att	901
His Asp Phe Ala Glu Phe Leu Glu Leu Tyr Gly Met Pro Ile Arg Ile	
225 230 235	
ggt aaa tac cca ttt ggg gca acg aat gac gaa aag cgc aca tta ttg	949
Gly Lys Tyr Pro Phe Gly Ala Thr Asn Asp Glu Lys Arg Thr Leu Leu	
240 245 250	
cg t gca ctt gct caa atc gga cat aac gca gca ggg att atg cca gaa	997
Arg Ala Leu Ala Gln Ile Gly His Asn Ala Ala Gly Ile Met Pro Glu	
255 260 265	
gga atg aat gtt gag ttg cat aat gtg aca aac act act ggc tcg gct	1045
Gly Met Asn Val Glu Leu His Asn Val Thr Asn Thr Thr Gly Ser Ala	
270 275 280 285	
gga agc aac ccg ttt ttg caa atg gtg gac tgg tgt gaa aag tcc gcc	1093
Gly Ser Asn Pro Phe Leu Gln Met Val Asp Trp Cys Glu Lys Ser Ala	
290 295 300	
gca cg t ttg att cta ggg caa aca tta aca agc ggt gca gat ggt aaa	1141
Ala Arg Leu Ile Leu Gly Gln Thr Leu Thr Ser Gly Ala Asp Gly Lys	
305 310 315	
act tca act aat gcc ctt gga caa gtg cat aat gaa gtc aga cg t gac	1189
Thr Ser Thr Asn Ala Leu Gly Gln Val His Asn Glu Val Arg Arg Asp	
320 325 330	
ttg ctt gtg tct gat gct aaa cag att gca caa act att aca caa cag	1237
Leu Leu Val Ser Asp Ala Lys Gln Ile Ala Gln Thr Ile Thr Gln Gln	
335 340 345	

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

gccattgagt ttttacataa taaaaaatta cttgcaacga aagtgtttaa aaaatcactg 1928
catgatagtg ccatcgcaag agctacaaca atcgcgagat tatctagtct tgagatgacg 1988
aatgatattt ataaatcaat ggaagttgcc aaaaaagagg gtaagagctt tacacaatgg 2048
aaaaaagact tggttaagtga gtttgagaaa aaaggctggg tattcgggca tgataaatct 2108
atcagtcgcg gtatcgacgg aaaactgttg gctgatccga aaacaggcga atattttggt 2168
acaccgctgc ggctgaatac aatttatcgt acaaacgtgc aagccgcata ttctgcggcg 2228
cgctatcagc gcatgatgga taatattgat catcgcccct attggcaata ttccgctgtc 2288
agcgatgagc gtacacgacc ctctcatctt gcactaaacg gtcgaattta tcgctatgat 2348
gacccgtttt ggtcga 2364

<210> 26

<211> 546

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 26

Met Ala Lys Lys Lys Lys Lys Leu Gln Gln Ala Lys Lys Val Gln Val
1 5 10 15

Gly Leu Asp Thr Gln Thr Asn Glu Ala Arg Val Thr Glu Thr Gly Arg
20 25 30

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

Gly Ile Leu Glu Asp Ala Glu Gly Gly Asp Ile Thr Ala Gln His Glu
50 55 60

Leu Phe Met Asp Ile Glu Glu Arg Asp Ser Cys Ile Gly Ala Asn Ile
65 70 75 80

Gln Thr Arg Lys Arg Ala Ile Leu Thr Leu Asp Trp Arg Ile Ala Glu
85 90 95

Pro Arg Asn Ala Thr Pro Gln Glu Glu Lys Leu Gln Val Glu Ile Asp
100 105 110

Glu Leu Phe Tyr Gln Phe Pro Met Leu Glu Asp Leu Met Val Asp Met
115 120 125

Met Asp Ala Val Gly His Gly Phe Ser Ala Leu Glu Ile Glu Trp Lys
130 135 140

Gln Ala Glu Ser Lys Trp Ile Pro Val Asn Phe Ile Ala Arg Pro Gln

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

420 425 430
 Val Glu Asn Pro Lys Lys Gln Thr Ala Leu Ser Val Gln Asn His Val
 435 440 445
 Thr Gly Cys Gln Cys Asp Gly Cys Arg Gly Val Ala Leu Ser Ala Asn
 450 455 460
 Asn Asn Ser Ser Thr Ala Gln Gly Val Leu Asp Gly Gly Leu Ala Gln
 465 470 475 480
 Ala Phe Asn Glu Pro Asp Phe Asn Lys Gln Leu Asn Pro Met Val Lys
 485 490 495
 Lys Ala Val Ala Val Leu Met Ala Cys Asp Ser Tyr Asp Glu Ala Ala
 500 505 510
 Glu Lys Leu Ala Glu Ala Tyr Pro Glu Ile Ser Ser His Glu His Glu
 515 520 525
 Gln Tyr Leu Ser Asn Ala Leu Phe Leu Ala Asp Leu Leu Gly Gly Thr
 530 535 540
 Asn Val
 545

<210> 27
 <211> 1353
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <223> hmbR

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

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 375
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 399
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 423

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

<220>

<221> misc_feature

<222> 453

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

<400> 27

g tca acg aaa gtc ggt tac gat att aat aac act cat cgt ttt aca ctg 49
Ser Thr Lys Val Gly Tyr Asp Ile Asn Asn Thr His Arg Phe Thr Leu
1 5 10 15

ttt tta gaa gat cgc cgt gaa aag aag ctt acc gaa gaa aaa aca tta 97
Phe Leu Glu Asp Arg Arg Glu Lys Lys Leu Thr Glu Glu Lys Thr Leu
20 25 30

ggg ctt agt gat gca gtg cgt ttt gct aat gat caa acc cct tat ctc 145
Gly Leu Ser Asp Ala Val Arg Phe Ala Asn Asp Gln Thr Pro Tyr Leu
35 40 45

cgt tat ggt att gaa tat cga tat aac ggc ttg tct tgg ttg gaa acg 193
Arg Tyr Gly Ile Glu Tyr Arg Tyr Asn Gly Leu Ser Trp Leu Glu Thr
50 55 60

gta aag ctt ttt ttg gca aag cag aaa atc gaa caa cgt tct gct ctc 241
Val Lys Leu Phe Leu Ala Lys Gln Lys Ile Glu Gln Arg Ser Ala Leu
65 70 75 80

caa gag ttt gat att aat aat agg aat aaa ttg gat tcg act atg tcg 289
Gln Glu Phe Asp Ile Asn Asn Arg Asn Lys Leu Asp Ser Thr Met Ser
85 90 95

ttt gta tat tta caa aga cag aat ata gct cgg gga gaa ttt tca acg 337
Phe Val Tyr Leu Gln Arg Gln Asn Ile Ala Arg Gly Glu Phe Ser Thr
100 105 110

agt cct tta tat tgg ggg ccg agt cgc cat cgt tta tnt gcg aaa ttc 385
Ser Pro Leu Tyr Trp Gly Pro Ser Arg His Arg Leu Xaa Ala Lys Phe
115 120 125

gaa ttt cgt gat ang ttt tta gaa aat atg aat aag cnt ttt acg ttt 433
Glu Phe Arg Asp Xaa Phe Leu Glu Asn Met Asn Lys Xaa Phe Thr Phe
130 135 140

cgg ccg tgg caa atc aat ana ttc aga caa caa ggt cga aat aac tat 481
Arg Pro Trp Gln Ile Asn Xaa Phe Arg Gln Gln Gly Arg Asn Asn Tyr
145 150 155 160

aca gaa gtg ttt ccc gtt aaa tcc cga gag ttt tct ttt tct ctt atg 529
Thr Glu Val Phe Pro Val Lys Ser Arg Glu Phe Ser Phe Ser Leu Met
165 170 175

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

370	375	380	
tct att caa cca tgg aca gtg gta acc ggt att gat tac gaa act gaa			1201
Ser Ile Gln Pro Trp Thr Val Val Thr Gly Ile Asp Tyr Glu Thr Glu			
385	390	395	400
ggg tgg agc gtg agt ttg agc ggg cgt tat agt gcg gct aaa aaa gcc			1249
Gly Trp Ser Val Ser Leu Ser Gly Arg Tyr Ser Ala Ala Lys Lys Ala			
	405	410	415
aaa gat gcg ata gaa acg gaa tac aca cat gat aaa aag gtt gtc aaa			1297
Lys Asp Ala Ile Glu Thr Glu Tyr Thr His Asp Lys Lys Val Val Lys			
	420	425	430
caa tgg ccg cat tta agt cca tcc tac ttt gtt gtt gat ttt acg ggg			1345
Gln Trp Pro His Leu Ser Pro Ser Tyr Phe Val Val Asp Phe Thr Gly			
	435	440	445
caa gtt ga			1353
Gln Val			
450			

<210> 28
 <211> 450
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 125
 <223> Xaa = any or unknown amino acid

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 133
 <223> Xaa = any or unknown amino acid

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 141
 <223> Xaa = any or unknown amino acid

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 151
 <223> Xaa = any or unknown amino acid

<400> 28
 Ser Thr Lys Val Gly Tyr Asp Ile Asn Asn Thr His Arg Phe Thr Leu

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

Asn Gln Tyr Ala His Phe Ser Val Gly Leu Phe Arg Thr Arg Tyr His
290 295 300

Asn Phe Ile Gln Glu Arg Glu Met Thr Cys Asp Lys Ile Pro Tyr Glu
305 310 315 320

Tyr Asn Arg Thr Tyr Gly Tyr Cys Thr His Asn Thr Tyr Val Met Phe
325 330 335

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

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

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

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

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

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

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

Gln Val
450

<210> 29

<211> 4936

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (1078) .. (2769)

<220>

<223> hxC

<400> 29

gtcaacaaca aagcgcacag gcattacttc atgccacaca catcatacag aaagtacgta 60

ccgatttaac gcaaattaat gccgtcaaca ttcatctttt cctatcataa agcgtttcat 120

catggctagc attctagcaa aaattagttg aggaaaatag cggctctgtt ttgcttaaaa 180
aacaaccac cccgtagggc acggctgttt ctttttgaga aattacgctt cttcatcttg 240
atcttttttc aagatctcat cttcattgag ttttaaaaga cgggcaatcg cattgcggta 300
ggagatttca aggctttctc gactagtagc aatgacacct tgatcgatta agaaaccgtc 360
attgacatca taaacccaac catgtaatga gagttttttc ccatttttcc acgcggattt 420
aatgattgac gagcgaccta agttataaac ttgctctgcg acgttaattt tcgtcagcat 480
atcagcccgt ttttcaggcg gtaaattgcc aagtaaataga ctatgcttat accaaatatc 540
gcgtaagtgg agtaaccagt tattaattaa acctaaatct tgatccgcca ttgcggcttt 600
aattccacca cagtttgtat gtccacaaat aataatgtgt tcaatattta agacctcaac 660
ggcatattgc acaacagata aacagtttaa atcgggtgtga atgacttgat ttgcaacatt 720
acgatgcaca aacagctcac ccggctcctaa atttgttaat ttttctgcag gaacacggct 780
atccgagcaa ccaatccaaa gatagctcgg ggtttgatga tcagccaatt ctttaaagta 840
agaggagttt tcctctttca tccgtaacgc ccagctataa ttattggcaa aaagttgttc 900
aatTTTTTTC attagagtga ttctataacc gcaaaaataa gggggctagt atagcttaga 960
aatagacagt gggtaaagaa aggcaaaaaa ttgtatagga taacttgttt tttattgcca 1020
tttatttaga attagaatct ttaataataa aaataattat cattaagggtt aatagtt 1077
atg gat aaa aat tta atg aag gga tgt gta ttc tta tca ata gtc ggt 1125
Met Asp Lys Asn Leu Met Lys Gly Cys Val Phe Leu Ser Ile Val Gly
1 5 10 15
tgc ggt atc caa ata ggg cta gca tca aat cca aat cct cca gat gtg 1173
Cys Gly Ile Gln Ile Gly Leu Ala Ser Asn Pro Asn Pro Pro Asp Val
20 25 30
gat gag tta tta cct att att gtg aat gct gat gaa gat aat aaa tta 1221
Asp Glu Leu Leu Pro Ile Ile Val Asn Ala Asp Glu Asp Asn Lys Leu
35 40 45
cca ggt cgt tct gta tta aaa cag aaa aat atc gat caa caa caa gca 1269
Pro Gly Arg Ser Val Leu Lys Gln Lys Asn Ile Asp Gln Gln Gln Ala
50 55 60
gat aat gcc gct gac tta ata aat att tta cct ggg gta aat atg gcg 1317
Asp Asn Ala Ala Asp Leu Ile Asn Ile Leu Pro Gly Val Asn Met Ala
65 70 75 80

gga gga ttt cgc cct ggt ggt caa aca tta aat att aat gga atg ggt	1365
Gly Gly Phe Arg Pro Gly Gly Gln Thr Leu Asn Ile Asn Gly Met Gly	
85 90 95	
gat gct gaa gat gtt aga gtt caa cta gac ggc gca aca aaa agt ttc	1413
Asp Ala Glu Asp Val Arg Val Gln Leu Asp Gly Ala Thr Lys Ser Phe	
100 105 110	
gaa aaa tat caa caa ggc tct att ttt att gaa cct gag tta tta aga	1461
Glu Lys Tyr Gln Gln Gly Ser Ile Phe Ile Glu Pro Glu Leu Leu Arg	
115 120 125	
aag gtg aca gta gac aaa gga aat tat tct cct caa tat ggc aat ggt	1509
Lys Val Thr Val Asp Lys Gly Asn Tyr Ser Pro Gln Tyr Gly Asn Gly	
130 135 140	
ggc ttt gct ggt act gta aaa ttt gaa aca aaa gat gca act gat ttt	1557
Gly Phe Ala Gly Thr Val Lys Phe Glu Thr Lys Asp Ala Thr Asp Phe	
145 150 155 160	
ttg aaa gaa aat cag aaa ata ggt gga tta ttt aaa tat gga aat aat	1605
Leu Lys Glu Asn Gln Lys Ile Gly Gly Leu Phe Lys Tyr Gly Asn Asn	
165 170 175	
agc aat aat aac caa aaa act tat agt aca gcc cta gtt tta cag aat	1653
Ser Asn Asn Asn Gln Lys Thr Tyr Ser Thr Ala Leu Val Leu Gln Asn	
180 185 190	
gaa caa aaa aat att gat ttg tta tta ttt ggt tct gta aga aat gca	1701
Glu Gln Lys Asn Ile Asp Leu Leu Leu Phe Gly Ser Val Arg Asn Ala	
195 200 205	
agc aat tat aca aga cct gat aaa agt aaa att ctt ttt tca aaa aac	1749
Ser Asn Tyr Thr Arg Pro Asp Lys Ser Lys Ile Leu Phe Ser Lys Asn	
210 215 220	
aat caa aaa agt gga tta ata aaa gta aat tgg caa att act cct gaa	1797
Asn Gln Lys Ser Gly Leu Ile Lys Val Asn Trp Gln Ile Thr Pro Glu	
225 230 235 240	
cat tta tta act tta tcc agt gtt tat ggc att cat aaa ggg tgg gaa	1845
His Leu Leu Thr Leu Ser Ser Val Tyr Gly Ile His Lys Gly Trp Glu	
245 250 255	
cct tgg gca gca aaa aga gat gtg atg tcg aga cca aca gaa aca gaa	1893
Pro Trp Ala Ala Lys Arg Asp Val Met Ser Arg Pro Thr Glu Thr Glu	
260 265 270	
ata aaa cac tat ggg att gat gtt gcg tgg aaa cgt aaa ctt gtt tat	1941
Ile Lys His Tyr Gly Ile Asp Val Ala Trp Lys Arg Lys Leu Val Tyr	
275 280 285	

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

gaa cag tat gag aca caa tat agt caa gct tct gta tct gcg act tct 2613
Glu Gln Tyr Glu Thr Gln Tyr Ser Gln Ala Ser Val Ser Ala Thr Ser
500 505 510

tta aat tta gaa aaa gaa atg att aat caa acc aga gtg ggt gga att 2661
Leu Asn Leu Glu Lys Glu Met Ile Asn Gln Thr Arg Val Gly Gly Ile
515 520 525

att act ctc aat cat cta ttt cag gaa aat gat gct ttt caa ttt aga 2709
Ile Thr Leu Asn His Leu Phe Gln Glu Asn Asp Ala Phe Gln Phe Arg
530 535 540

act act tat ttt tac aat cgc ggc aag aat gaa atc ttc aaa acg aga 2757
Thr Thr Tyr Phe Tyr Asn Arg Gly Lys Asn Glu Ile Phe Lys Thr Arg
545 550 555 560

ggg gtt aac cgt tagagttggt tgaaatgact gaaaaattag acctatacgt 2809
Gly Val Asn Arg

tactgttaaa ggtggcggta tttctggtca agcgggtgca atccgtcacg gtatcactcg 2869

tgcattaatc gaatatgatg agagtttacg ctctgtatta cgcgacagctg gtttcgttac 2929

tcgcatgca cgtcaagttg aacgtaaaaa agtgggttta cgcaaagcgc gtcgtcgtcc 2989

acaattctca aaacgttaat ttttctttta cgtttttatat tcagattgca agcccaaaag 3049

gcttgcaatt tttttatctc aataaaattht acgataatct ttggaaatca gtgggagatt 3109

tgtggtagaa taaacgcca ttttttatat aaaatcatgc cagaatcagg caaagtttaa 3169

taaattttta ttcatthttag agctgtcgga ggaatagatg acaagcgtcg caaataaacg 3229

ttcaataatg aactthtttt cagataaaac agatathttat tgccaccaag taaggattgt 3289

tttggtgaa aagggtgttg cttatgaaac ggaagttgta gatcctcaag tcgtatcaga 3349

agatttaatg gaattaaatc cgtatggcac gttgccgaca ttagttgatc gtgatttagt 3409

gttatttaat tcacgtatta ttatggaata tcttgatgag cgtttccctc atccaccttt 3469

gatgcctgtt tatccagtgg cacgtgggaa aagccgttta ttaatgttac gtattgagca 3529

agattggtac ccagtattag caaaagctga aaaaggcacg gacgcagaac gtgctgtcgc 3589

attaaaacaa ttaagagaag agattthtagc gattgagcct atthttcacgc agatgcctta 3649

ttttatgagc gaagagttta gtttagtaga ttgttatatc gccccattat tatggcgtat 3709

gcaagaactg ggtgtggatt tcagtggggc gggtagcaaa gcaattaaag cttacatggc 3769

acgtgttttt gaacgcgatt cttttatgca atcttttaggc gtgtcggctc cgaaaaactt 3829
aatggatgag aaataatcag tatgctacat aaatcatcac caaagcgtcc ttacttggtta 3889
agagcgtatt atgattgggt agtggataat gatttcaccc cttatttagt ggtggacgcg 3949
acttatgttg gtgtgaaagt ccctgtggaa tatgtcaaag atgggcaa atgtcctcaat 4009
ttatctgcga atgcgacagg taatctggta ctaagcaatg aaagtattca gtttagcgcg 4069
cgttttcgtg gtatttcaca agatattttt attcctatgg gggctgcgtt agccatttat 4129
gctcgtgaaa atggtgatgg tgtactgttt gaacctgaag cgatttatga tgagctcgca 4189
acacaaaata ttggtattga gcagccactg agctttgttg aggctgtcga taaacaaaa 4249
accagtgaga atactcaaaa aagcacaac aaagacaaaa cgacggaaaa aaaagcgact 4309
tctcatttaa gaattattaa ataaaagagg ttttctttct tcataaaaaa acacgctttt 4369
acgcgtgttt ttttgttgcg gacagtttat tgtgccattt tttttgcggc ttttaagaag 4429
ccttgcgac tcgtgtagat gtcactttta ttctgtgccg ctaaaatcat atccgacatt 4489
tcacgaaagg ccccttggtcc acctttcagg cttagtacgt gatcagcgtg ctttttgata 4549
taagcggcgc atcttgtagt gcaaaggcaa caccacagcg gcaaaagcag gcagatcaac 4609
gctgtcatca ccaatataag ccgtttcttg cgcacagaca ttggcttggt gtatcaattc 4669
aagacaggcg ctttcttttt ccaatttgcc gaggaaaaag tgttggtatgc ctagatctgc 4729
aatacgtttg cgtagaatcg gggaatctcg ccccgagagt accgcgactt gaatgccaga 4789
ttccattaac attctgatcc ccaagccatc acgaacatga aaggttttga aagcttcacc 4849
atgggcatcg taatgcaaag agccgtcggg cagtacaccg tcgatatctg taatcacaaa 4909
tttaattttt ttgagttttt ccgttga 4936

<210> 30

<211> 564

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 30

Met	Asp	Lys	Asn	Leu	Met	Lys	Gly	Cys	Val	Phe	Leu	Ser	Ile	Val	Gly
1				5				10						15	

Cys	Gly	Ile	Gln	Ile	Gly	Leu	Ala	Ser	Asn	Pro	Asn	Pro	Pro	Asp	Val
			20						25					30	

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

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

<210> 31
 <211> 9814
 <212> DNA
 <213> *Pasteurella multocida*

<220>
 <221> CDS
 <222> (4762) .. (7662)

<220>
 <223> iroA

<400> 31
 gtcgacctgc agcagacaat gtccactgtg taatagtcca acgactgtta taaaaatctt 60
 ccgctgcttt ttctaattgtt tgtacacggg gtttttcaaa ttcttcctaaa ttcttggttg 120
 gttggactaa aagttgttca gccgcccgtt taaaattggc gacaaaatcc gattgtttga 180
 ttaaaccata ggattttgct tggatttgtg cgccggctgc ttcacccaat ttatcgaaaa 240
 attcaggcgt ataagtcacg tttgggatcg taggcgcgat gatctgatta acaccagcct 300
 gttgtaatgc tccccattgc tgtgccatcg tttgtgccat ggttttaata ctggctaaca 360
 cgtaggcttg tttctcttca ggtgttgtct tcgttactgc tgttgctaata actgtcgcca 420
 aatcattacc acctgcccac agaatatgta aagcttcttt tttgactggc gcatgtaaat 480
 actcgttgat ctgcttttct agtgctaaat gaggttggtc tgctgttcta gtattatgtg 540
 caccaacaat caccaccg ctgtacgcgt agttcaaacc accttggtga gaaggtatta 600
 attttttccc aaatgcttga gctaaatatt catcataaag gtgatgatag tttccatcag 660
 cctttaaata agaggctttc ttattccaac ctgtttgccc catatcactt aaactatcac 720
 caaacacgac aacatcttgt gccagagcag ccgaacttag tgaacaaaat aatgcgaatg 780
 aaagtgtatt aattttcaca ataatgtcct tcaattattc atcgtcagtc aaaaatttgc 840
 gtcatcatatc gttgattata ggaagatacc tagccagacc actactggta tgaacagaag 900
 tcaatgttta atcacataaa aaagcctctg tgctttcaca cagaggcttt tatgtccatt 960
 cacctactca aattacatcg cttgagtaaa ggtacgcgta atcacgtctt gttgttggtc 1020
 tttggttaac gagttaaaagc gtactgcata acccgaaaca cgaatggta attgtggata 1080
 tttctccgga ttttccattg catctaaca catttcacgg ttcacgacgt tcacgtttta 1140
 gtgttggtccg ccttcaatcg ttgcttcatg gtggaagtaa ccgtccatta gacctgcaag 1200

gttacgtttt tgtgcttcgt aatctttacc taaggcattt ggtacgattg agaaggtata 1260
 agaaatacca tctttcgcac aagcaaattg caatttcgca acagaagtta acgatgctac 1320
 tgcacctttt tggtcacgac cgtgcattgg gttcgcaccc ggtccaaatg gtgcaccaga 1380
 acgacgacca tctgggggtgt tacctgtttt cttaccataa accacgttag atgtaatagt 1440
 aagtacagat tgtgtcgggtg tcgcattacg ataagtaccc aatttttggg ttttcttcat 1500
 aaagcgttca actaaatcac aagcgatttc atcaacacgg ttatcgttgt taccgaattg 1560
 tggatattcg ctttcaattt caaagtogat tgccacatct tttgcaatac caaccacttc 1620
 acccgcttta tttttgattt cgatatcacc acgaactggg ttacttttcg catatttaat 1680
 ggagataaaa gagtccgctg cgacagaaag ccttgcgata ccacaagcca tagtacggaa 1740
 tacatcacga tcatgaagtg ccattagtgc ggcttcatac gcgtatttat cgtgcataaa 1800
 gtgaatgatg ttcaatgcag taacatatgt tttcgctaac caatccataa agctgtctaa 1860
 gcgcgtcatg acatcatcat aatctaagta ttcgctggta attggatcgg ttttcgggtcc 1920
 tacttgggtca cctgattttct catccacacc gccattgatt gcgtataaca aggttttcgc 1980
 taagttggca cgtgcaccga agaattgcat cattttacc acgatcattg gcgatacaca 2040
 gcatgcaatc gcatagtcac cgttttggaa gtcaggacgc attaagtcac cgttttcata 2100
 ctgaacagaa gacgtatcga tagacacttt tgccgcataa cgtttgaaac cttctggtaa 2160
 tttttcagac caaagaatcg ttaagtttgg ctctgggtgac ggtcccatcg tataaagggg 2220
 gtgtaagata cggaagctgt ttttggttac taaagtacga ccatctaagc ccataccgcg 2280
 taaggtttcc gttgccacac ttgggtcgcc cgagaataat tgatcgtact ctgggggtacg 2340
 taagaaacgc accatacgtg atttcatgac taagtgggtc attaattctt gtgcttcttg 2400
 ttctgtaatt ttgcctgctt ttaaatacag ctcaatataa atatctaaga aagtcgatac 2460
 acgaccaaata gacatggcag caccgttttg tgatttcact gcagcggtag gactttgcac 2520
 agttatcgga agataattga aatcataacc agcaacaaat gtcagccgtt ctatttcttc 2580
 tgaagaatat cggcgattgc gttctggcgg aatggctggg tttttcacat tcttgagatg 2640
 attttctttc aagtatttcc attctgtgat tgctgtcgta ataatgtgcg aaagagtatt 2700
 ccattctcta agcacacttg ccgcactaac ttgtgaaagt cgttcatcac gccactgcac 2760

aaagtgatgt tcttgtaaat cgattaatct cacgtagaa atcggcatat ttagcaagcg 2820
 aagtaaacgc aacttttcag cacgatagcc ctttttattt atgctcactt ctttgatata 2880
 tttatcgaca agttgtgcaa aagtgatgtc gggaatatca gtgaatacac cgtttatgat 2940
 tttttgttct atgtctaacg ccacgcttg cgcacagct ttagtccgaa atgttgctga 3000
 tttatagaca ccttttttgc gaatttgaac tcgccaacct gattttttgtt tgttaaaagt 3060
 cgccacgcct aactaccatt aattttgcac aattcgttgt gcaattttgt gcaattttat 3120
 ttcttaaatg atgttttagcg gatcataaat gaagaaaaaa cagaagtaaa acactatata 3180
 aaaaaacagt atattttttg ttgaagtgt taatgtagtt tgtaacttat tgatttttaa 3240
 atattaaaga taaagaaaaa gccgacaaaa gtccgctttc tttttttatg ctgtttatca 3300
 atggtgccta gggccggact cgaaccggca caccgaagg cggttgattt tgaatcaact 3360
 gcgtctacca atttcgccac ccaggctaata attgataaag agcatcaaata taggtctgta 3420
 ttataccttt tcattgatag gttacaagca aaaaatgatt ttagatattc aattgtcttt 3480
 attttcatca gtgtggctgt tctctcttac tttattcagg tgcagtgaag taaccttata 3540
 aaaataaagg ttttttgttt aaatttttaa taactttttt gtaaaaagat cgcagtttct 3600
 tttgaaaaaa agaccgatta caaatataat taaaaactat tatcaatatt gataataatg 3660
 ggattttaac catgacattt ataaggataa agtcaagatg atgctaaaag cacaaattgc 3720
 agattatatt acacaaaatc cactggcaat tactttggat atggcttcgc actttggcaa 3780
 acctgaagg gaaattttat gtgctttacc tgatgagttt gttcgagtgt ttcctgcgga 3840
 acgtgcggag gaagtgcttg ctgagatcag tagttggggg attttcacga ccattattga 3900
 aaaagaagga tcgatttttg aaattaaaga ccgttttccg accgggatgg ttgggcgtgg 3960
 ttattataat ttgaatatga aagatgaaga aggcacgctt catggtcacc ttaaattaga 4020
 taacatcagc aaaattgcct ttgtgagttt accgtttcgc ggtaaagaaa gttataacat 4080
 cgcatttatt gcgaataatg ggcaaaactat ttttaaagtt tatttggggc gcgatgctga 4140
 gcgtcaatta tttccagaac aagttcaaaa atttaaagca tttattttaga aggttaaaaa 4200
 agtaatgaca acaaatcgtc aagaagtatt acaaaatcgt ttaggtccag aaattcaaga 4260
 gttaaaggca caatgtaaaa cagtcatgct cgctactgtc ggtgaagatg gtaatcccaa 4320

tgtgagttat gcgccatttg caattaataa tggggaatac caagtcttta tttctactat 4380
 tgcacgtcat gcacgtaatc tacaagaagt accaaaagtt tctttaatgt tgatcgaaga 4440
 tgaaagttaa agtcgtcaga tttttgctcg tcgtcgttta tcttttgatg cggttgcgcg 4500
 tgttgtcgag agagaaagtg aagaatggca ttctggtggt gaggcactca aagcaagaca 4560
 tgggtgcatta atggatgaat tgtctcggat gaaagatddd catttggtta gttttaagcc 4620
 ctcaaaaggg ttatttgtaa aaggttttgg tcaagctttc caagtgagta atgatgattt 4680
 agtgagcttt gttcacttgg ttgaaggaca ccaagaataa attttgtcaa ctttttaggg 4740

tatttacttg aggttaggaa a atg cgt aca aca aca ata aaa ttt tct gca 4791
 Met Arg Thr Thr Thr Ile Lys Phe Ser Ala
 1 5 10

att aca ttg gca tta ttg agt tat tgt ggg acc att ttg gcg gat agt 4839
 Ile Thr Leu Ala Leu Leu Ser Tyr Cys Gly Thr Ile Leu Ala Asp Ser
 15 20 25

cat caa gag gcg act gaa ctt gat acg att acc gtt tct tct caa caa 4887
 His Gln Glu Ala Thr Glu Leu Asp Thr Ile Thr Val Ser Ser Gln Gln
 30 35 40

gat gag atg aat att aaa gag aaa aaa atc ggt gaa act gtg aaa acg 4935
 Asp Glu Met Asn Ile Lys Glu Lys Lys Ile Gly Glu Thr Val Lys Thr
 45 50 55

gcg agt caa ttg aaa cgc cag caa gta cag gat agt cgt gat ctt gtg 4983
 Ala Ser Gln Leu Lys Arg Gln Gln Val Gln Asp Ser Arg Asp Leu Val
 60 65 70

cgc tat gaa acc ggt gtg act gtg gta gaa gct gga cgt ttt ggt tcg 5031
 Arg Tyr Glu Thr Gly Val Thr Val Val Glu Ala Gly Arg Phe Gly Ser
 75 80 85 90

agc ggt tat gcc att cgt ggt gtg gat gag aac cga gta gca att aca 5079
 Ser Gly Tyr Ala Ile Arg Gly Val Asp Glu Asn Arg Val Ala Ile Thr
 95 100 105

gta gat ggc tta cat caa gca gaa acc ctt tct tct caa ggc ttt aaa 5127
 Val Asp Gly Leu His Gln Ala Glu Thr Leu Ser Ser Gln Gly Phe Lys
 110 115 120

gaa tta ttc gaa ggt tac ggc aat ttt aac aat acc cga aat agt gtg 5175
 Glu Leu Phe Glu Gly Tyr Gly Asn Phe Asn Asn Thr Arg Asn Ser Val
 125 130 135

gaa att gag acg ttg aaa gtc gct aaa atc gcg aaa ggt gct gat tct 5223
 Glu Ile Glu Thr Leu Lys Val Ala Lys Ile Ala Lys Gly Ala Asp Ser

140	145	150	
gta aaa gtg ggt agt ggt tct ttg gga ggc gct gta ctt ttt gaa aca	5271		
Val Lys Val Gly Ser Gly Ser Leu Gly Gly Ala Val Leu Phe Glu Thr			
155	160	165	170
aaa gat gcc aga gat ttc ctg act gaa aaa gat tgg cat atc ggc tat	5319		
Lys Asp Ala Arg Asp Phe Leu Thr Glu Lys Asp Trp His Ile Gly Tyr			
175	180	185	
aaa gcg ggc tac tca acg gca gat aat cag gga tta aat gca gtg act	5367		
Lys Ala Gly Tyr Ser Thr Ala Asp Asn Gln Gly Leu Asn Ala Val Thr			
190	195	200	
ctt gca ggt cgc tat caa atg ttt gat gca ttg att atg cat tct aag	5415		
Leu Ala Gly Arg Tyr Gln Met Phe Asp Ala Leu Ile Met His Ser Lys			
205	210	215	
cga cat gga cat gaa tta gaa aat tat gac tat aaa aat ggc aga gat	5463		
Arg His Gly His Glu Leu Glu Asn Tyr Asp Tyr Lys Asn Gly Arg Asp			
220	225	230	
att caa ggg aaa gaa aga gag aaa gcg gat cct tat acg att acg aaa	5511		
Ile Gln Gly Lys Glu Arg Glu Lys Ala Asp Pro Tyr Thr Ile Thr Lys			
235	240	245	250
gaa agt aca tta gtg aaa ttc tct ttt tcg cca aca gaa aat cat cgt	5559		
Glu Ser Thr Leu Val Lys Phe Ser Phe Ser Pro Thr Glu Asn His Arg			
255	260	265	
ttt aca gtc gct tct gat act tat ctt cag cat tcc cgc gga cat gat	5607		
Phe Thr Val Ala Ser Asp Thr Tyr Leu Gln His Ser Arg Gly His Asp			
270	275	280	
ctt tca tat aat ctt gtt gca aca aca cat att cag tta gat gag aaa	5655		
Leu Ser Tyr Asn Leu Val Ala Thr Thr His Ile Gln Leu Asp Glu Lys			
285	290	295	
gaa tct cgt cat gca aat gat ttg aca aaa cgt aaa aat gtt tcc ttt	5703		
Glu Ser Arg His Ala Asn Asp Leu Thr Lys Arg Lys Asn Val Ser Phe			
300	305	310	
act tat gaa aat tat act gtt acg cca ttt tgg gat acg ctc aag tta	5751		
Thr Tyr Glu Asn Tyr Thr Val Thr Pro Phe Trp Asp Thr Leu Lys Leu			
315	320	325	330
agc tat tca caa caa aga att aca aca aga gca aga aca gaa gat tat	5799		
Ser Tyr Ser Gln Gln Arg Ile Thr Thr Arg Ala Arg Thr Glu Asp Tyr			
335	340	345	
tgt gat gga aat gag tta tgt gat tct tat aaa aat cca tta ggt ctc	5847		
Cys Asp Gly Asn Glu Leu Cys Asp Ser Tyr Lys Asn Pro Leu Gly Leu			

350	355	360	
caa ttt aaa gat ggt cag att ctt gat cct gca ggg aat aaa att aaa			5895
Gln Phe Lys Asp Gly Gln Ile Leu Asp Pro Ala Gly Asn Lys Ile Lys			
365	370	375	
cta cag ggg tct gga ttg agc act cag att gta gat gaa aat gga aaa			5943
Leu Gln Gly Ser Gly Leu Ser Thr Gln Ile Val Asp Glu Asn Gly Lys			
380	385	390	
cca ttt cct aca aca aca ggt act aat aat gct gct ttt agt aat aat			5991
Pro Phe Pro Thr Thr Thr Gly Thr Asn Asn Ala Ala Phe Ser Asn Asn			
395	400	405	410
tta cga ctc agg cct aca ggt ttt tgg tta gat tgc tcg gtt ttt gac			6039
Leu Arg Leu Arg Pro Thr Gly Phe Trp Leu Asp Cys Ser Val Phe Asp			
415	420	425	
tgt aat aaa cca ttc act gtt tat aat att agt aat gga aca tat caa			6087
Cys Asn Lys Pro Phe Thr Val Tyr Asn Ile Ser Asn Gly Thr Tyr Gln			
430	435	440	
gca aga gag gtt cta ctg tct gaa gag ata act gtg gat ggt aaa tta			6135
Ala Arg Glu Val Leu Leu Ser Glu Glu Ile Thr Val Asp Gly Lys Leu			
445	450	455	
tac aaa aca gct aag gaa gaa gga ggg ctt cca aat tat ttg att tta			6183
Tyr Lys Thr Ala Lys Glu Glu Gly Gly Leu Pro Asn Tyr Leu Ile Leu			
460	465	470	
cct aat tct aaa ggt tat ctt cct tat gat tat aaa gaa agg gat ctt			6231
Pro Asn Ser Lys Gly Tyr Leu Pro Tyr Asp Tyr Lys Glu Arg Asp Leu			
475	480	485	490
aat acg aat aca aaa caa att aat tta gat tta act aaa aca ttt tta			6279
Asn Thr Asn Thr Lys Gln Ile Asn Leu Asp Leu Thr Lys Thr Phe Leu			
495	500	505	
act ttc aac atc gaa aat aat ctg tca tat ggt gga gtt tat tct cgg			6327
Thr Phe Asn Ile Glu Asn Asn Leu Ser Tyr Gly Gly Val Tyr Ser Arg			
510	515	520	
ata gag aaa gaa atg att aat aaa gct ggt tat gag ggg aga aat cct			6375
Ile Glu Lys Glu Met Ile Asn Lys Ala Gly Tyr Glu Gly Arg Asn Pro			
525	530	535	
act tgg tgg gct gat aga att tta ggg caa agt agt tac tgt ggt tat			6423
Thr Trp Trp Ala Asp Arg Ile Leu Gly Gln Ser Ser Tyr Cys Gly Tyr			
540	545	550	
aat gca ttg aag tgt ccg aaa cat gag cca tta acg tca ttt tta att			6471
Asn Ala Leu Lys Cys Pro Lys His Glu Pro Leu Thr Ser Phe Leu Ile			

555	560	565	570	
cca gtt gaa gca acg aca cag tca tta tat ttt gca aat att ctt aag				6519
Pro Val Glu Ala Thr Thr Gln Ser Leu Tyr Phe Ala Asn Ile Leu Lys				
	575	580	585	
gta cat aat atg att agc ata gat tta gga tat cgt tat gat cat att				6567
Val His Asn Met Ile Ser Ile Asp Leu Gly Tyr Arg Tyr Asp His Ile				
	590	595	600	
aaa tat aac cct gaa tac act cca gga gta act cca aaa att cca gat				6615
Lys Tyr Asn Pro Glu Tyr Thr Pro Gly Val Thr Pro Lys Ile Pro Asp				
	605	610	615	
gat atg gta aaa ggt ttg ttt att cct atg cca aaa gag cca cag cta				6663
Asp Met Val Lys Gly Leu Phe Ile Pro Met Pro Lys Glu Pro Gln Leu				
	620	625	630	
aag gat ttt gat tat aac tat gct aaa ttt ggt gag gcc tat aaa aaa				6711
Lys Asp Phe Asp Tyr Asn Tyr Ala Lys Phe Gly Glu Ala Tyr Lys Lys				
	635	640	645	650
tgg aaa gaa tat ctg cca aaa aat gcg gaa gaa aat att gct tac att				6759
Trp Lys Glu Tyr Leu Pro Lys Asn Ala Glu Glu Asn Ile Ala Tyr Ile				
	655	660	665	
gct caa gat aag aca ttt aaa aaa cat tct tat tct ctt ggt gca act				6807
Ala Gln Asp Lys Thr Phe Lys Lys His Ser Tyr Ser Leu Gly Ala Thr				
	670	675	680	
ttc gat cct ctg aat ttt tta cga gta caa gta aaa tat tca aaa ggg				6855
Phe Asp Pro Leu Asn Phe Leu Arg Val Gln Val Lys Tyr Ser Lys Gly				
	685	690	695	
ttt aga gcc ccg act tcg gat gaa ctt tat ttt acc ttt aag cat cca				6903
Phe Arg Ala Pro Thr Ser Asp Glu Leu Tyr Phe Thr Phe Lys His Pro				
	700	705	710	
gat ttt acg att tta ccg aac ccc gtg ttg aaa cca gag gaa gca aaa				6951
Asp Phe Thr Ile Leu Pro Asn Pro Val Leu Lys Pro Glu Glu Ala Lys				
	715	720	725	730
aat caa gag att gca tta aca gtg cac gat aat tgg gga ttt gtt agc				6999
Asn Gln Glu Ile Ala Leu Thr Val His Asp Asn Trp Gly Phe Val Ser				
	735	740	745	
aca agt gtt ttc caa aca aag tat cgt cat ttt att gat tta gcg tat				7047
Thr Ser Val Phe Gln Thr Lys Tyr Arg His Phe Ile Asp Leu Ala Tyr				
	750	755	760	
tta ggt tca aga aat tta tcg aat tcc gtg gga ggg cag gca caa gca				7095
Leu Gly Ser Arg Asn Leu Ser Asn Ser Val Gly Gly Gln Ala Gln Ala				

765	770	775	
aga gat ttc caa gtt tat caa aat gtc aat gtc gat aat gcc aaa gtt			7143
Arg Asp Phe Gln Val Tyr Gln Asn Val Asn Val Asp Asn Ala Lys Val			
780	785	790	
aaa gga ctt gaa att aat gca cgt ttg aat ttg gga tat ttt tgg cat			7191
Lys Gly Leu Glu Ile Asn Ala Arg Leu Asn Leu Gly Tyr Phe Trp His			
795	800	805	810
gtg ttg gat gga ttt aat acg agc tat aaa ttc act tac caa cgt ggt			7239
Val Leu Asp Gly Phe Asn Thr Ser Tyr Lys Phe Thr Tyr Gln Arg Gly			
815	820	825	
cgt ttg gat ggc gat cgt cca atg aat gcg att cag cct aaa gct tct			7287
Arg Leu Asp Gly Asp Arg Pro Met Asn Ala Ile Gln Pro Lys Ala Ser			
830	835	840	
gtt ttt ggt ttg ggc tac gat cat aaa gaa aat aaa ttt ggc gct gat			7335
Val Phe Gly Leu Gly Tyr Asp His Lys Glu Asn Lys Phe Gly Ala Asp			
845	850	855	
tta tat att aca cgt gtg agt gag aaa aaa gcg aaa gac act tat aat			7383
Leu Tyr Ile Thr Arg Val Ser Glu Lys Lys Ala Lys Asp Thr Tyr Asn			
860	865	870	
atg ttc tat aaa gaa cag gga tat aaa gat agt gct gtt cgt tgg aga			7431
Met Phe Tyr Lys Glu Gln Gly Tyr Lys Asp Ser Ala Val Arg Trp Arg			
875	880	885	890
agt gat gac tat acg cta gtt gat gcg gtt ggt tat att aaa ccg att			7479
Ser Asp Asp Tyr Thr Leu Val Asp Ala Val Gly Tyr Ile Lys Pro Ile			
895	900	905	
aag aat tta acg tta cag ttt ggc gtt tat aat ttg aca gac cgt aaa			7527
Lys Asn Leu Thr Leu Gln Phe Gly Val Tyr Asn Leu Thr Asp Arg Lys			
910	915	920	
tac ttg aca tgg gaa tct gct cgt tcg att aaa cca ttt ggt aca agt			7575
Tyr Leu Thr Trp Glu Ser Ala Arg Ser Ile Lys Pro Phe Gly Thr Ser			
925	930	935	
aat tta att aat caa aaa aca ggc gca gga att aat cgt ttt tac tca			7623
Asn Leu Ile Asn Gln Lys Thr Gly Ala Gly Ile Asn Arg Phe Tyr Ser			
940	945	950	
cca ggt cgt aac ttt aaa ctc agt gcc gaa atc acc ttc taatcctaag			7672
Pro Gly Arg Asn Phe Lys Leu Ser Ala Glu Ile Thr Phe			
955	960	965	
cctgcgtatg caggctttct ttttagggaa agtgcggtgg atttgacaaa gatttattgc 7732			

ttttctgtaa atcaatgcta aaattcacac tcctttgtcg tagctggatt agagatcggc 7792
 tagcgatgta tttttaactt aacttttagg agttatcaaa tgtctctaag tacagaaaaa 7852
 aaagcagcaa ttgttgctga atttggtcgt gatgcaaaag ataccggttc ttcagaagtg 7912
 caaatcgcat tattaactgc acaaatcaac cacttacaat ctactttgc aacgcacaaa 7972
 aaagaccacc acggtcgtcg tggtttattg cgtatggttt ctcgtcgtcg taaactttta 8032
 gattacttaa aacgtactaa tcttgagctt tacacttcaa ctatcgctcg tttaggttta 8092
 cgtcgctaatt ttgtattagg atttattoca aacaaaaaac ccttgataat tttatcaagg 8152
 gttttctttt ttctgcatac taggcatggt taaattatcg caaacacac cgcacatttc 8212
 gtggaaaagt gcggtcattt ttttaattta ttttacttct ttaaacaatga tctcacttgg 8272
 gattactgaa ccttgccagt aaagctcagt agcgactttt tcagctaatt gcataaacga 8332
 ttgggcaatg tcgctttcag gtgcggcgac aacggttggg atacctttgt ctaaactctc 8392
 acgtaagcga atatgtaatg cctgttgtcc taaaactttg acattatatt tttgtgcaat 8452
 gcgctcagca ccgcctgttc cgaaaatcgt ttcttgatga ccacaattgc tacaaatatg 8512
 catcgacata ttttcgataa tgccataaac ggggtacagaa acacgctcaa acatcgccac 8572
 accttaatc gcatccagta aagcaatata ttgtggtggt gtcaccacga ccgccccgt 8632
 cactggaatt tgttgagaaa gggtcagctg gatatcccct gtaccggtg gcatatcaat 8692
 gactaaataa tctaaatcag gccataagggt ttcttgcaaa agctgactta aggcactgct 8752
 tgccattgga ccgcgcaaaa tcgtagcatt gtccggttcc attaagaaac caatggaatt 8812
 ggcaaaaata tgatgtgctt gaattgggggt aatgtgctgg ttatctggcg aagttgggcg 8872
 ttgatcagca acccctaaca tgtgtggaat agatggacca taaatatcgg catctaaaat 8932
 tccaacacga gcaccttgc tttgtaaggc aagagcaaga ttgacgaaa tagtagattt 8992
 tcctacacca cctttaccg atgtcacggc aataatattt tttaccctt ttacggctgg 9052
 gtggctatta gcgcgtttta atgtcgcgat ttgataattt aattgccatt tgatgtcttt 9112
 gcattctgct aatgtgagaa gttctgtgga gagagcgctc ttgagttggt cgaatgcagt 9172
 attccaagca aacggcatgc tgatttcaat acgtaacgtc tcaccgcctt tttcaatttt 9232
 tttgatagca tttaggctga cgagatcttt ttgtaagcta ggatgttgaa attgttgaaa 9292

tgtgttttgg atagcttggt tttgactgtc cgttaaactg tcagaaaata aaattcccat 9352
 tgattttatc ccgttatattt tgggtggctaa ttaaagccct agttaatcac tcaactatat 9412
 ttaaccacga agctgtagaa ctgttaagca gaaatgtgga aaagcgcggt taaagtagaa 9472
 aaaatactgc gaataaggta acataagcgc caattttttg atgaaaaata ggaatgataa 9532
 catggcaa at tcggcacgcg atatttttgg cacttgcgcc ttaccttatg caaatgggtgc 9592
 aattcattta gggcatttat tagaacatat tcaagcagat atttgggtgc gttccaacgt 9652
 atgctgtggc ataaaagtgc ttttatttgg gcagatgatg cccatggcac accaatcatg 9712
 ttaa atgcga taaattaggt attacaccaa agcattaatt gtcctcgaa agcagaacat 9772
 gtggcggatt tgaaggctta atattagcta tgataatatc at 9814

<210> 32

<211> 967

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 32

Met Arg Thr Thr Thr Ile Lys Phe Ser Ala Ile Thr Leu Ala Leu Leu
 1 5 10 15

Ser Tyr Cys Gly Thr Ile Leu Ala Asp Ser His Gln Glu Ala Thr Glu
 20 25 30

Leu Asp Thr Ile Thr Val Ser Ser Gln Gln Asp Glu Met Asn Ile Lys
 35 40 45

Glu Lys Lys Ile Gly Glu Thr Val Lys Thr Ala Ser Gln Leu Lys Arg
 50 55 60

Gln Gln Val Gln Asp Ser Arg Asp Leu Val Arg Tyr Glu Thr Gly Val
 65 70 75 80

Thr Val Val Glu Ala Gly Arg Phe Gly Ser Ser Gly Tyr Ala Ile Arg
 85 90 95

Gly Val Asp Glu Asn Arg Val Ala Ile Thr Val Asp Gly Leu His Gln
 100 105 110

Ala Glu Thr Leu Ser Ser Gln Gly Phe Lys Glu Leu Phe Glu Gly Tyr
 115 120 125

Gly Asn Phe Asn Asn Thr Arg Asn Ser Val Glu Ile Glu Thr Leu Lys
 130 135 140

Val Ala Lys Ile Ala Lys Gly Ala Asp Ser Val Lys Val Gly Ser Gly

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

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

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

<210> 33

<211> 2990

<212> DNA

<213> *Pasteurella multocida*

<220>

<221> CDS

<222> (1106) .. (1564)

<220>

<223> kdtB

<400> 33

```

gtcaaccctt ttggctttga gttgtgctaa taaagcatcg tcaaaatgca agccggcagt 60
tggtgccgca accgcgccag ggactttggt ataaacgggt tgataacggt ctttatccgc 120
ttcttcgtca gggcgatcaa tataaggggg caatggcata tgcccaatth gctgtaacac 180
gtctaaaagt gcggtctggt tttgcgcgat ttctaattca aataaggtat catggcgcg 240
aaccatgatc attttgacac catgatgttc acctaactta tcttcgccta accacagttc 300
tgcccccttct ttcggtgctt ttgaggagcg cacatgggct aaaaagcgtg tgtcggataa 360
aatccgctcg accaacaactt ccaccttacc gccactgggt ttacgtccaa acatccttgc 420
aggaatcacg cgcgtgttat taaaaattaa taagtgcctt tcatgaatth gatcaaggat 480
atcagcaaaa gtgcggtggg taatctcacc attttcgccg ttaagttgta ataagcgact 540
agcggtgcgta tccggttttg ggtaacgagc aatcagctca tcgggtaaat caaaataaaa 600
gtcagaaaaca cgcataaata gggttataaa aagttatcta aaaaatcgtg ggcgtaagtc 660
tagtgtgaat tccgctcttg cacaaggaaa aatccagatt ttgttgthta gtatcgaatt 720
gagatgattt tggacaaaaa aaaagccctt tcaagaaaga cgaaagggcg aaaatatatt 780
tggagtcata ctttttaggg tatgtgtcgg attatacaca caaaaataac aaatgcaaca 840
tttttttaac aatcatatgt aagcgtattg tgtgagaacg agcgtaaaaa tgaacgcatt 900
ctaaaggatg atttatthtag cctattaaaa aaacacatga gatgagagtt tgcgagagcg 960
gtaataaaaag tgcggtgggt tttagaaaag ttttgaatag gatcacaat taaacaaagt 1020
ttgtgaaata ccaagtagta gtttttaagt atatgatgaa tcatatgcta aagtttaaac 1080
ccgttaaata accaagaggt ggaag atg aca gaa gaa aat aaa gga aag aga 1132
Met Thr Glu Glu Asn Lys Gly Lys Arg

```

1

5

tat ttt tta tgg ttc ata ttg ttt atc ctt tca atc tat tta ttt att	1180
Tyr Phe Leu Trp Phe Ile Leu Phe Ile Leu Ser Ile Tyr Leu Phe Ile	
10 15 20 25	
acc ata caa gaa aga cga ggt tat tgt ttt gac aaa cgt gca tat att	1228
Thr Ile Gln Glu Arg Arg Gly Tyr Cys Phe Asp Lys Arg Ala Tyr Ile	
30 35 40	
cat gag ctt tat act gag caa gag tta att gat cgg ggg att gaa tat	1276
His Glu Leu Tyr Thr Glu Gln Glu Leu Ile Asp Arg Gly Ile Glu Tyr	
45 50 55	
gtg gta tcc acc atg ccg tca ggt gtt att aaa cca gat ggc aca ata	1324
Val Val Ser Thr Met Pro Ser Gly Val Ile Lys Pro Asp Gly Thr Ile	
60 65 70	
aaa gaa gta aag cgt tac acg agt gtc gag gag ttt aaa cag atg aac	1372
Lys Glu Val Lys Arg Tyr Thr Ser Val Glu Glu Phe Lys Gln Met Asn	
75 80 85	
cca gct tgt tgt aca tta acc acc ttt att gat gaa gga ggc gat ggc	1420
Pro Ala Cys Cys Thr Leu Thr Thr Phe Ile Asp Glu Gly Gly Asp Gly	
90 95 100 105	
tat cca gat gat gat gga tat ggt tat gtc aga att gaa tat tta aga	1468
Tyr Pro Asp Asp Asp Gly Tyr Gly Tyr Val Arg Ile Glu Tyr Leu Arg	
110 115 120	
cat tat gtt gag aat cta aaa cct tat cat aga gtg att tat ctt gaa	1516
His Tyr Val Glu Asn Leu Lys Pro Tyr His Arg Val Ile Tyr Leu Glu	
125 130 135	
tat acg ccc tgt gga gag tta agg gaa gag gcg gct ttt tca aaa aat	1564
Tyr Thr Pro Cys Gly Glu Leu Arg Glu Glu Ala Ala Phe Ser Lys Asn	
140 145 150	
taagagtgag gtgaagaaat ggcattacca acagcaacaa taatgaggaa tttatcttta	1624
tctaaaaatc aattcactct gaaagggatg gaatgcgtag attccctatt tcaagcatgc	1684
agtaatatgg atcatgggta ctgaggtgga agatggcaga agaaaataaa ggaaagagat	1744
atTTTTtatg gttcatattg tttatccttt caatctatTTT atttattacc atacaagaaa	1804
gacgaggTTa ttgtTTTTgac aaatgggaat atatccataa cctttataacc gagcaagagt	1864
tgatcgatag aggggTTgaa tatgtggtat ccacCATgcc gtcaggtgTT tttgaaccag	1924
atggcacaac aaccgaaata aaacgTTatg ctagtgttga ggagTTtaaa cagatgaacc	1984

ctgattgttg taaattaaca agatttatta atgaaggaat agatggctat ccagatgatg 2044
atggatatgg ttatataaga attgaatatt taagacatta tgttggaat tttaaactg 2104
atcatagagt gctttatctc gaatatacgc cttgtggaga attaagggaa gaggtttctt 2164
tttaaaaaat aaataatagt gaggtgaaga aatggcatta ccaacagcaa cagaaatcac 2224
aaatgcatat ttatataaaa ataaattaac tcctaaagcg gaggaagag tagattcaat 2284
acaaattctt gaaaaaggag atgaacattt cgaagtaaatt tttaattgat caaagtactc 2344
tattgattga aggaaaaaca gtggaattaa tggcaggat ggcagtttct gcggaatta 2404
aaacaggtaa acgcagtgtg ttagattact tatttagccc attaaaaacc acaaaataat 2464
attaaggaga ataatatgtc gtataataaa tatactgttg ctttgattac gttctcaaca 2524
gggatctgta ttccggcaat atgctacgct ctaaattcgc tgggatacag atcctgtttg 2584
agactatgta gaaaagacta aactttgtgt ggttaactgg gcttcggtaa aattctggaa 2644
acaaatgggc ttaacccgcg tgatcttatt ccgtgagctt tcgcttgatg aaattgccga 2704
aattcgtcag caagtgccag aaatggaaat tgaagtgttc gtgcatgggg cattatgcat 2764
ggcgtattct ggacgttggt tattatcagg ctatattaat aaacgtgatc caaatcaagg 2824
cacctgtacc aatgcgtgcc gttgggaata cagtgttaacc gaagccaaag aagatgagat 2884
cggcaacatt gtgaatgtgg gtgaagaaat tccagtgaat aatgtagcac cgacacttgg 2944
cgaaggcgac accaccagta aagtatTTTT attagcagaa agtcga 2990

<210> 34

<211> 153

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 34

Met	Thr	Glu	Glu	Asn	Lys	Gly	Lys	Arg	Tyr	Phe	Leu	Trp	Phe	Ile	Leu
1				5				10						15	

Phe	Ile	Leu	Ser	Ile	Tyr	Leu	Phe	Ile	Thr	Ile	Gln	Glu	Arg	Arg	Gly
			20					25						30	

Tyr	Cys	Phe	Asp	Lys	Arg	Ala	Tyr	Ile	His	Glu	Leu	Tyr	Thr	Glu	Gln
		35						40					45		

Glu	Leu	Ile	Asp	Arg	Gly	Ile	Glu	Tyr	Val	Val	Ser	Thr	Met	Pro	Ser
		50					55						60		

Gly Val Ile Lys Pro Asp Gly Thr Ile Lys Glu Val Lys Arg Tyr Thr
65 70 75 80

Ser Val Glu Glu Phe Lys Gln Met Asn Pro Ala Cys Cys Thr Leu Thr
85 90 95

Thr Phe Ile Asp Glu Gly Gly Asp Gly Tyr Pro Asp Asp Asp Gly Tyr
100 105 110

Gly Tyr Val Arg Ile Glu Tyr Leu Arg His Tyr Val Glu Asn Leu Lys
115 120 125

Pro Tyr His Arg Val Ile Tyr Leu Glu Tyr Thr Pro Cys Gly Glu Leu
130 135 140

Arg Glu Glu Ala Ala Phe Ser Lys Asn
145 150

<210> 35
<211> 1683
<212> DNA
<213> Pasteurella multocida

<220>
<221> CDS
<222> (325)..(1230)

<220>
<223> lgtC

<220>
<221> misc_feature
<222> 981
<223> n = A or T or G or C

<220>
<221> misc_feature
<222> 1000
<223> n = A or T or G or C

<220>
<221> misc_feature
<222> 1129
<223> n = A or T or G or C

<220>

<221> misc_feature
<222> 1134
<223> n = A or T or G or C

<220>
<221> misc_feature
<222> 1144
<223> n = A or T or G or C

<220>
<221> misc_feature
<222> 1423
<223> n = A or T or G or C

<220>
<221> misc_feature
<222> 1665
<223> n = A or T or G or C

<220>
<221> misc_feature
<222> 1667
<223> n = A or T or G or C

<400> 35
atatcaaagt ctcatggcaa gaaaattaga aaagagcgat caattattat ttgcaagatt 60

tgggtattat tcataggcta ggtgaaagat atatTTTTcc atgatattaa aacgattcag 120

gcagaactgg ctagcttatac acttttagat aattgtatta ttaaaagaag ctgtatgatt 180

gttattctat cattagtgga taataaatat tctttatttt ttgagagata aaaacaattc 240

atatttcaat agaaaacaga aaataaagat tatcaaaaga attatccgtc cttataaata 300

tgagtctgta ttgtgagatg atat atg aat att tta ttt gtt tct gat gat 351
Met Asn Ile Leu Phe Val Ser Asp Asp
1 5

gtt tat gct aaa cat ctg gtg gtt gcg att aaa agc att ata aat cat 399
Val Tyr Ala Lys His Leu Val Val Ala Ile Lys Ser Ile Ile Asn His
10 15 20 25

aat gaa aaa ggt att tca ttt tat att ttt gat ttg ggt ata aag gat 447
Asn Glu Lys Gly Ile Ser Phe Tyr Ile Phe Asp Leu Gly Ile Lys Asp
30 35 40

gaa aat aag aga aat att aat gat att gtt tct tct tat gga agt gaa 495
Glu Asn Lys Arg Asn Ile Asn Asp Ile Val Ser Ser Tyr Gly Ser Glu
45 50 55

gtc aac ttt att gct gtg aat gag aaa gaa ttt gag agt ttt cct gtt	543
Val Asn Phe Ile Ala Val Asn Glu Lys Glu Phe Glu Ser Phe Pro Val	
60 65 70	
caa att agt tat att tct tta gca aca tat gca agg cta aaa gcg gca	591
Gln Ile Ser Tyr Ile Ser Leu Ala Thr Tyr Ala Arg Leu Lys Ala Ala	
75 80 85	
gag tat ttg ccg gat aat tta aat aaa att att tat tta gat gtt gat	639
Glu Tyr Leu Pro Asp Asn Leu Asn Lys Ile Ile Tyr Leu Asp Val Asp	
90 95 100 105	
gtt ttg gtt ttt aac tca tta gaa atg tta tgg aat gtt gat gtt aat	687
Val Leu Val Phe Asn Ser Leu Glu Met Leu Trp Asn Val Asp Val Asn	
110 115 120	
aat ttt ctt acc gca gcc tgt tat gat tct ttc atc gaa aat gaa aag	735
Asn Phe Leu Thr Ala Ala Cys Tyr Asp Ser Phe Ile Glu Asn Glu Lys	
125 130 135	
tct gag cat aaa aaa tcg att tca atg tca gat aag gaa tat tat ttt	783
Ser Glu His Lys Lys Ser Ile Ser Met Ser Asp Lys Glu Tyr Tyr Phe	
140 145 150	
aat gca gga gta atg cta ttt aat tta gat gaa tgg cgg aag atg gat	831
Asn Ala Gly Val Met Leu Phe Asn Leu Asp Glu Trp Arg Lys Met Asp	
155 160 165	
gta ttc tca aga gct tta gac ctg tta gct atg tat cct aat caa atg	879
Val Phe Ser Arg Ala Leu Asp Leu Leu Ala Met Tyr Pro Asn Gln Met	
170 175 180 185	
att tat cag gat caa gat ata ttg aat atc ctt ttt agg aat aaa gtc	927
Ile Tyr Gln Asp Gln Asp Ile Leu Asn Ile Leu Phe Arg Asn Lys Val	
190 195 200	
tgt tat tta gat tgc aga ttt aat ttc atg cca aat caa ctt gaa aga	975
Cys Tyr Leu Asp Cys Arg Phe Asn Phe Met Pro Asn Gln Leu Glu Arg	
205 210 215	
ata aan caa tac cat aaa gga aaa ntg agc aac tta cat tct tta gaa	1023
Ile Xaa Gln Tyr His Lys Gly Lys Xaa Ser Asn Leu His Ser Leu Glu	
220 225 230	
aaa aca acg atg cct gtc gtt att tca cat tat tgt ggt cca gaa aaa	1071
Lys Thr Thr Met Pro Val Val Ile Ser His Tyr Cys Gly Pro Glu Lys	
235 240 245	
gcg tgg cat gcg gat tgt aaa cat ttt aat gta tat ttc tat cag aaa	1119
Ala Trp His Ala Asp Cys Lys His Phe Asn Val Tyr Phe Tyr Gln Lys	
250 255 260 265	

ata tta gca naa atn tcg aga ggc ncg gat aaa gaa cgc gta tta tct 1167
 Ile Leu Ala Xaa Xaa Ser Arg Gly Xaa Asp Lys Glu Arg Val Leu Ser
 270 275 280

ata aaa act tat ctc aag gcc ttg att aga agg att aga tat aaa ttc 1215
 Ile Lys Thr Tyr Leu Lys Ala Leu Ile Arg Arg Ile Arg Tyr Lys Phe
 285 290 295

aaa tat caa gtc tat taactattga atttttgcaa atgagataag agtatagtgc 1270
 Lys Tyr Gln Val Tyr
 300

tgattttcttc aaagcgaaaa ggaggaaata gcttggttcta atttattaca ataatgggttg 1330

tattcatctt gatttttgaag gaaagagagt gttttttgta taaaagcatt ttcgtcacct 1390

aaatttacta atcctccaaa ttctcctcct cgnagaatth ctttcggacc ggtagggcag 1450

tccatggata ttacaggtgt accgcaagcc atgcttttcta ggataactgt cggttaacccc 1510

tctttcaaag aggtgtgtaa aaatagctta gcatttttcta ttaatggata cggattatct 1570

ttatttccta aaagaaaaca atcttcttgt agattgagtg attctatttg tttctcta 1630

ttttctcgac actcaccatc ccaaacaata tatancnttt cttggatacc tcc 1683

<210> 36

<211> 302

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> misc_feature

<222> 219

<223> Xaa = any or unknown amino acid

<220>

<221> misc_feature

<222> 226

<223> Xaa = any or unknown amino acid

<220>

<221> misc_feature

<222> 269

<223> Xaa = any or unknown amino acid

<220>

<221> misc_feature

<222> 270

<223> Xaa = any or unknown amino acid

<220>

<221> misc_feature

<222> 274

<223> Xaa = any or unknown amino acid

<400> 36

```

Met Asn Ile Leu Phe Val Ser Asp Asp Val Tyr Ala Lys His Leu Val
 1             5             10             15

Val Ala Ile Lys Ser Ile Ile Asn His Asn Glu Lys Gly Ile Ser Phe
      20             25             30

Tyr Ile Phe Asp Leu Gly Ile Lys Asp Glu Asn Lys Arg Asn Ile Asn
      35             40             45

Asp Ile Val Ser Ser Tyr Gly Ser Glu Val Asn Phe Ile Ala Val Asn
      50             55             60

Glu Lys Glu Phe Glu Ser Phe Pro Val Gln Ile Ser Tyr Ile Ser Leu
      65             70             75             80

Ala Thr Tyr Ala Arg Leu Lys Ala Ala Glu Tyr Leu Pro Asp Asn Leu
      85             90             95

Asn Lys Ile Ile Tyr Leu Asp Val Asp Val Leu Val Phe Asn Ser Leu
      100            105            110

Glu Met Leu Trp Asn Val Asp Val Asn Asn Phe Leu Thr Ala Ala Cys
      115            120            125

Tyr Asp Ser Phe Ile Glu Asn Glu Lys Ser Glu His Lys Lys Ser Ile
      130            135            140

Ser Met Ser Asp Lys Glu Tyr Tyr Phe Asn Ala Gly Val Met Leu Phe
      145            150            155            160

Asn Leu Asp Glu Trp Arg Lys Met Asp Val Phe Ser Arg Ala Leu Asp
      165            170            175

Leu Leu Ala Met Tyr Pro Asn Gln Met Ile Tyr Gln Asp Gln Asp Ile
      180            185            190

Leu Asn Ile Leu Phe Arg Asn Lys Val Cys Tyr Leu Asp Cys Arg Phe
      195            200            205

Asn Phe Met Pro Asn Gln Leu Glu Arg Ile Xaa Gln Tyr His Lys Gly
      210            215            220

Lys Xaa Ser Asn Leu His Ser Leu Glu Lys Thr Thr Met Pro Val Val
      225            230            235            240

Ile Ser His Tyr Cys Gly Pro Glu Lys Ala Trp His Ala Asp Cys Lys

```

	245		250		255
His Phe Asn Val Tyr Phe Tyr Gln Lys Ile Leu Ala Xaa Xaa Ser Arg					
	260		265		270
Gly Xaa Asp Lys Glu Arg Val Leu Ser Ile Lys Thr Tyr Leu Lys Ala					
	275		280		285
Leu Ile Arg Arg Ile Arg Tyr Lys Phe Lys Tyr Gln Val Tyr					
	290		295		300

<210> 37
 <211> 2029
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

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

<220>
 <223> mglB

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 98
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 296
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 302
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 928
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 1007
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 1740

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

<220>

<221> misc_feature

<222> 1808

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

<220>

<221> misc_feature

<222> 1816

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

<220>

<221> misc_feature

<222> 1820

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

<400> 37

c tta aat aaa gcc ggt aaa att caa tac gtt tta tta aaa ggt aac caa 49

Leu Asn Lys Ala Gly Lys Ile Gln Tyr Val Leu Leu Lys Gly Asn Gln
1 5 10 15

gga cac cca gat gca gaa gct cgt aca aaa ttc gtc att aaa gaa tta 97

Gly His Pro Asp Ala Glu Ala Arg Thr Lys Phe Val Ile Lys Glu Leu
20 25 30

nat aat aaa ggc att caa gat gag caa tta ttc atc gac acg ggg atg 145

Xaa Asn Lys Gly Ile Gln Asp Glu Gln Leu Phe Ile Asp Thr Gly Met
35 40 45

tgg gat gcc gct tta gcg aaa gat aaa atg gat gca tgg tta tct agc 193

Trp Asp Ala Ala Leu Ala Lys Asp Lys Met Asp Ala Trp Leu Ser Ser
50 55 60

tct aaa gca aat caa att gaa gtg atc atc gct aac aac gat ggt atg 241

Ser Lys Ala Asn Gln Ile Glu Val Ile Ile Ala Asn Asn Asp Gly Met
65 70 75 80

gcg atg ggg gca ttg gaa gcc acg aaa gca cat ggt aaa aaa tta cca 289

Ala Met Gly Ala Leu Glu Ala Thr Lys Ala His Gly Lys Lys Leu Pro
85 90 95

atc ttc ngg gta nat gcg tta cca gaa gtc ctc caa tta atc aaa aaa 337

Ile Phe Xaa Val Xaa Ala Leu Pro Glu Val Leu Gln Leu Ile Lys Lys
100 105 110

ggt gaa att gca ggt acg gtg tta aat gac ggt gtg aac caa ggt aaa 385

Gly Glu Ile Ala Gly Thr Val Leu Asn Asp Gly Val Asn Gln Gly Lys
115 120 125

gcc gtt gtt caa tta agt aat aat ctt gca aaa gga aaa cct gcc act 433

Ala Val Val Gln Leu Ser Asn Asn Leu Ala Lys Gly Lys Pro Ala Thr

130	135	140	
gaa ggc aca aaa tgg cag tta aaa cga tcg tgt cct acg tat ccc tta			481
Glu Gly Thr Lys Trp Gln Leu Lys Arg Ser Cys Pro Thr Tyr Pro Leu			
145	150	155	160
tgt tgg tgt gga tgc gga taacttaaac gagttcctaa aataataaac			529
Cys Trp Cys Gly Cys Gly			
165			
tataacaaaa caagamgttg taattctcgg ggaggtatac cctccccctt tttatgtgag			589
gttgatgatg acaactcaaa ttccaaatca agacagtga atactgctca caatgaccaa			649
cgtctgtaaa tcctttcccg gtgttaaagc gttagacaat gcaaacctaa ctgtgcgctc			709
gcattctgtc catgccttaa tgggcgaaaa tggggcgggc aaatcgacct tattaaaatg			769
cttatttgggt atttacagta aagatgaagg tgacatcctt ttcttaggca agccagtcaa			829
ctttaaaacg tcgaaagaag ccttagagaa cgggattttc atgggtgcacc aagaacttaa			889
cttggttaaa caatgtactg taatggataa tcctttggnt aggacgttat ccattaaaag			949
caggctttgt cgatcacggc aaaatgtatc gtgataccaa agcagatddd tgaagaanta			1009
gatatcgata tcgatccaaa agaaaaagtg gccaaattgt cagtgtcaca aatgcaaagt			1069
atcgagatcg caaaggcctt ttcatacaat gccaaaatcg taatcatgga cgaaccgact			1129
tcttcgcttt cagaaaaaga agttgaacac ctatttaaaa ttatcgcgaa gctaaaacaa			1189
cgtggctgtg gcattattta tatttcgcac aaaatggacg aaatcttcaa aatttgtgac			1249
gaaattacga ttttacgcga tggtaaattg atcaatacgg tcgctgttaa aggcaccaca			1309
atggatcaga ttgtatccat gatggttggg cgtgaactca cgcaacgttt cccacaaaaa			1369
accaataccc caaaagaaac catcttaacg gtggaaaatc tgaccgcact taatcagcca			1429
tctattcaag atgttagttt tgaattacgc aaaggcgaag tgctcggcat tgcgggactg			1489
gttggggcaa aacggtaccg atattgtgga aacgatcttc ggggtgcgtg aacgtaaadc			1549
tgggtgtgatt aaactacacg ataaggaaat gaaaaaccgg aatgcgttcg aagccattaa			1609
caatggtttt gccttgggtca cggaagaacg tcgctctaca gggatttatg cgaatctcag			1669
tattgagttt aactcattaa tttctaacat gaagaaatcc tatatcagca agttaggttt			1729
attgagtaac ncaaaaatga aaagcgacac gcaatgggggt cattgattcc atgaatgtga			1789

aaacgccatc acaaaaccna tattggntca ntatctgggg ttgtaaccaa caaaaagtgg 1849
 tcattggtcg ttggttatta acccaccctg aaatcttgat gttagacgaa ccaacacgtg 1909
 gtatcgacat tgggtgcgaaa tatgaaatth atcagctgat tatggagtta gccaaaaaag 1969
 ataaaggtat catcatgatt tcattctaaag gccagagtta ttaggggtac tgaccgaatt 2029

<210> 38

<211> 166

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> misc_feature

<222> 33

<223> Xaa = any or unknown amino acid

<220>

<221> misc_feature

<222> 99

<223> Xaa = any or unknown amino acid

<220>

<221> misc_feature

<222> 101

<223> Xaa = any or unknown amino acid

<400> 38

Leu Asn Lys Ala Gly Lys Ile Gln Tyr Val Leu Leu Lys Gly Asn Gln
 1 5 10 15

Gly His Pro Asp Ala Glu Ala Arg Thr Lys Phe Val Ile Lys Glu Leu
 20 25 30

Xaa Asn Lys Gly Ile Gln Asp Glu Gln Leu Phe Ile Asp Thr Gly Met
 35 40 45

Trp Asp Ala Ala Leu Ala Lys Asp Lys Met Asp Ala Trp Leu Ser Ser
 50 55 60

Ser Lys Ala Asn Gln Ile Glu Val Ile Ile Ala Asn Asn Asp Gly Met
 65 70 75 80

Ala Met Gly Ala Leu Glu Ala Thr Lys Ala His Gly Lys Lys Leu Pro
 85 90 95

Ile Phe Xaa Val Xaa Ala Leu Pro Glu Val Leu Gln Leu Ile Lys Lys
 100 105 110

Gly Glu Ile Ala Gly Thr Val Leu Asn Asp Gly Val Asn Gln Gly Lys

115

120

125

Ala Val Val Gln Leu Ser Asn Asn Leu Ala Lys Gly Lys Pro Ala Thr
130 135 140

Glu Gly Thr Lys Trp Gln Leu Lys Arg Ser Cys Pro Thr Tyr Pro Leu
145 150 155 160

Cys Trp Cys Gly Cys Gly
165

<210> 39

<211> 2628

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (326)..(766)

<220>

<223> mioC

<220>

<221> misc_feature

<222> 1839

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

<400> 39

gtcaactaga gtaaaataga cacacttaat tacattgtag aggaatcctt ttatgtcttt 60

agaaatttta gatcagtttag aagaaaaaat taaacaagcg gttgaaacta tccaattact 120

tcaattggaa attgatgaat taaaagaaaa aaataaccaa tctcaacaag caaatgacgc 180

attacgcagt gaaaatgaac aactaaagag tgagcaccaa aactggcaag aacgtttacg 240

ctcattatta ggcaaaattg ataacgtata attcacttct tattaaggct tagtttttct 300

aagccttatt ttttaggaga aatta atg aaa aca aaa att tgt att atc act 352

Met Lys Thr Lys Ile Cys Ile Ile Thr

1

5

ggc agt acg ctt ggt ggt gca gaa tat gtt gca gaa cat att gct gaa 400

Gly Ser Thr Leu Gly Gly Ala Glu Tyr Val Ala Glu His Ile Ala Glu

10

15

20

25

ata tta gaa caa caa gat tat cct gta cgt tta gaa cat gga cca aat 448

Ile Leu Glu Gln Gln Asp Tyr Pro Val Arg Leu Glu His Gly Pro Asn

30

35

40

ttt gaa gaa gtg atc gat gaa aaa tgt tgg ctt gtt gtc acc tct acc 496
 Phe Glu Glu Val Ile Asp Glu Lys Cys Trp Leu Val Val Thr Ser Thr
 45 50 55

cat ggt gca ggt gaa tta ccg gat aat att aaa cct ctg ttt gaa aaa 544
 His Gly Ala Gly Glu Leu Pro Asp Asn Ile Lys Pro Leu Phe Glu Lys
 60 65 70

tta gca ttt cac cca aaa cag tta gct gac tta cgc ttt gcg gtg atc 592
 Leu Ala Phe His Pro Lys Gln Leu Ala Asp Leu Arg Phe Ala Val Ile
 75 80 85

ggg tta ggt aat tcg gat tat gat acc ttc tgt cac gca gtg gat cat 640
 Gly Leu Gly Asn Ser Asp Tyr Asp Thr Phe Cys His Ala Val Asp His
 90 95 100 105

gtg gaa caa tta ctg cta agc aaa gat gct tta caa ctg tgt gaa tcg 688
 Val Glu Gln Leu Leu Leu Ser Lys Asp Ala Leu Gln Leu Cys Glu Ser
 110 115 120

cta aga atg gat atg cta acc att act gat cct gaa cac acg gcc gaa 736
 Leu Arg Met Asp Met Leu Thr Ile Thr Asp Pro Glu His Thr Ala Glu
 125 130 135

caa tgg ctc cca caa ttt ctc agt caa tta taatatttat tccctataca 786
 Gln Trp Leu Pro Gln Phe Leu Ser Gln Leu
 140 145

atggcatatg taaatcaa atgccatttt tcatctcgat caagcataat atttaaccaa 846

tcaaatcaat attttctctg tggataacta agatcaaaac tgtataaaag ctgtttttat 906

tccctgaata agattgaatg ttttttattc tgtggataac taaagaagtt attcacagtt 966

ttttctggtg ccaaattgag atcttaacaa cttaaaaaat gatctaagtt attcatttaa 1026

aaaaagaaaa ggatcttaat cacagcacta taggatccta ataatacata taataagatc 1086

tctttatata aaaagatcct atctttatta actcacgac tttttcacga tcatcgtaca 1146

gtcttgatca aaaatgtttc tttcatggat ccataaattt cagtagaata gccaccagc 1206

aaaaaggatc aaaagatcca taaaatccga gataaattaa caaggttact atgttttata 1266

ctgaaaatta tgatgttatt gtgatcgggtg gtggacacgc aggtactgaa gctgcacttg 1326

caccggcacg catgggactc aagaccctat tattaacca taatgttgat aactagggc 1386

aatgtcttg taatcctgcg attggtggga ttggtaaagg ccatttagtc cgagaaattg 1446

atgcgatggg cggtttaatg gcaactgctg cggaccaagc aggaatccaa tttcgtacct 1506

taaacagcag caaaggaccg gcggtacgtg ctacacgtgc gcaagctgac cgcgttttat 1566
atcgccaagc agtacgtatt gcattagaaa atcaagaaaa tttagatatt tttcaacaag 1626
aagtgaccga tattatttta gatcaggatc gtgtctgcgg tgttggttact aaaatgggtt 1686
taaaatttca cgcaaaagca gtgattttaa cagccggtac tttcctttct ggtaagatcc 1746
acattggttt agaaaattat acaggtggac gcgcgggtga tcctgcttca gtgatgttag 1806
ccgatcgttt aagagaactg aatttacgtg tanatcgttt aaaaacgggt acaccgcccc 1866
gtattgatgc acgtactatt gatttctcaa tactggctaa acaacatggc gatgaaaaat 1926
tacctgtctt ttccttcatg ggatctgttg atcaacaccc acgtcaaatt ccatgtttta 1986
ttaccatac aaatgaacaa acgcatgaag tgatccgtaa taacttacat cgcagcccaa 2046
tgtatgctgg gatcattgaa gggatcggtc cacgttattg cccttctatt gaagataaag 2106
taatgcgttt ttctgagcgt aattctcatc aaatctacct tgaacctgaa gggttgacaa 2166
acaaaacaaa gaaattgcgg atttacaaaa acaagtgcaa gcaactgcaag cagatttaag 2226
cgaaatggca aagaaaaacc gcaatcaagc gttgattgca ggtgggtattg gcggtggcat 2286
tggtgcagtc ggtattgagc tcattcgctt gcaatttggg ggctaactga tggcatttga 2346
tgaaaaaaca cgtgcgctgg ttcgctgcta ctatgtatth gagtttttat cgcttgagca 2406
atcagcaagt aaagctaaag tctcatttaa caccgcgcga cgctggaaga aagaggcggc 2466
aagcaagggc gatgactggg ataaagtgcg tgatgtacaa gtaatggcgg gcaatgagct 2526
gactgatatc aaaaaggat tgttatcggg ctttattatt caatatcgcg caaccatgga 2586
tgagattcaa aactcggatt taaaagcaca agataaagtc ga 2628

<210> 40

<211> 147

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 40

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

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

<210> 41
 <211> 5191
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (3203) .. (4255)

<220>
 <223> mreB

<400> 41
 ctgcagtacc aaccacccaa atgttggtgct tctgctgtaa ttcacgcaaa gtgcgcgcga 60
 gggttggttac acggattaat ggcacgactt cagcggcacc acaagctact ttacgtgcga 120
 tagcgggtaa ttgggcagat ttatcttttg gtactatcac agcacacacg cccgctgcat 180
 ccgcagtacg caaacaagca cctaagttat gtggatcagt cacaccatct aacactaata 240
 gcaacggatt ggactgattt tgtaaaagcg tatctaaatc tgcttcattc aattctttcg 300
 ctggctgaac acgtgccatg atgccttggt gtacttcgcc ctctgctttt ttatcaaggg 360
 tttggcgatt aacaaattgg atagtaatac ccaaccgatg aagttcattg agcaaaggtt 420
 gtaaacgttt atcgtcgcgc cctttgagtg cataaacttc aattaaacgc tctggcgcgt 480

tgtttaaaaa ggcacttact gcatgaatgc cataaatatt ttcactcatc tactttctct 540
 ttttagctga tttcttactg gcttttttcg tgggtgttga tggtttaaca acgcttggtt 600
 ttcttaccgc acttttactg gtgcttggtt tacgtttatg gcgttggttt tcgagacttt 660
 cagcgtagcg tgcatttttc ttgagcttgt ctttggtctgt tttgccttct cgtaatggtt 720
 tacgctcact cgacactaaa gaaaaatcca cttggcggtt ttcaaggcta actgcttcca 780
 cacggatttt taccttatcg ccaatgcggt agatcatacc actattttca ccgattaaac 840
 gttgtcgagc gagatcaaatt tggtagtagt cgttatctaa ggtagaaatg tggactaagc 900
 catcaataaa gaggtcatct aagcggacaa ataagccaaa acctgtcaca gatgaaatca 960
 cacctgtaaa ttcttcgcct acatgatctt gcataatatt gcatttttagc cagtctgcaa 1020
 catcacgagt ggcatcatcg gcccgctggt ctgtcatgga gcagtggctg cctaatacat 1080
 ccatgtcatc aagtgtatag tgataccctc ccgtatcagt ggttctccgt ttcgagcctt 1140
 ttagtttggc taacaagtat ttaatccac gatgcaaagt caaatcagga taacggcgaa 1200
 ttggcgaaat aaaatgcgca tattcttcga gtgcaagccc aaagtgccca atattgtcag 1260
 gatgataaac ggcttgactt aacgaacgta atacatggtt tgcaataact catgatctgg 1320
 acgttcgca atttgctcca ataatttagc gtagtctgag gtacttggtt tactgccacc 1380
 ttcaaggctt aaaccacatt cactgaggaa ttggcggaag cccgtcactt tttcttcgct 1440
 tggacccgca tgaatacggg aaagggctgg ctcttgatgt ttttcataa agtttgccgc 1500
 cgcaatattg gcgaggatca tacattcttc aatgatttta tgcgcatcat tacgaataac 1560
 aggtcaatc cgttcgattc gccccatttc attaaacaca aacttacttt caatggtttc 1620
 aaagtcaatg gcgccacgtt gatgacgggc ttccactaag gcttggtaca ttacatggag 1680
 ttcttttaaa tggggaacca gtgcttgata acgagtacaa agttcttcat cgtcctctaa 1740
 aatacagagc actttggtat aggttaagcg agcatgagag ttcattgaccg cttcataaaa 1800
 ttcattagcct gtgattttac cttttgctga aacattcagc tcacagacca tacataagcg 1860
 atcgacttgt gggtttaaatg aacaaagtcc attggagagg atttccggtg gcataggaac 1920
 aacgcgattt gggaaatata ccgagtttcc acgcgcattg gcttcggtat caagggcagt 1980
 acgtaaacga acatagtagc tgacatcggc aatggcaacc cacagtttcc aaccgcctcc 2040

acgttttttc tggcaaaaaa ccgcatcgtc aaaatcgcg gcatcttcac catcaatggg 2100

gactaacgga agatggcgta aatcaatacg tcttgatttg gcttcttccg gtacttcttc 2160

actcagttta gaaacttggt tgaggaccgc gtctggaaaa acatggggaa tatcatgatt 2220

acggatagca atttccacct ccatcccttt tgccatattt tcaccgagaa tttcgctaata 2280

cattccaaca ggttgggctaa atgttgcggt acgtgggtttt aattcaacta caaccacttg 2340

tcccatacga ggcgcttggc ggtgttcatt cggaattaaa atgtcgcgat taattcgact 2400

atcgtcaggt actacataac caataccatc ttctaagaaa aaacgaccaa caatctgttt 2460

tttacgctgt tgtaagacgc ggacaatccg cacttcttgg cgaccacgac ggtcaaaacc 2520

gctaggttgg gcgaggacat agtcaccgtg cattactcgc tgcatttggc tgttgggtat 2580

aaaccaatcg ctgtctttac cttcgacttg taaaaaacca taaccatcac gatgacctaa 2640

tacgggtccct ttttaataaat ccagtttttc cggtaaagcg tagcgtttac gtttagtgaa 2700

aaccaattgt ccgtcatttt ccatcgctct taagcgacgg cgcatggctt cttgttggtc 2760

ttcattttga atagcaaatg tggtcagtaa ttcttctttt gagataggtg cattatgttg 2820

acgaattgta tcaagaataa attcgcgact tgggatcggg ttctcatatt ttgcgagttc 2880

ttcttgatag tttggatctt gcaaatgtgg attgtttttg atttttgcca taatgactcc 2940

ctttgagaat ggaaatacgc attcgtttaa tgacctcaag tttgacactc tgatttggtg 3000

aaagcaagta aaaaacctgt tcgtgactga aacaatctgt actcgcgga tttgtcgtgc 3060

atgaaagcgt aaagacaaag caaatctga caatttacag aaaattctct gttataaagg 3120

tacatttttt gatacattha gcacaatttt tcaataactca aatcagagtg tccattattt 3180

aatttagttc agcgggaattc tt atg tta ttt aaa aaa att cga ggc tta ttt 3232
Met Leu Phe Lys Lys Ile Arg Gly Leu Phe
1 5 10

tca aat gat ctg tcc atc gat ctt ggc aca gcg aat acc tta att tat 3280
Ser Asn Asp Leu Ser Ile Asp Leu Gly Thr Ala Asn Thr Leu Ile Tyr
15 20 25

gtc aaa gga caa ggg att gtt tta gat gaa cct tct gtt gtg gcg att 3328
Val Lys Gly Gln Gly Ile Val Leu Asp Glu Pro Ser Val Val Ala Ile
30 35 40

cgc caa gaa cgt tca ggt gca tta aaa agc att gct gcg gtt ggt cgt 3376
Arg Gln Glu Arg Ser Gly Ala Leu Lys Ser Ile Ala Ala Val Gly Arg

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

255	260	265	
tta aat ggc att gtt gcg gca gtg cgc acg gcc ttg gaa gag tgt caa			4048
Leu Asn Gly Ile Val Ala Ala Val Arg Thr Ala Leu Glu Glu Cys Gln			
270	275	280	
cca gaa cat gct gcg gat att ttt gaa cgt ggc atg gtc tta act ggt			4096
Pro Glu His Ala Ala Asp Ile Phe Glu Arg Gly Met Val Leu Thr Gly			
285	290	295	
ggc ggt gcc ctt att cgt aat att gat gtt tta ctg tca aaa gaa acc			4144
Gly Gly Ala Leu Ile Arg Asn Ile Asp Val Leu Leu Ser Lys Glu Thr			
300	305	310	
ggt gtg ccg gtt atc atc gcc gat gat cct tta acc tgt gtt gcc cgt			4192
Gly Val Pro Val Ile Ile Ala Asp Asp Pro Leu Thr Cys Val Ala Arg			
315	320	325	330
ggt ggt ggc gag gca tta gag atg atc gat atg cac ggt ggt gat att			4240
Gly Gly Gly Glu Ala Leu Glu Met Ile Asp Met His Gly Gly Asp Ile			
335	340	345	
ttt agt gac gat atc taatatgatt taaaagtgcg gtgatattag accgcacttt			4295
Phe Ser Asp Asp Ile			
350			
tacttctctt ttattgctga caaggctagc ctaattcgta tatgaaacct atttttggaa			4355
aagcacctcc ttttaggtctt cgcttaattc tggcgatttt agcatccatt gcattgattg			4415
tttcggacgg tcaatccaat gcgatgatta aagcacgcag tattatggaa accgcagtag			4475
gcgggctgta ttatcttgcc aatacaccga gaacgggtatt ggatgggggtt tcagataatt			4535
tggttgatac caataaattg caaattgaaa accgagtttt gcgtgatcaa ctgcgtgaaa			4595
aaaatgcaga tttattgttg ttagatcaac tcaaagtaga aaatcaacgc ctgcgcttat			4655
tgcttaattc ccctctacgt acagatgagt ataaaaaaat tgctgaagtt ttaacggcag			4715
aaactgatgt gtatcgtaag caagtcgtga ttaaccaagg acaacgtgac ggtgcttatg			4775
tcgggcagcc gattattgat gaaaagggtg ttgttgggca acttatctcc gttggtgaaa			4835
atacgagtcg cgttcttcta ttgacagatg tgactcatto tattccagta caagtactac			4895
gtaatgatgt ccgtttgatt gctagtggaa caggacggaa tgatgaactg agtttagatc			4955
atgtgccgcg ttcggtcgat attgtcaaag gggattttatt agtcacttct ggattaggtg			5015
ggcgtttttt agaaggttat cctgttgcca ttgtggaatc cgtatcacgt gatgggcaaa			5075

attatatttgc tactgtaaca gcaaagccat tagcttcgat tgaacgttta cgctatgttt 5135

tgcttttatg gccgacgaat gaagagatgc gcaaagtcca gtctattttca cctgca 5191

<210> 42

<211> 351

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 42

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

Asp Leu Gly Thr Ala Asn Thr Leu Ile Tyr Val Lys Gly Gln Gly Ile
20 25 30

Val Leu Asp Glu Pro Ser Val Val Ala Ile Arg Gln Glu Arg Ser Gly
35 40 45

Ala Leu Lys Ser Ile Ala Ala Val Gly Arg Asp Ala Lys Leu Met Leu
50 55 60

Gly Arg Thr Pro Lys Ser Ile Ala Ala Ile Arg Pro Met Lys Asp Gly
65 70 75 80

Val Ile Ala Asp Phe Phe Val Thr Glu Lys Met Leu Gln Tyr Phe Ile
85 90 95

Lys Gln Val His Ser Ser Asn Phe Met Arg Pro Ser Pro Arg Val Leu
100 105 110

Val Cys Val Pro Ala Gly Ala Thr Gln Val Glu Arg Arg Ala Ile Lys
115 120 125

Glu Ser Ala Ile Gly Ala Gly Ala Arg Glu Val Tyr Leu Ile Glu Glu
130 135 140

Pro Met Ala Ala Ala Ile Gly Ala Lys Leu Pro Val Ser Thr Ala Thr
145 150 155 160

Gly Ser Met Val Ile Asp Ile Gly Gly Gly Thr Thr Glu Val Ala Val
165 170 175

Ile Ser Leu Asn Gly Ile Val Tyr Ser Ser Ser Val Arg Ile Gly Gly
180 185 190

Asp Arg Phe Asp Glu Ala Ile Ile Ser Tyr Val Arg Lys Thr Phe Gly
195 200 205

Ser Ile Ile Gly Glu Pro Thr Ala Glu Arg Ile Lys Gln Glu Ile Gly
210 215 220

Ser Ala Phe Ile Gln Glu Gly Asp Glu Val Arg Glu Ile Glu Val His
 225 230 235 240

Gly His Asn Leu Ala Glu Gly Ala Pro Arg Ser Phe Lys Leu Thr Ser
 245 250 255

Arg Asp Val Leu Glu Ala Ile Gln Ala Pro Leu Asn Gly Ile Val Ala
 260 265 270

Ala Val Arg Thr Ala Leu Glu Glu Cys Gln Pro Glu His Ala Ala Asp
 275 280 285

Ile Phe Glu Arg Gly Met Val Leu Thr Gly Gly Gly Ala Leu Ile Arg
 290 295 300

Asn Ile Asp Val Leu Leu Ser Lys Glu Thr Gly Val Pro Val Ile Ile
 305 310 315 320

Ala Asp Asp Pro Leu Thr Cys Val Ala Arg Gly Gly Gly Glu Ala Leu
 325 330 335

Glu Met Ile Asp Met His Gly Gly Asp Ile Phe Ser Asp Asp Ile
 340 345 350

<210> 43
 <211> 2172
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1464)

<220>
 <223> pnp

<400> 43
 acc cgc gtt ggg att ggg tgg cac ctg aac cca aat acc gcg tta att 48
 Thr Arg Val Gly Ile Gly Trp His Leu Asn Pro Asn Thr Ala Leu Ile
 1 5 10 15

gaa aaa gtg aaa gcg att gca gaa gcg cgt tta ggc gaa gca tac cgt 96
 Glu Lys Val Lys Ala Ile Ala Glu Ala Arg Leu Gly Glu Ala Tyr Arg
 20 25 30

atc act gaa aac aag cac gtt atg aac aaa att gat gcg att aaa gct 144
 Ile Thr Glu Asn Lys His Val Met Asn Lys Ile Asp Ala Ile Lys Ala
 35 40 45

gat gtg att gca caa atc aca gct gaa gta gca gaa ggc gaa gac atc 192
 Asp Val Ile Ala Gln Ile Thr Ala Glu Val Ala Glu Gly Glu Asp Ile

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

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

465	470	475	480
gac gtt gcc gca gaa gaa aac gca taagcaataa acaccaacgc ccttcgtgat 1494			
Asp Val Ala Ala Glu Glu Asn Ala			
485			
aaagggcggtt ggtgtgcatg ttgataagta caatttgtgc ttttaaggcga agcgaaatga 1554			
agcaatttca tccgtgggta aagtgcctgc taattttccc attttgggta tgttgtttaa 1614			
cagcttgtgt taatcatgaa caagtttttc tttcaaaaga gaaattaatg ttagcagagc 1674			
aacatccgaa tgatcatctt gagcatgagg tgatgggtgc gcaaattagc gaattgttac 1734			
ttgttaaagg gttaaaaaaa gaagaacgtg cgatttttaca ttttgagcga ggcgtgctgt 1794			
acgatagctt aggattgtgg gcattggcgc gttatgattt tgaccaaaaca ttagcgttgt 1854			
atccaaagtt ggcagcagcg ttttaattatt taggtttata tttattgtta gaggaagatt 1914			
acagcgcac tctagatatc tttaatgtgt tgtttgaact tgatcctcaa tatgagtatg 1974			
cattcctaaa tagagggcta aatttttatt acgtcggacg ttatgaatta gctcagcggg 2034			
atttttcttca attttatcaa gcogataaat cagatccata ccgcacttta tggcttttatt 2094			
taaataaatt aaagcataat cctcaggatg cttctaaaaa tcttgctcaa cgagcaatgg 2154			
ggcttttctga tgaatatt 2172			

```
<210> 44
<211> 488
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida
```

```

<400> 44
Thr Arg Val Gly Ile Gly Trp His Leu Asn Pro Asn Thr Ala Leu Ile
  1                   5                   10                   15

Glu Lys Val Lys Ala Ile Ala Glu Ala Arg Leu Gly Glu Ala Tyr Arg
      20                   25                   30

Ile Thr Glu Asn Lys His Val Met Asn Lys Ile Asp Ala Ile Lys Ala
      35                   40                   45

Asp Val Ile Ala Gln Ile Thr Ala Glu Val Ala Glu Gly Glu Asp Ile
      50                   55                   60

Ser Glu Gly Lys Ile Val Asp Ile Phe Thr Ala Leu Glu Ser Gln Ile
      65                   70                   75                   80

Val Arg Ser Arg Ile Ile Ala Gly Glu Pro Arg Ile Asp Gly Arg Thr

```

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

Gly Thr Val Lys Ile Ala Ala Val Asp Gly Asn Ser Ala Lys Glu Val
370 375 380

Met Ala Arg Ile Glu Asp Ile Thr Ala Glu Val Glu Ala Gly Ala Val
385 390 395 400

Tyr Lys Gly Lys Val Thr Arg Leu Ala Asp Phe Gly Ala Phe Val Ser
405 410 415

Ile Val Gly Asn Lys Glu Gly Leu Val His Ile Ser Gln Ile Ala Glu
420 425 430

Glu Arg Val Glu Lys Val Ser Asp Tyr Leu Ala Val Gly Gln Glu Val
435 440 445

Thr Val Lys Val Val Glu Ile Asp Arg Gln Gly Arg Ile Arg Leu Thr
450 455 460

Met Lys Glu Val Ala Pro Lys Gln Glu His Val Asp Ser Val Val Ala
465 470 475 480

Asp Val Ala Ala Glu Glu Asn Ala
485

<210> 45

<211> 633

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (2) .. (631)

<220>

<223> purF

<400> 45

c gat ggg gtt tct gtt tat gct gcc cgt gtt cat atg gga caa cgt tta 49
Asp Gly Val Ser Val Tyr Ala Ala Arg Val His Met Gly Gln Arg Leu
1 5 10 15

ggt gaa aaa att gca cgg gaa tgg gcg gat gtg gat gat att gat gtg 97
Gly Glu Lys Ile Ala Arg Glu Trp Ala Asp Val Asp Asp Ile Asp Val
20 25 30

gtc att cct gtg cct gaa acc tct aac gat att gct tta cgt att gcg 145
Val Ile Pro Val Pro Glu Thr Ser Asn Asp Ile Ala Leu Arg Ile Ala
35 40 45

cgc gtg tta aat aaa ccg tat cgt caa ggt ttt gtg aaa aat cgc tat 193
Arg Val Leu Asn Lys Pro Tyr Arg Gln Gly Phe Val Lys Asn Arg Tyr

50	55	60	
gta gga cgt acg ttt att atg ccg ggg cag gca ttg cga gtc agt tct			241
Val Gly Arg Thr Phe Ile Met Pro Gly Gln Ala Leu Arg Val Ser Ser			
65	70	75	80
ggt aga cgt aaa ctc aat acc att gct tca gaa ttt aaa gat aag aat			289
Val Arg Arg Lys Leu Asn Thr Ile Ala Ser Glu Phe Lys Asp Lys Asn			
	85	90	95
gtg tta tta gtt gac gac tcg att gta cgt ggt acc acg tct gaa caa			337
Val Leu Leu Val Asp Asp Ser Ile Val Arg Gly Thr Thr Ser Glu Gln			
	100	105	110
att gtc gaa atg gcg aga gcg gca ggt gcg aag aaa att tat ttt gcc			385
Ile Val Glu Met Ala Arg Ala Ala Gly Ala Lys Lys Ile Tyr Phe Ala			
	115	120	125
tct gct gca cca gaa att cgt tat cca aat gtg tat ggt att gat atg			433
Ser Ala Ala Pro Glu Ile Arg Tyr Pro Asn Val Tyr Gly Ile Asp Met			
	130	135	140
cca acc aaa aat gaa ttg atc gct tat ggt cgt gat gta gat gaa att			481
Pro Thr Lys Asn Glu Leu Ile Ala Tyr Gly Arg Asp Val Asp Glu Ile			
	145	150	155
gct aac tta att ggt gtg gat aaa ttg att ttc caa gat ttg gat gcg			529
Ala Asn Leu Ile Gly Val Asp Lys Leu Ile Phe Gln Asp Leu Asp Ala			
	165	170	175
tta act ggt tct gtg caa caa gaa aat cca agt att caa gac ttt gat			577
Leu Thr Gly Ser Val Gln Gln Glu Asn Pro Ser Ile Gln Asp Phe Asp			
	180	185	190
tgt tcg gtg ttt aca ggg gtt tat gtg acg ggc gat att aca cct gaa			625
Cys Ser Val Phe Thr Gly Val Tyr Val Thr Gly Asp Ile Thr Pro Glu			
	195	200	205
tat ctg ga			633
Tyr Leu			
210			
<210> 46			
<211> 210			
<212> PRT			
<213> Pasteurella multocida			
<400> 46			
Asp Gly Val Ser Val Tyr Ala Ala Arg Val His Met Gly Gln Arg Leu			
1	5	10	15
Gly Glu Lys Ile Ala Arg Glu Trp Ala Asp Val Asp Asp Ile Asp Val			

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

<210> 47

<211> 4788

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (876)

<220>

<223> rci

<220>

<221> misc_feature

<222> 3084

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

<400> 47

gac gag gag aga aaa tta gct gat ttg gca aaa ggt atc gct cca gat 48
Asp Glu Glu Arg Lys Leu Ala Asp Leu Ala Lys Gly Ile Ala Pro Asp
1 5 10 15

att att ttt aga gat gta ata gaa cgc tat caa aat gaa gtg tct ata 96
Ile Ile Phe Arg Asp Val Ile Glu Arg Tyr Gln Asn Glu Val Ser Ile
20 25 30

act aaa aaa ggc gcg cga aat gaa att ata aga tta aac cgc ttt tta 144
Thr Lys Lys Gly Ala Arg Asn Glu Ile Ile Arg Leu Asn Arg Phe Leu
35 40 45

aga tat gat att tct aat ctg tat att cgt gat tta aga aaa gaa gat 192
Arg Tyr Asp Ile Ser Asn Leu Tyr Ile Arg Asp Leu Arg Lys Glu Asp
50 55 60

ttt gag gag tgg atc aga att cgc cta acc gaa gta tcg gat gct agc 240
Phe Glu Glu Trp Ile Arg Ile Arg Leu Thr Glu Val Ser Asp Ala Ser
65 70 75 80

gtt aga cgt gag ctt gtt act ata tcg tca gtg ctg aca aca gca ata 288
Val Arg Arg Glu Leu Val Thr Ile Ser Ser Val Leu Thr Thr Ala Ile
85 90 95

aat aag tgg gga tat att tca agg cat cca atg act ggt att gaa aaa 336
Asn Lys Trp Gly Tyr Ile Ser Arg His Pro Met Thr Gly Ile Glu Lys
100 105 110

cca aaa aac tcg gca gaa aga aaa gaa cga tat tca gaa cag gac att 384
Pro Lys Asn Ser Ala Glu Arg Lys Glu Arg Tyr Ser Glu Gln Asp Ile
115 120 125

aaa aca ata tta gaa aca gct aga tat tgt gaa gat aaa cta ccc ata 432
Lys Thr Ile Leu Glu Thr Ala Arg Tyr Cys Glu Asp Lys Leu Pro Ile
130 135 140

aca ctc aaa caa aga gta gca att gca atg tta ttt gct att gaa acc 480
Thr Leu Lys Gln Arg Val Ala Ile Ala Met Leu Phe Ala Ile Glu Thr
145 150 155 160

gct atg cgt gct ggt gag att gct agt ata aaa tgg gat aat gtt ttt 528
Ala Met Arg Ala Gly Glu Ile Ala Ser Ile Lys Trp Asp Asn Val Phe
165 170 175

ctt gaa aag aga ata gta cat tta ccg aca act aaa aac ggg cac tct 576
Leu Glu Lys Arg Ile Val His Leu Pro Thr Thr Lys Asn Gly His Ser
180 185 190

```

aga gat gtg ccg ctt tcg caa aga gct gtt gcg cta att tta aaa atg      624
Arg Asp Val Pro Leu Ser Gln Arg Ala Val Ala Leu Ile Leu Lys Met
      195                      200                      205

aaa gag gta gaa aat gga gat ctt gtg ttt cag acc acg cct gaa tca      672
Lys Glu Val Glu Asn Gly Asp Leu Val Phe Gln Thr Thr Pro Glu Ser
      210                      215                      220

tta agc acc acg ttt aga gtg tta aag aaa gag tgt gga ctt gaa cat      720
Leu Ser Thr Thr Phe Arg Val Leu Lys Lys Glu Cys Gly Leu Glu His
      225                      230                      235                      240

ctc cat ttt cat gat acg aga agg gaa gcg ttg acg aga tta tct aag      768
Leu His Phe His Asp Thr Arg Arg Glu Ala Leu Thr Arg Leu Ser Lys
      245                      250                      255

aaa gta gat gta atg act cta gcc aaa att agc gga cat aga gat tta      816
Lys Val Asp Val Met Thr Leu Ala Lys Ile Ser Gly His Arg Asp Leu
      260                      265                      270

aga att tta caa aac aca tat tac gca ccg aat atg agt gaa gtg gca      864
Arg Ile Leu Gln Asn Thr Tyr Tyr Ala Pro Asn Met Ser Glu Val Ala
      275                      280                      285

aac ttg ttg gat taattcactc ttcttaaata cgccttttgc cacttgatta      916
Asn Leu Leu Asp
      290

catcgccagc cttatatctt ttactttcat tacttccttt ttctaatagaa actggggatg 976

gaaagtcttg gcgggtaata atatgacgag atgtgtaatt gtaagaacga ttaatcatga 1036

tagaaatgtc ttcaatacta agaagaactg gactatcttc tttaagttga gctaaggctc 1096

caaacctcac agagcgtagc acttcatctt gttgtttctt tgttagagaa atattttcca 1156

tttttacctc acttaaataa aaaagccgtc atggacggct taataaagca tttcgctata 1216

cagttctttt gaggtgtacc caatatcgaa cttgatttga ttgttttggt ttgcgatttc 1276

cagtgccttct tttcgatcaa caaatcttcc gaagttggta ataacaccct gtttcttacc 1336

aattagcgga tattgtgtac cgttctcaat agatttaatt tgtttacgca taaacatgtc 1396

atagtgtctc gcgccagtca ctaaatgaag ttcttttggt gtgtaatctt caagctcgca 1456

cgcagcgcag acgattaatt ctggacgacg tcccattttc ctatctccga gcatttttca 1516

tagcctcaaa ccaagcttgt gcgtctcctt cactgtaaaa taatgaaccg ctttctagca 1576

```

tttttctgtg cttatctcta ttagcatcaa aatagaatct aataattggt gagttacctc 1636
 ttttaaagac ctcttgattg tgggtgtgctg ttttgattgg agcgggcaaa gtaagcgta 1696
 ctgttgggcy tggttcttcc cacattccga ctatatcaaa tggattttct aaatgcggat 1756
 atttggtatg ttcaaaaaa gaagatccat caatcgtcca agaattttct tcaaattgtg 1816
 tcttgctctt gccaatgtga aatacacctt gatataagaa agtggtgaac ggaaagaact 1876
 ttgaataatc agcagttaca tatcctttac ttccatttct aagcacaact ggctcaccgg 1936
 ttaatgcttt ttctaagtca aatgctttca ttttttactc tccagcttgc tcatcaataa 1996
 gctcatcaat ccattctcga atttcagatt ggaaattttc taacgaatta ttttcattaa 2056
 aataatctgc ttcttttaac ttactcacgg ctgttttact aaagcattta taaaaaagac 2116
 gcttttcttc aaacaaatca tcttttgaga ttgcgcatatc ttttctacg ccctctatac 2176
 ttttgtcttg aataaaaacta ttaaaaagaa cctcttcttg ctgcttggtt tctactaaaa 2236
 tagaaatcgt atattttttt ggatattcca tttttaatcc tttcttttag ataacaaaaa 2296
 accgcatttc tgcggttatt ctgtgtattt atttaaaata ttacttatag tttcagcatc 2356
 ttctaagtgt aatttagaat agcttgaggt catttttctt ttaacggcaa tcctcaattc 2416
 ttccagcttt aagctataca agtagtcttt tttatcttta taaatacgac cgtacaccat 2476
 tccggataat ttaccttctt catacccatt agataaattg atctttctat ctcgaccgcy 2536
 cactctaatt gttaaataatt ttcttccaat ttttaagact tcagcctcat gttcaatgtt 2596
 tgagcgcatg agtggttcta aaaaatatac ggtatcgcca actttaagat ttttaatcca 2656
 atctttattc ataaataccc ttatactttc ggtggcagtg gaagtgggtg ccaatgagtt 2716
 actgaagata gatggtaagt acgaagagac ataaagaaaa catcatctcg ccacgcgatt 2776
 tttatttccc ctctatctgt ataaatcaga atatcctctc tctcactggg caatctatct 2836
 ttactactaa tccagccatc atcttgcgaa aattccacaa tttctggctt ttcaagcacc 2896
 aaatcagagc cgtaatcttc tttttcctct togtcact gcttttctt gcagtcagcc 2956
 ttgccaagga cgacaccgta cacggcataa ggtaaatcat tcaacgcaaa atcctcatga 3016
 tcacacatat catctgcgaa ctcatgagct tctactgcac catctaaaca actttgctta 3076
 gcttgatnta atgtttcgtg taagttaacg atatgtatgt cattagatac atctactgag 3136

aaaaattttt tttctgtttc tatcatagtt aaattcctta ttcttttatt aatgggcgag 3196
 gaatcggttg ccagtgtgta acgttaatag ctagatcata aattggacca ttctgattta 3256
 tagctaccca aaaatattca ccatcagcaa tttctcttga tgcaattgcg taatgctcgc 3316
 catattcacc ttcacaaaaa gcaatgactg gtgtttcaac ttctggtaac ttgtcatcaa 3376
 cactaatcca gttgctatat tcccaatgaa aattaagctt ctcatagcca ttgatgactt 3436
 gatctaacgc aggtcttaat tgggtttctc caacaataat atgtgttggt atcttaatct 3496
 ctgggattcc atctattact tcacaccagt ttttttcaat aaagtccaat ctttttttat 3556
 ctgctaaaag actttcatat tctgcttttg tgattgttac tgtttctgtc atagttaaatt 3616
 tcctcatgat aaattccatg tttatttaac ttttttctgg cacaaaaaaa cacgctattg 3676
 cgtgctgtct tgattgatat aatcaattaa tctaagccca atccatttca taactggaac 3736
 agccatactg tttccaattg ctttgtatcg tggagaatca gggcattcat ctattgattt 3796
 gttgcgatat gggatttttag tgtaatcgtc tggaaatccc tgtaatcttt cacactcacg 3856
 cggcgtagt tttctaacaa ctgattctac tgataaagca acgcaaggaa cattattacc 3916
 accagttccc attcttgctt ttaagggttg tgaaatatca tcgtgaatac gacaagcttc 3976
 ttcaccctta acctcaaata gaatatattc caatcctcca tttcttcaa tgcaatgctc 4036
 tgtattttta gaaatgattg gatcttgtga accgtgaaca acaaaagttt cactaccgcc 4096
 agcaagaact ccaccgcttg ctcttaatgt tcccgaaca tcggatttgc gatattgagc 4156
 aaagcttgtc tcaataaagg cggcaatatc ttttgctgc gttccgctct gttcaatatt 4216
 ccctgcacg cttttggact caatgagtat ttgtgcaaca cttcgttttc tagcacttgc 4276
 cacaagaaac actcttttac gacgttgggc aactccgaag tattgagcat cgagaactcg 4336
 ccagcagatt gttcggattg aatgcacata accagcgttc gtccatcttc tcctgtgtg 4396
 ctgcaatggc tcacactctt gaaccagtcc agccagaagg tgtccgaatg cgttgtccga 4456
 ggtggatagc acaccggaa cgttttccca cacgagaatg cacggtgggt tgttgtcatt 4516
 gaatctaaca tagtcgatcg cttctaaaat ttttaattaa actaacgtga gatttcctcg 4576
 ctcatcgtct aaactttgac gattgccagc aactgaaaaa gattgacaag gaggaccacc 4636
 aactaaaacg tctggtgccg gaatttcacg atctaattatt ttctgttgca attcagtcatt 4696

atcaccaaga ttgggaacgt tagggtaatg gtaagctaata actgcgcttg ggaattgctc 4756

aatttcagaa aaccagagtg gctctgcgaa tt 4788

<210> 48

<211> 292

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 48

Asp	Glu	Glu	Arg	Lys	Leu	Ala	Asp	Leu	Ala	Lys	Gly	Ile	Ala	Pro	Asp
1				5					10					15	

Ile	Ile	Phe	Arg	Asp	Val	Ile	Glu	Arg	Tyr	Gln	Asn	Glu	Val	Ser	Ile
			20					25					30		

Thr	Lys	Lys	Gly	Ala	Arg	Asn	Glu	Ile	Ile	Arg	Leu	Asn	Arg	Phe	Leu
		35					40					45			

Arg	Tyr	Asp	Ile	Ser	Asn	Leu	Tyr	Ile	Arg	Asp	Leu	Arg	Lys	Glu	Asp
	50					55					60				

Phe	Glu	Glu	Trp	Ile	Arg	Ile	Arg	Leu	Thr	Glu	Val	Ser	Asp	Ala	Ser
65					70					75					80

Val	Arg	Arg	Glu	Leu	Val	Thr	Ile	Ser	Ser	Val	Leu	Thr	Thr	Ala	Ile
			85						90					95	

Asn	Lys	Trp	Gly	Tyr	Ile	Ser	Arg	His	Pro	Met	Thr	Gly	Ile	Glu	Lys
		100						105					110		

Pro	Lys	Asn	Ser	Ala	Glu	Arg	Lys	Glu	Arg	Tyr	Ser	Glu	Gln	Asp	Ile
		115						120				125			

Lys	Thr	Ile	Leu	Glu	Thr	Ala	Arg	Tyr	Cys	Glu	Asp	Lys	Leu	Pro	Ile
	130					135					140				

Thr	Leu	Lys	Gln	Arg	Val	Ala	Ile	Ala	Met	Leu	Phe	Ala	Ile	Glu	Thr
145					150					155				160	

Ala	Met	Arg	Ala	Gly	Glu	Ile	Ala	Ser	Ile	Lys	Trp	Asp	Asn	Val	Phe
			165						170					175	

Leu	Glu	Lys	Arg	Ile	Val	His	Leu	Pro	Thr	Thr	Lys	Asn	Gly	His	Ser
			180						185				190		

Arg	Asp	Val	Pro	Leu	Ser	Gln	Arg	Ala	Val	Ala	Leu	Ile	Leu	Lys	Met
		195					200					205			

Lys	Glu	Val	Glu	Asn	Gly	Asp	Leu	Val	Phe	Gln	Thr	Thr	Pro	Glu	Ser
	210					215					220				

Leu Ser Thr Thr Phe Arg Val Leu Lys Lys Glu Cys Gly Leu Glu His
225 230 235 240

Leu His Phe His Asp Thr Arg Arg Glu Ala Leu Thr Arg Leu Ser Lys
245 250 255

Lys Val Asp Val Met Thr Leu Ala Lys Ile Ser Gly His Arg Asp Leu
260 265 270

Arg Ile Leu Gln Asn Thr Tyr Tyr Ala Pro Asn Met Ser Glu Val Ala
275 280 285

Asn Leu Leu Asp
290

<210> 49

<211> 1618

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (2) .. (1195)

<220>

<223> sopE

<400> 49

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

aat caa gca att cgc aca att caa agt cta tca acc gca gtc atc ggt 97
Asn Gln Ala Ile Arg Thr Ile Gln Ser Leu Ser Thr Ala Val Ile Gly
20 25 30

att gtc tgt act gca aat gac gca gac aat gaa aca ttc cca ctc aat 145
Ile Val Cys Thr Ala Asn Asp Ala Asp Asn Glu Thr Phe Pro Leu Asn
35 40 45

gaa ccc gtt ctc atc aca aac gtg gca gcg gca att ggc aag gct gga 193
Glu Pro Val Leu Ile Thr Asn Val Ala Ala Ala Ile Gly Lys Ala Gly
50 55 60

aaa caa ggc acg ctt tca cgt gcg ctt gac ggg att tct gat gta gtc 241
Lys Gln Gly Thr Leu Ser Arg Ala Leu Asp Gly Ile Ser Asp Val Val
65 70 75 80

aat tgc aaa gtg att gtt gtg cga gtg caa gaa agt gcg caa gaa gac 289
Asn Cys Lys Val Ile Val Val Arg Val Gln Glu Ser Ala Gln Glu Asp

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

```

290                295                300
gca ggg gcg ttt gat tgg gca gtg gat aaa gat att tct gtc acg cta 961
Ala Gly Ala Phe Asp Trp Ala Val Asp Lys Asp Ile Ser Val Thr Leu
305                310                315                320
gtg aaa gat att att gaa gca atc aat gcg aag tgg cgt gat tac acc 1009
Val Lys Asp Ile Ile Glu Ala Ile Asn Ala Lys Trp Arg Asp Tyr Thr
325                330                335
aca aaa ggc tac tta att ggc ggt aaa gcg tgg ctt aat aaa gag ctt 1057
Thr Lys Gly Tyr Leu Ile Gly Gly Lys Ala Trp Leu Asn Lys Glu Leu
340                345                350
aac agt gca acg aat tta aaa gat gcg aag ttg ttg atc tct tat gat 1105
Asn Ser Ala Thr Asn Leu Lys Asp Ala Lys Leu Leu Ile Ser Tyr Asp
355                360                365
tat cac cca gta cca ccg ctc gaa cag cta ggc ttt aat cag tac att 1153
Tyr His Pro Val Pro Pro Leu Glu Gln Leu Gly Phe Asn Gln Tyr Ile
370                375                380
tct gat gaa tac ctt gtt gat ttt tca aat cgt tta gca tcg 1195
Ser Asp Glu Tyr Leu Val Asp Phe Ser Asn Arg Leu Ala Ser
385                390                395
taaggggtag aaaatggcctt taccacgcaa acttaaattg atgaatttaa tcatcgacgg 1255
taacaaatat ctcggcgaag tcacggaagt gactcaacca aaattagcaa tgaaaatcga 1315
agaatttcgc gcgggcggta tgattggttc ggtggatgtc aatctcgggc ttgaaaagct 1375
cgaagcggaa tttaaagccg gtggctacat ggtcgaatta attaaaaaat tcggcgggtc 1435
aatcaacggc attccattgc gttttcttgg ctcatatcag cgtgatgaca cagaagaagt 1495
cacatctgtt gagcttgtga tgcaaggctg atttactgaa attgacagcg gaaacagcaa 1555
agtgggcgat gacactgaac aaacattcaa agtgccttta acgtattaca aaatcattgt 1615
tga 1618

```

<210> 50

<211> 398

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 50

```

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

```

```

Asn Gln Ala Ile Arg Thr Ile Gln Ser Leu Ser Thr Ala Val Ile Gly

```

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

Ala Gly Ala Phe Asp Trp Ala Val Asp Lys Asp Ile Ser Val Thr Leu
305 310 315 320

Val Lys Asp Ile Ile Glu Ala Ile Asn Ala Lys Trp Arg Asp Tyr Thr
325 330 335

Thr Lys Gly Tyr Leu Ile Gly Gly Lys Ala Trp Leu Asn Lys Glu Leu
340 345 350

Asn Ser Ala Thr Asn Leu Lys Asp Ala Lys Leu Leu Ile Ser Tyr Asp
355 360 365

Tyr His Pro Val Pro Pro Leu Glu Gln Leu Gly Phe Asn Gln Tyr Ile
370 375 380

Ser Asp Glu Tyr Leu Val Asp Phe Ser Asn Arg Leu Ala Ser
385 390 395

<210> 51

<211> 353

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(351)

<220>

<223> unknown C1

<400> 51

atg aca tta ttt gat gaa tgt aaa tta gct ctt aga gac gat ttt aat 48
Met Thr Leu Phe Asp Glu Cys Lys Leu Ala Leu Arg Asp Asp Phe Asn
1 5 10 15

cta att tgt gat gaa gag aag gat tgt gta atg gat aag ttt tat ttc 96
Leu Ile Cys Asp Glu Glu Lys Asp Cys Val Met Asp Lys Phe Tyr Phe
20 25 30

tat ttc ttg gaa aag aaa gag gaa ttt aat ttt caa gat tat tca ttt 144
Tyr Phe Leu Glu Lys Lys Glu Glu Phe Asn Phe Gln Asp Tyr Ser Phe
35 40 45

gaa gaa atg tat ata ttt tca aaa atg gaa cct gtg tat gtt tta tgt 192
Glu Glu Met Tyr Ile Phe Ser Lys Met Glu Pro Val Tyr Val Leu Cys
50 55 60

gat agc tct aat ata cct ttg ttt agg agt aat tgg gaa ttg att atc 240
Asp Ser Ser Asn Ile Pro Leu Phe Arg Ser Asn Trp Glu Leu Ile Ile

65	70	75	80	
aat aat ata tat gat gtt gtc tgt tta tct aca aaa gta ttt ttt cta				288
Asn Asn Ile Tyr Asp Val Val Cys Leu Ser Thr Lys Val Phe Phe Leu				
	85	90	95	
gat gat gaa aag tta atg atg gaa tta ttt cct gaa gat aaa gta aga				336
Asp Asp Glu Lys Leu Met Met Glu Leu Phe Pro Glu Asp Lys Val Arg				
	100	105	110	
gtc atc tat aaa aga ta				353
Val Ile Tyr Lys Arg				
	115			

<210> 52
 <211> 117
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

<400> 52
 Met Thr Leu Phe Asp Glu Cys Lys Leu Ala Leu Arg Asp Asp Phe Asn
 1 5 10 15
 Leu Ile Cys Asp Glu Glu Lys Asp Cys Val Met Asp Lys Phe Tyr Phe
 20 25 30
 Tyr Phe Leu Glu Lys Lys Glu Glu Phe Asn Phe Gln Asp Tyr Ser Phe
 35 40 45
 Glu Glu Met Tyr Ile Phe Ser Lys Met Glu Pro Val Tyr Val Leu Cys
 50 55 60
 Asp Ser Ser Asn Ile Pro Leu Phe Arg Ser Asn Trp Glu Leu Ile Ile
 65 70 75 80
 Asn Asn Ile Tyr Asp Val Val Cys Leu Ser Thr Lys Val Phe Phe Leu
 85 90 95
 Asp Asp Glu Lys Leu Met Met Glu Leu Phe Pro Glu Asp Lys Val Arg
 100 105 110
 Val Ile Tyr Lys Arg
 115

<210> 53
 <211> 509
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS

<222> (1) .. (507)

<220>

<223> unknown C2

<400> 53

```

atg aaa aat ttt agg aat ata aat att tat agt gat tat gga aag gtt      48
Met Lys Asn Phe Arg Asn Ile Asn Ile Tyr Ser Asp Tyr Gly Lys Val
   1             5             10             15

gat aag gaa att ata tta gaa ttc gaa aat gaa ttt aat ata aag ctt      96
Asp Lys Glu Ile Ile Leu Glu Phe Glu Asn Glu Phe Asn Ile Lys Leu
          20             25             30

cct tct tta tac ata gat tta att acg gcg cat aat gct ccg aag agt     144
Pro Ser Leu Tyr Ile Asp Leu Ile Thr Ala His Asn Ala Pro Lys Ser
          35             40             45

gaa gag aat tgc ttt gaa tat tac aat gag cgt aat gag ccc acg ttt     192
Glu Glu Asn Cys Phe Glu Tyr Tyr Asn Glu Arg Asn Glu Pro Thr Phe
          50             55             60

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

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

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

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

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

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

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

```

<210> 54
 <211> 169
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

<400> 54
 Met Lys Asn Phe Arg Asn Ile Asn Ile Tyr Ser Asp Tyr Gly Lys Val
 1 5 10 15
 Asp Lys Glu Ile Ile Leu Glu Phe Glu Asn Glu Phe Asn Ile Lys Leu
 20 25 30
 Pro Ser Leu Tyr Ile Asp Leu Ile Thr Ala His Asn Ala Pro Lys Ser
 35 40 45
 Glu Glu Asn Cys Phe Glu Tyr Tyr Asn Glu Arg Asn Glu Pro Thr Phe
 50 55 60
 Ser Ser Phe Gly Phe Glu Gly Phe Glu Thr Glu Arg Ser Ser Ala Ser
 65 70 75 80
 Leu Glu Asn Ile Tyr Ala Gln Tyr Ile Tyr Asp Asp Pro Ile Tyr Gly
 85 90 95
 Tyr Glu His Val Tyr Ser Phe Gly Ser Thr Gly Glu Gly His Phe Ile
 100 105 110
 Cys Phe Asp Tyr Arg Asp Asp Pro Lys Gly Asp Glu Pro Lys Ile Cys
 115 120 125
 Ile Val Ile His Asp Glu Tyr Asp Glu Lys Thr Gly Lys Met Arg Leu
 130 135 140
 Phe Pro Ile Ala Glu Asn Phe Glu Ala Phe Leu Asp Ser Leu Lys Ser
 145 150 155 160
 Phe Asp Glu Met Ile Glu Lys Tyr Ser
 165

<210> 55
 <211> 443
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

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

<220>
 <223> unknown C3

<400> 55

atg ata aaa tat tta gag gga aat att aac tcg ttt ata tcg gca tta 48
Met Ile Lys Tyr Leu Glu Gly Asn Ile Asn Ser Phe Ile Ser Ala Leu
1 5 10 15

ggt aaa aac gaa agt aat aaa gat att tta aaa tta gta gaa ata gtt 96
Gly Lys Asn Glu Ser Asn Lys Asp Ile Leu Lys Leu Val Glu Ile Val
20 25 30

tct tca gat ttt gaa gtg gat gaa cta agt cat aaa gat gaa cac gag 144
Ser Ser Asp Phe Glu Val Asp Glu Leu Ser His Lys Asp Glu His Glu
35 40 45

ata tat tat ttg ttt tat aag agg ggt gtt gaa ttt tgt ttt aaa aga 192
Ile Tyr Tyr Leu Phe Tyr Lys Arg Gly Val Glu Phe Cys Phe Lys Arg
50 55 60

ata gat gaa gag tat gtc tta tat tcg gtt ttc ttt ttc ttg gta gag 240
Ile Asp Glu Glu Tyr Val Leu Tyr Ser Val Phe Phe Phe Leu Val Glu
65 70 75 80

gtt gat aat tat ttt tca tgc cca ttt att cat gaa tta ata tgt gat 288
Val Asp Asn Tyr Phe Ser Cys Pro Phe Ile His Glu Leu Ile Cys Asp
85 90 95

ctt aaa cac gga ttc tca ata gag gat att ata agg ttt tta ggg gag 336
Leu Lys His Gly Phe Ser Ile Glu Asp Ile Ile Arg Phe Leu Gly Glu
100 105 110

cca aat ttt aaa ggt agt ggc tgg gta aga tat tct tat aat gga aga 384
Pro Asn Phe Lys Gly Ser Gly Trp Val Arg Tyr Ser Tyr Asn Gly Arg
115 120 125

aat att cat ttc gaa ttt aat gaa tct aat gaa tta tcc cag att agc 432
Asn Ile His Phe Glu Phe Asn Glu Ser Asn Glu Leu Ser Gln Ile Ser
130 135 140

att ttt att ta 443
Ile Phe Ile
145

<210> 56

<211> 147

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 56

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

Gly Lys Asn Glu Ser Asn Lys Asp Ile Leu Lys Leu Val Glu Ile Val

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

<210> 57

<211> 8498

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<223> unknown C

<400> 57

gaattcgaat taagcgagaa aattgctgaa acactagaac aaagtcaatt aaatattagt 60
 caattatcaa ttgttgaaat ttatcctttc aatgaagaac aagggatacg ttttcataat 120
 aaaagtgtgg tacaacttaa accagaagag gtggaatggt catcaatcca ttatcttttc 180
 ttgctggcg atattcagca agtcgctcat ctgcgaaag ccgcagaaat gggttgcgtg 240
 gtgattgata tgaaagggat ttgtgccagc ttgcaagacg tcctgtggt gataccggga 300
 gtaaatacagg aaaaattggt agatttacgt cagcgtaata ttgtgtcctt agccgatcca 360
 caagtgcac aacttgcatt agtcatcgcc tcgttgatgt caaatcacga aatcaaagac 420
 attgccgtaa cctcggttatt acctgcatct tataactaacg gagaaacggt aggtaaatta 480

gcgggacaaa cagcgcgatt gttaaattggc attccacttg atgaaggcga acaacgttta 540
 gcttttgatg ttttccctac gcctgcatcg catttaaata tgcaaattca caagatcttt 600
 ccacaattag ataattgtcg atttcattct atccaagtgc ctgttttcta cgggatgggg 660
 caaatggtga gcgtattatc ggattatgca ttagatcctc aatcttgctt agcgagctgg 720
 actgacaatc cgttgatgac ttatcatgca gaaaaatatt gcaccccagt gacgaatggc 780
 gaacaggaaa tggcagaaga gcaagcagca aaattacata taagtgggtt aagtgcggtg 840
 gaaaatggtc tacaattttg gtcggttgca gatgaacagc gctttaatct tgctttattg 900
 agtgttacgc ttgcagagtt aatttactcg caaggttatt aatttaaattg tgtttttgca 960
 cgatattttt atcttgaact ttgagagcgc actcgttttt gacgagtgcg tttttgttaa 1020
 aacattcggt tgaagacag tgaatgaata gcggagttat tgataagaat caatttatac 1080
 aaaagcaact gaatgttatt aatcgaggca ataaacctat tgatagtttt agttggcgcc 1140
 ataatacata aactgtactt aataatatgc aatcaatacc tagaaatatt catgacgtaa 1200
 tccaacatat cggggagggg attttaagtg atggtagaaa aaacatttag aaatctaaaa 1260
 atatatgatg attatggttc tgtctctcag gaaattattt ttaattttga aaaagagttt 1320
 gatataaaac tccctttatc ctatatctca cttgtgaaaa agtataatgg cgtttggttt 1380
 aaggaaagtg attttgaata tttatctcaa aatgggaaaa gaataataag ctcatgagtt 1440
 tttgatagtt ttgagacaaa agataatatc gaaccaatga ataatatatt aagacaatat 1500
 atttatgatg atgaaattta tggatataag aatgtttatt ctttggtta cactggaaat 1560
 ggtgactttg tctgttttga ttatcgtgat gacccaaaag gtgatgagcc caaatctgt 1620
 atcgtgattc atgatgaata tgatgaaaaa acaggcaagc gtttggttatt gcctgtggca 1680
 gaaaattttg aggcattttt agatatgctt tacgattttg atgaacgcta tccgaatggt 1740
 tatgaatagg tatttgttta aataatgtgt tgtatttttt aagcattatt tacaactaac 1800
 attttaagtg cgggtcaattt tgaaaaagtt ttgggctttg agaattgggc gcattttttt 1860
 tgaaatattc ttcaatgatg agcactaatt atggattaga taatgggaat tatcgagata 1920
 tggatggtaa taaaggatgg aggctagatt ttgatcctga gaaagtgtt catgtaaata 1980
 tttttgactt tactaaaggt aaaggactag gtaaagcagt taaaaagtca ttctttttga 2040

tagtactgaa caagagtttg aaaaatttta aagcaattaa ataaggaaga taaaatgaca 2100
 ttatttgatg aatgtaaatt agctcttaga gacgatttta atctaatttg tgatgaagag 2160
 aaggattgtg taatggataa gttttatttc tatttcttgg aaaagaaaga ggaatttaat 2220
 tttcaagatt attcatttga agaaatgtat atattttcaa aaatggaacc tgtgtatggt 2280
 ttatgtgata gctctaatat acctttgttt aggagtaatt gggaattgat tatcaataat 2340
 atatatgatg ttgtctgttt atctacaaaa gtattttttc tagatgatga aaagttaatg 2400
 atggaattat ttcctgaaga taaagtaaga gtcactata aaagataatt accccttgat 2460
 cgcgctcgtg tcagcacgag ttcgctttca ttaaagctct cgttaaagac tagcactagc 2520
 agtgagggtg atcgtaatca atttactgaa gaacagttaa ttaaaattaa taagaggctt 2580
 gataaaatag agggatttac atggcatcat aactcacaaa gtagtcccca aaatatgtag 2640
 ttaataccta caccaattca taaggctggt cagcatatag gtgaaggcgc tttaagtga 2700
 ggaaagtgat aaaatgaaaa attttaggaa tataaatatt tatagtgatt atggaaagg 2760
 tgataaggaa attatattag aattcgaaaa tgaatttaat ataaagcttc cttctttata 2820
 catagattta attacggcgc ataatgctcc gaagagtga gagaattgct ttgaatatta 2880
 caatgagcgt aatgagccca cgttttcttc ctttggattt gaagggtttg agacagagcg 2940
 gtctagcgcc tctcttgaaa atatatatgc tcagtatatt tatgatgatc caatctatgg 3000
 ttatgaacat gtgtattctt ttggtagtac tggcgaggga cattttatct gttttgatta 3060
 tcgtgatgat ccaaagggtg atgaacccaa aatctgtatc gtgattcacg atgaatatga 3120
 tgaaaaaaca gggaaaatgc gactgtttcc tatagcagag aattttgaag cgttttttaga 3180
 tagtttgaaa tcatttgatg aaatgataga gaagtattcg taatgtctcc gttcatatct 3240
 catagcgatg ctctctcccc tgattttatg gaaattttgt ttaaattagg agggcactaa 3300
 aatgaaaaaa ttttatttta tttttttatt attcctaagt ggatgttttt atcatgatgg 3360
 atgtatctat actcctcaga tggtaaattg ttttgttgat aaaggagata tatttccatc 3420
 aatatctcgg tatcaaaagc cttatagtct aggaaaaacc aattcagaac agcgttgga 3480
 ggatgttatg ttttgtggag gtaaatatgg tgattataaa ttagagaata taaaaacagt 3540
 ggaacaatcg gataaattac atcattgtat gacccaaaaa gggatatatcc atttaactcc 3600

cgcagaatgt ggataccaaa atcctaaatg ggataaaggc gtttgtaatt tataagtgtt 3660
 ttggatttta ctttacgaat tttttttgaa aaaagttacc gcaggtatgt ttttaatcaa 3720
 agcccagggtg gcgcttggtg gatgtgttat tcgcatagta gttattatgc ggaagtgccta 3780
 aatgaattca ttattaaaaa tggaattaaa gagcgtaatt agcaccgttt gcggtgagtg 3840
 atttaatttc tcctgatgtt atggaaatat tatttaagtt aggaggtgat taggatgaaa 3900
 aagttgttat tgttcagttt attattactt ttaaattgat gcctatatcc ttttgaagag 3960
 gagtgtttta gaccgttaat tcaggtgggg tcactctgctt gtcataagaa taaaggagat 4020
 atatttccat caatagcacg tttccaaaaa gtagagaaca tcggaaaaac tgatgccaaag 4080
 caacgttga aagatgcggt tgattgtgga agtaagtatg gcgatgaaga tttaatatat 4140
 ataaatgata ataatttata tagcattttt cactcctgta tggttaaaaa aggatataaa 4200
 aagtttcatc ccgcagaatg tggataccaa aatcctaaat gggataaggg tatttgtaat 4260
 ttataagtgt tttgaatttt actttacaaa ctttttttga aaaatgttac cgctgggatg 4320
 tctgttttta gggataaaga ttcgttcatt ttctttaaat ttaggcacgg tataaaagag 4380
 cttgattatc aaataataat atcgtgttcg tgtccacacg agtaggggtt gattaaagta 4440
 ctctcaaaa gcgagtgccta gctgtggggg aaacggtggg aaagaaagta aagagtatat 4500
 aaaccaattg accgcataac gtgcggtcaa tttctaagat ttatgagttc cagaaaaata 4560
 gaccgaaaag tgcggtaaag gggtaacgaa acacaaaaaa taaaaatatg acagcaagct 4620
 gtgtcattaa accccagaaa aaaacttgac cgattgttgc actgctgaaa atggcaaaaa 4680
 gtaagccgat ttcatagggt agcattgcaa taaaccagat taatccactt ggatgatcac 4740
 ttttcattac ggactcctta tttatggctg ataacttaac acttgatttg aaaattaaag 4800
 cagatttaaa caatgcgttg agcgatttta aagcgcttaa aacggaattg caacgcgcag 4860
 gcgtggagtc tatcagtaag taactcgcca gtttttgcaa tcatttatca tattcacaaa 4920
 gccgtaatgc atattggaga aggttaagtg taagtgaagg aagataaaat gaaatttaga 4980
 ctttttgga tttattatga ttatggcgta gtttcccaag agattatttt agattttgag 5040
 gaaacgtttg gtattaaatt accaaaattg tatattgagt tgatcacaaa acataattcc 5100
 ccaagattga atagagatca tttcaattat tatgatttct ctacgagtga ggaagaagga 5160

acggaattta tattcaaagg atttgaaaca gaaagtaata ggcattgcgc gccagaaaat 5220
 atttatgcac aatatcttta tgatgatgaa atatatgggt atgaacatgt gtattctttt 5280
 ggcagtaccg ctagtgggtga ctttgtctgt tttgattacc gagataatcc gaaaggcagt 5340
 gaacctaaaa tttgtcttgt gattcatgat gaatatgatg aagaaacagg caagcattta 5400
 ttgtttcctg tggcagaaaa ttttgaggta tttttagata tgctttacga ttttgatgaa 5460
 cgctatccga atggttatga ataggatatt aaataatgta ttgtattttt taagcgttat 5520
 ttaataacgt ttttaagtgc gtcaatttca aaaaagtttt gctttgagga attgaccgtt 5580
 tttgtatcat ggatatgatg tgagcaattg atatcctgtt tgtgttaact ggcattgtgt 5640
 aaagcattcg tcaaagacga gctctagtgg tgagggacta atcatgaatg aactattgga 5700
 cttttataga aatataactt tttttgaaga atatgatgaa aactcattca taggaagatg 5760
 gcttgattac tcggaatgga atgataaaga atattggaaa ttagagaaag atttactgaa 5820
 aattgctcaa atgtatagaa ctactaatga agtttttcca gatattttta taggggttat 5880
 gcgtatcatt gaattattaa tgatacctaa ctggaatagt tttataatat ctaattcaga 5940
 aagtgttgat atttatgata gatatgaacg atttaaatat ataatttcaa tacttttcaa 6000
 taataaagat gttagactag atggcttttc atatacagaa aagaatgatg atgtatttta 6060
 taatgaatag aaaaattaaa agtaagctaa tttgtagaaa taataaaagt ctcgcttgta 6120
 ttttttcttt gagatcgtgc ttgagtccac acgagtgcta gctgtaggca gagtgtcttg 6180
 gtgattataa aaagttaagg atagtattgt tgatatgaaa gaaaagacta aatattcaat 6240
 ggggaatcaa agtgataaaa aataaatttt atatttcttg gttaggattt tcaatatcat 6300
 tatatgtttt gcttttatgt agagatttgt tttattctct ttatatgttt tttattatga 6360
 tgtatttgtc ttaaaatttt cttttaagga ggcgtttttt actatcttta tttttattgt 6420
 gctatgtttc attattcatt attcattatt cattattcat tattcattat tcattatttt 6480
 atatataaat atggtaaaaag gtctgaatgc caaaaaaga aaccattaag tgaaaatgta 6540
 acatacaata aaaggtagta ggaataaata aaatattagg aataacagaa tgataaaata 6600
 tttagaggga aatattaact cgtttatatc ggcattaggt aaaaacgaaa gtaataaaga 6660
 tattttaaaa ttagtagaaa tagtttcttc agattttgaa gtggatgaac taagtcataa 6720

agatgaacac gagatatatt atttgtttta taagaggggt gttgaatttt gttttaaaag 6780
 aatagatgaa gagtatgtct tatattcggg tttctttttc ttggtagagg ttgataatta 6840
 tttttcatgc ccattttattc atgaattaat atgtgatctt aaacacggat tctcaataga 6900
 ggatattata aggttttttag gggagccaaa ttttaaaggt agtggctggg taagatattc 6960
 ttataatgga agaaatattc atttcgaatt taatgaatct aatgaattat cccagattag 7020
 catttttatt taataattta ggattgggaa cgctctcgtg ttcacacaag tgcggtttga 7080
 ttaaagcact tgtcaaaggc gagatccagc tgtgggagat ttgatagaga aatggctctc 7140
 aggattgacg ttagtagagg gagcataaat caagaaaaaa catttaaaat aggaacatta 7200
 ggtggtgagt aatggaaatc actcgtttta aaatcctact tattgccttg attatattag 7260
 gtaatgggta tgtgtttctt ggtggaccag ctaaaaaaca attcgctata gaagcagaaa 7320
 caaggcggat ttatcgtact ttaacgaaag aaattatttt tatgaatgga gaatataaac 7380
 aatttgagg gcgagttatt caaggattta ctttagtcat ttctttttct cattcaagta 7440
 cagaaaaccg cattaagatt ttagaaaaaa ttaaagagat gggatttgat tcaaaaaata 7500
 aaacatcaaa accgagtctt catctttttt gtcaaggaga aagtggtttt ttgatcgcag 7560
 aaaaacctga atttagaata gattatgaga aaaagatgac ttattgtttg gagtagcaaa 7620
 ggaaggcaat gataagtgtg ttttctaatac agatttaatt taagtattaa agtgcggtca 7680
 attttgaaaa cgttttactt tgaaaaattg accgtttttt tacatgagag agtgaaagta 7740
 caccacctta ggcaatgtgg ttgtggataa ggtgattaag gaatacccaa atgggggtta 7800
 tgaagcgagg gtgctgatcc ctaaccgaa agcgaaaacc gatcctgatg cgccgaaatt 7860
 tttggagaaa aggggaaatg aaggtgtatc cacaatgttt ccaagaacat ggacagagga 7920
 taggttgaaa gtggagttag agcatgcgtt taataataga gtaccaatgg aaaagtttga 7980
 aaataaatgg gaaggtataa caaaatcagg cgtgaaagta gaatgggttc tggatagaaa 8040
 tggtaaagtg ttgactctat tttgttaatt ttctgtgtct ttttgtaaaa aataagttgt 8100
 tgaaataaca tttttctcta taatcaaatac ttaatgataa ttaatatcat taaataagaa 8160
 tggatactta gatgaggatt atatgaaaga tttatcaaaa atgacctgcc ttgaagactt 8220
 acgccgtgtt gcgcaacgta aagtgccaaa aatgttttat gactatgtag tttcaggatc 8280

ttggagcgaa agcacattgc atgccaaccg taatgatttt caagcaatta agctacgtcg 8340
acctgtggcg attttgccca tttctgcatt cagctctgca attcgtcgct tgtgctgttc 8400
tggtgcgcgc gcaagctctc ttgtcgactt gccttttcta attgggcttg ttgctcccaa 8460
taacgtgagg tcgccacatc cactttacgt agtggtga 8498

<210> 58

<211> 5798

<212> DNA

<213> *Pasteurella multocida*

<220>

<221> CDS

<222> (2686) .. (4446)

<220>

<223> unknown D1

<400> 58

gtcgacaaga ataaaacgaa acagcaaata gaattagaat tactacttat taacaataat 60
ccttttttaa agattctagc tgttttagat aaaaatatac gtgtgaagct tttggtcaca 120
ttattattat caggcctata ttatttatat gcagtaaaaa acgattcaaa ttttgtcata 180
ggtttatcta ttatttttagt ttttattatt gtcattccag ggattttgac aaatgctatt 240
ttgaaagcta aggtgaaaaa aatcatggta gatttaccag gttttattga cttagttgca 300
gtaaatgttc aaacagggat tagtattgat gcggctttta aacaagtggc aatcgatttt 360
aagaaactta atccagatct tacttatgtg atgttaagga ttattagaaa atctgaactt 420
acgggattat cacaagcgtt acaggatctt tcgatctcat tgccaacaac agaaataaga 480
atgttttgta ctgttttaca acagagttta aattttgggtt cttcaattta ttctcactta 540
attcagttgt ctgcagatat caggagata caattattaa tcattgagga aaagttaggt 600
acattatcag ctaaaatgag tatcccattg attttgttta ttatgttccc aataatcatt 660
ttaattctag caccaggtat aatgagggtta tttccaaatg ttttttaaatt ttaccaagaa 720
aatcgttttt gttagtttag ctttatctgt cgttggttgt tctaccatt ctcagcaagg 780
catgacacag aaaagtatgt catctgaaac aataacggca aaagagactt tatatgaaag 840
tacgcaaaat tattcggcac tcatttcact gtatcgcgat gtgttgaaag ccaaagaaga 900

tccttcaata cgctataaat tagcgaagac atactatcag cgaggtgaca gcaaattcttc 960

tttactttat ttaacgccat tactgaatga taatacgaag cttgctacac aagcgaaaat 1020

attacagata aaaaatctaa ttcaattaaa taattttcaa gaagcaattt ctgtcgcaaa 1080

tgaactctta ttaaaatcac ctaatgaagg agaagtatat aatttaagag gtatcgctta 1140

tgcgcaaaat gggaatttgg tgaatgcccg aaatgatatc aataaagcaa gagagtcttt 1200

tattaatgat aatgttgcta ttaataattt agccatgcta aatattatta atggcgattt 1260

taataatgct gtttctttac tggtgccaca atatttaaatt ggcgttaaga attctcgatt 1320

gattcataat cttgtttttg ctttagttaa aaatggtgat cttgattatg caaaagatat 1380

cattgttaaa gagcgtttta atacttcacc agatgattta attaatgcat tgaaaaaac 1440

tacacatgta tcaaaggtg taactcggtta acactaagga ttgatatga aaaagtttct 1500

atcaaataa aaaggaacct cgtcaattga atttgctttg acgatagcgt tctatttatt 1560

tgttgtgatg tttatttttg aattttgtcg attagcgggt gcgacagctt attgggattt 1620

agctataacg gaaagtgtca gaattgcgaa gaatgaacaa gcaatttctg gaaattatga 1680

agaagcattt aggaaagctc ttacaaagca aaaaaattc catgatgaat cgacaattgg 1740

atatttggcg ttgttagaag ataataaatt tgatgtaaaa gtccaatatg tggattgtga 1800

taaagaaacg gaatgtatta aaaatcttct gcttaataaa tttcgccaac cacaaaaaaa 1860

tcataaagga gagttaatct ctctacggg gagtcgcgcg actttagcac aatattcttt 1920

aacttataaa tataagttta tgggtgccgtt agtatttatt cctgagtctt ggtctcaagt 1980

agtgtgaac cgtgaatttg ttgtgtgaca ggaatttgag cgttctcaat ttatgttagg 2040

agcaaaacca agttctcttg ggacgaatcc atagaaaatt tactcattat ttcgagctat 2100

atatgaaaga gtcaggttta gttaaattca agcatttttg gaaaaataaa aagggcgag 2160

tgacgataga gttccttttt atgtcaatgt ttctgattgt gctatttgca tttctcttcg 2220

atttagtaat gttacgttct acattaggca agttagataa tgctcatat acattagtta 2280

gtattctccg tgaacgtaca cagttgtacg atagagttgc acaaattaat attgatgatc 2340

ataagcaatt tgaaaagctt gctaagaaac tgatttatgg tgatcagaat agtaataaaa 2400

ggatcgatgt tgtttttagaa tattgggcac aagacgggtc tggacggagg attccaaata 2460

tcattggcga ttgtacgcct tacaaaaaac tttctgattt atcctattta tctcctcgct 2520

cagaactcaa taatgaaaga aaaataccgc tttatcaaat tactctttgt gttgaaactc 2580

agggcttggt tgaacaata ttactggata agtctgagcg ttcaacgggg ctgattagat 2640

catcgtcaat gtcagtatca cgataaatta tcgttaggga acttt atg aaa aaa ctt 2697
Met Lys Lys Leu
1

tat tta att cgt tct tgc tat gat tca gtc aga aaa ttt tat gag aat 2745
Tyr Leu Ile Arg Ser Cys Tyr Asp Ser Val Arg Lys Phe Tyr Glu Asn
5 10 15 20

gag cta ggt gtt tat aca gta atg act gca tta cta gca ttt cca tta 2793
Glu Leu Gly Val Tyr Thr Val Met Thr Ala Leu Leu Ala Phe Pro Leu
25 30 35

tta gtt ttg att gga ttt acg gtt gat gga act ggg gtt gtg ctt gat 2841
Leu Val Leu Ile Gly Phe Thr Val Asp Gly Thr Gly Val Val Leu Asp
40 45 50

aaa gca cgt tta gct caa gga atg gat caa gct gct tta gct ttg gtt 2889
Lys Ala Arg Leu Ala Gln Gly Met Asp Gln Ala Ala Leu Ala Leu Val
55 60 65

gct gaa aac aat gac tac cga gaa aat aaa aaa cat ggt gat gtt aat 2937
Ala Glu Asn Asn Asp Tyr Arg Glu Asn Lys Lys His Gly Asp Val Asn
70 75 80

cgg caa gta gta tcg cct caa gac aaa gca aaa ttt ggt ggt aat gaa 2985
Arg Gln Val Val Ser Pro Gln Asp Lys Ala Lys Phe Gly Gly Asn Glu
85 90 95 100

ttt atg gcg aaa caa gaa aag cgt aat caa gag ctt atc cag ggt att 3033
Phe Met Ala Lys Gln Glu Lys Arg Asn Gln Glu Leu Ile Gln Gly Ile
105 110 115

gcc aaa ctt tat tta cgt tca gaa aat gcg aat gct tca tct gat gca 3081
Ala Lys Leu Tyr Leu Arg Ser Glu Asn Ala Asn Ala Ser Ser Asp Ala
120 125 130

cca atc act att gat aaa cct ttt cat tat tca tgt gag gag tta gat 3129
Pro Ile Thr Ile Asp Lys Pro Phe His Tyr Ser Cys Glu Glu Leu Asp
135 140 145

tta cct aca gct aat gag tat gca cgt cgt aaa cct att gtt tgt gaa 3177
Leu Pro Thr Ala Asn Glu Tyr Ala Arg Arg Lys Pro Ile Val Cys Glu
150 155 160

gtg caa ggt ggc gtc aat cgt aaa ttt tgg ctt cct gtc agt gaa tcg 3225
Val Gln Gly Gly Val Asn Arg Lys Phe Trp Leu Pro Val Ser Glu Ser

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

375	380	385	
acg att gac caa att tcc cag ttt gat ggt tca aac aga cgt tat gat			3897
Thr Ile Asp Gln Ile Ser Gln Phe Asp Gly Ser Asn Arg Arg Tyr Asp			
390	395	400	
atg gtg ttt act gat gaa gaa cgg tgt ctt ggc gga aat att ggt aga			3945
Met Val Phe Thr Asp Glu Glu Arg Cys Leu Gly Gly Asn Ile Gly Arg			
405	410	415	420
aga aca act cga gct tgg ttt gat caa aaa aat aaa gat att aca aga			3993
Arg Thr Thr Arg Ala Trp Phe Asp Gln Lys Asn Lys Asp Ile Thr Arg			
425	430	435	
gag ttg aat att gtt cgt cct tct ggt tgg act tct gca tct tcg ggg			4041
Glu Leu Asn Ile Val Arg Pro Ser Gly Trp Thr Ser Ala Ser Ser Gly			
440	445	450	
ctt ctt gtt gga gct aat atc atg atg gac gag aat aag aat cct gat			4089
Leu Leu Val Gly Ala Asn Ile Met Met Asp Glu Asn Lys Asn Pro Asp			
455	460	465	
gcg caa cct tcg aaa ctc ggg aca aat att caa cgt gtt atc tta gta			4137
Ala Gln Pro Ser Lys Leu Gly Thr Asn Ile Gln Arg Val Ile Leu Val			
470	475	480	
tta tct gat ggt gaa gat aac tgg cca act tat agt aca tta acg act			4185
Leu Ser Asp Gly Glu Asp Asn Trp Pro Thr Tyr Ser Thr Leu Thr Thr			
485	490	495	500
ctt tta aac aat ggt atg tgt gac aaa att cga gaa caa ttg ggc aag			4233
Leu Leu Asn Asn Gly Met Cys Asp Lys Ile Arg Glu Gln Leu Gly Lys			
505	510	515	
tta caa gat cca aat tta cga gag tta cca gga aga att gcg ttt gtt			4281
Leu Gln Asp Pro Asn Leu Arg Glu Leu Pro Gly Arg Ile Ala Phe Val			
520	525	530	
gcg ttt ggc tat agt cca cca gca aac caa gtt gcc gct tgg aaa aaa			4329
Ala Phe Gly Tyr Ser Pro Pro Ala Asn Gln Val Ala Ala Trp Lys Lys			
535	540	545	
tgt gta ggt gat caa tat tat acg gct tat tcg aaa gaa gag ttg tta			4377
Cys Val Gly Asp Gln Tyr Tyr Thr Ala Tyr Ser Lys Glu Glu Leu Leu			
550	555	560	
gat agt ttc aaa caa att att gga ttt gaa gaa gag gtg ggg cgt tct			4425
Asp Ser Phe Lys Gln Ile Ile Gly Phe Glu Glu Glu Val Gly Arg Ser			
565	570	575	580
tca tct cat aaa ccg aaa ttt taagattgtc caaggataac gctaaaaaat			4476
Ser Ser His Lys Pro Lys Phe			

585

ctcttagcac aggctaagag atttttttat gtgtttttca aattttatct actggtgatt 4536
 ttaattcatt acataacata actttttcgt gaataatata gaatagacaa caataagaat 4596
 taaaacgctc aaggcataga ggcttagtcg aacaaactaa gctattttgc gcgattgatt 4656
 gggatataga tgttattttca aataagcaat aaccatggta ctgagaaaaga agatgagtgc 4716
 cgtaataaag tagaagcgat ttttcttttg gctgaaaggt ggtgttagcc tttttcggct 4776
 aaagaaaata gtagcaacgg caatataaag ggcgataaag agcattttgt aaatgaacca 4836
 tgttgttaca ttttgctgaa aaagaagaaa tagcccaatt cccgaacaga acaacagcgt 4896
 atcacttaag tgcggttaaga tttttaatac ttttctgtct cgccaatttt tgccgtgtaa 4956
 ttgcatcatg ccacggataa taaatagact gaggctgaga aaggcacagg caatgtgtag 5016
 ataaataaga taatatgcc aatgtttttt tcctaagata aagaaagcag tagcgaggct 5076
 actgctttta aataatatcg tatttagtga atgaatttaa ctttctgcgc tttcgaccgc 5136
 actttcgtc gcatcactct caatgtcttc ttcacgaca tcacaaacga gttgtaatcc 5196
 aaccagtgtt tcaactttcac ttgttcggat gagacgtact ccttgtgtat ttcgaccgat 5256
 aatattgatt tcgtttacgc gagtacgtac tagcgtaccg gcatcagtaa tgagcataat 5316
 ttgatcgctt tcctcaactt gtgttgctgc aacgacttta ccgttacgct cactcacttt 5376
 aatcgagatc acgccttttg tggtacgtga tttagttggg tattccgcta attcagtacg 5436
 ttaccataa ccgttttggtg tggcgggttaa aatggcgcct tcattttttg gaataacaag 5496
 tgacacgact ttatcaatat tgagatccaa ggcatcatta gtattctcat cagagatctc 5556
 ttccatatcg accgcacttt catcatccga caaatcattc gttaacgcca gtttaatacc 5616
 gcgtacacct gttgctgcac gcccacatggc acgcacagca ttttcactaa agcgaactac 5676
 acgtccttgt gcggagaaga gcatgatttc attttgacca tcggtgatat ccacaccgat 5736
 aagttcgtct tcatcacgca agttgagtgc aataatgcct gttgaacgag gacgactgaa 5796
 tt 5798

<210> 59
 <211> 587
 <212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 59

```

Met Lys Lys Leu Tyr Leu Ile Arg Ser Cys Tyr Asp Ser Val Arg Lys
  1              5              10              15

Phe Tyr Glu Asn Glu Leu Gly Val Tyr Thr Val Met Thr Ala Leu Leu
      20              25              30

Ala Phe Pro Leu Leu Val Leu Ile Gly Phe Thr Val Asp Gly Thr Gly
      35              40              45

Val Val Leu Asp Lys Ala Arg Leu Ala Gln Gly Met Asp Gln Ala Ala
      50              55              60

Leu Ala Leu Val Ala Glu Asn Asn Asp Tyr Arg Glu Asn Lys Lys His
      65              70              75              80

Gly Asp Val Asn Arg Gln Val Val Ser Pro Gln Asp Lys Ala Lys Phe
      85              90              95

Gly Gly Asn Glu Phe Met Ala Lys Gln Glu Lys Arg Asn Gln Glu Leu
      100             105             110

Ile Gln Gly Ile Ala Lys Leu Tyr Leu Arg Ser Glu Asn Ala Asn Ala
      115             120             125

Ser Ser Asp Ala Pro Ile Thr Ile Asp Lys Pro Phe His Tyr Ser Cys
      130             135             140

Glu Glu Leu Asp Leu Pro Thr Ala Asn Glu Tyr Ala Arg Arg Lys Pro
      145             150             155             160

Ile Val Cys Glu Val Gln Gly Gly Val Asn Arg Lys Phe Trp Leu Pro
      165             170             175

Val Ser Glu Ser Leu Val Ser Glu Asp Lys Leu Lys Lys Asp Arg Val
      180             185             190

Arg Leu Glu Ser Asp Thr Ser Tyr Ala Ile Lys Glu Lys Gly Ile Val
      195             200             205

Ile Pro Val Glu Leu Met Leu Val Ser Asp Tyr Ser Gly Ser Met Asn
      210             215             220

Ser His Leu Gln Asp Lys Asn Gly Arg Ser Leu Gly Lys Ala Lys Ile
      225             230             235             240

Thr Ile Leu Arg Glu Val Val Ser Glu Ile Ser Lys Ile Leu Leu Pro
      245             250             255

Glu Asp Val Ser Glu Gly Val Ser Pro Phe Asn Arg Ile Gly Phe Thr

```

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

Ala Trp Lys Lys Cys Val Gly Asp Gln Tyr Tyr Thr Ala Tyr Ser Lys
545 550 555 560

Glu Glu Leu Leu Asp Ser Phe Lys Gln Ile Ile Gly Phe Glu Glu Glu
565 570 575

Val Gly Arg Ser Ser Ser His Lys Pro Lys Phe
580 585

<210> 60

<211> 5798

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (698) .. (1468)

<220>

<223> unknown D2

<400> 60

gtcgcacaaga ataaaaacgaa acagcaaata gaattagaat tactacttat taacaataat 60
ccttttttaa agattctagc tgtttttagat aaaaatatac gtgtgaagct tttggtcaca 120
ttattattat caggcctata ttatttatat gcagtaaaaa acgattcaaa ttttgtcata 180
ggtttatcta ttatttttagt ttttattatt gtcattccag ggattttgac aaatgctatt 240
ttgaaagcta aggtgaaaaa aatcatggta gatttaccag gttttattga cttagttgca 300
gtaaatgttc aaacagggat tagtattgat gcggccttaa aacaagtggc aatcgatttt 360
aagaaactta atccagatct tacttatgtg atgttaagga ttattagaaa atctgaactt 420
acgggattat cacaagcgtt acaggatctt tcgatctcat tgccaacaac agaaataaga 480
atgttttgta ctgttttaca acagagttta aattttgggtt cttcaattta ttctcactta 540
attcagttgt ctgcagatat caggagata caattattaa tcattgagga aaagttaggt 600
acattatcag ctaaaatgag tatcccattg attttgttta ttatgttccc aataatcatt 660
ttaattctag caccaggtat aatgagggta tttccaa atg ttt ttt aaa ttt acc 715
Met Phe Phe Lys Phe Thr
1 5
aag aaa atc gtt ttt gtt agt tta gct tta tct gtc gtt ggt tgt tct 763
Lys Lys Ile Val Phe Val Ser Leu Ala Leu Ser Val Val Gly Cys Ser

10	15	20	
acc cat tct cag caa ggc atg aca cag aaa agt atg tca tct gaa aca			811
Thr His Ser Gln Gln Gly Met Thr Gln Lys Ser Met Ser Ser Glu Thr			
25	30	35	
ata acg gca aaa gag act tta tat gaa agt acg caa aat tat tcg gca			859
Ile Thr Ala Lys Glu Thr Leu Tyr Glu Ser Thr Gln Asn Tyr Ser Ala			
40	45	50	
ctc att tca ctg tat cgc gat gtg ttg aaa gcc aaa gaa gat cct tca			907
Leu Ile Ser Leu Tyr Arg Asp Val Leu Lys Ala Lys Glu Asp Pro Ser			
55	60	65	70
ata cgc tat aaa tta gcg aag aca tac tat cag cga ggt gac agc aaa			955
Ile Arg Tyr Lys Leu Ala Lys Thr Tyr Tyr Gln Arg Gly Asp Ser Lys			
75	80	85	
tct tct tta ctt tat tta acg cca tta ctg aat gat aat acg aag ctt			1003
Ser Ser Leu Leu Tyr Leu Thr Pro Leu Leu Asn Asp Asn Thr Lys Leu			
90	95	100	
gct aca caa gcg aaa ata tta cag ata aaa aat cta att caa tta aat			1051
Ala Thr Gln Ala Lys Ile Leu Gln Ile Lys Asn Leu Ile Gln Leu Asn			
105	110	115	
aat ttc caa gaa gca att tct gtc gca aat gaa ctc tta tta aaa tca			1099
Asn Phe Gln Glu Ala Ile Ser Val Ala Asn Glu Leu Leu Leu Lys Ser			
120	125	130	
cct aat gaa gga gaa gta tat aat tta aga ggt atc gct tat gcg caa			1147
Pro Asn Glu Gly Glu Val Tyr Asn Leu Arg Gly Ile Ala Tyr Ala Gln			
135	140	145	150
aat ggg aat ttg gtg aat gcc cga aat gat atc aat aaa gca aga gag			1195
Asn Gly Asn Leu Val Asn Ala Arg Asn Asp Ile Asn Lys Ala Arg Glu			
155	160	165	
ttc ttt att aat gat aat gtt gct att aat aat tta gcc atg cta aat			1243
Phe Phe Ile Asn Asp Asn Val Ala Ile Asn Asn Leu Ala Met Leu Asn			
170	175	180	
att att aat ggc gat ttt aat aat gct gtt tct tta ctg ttg cca caa			1291
Ile Ile Asn Gly Asp Phe Asn Asn Ala Val Ser Leu Leu Leu Pro Gln			
185	190	195	
tat tta aat ggc gtt aag aat tct cga ttg att cat aat ctt gtt ttt			1339
Tyr Leu Asn Gly Val Lys Asn Ser Arg Leu Ile His Asn Leu Val Phe			
200	205	210	

gct tta gtt aaa aat ggt gat ctt gat tat gca aaa gat atc att gtt 1387
Ala Leu Val Lys Asn Gly Asp Leu Asp Tyr Ala Lys Asp Ile Ile Val
215 220 225 230

aaa gag cgt tta aat act tca cca gat gat tta att aat gca ttg aaa 1435
Lys Glu Arg Leu Asn Thr Ser Pro Asp Asp Leu Ile Asn Ala Leu Lys
235 240 245

aaa act aca cat gta tca aaa ggt gta act cgg taacactaag gatttgatat 1488
Lys Thr Thr His Val Ser Lys Gly Val Thr Arg
250 255

gaaaaagttt ctatcaaata taaaaggaac ctcgtaatt gaatttgctt tgacgatagc 1548

gttctattta tttgttggtga tgtttatattt tgaattttgt cgattagcgg ttgacgacagc 1608

ttattgggat ttagctataa cggaaagtgt cagaattgag aagaatgaac aagcaatttc 1668

tggaaattat gaagaagcat ttaggaaagc tcttacaag caaaaaaat tccatgatga 1728

atcgacaatt ggatatttgg cgttggttaga agataataaa tttgatgtaa aagtccaata 1788

tgtggattgt gataaagaaa cggaatgtat taaaaatctt ctgcttaata aatttcgcca 1848

accacaaaaa aatcataaag gagagttaat ctctcctacg gggagtcgag cgacttttagc 1908

acaatattct ttaacttata aatataagtt tatggtgccc ttagtattta ttcttgagtc 1968

ttggtctcaa gtagtgctga accgtgaatt tgttggtgta caggaatttg agcgttctca 2028

atttatgta ggagcaaac caagtctctt tgggacgaat ccatagaaaa ttactcatt 2088

atttcgagct atatatgaaa gagtcagggt tagttaaatt caagcatttt tggaaaaata 2148

aaaagggcgc agtgacgata gagttccttt ttatgtcaat gtttctgatt gtgctatttg 2208

catttctctt cgatttagta atgttacgtt ctacattagg caagttagat aatgcctcat 2268

atacattagt tagtattctc cgtgaacgta cacagttgta cgatagagtt gcacaaatta 2328

atattgatga tcataagcaa tttgaaaagc ttgctaagaa actgatttat ggtgatcaga 2388

atagtaataa aaggatcgat gttgttttag aatattgggc acaagacggt tctggacgga 2448

ggattccaaa tatcattggc gattgtacgc ottacaaaaa actttctgat ttatcctatt 2508

tatctcctcg ctcaagaactc aataatgaaa gaaaaatacc gctttatcaa attactcttt 2568

gtgttgaaac tcagggcttg tttgaaacaa tattactgga taagtctgag cgttcaacgg 2628

ggctgattag atcatcgtca atgtcagtat cacgataaat tatcgttagg gaactttatg 2688

aaaaaacttt atttaattcg ttcttgctat gattcagtca gaaaatttta tgagaatgag 2748
 ctaggtggtt atacagtaat gactgcatta ctagcatttc cattattagt tttgattgga 2808
 ttacggttg atggaactgg ggttggtgctt gataaagcac gtttagctca aggaatggat 2868
 caagctgctt tagcttttgg tgctgaaaac aatgactacc gagaaaataa aaaacatggg 2928
 gatgttaatc ggcaagtagt atcgctcaa gacaaagcaa aatttggtgg taatgaattt 2988
 atggcgaaac aagaaaagcg taatcaagag cttatccagg gtattgcaa actttattta 3048
 cggtcagaaa atgcgaatgc ttcatctgat gcaccaatca ctattgataa accttttcat 3108
 tattcatgtg aggagttaga ttacctaca gctaattgagt atgcacgtcg taaacctatt 3168
 gtttggaag tgcaagggtg cgtcaatcgt aaattttggc ttctgtcag tgaatcggtt 3228
 gttagtgaag ataaactgaa aaaagatcga gtttagactgg aatccgatac cagttatgcg 3288
 attaaagaaa aaggcatcgt gattcctgtg gagctaattgc ttgtttcgga ttattctggg 3348
 tcgatgaata gtcatttaca ggataaaaac ggtagatctc taggaaaagc taaaattact 3408
 attttaagag aagtgggttag tgaaatttcg aaaattttat tgccagaaga tgttagcgaa 3468
 ggtgtgagcc ctttcaaccg tattggcttt acgacttttt ctggcggtgt tagacaacgg 3528
 gatgtcactg aaggctgtgt gcttccatat gaaggaaaaa tatcacaac ttctcgaaaa 3588
 ttaactattc gttattggat tacgggtaat aatacacctt ggaaatttaa tgctgggaga 3648
 tgggagagaa gtacagtgtc ttccaggag cattataaag gctattatga caaattccat 3708
 tcttcaactt gtagaggctc agggagctct agaacttgct aaattgatgc aaatcctaag 3768
 aaaattatgg attatgcact aaaaattaat gactggacga caattagaga attatttaat 3828
 acttatatag atgtaagtgg gacgattgac caaatttccc agtttgatgg ttcaaacaga 3888
 cggtatgata tgggtgtttac tgatgaagaa cgggtgtcttg gcggaaatat tggtagaaga 3948
 acaactcgag cttgggttga tcaaaaaaat aaagatatta caagagagtt gaatattggt 4008
 cgtccttctg gttggacttc tgcatcttcg gggcttcttg ttggagctaa tatcatgatg 4068
 gacgagaata agaatcctga tgcgcaacct tcgaaactcg ggacaaatat tcaacgtggt 4128
 atcttagtat tatctgatgg tgaagataac tggccaactt atagtacatt aacgactctt 4188
 ttaaacaatg gtatgtgtga caaaattcga gaacaattgg gcaagttaca agatccaaat 4248

ttacgagagt taccaggaag aattgcgttt gttgcgtttg gctatagtcc accagcaaac 4308
 caagttgccg cttggaaaaa atgtgtaggt gatcaatatt atacggctta ttcgaaagaa 4368
 gagttgttag atagtttcaa acaaattatt ggatttgaag aagagggtggg gcgttcttca 4428
 tctcataaac cgaaatttta agattgtcca aggataacgc taaaaaatct cttagcacag 4488
 gctaagagat ttttttatgt gtttttcaaa ttttatctac tgggtgatttt aattcattac 4548
 ataacataac tttttcgtga ataatacaga atagacaaca ataagaatta aaacgctcaa 4608
 ggcatagagg cttagtcgaa caaactaagc tattttgcmc gattgattgg gatatagatg 4668
 ttatttcaaa taagcaataa ccatgggtact gagaaagaag atgagtgccg taataaagta 4728
 gaagcgattt ttcttttggc tgaaagggtg tgtttagcctt tttcggctaa agaaaatagt 4788
 agcaacggca atataaaggg cgataaagag cattttgtaa atgaaccatg ttgttacatt 4848
 ttgctgaaaa agaagaaata gcccaattcc cgaacagaac aacagcgtat cacttaagtg 4908
 cggtaaagatt ttttaactt ttctgtctcg ccaatttttg cctgttaatt gcatcatgcc 4968
 acggataata aatagactga ggctgagaaa ggcacaggca atgtgtagat aaataagata 5028
 atatgccatc gatTTTTTTC ctaagataaa gaaagcagta gcgaggctac tgctttaaaa 5088
 taatatcgta tttagtgaat gaatttaact ttctgcgctt tcgaccgcac tttcgctcgc 5148
 atcactctca atgtcttctt catcgacatc acaaacgagt tgtaatccaa ccagtgtttc 5208
 actttcactt gttcggatga gacgtactcc ttgtgtatTT cgaccgataa tattgatttc 5268
 gtttacgcga gtacgtacta gcgtaccggc atcagtaatg agcataatTT gatcgctttc 5328
 ctcaacttgt gttgctgcaa cgactttacc gttacgctca ctacttttaa tcgagatcac 5388
 gcctttggtg ttacgtgatt tagttgggta ttccgctaatt tcagtacgtt taccataacc 5448
 gttttgtgtg gcggttaaaa tggcgccttc atTTTTTgga ataacaagtg acacgacttt 5508
 atcaatattg agatccaagg catcattagt attctcatca gagatctctt ccatatcgac 5568
 cgacttttca tcatccgaca aatcattcgt taacgccagt ttaataccgc gtacacctgt 5628
 tgctgcacgc cccatggcac gcacagcatt ttcactaaag cgaactacac gtccttgtgc 5688
 ggagaagagc atgatttcat tttgaccatc ggtgatatcc acaccgataa gttcgtcttc 5748
 atcacgcaag ttgagtgcaa taatgcctgt tgaacgagga cgactgaatt 5798

<210> 61

<211> 257

<212> PRT

<213> *Pasteurella multocida*

<400> 61

Met Phe Phe Lys Phe Thr Lys Lys Ile Val Phe Val Ser Leu Ala Leu
1 5 10 15

Ser Val Val Gly Cys Ser Thr His Ser Gln Gln Gly Met Thr Gln Lys
20 25 30

Ser Met Ser Ser Glu Thr Ile Thr Ala Lys Glu Thr Leu Tyr Glu Ser
35 40 45

Thr Gln Asn Tyr Ser Ala Leu Ile Ser Leu Tyr Arg Asp Val Leu Lys
50 55 60

Ala Lys Glu Asp Pro Ser Ile Arg Tyr Lys Leu Ala Lys Thr Tyr Tyr
65 70 75 80

Gln Arg Gly Asp Ser Lys Ser Ser Leu Leu Tyr Leu Thr Pro Leu Leu
85 90 95

Asn Asp Asn Thr Lys Leu Ala Thr Gln Ala Lys Ile Leu Gln Ile Lys
100 105 110

Asn Leu Ile Gln Leu Asn Asn Phe Gln Glu Ala Ile Ser Val Ala Asn
115 120 125

Glu Leu Leu Leu Lys Ser Pro Asn Glu Gly Glu Val Tyr Asn Leu Arg
130 135 140

Gly Ile Ala Tyr Ala Gln Asn Gly Asn Leu Val Asn Ala Arg Asn Asp
145 150 155 160

Ile Asn Lys Ala Arg Glu Phe Phe Ile Asn Asp Asn Val Ala Ile Asn
165 170 175

Asn Leu Ala Met Leu Asn Ile Ile Asn Gly Asp Phe Asn Asn Ala Val
180 185 190

Ser Leu Leu Leu Pro Gln Tyr Leu Asn Gly Val Lys Asn Ser Arg Leu
195 200 205

Ile His Asn Leu Val Phe Ala Leu Val Lys Asn Gly Asp Leu Asp Tyr
210 215 220

Ala Lys Asp Ile Ile Val Lys Glu Arg Leu Asn Thr Ser Pro Asp Asp
225 230 235 240

Leu Ile Asn Ala Leu Lys Lys Thr Thr His Val Ser Lys Gly Val Thr

245

250

255

Arg

<210> 62

<211> 1788

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(600)

<220>

<223> unknown K

<400> 62

gtc aac act ggg cta att cac agt aac ggt aat gcc aag ctc act ttt 48
Val Asn Thr Gly Leu Ile His Ser Asn Gly Asn Ala Lys Leu Thr Phe
1 5 10 15

aaa gat gac acc agt ttt gtg act gaa gga aat aac ttt atc aca gca 96
Lys Asp Asp Thr Ser Phe Val Thr Glu Gly Asn Asn Phe Ile Thr Ala
20 25 30

aaa gac aac tta gaa atc acg gca aaa aat gtt caa att gat caa gcg 144
Lys Asp Asn Leu Glu Ile Thr Ala Lys Asn Val Gln Ile Asp Gln Ala
35 40 45

aaa aat att caa tta aac gcg aat atc acg atc aat acc aag tct ggt 192
Lys Asn Ile Gln Leu Asn Ala Asn Ile Thr Ile Asn Thr Lys Ser Gly
50 55 60

ttt gtg aat tac ggt acc tta gca agt gct caa aat tta acg att aat 240
Phe Val Asn Tyr Gly Thr Leu Ala Ser Ala Gln Asn Leu Thr Ile Asn
65 70 75 80

acc gaa caa ggc agc att tat aac ata ggc ggt atc ttg ggg gcg ggt 288
Thr Glu Gln Gly Ser Ile Tyr Asn Ile Gly Gly Ile Leu Gly Ala Gly
85 90 95

aaa agt ttg aat ctg agc gcg aaa aga gga gaa aac caa gga gga tat 336
Lys Ser Leu Asn Leu Ser Ala Lys Arg Gly Glu Asn Gln Gly Gly Tyr
100 105 110

ctt att aat caa ggt aag agt cta ctc cat tct gaa ggc gcc atg aac 384
Leu Ile Asn Gln Gly Lys Ser Leu Leu His Ser Glu Gly Ala Met Asn
115 120 125

ctc aca gcg gat cgc acg gtg tac aat tta ggg aat att ttt gct aaa 432
Leu Thr Ala Asp Arg Thr Val Tyr Asn Leu Gly Asn Ile Phe Ala Lys

130	135	140	
ggt gac gcg acg atc aat gca aac gcg tta att aat gat gtt act ctc			480
Gly Asp Ala Thr Ile Asn Ala Asn Ala Leu Ile Asn Asp Val Thr Leu			
145	150	155	160
aca ggt cgt ctt gag tat caa gat ctg aaa aaa gat tat acg cgt tat			528
Thr Gly Arg Leu Glu Tyr Gln Asp Leu Lys Lys Asp Tyr Thr Arg Tyr			
	165	170	175
tat cgt atc aat gaa acg gca aaa cat ggt tgg cat aat aac ttc tat			576
Tyr Arg Ile Asn Glu Thr Ala Lys His Gly Trp His Asn Asn Phe Tyr			
	180	185	190
gaa tta aac gtc gac aga gtt tct tgatttgtgc atcaattttg taaccaccgg			630
Glu Leu Asn Val Asp Arg Val Ser			
	195	200	
ttaataaaaac accagcaatt tcaacgccat tcatggcaga taatgccgct gcgacgatca			690
catcaggacg atccgcggaa gtgacaagta aacttccaac gcggaaatgt tccaccatat			750
tggtcaaatt acgtgcacag aaagtgatgc cacgaatgcg acgttcattg atcgcgcctt			810
catgaataat ggcagcacct aaatgtttgg ctaaataaat ggcacgagtc gcaattaatt			870
ctgcgctcca aggaatacat gccaaagattt taattgggct tttctcaaat aaatgataaa			930
tctcagatac ttgattttgt gtgtgttgga aagaatcaaa aatttctgcc aagtcagggc			990
gagtacgacc agattcatca atcggcgcgcat taaatttatt gatcacaaca ccaagtaa			1050
taggggttatt tttgctgcca aataatgagg ctgcggcctt gatgcgttct ttgagttctg			1110
ccggtgtttc cgtcgccggt gctgcaacaa gaatgatttc cgcatacaagt gcttgagcaa			1170
tttcatagtt aatgctattg gcataagaat gcttacgcgt agggattaaa ccttcacca			1230
cgacaatttc attgtttttg gcgagttggt gatgattttc aacaattttt tctagtagca			1290
catcagattg attttgaccg atgagtgatt cagctacact taacataaat ggttcactgg			1350
tttcaatggt ggtactggtg cgaataattg atgttgtgcg atcaatcata tcttcacctg			1410
agttcggctg agaaattggt ttcataaagc cgaattttgc ccttttttgc tccagtgc			1470
gtgttaaacc taagctgaca ctggttaagc ctacaccagc actaatcggg ataaggataa			1530
ttgtacgtga cataataaac cctaatttgt tgataattta taaaaaaga aactgccgat			1590
gaatcggcag ttaattgatc tttacgcgat gcaaaggcgc gcggtatctt gtgcaataac			1650

aagtcttca ttcgttggga tcaccatggc aacaggcgta ttgtctgctg taatcacccc 1710
 ttcattgacca aagcgagccg ctttggtttt atctgaatcc acttgataac cgaacagttt 1770
 taaatggttt aaggttga 1788

<210> 63

<211> 200

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 63

Val Asn Thr Gly Leu Ile His Ser Asn Gly Asn Ala Lys Leu Thr Phe

1 5 10 15

Lys Asp Asp Thr Ser Phe Val Thr Glu Gly Asn Asn Phe Ile Thr Ala

20 25 30

Lys Asp Asn Leu Glu Ile Thr Ala Lys Asn Val Gln Ile Asp Gln Ala

35 40 45

Lys Asn Ile Gln Leu Asn Ala Asn Ile Thr Ile Asn Thr Lys Ser Gly

50 55 60

Phe Val Asn Tyr Gly Thr Leu Ala Ser Ala Gln Asn Leu Thr Ile Asn

65 70 75 80

Thr Glu Gln Gly Ser Ile Tyr Asn Ile Gly Gly Ile Leu Gly Ala Gly

85 90 95

Lys Ser Leu Asn Leu Ser Ala Lys Arg Gly Glu Asn Gln Gly Gly Tyr

100 105 110

Leu Ile Asn Gln Gly Lys Ser Leu Leu His Ser Glu Gly Ala Met Asn

115 120 125

Leu Thr Ala Asp Arg Thr Val Tyr Asn Leu Gly Asn Ile Phe Ala Lys

130 135 140

Gly Asp Ala Thr Ile Asn Ala Asn Ala Leu Ile Asn Asp Val Thr Leu

145 150 155 160

Thr Gly Arg Leu Glu Tyr Gln Asp Leu Lys Lys Asp Tyr Thr Arg Tyr

165 170 175

Tyr Arg Ile Asn Glu Thr Ala Lys His Gly Trp His Asn Asn Phe Tyr

180 185 190

Glu Leu Asn Val Asp Arg Val Ser

195 200

<210> 64
 <211> 278
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (108) .. (278)

<220>
 <223> unknown 0

<400> 64
 gaattccaac caaatctcac accagagcaa gaacgctaca tagtggaatg gttggcagaa 60

 cattacccaa atggaaataa accttaacca tagcaagaga gaagaaa atg aaa att 116
 Met Lys Ile
 1

 act att aca cga aat cat cca gaa gta ttt caa gaa tcc gct cgt tta 164
 Thr Ile Thr Arg Asn His Pro Glu Val Phe Gln Glu Ser Ala Arg Leu
 5 10 15

 gta gcc gaa aag ttc att aaa gcc caa tgt gta gaa gca tta aca ttg 212
 Val Ala Glu Lys Phe Ile Lys Ala Gln Cys Val Glu Ala Leu Thr Leu
 20 25 30 35

 gct ttg att gag ggt gtc gag cac ttt gtg ctg gaa ggt gag gag gaa 260
 Ala Leu Ile Glu Gly Val Glu His Phe Val Leu Glu Gly Glu Glu Glu
 40 45 50

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

<210> 65
 <211> 57
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

<400> 65
 Met Lys Ile Thr Ile Thr Arg Asn His Pro Glu Val Phe Gln Glu Ser
 1 5 10 15

 Ala Arg Leu Val Ala Glu Lys Phe Ile Lys Ala Gln Cys Val Glu Ala
 20 25 30

 Leu Thr Leu Ala Leu Ile Glu Gly Val Glu His Phe Val Leu Glu Gly
 35 40 45

Glu Glu Glu Ser Lys Arg Gly His Ser
50 55

<210> 66

<211> 1020

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (597)

<220>

<223> unknown P

<400> 66

gtc aac aca tca aaa gtt gag att gac tat gcc gtc act cgt gcg gcg 48
Val Asn Thr Ser Lys Val Glu Ile Asp Tyr Ala Val Thr Arg Ala Ala
1 5 10 15

gca atg cgt gca tat ctt gat aaa gaa cag ggc tgg cat acg tct att 96
Ala Met Arg Ala Tyr Leu Asp Lys Glu Gln Gly Trp His Thr Ser Ile
20 25 30

tca aat aaa ggc att aat ggc gtg agc ggt gtc aca caa cca ctc tat 144
Ser Asn Lys Gly Ile Asn Gly Val Ser Gly Val Thr Gln Pro Leu Tyr
35 40 45

ttt gac att aac gac agc tcg act gat gtg aac tat ctc aat gaa caa 192
Phe Asp Ile Asn Asp Ser Ser Thr Asp Val Asn Tyr Leu Asn Glu Gln
50 55 60

ggc atc acg tgt tgc gtg aat cat aat ggc ttt cgt ttt tgg ggc tta 240
Gly Ile Thr Cys Cys Val Asn His Asn Gly Phe Arg Phe Trp Gly Leu
65 70 75 80

cgc acg act gca gaa gat cca tta ttc aag ttt gaa gtg tac acc cgc 288
Arg Thr Thr Ala Glu Asp Pro Leu Phe Lys Phe Glu Val Tyr Thr Arg
85 90 95

act gca caa atc tta aaa gat acg att gca ggg gcg ttt gat tgg gca 336
Thr Ala Gln Ile Leu Lys Asp Thr Ile Ala Gly Ala Phe Asp Trp Ala
100 105 110

gtg gat aaa gat att tct gtc acg cta gtg aaa gat att att gaa gca 384
Val Asp Lys Asp Ile Ser Val Thr Leu Val Lys Asp Ile Ile Glu Ala
115 120 125

atc aat gcg aag tgg cgt gat tac acc aca aaa ggc tac tta att ggc 432
Ile Asn Ala Lys Trp Arg Asp Tyr Thr Thr Lys Gly Tyr Leu Ile Gly

```

130                135                140
ggt aaa gcg tgg ctt aat aaa gag ctt aac agt gca acg aat tta aaa 480
Gly Lys Ala Trp Leu Asn Lys Glu Leu Asn Ser Ala Thr Asn Leu Lys
145                150                155                160
gat gcg aag ttg ttg atc tct tat gat tat cac cca gta cca ccg ctc 528
Asp Ala Lys Leu Leu Ile Ser Tyr Asp Tyr His Pro Val Pro Pro Leu
165                170                175
gaa cag cta ggc ttt aat cag tac att tct gat gaa tac ctt gtt gat 576
Glu Gln Leu Gly Phe Asn Gln Tyr Ile Ser Asp Glu Tyr Leu Val Asp
180                185                190
ttt tca aat cgt tta gca tcg taaggggtag aaaatggctt taccacgcaa 627
Phe Ser Asn Arg Leu Ala Ser
195
acttaaattg atgaatttaa tcatcgacgg taacaaatat ctggcggaag tcacggaagt 687
gactcaacca aaattagcaa tgaaaatcga agaatttcgc gcgggcggta tgattgggtc 747
ggtggatgtc aatctcgggc ttgaaaagct cgaagcggaa tttaaagccg gtggctacat 807
ggtcgaatta attaaaaaat tcggcggggtc aatcaacggc attccattgc gttttcttgg 867
ctcatatcag cgtgatgaca cagaagaagt cacatctggt gagcttgtga tgcaaggctc 927
atttactgaa attgacagcg gaaacagcaa agtgggcgat gacactgaac aaacattcaa 987
agtgccttta acgtattaca aaatcattgt tga 1020

```

<210> 67
 <211> 199
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

```

<400> 67
Val Asn Thr Ser Lys Val Glu Ile Asp Tyr Ala Val Thr Arg Ala Ala
 1          5          10          15
Ala Met Arg Ala Tyr Leu Asp Lys Glu Gln Gly Trp His Thr Ser Ile
 20          25          30
Ser Asn Lys Gly Ile Asn Gly Val Ser Gly Val Thr Gln Pro Leu Tyr
 35          40          45
Phe Asp Ile Asn Asp Ser Ser Thr Asp Val Asn Tyr Leu Asn Glu Gln
 50          55          60
Gly Ile Thr Cys Cys Val Asn His Asn Gly Phe Arg Phe Trp Gly Leu

```

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

<210> 68

<211> 2584

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (1042) .. (2286)

<220>

<223> xylA

<400> 68

```

gtcgcaccagc ttagatTTTTg cgacgggggtt aatttcttct atcgtttcaa tcattgcgtt 60
taccattatt ttatggaatc tctctggacc gatgaccatt gccaatattg aaattcctca 120
cgcgatggtc tttttggctt ttatttacgt gctgttttagc agtattgtgg catttaaaat 180
cggtcgcccg ttaattcagc tcaattttgc caatgaacgc ttaaacgcc actaccgtta 240
ttcacttatt cgtctgaaag aatatgctga aagcattgct ttttatcgtg gtgaaaaaat 300
ggaaaaacgt ctattgacca cacaatttaa tcagggtgatt gataacgttt ggcaagtaat 360

```

```

ctaccgcacc ttgaaattat ccggttttaa cttaatcatt acgcagattt cgggtggtttt 420
tccgctggtg attcaagtga cacgttattt tcgtcgacaa taggtgcata tgagggtggt 480
agaatagcga tactttctgt tggaaaagta aactctttta tataaataga aatcgcttga 540
atgattctcg ggcaaaaaat aatgtactca tttgcgatct catactgata atggcgaagt 600
aaatatcttc ttacaatatt atggtaatta tcaggtaata ccgtatagcc atagattcca 660
gttctatttt gttttgctaa ataattgatg agcatttgag gcgcaggtaa atccatatct 720
gcaacagaca ttgaaatcat atccttgccg tatttacgag taattgccca tttagcacta 780
tgacaatctg atctatcagt aaaaacatca aacaaattat ccgtcataca tgttctccaa 840
tattggattt atataaaactt tagaacttga ggtagattgt tggaattggt aaatctggta 900
tttctattac gttttttctt ttttgtgata taagccacaa taaccaataa tcttaattgt 960
taagtgaat aacgtaattg atcctcccat tgttttacta aattatgtct ctgaaactta 1020

tttgttcagg agaaatcatt t atg tcc act tac ttc gac aaa att gaa aaa 1071
                        Met Ser Thr Tyr Phe Asp Lys Ile Glu Lys
                        1             5             10

gta aat tat gaa ggt gta act tca tct aat ccg ttt gca tat aag cat 1119
Val Asn Tyr Glu Gly Val Thr Ser Ser Asn Pro Phe Ala Tyr Lys His
                        15             20             25

tat gat gct aat caa gtt att tta ggt aag acg atg gct gaa cac tta 1167
Tyr Asp Ala Asn Gln Val Ile Leu Gly Lys Thr Met Ala Glu His Leu
                        30             35             40

cgt tta gcc gtc tgt tat tgg cac act ttc tgt tgg aca ggg aat gat 1215
Arg Leu Ala Val Cys Tyr Trp His Thr Phe Cys Trp Thr Gly Asn Asp
                        45             50             55

atg ttc ggt gtc ggt tct ttc gat cgt tgt tgg cag aag gcg agt gat 1263
Met Phe Gly Val Gly Ser Phe Asp Arg Cys Trp Gln Lys Ala Ser Asp
                        60             65             70

tca tta gca ggt gca aaa caa aaa gca gat atc gct ttt gaa ttt ttc 1311
Ser Leu Ala Gly Ala Lys Gln Lys Ala Asp Ile Ala Phe Glu Phe Phe
                        75             80             85             90

agt aaa tta ggc ata cct tat tat tgt ttt cat gat gtt gat gtt gcg 1359
Ser Lys Leu Gly Ile Pro Tyr Tyr Cys Phe His Asp Val Asp Val Ala
                        95             100             105

cca gaa ggt cat tca ttt aaa gaa tat ttg tcg aac ttt aat aca atg 1407
Pro Glu Gly His Ser Phe Lys Glu Tyr Leu Ser Asn Phe Asn Thr Met

```

110	115	120	
atc gat gtt tta gcg cag aaa caa gaa gaa aca ggc gtc aaa ttg ttg			1455
Ile Asp Val Leu Ala Gln Lys Gln Glu Glu Thr Gly Val Lys Leu Leu			
125	130	135	
tggtggggactgcaaattgttttacaacacacctcggttatatgtcttgggtgct			1503
Trp Gly Thr Ala Asn Cys Phe Thr His Pro Arg Tyr Met Ser Gly Ala			
140	145	150	
gcaacaataatccgaatccaagaattttgcttggtgctgctgcacaaata			1551
Ala Thr Asn Pro Asn Pro Glu Ile Phe Ala Trp Ala Ala Ala Gln Val			
155	160	165	170
tttactgccatgggggcaactcagcgtttagggtggtgaaataatatgtt			1599
Phe Thr Ala Met Gly Ala Thr Gln Arg Leu Gly Gly Glu Asn Tyr Val			
175	180	185	
ttgttggtggaggagcgtgaaggatattgaacgtttaataataccataata			1647
Leu Trp Gly Gly Arg Glu Gly Tyr Glu Thr Leu Leu Asn Thr Asn Leu			
190	195	200	
aaacagagagcgagagcaaatggacgtttcatgcaaatggtggttgag			1695
Lys Gln Glu Arg Glu Gln Ile Gly Arg Phe Met Gln Met Val Val Glu			
205	210	215	
cataaaatataaaatcgggttttaacgggactttgctgattgaaccaaag			1743
His Lys Tyr Lys Ile Gly Phe Asn Gly Thr Leu Leu Ile Glu Pro Lys			
220	225	230	
ccaacaagagccaacgaaaatcaacaatatgacttatgatgtggcgaccgtt			1791
Pro Gln Glu Pro Thr Lys His Gln Tyr Asp Tyr Asp Val Ala Thr Val			
235	240	245	250
tatggcttttttaagcagtttgggtttagaataaaagaattaaagtgaat			1839
Tyr Gly Phe Leu Lys Gln Phe Gly Leu Glu Lys Glu Ile Lys Val Asn			
255	260	265	
attgaagctaatcacgcaacataatgctggaacacactttccagcatgaa			1887
Ile Glu Ala Asn His Ala Thr Leu Ala Gly His Thr Phe Gln His Glu			
270	275	280	
gtcgccatggctacaacgtttaatatattttgggttctattgatgcaaat			1935
Val Ala Met Ala Thr Ala Leu Asp Ile Phe Gly Ser Ile Asp Ala Asn			
285	290	295	
cgtgggtgatccaacaatttggttggtgataccgatcaatttcctaatagc			1983
Arg Gly Asp Pro Gln Leu Gly Trp Asp Thr Asp Gln Phe Pro Asn Ser			
300	305	310	
gtagaagaaataactttggctcataatatgaattctcaaaagcgggggc			2031
Val Glu Glu Asn Thr Leu Val Ile Tyr Glu Ile Leu Lys Ala Gly Gly			

```

315                320                325                330
ttt aca acc ggt ggt ttt aat ttt gat gct aaa atc cgt cgg cag agt 2079
Phe Thr Thr Gly Gly Phe Asn Phe Asp Ala Lys Ile Arg Arg Gln Ser
                335                340                345

acg gat cct tac gat tta ttt cat gga cat att ggc gcg att gat gta 2127
Thr Asp Pro Tyr Asp Leu Phe His Gly His Ile Gly Ala Ile Asp Val
                350                355                360

ctt gcc tta tca cta aaa tgt gcg gcg aaa atg ctt gaa gag caa gct 2175
Leu Ala Leu Ser Leu Lys Cys Ala Ala Lys Met Leu Glu Glu Gln Ala
                365                370                375

tta caa aaa gtc gtc aat caa cgt tat gct ggt tgg aca tca tca ctt 2223
Leu Gln Lys Val Val Asn Gln Arg Tyr Ala Gly Trp Thr Ser Ser Leu
                380                385                390

ggt caa ctt gtt caa atc cgg tcc tac cac gcg tgt ctg caa tac aga 2271
Gly Gln Leu Val Gln Ile Arg Ser Tyr His Ala Cys Leu Gln Tyr Arg
395                400                405                410

cta aca aaa gtg ctt taaaacgttc cggcttacgc cagacatcta gacgattgaa 2326
Leu Thr Lys Val Leu
                415

taatttcaat attgtctccg cacgtaattc aaaggctttg tgtatgtgcg aatgatattc 2386

acaacaaagt tctgcaaaat cttgaattgc gtgaggtaat ttaaagcgct gacataagcg 2446

tcttgtcggc atgacaccag ctttttcatg tccataatga tgtggcaata tttcttttgg 2506

tgtaaggct tttcctaaat catgacaaat tgcagcaaaa cgtaccgcac ttttgtcact 2566

gtccgtgttt tctgtcga 2584

```

<210> 69

<211> 415

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 69

```

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

```

```

Thr Ser Ser Asn Pro Phe Ala Tyr Lys His Tyr Asp Ala Asn Gln Val
      20                25                30

```

```

Ile Leu Gly Lys Thr Met Ala Glu His Leu Arg Leu Ala Val Cys Tyr
  35                40                45

```

```

Trp His Thr Phe Cys Trp Thr Gly Asn Asp Met Phe Gly Val Gly Ser

```

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

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

<210> 70
 <211> 3501
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

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

<220>
 <223> yabk

<400> 70
 gaattcgagg aagggggcgt attacaaatt gaaacggctg cacgtgtagc acaacatgat 60
 aatgcctgtg cggatcattt ccttgccttt ttacttcata cagaagcaca agggcattta 120
 gtcaagaata atgtgatgtt accggtgatt aataccaata ttgaaccgca ctttgatgcc 180
 cttagagcca cccaaatgaa cacgaaagtg ctcgatacct caaaagtgaa tgccgaacaa 240
 gtcaaaaaat ggattgctgt ttggcaaacg accctaacc aataattgtt tgtcttg 297
 atg ttt aag cga ttt cgt gca ttc aca tac cgt ccc gcc agt tat ctt 345
 Met Phe Lys Arg Phe Arg Ala Phe Thr Tyr Arg Pro Ala Ser Tyr Leu
 1 5 10 15
 ggc ggg atg ttg gtg att gtt ttt ctg agc gct ttt tat gcg ttc gcc 393
 Gly Gly Met Leu Val Ile Val Phe Leu Ser Ala Phe Tyr Ala Phe Ala
 20 25 30
 tta ggg gcg gtt ttt tcg ctc cct ttt gcg cgc agt tgg aca gcg ttg 441
 Leu Gly Ala Val Phe Ser Leu Pro Phe Ala Arg Ser Trp Thr Ala Leu
 35 40 45

ttg agt gat cag tat tta caa cac gtg atc atc ttt agc ttt tgg caa	489
Leu Ser Asp Gln Tyr Leu Gln His Val Ile Ile Phe Ser Phe Trp Gln	
50 55 60	
gcc ttt ctg tcg gcg gta ctt gcg gtc ctc ttt ggt ggc att gta gca	537
Ala Phe Leu Ser Ala Val Leu Ala Val Leu Phe Gly Gly Ile Val Ala	
65 70 75 80	
cga gcc ttt ttt tat caa ccg ttt gtg ggc aag aaa ctg atc ctc aaa	585
Arg Ala Phe Phe Tyr Gln Pro Phe Val Gly Lys Lys Leu Ile Leu Lys	
85 90 95	
tta ttt tca ctg act ttt gtg tta cct gcc tta gtg gcg att ttt ggt	633
Leu Phe Ser Leu Thr Phe Val Leu Pro Ala Leu Val Ala Ile Phe Gly	
100 105 110	
tta tta ggc gtg tat ggc gct tct ggc tgg tta gcg atg tta agc cag	681
Leu Leu Gly Val Tyr Gly Ala Ser Gly Trp Leu Ala Met Leu Ser Gln	
115 120 125	
ttt ttc gct tgg gat tgg act cct aat att tac ggc tta aca ggt att	729
Phe Phe Ala Trp Asp Trp Thr Pro Asn Ile Tyr Gly Leu Thr Gly Ile	
130 135 140	
tta ctg gcg cat ctt ttt ttt aat gtc cca tta gct tgt cgc ctg ttt	777
Leu Leu Ala His Leu Phe Phe Asn Val Pro Leu Ala Cys Arg Leu Phe	
145 150 155 160	
tta caa ggt ttg caa gca att ccg gtg caa caa cgt cag ctc gcg gca	825
Leu Gln Gly Leu Gln Ala Ile Pro Val Gln Gln Arg Gln Leu Ala Ala	
165 170 175	
caa ctc aat tta cgt ggt tgg cat ttt ata cgt ctg att gag tgg ccc	873
Gln Leu Asn Leu Arg Gly Trp His Phe Ile Arg Leu Ile Glu Trp Pro	
180 185 190	
tat tta cgc cag caa ttg tta cct gca ttt act ttg att ttc atg ctg	921
Tyr Leu Arg Gln Gln Leu Leu Pro Ala Phe Thr Leu Ile Phe Met Leu	
195 200 205	
tgt ttt acc agt ttt gcg att gtg ctc act tta ggt ggc gga ccg aaa	969
Cys Phe Thr Ser Phe Ala Ile Val Leu Thr Leu Gly Gly Gly Pro Lys	
210 215 220	
tat acc acg ttg gaa gtg gct atc tat caa gcg att tta ttt gag ttt	1017
Tyr Thr Thr Leu Glu Val Ala Ile Tyr Gln Ala Ile Leu Phe Glu Phe	
225 230 235 240	
gat gta ccg aaa gcc ggc tta ttt gcg tta tta caa ttt gtt ttt tgt	1065
Asp Val Pro Lys Ala Gly Leu Phe Ala Leu Leu Gln Phe Val Phe Cys	
245 250 255	

ttt ctg tta ttc acg ctg agt agc ttt ttt tct cca gcc ccc gcc acg	1113
Phe Leu Leu Phe Thr Leu Ser Ser Phe Phe Ser Pro Ala Pro Ala Thr	
260 265 270	
aca tta cac agt caa cct act tgg ttt gcg ccc caa tcg tat tgg gtt	1161
Thr Leu His Ser Gln Pro Thr Trp Phe Ala Pro Gln Ser Tyr Trp Val	
275 280 285	
aaa tta tgg caa cgt atg atc att gtg tgt gcg aca gta ttt atc tta	1209
Lys Leu Trp Gln Arg Met Ile Ile Val Cys Ala Thr Val Phe Ile Leu	
290 295 300	
tta ccg cta ctc aat acg cta gtt tct gct ttg ctt tcg tct cag ttt	1257
Leu Pro Leu Leu Asn Thr Leu Val Ser Ala Leu Leu Ser Ser Gln Phe	
305 310 315 320	
ttt acc ttg tgg tta caa cct caa tta tgg aaa gca tta ggt tac tcg	1305
Phe Thr Leu Trp Leu Gln Pro Gln Leu Trp Lys Ala Leu Gly Tyr Ser	
325 330 335	
ctc acc atc gcc ccc act tct gca ttg ctc gct tta gta ctg tct ttt	1353
Leu Thr Ile Ala Pro Thr Ser Ala Leu Leu Ala Leu Val Leu Ser Phe	
340 345 350	
gcc tta tta ttg ctt gcc aga gaa tta cat tgg cga cat tat cgc agc	1401
Ala Leu Leu Leu Leu Ala Arg Glu Leu His Trp Arg His Tyr Arg Ser	
355 360 365	
tta tcc cat gtg att tta aat atc ggt gcg acc att tta gcc att cca	1449
Leu Ser His Val Ile Leu Asn Ile Gly Ala Thr Ile Leu Ala Ile Pro	
370 375 380	
acg tta gtg tta gct att ggt tta ttc att tta tta cgt gag atc gat	1497
Thr Leu Val Leu Ala Ile Gly Leu Phe Ile Leu Leu Arg Glu Ile Asp	
385 390 395 400	
ttt tct cca tac cat ctt ttt ggg gtt gtg gta tgc tgt aac gcg tta	1545
Phe Ser Pro Tyr His Leu Phe Gly Val Val Val Cys Cys Asn Ala Leu	
405 410 415	
gct gct atg cct ttt gtg ttg cgt att ttg gct tta ccg atg cat aac	1593
Ala Ala Met Pro Phe Val Leu Arg Ile Leu Ala Leu Pro Met His Asn	
420 425 430	
aat atg att tat tat gaa aaa tta tgc caa tca ctt aac ctg cgt ggt	1641
Asn Met Ile Tyr Tyr Glu Lys Leu Cys Gln Ser Leu Asn Leu Arg Gly	
435 440 445	
tgg caa cgt ttt cga ttg att gaa tgg cac aag ctt cgt gcg cca atg	1689
Trp Gln Arg Phe Arg Leu Ile Glu Trp His Lys Leu Arg Ala Pro Met	

450	455	460	
aaa tac gcc ttt gca ctg gct tgt gcg tta tca tta ggc gat ttc acc			1737
Lys Tyr Ala Phe Ala Leu Ala Cys Ala Leu Ser Leu Gly Asp Phe Thr			
465	470	475	480
gca atc gcg tta ttt ggt cag gct gac ttc aca tcg tta ccg cat ttg			1785
Ala Ile Ala Leu Phe Gly Gln Ala Asp Phe Thr Ser Leu Pro His Leu			
	485	490	495
ttg tat caa caa ttg ggg cat tat cgt agt cag gaa gcg gca gta aca			1833
Leu Tyr Gln Gln Leu Gly His Tyr Arg Ser Gln Glu Ala Ala Val Thr			
	500	505	510
gcg ttt att tta ttg gtt ttt tgt ttg agt gtt ttt atg att att gaa			1881
Ala Phe Ile Leu Leu Val Phe Cys Leu Ser Val Phe Met Ile Ile Glu			
	515	520	525
cga cat cag gaa ccg cgt gat gat taatttaaac ggtgttcagt tttcctataa			1935
Arg His Gln Glu Pro Arg Asp Asp			
	530	535	
tacctttact tttgagctgg atttgcagat tctgtctcaa caaaaagttg ctattattgg			1995
cgccagtggc gcaggggaaga gtaccttatt aaatttgatt gcgggttttg cattgccaca			2055
gcaaggggaa atttggttga atggtgaaaa tcatagccaa actcaacctt atgaacgtcc			2115
ggtatctatt ttgtttcaag aaaacaactt gtttacgcat ttgactgtgg cagagaatat			2175
ggcattaggg ctgaaaccaa gcctaaaact gaccgcactt gaacaacaac gcgtacaaca			2235
agtggcaagt gcagtgggtt tgcagggttt tcttaatcaa ttaccacccc agttatcggg			2295
tgggcaaaaa cagcgtgtgg cgttggcgcg ttgtttatta cgcgataagc caattttgtt			2355
attggatgaa cctttttctg ccttagatcc cgatttacgg gcagaaatgt tgcatttatt			2415
gttacagttg tgtgatgaaa aaaaattaac actcctgac gtgacacatc aagtgaacga			2475
attacagcag aaaatggatc gtatgattcg ttttgaacat ggtaggatga gtgagtccac			2535
cattttgaag gataatttta acgaaaaaca gaccgcactt taggcggcctt attaattaga			2595
taaggaaaga gaaaaatatg acaacggcaa cggcatttga gattcgtaca cttactcctc			2655
acccgacctt agaattattg tctgtgtgta aaattgaagc cctgtttgag accccttttt			2715
tagatttggt ttatcgggct gcgcaagtgc accgagaaaa ctttaatcct aaagccattc			2775
aattatccac tttaatgtcg attaaaacgg ggggatgtcc agaggattgt ggctactgtc			2835

cgcagtcagc acgttatcat actggagtag aaaagcagca attactcgat gtggaagaaa 2895
 ttgttgaaaa agccaaaatt gccaaagcac gtggtgcagg gcgcttttgt atgggggctg 2955
 catggcgtgg accgaaaccg aaagacattg aaaaagttac cgcaatcatt aaagcgggtga 3015
 aagaactggg cttagaaacc tgtggtacct ttggtttatt gcaagatggg atggcagaag 3075
 attttaaaga agcggggttg gattattata accataatct cgatacagcc ccagaacact 3135
 acggtaatgt gattggtacc cgtcaatttg atgacgtat taatacgtta ggtaaagtgc 3195
 gtaaagctgg cttaaaagtg tgctgtggcg ggattattgg catgaatgaa acccgtaaag 3255
 aaagagcagg attaattgct agcttagcta atttagaccc gcaacccgaa tcggtgccga 3315
 ttaatcaatt agtgaaagtg gaaggtaccc ctttagccga tgcggcagaa ttagactgga 3375
 cagaatttgt gcgcactatt gcggtggcgc gtattaccat gccgaaaagc tatgtacgtt 3435
 tatcagcagg gcgtcaaggc atgtcggaag aaatgcaagc catgtgcttt atggctggcg 3495
 cgaatt 3501

<210> 71

<211> 536

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 71

Met Phe Lys Arg Phe Arg Ala Phe Thr Tyr Arg Pro Ala Ser Tyr Leu
 1 5 10 15

Gly Gly Met Leu Val Ile Val Phe Leu Ser Ala Phe Tyr Ala Phe Ala
 20 25 30

Leu Gly Ala Val Phe Ser Leu Pro Phe Ala Arg Ser Trp Thr Ala Leu
 35 40 45

Leu Ser Asp Gln Tyr Leu Gln His Val Ile Ile Phe Ser Phe Trp Gln
 50 55 60

Ala Phe Leu Ser Ala Val Leu Ala Val Leu Phe Gly Gly Ile Val Ala
 65 70 75 80

Arg Ala Phe Phe Tyr Gln Pro Phe Val Gly Lys Lys Leu Ile Leu Lys
 85 90 95

Leu Phe Ser Leu Thr Phe Val Leu Pro Ala Leu Val Ala Ile Phe Gly
 100 105 110

Leu Leu Gly Val Tyr Gly Ala Ser Gly Trp Leu Ala Met Leu Ser Gln

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

Phe Ser Pro Tyr His Leu Phe Gly Val Val Val Cys Cys Asn Ala Leu
405 410 415

Ala Ala Met Pro Phe Val Leu Arg Ile Leu Ala Leu Pro Met His Asn
420 425 430

Asn Met Ile Tyr Tyr Glu Lys Leu Cys Gln Ser Leu Asn Leu Arg Gly
435 440 445

Trp Gln Arg Phe Arg Leu Ile Glu Trp His Lys Leu Arg Ala Pro Met
450 455 460

Lys Tyr Ala Phe Ala Leu Ala Cys Ala Leu Ser Leu Gly Asp Phe Thr
465 470 475 480

Ala Ile Ala Leu Phe Gly Gln Ala Asp Phe Thr Ser Leu Pro His Leu
485 490 495

Leu Tyr Gln Gln Leu Gly His Tyr Arg Ser Gln Glu Ala Ala Val Thr
500 505 510

Ala Phe Ile Leu Leu Val Phe Cys Leu Ser Val Phe Met Ile Ile Glu
515 520 525

Arg His Gln Glu Pro Arg Asp Asp
530 535

<210> 72

<211> 3182

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (1544) .. (2809)

<220>

<223> ygiK

<220>

<221> misc_feature

<222> 452

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

<400> 72

aactactaag gagttatgta tgaatattag aaaatcatta ctattaatat ccctagcaag 60

cttcatgtca ctttcagttt cagctgcaga aattaatttg aaatttgaaa gttcgaattt 120

tgaggagaa aaagtttatg aaatccaaaa agaattggact gacaatattg aaaaagcttc 180

caatgggaga ataagtatag agttattacc tctcgactca gtcttaaaat ctagtgacat 240
 gctttctggt gttcgaaata aaattattga tggagcgggt gcaacagcgg caatgtatgc 300
 aggcactgac cctggattcg gattaattgg tgatactatt tctgcttgga accatgacga 360
 agatatttta aatttttact ataatggagg tggttttgaa gttgttgata atattttcca 420
 acaatatggt gccaaaactca ttggtgtatc anttacggga gcagaatcat taccatcgaa 480
 agtaaaaata gctaatactg aagattttta aggtataaaa attcgggctc cctctgggtcc 540
 tatccaaaaa ttgtttgcaa gattaggagc cgctcctggt ggtcttcctg gttcagaaat 600
 ctatactagt ttagaaaaag gtattattga tgctgccgat ttctcaacgt ttgcaaataa 660
 tcaagcacia ggagtccatg atattgcaaa atatccaatc tatccgggaa ttcattcttc 720
 accagccgtt catatgatta tgaatcataa aacttggagt agcttaactc catcggatca 780
 agcattctta attgcttact ttaaagggat ggctctcgat actctgactc gtgctcatta 840
 tgaagataaa ctagcatata aagaagcact tgagaaagga gtacaaccag tttcttgga 900
 tcaacaagaa attacaaaag ttcgttctat cgctaaagaa atttggcaag agatagctca 960
 acaatctgaa ataggtaatc aagtattatc aagtattaat gaaattccta gaatctcaag 1020
 gaatgctgca ataatcgtca agatggataa gacgatatcg tcttatccat taaggagtaa 1080
 aacatgctta tttctaaata tttattatgg ctctgtaata agctagatca aatattcatt 1140
 aaagtaggtt attacgtttc ttatatTTTT ctattagttg ttatcattgg ttttacgagg 1200
 ttgttgctcg gtattttattc tctagcccaa cactttgggt tcatgaagta acaacatttt 1260
 taataagtct atcattactt tatggtggag tagcttggtta cgccagtaat aaacatattg 1320
 ccatgacatt tattagacia aaattaccta ataagatcaa atggttacta gaactcttag 1380
 ttgaaatact tatTTTTatc ttctttatTT tgcttagtta cggagcatac ttatcagcta 1440
 gagaagcatt atttactcca tcaggaaaat tcaaaatgca aacttctgga agtgtattag 1500

acatgccatt tccagcaatt gaaaaaagtt tcttctttat ttc atg cct cat cat 1555
 Met Pro His His

1

tgt tgt tct ttc agt act aca tat att ccg tca cat cta tac aaa ata 1603
 Cys Cys Ser Phe Ser Thr Thr Tyr Ile Pro Ser His Leu Tyr Lys Ile

5	10	15	20	
tca gga gga att atc atg ata agt gca ttt ggg ata ggt att gga act				1651
Ser Gly Gly Ile Ile Met Ile Ser Ala Phe Gly Ile Gly Ile Gly Thr				
	25	30	35	
ctt att atc ttt tta atg atg att tcc ctt tta ttt att gga atg cca				1699
Leu Ile Ile Phe Leu Met Met Ile Ser Leu Leu Phe Ile Gly Met Pro				
	40	45	50	
tta ggt ttt ctc act ggg tta atc gct tta gtt att tca tat ctt tgg				1747
Leu Gly Phe Leu Thr Gly Leu Ile Ala Leu Val Ile Ser Tyr Leu Trp				
	55	60	65	
ttt gat act acc gca ata atg caa atg ata gct tca cgt gtc act gat				1795
Phe Asp Thr Thr Ala Ile Met Gln Met Ile Ala Ser Arg Val Thr Asp				
	70	75	80	
ttc aca tca tct tac act ttt gta gct gtg cct atg ttt gtt ctt atg				1843
Phe Thr Ser Ser Tyr Thr Phe Val Ala Val Pro Met Phe Val Leu Met				
	85	90	95	100
gca aca tta ctt gat aag act gga att gct aga gat ctc tac aac gca				1891
Ala Thr Leu Leu Asp Lys Thr Gly Ile Ala Arg Asp Leu Tyr Asn Ala				
	105	110	115	
atg cga gtc att ggc ggt cga tta cga ggt gga att gca att caa tcg				1939
Met Arg Val Ile Gly Gly Arg Leu Arg Gly Gly Ile Ala Ile Gln Ser				
	120	125	130	
atg ttt gtt gca gtt cta ctt gct acg atg tca ggt att atc ggt gga				1987
Met Phe Val Ala Val Leu Leu Ala Thr Met Ser Gly Ile Ile Gly Gly				
	135	140	145	
gaa act gtt tta tta ggc atg ttg gca tta cca caa atg tta cgc tta				2035
Glu Thr Val Leu Leu Gly Met Leu Ala Leu Pro Gln Met Leu Arg Leu				
	150	155	160	
ggc tat aat aaa aac tta gct ata gga act gtt gta gca gga gga gca				2083
Gly Tyr Asn Lys Asn Leu Ala Ile Gly Thr Val Val Ala Gly Gly Ala				
	165	170	175	180
ttg ggt aca atg gtt cct cca agt atc gtg ttg att att tac gga atg				2131
Leu Gly Thr Met Val Pro Pro Ser Ile Val Leu Ile Ile Tyr Gly Met				
	185	190	195	
acc gca aat gtt tct att gga gaa cta ttt ctt gca gca att cca gcc				2179
Thr Ala Asn Val Ser Ile Gly Glu Leu Phe Leu Ala Ala Ile Pro Ala				
	200	205	210	
tcc tta cta ctt tct aca ttc tat att tta tat att cta gta ctt tgc				2227
Ser Leu Leu Leu Ser Thr Phe Tyr Ile Leu Tyr Ile Leu Val Leu Cys				
	215	220	225	

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

tttgtggatc gactgccgca tgagcagatt tgccaaaaaa ttcaattaca tacttcccaa 2919
 tcccttttct ttcgttaacg tttccactta gattgcccag aagccgatct gtctgaatgg 2979
 gaacaagtgt tataccaaga agcgaatcca acaggtgaag tggatgatcg tatggtgggt 3039
 aaatacactg aattaccgga tgcctacaaa tcgggttaatg aagccttgaa acacgcaggc 3099
 ttaaaaaacc gtcttagcgt gcaaatcaaa tatattgatt cacaagatgt ggaaaccaa 3159
 ggcacagaag tgtagaagg cgt 3182

<210> 73

<211> 422

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 73

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

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

<210> 74
 <211> 2787
 <212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (463)..(936)

<220>

<223> yhcJ

<400> 74

```

gttaacacac catgattaat gatgccggtt gaagccactg caacgtaatc gaattgtccg 60
gcatacaaaag caagaatggtt ggccagtgtg tcatgcatcg cattggcagc atcagcttgt 120
ggcgttgcaa tctgttggcg ttgttctatt ttgccgtctg ttacaatagc cgaggcaatt 180
tttgttccac caatatctaa tgctaaacag cgcataggct ctccttctgt gatgacttat 240
tttgccgatt tgacggcatc ggcaaaccag cttacgatat gttcgaggcg agtcagcgca 300
gatcctacgg tgacagagta agcaccaatc tcaattgcgg ttttcgcaa ttctgggggtg 360
ttatagcgcc cttctgccat cactcggcag ccagcagcat tcaaattctt gactaactga 420
taatccggtt cagctggaat ttcaccgcca gtataaccag ac atg gtg cta cca      474
                                   Met Val Leu Pro
                                   1

ata att tct acc cct aag ttg tgg caa tac atc cct tct tca aaa tta      522
Ile Ile Ser Thr Pro Lys Leu Trp Gln Tyr Ile Pro Ser Ser Lys Leu
  5              10              15              20

gaa caa tcc gcc atg gct aaa caa cct aat tct ttg att cgt tta ata      570
Glu Gln Ser Ala Met Ala Lys Gln Pro Asn Ser Leu Ile Arg Leu Ile
              25              30              35

atg gct tca cgt gta gtt gga cgg acg cga tcg gta cca tca aaa gca      618
Met Ala Ser Arg Val Val Gly Arg Thr Arg Ser Val Pro Ser Lys Ala
              40              45              50

ata ata tcg gcg cct gct gcg gct aac tct tca atg tct tgt aaa aat      666
Ile Ile Ser Ala Pro Ala Ala Ala Asn Ser Ser Met Ser Cys Lys Asn
              55              60              65

ggg cta ata cga acg gga ctg tca ggt aaa tcg cgt tta acg ata cca      714
Gly Leu Ile Arg Thr Gly Leu Ser Gly Lys Ser Arg Leu Thr Ile Pro
              70              75              80

ata atc ggt aca ttg acg acg tta cgc gtg gct ttt aaa ttt tcg atc      762
Ile Ile Gly Thr Leu Thr Thr Leu Arg Val Ala Phe Lys Phe Ser Ile
              85              90              95              100

```

```

cct tca ata cgt aac ccg gca gca cca ccg ata acg gat gct tgc gcc      810
Pro Ser Ile Arg Asn Pro Ala Ala Pro Pro Ile Thr Asp Ala Cys Ala
                105                110                115

atg gcg gca aca att tct ggc gag tcc att ggc cca tta tct acg ggc      858
Met Ala Ala Thr Ile Ser Gly Glu Ser Ile Gly Pro Leu Ser Thr Gly
                120                125                130

tgg caa gat gcg att aag cca tat tta att tgt tct aaa act tgc gga      906
Trp Gln Asp Ala Ile Lys Pro Tyr Leu Ile Cys Ser Lys Thr Cys Gly
                135                140                145

tgt gat agt ttt gac ata tta act cca gtc taaatttatc aaaagaagat      956
Cys Asp Ser Phe Asp Ile Leu Thr Pro Val
                150                155

tgactccaat ttgcataggt taatccttaga attaaaaaat aacaacccaaa ataataaaaa 1016

tttgagatct ttgtcgcata tttattcata gggaatagac agcttaattt tagttatgat 1076

ttgtcaatcc ttgctatttt ttgtgtttgc tggtttgcca tacactgttc taatattgct 1136

ttgagcactt gataaccttg ctcatataaaa tgtaatccgt cggtaaaaag gcgtaaatcc 1196

agttcaccgt tagaatcaca aaagtatttt ttgtgtttcaa cgtaagtcac gtctgacgga 1256

caatgttggt ttaaataagg attgagcctg tgaatttggt cgttagtgc cgtattaatc 1316

tgattgaccg gtgtggcttc taataaaaag tagtgggacg taggagaaat ggtgtgtagg 1376

tgagtcagaa tgtcatthta ctatcgcacg acttgccgac gtgaatacgt ttcttcctta 1436

caaatatcat tgacgcctaa aaaaagaaaa acagattgtc caagttgttg aatccgttta 1496

ggtttaacga taacatccaa atattgtcgc gtactgacgc cagaaagtcc taaattggcg 1556

acggtttgtc ccgctaattg aggtgtgcct gctacctgtt cgtcccatat gtcaaaaagt 1616

gaatgaccaa ttaagctgat attggcaggt ttggaaaatt ccgccatttt gctctgatag 1676

cgttgataaa taccctgatc acttagcatg tgtggacctc tattttgaaa taaaacgcta 1736

agtattatat aaaacctgat atgccggtta acagtaaaact tatcttccgt aggggttaa 1796

attcaatttt gtgacgaacc tatcatttat gaaataaaac ttcattttct atataaaaaa 1856

tagttttttc actttagaat gccaaacgtg tgaaatttat ttcacatca ttttaacgta 1916

atcccaacgt aaccaataga ggagaactca taatgaaatt taaaaaacta ctacttgcat 1976

ctttatgttt aggtgtttca gcttctgtat ttgcagcaga ttacgatctt aaattcggta 2036

```

tggttgcggg tccaagctca aacgaatata aagcagtaga attctttgcg aaagaagtga 2096
 aagaaaaatc caatggcaaa attgatgtgg ctattttccc tagctcacag ttaggtgatg 2156
 accgtgtgat gattaaacaa ttaaaagacg gtgcattaga ctttacgtta ggtgaatcag 2216
 cacgtttcca aatttacttc ccagaagcag aagtatttgc gttgccttat atgattccta 2276
 attttgaaac ctctaaaaaa gcgttgctcg acacaaaatt tgggtcaagggt ttattgaaaa 2336
 aaattgataa agagttaaac gtacaagtgt tatctgtggc gtataacgggt acacgtcaaa 2396
 caacttctaa ccgtgcaatc aacagcattg aagacatgaa aggggttaaaa ttacgtgtac 2456
 ctaacgcggc aaccaacctt gcttatgcaa aatacgtggg tgcagcgcca acaccaatgg 2516
 cattctctga agtttacctt gcgcttcaaa caaactctgt ggatgggtcaa gaaaacccat 2576
 taccgacaat ccaagcacia aaattctatg aagtacaaaa atacttagcg ttaactaacc 2636
 acatcttaaa tgaccaactt tacttaatca gtaacgatac gttggcagat ttaccagaag 2696
 atttcaaaaa agtggttaaa gatgcagcag cgaaagccgc tgaatatcac actaaactct 2756
 tcgttgacgg tgagaacacg ttagttgaat t 2787

<210> 75

<211> 158

<212> PRT

<213> *Pasteurella multocida*

<400> 75

Met Val Leu Pro Ile Ile Ser Thr Pro Lys Leu Trp Gln Tyr Ile Pro
 1 5 10 15

Ser Ser Lys Leu Glu Gln Ser Ala Met Ala Lys Gln Pro Asn Ser Leu
 20 25 30

Ile Arg Leu Ile Met Ala Ser Arg Val Val Gly Arg Thr Arg Ser Val
 35 40 45

Pro Ser Lys Ala Ile Ile Ser Ala Pro Ala Ala Ala Asn Ser Ser Met
 50 55 60

Ser Cys Lys Asn Gly Leu Ile Arg Thr Gly Leu Ser Gly Lys Ser Arg
 65 70 75 80

Leu Thr Ile Pro Ile Ile Gly Thr Leu Thr Thr Leu Arg Val Ala Phe
 85 90 95

Lys Phe Ser Ile Pro Ser Ile Arg Asn Pro Ala Ala Pro Pro Ile Thr

100	105	110
Asp Ala Cys Ala Met Ala Ala Thr Ile Ser Gly Glu Ser Ile Gly Pro		
115	120	125
Leu Ser Thr Gly Trp Gln Asp Ala Ile Lys Pro Tyr Leu Ile Cys Ser		
130	135	140
Lys Thr Cys Gly Cys Asp Ser Phe Asp Ile Leu Thr Pro Val		
145	150	155

<210> 76
 <211> 2787
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (1949) .. (2785)

<220>
 <223> yiaO

<400> 76
 gttaacacac catgattaat gatgccggtt gaagccactg caacgtaatc gaattgtccg 60
 gcatacaaaag caagaatggtt ggccagtgtg tcatgcatcg cattggcagc atcagcttgt 120
 ggcgttgcaa tctgttggcg ttgttctatt ttgccgtctg ttacaatagc cgaggcaatt 180
 tttgttccac caatatctaa tgctaaacag cgcataaggct ctccttctgt gatgacttat 240
 tttgccgatt tgacggcatc ggcaaaccag cttacgatat gttcgaggcg agtcagcgca 300
 gatcctacgg tgacagagta agcaccaatc tcaattgcgg ttttcgcaa ttctgggggtg 360
 ttatagcgcc cttctgccat cactcggcag ccagcagcat tcaaactctt gactaactga 420
 taatccggtt cagctggaat ttcaccgcca gtataaccag acatggtgct accaataatt 480
 tctacccta agttgtggca atacatccct tcttcaaaat tagaacaatc cgccatggct 540
 aaacaaccta attctttgat tcgtttaata atggcttcac gtgtagttgg acggacgcga 600
 tcggtaccat caaaagcaat aatatcggcg cctgctgcgg ctaactcttc aatgtcttgt 660
 aaaaatgggc taatacgaac gggactgtca ggtaaatcgc gtttaacgat accaataatc 720
 ggtacattga cgacgttacg cgtggccttt aaattttcga tcccttcaat acgtaacccg 780
 gcagcaccac cgataacgga tgcttgccgc atggcggcaa caatttctgg cgagtccatt 840

ggccattat ctacgggctg gcaagatgcg attaagccat atttaatttg ttctaaaact 900

tgcggatgtg atagttttga catattaact ccagtctaaa tttatcaaaa gaagattgac 960

tccaatttgc ataggttaat cttagaatta aaaaataaca accaaaataa taaaaatttg 1020

agatctttgt cgcatattta ttcataggga atagacagct taatttttagt tatgatttgt 1080

caatccttgc tattttttgt gtttgctggg ttgcgataca ctgttctaata attgctttga 1140

gcacttgata accttgctca ttaaaatgta atccgtcggg acaaaggcgt aaatccagtt 1200

caccgtaga atcacaaaaag tattttttgtg tttcaacgta agtcacgtct gacggacaat 1260

gttgttttta ataggtattg agcctgtgaa tttgtgcgtt agtgaccgta ttaatctgat 1320

tgaccggtgt ggcttctaata aaaaagtagt gggacgtagg agaaatgggtg tgtaggtgag 1380

tcagaatgtc atttaactat cgcatgactt gcgcgggtga atacgtttct tccttacaaa 1440

tatcattgac gcctaaaaaa agaaaaacag attgtccaag ttgttgaatc cgttttaggtt 1500

taacgataac atccaaatat tgtcgcgtac tgacgccaga aagtcctaaa ttggcgacgg 1560

tttgccccgc taattgaggt gtgcctgcta cctgttcgtc ccacatgtca aaaagtgaat 1620

gaccaattaa gctgatattg gcaggtttgg aaaattccgc ctttttgctc tgatagcggt 1680

gataaatatc ctgatcactt agcatgtgtg gacctctatt ttgaaataaa acgctaagta 1740

ttatataaaa cctgatatgc cggtaaacag taaacttata ttccgtaggg gtaaattattc 1800

aattttgtga cgaacctata atttatgaaa taaaacttca ttttctatat aaaaaatagt 1860

tttttcactt tagaatgcca aacgtgtgaa atttatttca tcatcathtt aacgtaatcc 1920

caacgtaacc aatagaggag aactcata atg aaa ttt aaa aaa cta cta ctt 1972
Met Lys Phe Lys Lys Leu Leu Leu
1 5

gca tct tta tgt tta ggt gtt tca gct tct gta ttt gca gca gat tac 2020
Ala Ser Leu Cys Leu Gly Val Ser Ala Ser Val Phe Ala Ala Asp Tyr
10 15 20

gat ctt aaa ttc ggt atg gtt gcg ggt cca agc tca aac gaa tat aaa 2068
Asp Leu Lys Phe Gly Met Val Ala Gly Pro Ser Ser Asn Glu Tyr Lys
25 30 35 40

gca gta gaa ttc ttt gcg aaa gaa gtg aaa gaa aaa tcc aat ggc aaa 2116
Ala Val Glu Phe Phe Ala Lys Glu Val Lys Glu Lys Ser Asn Gly Lys
45 50 55

att gat gtg gct att ttc cct agc tca cag tta ggt gat gac cgt gtg Ile Asp Val Ala Ile Phe Pro Ser Ser Gln Leu Gly Asp Asp Arg Val 60 65 70	2164
atg att aaa caa tta aaa gac ggt gca tta gac ttt acg tta ggt gaa Met Ile Lys Gln Leu Lys Asp Gly Ala Leu Asp Phe Thr Leu Gly Glu 75 80 85	2212
tca gca cgt ttc caa att tac ttc cca gaa gca gaa gta ttt gcg ttg Ser Ala Arg Phe Gln Ile Tyr Phe Pro Glu Ala Glu Val Phe Ala Leu 90 95 100	2260
cct tat atg att cct aat ttt gaa acc tct aaa aaa gcg ttg ctc gac Pro Tyr Met Ile Pro Asn Phe Glu Thr Ser Lys Lys Ala Leu Leu Asp 105 110 115 120	2308
aca aaa ttt ggt caa ggt tta ttg aaa aaa att gat aaa gag tta aac Thr Lys Phe Gly Gln Gly Leu Leu Lys Lys Ile Asp Lys Glu Leu Asn 125 130 135	2356
gta caa gtg tta tct gtg gcg tat aac ggt aca cgt caa aca act tct Val Gln Val Leu Ser Val Ala Tyr Asn Gly Thr Arg Gln Thr Thr Ser 140 145 150	2404
aac cgt gca atc aac agc att gaa gac atg aaa ggg tta aaa tta cgt Asn Arg Ala Ile Asn Ser Ile Glu Asp Met Lys Gly Leu Lys Leu Arg 155 160 165	2452
gta cct aac gcg gca acc aac ctt gct tat gca aaa tac gtg ggt gca Val Pro Asn Ala Ala Thr Asn Leu Ala Tyr Ala Lys Tyr Val Gly Ala 170 175 180	2500
gcg cca aca cca atg gca ttc tct gaa gtt tac ctt gcg ctt caa aca Ala Pro Thr Pro Met Ala Phe Ser Glu Val Tyr Leu Ala Leu Gln Thr 185 190 195 200	2548
aac tct gtg gat ggt caa gaa aac cca tta ccg aca atc caa gca caa Asn Ser Val Asp Gly Gln Glu Asn Pro Leu Pro Thr Ile Gln Ala Gln 205 210 215	2596
aaa ttc tat gaa gta caa aaa tac tta gcg tta act aac cac atc tta Lys Phe Tyr Glu Val Gln Lys Tyr Leu Ala Leu Thr Asn His Ile Leu 220 225 230	2644
aat gac caa ctt tac tta atc agt aac gat acg ttg gca gat tta cca Asn Asp Gln Leu Tyr Leu Ile Ser Asn Asp Thr Leu Ala Asp Leu Pro 235 240 245	2692
gaa gat tta caa aaa gtg gtt aaa gat gca gca gcg aaa gcc gct gaa Glu Asp Leu Gln Lys Val Val Lys Asp Ala Ala Ala Lys Ala Ala Glu 250 255 260	2740

tat cac act aaa ctc ttc gtt gac ggt gag aac agc tta gtt gaa tt 2787
Tyr His Thr Lys Leu Phe Val Asp Gly Glu Asn Ser Leu Val Glu
265 270 275

<210> 77
<211> 279
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida

<400> 77
Met Lys Phe Lys Lys Leu Leu Leu Ala Ser Leu Cys Leu Gly Val Ser
1 5 10 15

Ala Ser Val Phe Ala Ala Asp Tyr Asp Leu Lys Phe Gly Met Val Ala
20 25 30

Gly Pro Ser Ser Asn Glu Tyr Lys Ala Val Glu Phe Phe Ala Lys Glu
35 40 45

Val Lys Glu Lys Ser Asn Gly Lys Ile Asp Val Ala Ile Phe Pro Ser
50 55 60

Ser Gln Leu Gly Asp Asp Arg Val Met Ile Lys Gln Leu Lys Asp Gly
65 70 75 80

Ala Leu Asp Phe Thr Leu Gly Glu Ser Ala Arg Phe Gln Ile Tyr Phe
85 90 95

Pro Glu Ala Glu Val Phe Ala Leu Pro Tyr Met Ile Pro Asn Phe Glu
100 105 110

Thr Ser Lys Lys Ala Leu Leu Asp Thr Lys Phe Gly Gln Gly Leu Leu
115 120 125

Lys Lys Ile Asp Lys Glu Leu Asn Val Gln Val Leu Ser Val Ala Tyr
130 135 140

Asn Gly Thr Arg Gln Thr Thr Ser Asn Arg Ala Ile Asn Ser Ile Glu
145 150 155 160

Asp Met Lys Gly Leu Lys Leu Arg Val Pro Asn Ala Ala Thr Asn Leu
165 170 175

Ala Tyr Ala Lys Tyr Val Gly Ala Ala Pro Thr Pro Met Ala Phe Ser
180 185 190

Glu Val Tyr Leu Ala Leu Gln Thr Asn Ser Val Asp Gly Gln Glu Asn
195 200 205

Pro Leu Pro Thr Ile Gln Ala Gln Lys Phe Tyr Glu Val Gln Lys Tyr

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

<210> 78
 <211> 2590
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (908) .. (1294)

<220>
 <223> yigF

<400> 78
 ctgcaggctc gattagtgagg gcaccgaaag aaaaaaccgt gcaaattatt cacgccgcag 60
 aacagcagcc acgcgggttat tacacgggga tttttggtct gttc gatggt gagtcgttac 120
 aaagtgcggt ggcaattcgt tttattgagc aagtggacga gaaattgatt ttccgcagcg 180
 gtggcgggat tacgatctta agcgagctag aagacgagta ccaagaattg atccaaaaag 240
 tgtatgtacc agtaggataa gcgatgacat ttcctttatt tgagacgacg gctattgtga 300
 acggtgaaat tcagcacctt gccctgcac aacaacgtta tgcggcaagt ttggcgacct 360
 tttacggcga gaaaggagcg aaagtacagg atcttgcgaa aattattcag attccgaccg 420
 cacttgaaca cactcaacat gcgccgataa tccgttgctg gattgattac aatcagcaag 480
 actgtgacgt gcattatttt ccctatcaac gcaaaattta ccgcactttt cagcctgtca 540
 tttgcgatga aattaactat gatctgaaat atgctgatcg ggcattatta aatcagttat 600
 ttgctcagcg tagggattgt gatgagatta tgattatcaa acacggcaag gtgacggatt 660
 gcagtattgg taatctggtg tttcgccaag gtgagcaatg gttcacgcca gatagcccgt 720

tattttacg cacaacaacga gcctgggttat tacaacaagg caaaattcaa gcccggtcca 780

tcttattgca agagatcgca caatttgaag aaattcgggtt aattaatgca ctaaattccgc 840

tgtaaattttt ccttgaacag cgtaaaataa aacaactttt tcagtcagat aaaaggagat 900

aaacgac atg acg aaa gta att cat act gac aat gca cca gcc gcc att 949
Met Thr Lys Val Ile His Thr Asp Asn Ala Pro Ala Ala Ile
1 5 10

ggg cct tat gta caa gcg gta gat tta ggt aat atg ctg tta acc tct 997
Gly Pro Tyr Val Gln Ala Val Asp Leu Gly Asn Met Leu Leu Thr Ser
15 20 25 30

ggg caa att cca gtg aat cca aaa acc ggt gaa gtg cca gcg gat atc 1045
Gly Gln Ile Pro Val Asn Pro Lys Thr Gly Glu Val Pro Ala Asp Ile
35 40 45

gta gca caa gca cgt caa tcg tta gaa aac gtg aaa gcg att gtg gaa 1093
Val Ala Gln Ala Arg Gln Ser Leu Glu Asn Val Lys Ala Ile Val Glu
50 55 60

caa gcg gga tta caa gtc gca aat atc gtg aaa acc acg gtg ttt gtg 1141
Gln Ala Gly Leu Gln Val Ala Asn Ile Val Lys Thr Thr Val Phe Val
65 70 75

aaa gat tta aat gac ttt gca gcg gtc aat gcg gag tat gaa cgt ttc 1189
Lys Asp Leu Asn Asp Phe Ala Ala Val Asn Ala Glu Tyr Glu Arg Phe
80 85 90

ttt aaa gag aac aat cac cct agc ttc cct gct cgt tca tgt gtg gaa 1237
Phe Lys Glu Asn Asn His Pro Ser Phe Pro Ala Arg Ser Cys Val Glu
95 100 105 110

gtg gca cgt ttg ccg aaa gat gtg ggg att gaa atc gag gca atc gct 1285
Val Ala Arg Leu Pro Lys Asp Val Gly Ile Glu Ile Glu Ala Ile Ala
115 120 125

gta aaa gcc taatgaatag cttgcattta tcttagtcgt agcaaaacaa 1334
Val Lys Ala

tctcttttca cttgctctct tcaaagcaag ttgataagtg atttttattg ggcgtttttc 1394

tattgatagc caaaaacgcc ctttactgat agagaataaa ctatgcaaaa tcaagtcatc 1454

gagattctac aataccgtttt aaaaccacaa tcaggacaaa cgtttcacca aattatgcgt 1514

gagatcagtg ttccaactcca taaacaacat gggattgatg tcattgcgta tggaaattca 1574

ttacatgata ttgacagcta ttatttaatc cgtgcatttg agacagaaac caaattgcaa 1634

cagcagctcg atgcttttta tgccagtgat gattggcgtg atggaccaag agaaagtatc 1694
 attcgctga ttgaaagcag tttaaaatcg gtgatcatgc tcccgacaca ggcaatccat 1754
 gcactacgca accattatcc tcaataaaat caacaaccgc acccaatcag tgcggtcatt 1814
 ttttcttact ttttcagtgc taagggaaaa acaacgatag tggacgttgt ttaatcaatt 1874
 tccaaacaca ttgcgcgata tcacaccaac tctcaatttc tgtttctaaa gaacgcagcg 1934
 caacccataa cgcgataaag aaactgacaa tcaaattcac cataccaatc aataacacga 1994
 aactaaacc ttgtaagaac atctgccaaag taaacgcgcc actgatcgcc atatagccca 2054
 aattcgcaga agaaaacgcc acatggcgaa tatctaacgg taaattaagc aaataccga 2114
 ctaaccccggt taaaccaagc aataaaocaa aacacagatt tcccataatc gaaccgtaat 2174
 tatcatgcca gtattctgca aatttgtagc gcatattacg ggtcaacaga cggcgtaaaa 2234
 taggggtgatt tcttagtcgc atttttaagt tcaaataatt actacgatta tcaaaataac 2294
 cagaaataat ccagaaaag aataaccaga aaccgcgaat ggcggaac cataaggacc 2354
 ctttcatcgg atcaagggat ttttgttggt aggcaatctc cgcgtcactc aataaagggtg 2414
 taccaacata atgttgatag cctagcgcaa gcaaacaagc cacagaaatc gctaaagtga 2474
 cattacccaa gactgccact gtttgcgagc gaaacacatc gatcagcagt tgagctaatt 2534
 gcagattaac ggatttgcct tgtccattat ccaccgtttc tgcaaacgt gctgca 2590

<210> 79

<211> 129

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 79

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

65	70	75	80
Leu Asn Asp Phe Ala Ala Val Asn Ala Glu Tyr Glu Arg Phe Phe Lys			
	85	90	95
Glu Asn Asn His Pro Ser Phe Pro Ala Arg Ser Cys Val Glu Val Ala			
	100	105	110
Arg Leu Pro Lys Asp Val Gly Ile Glu Ile Glu Ala Ile Ala Val Lys			
	115	120	125
Ala			

<210> 80
 <211> 6642
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (463) .. (1884)

<220>
 <223> yleA

<400> 80
 aaccagctc agataagttt aattctggct atggaaagtg gaccaaattcc ttcgatctcc 60
 caggtttcta aggcgcgata cgggcaaata cgagtatttt cgatatactg ccaagcacct 120
 agttgtttta agagattaac ggaagcaaca ctgatcgcag aaatgcgaag atcgtaaggc 180
 gaattaggtt gaaactgtgg gagtggggcg tgttcgataa gctggacttg atgtccttgt 240
 ttacgtaagc caagcgcaca ggctgcacca accatgccac cgccaaccac gatcatgtct 300
 ttttgtatga cgtccatagg attttccttt tctttttggt acgtattcta ccgtcaatga 360
 gggaatttca aaagaaatct ctttttttagc tagccagcat aggttcaaga ctgtaaaata 420
 gtcagtcaca tttttatagg ttaactgaat tttttaaacg at atg acg caa aaa 474
 Met Thr Gln Lys
 1

tta cat att aaa acg tgg ggt tgt cag atg aat gaa tat gat tca tct	522
Leu His Ile Lys Thr Trp Gly Cys Gln Met Asn Glu Tyr Asp Ser Ser	
5 10 15 20	
aaa atg gca gat ctc tta aac agt act cac ggc tta gag tta aca gaa	570
Lys Met Ala Asp Leu Leu Asn Ser Thr His Gly Leu Glu Leu Thr Glu	

25	30	35	
att ccg gaa gaa gcg gat gtg tta ttg tta aac act tgc tca att cgt	618		
Ile Pro Glu Glu Ala Asp Val Leu Leu Leu Asn Thr Cys Ser Ile Arg			
40	45	50	
gaa aaa gca caa gaa aaa gtt ttc cat caa tta gga cgt tgg aaa gaa	666		
Glu Lys Ala Gln Glu Lys Val Phe His Gln Leu Gly Arg Trp Lys Glu			
55	60	65	
tta aag aaa cat aag ccg gga ctc gtt atc ggt gtt ggg ggc tgt gtt	714		
Leu Lys Lys His Lys Pro Gly Leu Val Ile Gly Val Gly Gly Cys Val			
70	75	80	
gcc tca caa gaa gga gaa cac att cgt act cgt gct cct tat gtc gat	762		
Ala Ser Gln Glu Gly Glu His Ile Arg Thr Arg Ala Pro Tyr Val Asp			
85	90	95	100
att att ttt gga cca caa acc tta cat cgt tta cct gaa atg atc aat	810		
Ile Ile Phe Gly Pro Gln Thr Leu His Arg Leu Pro Glu Met Ile Asn			
105	110	115	
cag atc aga ggt ggt aaa agc tca gta gtc gat gtc agt ttt cca gaa	858		
Gln Ile Arg Gly Gly Lys Ser Ser Val Val Asp Val Ser Phe Pro Glu			
120	125	130	
att gaa aaa ttc gac cgt tta cca gaa ccg cgt gca gaa ggt cca act	906		
Ile Glu Lys Phe Asp Arg Leu Pro Glu Pro Arg Ala Glu Gly Pro Thr			
135	140	145	
gct ttc gta tcc att atg gaa ggc tgt aat aaa tat tgc tca ttc tgt	954		
Ala Phe Val Ser Ile Met Glu Gly Cys Asn Lys Tyr Cys Ser Phe Cys			
150	155	160	
gtc gtg cct tat acg cgt ggt gaa gaa gtc agt cgt cca gtg gat gat	1002		
Val Val Pro Tyr Thr Arg Gly Glu Glu Val Ser Arg Pro Val Asp Asp			
165	170	175	180
gta tta ttt gaa att gca cag ttg gca gag caa ggc gtg cgt gaa gtg	1050		
Val Leu Phe Glu Ile Ala Gln Leu Ala Glu Gln Gly Val Arg Glu Val			
185	190	195	
aat tta tta gga caa aac gtg aac gct tat cgt ggt gca act cat gat	1098		
Asn Leu Leu Gly Gln Asn Val Asn Ala Tyr Arg Gly Ala Thr His Asp			
200	205	210	
gac ggt att tgt act ttt gcg gaa ttg tta cgt tta gta gcc gct att	1146		
Asp Gly Ile Cys Thr Phe Ala Glu Leu Leu Arg Leu Val Ala Ala Ile			
215	220	225	
gat ggt att gac cgt tta cgt ttt acc acc agt cac cca att gag ttc	1194		
Asp Gly Ile Asp Arg Leu Arg Phe Thr Thr Ser His Pro Ile Glu Phe			

230	235	240	
act gat gac att att gat gtg tac cgt gat acg cca gag ttg gtg agt			1242
Thr Asp Asp Ile Ile Asp Val Tyr Arg Asp Thr Pro Glu Leu Val Ser			
245	250	255	260
ttc tta cac tta cct gta caa agt ggt tct gat cgt gtg tta tct atg			1290
Phe Leu His Leu Pro Val Gln Ser Gly Ser Asp Arg Val Leu Ser Met			
	265	270	275
atg aaa cgc aat cat acg gca tta gaa tat aaa tcg att att cgg aag			1338
Met Lys Arg Asn His Thr Ala Leu Glu Tyr Lys Ser Ile Ile Arg Lys			
	280	285	290
tta aga gcg gtg cgt cca gag att caa att agc tca gat ttt att gtc			1386
Leu Arg Ala Val Arg Pro Glu Ile Gln Ile Ser Ser Asp Phe Ile Val			
	295	300	305
ggt ttc ccg ggc gaa aca gca gaa gat ttc gag caa acc atg aat tta			1434
Gly Phe Pro Gly Glu Thr Ala Glu Asp Phe Glu Gln Thr Met Asn Leu			
	310	315	320
att gca caa gta aat ttt gat atg agt ttc agc ttc att tat tca gca			1482
Ile Ala Gln Val Asn Phe Asp Met Ser Phe Ser Phe Ile Tyr Ser Ala			
325	330	335	340
cgt cca ggc acg cca gca gca gat atg cct gat gat gtg aca gaa gaa			1530
Arg Pro Gly Thr Pro Ala Ala Asp Met Pro Asp Asp Val Thr Glu Glu			
	345	350	355
gag aag aaa caa cgt tta tat gtg ttg caa caa cgc att aac aat caa			1578
Glu Lys Lys Gln Arg Leu Tyr Val Leu Gln Gln Arg Ile Asn Asn Gln			
	360	365	370
gcc gcg caa ttt agt cga gca atg tta ggc aca gaa cag cgc gtg tta			1626
Ala Ala Gln Phe Ser Arg Ala Met Leu Gly Thr Glu Gln Arg Val Leu			
	375	380	385
gtg gaa gga ccc tcg aaa aaa gat tta atg gaa ctc aca ggg cgt aca			1674
Val Glu Gly Pro Ser Lys Lys Asp Leu Met Glu Leu Thr Gly Arg Thr			
	390	395	400
gaa act aat cgt atc gtc aat ttt gtg ggc acg cct gat atg att ggg			1722
Glu Thr Asn Arg Ile Val Asn Phe Val Gly Thr Pro Asp Met Ile Gly			
405	410	415	420
aag ttt gtt gat atc aag atc acg gat gtg ttt act aac tca ctg cgt			1770
Lys Phe Val Asp Ile Lys Ile Thr Asp Val Phe Thr Asn Ser Leu Arg			
	425	430	435
ggt gaa gtc gtt aga act gaa gaa caa atg gga ctt cgc gtt gtt caa			1818
Gly Glu Val Val Arg Thr Glu Glu Gln Met Gly Leu Arg Val Val Gln			

440	445	450	
tcg cca caa atg gtg att aat cgt act cgt aaa gaa gat gaa ctc ggc			1866
Ser Pro Gln Met Val Ile Asn Arg Thr Arg Lys Glu Asp Glu Leu Gly			
455	460	465	
gtg gga cgt tat cac gcg tagtcgtgct atcccttcaa atatttaacc			1914
Val Gly Arg Tyr His Ala			
470			
gctctcgagt ttctcaagag cggttatfff ttatgaaaaa tttttgataa attgaccgct			1974
ctttttattg cttcatttta tgatagacag cgtgttttct gttattcatc gtatttcctt			2034
ttatttcact tcattaataa attattaaat ttcaattgct tatcaaaatt gttgtttttt			2094
gctttttttc tatttatagc atgggtatfff ttatacaca catggcgtat ttctccatat			2154
ttttacaaaa aactgtgact tcaacttaac tattgtttctc tcgtgcttta ctccatttta			2214
taaggcgggt agtttagatc atgttggttt tacaacatat ttgagggtg tttgaagggt			2274
gagcttattt tatagttgag gtgatgatga aaaaatttaa tcctagtata ttggcgttgt			2334
ccatatcaag tctgctactc acatccacat tgacctttgg tcaaattccag caacaagata			2394
aagcactctt tgggtgtgaa gaacatcaag aaagcctact ctttcatcag agcttagtag			2454
aacaaggtag tgataatgtg ccaatttggc gcattccgtc tttattaaga acaaaagacg			2514
gtgtattaat tgccgcccga gataagcgtt ggcaacaccg tggtgactgg ggcgatattg			2574
ataccgcaat ccgaattagt catgatgatg ggaaaacatg gggaaatatt acaacgattt			2634
tggatttgcc atcaaagaat ggggaaaaat ccccatcagc accagatcct gtaacattca			2694
acgcgtgggg agatagacaa aattgtacaa cttactgtaa ttctgctttt ttgatcgatg			2754
ctcagatggt acaagataaa cgtaatggta gaattttttt agcagttgat atgtttgccg			2814
atggagcagg ttttttttgt gtaaaagaca gtggtaatgg gcgcattaat attgatggta			2874
aacagtatcc tatttttaaat gaaaagcaat cgggtcgaca ttgaaccctg tgttcttaac			2934
tctttcactt gctcaacggt caccggaatc acgcggtcaa taaaagtcgg tttccagttt			2994
aaaccggtt gaacaatagc gtgtaattca caaaaacgca tcaccacgcc acgttctgct			3054
tctttgacag tataaaaaacc gctaacgccc cagacaattg caccaatcac cgctgcaatt			3114
ggcaataatt taccaagatt taacgatcca ccagaatgcg agttattgcg ttaccgccca			3174

ttccctgaac cgcctaattt tttcagcaga ttattaaaaa tctcttcaat atcaggtggg 3234
 gattgctctt gattgttttg cttacgacct gactgggttat cattccaatt cggctgaccg 3294
 ccttcattat caggacgctg actctcaggt tttttctgtc cgggtttgcc ccaaggatct 3354
 tgatctgaac cgttcaatga cttacgttc tccatttgtc aaaaaattgt tacttgttta 3414
 aacaaattcc cacagtctaa acaaaatggt ggattaagtc taacgaaact cgttactaaa 3474
 tggggatatt ttttatgatt taaagtgccg ccaataaaaa cgcacaatgg tctcattttt 3534
 acggcttact acctgacttt tgtcctatcg ctttgctcgg catgtttttt cattcacctt 3594
 ataataaatg gcgtcgtgta aggtgggttc cgctaataatt cccctctgcc aagtaaaata 3654
 gtgcacatct aagcactgtg tttgggttaat aaaaaagcc aagtaaaacg gcaagcgggtg 3714
 actaaagagg agttaactaa gtttctgtat gctagcgtac tattgactct tcttgactg 3774
 tgtttgggtt ttattgcggt gaatgaaacc ctagcgtgta tttctttgtt attgttggct 3834
 tatttaagcg ttagccgagt attatttgcg ctgcggttgt tgggcgtgat catgaatttg 3894
 agctattact attatctctt gagtatccct ttattacata aatctttctt actcatggga 3954
 gtaggcacg ttctggcact agttacgttt gttttatcac gttataacaa ggcaccgcag 4014
 gcaacattac aagctgaatc gcacaatacg tttcaaccac aaacaatggt acgtaaaaaa 4074
 ctaggattca ctttgttggc gacatgtttg attgcctttg ccacgaatta tactattcat 4134
 aaatatgaag atattttaac gaatggtgag tcaattattt taaaaacggc acccgttgat 4194
 ccgcgttcct tgatgcaagg ggattatatg acgttgaact atgaaatctt ggcagacatt 4254
 agtgaggaat ggggaaaaaa tttagaagag gaaaaaacac agtattttgt ttatgcgttg 4314
 ttaaaacgag acagcctagg gattgctacc ttgtgtcgtc ttgaaaccaa agcacctaca 4374
 acatttgacg ggtgtacacc aaatatattac ttaccggtga atgtcgcgat gtggtggccg 4434
 cgtttaccaa gtcaagacta cttttttgcc gagggaaaag gtgaatatta tgcacaagct 4494
 gaatatgccg aatatcgctt taaaggggga aaagcgttgt tgttcgctt actagataaa 4554
 aatttaaaag cattataaaa caaaaggcgg tagtgaaccg cttttatggt gtatgccact 4614
 tacttcaccg caatcattga gccaaaatta aagcattgaa accataattc cacttgttga 4674
 aaaccgactt cagctaaacg cattttatgg gcttgaatgc tgtctgtacg catcacattt 4734

tcaagtgcgg tgcgtttttg gctgacttca agttcactgt atccattcgc gcgttttaa 4794
tgatgatgta aatcaatcaa caaggcattc atgttttgat cttcaaaatg aaatttctcg 4854
gatagtacca agatcccatt cggttgtaag ccttggtaaa tcttacttaa taaggctcga 4914
cgatcttcag gtggcagaaa ttgcaaagtg aaatttaaaa ttaccatgaa ggcattttcg 4974
atttcgatat ggcgatatatc atcacaaata atgtccacag gtattgtact ttgataggca 5034
ctaacatgct ggcgacaacg atcgaccatg ggttgtgagt tatcaacacc aatgatcttg 5094
acgccgggtt gattaatatg acgacgtgca gataatgttg ccgcaccgcg cgagcacccc 5154
agatcataga cgttgctatt cgccgtaaca aagcgtgatg ccaacatccc aatagcggtg 5214
atgatgttgg catagccggg aatagagcgt tggatcatgt cgggaaagac ttcagctacg 5274
ctttcatcaa aagtaaaatc cccaattta gcaatgggga gtcgaaaata gagtatcttt 5334
tgtcataatg tattaagac cgagaaaaag tgcggtcatt ttagaagaag tttcgacct 5394
tcacaaataa attatgattt cggaataaaa tgcgccatgg cactttcttc ttgtttaata 5454
cgcacgccta ggataagcaa ataaatgggt aatccaatca atgcggtata ttttgcttgg 5514
cagaaaagcg ataaaccaat taactcggga ataatgttta agaaataatt cgggtgacgt 5574
acgtatttaa acaagaaaaga gcggttaatg tgatgttcg gtaaaatgta aagttttact 5634
gtccaaatct ctttcagttc ataaatcacg taaaatagca tggcgatcgc aaagactaaa 5694
atcgccagcc ctatttgtga ggtgctatta aatgctgtgt tttggttatt agcttcaatg 5754
atcgcgcgga gataaaatac aacatgggca atggataaca gcgtagaatt gcgtttacca 5814
tattgtattg caccttttgc aatcaatgct ttttcatggc ggattgaaat agacagacta 5874
taaaaacgga tcgctaaaat acaggcaaaa gtgatattga taaataacat gtggttatcc 5934
ttaacataat tttattccaa taaagtggcg taatataaca aaaaatccga tgatatggca 5994
tggaataacg cttttatttt gaacgttcat cgcttttctt tttctttatt ggttgatttg 6054
taagcataaa taacctttt atctctcttg gttttccgct ataattgagt gaatttttga 6114
gcataattaa gagtacaaag gattttgaaa tgatgcgtac acattattgc ggtgcattaa 6174
accgtgacaa tatcggacaa gaagtaacat tgagtgggtt ggtgcatcgt cgccgtgatt 6234
tagtggggtt aatttttatt gatatgcgtg atcgtgaagg gattgtacaa gtgtgtttcg 6294

atccaatata	tcaagaagca	ctcaccacag	cagcaagttt	acgtaatgag	ttttgtattc	6354
aaattaaagg	cgaagtgatt	gcccgccag	ataatcaaat	caacaaaaat	atggcaacag	6414
gcgaagtgga	agtgttagca	aaatccctgt	ctatttataa	cagcgcagag	ccattacctc	6474
tcgactttta	ccaaaataat	acggaagaac	agcgttttaa	ataccgttat	ttagacttac	6534
gtcgcccaga	aatggcgcaa	cgttttaaaa	cacgagccaa	aattaccagc	tttgtgcgtc	6594
gctttatgga	cgaacatggt	ttcttagata	ttgaaacacc	gatgttga		6642

<210> 81

<211> 474

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 81

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

1 5 10 15

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

20 25 30

Glu Leu Thr Glu Ile Pro Glu Glu Ala Asp Val Leu Leu Leu Asn Thr

35 40 45

Cys Ser Ile Arg Glu Lys Ala Gln Glu Lys Val Phe His Gln Leu Gly

50 55 60

Arg Trp Lys Glu Leu Lys Lys His Lys Pro Gly Leu Val Ile Gly Val

65 70 75 80

Gly Gly Cys Val Ala Ser Gln Glu Gly Glu His Ile Arg Thr Arg Ala

85 90 95

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

100 105 110

Glu Met Ile Asn Gln Ile Arg Gly Gly Lys Ser Ser Val Val Asp Val

115 120 125

Ser Phe Pro Glu Ile Glu Lys Phe Asp Arg Leu Pro Glu Pro Arg Ala

130 135 140

Glu Gly Pro Thr Ala Phe Val Ser Ile Met Glu Gly Cys Asn Lys Tyr

145 150 155 160

Cys Ser Phe Cys Val Val Pro Tyr Thr Arg Gly Glu Glu Val Ser Arg

165 170 175

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

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

Ala Thr His Asp Asp Gly Ile Cys Thr Phe Ala Glu Leu Leu Arg Leu
210 215 220

Val Ala Ala Ile Asp Gly Ile Asp Arg Leu Arg Phe Thr Thr Ser His
225 230 235 240

Pro Ile Glu Phe Thr Asp Asp Ile Ile Asp Val Tyr Arg Asp Thr Pro
245 250 255

Glu Leu Val Ser Phe Leu His Leu Pro Val Gln Ser Gly Ser Asp Arg
260 265 270

Val Leu Ser Met Met Lys Arg Asn His Thr Ala Leu Glu Tyr Lys Ser
275 280 285

Ile Ile Arg Lys Leu Arg Ala Val Arg Pro Glu Ile Gln Ile Ser Ser
290 295 300

Asp Phe Ile Val Gly Phe Pro Gly Glu Thr Ala Glu Asp Phe Glu Gln
305 310 315 320

Thr Met Asn Leu Ile Ala Gln Val Asn Phe Asp Met Ser Phe Ser Phe
325 330 335

Ile Tyr Ser Ala Arg Pro Gly Thr Pro Ala Ala Asp Met Pro Asp Asp
340 345 350

Val Thr Glu Glu Glu Lys Lys Gln Arg Leu Tyr Val Leu Gln Gln Arg
355 360 365

Ile Asn Asn Gln Ala Ala Gln Phe Ser Arg Ala Met Leu Gly Thr Glu
370 375 380

Gln Arg Val Leu Val Glu Gly Pro Ser Lys Lys Asp Leu Met Glu Leu
385 390 395 400

Thr Gly Arg Thr Glu Thr Asn Arg Ile Val Asn Phe Val Gly Thr Pro
405 410 415

Asp Met Ile Gly Lys Phe Val Asp Ile Lys Ile Thr Asp Val Phe Thr
420 425 430

Asn Ser Leu Arg Gly Glu Val Val Arg Thr Glu Glu Gln Met Gly Leu
435 440 445

Arg Val Val Gln Ser Pro Gln Met Val Ile Asn Arg Thr Arg Lys Glu

450

455

460

Asp Glu Leu Gly Val Gly Arg Tyr His Ala
465 470

<210> 82

<211> 4835

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (407) .. (1156)

<220>

<223> yojB

<400> 82

```

gtcaacgacg gggcgggtct tagaacattg gcatacgggt acgatgacac gccgtgtccc 60
agagctccat cgctccttcc caaataactt ggtttggatg caccattag atgcgaaaaa 120
acgtggttta cgtcattggc ataaagtga gatcagctca cgtcgtggcg aaatgatttc 180
tcacttagat acccgtggac gtaataaagt ccacaaggc ttagtttaca ccactttctt 240
tgatgcaggt cagttagcaa actatctcac tttagatgcg acagacccaa tttcaaaaga 300
aacggacttc aaaaaatgtg cgggtcaaagt ggaaaaagcg taacacgtta aatttaatga 360
ggaacgaccg cactttgctt tcagtaaagt gcggttggaa agtcga atg aaa aaa    415
                                   Met Lys Lys
                                   1

aca gtt gtg aat cct gaa cgt cgt cga ttt ttt aaa gag gct acg cgc    463
Thr Val Val Asn Pro Glu Arg Arg Arg Phe Phe Lys Glu Ala Thr Arg
      5              10              15

act gca ggc ggg ttg gca ggc gtg act ttg ctc ctt ggt ttg caa caa    511
Thr Ala Gly Gly Leu Ala Gly Val Thr Leu Leu Leu Gly Leu Gln Gln
      20              25              30              35

aag cag agt ctt gcg cgc gaa ggc gtg gcg tta cgc cca cct ttt gcc    559
Lys Gln Ser Leu Ala Arg Glu Gly Val Ala Leu Arg Pro Pro Phe Ala
              40              45              50

ctt gag aat gag aaa gcg ttt tct gct gcg tgc att cgt tgt ggt cag    607
Leu Glu Asn Glu Lys Ala Phe Ser Ala Ala Cys Ile Arg Cys Gly Gln
              55              60              65

tgt gta caa gcc tgt cca cat gag atg ttg cat ctt gcc tca ctg att    655
Cys Val Gln Ala Cys Pro His Glu Met Leu His Leu Ala Ser Leu Ile

```

70	75	80	
tca ccg atg gaa gca ggt aca ccg tat ttc att gcg cgc gat aag ccc			703
Ser Pro Met Glu Ala Gly Thr Pro Tyr Phe Ile Ala Arg Asp Lys Pro			
85	90	95	
tgt gaa atg tgt gtg gat att cct tgt gca aaa gcc tgc cca acc ggt			751
Cys Glu Met Cys Val Asp Ile Pro Cys Ala Lys Ala Cys Pro Thr Gly			
100	105	110	115
gca ttg gat aat caa gca aca gaa atc gat gat gcg cgt atg ggg tta			799
Ala Leu Asp Asn Gln Ala Thr Glu Ile Asp Asp Ala Arg Met Gly Leu			
120	125	130	
gct gtc ctg cta gat cat gaa act tgt ctg aac tgg caa ggt tta cgc			847
Ala Val Leu Leu Asp His Glu Thr Cys Leu Asn Trp Gln Gly Leu Arg			
135	140	145	
tgt gat gtg tgt tat cgc gtc tgt ccg ctg att aat aaa gcg att acg			895
Cys Asp Val Cys Tyr Arg Val Cys Pro Leu Ile Asn Lys Ala Ile Thr			
150	155	160	
tta gtg atg cat cgt aat gag cgt acg ggt aag cac gcc gtc ttt atc			943
Leu Val Met His Arg Asn Glu Arg Thr Gly Lys His Ala Val Phe Ile			
165	170	175	
cca aca gtg cat tcc gaa gcc tgt aca gga tgt ggc aaa tgt gaa gaa			991
Pro Thr Val His Ser Glu Ala Cys Thr Gly Cys Gly Lys Cys Glu Glu			
180	185	190	195
gct tgc gtt cta gaa gaa gcg gca atc aaa gtg tta ccg atg gca tta			1039
Ala Cys Val Leu Glu Ala Ala Ile Lys Val Leu Pro Met Ala Leu			
200	205	210	
gcg aaa ggc atg tta ggt aaa cat tac cgt tta ggt tgg gaa gag aaa			1087
Ala Lys Gly Met Leu Gly Lys His Tyr Arg Leu Gly Trp Glu Glu Lys			
215	220	225	
gaa aaa gcc ggg cat tcc ctt gcg cca gaa ggc att att tct ctc ccg			1135
Glu Lys Ala Gly His Ser Leu Ala Pro Glu Gly Ile Ile Ser Leu Pro			
230	235	240	
act cgg tta ccg gag agc ttg taatggcaaaa ttcaccaaaa tatgcgggta			1186
Thr Arg Leu Pro Glu Ser Leu			
245	250		
aagaagcacg agaaaagtta ggctggtggt acgccaatcg ctttttgttc tggcgacggt			1246
taaccagct gagtattcctt gccatgtttt taagcggacc ttattttggg gtgtggatct			1306
tgaaaggcaa ttacagtagt agtccttttgc ttgatttgat cccgatgact gatcctttga			1366

ttatggcaga aagtctcgcg accggtttta tgcctaccat gaccgcgttg ttgggtgccc 1426
 tgattgtggt ggtgctttat gccattttag ggagtcgcgt tttctgtgct tgggtttgtc 1486
 cgttaaacad cgtgacagat gcgtccgctt ggctcagacg taaattagaa attcgtcaat 1546
 cggcaaaaact cccacgaagt ttacgctatg cgatcttagt gatgattttg ttaggcagtg 1606
 cgctaagcgg gttattactt tgggaatggc tcaatccggt tgcagcacta ggtcgtgcgt 1666
 taatttacgg tttcgggtgcg acagtttggc ttgttcttgc ggtgttttta tttgatttat 1726
 ttattgtcga gcatggttgg tgtgggcatt tatgcccaat aggtgcagcc tatggtgtga 1786
 ttggtgcgaa aggacttttt cgtatcaaag ttgagcatcg ccaacaatgt gataattgca 1846
 tggattgcta taacgtctgt ccagaaccac aagtgttacg cgatccatta catgcaaaaa 1906
 agagtgaag cccacttgtg ctttcaaaag attgtatcag ctgtggacgt tgtatcgacg 1966
 tttgccctga aaaagtatth atttttacaa cacgatttaa tcattcagtt aatcattcgg 2026
 gggagtgatc aaaatgaaaa aaacaatgct aattttgacc gcactttttg cttcacgggt 2086
 caatgccaat gaagtcaaag tgggcaaaaag ttacaagat tcacctgaaa atatcgcgcc 2146
 agccttcac aatacaccaa aagaaagtgg cttggcgccg ttaaactatg tgaaccaacc 2206
 accgatggtg ccacacgcga cgaaaaacta tcaggtgacg aaaaatatca accaatgttt 2266
 aacttgtcat agcccagaag cctcacgtgt tactggtgca acacgcatca gtccaacca 2326
 ctttatggat cgtgatggta acattgtcgg aggcacctca cctcgccgtt acttctgttt 2386
 acaatgccat gtctctcaat ctgatgttga gccgattatt caaatgaat ttaaaccgat 2446
 ggctggtttt ggtaaataag ttaaggacgg aactatgttg aacttaatta aacgcttttg 2506
 gaaatggttt cgctcgcca gtcgtattgc cgttggtacc ttgattacc ttgcttttat 2566
 tgcaggtatt gtctcttggg ttgggtttta ttatggctta gagcaaacca atacagagga 2626
 attctgtgtt agttgtcaca gtaatgatgt gtatccagaa tatttacata cggcgatta 2686
 tttaaatcgc agtggagtaa aagccacttg tcttgattgc catgtaccgc acgaatttat 2746
 tccaaaaatg atccgtaaag tccaagccag tcgagaagtg tatgcgcac ttatgggtta 2806
 tacggatacc attgataaat ttaactcccg tcgtttgcat atggcagaac gtgaatgggc 2866
 acgattaaaa gccataaact cgcaggaatg ccgtaactgc cataactttg agaatatgga 2926

ttttagtcag caaaaaacgg tggcggaaaa aatgcatgca cttgctataa aagaagaaaa 2986
 aacctgtatt gactgtcaca aagggattgc gcaccaatta ccgatatga gcggtgttga 3046
 gtcgggtttt agtacggaac aaaaataaca cttttcttgt tctcccacag gaaatctgca 3106
 tcgtattcag gtgcagattt ttttattttt acgatcatcc tcacaacctt ttcgctgata 3166
 aataggatac aacgctagct acacgctatc ttgctgcttt ttgtgttggt gtgagggatt 3226
 atgtcatctt atctgcctct tttattacgt ttgttacaaa ttccgcgttt gggttcgctg 3286
 gcgatccagc gtttatttga gcacatcagt ccagcggaat taatggaata tgatacaaaa 3346
 gcctttcaac agataggctg gacggcacag cagattcagc gttggtttac gcctgagaac 3406
 cgttatattg atccccggtt agcctgggta aacgaacaac aacatattgt ggattgggtt 3466
 gatcctcatt atcctccctt gttaaagcaa acagaagagg caccacttgt cttgtttgtg 3526
 aaaggggaag tggctacgct atctgcacag caagtggcga tcgtgggcag tcgtcattgt 3586
 tcacgttatg gggaatactg ggcaaattat ttcgccactc aactggctta tgccgatatt 3646
 gtggtgacca gtggttttag gttaggtatt gatggtttct cacatcaagc ggtagtggat 3706
 atccacggga agacgattgc agtattaggc agtggtttag aggtcattta tccgaaaaaa 3766
 caccgaggtt tagccgaaaa aattattgaa catcaagggtg cgttagtgct tgaattttta 3826
 cttttccaac cccctgtggc agaaaatttt ccacgtcgta atcgcatat tagtggttta 3886
 tctttgggga cattagtcatt tgaagcctca gaaaacagtg gttctttaat tactgcccgc 3946
 tatgcttttag agcaaaatcg agatgttttt gcgttaccgg ggcagattca gcatggattt 4006
 agccaagggt gtcataaaact gattaaacag ggggcaatat tagtcgaaag tattcaggat 4066
 attttagaac atctctcgcc ttattcgcat tgtgccatgc cagcgttgcc tcgtacggag 4126
 aacgcctttt ctcaacaagt aacagacaca tcaaccatca atactgcgcg gataacgcca 4186
 gaacatccgg aattatatgc caaaattggc tatatgcccg tcagtattga tgtattagcc 4246
 caacaagtca atctacctat tgatacctta ttagtacagc ttttaacctt ggaattgcaa 4306
 gacttgattg ttgctgaaaa tggattatat cagcgcaaat aacggaaaga gtaaccacaa 4366
 atgagaaagg actgtgttga aacggctatc aacatcagtc cttgcagtat attatctcat 4426
 atgacacgag acggcagttt catgagatta atagagacta aacgcttgta aatacggtag 4486

tttgctcgtg ttagcattt tctcaatatt gcctttgtga tcatcacgac ctaagcctcg 4546
tagctcaata ttgataccaa tacttttgtc ataaaaaatt tgattcgccg tttggttttc 4606
tttgctggtc acactacgtc gggcaccaac attaatcgcc caacagcaag tgctgtattc 4666
tagtcccaaa tattgctcaa caggctttct caacgcaaga tcttgataat gacgtgctac 4726
caccgccccat tgatccgtga gtgcccattgc cacagttaga ccaagctggt ttatgtcttg 4786
tccgtagcgg ttcgccgctg aggtgaggtt ttggtcaata tattgttga 4835

<210> 83

<211> 250

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 83

Met Lys Lys Thr Val Val Asn Pro Glu Arg Arg Arg Phe Phe Lys Glu
1 5 10 15

Ala Thr Arg Thr Ala Gly Gly Leu Ala Gly Val Thr Leu Leu Leu Gly
20 25 30

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

Pro Phe Ala Leu Glu Asn Glu Lys Ala Phe Ser Ala Ala Cys Ile Arg
50 55 60

Cys Gly Gln Cys Val Gln Ala Cys Pro His Glu Met Leu His Leu Ala
65 70 75 80

Ser Leu Ile Ser Pro Met Glu Ala Gly Thr Pro Tyr Phe Ile Ala Arg
85 90 95

Asp Lys Pro Cys Glu Met Cys Val Asp Ile Pro Cys Ala Lys Ala Cys
100 105 110

Pro Thr Gly Ala Leu Asp Asn Gln Ala Thr Glu Ile Asp Asp Ala Arg
115 120 125

Met Gly Leu Ala Val Leu Leu Asp His Glu Thr Cys Leu Asn Trp Gln
130 135 140

Gly Leu Arg Cys Asp Val Cys Tyr Arg Val Cys Pro Leu Ile Asn Lys
145 150 155 160

Ala Ile Thr Leu Val Met His Arg Asn Glu Arg Thr Gly Lys His Ala
165 170 175

Val Phe Ile Pro Thr Val His Ser Glu Ala Cys Thr Gly Cys Gly Lys
180 185 190

Cys Glu Glu Ala Cys Val Leu Glu Glu Ala Ala Ile Lys Val Leu Pro
195 200 205

Met Ala Leu Ala Lys Gly Met Leu Gly Lys His Tyr Arg Leu Gly Trp
210 215 220

Glu Glu Lys Glu Lys Ala Gly His Ser Leu Ala Pro Glu Gly Ile Ile
225 230 235 240

Ser Leu Pro Thr Arg Leu Pro Glu Ser Leu
245 250

<210> 84

<211> 3494

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (2411) .. (2719)

<220>

<223> yyaM

<400> 84

gtcaacgatc cgaatacgac ggaagaaaac tatatgcaag tcatttatgg caagactgcg 60
cgtctattcg aagctgcgac gcattgcgcc gcgatacttg ctcatgcgac ggaagcccaa 120
gaaaatgctt tacgcgaata tggttgttat ctaggcacag cttttcaatt agtcgatgat 180
attttagatt atagtgcaga tgcaaaagca ctcggaacaa atattggtga tgatttagcg 240
gaaggtaaac caacattacc gttattacac gccatgcatc acggcaatcc agcacaagca 300
aaattgattc gcgaagcgat tgagcaaggg ggtaagcgtg atattttaga ggatgtactg 360
acaattatga cagaacataa atccctcgac tatgcgatga tgcgcgctaa acaagaagca 420
caaaaagccg ttgatgcgat tgcattattg cctgaaaatg aatataaaca agcgttaatt 480
tcattagctt acttatccgt cgatcgcgct tattaaccac ttaataaggc gagacatgtt 540
agcgtaacga ccgcctaaag tgcggtcatt tathtagtaa ttttaaacac gacaatgaca 600
gaacaaaaca tccctacgaa aaaaacacgc aaaggcaaag atcctcacgc gccttttgta 660

cgcgaaaaat tatccctacc aaatgggcat aacaaattgt tattgcattc ttgttgtgcg 720
 ccttgctcgg gagaagtaat ggaggcaatt catgcttcag gtattgaatt tactatttac 780
 ttctacaacc caaacattca cccattaaaa gaatatctca ttcgtaaaga agaaaatatt 840
 cgttttgcgg aaaaatgggg cattccgttt attgatgccg attatgatcg tcaagaatgg 900
 tttgaccgtg ccaaaggcat ggaagatgag ccagagcggtg gtattcggtg cactatgtgc 960
 tttgatatgc gttttgaaaa agccgcagaa tatgcacaca acaatgggtt ccccgatttt 1020
 actagctgct taggtatttc acgttggaag gacatgaacc aaatcaacgg ttgtggacac 1080
 cgtgccgccg aaaaatatga tgatgtagtg tattgggatt ataactggcg taaaggtggg 1140
 ggctcacaac gtatgattga aatcagtaag cgtgaacgtt tttaccagca agaattattgc 1200
 gggtgtgtgt attctttgcg tgacacgaat aaatggcggtg aagcaaacgg acgcaaaaaa 1260
 attgaaattg gcaaattgta ttattccgcc gattaaaaca accaagtaaa ccatcggtgc 1320
 gtcataatac atggcggcac ttttttaggc tttatatatg caacgttttc gccaatcttt 1380
 cgaaaccta tgctaacgcc tcttcactaa tatttaatgc tggggcaaaa cgcaatacat 1440
 taggaccgc cactaaaatc attaagccat tatctgctgc ttttttgaca aattcgctcg 1500
 ctcttcctg atattgctcg ataagtctg caccaattaa caaaccttcg ccacggattt 1560
 ctttaaataa gccacattgc tgattaattt cttgcagctt ttgcataaat ttttcagaag 1620
 tgcgctgaat tttttgcaag aatgggtgggt ctgaaatgat atcaatcact ttttctgcca 1680
 cggcacaagc gagaggattg ccaccaaagg tgggtgccatg cacgccaggt gcaaaacttt 1740
 tggcgatctc atgcgttgtc aacgaatgag aaaattgtga cagattgggc tccaacggga 1800
 cgtgcggatg agattgggga tacgcaagta cgttatgaaa ttgagcaggt gagttctagc 1860
 aattatagtg cactgtttgt ctccatttta cagatgaaac gtaatgaggt ggtatttagt 1920
 ccacatttag cggataaaca acgttatagt tctgatcgct tgaaccaact tgttggtgaa 1980
 ttagatgctg cttatcgtaa acaagtccgt gatttgaata acagcggatt gatgccaaat 2040
 cagtctgtat tcggtacgga cagtaatggg cgtactgctc tcgtgttagg cgcacccttt 2100
 aatcatgctg ggacaaaact aggacaagtt ttaccgcagc ttgaatttga tattaaagat 2160
 gaaattattg gtcgtggggg aaggaggtta aaataccgtc cagctggagc aaaaagttgg 2220

tgggtggccat ttggtcgtgc tgaaggcagt agcggactga aaacaggtac ctattttatg 2280
 cagttaagcg ccttagggaa gcaaagtgcg gtggtgatga ccgatgatga tggcaatgcg 2340
 ttatctgggg agcaagctca ggcgctttat caagcattac aaaatctctt agcgaaataa 2400
 tacagtcaag atg act aaa ctc agt atc cag cga gat aac ttg att tgt 2449
 Met Thr Lys Leu Ser Ile Gln Arg Asp Asn Leu Ile Cys
 1 5 10
 ttg agt tat gtc gca tta atg gga ttc ggc ttt ccc att atg cgt tat 2497
 Leu Ser Tyr Val Ala Leu Met Gly Phe Gly Phe Pro Ile Met Arg Tyr
 15 20 25
 atg agt att cat ttt gat aca tta aat aat aac gct gtt cgc ttt ctc 2545
 Met Ser Ile His Phe Asp Thr Leu Asn Asn Asn Ala Val Arg Phe Leu
 30 35 40 45
 tca ggg ggc agc gtt ttt att tta gcc tgt ttt ttt tat tat cgc gct 2593
 Ser Gly Gly Ser Val Phe Ile Leu Ala Cys Phe Phe Tyr Tyr Arg Ala
 50 55 60
 gag tta aca tct tcg ggg gct ggc gtc cag tcc gtt gcg atg ttg ccg 2641
 Glu Leu Thr Ser Ser Gly Ala Gly Val Gln Ser Val Ala Met Leu Pro
 65 70 75
 agt tca agt tta ggt ttc tta ata ttg aaa act gta cca tct ttt tca 2689
 Ser Ser Ser Leu Gly Phe Leu Ile Leu Lys Thr Val Pro Ser Phe Ser
 80 85 90
 tac gtt aca atc tca aca ctt aat cgc gtt tgaccttcg atttttgata 2739
 Tyr Val Thr Ile Ser Thr Leu Asn Arg Val
 95 100
 gtcaaagact actgagtaac gcttgtagtc gcgtgaatcg actgttacat aagccgatat 2799
 gtcagaataa gtactgccgg tatatcgtct taatctaaga ttaagcttgc cacttttggt 2859
 cgataaagcg tcaaacgaaa gcacgacttt accgtccttg acttccacct gatcttcaat 2919
 gagcacttga cttagtgcca ccaatcgacc gttggcagtc agtgctgcaa tgccgtgatc 2979
 cgtatcaagc gttacaccgc tattttttcc ccagttttta ttgagctttt cactatgttt 3039
 cagtaagttt ctgccaccaa tctgcaactg attaaactta gcttcaagcg tttcactctt 3099
 gactgcaagc gacttgtttt cattgctaac cgtctgctca agtgctgtga ttttgatgt 3159
 taaatctaac ttagttgcat tgacttcac agtcattct gactttaact cttttctcgc 3219
 aagtgcgcc acttcatctt tgctagcttt cgtttctttt aagtcagaaa tgccactagt 3279

atTTTgcgcc actTTtagaat cgagcgtttc tagTTTTgta gagaaagatt tgtctttttc 3339
gctagccggt ttttgaatta gctgtatttc actttcgctc aatccaactc tagcagttag 3399
actgtctagc ttgtcagcag tagatttatt cacagtcgct tgtgattgct tgtgttgaat 3459
aatatccgcg cttacttccg agatagccac gtcga 3494

<210> 85
<211> 103
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida

<400> 85
Met Thr Lys Leu Ser Ile Gln Arg Asp Asn Leu Ile Cys Leu Ser Tyr
1 5 10 15
Val Ala Leu Met Gly Phe Gly Phe Pro Ile Met Arg Tyr Met Ser Ile
20 25 30
His Phe Asp Thr Leu Asn Asn Asn Ala Val Arg Phe Leu Ser Gly Gly
35 40 45
Ser Val Phe Ile Leu Ala Cys Phe Phe Tyr Tyr Arg Ala Glu Leu Thr
50 55 60
Ser Ser Gly Ala Gly Val Gln Ser Val Ala Met Leu Pro Ser Ser Ser
65 70 75 80
Leu Gly Phe Leu Ile Leu Lys Thr Val Pro Ser Phe Ser Tyr Val Thr
85 90 95
Ile Ser Thr Leu Asn Arg Val
100

<210> 86
<211> 19
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: PRIMER

<400> 86
aggccggtac cggccgcct 19

<210> 87
<211> 19
<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: PRIMER

<400> 87

cggccggtac cggcctagg

19

<210> 88

<211> 18

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 88

catggtaccc attctaac

18

<210> 89

<211> 18

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 89

ctaggtacct acaacctc

18

<210> 90

<211> 119

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: transposon
insert

<220>

<221> misc_feature

<222> 25

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

<220>

<221> misc_feature

<222> 25

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

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 27
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 29
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 31
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 33
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 35
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 37
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 39
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 41
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 43
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 45
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 47

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

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 49
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 51
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 53
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 55
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 57
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 59
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 61
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 63
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 65
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 67
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 69
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 71
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 73
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 75
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 77
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 79
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 81
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 85
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 87
 <223> n = A or T or G or C

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 89
 <223> n = A or T or G or C

<220>

<221> misc_feature
<222> 91
<223> n = A or T or G or C

<220>
<221> misc_feature
<222> 93
<223> n = A or T or G or C

<400> 90
ctaggtacct acaacctcaa gcttnknknk nknknknknk nknknknknk nknknknknk 60

nknknknknk nknknknknk nknknknknk nknkaagctt ggtagaatg ggtaccatg 119

<210> 91
<211> 18
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 91
tacctacaac ctcaagct 18

<210> 92
<211> 18
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 92
taccatttct aaccaagc 18

<210> 93
<211> 19
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 93
tacctacaac ctcaagctt 19

<210> 94
 <211> 20
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 94
 tacccattct aaccaagctt 20

<210> 95
 <211> 19
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 95
 ggcagagcat tacgctgac 19

<210> 96
 <211> 27
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 96
 gtaccggcca ggcggccacg cgtattc 27

<210> 97
 <211> 531
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <223> atpG

<400> 97
 tgttgagctt ggttttagtag ggtcgaaagg cgtaagcttt taccaaaatc taggcttaaa 60
 cgtgagatct caagtaacgg gattaggcga taatccggaa atggaacgta tcgtgggcgc 120
 agttaatgaa atgattaatg cgttcogaaa cggagaagtg gatgcggttt acgtcgctta 180
 caaccgtttt gaaaatacga tgtcacaaaa acctgttatc gcacagttac ttccgttacc 240

taaactagat gacgatgaat tagatacgaa aggttcatgg gattatattt atgaaccgaa 300
tccacaagtt ttattggata gtttacttgt tcgttattta gaaactcagg tataccaagc 360
agttgtagat aacctagctt ctgaacaagc cgctcgaatg gtagcgatga aagccgcaac 420
agataatgcg ggtacattaa tcgatgaatt acaattagtg tataacaaag ctcgccaagc 480
aagcattaca aatgaattaa acgaaattgt tgcgggtgcc gcagcaattt a 531

<210> 98

<211> 25

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 98

tctccattcc cttgctgcgg caccc 25

<210> 99

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 99

ggattacagc cggatccggg 20

<210> 100

<211> 1034

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<223> cap5E

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1032)

<400> 100

atg ttt aaa aat aaa aca ctt tta att aca ggt gga acg ggt tct ttt 48

Met Phe Lys Asn Lys Thr Leu Leu Ile Thr Gly Gly Thr Gly Ser Phe

1

5

10

15

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

```

210                215                220

aaa gcc ccc gca gca acc att ggt acc ctt gcc aaa gca att acc gaa 720
Lys Ala Pro Ala Ala Thr Ile Gly Thr Leu Ala Lys Ala Ile Thr Glu
225                230                235                240

tta tta tct gtc cca aat cac cct att tcc att ata ggt acg cgt cat 768
Leu Leu Ser Val Pro Asn His Pro Ile Ser Ile Ile Gly Thr Arg His
245                250                255

gga gag aaa gca ttc gaa gct tta tta agc cgt gaa gaa atg gtt cat 816
Gly Glu Lys Ala Phe Glu Ala Leu Leu Ser Arg Glu Glu Met Val His
260                265                270

gca att aat gaa ggt aat tat tat cgc atc cca gcc gat caa cgc agt 864
Ala Ile Asn Glu Gly Asn Tyr Tyr Arg Ile Pro Ala Asp Gln Arg Ser
275                280                285

tta aat tac agt aaa tat gtc gaa aaa ggg gaa cca aaa att acc gaa 912
Leu Asn Tyr Ser Lys Tyr Val Glu Lys Gly Glu Pro Lys Ile Thr Glu
290                295                300

gtc acc gac tac aac tca cat aat act gag cgt ttg act gtc aag gaa 960
Val Thr Asp Tyr Asn Ser His Asn Thr Glu Arg Leu Thr Val Lys Glu
305                310                315                320

atg aag cag tta ctg ctt aaa ctt gaa ttc ata cag aaa atg att gag 1008
Met Lys Gln Leu Leu Leu Lys Leu Glu Phe Ile Gln Lys Met Ile Glu
325                330                335

ggt gaa tac atc tca ccg gag gta ta 1034
Gly Glu Tyr Ile Ser Pro Glu Val
340

```

<210> 101

<211> 344

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 101

```

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

Gly Asn Ala Val Leu Lys Arg Phe Leu Glu Thr Asp Ile Arg Glu Ile
20                25                30

Arg Val Phe Ser Arg Asp Glu Lys Lys Gln Asp Asp Met Arg Lys Lys
35                40                45

Tyr Asn Asp Ala Lys Leu Lys Phe Tyr Ile Gly Asp Val Arg Asp Tyr
50                55                60

```

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

Gly Glu Tyr Ile Ser Pro Glu Val
340

<210> 102

<211> 4931

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<223> fhaB2

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (4929)

<220>

<221> misc_feature

<222> 4894

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

<400> 102

atg aac aaa aat cgt tac aaa ctc att ttt agt caa gtc aaa ggt tgt	48
Met Asn Lys Asn Arg Tyr Lys Leu Ile Phe Ser Gln Val Lys Gly Cys	
1 5 10 15	

ctc gtt cct gtg gca gaa tgt att aac tca gct att agc aat ggt tca	96
Leu Val Pro Val Ala Glu Cys Ile Asn Ser Ala Ile Ser Asn Gly Ser	
20 25 30	

tct gat tca aca tcc aca tca gaa caa gtt gaa gag gaa cct ttc ctt	144
Ser Asp Ser Thr Ser Thr Ser Glu Gln Val Glu Glu Glu Pro Phe Leu	
35 40 45	

cta gaa caa tat tca ctt tcc tcc gtg tct tta tta gta aaa agc acg	192
Leu Glu Gln Tyr Ser Leu Ser Ser Val Ser Leu Leu Val Lys Ser Thr	
50 55 60	

ttc aat cct gtt tcg tat gca atg caa ttg act tgg aaa cag ctt tct	240
Phe Asn Pro Val Ser Tyr Ala Met Gln Leu Thr Trp Lys Gln Leu Ser	
65 70 75 80	

att tta ttt tta act gtg att tct gtt cct gtt ttg gct gag gga aaa	288
Ile Leu Phe Leu Thr Val Ile Ser Val Pro Val Leu Ala Glu Gly Lys	
85 90 95	

ggg gat gaa aga aat caa tta aca gtg att gat aat agc gat cat att	336
Gly Asp Glu Arg Asn Gln Leu Thr Val Ile Asp Asn Ser Asp His Ile	
100 105 110	

aaa tta gat gca tct aat ctt gct ggt aat gat aaa aca aaa atc tat	384
Lys Leu Asp Ala Ser Asn Leu Ala Gly Asn Asp Lys Thr Lys Ile Tyr	

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

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

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

740	745	750	
caa gat aaa acc gat att aaa gtt gtg aaa atg ggg gct atc cgt tct			2304
Gln Asp Lys Thr Asp Ile Lys Val Val Lys Met Gly Ala Ile Arg Ser			
755	760	765	
gat ggt gat ttt gac ttt aag gga ata aag gcg aca tca tca gaa tca			2352
Asp Gly Asp Phe Asp Phe Lys Gly Ile Lys Ala Thr Ser Ser Glu Ser			
770	775	780	
aaa ccg cag tta att aat cat gga tta att aat gtc aaa gga aca ttt			2400
Lys Pro Gln Leu Ile Asn His Gly Leu Ile Asn Val Lys Gly Thr Phe			
785	790	795	800
aat gcg gaa gct gat caa gtg gtg aac caa atg aaa gcg ttt aac caa			2448
Asn Ala Glu Ala Asp Gln Val Val Asn Gln Met Lys Ala Phe Asn Gln			
805	810	815	
aat gca tta gca agc gtg ttt aag aat cca gcg aaa atc acg atg tac			2496
Asn Ala Leu Ala Ser Val Phe Lys Asn Pro Ala Lys Ile Thr Met Tyr			
820	825	830	
tat caa cca ctt act cgt tat att tgg aca cca tta tcg ggt aat gca			2544
Tyr Gln Pro Leu Thr Arg Tyr Ile Trp Thr Pro Leu Ser Gly Asn Ala			
835	840	845	
tcg cgt gaa ttt aac aat tta gag tct ttc ctc gat gcc ttg ttt ggc			2592
Ser Arg Glu Phe Asn Asn Leu Glu Ser Phe Leu Asp Ala Leu Phe Gly			
850	855	860	
tca aca aca atc tta aaa tca agt ttc tat agt acg gaa aat ttt agt			2640
Ser Thr Thr Ile Leu Lys Ser Ser Phe Tyr Ser Thr Glu Asn Phe Ser			
865	870	875	880
gct tat cag ctt cta tct cat att cag cat tca cca atg tac caa aaa			2688
Ala Tyr Gln Leu Leu Ser His Ile Gln His Ser Pro Met Tyr Gln Lys			
885	890	895	
gcg atg gca caa gtg ttt ggt gca gag tgg cat agt aaa tcc tat gat			2736
Ala Met Ala Gln Val Phe Gly Ala Glu Trp His Ser Lys Ser Tyr Asp			
900	905	910	
gag atg cga aac aaa tgg aaa agc ttt aaa gaa aat cca aca gat ttc			2784
Glu Met Arg Asn Lys Trp Lys Ser Phe Lys Glu Asn Pro Thr Asp Phe			
915	920	925	
att tat tac cca tca gaa aaa gca aaa atc cta gcg gga aaa cta gaa			2832
Ile Tyr Tyr Pro Ser Glu Lys Ala Lys Ile Leu Ala Gly Lys Leu Glu			
930	935	940	
ggt aag ctt aca acg cta caa aat ggt gaa tat gcc gaa cgt ggt aag			2880
Gly Lys Leu Thr Thr Leu Gln Asn Gly Glu Tyr Ala Glu Arg Gly Lys			

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

1155	1160	1165	
tta ttc gaa aaa aga aaa caa aaa cac gaa gca gaa cag aaa gca aga			3552
Leu Phe Glu Lys Arg Lys Gln Lys His Glu Ala Glu Gln Lys Ala Arg			
1170	1175	1180	
ata gaa aaa gca ctt cta caa aaa tca gaa caa caa gaa aaa cgt gtt			3600
Ile Glu Lys Ala Leu Leu Gln Lys Ser Glu Gln Gln Glu Lys Arg Val			
1185	1190	1195	1200
gaa gaa cgt aag caa gag gaa aaa cgt caa gcg caa gat aaa att gct			3648
Glu Glu Arg Lys Gln Glu Glu Lys Arg Gln Ala Gln Asp Lys Ile Ala			
1205	1210	1215	
aag caa gta gaa att gca aaa gaa atg caa cgg gta gaa gaa att cgc			3696
Lys Gln Val Glu Ile Ala Lys Glu Met Gln Arg Val Glu Glu Ile Arg			
1220	1225	1230	
cag aga gaa aaa caa ctt gcg atc caa ctg caa gaa gaa gag aag aaa			3744
Gln Arg Glu Lys Gln Leu Ala Ile Gln Leu Gln Glu Glu Glu Lys Lys			
1235	1240	1245	
caa caa gaa gaa aaa cat tta tcc gag gag aaa aaa caa gct gaa cag			3792
Gln Gln Glu Glu Lys His Leu Ser Glu Glu Lys Lys Gln Ala Glu Gln			
1250	1255	1260	
aaa caa aaa gct gag gag aaa gtt gca caa gaa aga tta gac att gaa			3840
Lys Gln Lys Ala Glu Glu Lys Val Ala Gln Glu Arg Leu Asp Ile Glu			
1265	1270	1275	1280
caa cag aaa gcg tat gaa gaa atg gcg aag cga gag gca gag gca tca			3888
Gln Gln Lys Ala Tyr Glu Glu Met Ala Lys Arg Glu Ala Glu Ala Ser			
1285	1290	1295	
aaa aat gtt tta ttg aaa gcg att gat gaa gaa cgt cca aaa gtg gaa			3936
Lys Asn Val Leu Leu Lys Ala Ile Asp Glu Glu Arg Pro Lys Val Glu			
1300	1305	1310	
act gat cca ctt ttc cgt aca aaa ttg aaa tat atc aat caa gat gac			3984
Thr Asp Pro Leu Phe Arg Thr Lys Leu Lys Tyr Ile Asn Gln Asp Asp			
1315	1320	1325	
tat gct ggt gca aat tat ttc ttc aat aaa gtt ggt tta aat aca aaa			4032
Tyr Ala Gly Ala Asn Tyr Phe Phe Asn Lys Val Gly Leu Asn Thr Lys			
1330	1335	1340	
ggt cat caa aaa gta aat gtg tta ggg gat aac tat ttt gat cat caa			4080
Gly His Gln Lys Val Asn Val Leu Gly Asp Asn Tyr Phe Asp His Gln			
1345	1350	1355	1360
gtg att act cgc tcg att gag aaa aaa gta gat aac cac ctt aac caa			4128
Val Ile Thr Arg Ser Ile Glu Lys Lys Val Asp Asn His Leu Asn Gln			

1365	1370	1375	
aaa tac aat ctc agc gat gtg gaa tta gtt aaa cag ctg atg gac aat			4176
Lys Tyr Asn Leu Ser Asp Val Glu Leu Val Lys Gln Leu Met Asp Asn			
1380	1385	1390	
tcc aca aca caa gcg cag gag ttg gat ttg aaa cta ggt gcg gca tta			4224
Ser Thr Thr Gln Ala Gln Glu Leu Asp Leu Lys Leu Gly Ala Ala Leu			
1395	1400	1405	
act aaa gaa caa caa gct aac ttg acc caa gat atc gtt tgg tat gtc			4272
Thr Lys Glu Gln Gln Ala Asn Leu Thr Gln Asp Ile Val Trp Tyr Val			
1410	1415	1420	
aaa acg aag gta aag ggc aaa gat gtg ttt gtt cca aag gtt tat ttc			4320
Lys Thr Lys Val Lys Gly Lys Asp Val Phe Val Pro Lys Val Tyr Phe			
1425	1430	1435	1440
gct tct gaa acg ctc gta gaa gcc caa aaa tta caa ggt tta ggc act			4368
Ala Ser Glu Thr Leu Val Glu Ala Gln Lys Leu Gln Gly Leu Gly Thr			
1445	1450	1455	
ggg act atc aga gtt ggt gaa gct aag att aaa gcc aaa gat gtg gtg			4416
Gly Thr Ile Arg Val Gly Glu Ala Lys Ile Lys Ala Lys Asp Val Val			
1460	1465	1470	
aat acc ggg aca tta gct ggg aga aaa ctc aat gtt gaa gcg agt aat			4464
Asn Thr Gly Thr Leu Ala Gly Arg Lys Leu Asn Val Glu Ala Ser Asn			
1475	1480	1485	
aaa atc aaa aat caa ggg agt atc tta agt act caa gaa aca cgt tta			4512
Lys Ile Lys Asn Gln Gly Ser Ile Leu Ser Thr Gln Glu Thr Arg Leu			
1490	1495	1500	
gtc ggg cgt aaa ggt att gaa aac gta tct cgt tca ttt gca aat gat			4560
Val Gly Arg Lys Gly Ile Glu Asn Val Ser Arg Ser Phe Ala Asn Asp			
1505	1510	1515	1520
gaa tta gga gtc act gca caa cgc tca gaa atc aaa acg gaa ggt cat			4608
Glu Leu Gly Val Thr Ala Gln Arg Ser Glu Ile Lys Thr Glu Gly His			
1525	1530	1535	
tta cat ctt gaa aca gat aag gat tca act att gat gta caa gca tcg			4656
Leu His Leu Glu Thr Asp Lys Asp Ser Thr Ile Asp Val Gln Ala Ser			
1540	1545	1550	
gat att aaa gca aaa aca agc ttt gtg aag act ggt gat gtg aat ctc			4704
Asp Ile Lys Ala Lys Thr Ser Phe Val Lys Thr Gly Asp Val Asn Leu			
1555	1560	1565	
aaa aat aca tac aat act aaa cat gcc tac cgt gag aaa ttc tcg ccg			4752
Lys Asn Thr Tyr Asn Thr Lys His Ala Tyr Arg Glu Lys Phe Ser Pro			

1570 1575 1580

agt gca cta caa gtt gca gaa ctt gat gtg gca ggg ctt aaa gtc cca 4800
 Ser Ala Leu Gln Val Ala Glu Leu Asp Val Ala Gly Leu Lys Val Pro
 1585 1590 1595 1600

ctt tta ggc gtg tcc gtc tcc atc cag ttt att cag agc ata cta gtg 4848
 Leu Leu Gly Val Ser Val Ser Ile Gln Phe Ile Gln Ser Ile Leu Val
 1605 1610 1615

agg caa ctt caa gag gga tca atc ttc gaa gta ggg cac tta cat ntt 4896
 Arg Gln Leu Gln Glu Gly Ser Ile Phe Glu Val Gly His Leu His Xaa
 1620 1625 1630

gcg gta gac aga aga tgt gaa cca agc ggg gag ta 4931
 Ala Val Asp Arg Arg Cys Glu Pro Ser Gly Glu
 1635 1640

<210> 103
 <211> 1643
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 1632
 <223> Xaa = any or unknown amino acid

<400> 103
 Met Asn Lys Asn Arg Tyr Lys Leu Ile Phe Ser Gln Val Lys Gly Cys
 1 5 10 15

 Leu Val Pro Val Ala Glu Cys Ile Asn Ser Ala Ile Ser Asn Gly Ser
 20 25 30

 Ser Asp Ser Thr Ser Thr Ser Glu Gln Val Glu Glu Glu Pro Phe Leu
 35 40 45

 Leu Glu Gln Tyr Ser Leu Ser Ser Val Ser Leu Leu Val Lys Ser Thr
 50 55 60

 Phe Asn Pro Val Ser Tyr Ala Met Gln Leu Thr Trp Lys Gln Leu Ser
 65 70 75 80

 Ile Leu Phe Leu Thr Val Ile Ser Val Pro Val Leu Ala Glu Gly Lys
 85 90 95

 Gly Asp Glu Arg Asn Gln Leu Thr Val Ile Asp Asn Ser Asp His Ile
 100 105 110

 Lys Leu Asp Ala Ser Asn Leu Ala Gly Asn Asp Lys Thr Lys Ile Tyr

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

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

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

930	935	940
Gly Lys Leu Thr Thr Leu Gln Asn Gly Glu Tyr Ala Glu Arg Gly Lys		
945	950	955 960
Phe Asp Glu Ser Ile Gln Ile Gly Lys His Gln Leu Ser Leu Pro Ser		
965	970	975
Val Glu Leu Lys Ala Glu Phe Ser Asp Lys Glu Arg Leu Glu Glu Asp		
980	985	990
Gly Val Asp Leu Ser Ser Ile Ala Glu Leu Leu Glu Met Pro Asn Leu		
995	1000	1005
Phe Ile Asp Asn Ser Ile Gln Leu Glu Lys Lys Lys Leu Ser Pro Ile		
1010	1015	1020
Glu Asp Leu Asp Glu Glu Pro Arg Lys Asn Leu Asp Ile Glu Glu Ser		
1025	1030	1035 1040
His Ser Asn Ser Ser Asp Asp Val Leu Ser Met Asn Asp Asp Glu Ser		
1045	1050	1055
Asp Thr Asp Asp Ser Lys Trp Ser Met Gly Asn Asp Glu Lys Glu Met		
1060	1065	1070
Pro Asp Asp Lys Leu Gly Ile Ser Arg Asp Asp Arg Gly Asn Lys Pro		
1075	1080	1085
Pro Arg Thr Asp Pro Thr Val Asp Tyr Leu Asn Pro Asp Glu Phe Phe		
1090	1095	1100
Glu Asn Gly Tyr Leu Leu Asn Glu Leu Leu Gln Glu Leu Gly Glu Glu		
1105	1110	1115 1120
Pro Leu Leu Lys Glu Gly Glu Asp His Phe Lys Arg Ser Thr Asn Leu		
1125	1130	1135
Val Arg Leu Gly Glu Arg Asp Arg Gln Asn Arg Glu Lys Arg Glu Lys		
1140	1145	1150
Glu Gly Tyr Phe Asp Leu Pro Gly Thr Leu Asp Met Lys Leu Gln Glu		
1155	1160	1165
Leu Phe Glu Lys Arg Lys Gln Lys His Glu Ala Glu Gln Lys Ala Arg		
1170	1175	1180
Ile Glu Lys Ala Leu Leu Gln Lys Ser Glu Gln Gln Glu Lys Arg Val		
1185	1190	1195 1200
Glu Glu Arg Lys Gln Glu Glu Lys Arg Gln Ala Gln Asp Lys Ile Ala		

1205	1210	1215
Lys Gln Val Glu Ile Ala Lys Glu Met Gln Arg Val Glu Glu Ile Arg		
1220	1225	1230
Gln Arg Glu Lys Gln Leu Ala Ile Gln Leu Gln Glu Glu Glu Lys Lys		
1235	1240	1245
Gln Gln Glu Glu Lys His Leu Ser Glu Glu Lys Lys Gln Ala Glu Gln		
1250	1255	1260
Lys Gln Lys Ala Glu Glu Lys Val Ala Gln Glu Arg Leu Asp Ile Glu		
1265	1270	1275
Gln Gln Lys Ala Tyr Glu Glu Met Ala Lys Arg Glu Ala Glu Ala Ser		
1285	1290	1295
Lys Asn Val Leu Leu Lys Ala Ile Asp Glu Glu Arg Pro Lys Val Glu		
1300	1305	1310
Thr Asp Pro Leu Phe Arg Thr Lys Leu Lys Tyr Ile Asn Gln Asp Asp		
1315	1320	1325
Tyr Ala Gly Ala Asn Tyr Phe Phe Asn Lys Val Gly Leu Asn Thr Lys		
1330	1335	1340
Gly His Gln Lys Val Asn Val Leu Gly Asp Asn Tyr Phe Asp His Gln		
1345	1350	1355
Val Ile Thr Arg Ser Ile Glu Lys Lys Val Asp Asn His Leu Asn Gln		
1365	1370	1375
Lys Tyr Asn Leu Ser Asp Val Glu Leu Val Lys Gln Leu Met Asp Asn		
1380	1385	1390
Ser Thr Thr Gln Ala Gln Glu Leu Asp Leu Lys Leu Gly Ala Ala Leu		
1395	1400	1405
Thr Lys Glu Gln Gln Ala Asn Leu Thr Gln Asp Ile Val Trp Tyr Val		
1410	1415	1420
Lys Thr Lys Val Lys Gly Lys Asp Val Phe Val Pro Lys Val Tyr Phe		
1425	1430	1435
Ala Ser Glu Thr Leu Val Glu Ala Gln Lys Leu Gln Gly Leu Gly Thr		
1445	1450	1455
Gly Thr Ile Arg Val Gly Glu Ala Lys Ile Lys Ala Lys Asp Val Val		
1460	1465	1470
Asn Thr Gly Thr Leu Ala Gly Arg Lys Leu Asn Val Glu Ala Ser Asn		

1475	1480	1485
Lys Ile Lys Asn Gln Gly Ser Ile Leu Ser Thr Gln Glu Thr Arg Leu		
1490	1495	1500
Val Gly Arg Lys Gly Ile Glu Asn Val Ser Arg Ser Phe Ala Asn Asp		
1505	1510	1515 1520
Glu Leu Gly Val Thr Ala Gln Arg Ser Glu Ile Lys Thr Glu Gly His		
1525	1530	1535
Leu His Leu Glu Thr Asp Lys Asp Ser Thr Ile Asp Val Gln Ala Ser		
1540	1545	1550
Asp Ile Lys Ala Lys Thr Ser Phe Val Lys Thr Gly Asp Val Asn Leu		
1555	1560	1565
Lys Asn Thr Tyr Asn Thr Lys His Ala Tyr Arg Glu Lys Phe Ser Pro		
1570	1575	1580
Ser Ala Leu Gln Val Ala Glu Leu Asp Val Ala Gly Leu Lys Val Pro		
1585	1590	1595 1600
Leu Leu Gly Val Ser Val Ser Ile Gln Phe Ile Gln Ser Ile Leu Val		
1605	1610	1615
Arg Gln Leu Gln Glu Gly Ser Ile Phe Glu Val Gly His Leu His Xaa		
1620	1625	1630
Ala Val Asp Arg Arg Cys Glu Pro Ser Gly Glu		
1635	1640	

<210> 104

<211> 2009

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<223> hmbR

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (2007)

<400> 104

atc	cgt	ggc	gtt	gat	aaa	gat	cgt	gtc	gct	gtt	att	gtt	gat	gga	ata	48
Ile	Arg	Gly	Val	Asp	Lys	Asp	Arg	Val	Ala	Val	Ile	Val	Asp	Gly	Ile	
1					5				10					15		

ccg	cag	gct	gaa	tcg	act	ata	tct	act	tcc	gca	cgt	tat	tcg	act	gaa	96
Pro	Gln	Ala	Glu	Ser	Thr	Ile	Ser	Thr	Ser	Ala	Arg	Tyr	Ser	Thr	Glu	

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

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

gca ctg aat cat gaa ata agt tac cgt ttc caa aat caa tat gcc cat	1344
Ala Leu Asn His Glu Ile Ser Tyr Arg Phe Gln Asn Gln Tyr Ala His	
435 440 445	
ttc agc gtc ggg ctt ttc cgt aca cgt tat cat aac ttt att caa gaa	1392
Phe Ser Val Gly Leu Phe Arg Thr Arg Tyr His Asn Phe Ile Gln Glu	
450 455 460	
cgt gag atg acc tgt gat aaa att cca tat gag tat aat agg act tat	1440
Arg Glu Met Thr Cys Asp Lys Ile Pro Tyr Glu Tyr Asn Arg Thr Tyr	
465 470 475 480	
gga tat tgc acg cat aat act tat gta atg ttt gtt aat gaa cct gaa	1488
Gly Tyr Cys Thr His Asn Thr Tyr Val Met Phe Val Asn Glu Pro Glu	
485 490 495	
gcc gtg att aaa ggg gtt gaa gta agc ggt gct tta aat ggg tcg gca	1536
Ala Val Ile Lys Gly Val Glu Val Ser Gly Ala Leu Asn Gly Ser Ala	
500 505 510	
ttc gga ctt tcc gac ggt tta act ttc cgt ctc aaa ggg agc tac agc	1584
Phe Gly Leu Ser Asp Gly Leu Thr Phe Arg Leu Lys Gly Ser Tyr Ser	
515 520 525	
aaa ggt caa aat cat gac ggc gat ccg tta aaa tct att caa cca tgg	1632
Lys Gly Gln Asn His Asp Gly Asp Pro Leu Lys Ser Ile Gln Pro Trp	
530 535 540	
aca gtg gta acc ggt att gat tac gaa act gaa ggg tgg agc gtg agt	1680
Thr Val Val Thr Gly Ile Asp Tyr Glu Thr Glu Gly Trp Ser Val Ser	
545 550 555 560	
ttg agc ggg cgt tat agt gcg gct aaa aaa gcc aaa gat gcg ata gaa	1728
Leu Ser Gly Arg Tyr Ser Ala Ala Lys Lys Ala Lys Asp Ala Ile Glu	
565 570 575	
acg gaa tac aca cat gat aaa aag gtt gtc aaa caa tgg ccg cat tta	1776
Thr Glu Tyr Thr His Asp Lys Lys Val Val Lys Gln Trp Pro His Leu	
580 585 590	
agt cca tcc tac ttt gtt gtt gat ttt acg ggg caa gtt aac ctc agt	1824
Ser Pro Ser Tyr Phe Val Val Asp Phe Thr Gly Gln Val Asn Leu Ser	
595 600 605	
aaa aat gtc att ttg aat atg ggg gta ttt aac ttg ttc aat cgt gat	1872
Lys Asn Val Ile Leu Asn Met Gly Val Phe Asn Leu Phe Asn Arg Asp	
610 615 620	
tat atg acg tgg gac agt gca tat aac ttg ttt act agg ggg tat act	1920
Tyr Met Thr Trp Asp Ser Ala Tyr Asn Leu Phe Thr Arg Gly Tyr Thr	

625					630					635					640		
tcc	cgt	tct	gtc	cgt	gct	aac	agc	cca	ggc	att	aat	cgg	ttt	acc	gca	1968	
Ser	Arg	Ser	Val	Arg	Ala	Asn	Ser	Pro	Gly	Ile	Asn	Arg	Phe	Thr	Ala		
				645					650					655			

cca aaa cgt aat ttt gct gcc tcg gtg gaa att cgt ttt ta 2009
Pro Lys Arg Asn Phe Ala Ala Ser Val Glu Ile Arg Phe
660 665

```
<210> 105
<211> 669
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida
```

<400> 105
Ile Arg Gly Val Asp Lys Asp Arg Val Ala Val Ile Val Asp Gly Ile
1 5 10 15

Pro Gln Ala Glu Ser Thr Ile Ser Thr Ser Ala Arg Tyr Ser Thr Glu
20 25 30

Arg His Asn Gly Asn Ile Asn Asn Ile Glu Tyr Glu Asn Val Ser Ser
35 40 45

Leu Lys Val Gln Lys Gly Ala Ala Ser Val Met Tyr Gly Ser Gly Ala
50 55 60

Leu Gly Gly Thr Val Glu Phe Thr Thr Lys Asp Ile Glu Asp Phe Val
65 70 75 80

Glu Pro Gly Arg His Leu Gly Phe Leu Ser Lys Thr Gly Tyr Thr Ser
85 90 95

Lys Asn Arg Glu Tyr Arg Gln Val Ile Gly Val Gly Gly Lys Gly Glu
100 105 110

His Phe Phe Gly Phe Val Gln Leu Thr Lys Arg Trp Gly His Glu Thr
115 120 125

Ile Asn Asn Gly Lys Gly Thr Asp Ile Leu Gly Glu His Arg Gly Lys
130 135 140

Pro Asn Pro Leu Asn Tyr Tyr Thr Thr Ser Trp Leu Thr Lys Val Gly
145 150 155 160

Tyr Asp Ile Asn Asn Thr His Arg Phe Thr Leu Phe Leu Glu Asp Arg
165 170 175

Arg Glu Lys Lys Leu Thr Glu Glu Lys Thr Leu Gly Leu Ser Asp Ala
180 185 190

Val	Arg	Phe	Ala	Asn	Asp	Gln	Thr	Pro	Tyr	Leu	Arg	Tyr	Gly	Ile	Glu
195						200						205			
Tyr	Arg	Tyr	Asn	Gly	Leu	Ser	Trp	Leu	Glu	Thr	Val	Lys	Leu	Phe	Leu
210						215						220			
Ala	Lys	Gln	Lys	Ile	Glu	Gln	Arg	Ser	Ala	Leu	Gln	Glu	Phe	Asp	Ile
225						230						235			
Asn	Asn	Arg	Asn	Lys	Leu	Asp	Ser	Thr	Met	Ser	Phe	Val	Tyr	Leu	Gln
			245						250						
Arg	Gln	Asn	Ile	Ala	Arg	Gly	Glu	Phe	Ser	Thr	Ser	Pro	Leu	Tyr	Trp
			260						265						
Gly	Pro	Ser	Arg	His	Arg	Leu	Ser	Ala	Lys	Phe	Glu	Phe	Arg	Asp	Lys
275						280						285			
Phe	Leu	Glu	Asn	Met	Asn	Lys	His	Phe	Thr	Phe	Arg	Pro	Trp	Gln	Ile
290						295						300			
Asn	Arg	Phe	Arg	Gln	Gln	Gly	Arg	Asn	Asn	Tyr	Thr	Glu	Val	Phe	Pro
305						310						315			
Val	Lys	Ser	Arg	Glu	Phe	Ser	Phe	Ser	Leu	Met	Asp	Asp	Ile	Lys	Ile
			325						330						
Gly	Glu	Leu	Leu	His	Leu	Gly	Leu	Gly	Gly	Arg	Trp	Asp	His	Tyr	Asn
			340						345						
Tyr	Lys	Pro	Leu	Leu	Asn	Ser	Gln	His	Asn	Ile	Asn	Arg	Thr	Gln	Arg
355						360						365			
Leu	Pro	Tyr	Pro	Lys	Thr	Ser	Ser	Lys	Phe	Ser	Tyr	Gln	Leu	Ser	Leu
370						375						380			
Glu	Tyr	Gln	Leu	His	Pro	Ser	His	Gln	Ile	Ala	Tyr	Arg	Leu	Ser	Thr
385						390						395			
Gly	Phe	Arg	Val	Pro	Arg	Val	Glu	Asp	Leu	Tyr	Phe	Glu	Asp	Arg	Gly
			405						410						
Lys	Ser	Ser	Ser	Gln	Phe	Leu	Pro	Asn	Pro	Asp	Leu	Gln	Pro	Glu	Thr
			420						425						
Ala	Leu	Asn	His	Glu	Ile	Ser	Tyr	Arg	Phe	Gln	Asn	Gln	Tyr	Ala	His
435						440						445			
Phe	Ser	Val	Gly	Leu	Phe	Arg	Thr	Arg	Tyr	His	Asn	Phe	Ile	Gln	Glu
450						455						460			

Arg Glu Met Thr Cys Asp Lys Ile Pro Tyr Glu Tyr Asn Arg Thr Tyr
 465 470 475 480

Gly Tyr Cys Thr His Asn Thr Tyr Val Met Phe Val Asn Glu Pro Glu
 485 490 495

Ala Val Ile Lys Gly Val Glu Val Ser Gly Ala Leu Asn Gly Ser Ala
 500 505 510

Phe Gly Leu Ser Asp Gly Leu Thr Phe Arg Leu Lys Gly Ser Tyr Ser
 515 520 525

Lys Gly Gln Asn His Asp Gly Asp Pro Leu Lys Ser Ile Gln Pro Trp
 530 535 540

Thr Val Val Thr Gly Ile Asp Tyr Glu Thr Glu Gly Trp Ser Val Ser
 545 550 555 560

Leu Ser Gly Arg Tyr Ser Ala Ala Lys Lys Ala Lys Asp Ala Ile Glu
 565 570 575

Thr Glu Tyr Thr His Asp Lys Lys Val Val Lys Gln Trp Pro His Leu
 580 585 590

Ser Pro Ser Tyr Phe Val Val Asp Phe Thr Gly Gln Val Asn Leu Ser
 595 600 605

Lys Asn Val Ile Leu Asn Met Gly Val Phe Asn Leu Phe Asn Arg Asp
 610 615 620

Tyr Met Thr Trp Asp Ser Ala Tyr Asn Leu Phe Thr Arg Gly Tyr Thr
 625 630 635 640

Ser Arg Ser Val Arg Ala Asn Ser Pro Gly Ile Asn Arg Phe Thr Ala
 645 650 655

Pro Lys Arg Asn Phe Ala Ala Ser Val Glu Ile Arg Phe
 660 665

<210> 106

<211> 908

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<223> lgtC

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (906)

<400> 106

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

195	200	205	
aat ttc atg cca aat caa ctt gaa aga ata aaa caa tac cat aaa gga			672
Asn Phe Met Pro Asn Gln Leu Glu Arg Ile Lys Gln Tyr His Lys Gly			
210	215	220	
aaa ttg agc aac tta cat tct tta gaa aaa aca acg atg cct gtc gtt			720
Lys Leu Ser Asn Leu His Ser Leu Glu Lys Thr Thr Met Pro Val Val			
225	230	235	240
att tca cat tat tgt ggt cca gaa aaa gcg tgg cat gcg gat tgt aaa			768
Ile Ser His Tyr Cys Gly Pro Glu Lys Ala Trp His Ala Asp Cys Lys			
245	250	255	
cat ttt aat gta tat ttc tat cag aaa ata tta gca gaa ata acg aga			816
His Phe Asn Val Tyr Phe Tyr Gln Lys Ile Leu Ala Glu Ile Thr Arg			
260	265	270	
ggc acg gat aaa gaa cgc gta tta tct ata aaa act tat ctc aag gcc			864
Gly Thr Asp Lys Glu Arg Val Leu Ser Ile Lys Thr Tyr Leu Lys Ala			
275	280	285	
ttg att aga agg att aga tat aaa ttc aaa tat caa gtc tat ta			908
Leu Ile Arg Arg Ile Arg Tyr Lys Phe Lys Tyr Gln Val Tyr			
290	295	300	

<210> 107

<211> 302

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 107

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

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

<210> 108

<211> 2054

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<223> pnp

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (2052)

<400> 108

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

acc gcg tta att gaa aaa gtg aaa gcg att gca gaa gcg cgt tta ggc	672
Thr Ala Leu Ile Glu Lys Val Lys Ala Ile Ala Glu Ala Arg Leu Gly	
210 215 220	
gaa gca tac cgt atc act gaa aaa caa gca cgt tat gaa caa att gat	720
Glu Ala Tyr Arg Ile Thr Glu Lys Gln Ala Arg Tyr Glu Gln Ile Asp	
225 230 235 240	
gcg att aaa gct gat gtg att gca caa atc aca gct gaa gta gca gaa	768
Ala Ile Lys Ala Asp Val Ile Ala Gln Ile Thr Ala Glu Val Ala Glu	
245 250 255	
ggc gaa gac atc agt gaa ggg aaa att gtc gat att ttc acc gca ctt	816
Gly Glu Asp Ile Ser Glu Gly Lys Ile Val Asp Ile Phe Thr Ala Leu	
260 265 270	
gaa agc caa atc gta cgt agc cgt atc att gct ggt gaa cca cgt att	864
Glu Ser Gln Ile Val Arg Ser Arg Ile Ile Ala Gly Glu Pro Arg Ile	
275 280 285	
gat ggt cgt aca gtg gat act gtt cgt gca tta gat att tgt act ggt	912
Asp Gly Arg Thr Val Asp Thr Val Arg Ala Leu Asp Ile Cys Thr Gly	
290 295 300	
gtt tta cca cgt aca cac ggt tct gcg att ttc acc cgt ggt gaa aca	960
Val Leu Pro Arg Thr His Gly Ser Ala Ile Phe Thr Arg Gly Glu Thr	
305 310 315 320	
cag gcg tta gct gtc gcg aca tta ggt aca gaa cgt gat gca caa att	1008
Gln Ala Leu Ala Val Ala Thr Leu Gly Thr Glu Arg Asp Ala Gln Ile	
325 330 335	
att gat gaa tta aca ggt gag cgt tca gat cac ttc tta ttc cac tac	1056
Ile Asp Glu Leu Thr Gly Glu Arg Ser Asp His Phe Leu Phe His Tyr	
340 345 350	
aac ttc ccg cca tat tct gtg ggt gaa acc ggt atg att ggt tca cca	1104
Asn Phe Pro Pro Tyr Ser Val Gly Glu Thr Gly Met Ile Gly Ser Pro	
355 360 365	
aaa cgt cgt gaa att ggt cat ggt cgt tta gcg aaa cgc ggt gta gct	1152
Lys Arg Arg Glu Ile Gly His Gly Arg Leu Ala Lys Arg Gly Val Ala	
370 375 380	
gca gtg atg cca aca ctt gcc gag ttc ccg tat gtg gta cgt gtt gtc	1200
Ala Val Met Pro Thr Leu Ala Glu Phe Pro Tyr Val Val Arg Val Val	
385 390 395 400	
tct gaa atc aca gaa tca aat ggt tct tct tct atg gca tcg gtt tgt	1248
Ser Glu Ile Thr Glu Ser Asn Gly Ser Ser Ser Met Ala Ser Val Cys	

405	410	415	
ggt gcg tct tta gca tta atg gat gcg ggt gta cca att aaa gcg gcg			1296
Gly Ala Ser Leu Ala Leu Met Asp Ala Gly Val Pro Ile Lys Ala Ala			
420	425	430	
ggt gca ggt att gca atg ggc tta gtc aaa gaa gac gaa aaa ttt gtg			1344
Val Ala Gly Ile Ala Met Gly Leu Val Lys Glu Asp Glu Lys Phe Val			
435	440	445	
gtg ctt tca gac atc tta ggt gat gaa gat cac tta ggt gac atg gac			1392
Val Leu Ser Asp Ile Leu Gly Asp Glu Asp His Leu Gly Asp Met Asp			
450	455	460	
ttc aaa gtc gcg ggt aca cgt acg ggt gtg acg gca tta caa atg gat			1440
Phe Lys Val Ala Gly Thr Arg Thr Gly Val Thr Ala Leu Gln Met Asp			
465	470	475	480
atc aaa atc gaa ggt atc aca gca gaa atc atg caa att gcg tta aac			1488
Ile Lys Ile Glu Gly Ile Thr Ala Glu Ile Met Gln Ile Ala Leu Asn			
485	490	495	
caa gcg aaa agc gca cgt tta cac att tta ggt gtg atg gag caa gcg			1536
Gln Ala Lys Ser Ala Arg Leu His Ile Leu Gly Val Met Glu Gln Ala			
500	505	510	
atc cca gcg cca cgt gcg gat att tct gat ttt gca ccg cgt att tac			1584
Ile Pro Ala Pro Arg Ala Asp Ile Ser Asp Phe Ala Pro Arg Ile Tyr			
515	520	525	
act atg aaa att gat ccg aag aaa atc aaa gat gtg atc ggt aaa ggt			1632
Thr Met Lys Ile Asp Pro Lys Lys Ile Lys Asp Val Ile Gly Lys Gly			
530	535	540	
ggt gca acc att cgt gcc tta aca gaa gaa aca ggt acc tca att gat			1680
Gly Ala Thr Ile Arg Ala Leu Thr Glu Glu Thr Gly Thr Ser Ile Asp			
545	550	555	560
atc gat gat gat ggt acg gtg aag att gct gcg gtt gat ggc aat tca			1728
Ile Asp Asp Asp Gly Thr Val Lys Ile Ala Ala Val Asp Gly Asn Ser			
565	570	575	
gca aaa gag gtg atg gcg cgt att gaa gat att act gca gaa gtt gaa			1776
Ala Lys Glu Val Met Ala Arg Ile Glu Asp Ile Thr Ala Glu Val Glu			
580	585	590	
gcg ggt gca gtg tat aaa ggt aaa gtt act cgt tta gct gat ttt ggt			1824
Ala Gly Ala Val Tyr Lys Gly Lys Val Thr Arg Leu Ala Asp Phe Gly			
595	600	605	
gcc ttc gtt tct atc gta ggt aac aaa gaa ggc tta gtg cat att tct			1872
Ala Phe Val Ser Ile Val Gly Asn Lys Glu Gly Leu Val His Ile Ser			

610	615	620	
caa atc gcg gaa gag cgt gtt gag aaa gtg agt gat tat ctt gca gtg			1920
Gln Ile Ala Glu Glu Arg Val Glu Lys Val Ser Asp Tyr Leu Ala Val			
625	630	635	640
ggg caa gaa gtg act gtt aaa gtg gtt gag att gat cgt caa ggt cgt			1968
Gly Gln Glu Val Thr Val Lys Val Val Glu Ile Asp Arg Gln Gly Arg			
645	650	655	
att cgt tta acc atg aaa gaa gtt gca cca aag caa gaa cac gtt gat			2016
Ile Arg Leu Thr Met Lys Glu Val Ala Pro Lys Gln Glu His Val Asp			
660	665	670	
tct gtt gtc gca gac gtt gcc gca gaa gaa aac gca ta			2054
Ser Val Val Ala Asp Val Ala Ala Glu Glu Asn Ala			
675	680		
<210> 109			
<211> 684			
<212> PRT			
<213> Pasteurella multocida			
<400> 109			
Met Ala Ser Met Asp Asp Thr Thr Val Phe Val Thr Val Val Ala Lys			
1	5	10	15
Lys Asp Val Lys Glu Gly Gln Asp Phe Phe Pro Leu Thr Val Asn Tyr			
20	25	30	
Gln Glu Arg Thr Tyr Ala Ala Gly Arg Ile Pro Gly Gly Phe Phe Lys			
35	40	45	
Arg Glu Gly Arg Pro Ser Glu Gly Glu Thr Leu Ile Ala Arg Leu Ile			
50	55	60	
Asp Arg Pro Ile Arg Pro Leu Phe Pro Glu Gly Phe Tyr Asn Glu Ile			
65	70	75	80
Gln Ile Val Ala Thr Val Val Ser Val Asn Pro Gln Ile Cys Pro Asp			
85	90	95	
Leu Val Ala Met Ile Gly Ala Ser Ala Ala Leu Ser Leu Ser Gly Val			
100	105	110	
Pro Phe Asn Gly Pro Ile Gly Ala Ala Arg Val Gly Phe Ile Asp Asp			
115	120	125	
Gln Phe Val Leu Asn Pro Thr Met Asn Glu Gln Lys Gln Ser Arg Leu			
130	135	140	
Asp Leu Val Val Ala Gly Thr Asp Lys Ala Val Leu Met Val Glu Ser			

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

Val Ala Gly Ile Ala Met Gly Leu Val Lys Glu Asp Glu Lys Phe Val
435 440 445

Val Leu Ser Asp Ile Leu Gly Asp Glu Asp His Leu Gly Asp Met Asp
450 455 460

Phe Lys Val Ala Gly Thr Arg Thr Gly Val Thr Ala Leu Gln Met Asp
465 470 475 480

Ile Lys Ile Glu Gly Ile Thr Ala Glu Ile Met Gln Ile Ala Leu Asn
485 490 495

Gln Ala Lys Ser Ala Arg Leu His Ile Leu Gly Val Met Glu Gln Ala
500 505 510

Ile Pro Ala Pro Arg Ala Asp Ile Ser Asp Phe Ala Pro Arg Ile Tyr
515 520 525

Thr Met Lys Ile Asp Pro Lys Lys Ile Lys Asp Val Ile Gly Lys Gly
530 535 540

Gly Ala Thr Ile Arg Ala Leu Thr Glu Glu Thr Gly Thr Ser Ile Asp
545 550 555 560

Ile Asp Asp Asp Gly Thr Val Lys Ile Ala Ala Val Asp Gly Asn Ser
565 570 575

Ala Lys Glu Val Met Ala Arg Ile Glu Asp Ile Thr Ala Glu Val Glu
580 585 590

Ala Gly Ala Val Tyr Lys Gly Lys Val Thr Arg Leu Ala Asp Phe Gly
595 600 605

Ala Phe Val Ser Ile Val Gly Asn Lys Glu Gly Leu Val His Ile Ser
610 615 620

Gln Ile Ala Glu Glu Arg Val Glu Lys Val Ser Asp Tyr Leu Ala Val
625 630 635 640

Gly Gln Glu Val Thr Val Lys Val Val Glu Ile Asp Arg Gln Gly Arg
645 650 655

Ile Arg Leu Thr Met Lys Glu Val Ala Pro Lys Gln Glu His Val Asp
660 665 670

Ser Val Val Ala Asp Val Ala Ala Glu Glu Asn Ala
675 680

<210> 110

<211> 1514

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<223> purF

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (1512)

<400> 110

atg tgt ggt att gtt ggt att gtt agc caa agc ccc gtt aac caa tca 48

Met Cys Gly Ile Val Gly Ile Val Ser Gln Ser Pro Val Asn Gln Ser

1 5 10 15

att tat gat gcg tta acc tta ttg caa cac cgc ggg caa gac gcc gcc 96

Ile Tyr Asp Ala Leu Thr Leu Leu Gln His Arg Gly Gln Asp Ala Ala

20 25 30

ggg att gta acc gta gat gat gaa aac cga ttc cgc ttg cgt aaa gcg 144

Gly Ile Val Thr Val Asp Asp Glu Asn Arg Phe Arg Leu Arg Lys Ala

35 40 45

aac ggg tta gtc agc gat gta ttt gaa caa gtt cat atg tta cgt tta 192

Asn Gly Leu Val Ser Asp Val Phe Glu Gln Val His Met Leu Arg Leu

50 55 60

caa ggc aat gct ggc att gga cat gtt cgt tat cct acg gct ggg agc 240

Gln Gly Asn Ala Gly Ile Gly His Val Arg Tyr Pro Thr Ala Gly Ser

65 70 75 80

tca agt gtc tct gaa gcg caa cct ttt tat gta aat tcg cct tat ggc 288

Ser Ser Val Ser Glu Ala Gln Pro Phe Tyr Val Asn Ser Pro Tyr Gly

85 90 95

tta acc tta gtg cat aat ggt aac ttg acc aat tca agt gaa tta aaa 336

Leu Thr Leu Val His Asn Gly Asn Leu Thr Asn Ser Ser Glu Leu Lys

100 105 110

gaa aag tta ttt cgt ctc gca cgt cgc cat gta aat acc aat tca gat 384

Glu Lys Leu Phe Arg Leu Ala Arg Arg His Val Asn Thr Asn Ser Asp

115 120 125

tct gaa tta tta ctc aat atc tta gcc aat cac ctt gat cac ttc gaa 432

Ser Glu Leu Leu Leu Asn Ile Leu Ala Asn His Leu Asp His Phe Glu

130 135 140

aaa tac caa tta gat ccg caa gat gta ttc agt gct gtc aaa caa acg 480

Lys Tyr Gln Leu Asp Pro Gln Asp Val Phe Ser Ala Val Lys Gln Thr

145 150 155 160

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

tcg att gta cgt ggt acc acg tct gaa caa att gtc gaa atg gcg aga 1152
 Ser Ile Val Arg Gly Thr Thr Ser Glu Gln Ile Val Glu Met Ala Arg
 370 375 380

gcg gca ggt gcg aag aaa att tat ttt gcc tct gct gca cca gaa att 1200
 Ala Ala Gly Ala Lys Lys Ile Tyr Phe Ala Ser Ala Ala Pro Glu Ile
 385 390 395 400

cgt tat cca aat gtg tat ggt att gat atg cca acc aaa aat gaa ttg 1248
 Arg Tyr Pro Asn Val Tyr Gly Ile Asp Met Pro Thr Lys Asn Glu Leu
 405 410 415

atc gct tat ggt cgt gat gta gat gaa att gct aac tta att ggt gtg 1296
 Ile Ala Tyr Gly Arg Asp Val Asp Glu Ile Ala Asn Leu Ile Gly Val
 420 425 430

gat aaa ttg att ttc caa gat ttg gat gcg tta act ggt tct gtg caa 1344
 Asp Lys Leu Ile Phe Gln Asp Leu Asp Ala Leu Thr Gly Ser Val Gln
 435 440 445

caa gaa aat cca agt att caa gac ttt gat tgt tcg gtg ttt aca ggg 1392
 Gln Glu Asn Pro Ser Ile Gln Asp Phe Asp Cys Ser Val Phe Thr Gly
 450 455 460

gtt tat gtg acg ggc gat att aca cct gaa tat ctg gat aat att gca 1440
 Val Tyr Val Thr Gly Asp Ile Thr Pro Glu Tyr Leu Asp Asn Ile Ala
 465 470 475 480

gaa cag cgt aat gat atc gcc aag aaa aag cgt gaa aaa gat gct acc 1488
 Glu Gln Arg Asn Asp Ile Ala Lys Lys Lys Arg Glu Lys Asp Ala Thr
 485 490 495

aat ctt gaa atg cac aat gaa aaa ta 1514
 Asn Leu Glu Met His Asn Glu Lys
 500

<210> 111

<211> 504

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 111

Met Cys Gly Ile Val Gly Ile Val Ser Gln Ser Pro Val Asn Gln Ser
 1 5 10 15

Ile Tyr Asp Ala Leu Thr Leu Leu Gln His Arg Gly Gln Asp Ala Ala
 20 25 30

Gly Ile Val Thr Val Asp Asp Glu Asn Arg Phe Arg Leu Arg Lys Ala

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

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

<210> 112
 <211> 989
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <223> rci

<220>
 <221> CDS
 <222> (1) .. (987)

<400> 112

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

tgg gat aat gtt ttt ctt gaa aag aga ata gta cat tta ccg aca act 672
Trp Asp Asn Val Phe Leu Glu Lys Arg Ile Val His Leu Pro Thr Thr
210 215 220

aaa aac ggg cac tct aga gat gtg ccg ctt tcg caa aga gct gtt gcg 720
Lys Asn Gly His Ser Arg Asp Val Pro Leu Ser Gln Arg Ala Val Ala
225 230 235 240

cta att tta aaa atg aaa gag gta gaa aat gga gat ctt gtg ttt cag 768
Leu Ile Leu Lys Met Lys Glu Val Glu Asn Gly Asp Leu Val Phe Gln
245 250 255

acc acg cct gaa tca tta agc acc acg ttt aga gtg tta aag aaa gag 816
Thr Thr Pro Glu Ser Leu Ser Thr Thr Phe Arg Val Leu Lys Lys Glu
260 265 270

tgt gga ctt gaa cat ctc cat ttt cat gat acg aga agg gaa gcg ttg 864
Cys Gly Leu Glu His Leu His Phe His Asp Thr Arg Arg Glu Ala Leu
275 280 285

acg aga tta tct aag aaa gta gat gta atg act cta gcc aaa att agc 912
Thr Arg Leu Ser Lys Lys Val Asp Val Met Thr Leu Ala Lys Ile Ser
290 295 300

gga cat aga gat tta aga att tta caa aac aca tat tac gca ccg aat 960
Gly His Arg Asp Leu Arg Ile Leu Gln Asn Thr Tyr Tyr Ala Pro Asn
305 310 315 320

atg agt gaa gtg gca aac ttg ttg gat ta 989
Met Ser Glu Val Ala Asn Leu Leu Asp
325

<210> 113

<211> 329

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 113

Met Ala Thr Ile Arg Lys Arg Gly Asn Ser Tyr Arg Ala Glu Ile Ser
1 5 10 15

Lys Asn Gly Val Arg Lys Ser Ala Thr Phe Lys Thr Lys Ser Glu Ala
20 25 30

Asn Ala Trp Ala Val Asp Glu Glu Arg Lys Leu Ala Asp Leu Ala Lys
35 40 45

Gly Ile Ala Pro Asp Ile Ile Phe Arg Asp Val Ile Glu Arg Tyr Gln
50 55 60

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

<210> 114
 <211> 1190
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <223> sopE

<220>
 <221> CDS
 <222> (1) .. (1188)

<400> 114
 atg tct gaa gaa tat cta cat ggt gtc aaa gtc aca gaa atc aat caa 48
 Met Ser Glu Glu Tyr Leu His Gly Val Lys Val Thr Glu Ile Asn Gln
 1 5 10 15

 gca att cgc aca att caa agt cta tca acc gca gtc atc ggt att gtc 96
 Ala Ile Arg Thr Ile Gln Ser Leu Ser Thr Ala Val Ile Gly Ile Val
 20 25 30

 tgt act gca aat gac gca gac aat gaa aca ttc cca ctc aat gaa ccc 144
 Cys Thr Ala Asn Asp Ala Asp Asn Glu Thr Phe Pro Leu Asn Glu Pro
 35 40 45

 gtt ctc atc aca aac gtg gca gcg gca att ggc aag gct gga aaa caa 192
 Val Leu Ile Thr Asn Val Ala Ala Ala Ile Gly Lys Ala Gly Lys Gln
 50 55 60

 ggc acg ctt tca cgt gcg ctt gac ggg att tct gat gta gtc aat tgc 240
 Gly Thr Leu Ser Arg Ala Leu Asp Gly Ile Ser Asp Val Val Asn Cys
 65 70 75 80

 aaa gtg att gtt gtg cga gtg caa gaa agt gcg caa gaa gac gaa gaa 288
 Lys Val Ile Val Val Arg Val Gln Glu Ser Ala Gln Glu Asp Glu Glu
 85 90 95

 aca aaa gca agt gaa atg aac acg gca att att ggc aca atc aca gaa 336
 Thr Lys Ala Ser Glu Met Asn Thr Ala Ile Ile Gly Thr Ile Thr Glu
 100 105 110

 gaa ggg cag tac aca ggc ttg aag gcg tta ttg att gcg aaa aac aaa 384
 Glu Gly Gln Tyr Thr Gly Leu Lys Ala Leu Leu Ile Ala Lys Asn Lys
 115 120 125

 ttc ggt atc aaa cca cgt att tta tgt gtg cca aaa ttc gac aca aaa 432
 Phe Gly Ile Lys Pro Arg Ile Leu Cys Val Pro Lys Phe Asp Thr Lys
 130 135 140

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

gca acg aat tta aaa gat gcg aag ttg ttg atc tct tat gat tat cac 1104
Ala Thr Asn Leu Lys Asp Ala Lys Leu Leu Ile Ser Tyr Asp Tyr His
355 360 365

cca gta cca ccg ctc gaa cag cta ggc ttt aat cag tac att tct gat 1152
Pro Val Pro Pro Leu Glu Gln Leu Gly Phe Asn Gln Tyr Ile Ser Asp
370 375 380

gaa tac ctt gtt gat ttt tca aat cgt tta gca tcg ta 1190
Glu Tyr Leu Val Asp Phe Ser Asn Arg Leu Ala Ser
385 390 395

<210> 115

<211> 396

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 115

Met Ser Glu Glu Tyr Leu His Gly Val Lys Val Thr Glu Ile Asn Gln
1 5 10 15

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

Cys Thr Ala Asn Asp Ala Asp Asn Glu Thr Phe Pro Leu Asn Glu Pro
35 40 45

Val Leu Ile Thr Asn Val Ala Ala Ala Ile Gly Lys Ala Gly Lys Gln
50 55 60

Gly Thr Leu Ser Arg Ala Leu Asp Gly Ile Ser Asp Val Val Asn Cys
65 70 75 80

Lys Val Ile Val Val Arg Val Gln Glu Ser Ala Gln Glu Asp Glu Glu
85 90 95

Thr Lys Ala Ser Glu Met Asn Thr Ala Ile Ile Gly Thr Ile Thr Glu
100 105 110

Glu Gly Gln Tyr Thr Gly Leu Lys Ala Leu Leu Ile Ala Lys Asn Lys
115 120 125

Phe Gly Ile Lys Pro Arg Ile Leu Cys Val Pro Lys Phe Asp Thr Lys
130 135 140

Glu Val Ala Thr Glu Leu Ala Ser Ile Ala Ala Lys Leu Asn Ala Phe
145 150 155 160

Ala Tyr Ile Ser Cys Gln Gly Cys Lys Thr Lys Glu Gln Ala Val Gln
165 170 175

Tyr Lys Arg Asn Phe Ser Gln Arg Glu Val Met Leu Ile Met Gly Asp
 180 185 190
 Phe Leu Ser Phe Asn Val Asn Thr Ser Lys Val Glu Ile Asp Tyr Ala
 195 200 205
 Val Thr Arg Ala Ala Ala Met Arg Ala Tyr Leu Asp Lys Glu Gln Gly
 210 215 220
 Trp His Thr Ser Ile Ser Asn Lys Gly Ile Asn Gly Val Ser Gly Val
 225 230 235 240
 Thr Gln Pro Leu Tyr Phe Asp Ile Asn Asp Ser Ser Thr Asp Val Asn
 245 250 255
 Tyr Leu Asn Glu Gln Gly Ile Thr Cys Cys Val Asn His Asn Gly Phe
 260 265 270
 Arg Phe Trp Gly Leu Arg Thr Thr Ala Glu Asp Pro Leu Phe Lys Phe
 275 280 285
 Glu Val Tyr Thr Arg Thr Ala Gln Ile Leu Lys Asp Thr Ile Ala Gly
 290 295 300
 Ala Phe Asp Trp Ala Val Asp Lys Asp Ile Ser Val Thr Leu Val Lys
 305 310 315 320
 Asp Ile Ile Glu Ala Ile Asn Ala Lys Trp Arg Asp Tyr Thr Thr Lys
 325 330 335
 Gly Tyr Leu Ile Gly Gly Lys Ala Trp Leu Asn Lys Glu Leu Asn Ser
 340 345 350
 Ala Thr Asn Leu Lys Asp Ala Lys Leu Leu Ile Ser Tyr Asp Tyr His
 355 360 365
 Pro Val Pro Pro Leu Glu Gln Leu Gly Phe Asn Gln Tyr Ile Ser Asp
 370 375 380
 Glu Tyr Leu Val Asp Phe Ser Asn Arg Leu Ala Ser
 385 390 395

<210> 116

<211> 2204

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<223> unkK

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (2202)

<400> 116

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

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

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

atc aat acc aag tct ggt ttt gtg aat tac ggt acc tta gca agt gct 1824
Ile Asn Thr Lys Ser Gly Phe Val Asn Tyr Gly Thr Leu Ala Ser Ala
595 600 605

caa aat tta acg att aat acc gaa caa ggc agc att tat aac ata ggc 1872
Gln Asn Leu Thr Ile Asn Thr Glu Gln Gly Ser Ile Tyr Asn Ile Gly
610 615 620

ggt atc ttg ggg gcg ggt aaa agt ttg aat ctg agc gcg aaa aga gga 1920
Gly Ile Leu Gly Ala Gly Lys Ser Leu Asn Leu Ser Ala Lys Arg Gly
625 630 635 640

gaa aac caa gga gga tat ctt att aat caa ggt aag agt cta ctc cat 1968
Glu Asn Gln Gly Gly Tyr Leu Ile Asn Gln Gly Lys Ser Leu Leu His
645 650 655

tct gaa ggc gcc atg aac ctc aca gcg gat cgc acg gtg tac aat tta 2016
Ser Glu Gly Ala Met Asn Leu Thr Ala Asp Arg Thr Val Tyr Asn Leu
660 665 670

ggg aat att ttt gct aaa ggt gac gcg acg atc aat gca aac gcg tta 2064
Gly Asn Ile Phe Ala Lys Gly Asp Ala Thr Ile Asn Ala Asn Ala Leu
675 680 685

att aat gat gtt act ctc aca ggt cgt ctt gag tat caa gat ctg aaa 2112
Ile Asn Asp Val Thr Leu Thr Gly Arg Leu Glu Tyr Gln Asp Leu Lys
690 695 700

aaa gat tat acg cgt tat tat cgt atc aat gaa acg gca aaa cat ggt 2160
Lys Asp Tyr Thr Arg Tyr Tyr Arg Ile Asn Glu Thr Ala Lys His Gly
705 710 715 720

tgg cat aat aac ttc tat gaa tta aac gtc gac aga gtt tct tg 2204
Trp His Asn Asn Phe Tyr Glu Leu Asn Val Asp Arg Val Ser
725 730

<210> 117

<211> 734

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 117

Met Asn Lys Asn Arg Tyr Lys Leu Ile Phe Ser Lys Thr Lys Gly Cys
1 5 10 15

Leu Val Pro Val Ala Glu Thr Ile Asn Ser Ala Val Gly Asn Ala Ser
20 25 30

Ser Lys Asp Val Ser Asp Thr Glu Ile Ser Ala Ser Gln Pro Ala Leu

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

Gln Val Thr Glu Lys His Thr Ala Glu Ala Gln Gly Glu Ile Ala Ile
325 330 335

Ser Gly Ala Ser Thr Gly Ala Met Tyr Gly Lys Asn Ile Lys Leu Ile
340 345 350

Val Thr Asp Lys Gly Ala Gly Val Lys His Asp Gly Ile Ile Leu Ser
355 360 365

Glu Ala Asp Ile Gln Ile Glu Thr His Glu Gly Asp Val Glu Leu Gly
370 375 380

Asn Thr Lys Asn Asn Gln Asn Glu Asn Tyr Ala Lys Ala His Ala Glu
385 390 395 400

Gly Asn Phe Thr Val Lys Gly Gly Lys His Val Ile Ile Gly Lys Glu
405 410 415

Val Lys Ala Asn Lys Ala Val Asp Ile Gln Ala Gln Glu Thr Thr Val
420 425 430

Arg Gln Asn Ala Lys Leu Thr Ala Lys Thr Ser Ala Lys Ile Thr Ala
435 440 445

Ser Lys Ser Val Asn Leu Glu Asp Asn Ala Lys Leu Ile Ala Asn Glu
450 455 460

Leu Ser Thr Thr Thr Asn Lys Leu Thr Asn Lys Gly Ser Ile Tyr Gly
465 470 475 480

Lys Lys Val Thr Leu Asp Ala Asp Asn Leu Val Asn Ser Lys Glu Ile
485 490 495

Tyr Ala Ser Ser Glu Leu Asp Ile Gln Thr Lys Gly Arg Asp Leu Leu
500 505 510

Leu Glu Asp Gly Val Asn Gln Pro Leu Ser Phe Leu Lys Gly Ala Ser
515 520 525

Leu Leu Ala Pro Gly Phe Val Asn Thr Gly Leu Ile His Ser Asn Gly
530 535 540

Asn Ala Lys Leu Thr Phe Lys Asp Asp Thr Ser Phe Val Thr Glu Gly
545 550 555 560

Asn Asn Phe Ile Thr Ala Lys Asp Asn Leu Glu Ile Thr Ala Lys Asn
565 570 575

Val Gln Ile Asp Gln Ala Lys Asn Ile Gln Leu Asn Ala Asn Ile Thr
580 585 590

Ile Asn Thr Lys Ser Gly Phe Val Asn Tyr Gly Thr Leu Ala Ser Ala
595 600 605

Gln Asn Leu Thr Ile Asn Thr Glu Gln Gly Ser Ile Tyr Asn Ile Gly
610 615 620

Gly Ile Leu Gly Ala Gly Lys Ser Leu Asn Leu Ser Ala Lys Arg Gly
625 630 635 640

Glu Asn Gln Gly Gly Tyr Leu Ile Asn Gln Gly Lys Ser Leu Leu His
645 650 655

Ser Glu Gly Ala Met Asn Leu Thr Ala Asp Arg Thr Val Tyr Asn Leu
660 665 670

Gly Asn Ile Phe Ala Lys Gly Asp Ala Thr Ile Asn Ala Asn Ala Leu
675 680 685

Ile Asn Asp Val Thr Leu Thr Gly Arg Leu Glu Tyr Gln Asp Leu Lys
690 695 700

Lys Asp Tyr Thr Arg Tyr Tyr Arg Ile Asn Glu Thr Ala Lys His Gly
705 710 715 720

Trp His Asn Asn Phe Tyr Glu Leu Asn Val Asp Arg Val Ser
725 730

<210> 118

<211> 251

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<223> unkO

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (249)

<400> 118

atg aaa att act att aca cga aat cat cca gaa gta ttt caa gaa tcc 48
Met Lys Ile Thr Ile Thr Arg Asn His Pro Glu Val Phe Gln Glu Ser
1 5 10 15

gct cgt tta gta gcc gaa aag ttc att aaa gcc caa tgt gta gaa gca 96
Ala Arg Leu Val Ala Glu Lys Phe Ile Lys Ala Gln Cys Val Glu Ala
20 25 30

tta aca ttg gct ttg att gag ggt gtc gag cac ttt gtg ctg gaa ggt 144
Leu Thr Leu Ala Leu Ile Glu Gly Val Glu His Phe Val Leu Glu Gly

35	40	45	
gag gag gaa agc aaa agg gga cat agt att aag gtt gta tta aaa gga			192
Glu Glu Glu Ser Lys Arg Gly His Ser Ile Lys Val Val Leu Lys Gly			
50	55	60	
agt cac gaa gtt att aag tca gag gtg aat aca aat gaa aaa aat cat			240
Ser His Glu Val Ile Lys Ser Glu Val Asn Thr Asn Glu Lys Asn His			
65	70	75	80
tgt aat cat ta			251
Cys Asn His			

<210> 119
 <211> 83
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

<400> 119			
Met Lys Ile Thr Ile Thr Arg Asn His Pro Glu Val Phe Gln Glu Ser			
1	5	10	15
Ala Arg Leu Val Ala Glu Lys Phe Ile Lys Ala Gln Cys Val Glu Ala			
20	25	30	
Leu Thr Leu Ala Leu Ile Glu Gly Val Glu His Phe Val Leu Glu Gly			
35	40	45	
Glu Glu Glu Ser Lys Arg Gly His Ser Ile Lys Val Val Leu Lys Gly			
50	55	60	
Ser His Glu Val Ile Lys Ser Glu Val Asn Thr Asn Glu Lys Asn His			
65	70	75	80
Cys Asn His			

<210> 120
 <211> 548
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <223> unkP

<220>
 <221> CDS
 <222> (1) .. (546)

<400> 120

atg cgt gca tat ctt gat aaa gaa cag ggc tgg cat acg tct att tca 48
Met Arg Ala Tyr Leu Asp Lys Glu Gln Gly Trp His Thr Ser Ile Ser
1 5 10 15

aat aaa ggc att aat ggc gtg agc ggt gtc aca caa cca ctc tat ttt 96
Asn Lys Gly Ile Asn Gly Val Ser Gly Val Thr Gln Pro Leu Tyr Phe
20 25 30

gac att aac gac agc tcg act gat gtg aac tat ctc aat gaa caa ggc 144
Asp Ile Asn Asp Ser Ser Thr Asp Val Asn Tyr Leu Asn Glu Gln Gly
35 40 45

atc acg tgt tgc gtg aat cat aat ggc ttt cgt ttt tgg ggc tta cgc 192
Ile Thr Cys Cys Val Asn His Asn Gly Phe Arg Phe Trp Gly Leu Arg
50 55 60

acg act gca gaa gat cca tta ttc aag ttt gaa gtg tac acc cgc act 240
Thr Thr Ala Glu Asp Pro Leu Phe Lys Phe Glu Val Tyr Thr Arg Thr
65 70 75 80

gca caa atc tta aaa gat acg att gca ggc ggc ttt gat tgg gca gtg 288
Ala Gln Ile Leu Lys Asp Thr Ile Ala Gly Ala Phe Asp Trp Ala Val
85 90 95

gat aaa gat att tct gtc acg cta gtg aaa gat att att gaa gca atc 336
Asp Lys Asp Ile Ser Val Thr Leu Val Lys Asp Ile Ile Glu Ala Ile
100 105 110

aat gcg aag tgg cgt gat tac acc aca aaa ggc tac tta att ggc ggt 384
Asn Ala Lys Trp Arg Asp Tyr Thr Thr Lys Gly Tyr Leu Ile Gly Gly
115 120 125

aaa gcg tgg ctt aat aaa gag ctt aac agt gca acg aat tta aaa gat 432
Lys Ala Trp Leu Asn Lys Glu Leu Asn Ser Ala Thr Asn Leu Lys Asp
130 135 140

gcg aag ttg ttg atc tct tat gat tat cac cca gta cca ccg ctc gaa 480
Ala Lys Leu Leu Ile Ser Tyr Asp Tyr His Pro Val Pro Pro Leu Glu
145 150 155 160

cag cta ggc ttt aat cag tac att tct gat gaa tac ctt gtt gat ttt 528
Gln Leu Gly Phe Asn Gln Tyr Ile Ser Asp Glu Tyr Leu Val Asp Phe
165 170 175

tca aat cgt tta gca tcg ta 548
Ser Asn Arg Leu Ala Ser
180

<210> 121

<211> 182

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 121

```

Met Arg Ala Tyr Leu Asp Lys Glu Gln Gly Trp His Thr Ser Ile Ser
  1             5             10             15

Asn Lys Gly Ile Asn Gly Val Ser Gly Val Thr Gln Pro Leu Tyr Phe
      20             25             30

Asp Ile Asn Asp Ser Ser Thr Asp Val Asn Tyr Leu Asn Glu Gln Gly
      35             40             45

Ile Thr Cys Cys Val Asn His Asn Gly Phe Arg Phe Trp Gly Leu Arg
      50             55             60

Thr Thr Ala Glu Asp Pro Leu Phe Lys Phe Glu Val Tyr Thr Arg Thr
      65             70             75             80

Ala Gln Ile Leu Lys Asp Thr Ile Ala Gly Ala Phe Asp Trp Ala Val
      85             90             95

Asp Lys Asp Ile Ser Val Thr Leu Val Lys Asp Ile Ile Glu Ala Ile
      100            105            110

Asn Ala Lys Trp Arg Asp Tyr Thr Thr Lys Gly Tyr Leu Ile Gly Gly
      115            120            125

Lys Ala Trp Leu Asn Lys Glu Leu Asn Ser Ala Thr Asn Leu Lys Asp
      130            135            140

Ala Lys Leu Leu Ile Ser Tyr Asp Tyr His Pro Val Pro Pro Leu Glu
      145            150            155            160

Gln Leu Gly Phe Asn Gln Tyr Ile Ser Asp Glu Tyr Leu Val Asp Phe
      165            170            175

Ser Asn Arg Leu Ala Ser
      180

```

<210> 122

<211> 69

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> apvA-or1

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (69)

<400> 122

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

gat aag ttt aag ata ctt agc 69
Asp Lys Phe Lys Ile Leu Ser
20

<210> 123

<211> 23

<212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 123

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

Asp Lys Phe Lys Ile Leu Ser
20

<210> 124

<211> 64

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> apvA-or2

<220>

<221> CDS

<222> (3)..(62)

<400> 124

ag cta agt atc tta aac tta tcg att gat gaa att ata gac gtc cta 47
Leu Ser Ile Leu Asn Leu Ser Ile Asp Glu Ile Ile Asp Val Leu
1 5 10 15

ttg gca agc atg aca ta 64
Leu Ala Ser Met Thr
20

<210> 125

<211> 20

<212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 125

Leu Ser Ile Leu Asn Leu Ser Ile Asp Glu Ile Ile Asp Val Leu Leu

```

1              5              10              15

Ala Ser Met Thr
      20

<210> 126
<211> 653
<212> DNA
<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
<223> apvB

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(651)

<400> 126
tta att agc ttt cct ttt att act ttt gca agt aat gtt aat gga gcc 48
Leu Ile Ser Phe Pro Phe Ile Thr Phe Ala Ser Asn Val Asn Gly Ala
  1              5              10              15

gaa att gga ttg gga gga gcc cgt gag agt agt att tac tat tct aaa 96
Glu Ile Gly Leu Gly Gly Ala Arg Glu Ser Ser Ile Tyr Tyr Ser Lys
      20              25              30

cat aaa gta gca aca aat ccc ttt tta gca ctt gat ctt tct tta ggt 144
His Lys Val Ala Thr Asn Pro Phe Leu Ala Leu Asp Leu Ser Leu Gly
      35              40              45

aat ttt tat atg aga ggg act gca gga att agc gaa ata gga tat gaa 192
Asn Phe Tyr Met Arg Gly Thr Ala Gly Ile Ser Glu Ile Gly Tyr Glu
      50              55              60

caa tct ttc act gac aat ttc agc gta tca ctg ttt gtt aac cca ttt 240
Gln Ser Phe Thr Asp Asn Phe Ser Val Ser Leu Phe Val Asn Pro Phe
      65              70              75              80

gat ggt ttt tca att aaa gga aaa gac ttg tta cct gga tat caa agt 288
Asp Gly Phe Ser Ile Lys Gly Lys Asp Leu Leu Pro Gly Tyr Gln Ser
      85              90              95

att caa act cgc aaa act caa ttt gcc ttt ggt tgg gga tta aat tat 336
Ile Gln Thr Arg Lys Thr Gln Phe Ala Phe Gly Trp Gly Leu Asn Tyr
      100              105              110

aat ttg gga ggt tta ttc ggc tta aat gat act ttt ata tcc ttg gaa 384
Asn Leu Gly Gly Leu Phe Gly Leu Asn Asp Thr Phe Ile Ser Leu Glu
      115              120              125

```

gga aaa agc gga aaa cgt ggt gcg agt agt aat gtc agc tta ctt aaa 432
Gly Lys Ser Gly Lys Arg Gly Ala Ser Ser Asn Val Ser Leu Leu Lys
130 135 140

tcg ttt aat atg acg aaa aat tgg aaa gtt tca cca tat att ggc tca 480
Ser Phe Asn Met Thr Lys Asn Trp Lys Val Ser Pro Tyr Ile Gly Ser
145 150 155 160

agt tat tat tca tct aaa tat aca gat tat tac ttt ggt att aaa caa 528
Ser Tyr Tyr Ser Ser Lys Tyr Thr Asp Tyr Tyr Phe Gly Ile Lys Gln
165 170 175

tcc gaa tta ggt aat aaa att aca tcc gta tat aaa cct aaa gca gct 576
Ser Glu Leu Gly Asn Lys Ile Thr Ser Val Tyr Lys Pro Lys Ala Ala
180 185 190

tat gca aca cac ata ggt att aat act gat tat gct ttc acg aac aat 624
Tyr Ala Thr His Ile Gly Ile Asn Thr Asp Tyr Ala Phe Thr Asn Asn
195 200 205

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

<210> 127

<211> 217

<212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 127

Leu Ile Ser Phe Pro Phe Ile Thr Phe Ala Ser Asn Val Asn Gly Ala
1 5 10 15

Glu Ile Gly Leu Gly Gly Ala Arg Glu Ser Ser Ile Tyr Tyr Ser Lys
20 25 30

His Lys Val Ala Thr Asn Pro Phe Leu Ala Leu Asp Leu Ser Leu Gly
35 40 45

Asn Phe Tyr Met Arg Gly Thr Ala Gly Ile Ser Glu Ile Gly Tyr Glu
50 55 60

Gln Ser Phe Thr Asp Asn Phe Ser Val Ser Leu Phe Val Asn Pro Phe
65 70 75 80

Asp Gly Phe Ser Ile Lys Gly Lys Asp Leu Leu Pro Gly Tyr Gln Ser
85 90 95

Ile Gln Thr Arg Lys Thr Gln Phe Ala Phe Gly Trp Gly Leu Asn Tyr
100 105 110

Asn Leu Gly Gly Leu Phe Gly Leu Asn Asp Thr Phe Ile Ser Leu Glu
115 120 125

Gly Lys Ser Gly Lys Arg Gly Ala Ser Ser Asn Val Ser Leu Leu Lys
130 135 140

Ser Phe Asn Met Thr Lys Asn Trp Lys Val Ser Pro Tyr Ile Gly Ser
145 150 155 160

Ser Tyr Tyr Ser Ser Lys Tyr Thr Asp Tyr Tyr Phe Gly Ile Lys Gln
165 170 175

Ser Glu Leu Gly Asn Lys Ile Thr Ser Val Tyr Lys Pro Lys Ala Ala
180 185 190

Tyr Ala Thr His Ile Gly Ile Asn Thr Asp Tyr Ala Phe Thr Asn Asn
195 200 205

Leu Gly Met Gly Leu Ser Val Gly Trp
210 215

<210> 128
<211> 242
<212> DNA
<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
<223> apvC

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(240)

<400> 128
atg tgg cgg atg gga gat ttt atg tct aaa aaa gag agg ctg aat gat 48
Met Trp Arg Met Gly Asp Phe Met Ser Lys Lys Glu Arg Leu Asn Asp
1 5 10 15

atg gct cgc cag att tta tca gcg gcg gag ttg ctc att gca aag gaa 96
Met Ala Arg Gln Ile Leu Ser Ala Ala Glu Leu Leu Ile Ala Lys Glu
20 25 30

ggt ttg caa aat tta tcg atg agg aaa atc gca agt gaa gcc ggt atc 144
Gly Leu Gln Asn Leu Ser Met Arg Lys Ile Ala Ser Glu Ala Gly Ile
35 40 45

gca aca ggc acg ctt tat ctc tat ttc aaa acg aaa gac gag tta ctg 192
Ala Thr Gly Thr Leu Tyr Leu Tyr Phe Lys Thr Lys Asp Glu Leu Leu
50 55 60

gat tgt ttg gcg gaa caa tta cat gaa cga tat tat cgt tat ctg aat 240
 Asp Cys Leu Ala Glu Gln Leu His Glu Arg Tyr Tyr Arg Tyr Leu Asn
 65 70 75 80

at 242

<210> 129

<211> 80

<212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 129

Met Trp Arg Met Gly Asp Phe Met Ser Lys Lys Glu Arg Leu Asn Asp
 1 5 10 15

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

Gly Leu Gln Asn Leu Ser Met Arg Lys Ile Ala Ser Glu Ala Gly Ile
 35 40 45

Ala Thr Gly Thr Leu Tyr Leu Tyr Phe Lys Thr Lys Asp Glu Leu Leu
 50 55 60

Asp Cys Leu Ala Glu Gln Leu His Glu Arg Tyr Tyr Arg Tyr Leu Asn
 65 70 75 80

<210> 130

<211> 527

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> apvD

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (525)

<400> 130

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

caa gta gat att ggt gca caa gta tct ggg cag att aag cat att tta 96
 Gln Val Asp Ile Gly Ala Gln Val Ser Gly Gln Ile Lys His Ile Leu
 20 25 30

gta caa gaa gga cag aag gtt aaa aaa ggt gag cta tta gct gta att 144
 Val Gln Glu Gly Gln Lys Val Lys Lys Gly Glu Leu Leu Ala Val Ile

35	40	45	
gat cca cgt ctg gct gaa acg gaa tta aaa cta gca aaa gct gag cta			192
Asp Pro Arg Leu Ala Glu Thr Glu Leu Lys Leu Ala Lys Ala Glu Leu			
50	55	60	
gca aat gct tct gct aat ttg gat aca aaa aaa att aat ctt aag caa			240
Ala Asn Ala Ser Ala Asn Leu Asp Thr Lys Lys Ile Asn Leu Lys Gln			
65	70	75	80
ctg caa tca gat tgg gaa cgt cat caa cgt ttg ata cga acc aat gcg			288
Leu Gln Ser Asp Trp Glu Arg His Gln Arg Leu Ile Arg Thr Asn Ala			
85	90	95	
aca agc caa aag gaa aca gaa gaa gca aaa agt aga tta aat acg gcc			336
Thr Ser Gln Lys Glu Thr Glu Glu Ala Lys Ser Arg Leu Asn Thr Ala			
100	105	110	
aaa gca gaa ctt caa att gcg caa aat aat cta gat atc gct aaa atc			384
Lys Ala Glu Leu Gln Ile Ala Gln Asn Asn Leu Asp Ile Ala Lys Ile			
115	120	125	
aga gtg gaa aaa gct gaa acc gaa cta gga tat aca gaa att cgt tct			432
Arg Val Glu Lys Ala Glu Thr Glu Leu Gly Tyr Thr Glu Ile Arg Ser			
130	135	140	
cca ctt gat gca aca gta att tca gta ttt gcg caa aat ggt caa act			480
Pro Leu Asp Ala Thr Val Ile Ser Val Phe Ala Gln Asn Gly Gln Thr			
145	150	155	160
tta gtc acc acc caa caa gta cca gtg ctg atg aaa tta gct aat at			527
Leu Val Thr Thr Gln Gln Val Pro Val Leu Met Lys Leu Ala Asn			
165	170	175	
<210> 131			
<211> 175			
<212> PRT			
<213> Actinobacillus pleuropneumoniae			
<400> 131			
Asn Ile Gln Lys Thr Val Ile Ala Ser Gly Thr Leu Gln Ala Thr Glu			
1	5	10	15
Gln Val Asp Ile Gly Ala Gln Val Ser Gly Gln Ile Lys His Ile Leu			
20	25	30	
Val Gln Glu Gly Gln Lys Val Lys Lys Gly Glu Leu Leu Ala Val Ile			
35	40	45	
Asp Pro Arg Leu Ala Glu Thr Glu Leu Lys Leu Ala Lys Ala Glu Leu			
50	55	60	

Ala Asn Ala Ser Ala Asn Leu Asp Thr Lys Lys Ile Asn Leu Lys Gln
65 70 75 80

Leu Gln Ser Asp Trp Glu Arg His Gln Arg Leu Ile Arg Thr Asn Ala
85 90 95

Thr Ser Gln Lys Glu Thr Glu Glu Ala Lys Ser Arg Leu Asn Thr Ala
100 105 110

Lys Ala Glu Leu Gln Ile Ala Gln Asn Asn Leu Asp Ile Ala Lys Ile
115 120 125

Arg Val Glu Lys Ala Glu Thr Glu Leu Gly Tyr Thr Glu Ile Arg Ser
130 135 140

Pro Leu Asp Ala Thr Val Ile Ser Val Phe Ala Gln Asn Gly Gln Thr
145 150 155 160

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

<210> 132

<211> 867

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> atpG

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (864)

<400> 132

atg gca ggt gcg aaa gag ata aga acc aaa att gca agt gtg aaa aat 48
Met Ala Gly Ala Lys Glu Ile Arg Thr Lys Ile Ala Ser Val Lys Asn
1 5 10 15

act caa aaa atc acc aaa gca atg gaa atg gtt gct acc tct aaa atg 96
Thr Gln Lys Ile Thr Lys Ala Met Glu Met Val Ala Thr Ser Lys Met
20 25 30

cgt aaa acg caa gag cgt atg gct gcc agt cgt cct tat tcg gaa aca 144
Arg Lys Thr Gln Glu Arg Met Ala Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Glu Thr
35 40 45

atc cgt aag gtg att agc cat att gcg aaa gga agc att ggt tat aag 192
Ile Arg Lys Val Ile Ser His Ile Ala Lys Gly Ser Ile Gly Tyr Lys
50 55 60

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

agc att aca aat gaa tta aac gaa att gtt gcg ggt gcc gca gca att 864
 Ser Ile Thr Asn Glu Leu Asn Glu Ile Val Ala Gly Ala Ala Ala Ile
 275 280 285

taa 867

<210> 133

<211> 288

<212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 133

Met Ala Gly Ala Lys Glu Ile Arg Thr Lys Ile Ala Ser Val Lys Asn
 1 5 10 15

Thr Gln Lys Ile Thr Lys Ala Met Glu Met Val Ala Thr Ser Lys Met
 20 25 30

Arg Lys Thr Gln Glu Arg Met Ala Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Glu Thr
 35 40 45

Ile Arg Lys Val Ile Ser His Ile Ala Lys Gly Ser Ile Gly Tyr Lys
 50 55 60

His Pro Phe Leu Thr Glu Arg Asp Ile Lys Lys Val Gly Tyr Leu Val
 65 70 75 80

Val Ser Thr Asp Arg Gly Leu Cys Gly Gly Leu Asn Ile Asn Leu Phe
 85 90 95

Lys Ala Thr Leu Asn Glu Phe Lys Thr Trp Lys Asp Lys Asp Val Ser
 100 105 110

Val Glu Leu Gly Leu Val Gly Ser Lys Gly Val Ser Phe Tyr Gln Asn
 115 120 125

Leu Gly Leu Asn Val Arg Ser Gln Val Thr Gly Leu Gly Asp Asn Pro
 130 135 140

Glu Met Glu Arg Ile Val Gly Ala Val Asn Glu Met Ile Asn Ala Phe
 145 150 155 160

Arg Asn Gly Glu Val Asp Ala Val Tyr Val Ala Tyr Asn Arg Phe Glu
 165 170 175

Asn Thr Met Ser Gln Lys Pro Val Ile Ala Gln Leu Leu Pro Leu Pro
 180 185 190

Lys Leu Asp Asp Asp Glu Leu Asp Thr Lys Gly Ser Trp Asp Tyr Ile
 195 200 205

Tyr Glu Pro Asn Pro Gln Val Leu Leu Asp Ser Leu Leu Val Arg Tyr
210 215 220

Leu Glu Thr Gln Val Tyr Gln Ala Val Val Asp Asn Leu Ala Ser Glu
225 230 235 240

Gln Ala Ala Arg Met Val Ala Met Lys Ala Ala Thr Asp Asn Ala Gly
245 250 255

Thr Leu Ile Asp Glu Leu Gln Leu Val Tyr Asn Lys Ala Arg Gln Ala
260 265 270

Ser Ile Thr Asn Glu Leu Asn Glu Ile Val Ala Gly Ala Ala Ala Ile
275 280 285

<210> 134

<211> 534

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> atpH

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (531)

<400> 134

atg tca gaa tta agt aca gta gct cgc ccc tac gct aaa gca gct ttt 48
Met Ser Glu Leu Ser Thr Val Ala Arg Pro Tyr Ala Lys Ala Ala Phe
1 5 10 15

gat ttt gct tta gaa caa ggt cag ttg gac aaa tgg caa gaa atg tta 96
Asp Phe Ala Leu Glu Gln Gly Gln Leu Asp Lys Trp Gln Glu Met Leu
20 25 30

cag ttt tcg gca ttc gtt gct gaa aac gaa caa gtg gcg gaa tat att 144
Gln Phe Ser Ala Phe Val Ala Glu Asn Glu Gln Val Ala Glu Tyr Ile
35 40 45

aat tct tcc ctt gca agc ggt cag att tct gaa act ttt atc aaa atc 192
Asn Ser Ser Leu Ala Ser Gly Gln Ile Ser Glu Thr Phe Ile Lys Ile
50 55 60

tgc ggc gac caa ctt gat caa tat ggg caa aat ttt att cgt gta atg 240
Cys Gly Asp Gln Leu Asp Gln Tyr Gly Gln Asn Phe Ile Arg Val Met
65 70 75 80

gct gaa aat aaa cgt ctg gct gtg ttg cct atg gtt ttt gat act ttc 288
Ala Glu Asn Lys Arg Leu Ala Val Leu Pro Met Val Phe Asp Thr Phe

85	90	95	
gta tca tta cga gcg gaa cat gaa gcg gta aaa gat gta aca att gtt			336
Val Ser Leu Arg Ala Glu His Glu Ala Val Lys Asp Val Thr Ile Val			
100	105	110	
tcg gca aac gaa tta agt caa gca caa gaa gat aaa atc gca aaa gcg			384
Ser Ala Asn Glu Leu Ser Gln Ala Gln Glu Asp Lys Ile Ala Lys Ala			
115	120	125	
atg gaa aaa cgc tta ggt caa aaa gtt cgt tta acc aac caa atc gat			432
Met Glu Lys Arg Leu Gly Gln Lys Val Arg Leu Thr Asn Gln Ile Asp			
130	135	140	
aac agc ctg att gca ggc gta att att aaa tac gat gat gtt gtt att			480
Asn Ser Leu Ile Ala Gly Val Ile Ile Lys Tyr Asp Asp Val Val Ile			
145	150	155	160
gat ggt agt agc cgc ggt cag tta aat cgc tta gcg tca gcg ttg agc			528
Asp Gly Ser Ser Arg Gly Gln Leu Asn Arg Leu Ala Ser Ala Leu Ser			
165	170	175	
ttg taa			534
Leu			

<210> 135

<211> 177

<212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 135

Met Ser Glu Leu Ser Thr Val Ala Arg Pro Tyr Ala Lys Ala Ala Phe

1 5 10 15

Asp Phe Ala Leu Glu Gln Gly Gln Leu Asp Lys Trp Gln Glu Met Leu

20 25 30

Gln Phe Ser Ala Phe Val Ala Glu Asn Glu Gln Val Ala Glu Tyr Ile

35 40 45

Asn Ser Ser Leu Ala Ser Gly Gln Ile Ser Glu Thr Phe Ile Lys Ile

50 55 60

Cys Gly Asp Gln Leu Asp Gln Tyr Gly Gln Asn Phe Ile Arg Val Met

65 70 75 80

Ala Glu Asn Lys Arg Leu Ala Val Leu Pro Met Val Phe Asp Thr Phe

85 90 95

Val Ser Leu Arg Ala Glu His Glu Ala Val Lys Asp Val Thr Ile Val

100 105 110

Ser Ala Asn Glu Leu Ser Gln Ala Gln Glu Asp Lys Ile Ala Lys Ala
115 120 125

Met Glu Lys Arg Leu Gly Gln Lys Val Arg Leu Thr Asn Gln Ile Asp
130 135 140

Asn Ser Leu Ile Ala Gly Val Ile Ile Lys Tyr Asp Asp Val Val Ile
145 150 155 160

Asp Gly Ser Ser Arg Gly Gln Leu Asn Arg Leu Ala Ser Ala Leu Ser
165 170 175

Leu

<210> 136

<211> 321

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> dksA

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (318)

<400> 136

gca tgg cat gtg caa att atg gac gaa gct gag cgt aca aaa aac caa 48
Ala Trp His Val Gln Ile Met Asp Glu Ala Glu Arg Thr Lys Asn Gln
1 5 10 15

atg cag gaa gaa gtc gct aat ttc gcc gat cct gcg gac cgc gcc act 96
Met Gln Glu Glu Val Ala Asn Phe Ala Asp Pro Ala Asp Arg Ala Thr
20 25 30

cag gaa gaa gaa ttc agt ctt gaa tta aga aac cgt gac cgt gag cgt 144
Gln Glu Glu Glu Phe Ser Leu Glu Leu Arg Asn Arg Asp Arg Glu Arg
35 40 45

aaa ttg ctt aag aag att gag caa acg tta aat agc att gcc gaa gac 192
Lys Leu Leu Lys Lys Ile Glu Gln Thr Leu Asn Ser Ile Ala Glu Asp
50 55 60

gaa tac ggc tat tgc gaa act tgc ggt gtt gaa atc ggt tta cgt cgt 240
Glu Tyr Gly Tyr Cys Glu Thr Cys Gly Val Glu Ile Gly Leu Arg Arg
65 70 75 80

tta gaa gcg cgc ccg acc gcg gat atg tgt atc gat tgc aaa aca ctt 288
Leu Glu Ala Arg Pro Thr Ala Asp Met Cys Ile Asp Cys Lys Thr Leu

85 90 95 321
gcg gaa atc cgt gaa aag caa atg ggc tta taa
Ala Glu Ile Arg Glu Lys Gln Met Gly Leu
100 105

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

<400> 137
Ala Trp His Val Gln Ile Met Asp Glu Ala Glu Arg Thr Lys Asn Gln
1 5 10 15
Met Gln Glu Glu Val Ala Asn Phe Ala Asp Pro Ala Asp Arg Ala Thr
20 25 30
Gln Glu Glu Glu Phe Ser Leu Glu Leu Arg Asn Arg Asp Arg Glu Arg
35 40 45
Lys Leu Leu Lys Lys Ile Glu Gln Thr Leu Asn Ser Ile Ala Glu Asp
50 55 60
Glu Tyr Gly Tyr Cys Glu Thr Cys Gly Val Glu Ile Gly Leu Arg Arg
65 70 75 80
Leu Glu Ala Arg Pro Thr Ala Asp Met Cys Ile Asp Cys Lys Thr Leu
85 90 95
Ala Glu Ile Arg Glu Lys Gln Met Gly Leu
100 105

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

<220>
<223> dnaK

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(30)

<400> 138 33
gct gag ttt gaa gaa gtg aaa gat aat aaa taa
Ala Glu Phe Glu Glu Val Lys Asp Asn Lys
1 5 10

<210> 139
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 139
 Ala Glu Phe Glu Glu Val Lys Asp Asn Lys
 1 5 10

<210> 140
 <211> 453
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <223> exbB

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(450)

<400> 140
 atg gaa caa atg ctt gaa ctt tta caa ggt cat gtt gat tat att att 48
 Met Glu Gln Met Leu Glu Leu Leu Gln Gly His Val Asp Tyr Ile Ile
 1 5 10 15

 tta ggc tta tta cta tta atg agt gtt gtg ttg gta tgg aaa att att 96
 Leu Gly Leu Leu Leu Leu Met Ser Val Val Leu Val Trp Lys Ile Ile
 20 25 30

 gaa cgc gta ctt ttc tac aaa caa ttg gat gtg acc aaa tat gac acg 144
 Glu Arg Val Leu Phe Tyr Lys Gln Leu Asp Val Thr Lys Tyr Asp Thr
 35 40 45

 cta caa gat ttg gaa att gat acc act cgc aat tta acc acc att tcc 192
 Leu Gln Asp Leu Glu Ile Asp Thr Thr Arg Asn Leu Thr Thr Ile Ser
 50 55 60

 act atc ggt gcc aac gcc cct tat atc ggt tta tta gga acc gta tta 240
 Thr Ile Gly Ala Asn Ala Pro Tyr Ile Gly Leu Leu Gly Thr Val Leu
 65 70 75 80

 ggg atc tta ctt acc ttc tat cat tta ggg cat tcc ggc ggt gat att 288
 Gly Ile Leu Leu Thr Phe Tyr His Leu Gly His Ser Gly Gly Asp Ile
 85 90 95

 gac gcc gca tcc att atg gtt cac ctt tcg ctt gca tta aaa gca acc 336
 Asp Ala Ala Ser Ile Met Val His Leu Ser Leu Ala Leu Lys Ala Thr
 100 105 110

gca gcc ggt atc tta gtc gct att ccg gca atg atg ttc tac agc ggt 384
Ala Ala Gly Ile Leu Val Ala Ile Pro Ala Met Met Phe Tyr Ser Gly
115 120 125

ttt aac cgt aaa gtg gat gaa agc aaa ctt aaa tgg caa gcg att caa 432
Phe Asn Arg Lys Val Asp Glu Ser Lys Leu Lys Trp Gln Ala Ile Gln
130 135 140

gct cgt aaa gcc aat caa taa 453
Ala Arg Lys Ala Asn Gln
145 150

<210> 141

<211> 150

<212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 141

Met Glu Gln Met Leu Glu Leu Leu Gln Gly His Val Asp Tyr Ile Ile
1 5 10 15

Leu Gly Leu Leu Leu Leu Met Ser Val Val Leu Val Trp Lys Ile Ile
20 25 30

Glu Arg Val Leu Phe Tyr Lys Gln Leu Asp Val Thr Lys Tyr Asp Thr
35 40 45

Leu Gln Asp Leu Glu Ile Asp Thr Thr Arg Asn Leu Thr Thr Ile Ser
50 55 60

Thr Ile Gly Ala Asn Ala Pro Tyr Ile Gly Leu Leu Gly Thr Val Leu
65 70 75 80

Gly Ile Leu Leu Thr Phe Tyr His Leu Gly His Ser Gly Gly Asp Ile
85 90 95

Asp Ala Ala Ser Ile Met Val His Leu Ser Leu Ala Leu Lys Ala Thr
100 105 110

Ala Ala Gly Ile Leu Val Ala Ile Pro Ala Met Met Phe Tyr Ser Gly
115 120 125

Phe Asn Arg Lys Val Asp Glu Ser Lys Leu Lys Trp Gln Ala Ile Gln
130 135 140

Ala Arg Lys Ala Asn Gln
145 150

<210> 142

<211> 720
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <223> fkpA

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

<400> 142
 atg tta aaa aat aaa ctt tct gtt ctt gca atc gta gcc ggt acg ttc 48
 Met Leu Lys Asn Lys Leu Ser Val Leu Ala Ile Val Ala Gly Thr Phe
 1 5 10 15
 gtt tca gct caa act gca ttt gca gcg gat caa aaa ttc att gac gat 96
 Val Ser Ala Gln Thr Ala Phe Ala Ala Asp Gln Lys Phe Ile Asp Asp
 20 25 30
 tca tca tat gca gtc ggc gta ttg atg ggt aaa aat atc gaa ggc gtc 144
 Ser Ser Tyr Ala Val Gly Val Leu Met Gly Lys Asn Ile Glu Gly Val
 35 40 45
 gtt gaa tca caa aaa gaa att ttt tct tat aac caa gat aaa atc ttg 192
 Val Glu Ser Gln Lys Glu Ile Phe Ser Tyr Asn Gln Asp Lys Ile Leu
 50 55 60
 gcg ggt gtc caa gat acc atc aaa aaa acc ggt aaa tta acc gat gaa 240
 Ala Gly Val Gln Asp Thr Ile Lys Lys Thr Gly Lys Leu Thr Asp Glu
 65 70 75 80
 gat cta caa aaa caa tta aaa tcg ctt gat act tat ctt gca agt caa 288
 Asp Leu Gln Lys Gln Leu Lys Ser Leu Asp Thr Tyr Leu Ala Ser Gln
 85 90 95
 gaa agc aaa att gcg gcg gag aaa agc aaa gca acc gta gaa gcc ggt 336
 Glu Ser Lys Ile Ala Ala Glu Lys Ser Lys Ala Thr Val Glu Ala Gly
 100 105 110
 aat aaa ttt cgt acc gac tac gaa aaa caa agc ggc gtg aaa aaa acc 384
 Asn Lys Phe Arg Thr Asp Tyr Glu Lys Gln Ser Gly Val Lys Lys Thr
 115 120 125
 gct tcc ggt tta ctt tat aaa att gaa aaa gcc ggc acg ggc gaa tcg 432
 Ala Ser Gly Leu Leu Tyr Lys Ile Glu Lys Ala Gly Thr Gly Glu Ser
 130 135 140
 cct aaa gcg gaa gat acc gtt aaa gtt cac tat aaa ggg aca tta acc 480
 Pro Lys Ala Glu Asp Thr Val Lys Val His Tyr Lys Gly Thr Leu Thr
 145 150 155 160

gat ggt acg gta ttc gat agc tca tac gat cgc ggt gag ccg att gaa 528
 Asp Gly Thr Val Phe Asp Ser Ser Tyr Asp Arg Gly Glu Pro Ile Glu
 165 170 175

ttc caa tta aac caa tta att ccg ggt tgg att gaa gcg att cca atg 576
 Phe Gln Leu Asn Gln Leu Ile Pro Gly Trp Ile Glu Ala Ile Pro Met
 180 185 190

ttg aaa aaa ggc gga aaa atg gaa atc gtc gtt ccg cct gaa ctt ggt 624
 Leu Lys Lys Gly Gly Lys Met Glu Ile Val Val Pro Pro Glu Leu Gly
 195 200 205

tac ggc gaa cgc caa gca ggt aag att ccg gca agt tca acc tta aaa 672
 Tyr Gly Glu Arg Gln Ala Gly Lys Ile Pro Ala Ser Ser Thr Leu Lys
 210 215 220

ttc gag att gaa ttg tta gat ttc aaa gcg gcc gaa gcg aaa aaa taa 720
 Phe Glu Ile Glu Leu Leu Asp Phe Lys Ala Ala Glu Ala Lys Lys
 225 230 235

<210> 143

<211> 239

<212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 143

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

Val Ser Ala Gln Thr Ala Phe Ala Ala Asp Gln Lys Phe Ile Asp Asp
 20 25 30

Ser Ser Tyr Ala Val Gly Val Leu Met Gly Lys Asn Ile Glu Gly Val
 35 40 45

Val Glu Ser Gln Lys Glu Ile Phe Ser Tyr Asn Gln Asp Lys Ile Leu
 50 55 60

Ala Gly Val Gln Asp Thr Ile Lys Lys Thr Gly Lys Leu Thr Asp Glu
 65 70 75 80

Asp Leu Gln Lys Gln Leu Lys Ser Leu Asp Thr Tyr Leu Ala Ser Gln
 85 90 95

Glu Ser Lys Ile Ala Ala Glu Lys Ser Lys Ala Thr Val Glu Ala Gly
 100 105 110

Asn Lys Phe Arg Thr Asp Tyr Glu Lys Gln Ser Gly Val Lys Lys Thr
 115 120 125

Ala Ser Gly Leu Leu Tyr Lys Ile Glu Lys Ala Gly Thr Gly Glu Ser

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

<210> 144
 <211> 290
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <223> HI0379

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

<400> 144

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

65 70 75

gat cac gat tgt gaa aaa gaa cat tgc cac gat cat tca cac aaa cat 287
 Asp His Asp Cys Glu Lys Glu His Cys His Asp His Ser His Lys His
 80 85 90 95

taa 290

<210> 145
 <211> 95
 <212> PRT
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 145
 His Ser Val Arg Gly Pro Gly Gly Gly Tyr Gln Leu Gly Lys Gln Pro
 1 5 10 15

Glu Glu Ile Ser Val Gly Met Ile Ile Ala Ala Val Asn Glu Asn Leu
 20 25 30

Asp Val Thr Lys Cys Lys Gly Ser Gly Asn Cys Ser Lys Asn Ser Gln
 35 40 45

Cys Leu Thr His His Leu Trp Glu Arg Leu Glu Glu Gln Ile Gly Val
 50 55 60

Phe Leu Asn Thr Ile Thr Leu Ala Glu Leu Val Glu Glu His Ser Asp
 65 70 75 80

His Asp Cys Glu Lys Glu His Cys His Asp His Ser His Lys His
 85 90 95

<210> 146
 <211> 273
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <223> hupA

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(270)

<400> 146
 atg aac aaa act gag tta atc gat gca atc gca gct ggt gca gag tta 48
 Met Asn Lys Thr Glu Leu Ile Asp Ala Ile Ala Ala Gly Ala Glu Leu
 1 5 10 15

agc aag aaa gac gcg aaa gcg gca tta gaa gcg act tta aat gcg atc 96
 Ser Lys Lys Asp Ala Lys Ala Ala Leu Glu Ala Thr Leu Asn Ala Ile

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

<210> 147

<211> 90

<212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 147

Met Asn Lys Thr Glu Leu Ile Asp Ala Ile Ala Ala Gly Ala Glu Leu
1 5 10 15

Ser Lys Lys Asp Ala Lys Ala Ala Leu Glu Ala Thr Leu Asn Ala Ile
20 25 30

Ser Glu Ser Leu Lys Asn Gly Asp Thr Val Gln Leu Ile Gly Phe Gly
35 40 45

Thr Phe Lys Val Asn Glu Arg Asn Ala Arg Thr Gly Arg Asn Pro Arg
50 55 60

Thr Gly Glu Glu Ile Lys Ile Ala Ala Ser Lys Val Pro Ala Phe Val
65 70 75 80

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

<210> 148

<211> 551

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> lpdA

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (549)

<400> 148

```

atg agc aaa gaa atc aaa acg caa gtc gtg gta ctt ggt gcg ggt cct 48
Met Ser Lys Glu Ile Lys Thr Gln Val Val Val Leu Gly Ala Gly Pro
  1             5             10             15

gcc ggt tat tca gcg gca ttc cgt tgt gcc gac tta ggc tta gaa aca 96
Ala Gly Tyr Ser Ala Ala Phe Arg Cys Ala Asp Leu Gly Leu Glu Thr
      20             25             30

gta att gtc gaa cgt tat tca act ttg ggc ggt gta tgc tta aac gta 144
Val Ile Val Glu Arg Tyr Ser Thr Leu Gly Gly Val Cys Leu Asn Val
      35             40             45

ggg tgt att ccg tct aaa gca tta tta cac gtt gca aaa gtt atc gaa 192
Gly Cys Ile Pro Ser Lys Ala Leu Leu His Val Ala Lys Val Ile Glu
      50             55             60

gaa gca aaa cac gca gag aaa aac ggt att act ttc ggt gag ccc aac 240
Glu Ala Lys His Ala Glu Lys Asn Gly Ile Thr Phe Gly Glu Pro Asn
      65             70             75             80

att gat tta gat aaa gtg cgt gcg ggt aaa gaa gcg gtt gtt tct aaa 288
Ile Asp Leu Asp Lys Val Arg Ala Gly Lys Glu Ala Val Val Ser Lys
      85             90             95

tta acc ggc ggt tta gcg ggt atg gct aaa gca cgt aaa gta aca gta 336
Leu Thr Gly Gly Leu Ala Gly Met Ala Lys Ala Arg Lys Val Thr Val
      100             105             110

gtg gaa ggt tta gcg gcg ttt acc gat ccg aat act tta gta gct cgt 384
Val Glu Gly Leu Ala Ala Phe Thr Asp Pro Asn Thr Leu Val Ala Arg
      115             120             125

gac cgt gac ggt aat ccg aca acg att aaa ttt gat tat gca att att 432
Asp Arg Asp Gly Asn Pro Thr Thr Ile Lys Phe Asp Tyr Ala Ile Ile
      130             135             140

gca gcc ggt tct cgt ccg att cag ctt ccg ttc att cca cac gaa gat 480
Ala Ala Gly Ser Arg Pro Ile Gln Leu Pro Phe Ile Pro His Glu Asp
      145             150             155             160

ccg cgt gtg tgg gat tct acg gat gca ctt aaa tta aaa gaa gta ccc 528
Pro Arg Val Trp Asp Ser Thr Asp Ala Leu Lys Leu Lys Glu Val Pro
      165             170             175

gaa aaa att act cat tat ggg cc 551
Glu Lys Ile Thr His Tyr Gly
      180

```

<210> 149

<211> 183

<212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 149

Met Ser Lys Glu Ile Lys Thr Gln Val Val Val Leu Gly Ala Gly Pro
1 5 10 15

Ala Gly Tyr Ser Ala Ala Phe Arg Cys Ala Asp Leu Gly Leu Glu Thr
20 25 30

Val Ile Val Glu Arg Tyr Ser Thr Leu Gly Gly Val Cys Leu Asn Val
35 40 45

Gly Cys Ile Pro Ser Lys Ala Leu Leu His Val Ala Lys Val Ile Glu
50 55 60

Glu Ala Lys His Ala Glu Lys Asn Gly Ile Thr Phe Gly Glu Pro Asn
65 70 75 80

Ile Asp Leu Asp Lys Val Arg Ala Gly Lys Glu Ala Val Val Ser Lys
85 90 95

Leu Thr Gly Gly Leu Ala Gly Met Ala Lys Ala Arg Lys Val Thr Val
100 105 110

Val Glu Gly Leu Ala Ala Phe Thr Asp Pro Asn Thr Leu Val Ala Arg
115 120 125

Asp Arg Asp Gly Asn Pro Thr Thr Ile Lys Phe Asp Tyr Ala Ile Ile
130 135 140

Ala Ala Gly Ser Arg Pro Ile Gln Leu Pro Phe Ile Pro His Glu Asp
145 150 155 160

Pro Arg Val Trp Asp Ser Thr Asp Ala Leu Lys Leu Lys Glu Val Pro
165 170 175

Glu Lys Ile Thr His Tyr Gly
180

<210> 150

<211> 1095

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> Omp5-2

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1092)

<400> 150

```

atg aaa aaa tca tta gtt gct tta aca gta tta tcg gct gca gcg gta 48
Met Lys Lys Ser Leu Val Ala Leu Thr Val Leu Ser Ala Ala Ala Val
  1             5             10             15

gct caa gca gcg cca caa caa aat act ttc tac gca ggt gcg aaa gca 96
Ala Gln Ala Ala Pro Gln Gln Asn Thr Phe Tyr Ala Gly Ala Lys Ala
          20             25             30

ggt tgg gcg tca ttc cat gat ggt atc gaa caa tta gat tca gct aaa 144
Gly Trp Ala Ser Phe His Asp Gly Ile Glu Gln Leu Asp Ser Ala Lys
      35             40             45

aac aca gat cgc ggt aca aaa tac ggt atc aac cgt aat tca gta act 192
Asn Thr Asp Arg Gly Thr Lys Tyr Gly Ile Asn Arg Asn Ser Val Thr
      50             55             60

tac ggc gta ttc ggc ggt tac caa att tta aac caa gac aaa tta ggt 240
Tyr Gly Val Phe Gly Gly Tyr Gln Ile Leu Asn Gln Asp Lys Leu Gly
      65             70             75             80

tta gcg gct gaa tta ggt tat gac tat ttc ggt cgt gtg cgc ggt tct 288
Leu Ala Ala Glu Leu Gly Tyr Asp Tyr Phe Gly Arg Val Arg Gly Ser
          85             90             95

gaa aaa cca aac ggt aaa gcg gac aag aaa act ttc cgt cac gct gca 336
Glu Lys Pro Asn Gly Lys Ala Asp Lys Lys Thr Phe Arg His Ala Ala
          100             105             110

cac ggt gcg aca atc gca tta aaa cct agc tac gaa gta tta cct gac 384
His Gly Ala Thr Ile Ala Leu Lys Pro Ser Tyr Glu Val Leu Pro Asp
          115             120             125

tta gac gtt tac ggt aaa gta ggt atc gca tta gta aac aat aca tat 432
Leu Asp Val Tyr Gly Lys Val Gly Ile Ala Leu Val Asn Asn Thr Tyr
          130             135             140

aaa aca ttc aat gca gca caa gag aaa gtg aaa act cgt cgt ttc caa 480
Lys Thr Phe Asn Ala Ala Gln Glu Lys Val Lys Thr Arg Arg Phe Gln
      145             150             155             160

agt tct tta att tta ggt gcg ggt gtt gag tac gca att ctt cct gaa 528
Ser Ser Leu Ile Leu Gly Ala Gly Val Glu Tyr Ala Ile Leu Pro Glu
          165             170             175

tta gcg gca cgt gtt gaa tac caa tgg tta aac aac gca ggt aaa gca 576
Leu Ala Ala Arg Val Glu Tyr Gln Trp Leu Asn Asn Ala Gly Lys Ala

```

180	185	190	
agc tac tct act tta aat cgt atg ggt gca act gac tac cgt tcg gat			624
Ser Tyr Ser Thr Leu Asn Arg Met Gly Ala Thr Asp Tyr Arg Ser Asp			
195	200	205	
atc agt tcc gta tct gca ggt tta agc tac cgt ttc ggt caa ggt gcg			672
Ile Ser Ser Val Ser Ala Gly Leu Ser Tyr Arg Phe Gly Gln Gly Ala			
210	215	220	
gca ccg gtt gca gct ccg gca gtt gaa act aaa aac ttc gca ttc agc			720
Ala Pro Val Ala Ala Pro Ala Val Glu Thr Lys Asn Phe Ala Phe Ser			
225	230	235	240
tct gac gta tta ttc gca ttc ggt aaa tca aac tta aaa ccg gct gcg			768
Ser Asp Val Leu Phe Ala Phe Gly Lys Ser Asn Leu Lys Pro Ala Ala			
245	250	255	
gca aca gca tta gat gca atg caa acc gaa atc aat aac gca ggt tta			816
Ala Thr Ala Leu Asp Ala Met Gln Thr Glu Ile Asn Asn Ala Gly Leu			
260	265	270	
tca aat gct gcg atc caa gta aac ggt tac acg gac cgt atc ggt aaa			864
Ser Asn Ala Ala Ile Gln Val Asn Gly Tyr Thr Asp Arg Ile Gly Lys			
275	280	285	
gaa gct tca aac tta aaa ctt tca caa cgt cgt gcg gaa aca gta gct			912
Glu Ala Ser Asn Leu Lys Leu Ser Gln Arg Arg Ala Glu Thr Val Ala			
290	295	300	
aac tac atc gtt tct aaa ggt gct ccg gca gct aac gta act gca gta			960
Asn Tyr Ile Val Ser Lys Gly Ala Pro Ala Ala Asn Val Thr Ala Val			
305	310	315	320
ggt tac ggt gaa gca aac cct gta acc ggc gca aca tgt gac aaa gtt			1008
Gly Tyr Gly Glu Ala Asn Pro Val Thr Gly Ala Thr Cys Asp Lys Val			
325	330	335	
aaa ggt cgt aaa gca tta atc gct tgc tta gca ccg gat cgt cgt gtt			1056
Lys Gly Arg Lys Ala Leu Ile Ala Cys Leu Ala Pro Asp Arg Arg Val			
340	345	350	
gaa gtt caa gtt caa ggt act aaa gaa gta act atg taa			1095
Glu Val Gln Val Gln Gly Thr Lys Glu Val Thr Met			
355	360		

<210> 151

<211> 364

<212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 151

```

Met Lys Lys Ser Leu Val Ala Leu Thr Val Leu Ser Ala Ala Ala Val
 1             5             10             15

Ala Gln Ala Ala Pro Gln Gln Asn Thr Phe Tyr Ala Gly Ala Lys Ala
      20             25             30

Gly Trp Ala Ser Phe His Asp Gly Ile Glu Gln Leu Asp Ser Ala Lys
      35             40             45

Asn Thr Asp Arg Gly Thr Lys Tyr Gly Ile Asn Arg Asn Ser Val Thr
      50             55             60

Tyr Gly Val Phe Gly Gly Tyr Gln Ile Leu Asn Gln Asp Lys Leu Gly
      65             70             75             80

Leu Ala Ala Glu Leu Gly Tyr Asp Tyr Phe Gly Arg Val Arg Gly Ser
      85             90             95

Glu Lys Pro Asn Gly Lys Ala Asp Lys Lys Thr Phe Arg His Ala Ala
      100            105            110

His Gly Ala Thr Ile Ala Leu Lys Pro Ser Tyr Glu Val Leu Pro Asp
      115            120            125

Leu Asp Val Tyr Gly Lys Val Gly Ile Ala Leu Val Asn Asn Thr Tyr
      130            135            140

Lys Thr Phe Asn Ala Ala Gln Glu Lys Val Lys Thr Arg Arg Phe Gln
      145            150            155            160

Ser Ser Leu Ile Leu Gly Ala Gly Val Glu Tyr Ala Ile Leu Pro Glu
      165            170            175

Leu Ala Ala Arg Val Glu Tyr Gln Trp Leu Asn Asn Ala Gly Lys Ala
      180            185            190

Ser Tyr Ser Thr Leu Asn Arg Met Gly Ala Thr Asp Tyr Arg Ser Asp
      195            200            205

Ile Ser Ser Val Ser Ala Gly Leu Ser Tyr Arg Phe Gly Gln Gly Ala
      210            215            220

Ala Pro Val Ala Ala Pro Ala Val Glu Thr Lys Asn Phe Ala Phe Ser
      225            230            235            240

Ser Asp Val Leu Phe Ala Phe Gly Lys Ser Asn Leu Lys Pro Ala Ala
      245            250            255

Ala Thr Ala Leu Asp Ala Met Gln Thr Glu Ile Asn Asn Ala Gly Leu
      260            265            270

```

Ser Asn Ala Ala Ile Gln Val Asn Gly Tyr Thr Asp Arg Ile Gly Lys
275 280 285

Glu Ala Ser Asn Leu Lys Leu Ser Gln Arg Arg Ala Glu Thr Val Ala
290 295 300

Asn Tyr Ile Val Ser Lys Gly Ala Pro Ala Ala Asn Val Thr Ala Val
305 310 315 320

Gly Tyr Gly Glu Ala Asn Pro Val Thr Gly Ala Thr Cys Asp Lys Val
325 330 335

Lys Gly Arg Lys Ala Leu Ile Ala Cys Leu Ala Pro Asp Arg Arg Val
340 345 350

Glu Val Gln Val Gln Gly Thr Lys Glu Val Thr Met
355 360

<210> 152

<211> 1110

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> Omp5

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (1107)

<400> 152

atg aaa aaa tca tta gtt gct tta gca gta tta tcg gct gca gca gta 48
Met Lys Lys Ser Leu Val Ala Leu Ala Val Leu Ser Ala Ala Ala Val
1 5 10 15

gct caa gca gct cca caa caa aat act ttc tac gca ggt gcg aaa gtt 96
Ala Gln Ala Ala Pro Gln Gln Asn Thr Phe Tyr Ala Gly Ala Lys Val
20 25 30

ggt caa tca tca ttt cac cac ggt gtt aac caa tta aaa tct ggt cac 144
Gly Gln Ser Ser Phe His His Gly Val Asn Gln Leu Lys Ser Gly His
35 40 45

gat gat cgt tat aat gat aaa aca cgt aag tat ggt atc aac cgt aac 192
Asp Asp Arg Tyr Asn Asp Lys Thr Arg Lys Tyr Gly Ile Asn Arg Asn
50 55 60

tct gta act tac ggt gta ttc ggc ggt tac caa atc tta aac caa aat 240
Ser Val Thr Tyr Gly Val Phe Gly Gly Tyr Gln Ile Leu Asn Gln Asn

65	70	75	80	
aac ttc ggt tta gca gct gaa tta ggc tat gac tac tac ggt cgc gta				288
Asn Phe Gly Leu Ala Ala Glu Leu Gly Tyr Asp Tyr Tyr Gly Arg Val				
	85	90	95	
cgt ggt aac gta gat gaa ttc cgt aca gtt aaa cac tct gct cac ggt				336
Arg Gly Asn Val Asp Glu Phe Arg Thr Val Lys His Ser Ala His Gly				
	100	105	110	
tta aac tta gcg tta aaa cca agc tac gaa gta tta cct gac tta gac				384
Leu Asn Leu Ala Leu Lys Pro Ser Tyr Glu Val Leu Pro Asp Leu Asp				
	115	120	125	
gtt tac ggt aaa gta ggt att gcg gtt gtt cgt aat gac tat aaa aaa				432
Val Tyr Gly Lys Val Gly Ile Ala Val Val Arg Asn Asp Tyr Lys Lys				
	130	135	140	
tat ggt gcg gaa aac act aac gaa tca aca aca aaa ttc cac aaa tta				480
Tyr Gly Ala Glu Asn Thr Asn Glu Ser Thr Thr Lys Phe His Lys Leu				
	145	150	155	160
aaa gca tca act att tta ggt gca ggt gtt gag tac gca att ctt cct				528
Lys Ala Ser Thr Ile Leu Gly Ala Gly Val Glu Tyr Ala Ile Leu Pro				
	165	170	175	
gaa tta gcg gca cgt gtt gaa tac caa tac tta aac aaa gcg ggt aac				576
Glu Leu Ala Ala Arg Val Glu Tyr Gln Tyr Leu Asn Lys Ala Gly Asn				
	180	185	190	
tta aat aaa gca tta gtt cgt tca ggc aca caa gat gtg gac ttc caa				624
Leu Asn Lys Ala Leu Val Arg Ser Gly Thr Gln Asp Val Asp Phe Gln				
	195	200	205	
tat gct cct gat atc cac tct gta aca gca ggt tta tca tac cgt ttc				672
Tyr Ala Pro Asp Ile His Ser Val Thr Ala Gly Leu Ser Tyr Arg Phe				
	210	215	220	
ggt caa ggc gct gta gca cca gtt gtt gag cca gaa gtt gta act aaa				720
Gly Gln Gly Ala Val Ala Pro Val Val Glu Pro Glu Val Val Thr Lys				
	225	230	235	240
aac ttc gca ttc agc tca gac gtt tta ttt gat ttc ggt aaa tca agc				768
Asn Phe Ala Phe Ser Ser Asp Val Leu Phe Asp Phe Gly Lys Ser Ser				
	245	250	255	
tta aaa cca gca gca gca aca gct tta gac gca gct aac act gaa atc				816
Leu Lys Pro Ala Ala Ala Thr Ala Leu Asp Ala Ala Asn Thr Glu Ile				
	260	265	270	
gct aac tta ggt tta gca act cca gct atc caa gtt aac ggt tat aca				864
Ala Asn Leu Gly Leu Ala Thr Pro Ala Ile Gln Val Asn Gly Tyr Thr				

275	280	285	
gac cgt atc ggt aaa gaa gct tca aac tta aaa ctt tca caa cgc cgt			912
Asp Arg Ile Gly Lys Glu Ala Ser Asn Leu Lys Leu Ser Gln Arg Arg			
290	295	300	
gca gaa act gta gct aac tac tta gtt tct aaa ggt caa aac cct gca			960
Ala Glu Thr Val Ala Asn Tyr Leu Val Ser Lys Gly Gln Asn Pro Ala			
305	310	315	320
aac gta act gca gta ggt tac ggt gaa gca aac cca gta acc ggc gca			1008
Asn Val Thr Ala Val Gly Tyr Gly Glu Ala Asn Pro Val Thr Gly Ala			
	325	330	335
aca tgt gat gca gtt aaa ggt cgt aaa gca tta atc gct tgc tta gca			1056
Thr Cys Asp Ala Val Lys Gly Arg Lys Ala Leu Ile Ala Cys Leu Ala			
	340	345	350
ccg gat cgt cgt gtt gaa gtt caa gta caa ggt gct aaa aac gta gct			1104
Pro Asp Arg Arg Val Glu Val Gln Val Gln Gly Ala Lys Asn Val Ala			
	355	360	365
atg taa			1110
Met			

<210> 153

<211> 369

<212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 153

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

Leu Asn Leu Ala Leu Lys Pro Ser Tyr Glu Val Leu Pro Asp Leu Asp
 115 120 125
 Val Tyr Gly Lys Val Gly Ile Ala Val Val Arg Asn Asp Tyr Lys Lys
 130 135 140
 Tyr Gly Ala Glu Asn Thr Asn Glu Ser Thr Thr Lys Phe His Lys Leu
 145 150 155 160
 Lys Ala Ser Thr Ile Leu Gly Ala Gly Val Glu Tyr Ala Ile Leu Pro
 165 170 175
 Glu Leu Ala Ala Arg Val Glu Tyr Gln Tyr Leu Asn Lys Ala Gly Asn
 180 185 190
 Leu Asn Lys Ala Leu Val Arg Ser Gly Thr Gln Asp Val Asp Phe Gln
 195 200 205
 Tyr Ala Pro Asp Ile His Ser Val Thr Ala Gly Leu Ser Tyr Arg Phe
 210 215 220
 Gly Gln Gly Ala Val Ala Pro Val Val Glu Pro Glu Val Val Thr Lys
 225 230 235 240
 Asn Phe Ala Phe Ser Ser Asp Val Leu Phe Asp Phe Gly Lys Ser Ser
 245 250 255
 Leu Lys Pro Ala Ala Ala Thr Ala Leu Asp Ala Ala Asn Thr Glu Ile
 260 265 270
 Ala Asn Leu Gly Leu Ala Thr Pro Ala Ile Gln Val Asn Gly Tyr Thr
 275 280 285
 Asp Arg Ile Gly Lys Glu Ala Ser Asn Leu Lys Leu Ser Gln Arg Arg
 290 295 300
 Ala Glu Thr Val Ala Asn Tyr Leu Val Ser Lys Gly Gln Asn Pro Ala
 305 310 315 320
 Asn Val Thr Ala Val Gly Tyr Gly Glu Ala Asn Pro Val Thr Gly Ala
 325 330 335
 Thr Cys Asp Ala Val Lys Gly Arg Lys Ala Leu Ile Ala Cys Leu Ala
 340 345 350
 Pro Asp Arg Arg Val Glu Val Gln Val Gln Gly Ala Lys Asn Val Ala
 355 360 365
 Met

<210> 154
 <211> 1076
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <223> pnp new

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1074)

<400> 154
 aat att aaa gaa ttc gta aaa gaa gcg ggt aaa ccg cgt tgg gat tgg 48
 Asn Ile Lys Glu Phe Val Lys Glu Ala Gly Lys Pro Arg Trp Asp Trp
 1 5 10 15
 gtt gcg ccg gaa ccg aat acc gca tta atc aac caa gtt aaa gcg tta 96
 Val Ala Pro Glu Pro Asn Thr Ala Leu Ile Asn Gln Val Lys Ala Leu
 20 25 30
 gcg gaa gcg cgt atc ggc gat gcg tat cgt att aca gaa aaa caa gcg 144
 Ala Glu Ala Arg Ile Gly Asp Ala Tyr Arg Ile Thr Glu Lys Gln Ala
 35 40 45
 cgt tac gaa caa atc gat gca att aaa gcg gat gtt atc gca caa tta 192
 Arg Tyr Glu Gln Ile Asp Ala Ile Lys Ala Asp Val Ile Ala Gln Leu
 50 55 60
 acc gca caa gac gaa acc gtt tct gaa ggt gcg att att gat att att 240
 Thr Ala Gln Asp Glu Thr Val Ser Glu Gly Ala Ile Ile Asp Ile Ile
 65 70 75 80
 acc gca tta gaa agt tct att gtt cgc ggt cgt att att gcc ggc gaa 288
 Thr Ala Leu Glu Ser Ser Ile Val Arg Gly Arg Ile Ile Ala Gly Glu
 85 90 95
 ccg cgt att gac ggt cgt acg gta gat acg gtt cgt gca tta gac att 336
 Pro Arg Ile Asp Gly Arg Thr Val Asp Thr Val Arg Ala Leu Asp Ile
 100 105 110
 tgc acc ggc gta tta cct cgt acg cac ggt tct gca atc ttt act cgc 384
 Cys Thr Gly Val Leu Pro Arg Thr His Gly Ser Ala Ile Phe Thr Arg
 115 120 125
 ggt gaa aca caa gca tta gcg gtt gca acc tta ggt act gag cgc gat 432
 Gly Glu Thr Gln Ala Leu Ala Val Ala Thr Leu Gly Thr Glu Arg Asp
 130 135 140
 gca caa att gtt gac gaa tta acc ggc gag aaa tca gac cgt ttc tta 480
 Ala Gln Ile Val Asp Glu Leu Thr Gly Glu Lys Ser Asp Arg Phe Leu

145	150	155	160	
ttc cac tat aac ttc cct ccg tac tct gtc ggt gaa acc ggt cgt atc				528
Phe His Tyr Asn Phe Pro Pro Tyr Ser Val Gly Glu Thr Gly Arg Ile				
	165	170	175	
ggt tcg ccg aaa cgt cgt gaa atc ggc cac ggt cgt tta gcg aaa cgc				576
Gly Ser Pro Lys Arg Arg Glu Ile Gly His Gly Arg Leu Ala Lys Arg				
	180	185	190	
ggt gta tta gcg gta atg ccg act gct gaa gaa ttc ccg tat gta gtg				624
Gly Val Leu Ala Val Met Pro Thr Ala Glu Glu Phe Pro Tyr Val Val				
	195	200	205	
cgc gta gta tct gaa att acc gaa tca aac ggt tct tct tca atg gct				672
Arg Val Val Ser Glu Ile Thr Glu Ser Asn Gly Ser Ser Ser Met Ala				
	210	215	220	
tcc gta tgc ggc gca tct tta gcg tta atg gac gca ggc gta ccg att				720
Ser Val Cys Gly Ala Ser Leu Ala Leu Met Asp Ala Gly Val Pro Ile				
225	230	235	240	
aaa gcg gcg gtt gcg ggt atc gca atg ggc tta gtg aaa gaa gaa gaa				768
Lys Ala Ala Val Ala Gly Ile Ala Met Gly Leu Val Lys Glu Glu Glu				
	245	250	255	
aaa ttt gtg gtg ctt tca gac atc tta ggt gac gaa gac cat tta ggc				816
Lys Phe Val Val Leu Ser Asp Ile Leu Gly Asp Glu Asp His Leu Gly				
	260	265	270	
gat atg gac ttc aaa gta gcc ggt acg cgt gaa ggt gta acc gca ctt				864
Asp Met Asp Phe Lys Val Ala Gly Thr Arg Glu Gly Val Thr Ala Leu				
	275	280	285	
caa atg gat att aaa atc gaa ggt atc acg cct gaa att atg caa atc				912
Gln Met Asp Ile Lys Ile Glu Gly Ile Thr Pro Glu Ile Met Gln Ile				
	290	295	300	
gca tta aat caa gcg aaa ggt gcg cgt atg cac atc tta agc gtg atg				960
Ala Leu Asn Gln Ala Lys Gly Ala Arg Met His Ile Leu Ser Val Met				
305	310	315	320	
gaa caa gcg att cct gca cct cgt gcc gat att tcc gat ttt gcg cct				1008
Glu Gln Ala Ile Pro Ala Pro Arg Ala Asp Ile Ser Asp Phe Ala Pro				
	325	330	335	
cgt att cat acg atg aag atc gat ccg aag aaa atc aaa gac gtg atc				1056
Arg Ile His Thr Met Lys Ile Asp Pro Lys Lys Ile Lys Asp Val Ile				
	340	345	350	
ggt aaa ggc ggt gcg gtt at				1076
Gly Lys Gly Gly Ala Val				
	355			

<210> 155

<211> 358

<212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 155

Asn Ile Lys Glu Phe Val Lys Glu Ala Gly Lys Pro Arg Trp Asp Trp
1 5 10 15

Val Ala Pro Glu Pro Asn Thr Ala Leu Ile Asn Gln Val Lys Ala Leu
20 25 30

Ala Glu Ala Arg Ile Gly Asp Ala Tyr Arg Ile Thr Glu Lys Gln Ala
35 40 45

Arg Tyr Glu Gln Ile Asp Ala Ile Lys Ala Asp Val Ile Ala Gln Leu
50 55 60

Thr Ala Gln Asp Glu Thr Val Ser Glu Gly Ala Ile Ile Asp Ile Ile
65 70 75 80

Thr Ala Leu Glu Ser Ser Ile Val Arg Gly Arg Ile Ile Ala Gly Glu
85 90 95

Pro Arg Ile Asp Gly Arg Thr Val Asp Thr Val Arg Ala Leu Asp Ile
100 105 110

Cys Thr Gly Val Leu Pro Arg Thr His Gly Ser Ala Ile Phe Thr Arg
115 120 125

Gly Glu Thr Gln Ala Leu Ala Val Ala Thr Leu Gly Thr Glu Arg Asp
130 135 140

Ala Gln Ile Val Asp Glu Leu Thr Gly Glu Lys Ser Asp Arg Phe Leu
145 150 155 160

Phe His Tyr Asn Phe Pro Pro Tyr Ser Val Gly Glu Thr Gly Arg Ile
165 170 175

Gly Ser Pro Lys Arg Arg Glu Ile Gly His Gly Arg Leu Ala Lys Arg
180 185 190

Gly Val Leu Ala Val Met Pro Thr Ala Glu Glu Phe Pro Tyr Val Val
195 200 205

Arg Val Val Ser Glu Ile Thr Glu Ser Asn Gly Ser Ser Ser Met Ala
210 215 220

Ser Val Cys Gly Ala Ser Leu Ala Leu Met Asp Ala Gly Val Pro Ile

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

```
<210> 156
<211> 1055
<212> DNA
<213> Actinobacillus pleuropneumoniae
```

<220>
<223> potD

```
<220>  
<221> CDS  
<222> (1) .. (1053)
```

<400> 156																
atg	aaa	aaa	tta	gcg	ggt	tta	ttt	gca	gca	ggt	tta	gcg	aca	gtt	gca	48
Met	Lys	Lys	Leu	Ala	Gly	Leu	Phe	Ala	Ala	Gly	Leu	Ala	Thr	Val	Ala	
1				5				10					15			
tta	aca	gcg	tgt	aat	gaa	gaa	aag	cca	aaa	gcg	gct	gaa	gca	gcg	gct	96
Leu	Thr	Ala	Cys	Asn	Glu	Glu	Lys	Pro	Lys	Ala	Ala	Glu	Ala	Ala	Ala	
			20					25				30				
caa	ccg	gca	gca	gcg	gga	aca	gtt	cac	ctt	tat	act	tggt	act	gaa	tat	144
Gln	Pro	Ala	Ala	Ala	Gly	Thr	Val	His	Leu	Tyr	Thr	Trp	Thr	Glu	Tyr	
		35				40						45				

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

atg gtg ttc cca aaa gaa ggt cct gta ctt tgg gtt gat acg tta gcc 816
Met Val Phe Pro Lys Glu Gly Pro Val Leu Trp Val Asp Thr Leu Ala
260 265 270

att ccg gcg aat gcg aaa aac aaa gaa aat gcg cat aag tta atc aac 864
Ile Pro Ala Asn Ala Lys Asn Lys Glu Asn Ala His Lys Leu Ile Asn
275 280 285

tac tta tta agc gca ccg gtt gcg gaa aaa tta acg tta gaa atc ggt 912
Tyr Leu Leu Ser Ala Pro Val Ala Glu Lys Leu Thr Leu Glu Ile Gly
290 295 300

tat ccg act tca aac gta gaa gcg tta aaa aca tta cca aaa gag att 960
Tyr Pro Thr Ser Asn Val Glu Ala Leu Lys Thr Leu Pro Lys Glu Ile
305 310 315 320

acc gaa gat ccg gca atc tat ccg aca gct gat gtg tta aaa gcg gca 1008
Thr Glu Asp Pro Ala Ile Tyr Pro Thr Ala Asp Val Leu Lys Ala Ala
325 330 335

caa tgg caa gac gat gta ggt aat gca atc gaa ctt tac gaa aaa ta 1055
Gln Trp Gln Asp Asp Val Gly Asn Ala Ile Glu Leu Tyr Glu Lys
340 345 350

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

<400> 157
Met Lys Lys Leu Ala Gly Leu Phe Ala Ala Gly Leu Ala Thr Val Ala
1 5 10 15
Leu Thr Ala Cys Asn Glu Glu Lys Pro Lys Ala Ala Glu Ala Ala Ala
20 25 30
Gln Pro Ala Ala Ala Gly Thr Val His Leu Tyr Thr Trp Thr Glu Tyr
35 40 45
Val Pro Glu Gly Leu Leu Asp Glu Phe Thr Lys Gln Thr Gly Ile Lys
50 55 60
Val Glu Val Ser Ser Leu Glu Ser Asn Glu Thr Met Tyr Ala Lys Leu
65 70 75 80
Lys Leu Gln Gly Lys Asp Gly Gly Tyr Asp Val Ile Ala Pro Ser Asn
85 90 95
Tyr Phe Val Ser Lys Met Ala Lys Glu Gly Met Leu Ala Glu Leu Asp
100 105 110
His Ala Lys Leu Pro Val Ile Lys Glu Leu Asn Gln Asp Trp Leu Asn

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

<210> 158

<211> 525

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> rpmF

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (522)

<400> 158

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

<210> 159

<211> 174

<212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 159

```
Met Gln Lys Val Lys Leu Pro Leu Thr Ile Asp Pro Tyr Lys Asp Ala
  1             5             10             15

Gln Arg Arg Met Asp Tyr Glu Gly Tyr Ile Ser Arg Ser Leu Leu Asn
      20             25             30

Arg Leu Gly Glu Ser Val Ser Asn Val Leu Ser Asp Ala Gln Val Thr
      35             40             45

Leu Ser Leu Tyr Ile Asp Pro Gln Arg Leu Thr Val Ile Lys Gly Thr
      50             55             60

Ala Thr Val Glu Val Glu Phe Asp Cys Gln Arg Cys Gly Asn Pro Phe
      65             70             75             80

Thr Gln Thr Leu Asp Cys Ser Phe Cys Phe Ser Pro Val Ser Asn Met
      85             90             95

Asp Gln Ala Asp Asn Leu Pro Glu Ile Tyr Glu Pro Ile Glu Val Asn
      100            105            110

Glu Phe Gly Glu Val Asn Leu Leu Asp Met Ile Glu Asp Gly Phe Ile
      115            120            125

Ile Glu Leu Pro Leu Val Pro Met His Ser Glu Glu His Cys Glu Val
      130            135            140

Ser Val Ser Glu Gln Val Phe Gly Glu Leu Pro Glu Glu Leu Ala Lys
      145            150            155            160

Lys Pro Asn Pro Phe Ala Val Leu Ala Asn Leu Lys Lys Asn
      165            170
```

<210> 160

<211> 1302

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> tig

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (1299)

<400> 160

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

gaa caa ttc gat atc gat gtt act ttc cct gaa gaa tac cac gct gaa	672
Glu Gln Phe Asp Ile Asp Val Thr Phe Pro Glu Glu Tyr His Ala Glu	
210 215 220	
aac tta aaa ggt aaa gcg gcg aaa ttc gca att aca ctt aag aaa gta	720
Asn Leu Lys Gly Lys Ala Ala Lys Phe Ala Ile Thr Leu Lys Lys Val	
225 230 235 240	
gaa aat atc gta tta cct gaa tta acc gaa gaa ttc gtg aaa aaa ttc	768
Glu Asn Ile Val Leu Pro Glu Leu Thr Glu Glu Phe Val Lys Lys Phe	
245 250 255	
ggt tca gca aaa act gta gaa gat tta cgt gcg gaa att aag aaa aat	816
Gly Ser Ala Lys Thr Val Glu Asp Leu Arg Ala Glu Ile Lys Lys Asn	
260 265 270	
atg caa cgt gaa ctt aaa aac gca gta acc gca cgc gtt aaa aac caa	864
Met Gln Arg Glu Leu Lys Asn Ala Val Thr Ala Arg Val Lys Asn Gln	
275 280 285	
gta atc aac ggt tta atc gca caa aat gaa att gaa gtg ccg gct gca	912
Val Ile Asn Gly Leu Ile Ala Gln Asn Glu Ile Glu Val Pro Ala Ala	
290 295 300	
gcg gta gcg gaa gaa gtg gac gta tta cgt cgt caa gcg gtt caa cgt	960
Ala Val Ala Glu Glu Val Asp Val Leu Arg Arg Gln Ala Val Gln Arg	
305 310 315 320	
ttc ggt ggt aaa ccg gaa atg gct gca caa tta ccg gcg gaa tta ttc	1008
Phe Gly Gly Lys Pro Glu Met Ala Ala Gln Leu Pro Ala Glu Leu Phe	
325 330 335	
gaa gcg gat gca aaa cgt cgt gtt caa gta ggt tta tta ctt tca acc	1056
Glu Ala Asp Ala Lys Arg Arg Val Gln Val Gly Leu Leu Leu Ser Thr	
340 345 350	
gta atc ggt act aac gaa tta aaa gtt gat gaa aaa cgt gtt gaa gaa	1104
Val Ile Gly Thr Asn Glu Leu Lys Val Asp Glu Lys Arg Val Glu Glu	
355 360 365	
acg att gca gaa atc gct tca gct tac gaa caa ccg gcg gaa gtt gtt	1152
Thr Ile Ala Glu Ile Ala Ser Ala Tyr Glu Gln Pro Ala Glu Val Val	
370 375 380	
gct cat tat gcg aaa aac cgt caa tta acc gaa aat atc cgt aac gta	1200
Ala His Tyr Ala Lys Asn Arg Gln Leu Thr Glu Asn Ile Arg Asn Val	
385 390 395 400	
gtg tta gaa gag caa gcg gtt gaa gtt gta ctt gcg aaa gca aaa gta	1248
Val Leu Glu Glu Gln Ala Val Glu Val Val Leu Ala Lys Ala Lys Val	

405 410 415
 act gaa aaa gcg act tct ttt gat gaa gta atg gct caa caa gct caa 1296
 Thr Glu Lys Ala Thr Ser Phe Asp Glu Val Met Ala Gln Gln Ala Gln
 420 425 430

ggc taa 1302
 Gly

<210> 161
 <211> 433
 <212> PRT
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 161
 Met Ser Ile Ser Ile Glu Thr Leu Glu Gly Leu Gln Arg Arg Val Thr
 1 5 10 15
 Ile Thr Val Ala Ala Asp Lys Ile Glu Ala Ala Tyr Lys Glu Gln Leu
 20 25 30
 Lys Gly Tyr Ala Lys Asn Ala Arg Val Asp Gly Phe Arg Lys Gly Lys
 35 40 45
 Val Pro His Ala Ile Ile Glu Gln Arg Phe Gly Leu Ala Ala Arg Gln
 50 55 60
 Asp Val Leu Ser Asp Glu Met Gln Arg Ala Phe Phe Asp Ala Val Ile
 65 70 75 80
 Ala Glu Lys Ile Asn Leu Ala Gly Arg Pro Thr Phe Thr Pro Asn Asn
 85 90 95
 Tyr Gln Pro Ser Gln Glu Phe Ser Phe Thr Ala Thr Phe Glu Val Phe
 100 105 110
 Pro Glu Val Glu Leu Lys Gly Leu Glu Asn Ile Glu Val Glu Lys Pro
 115 120 125
 Val Val Glu Ile Thr Glu Ala Asp Leu Asp Lys Met Ile Asp Val Leu
 130 135 140
 Arg Lys Gln Gln Ala Thr Trp Ala Glu Ser Gln Ala Ala Ala Gln Ala
 145 150 155 160
 Glu Asp Arg Val Val Ile Asp Phe Val Gly Ser Val Asp Gly Glu Glu
 165 170 175
 Phe Glu Gly Gly Lys Ala Thr Asp Phe Thr Leu Ala Met Gly Gln Ser
 180 185 190
 Arg Met Ile Pro Gly Phe Glu Glu Gly Ile Val Gly His Lys Ala Gly

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

Gly

<210> 162

<211> 316

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> tRNA-glu

<400> 162

aatattgcg tcaaattggca aagcggagag catctttaaa tgttgtcccc atcgtctaga 60
ggcctaggac atcgcccttt cacggcggtta accgggggttc gaatccccgt ggggacgcca 120
tttaaagatg actttttgttg tctgaattgt tctttaaaaa attggaaaca agctgaaaac 180
tgagagattt tcgaaagaaa gtctgagtag taaaagataa gtaattatct tgaaaatctt 240
agctgaacaa aagcagctaa gtgttttagtt gaataaagta tcgcgttgaa tgcgttcaaa 300
taaaatttga aaatat 316

<210> 163

<211> 85

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> tRNA-leu

<400> 163

gctctggtgg tggaattggg agacacgcta tcttgagggg gtagtgtcca taggatgtgc 60
gagttcgagt ctcgcccaga gcacc 85

<210> 164

<211> 623

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> yaeE

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (621)

<400> 164

atg caa gaa ctc aca cct caa atg tgg ggc tta gtc ggc act tca acg 48
Met Gln Glu Leu Thr Pro Gln Met Trp Gly Leu Val Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15
ctt gaa acg ctc tat atg ggc ttt gcg gcg act tta ctt gct gtg gta 96
Leu Glu Thr Leu Tyr Met Gly Phe Ala Ala Thr Leu Leu Ala Val Val
20 25 30

```

gtc ggt ttg ccg atc ggt ttt ctg gca ttt tta acc ggt aaa gga gag 144
Val Gly Leu Pro Ile Gly Phe Leu Ala Phe Leu Thr Gly Lys Gly Glu
      35              40              45

att tta gag aat ccg cgt tta cat caa gta tta gat gtg att att aat 192
Ile Leu Glu Asn Pro Arg Leu His Gln Val Leu Asp Val Ile Ile Asn
      50              55              60

atc ggt cgt tcc gta ccg ttt att att ttg tta gtc gtg ttg tta cct 240
Ile Gly Arg Ser Val Pro Phe Ile Ile Leu Leu Val Val Leu Leu Pro
      65              70              75              80

ttt acg cgt tta ttg gtc ggg aca acg ctc ggt act acg gcg gcg att 288
Phe Thr Arg Leu Leu Val Gly Thr Thr Leu Gly Thr Thr Ala Ala Ile
      85              90              95

gtg ccg tta agc gtt tcg gca att ccg ttt ttt gcg cgt tta act tca 336
Val Pro Leu Ser Val Ser Ala Ile Pro Phe Phe Ala Arg Leu Thr Ser
      100             105             110

aat gcg tta tta gaa atc cca gca ggt tta acc gaa gcg gcg aaa tcg 384
Asn Ala Leu Leu Glu Ile Pro Ala Gly Leu Thr Glu Ala Ala Lys Ser
      115             120             125

atg ggc gca acg aat tgg caa gtg gtc agt aaa ttt tat tta ccg gaa 432
Met Gly Ala Thr Asn Trp Gln Val Val Ser Lys Phe Tyr Leu Pro Glu
      130             135             140

tca ctg ccg att tta atc aat ggt atc aca tta act tta gtc gct tta 480
Ser Leu Pro Ile Leu Ile Asn Gly Ile Thr Leu Thr Leu Val Ala Leu
      145             150             155             160

atc ggt tat tcg gca atg gcg ggt gcg gtc ggc ggc ggc ggt ttg ggt 528
Ile Gly Tyr Ser Ala Met Ala Gly Ala Val Gly Gly Gly Gly Leu Gly
      165             170             175

aac ctt gcc atc agt tac ggt gaa cac cga aat atg gtc tat gta aaa 576
Asn Leu Ala Ile Ser Tyr Gly Glu His Arg Asn Met Val Tyr Val Lys
      180             185             190

tgg atc tca aca att att atc gta gcg att gtg atg atc agt caa aa 623
Trp Ile Ser Thr Ile Ile Ile Val Ala Ile Val Met Ile Ser Gln
      195             200             205

```

<210> 165

<211> 207

<212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 165

Met Gln Glu Leu Thr Pro Gln Met Trp Gly Leu Val Gly Thr Ser Thr

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

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

<220>
 <223>

<400> 166
 Cys Ser Thr Met
 1

<210> 167
 <211> 4
 <212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223>

<400> 167

His Phe Trp Tyr

1

<210> 168

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223>

<400> 168

Asn Gln Asp Glu

1

<210> 169

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223>

<400> 169

Ala Leu Ile Val Pro

1

5