



(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 등록특허공보(B1)

(45) 공고일자 2008년02월11일
(11) 등록번호 10-0802198
(24) 등록일자 2008년01월31일

(51) Int. Cl.

C12N 15/31 (2006.01)

(21) 출원번호 10-2001-7007963

(22) 출원일자 2001년06월22일

심사청구일자 2004년08월23일

번역문제출일자 2001년06월22일

(65) 공개번호 10-2001-0104693

(43) 공개일자 2001년11월26일

(86) 국제출원번호 PCT/CA1999/001218

국제출원일자 1999년12월20일

(87) 국제공개번호 WO 2000/39299

국제공개일자 2000년07월06일

(30) 우선권주장

60/113,800 1998년12월23일 미국(US)

(56) 선행기술조사문헌

WO 98 18930 A (1998.05.07)

(뒷면에 계속)

전체 청구항 수 : 총 35 항

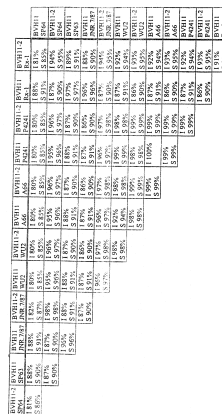
심사관 : 정의준

(54) 신규한 스트렙토코커스 항원

(57) 요약

본 발명은 스트렙토코커스 단백질 및 이들을 코딩하는 폴리뉴클레오타이드에 관한 것이다. 상기 단백질은 항원성이므로 그러므로 동물에서의 스트렙토코커스 감염의 예방 또는 질병을 위한 유용한 백신 성분이다. 또한, 본 발명은 스트렙토코커스 박테리아 감염을 감지하는 진단 검정법 뿐 아니라, 단백질 항원을 제조하는 제조방법에 관한 것이다.

대표도 - 도13



(72) 발명자

라이우스, 클레멘트

캐나다에이치9이1제이1, 퀘벡, 일비자드, 12크로상트
마라베

피뉴, 이사벨

캐나다지1브이3와이7, 퀘벡, 세인트-포이, 3035루데카
텔레즈

마틴, 데니스

캐나다지3에이1이9, 퀘벡, 세인트-오귀스틴-
데스마레, 4728-지가보리

카를랜드, 나탈리

캐나다지6엑스3엔6, 퀘벡, 차니, 4340루두라피데, 아파
트8

(56) 선행기술조사문헌

WO 98 18931 A (1998.05.07)

WO 99 15675 A (1999.04.01)

WO 00 06737 A (2000.02.10)

WO 00 06738 A (2000.02.10)

WO 00 17370 A (2000.03.30)

(81) 지정국

국내특허 : 아랍에미리트, 알바니아, 아르메니아,
오스트리아, 오스트레일리아, 아제르바이잔, 보스
니아 헤르체고비나, 바베이도스, 불가리아,
브라질, 벨라루스, 캐나다, 스위스, 중국, 코스타
리카, 쿠바, 체코, 독일, 덴마크, 도미니카, 에스
토니아, 스페인, 핀란드, 영국, 그라나다, 그루지
야, 가나, 감비아, 크로아티아, 헝가리, 인도네시
아, 이스라엘, 인도, 아이슬랜드, 일본, 케냐, 키
르키즈스탄, 북한, 대한민국, 카자흐스탄, 세인트
루시아, 스리랑카, 리베이라, 레소토, 리투아니아,
룩셈부르크, 라트비아, 모로코, 몰도바, 마다가스
카르, 마케도니아공화국, 몽고, 말라위, 멕시코,
노르웨이, 뉴질랜드, 폴란드, 포르투갈, 루마니아,
러시아, 수단, 스웨덴, 싱가포르, 슬로베니아, 슬
로바키아, 시에라리온, 타지키스탄, 투르크멘, 터
어키, 트리니다드토바고, 탄자니아, 우크라이나,
우간다, 미국, 우즈베키스탄, 베트남, 세르비아 앤
몬테네그로, 남아프리카, 짐바브웨

AP ARIPO특허 : 가나, 감비아, 케냐, 레소토, 말라
위, 수단, 시에라리온, 스와질랜드, 탄자니아, 우
간다, 짐바브웨

EA 유라시아특허 : 아르메니아, 아제르바이잔, 벨
라루스, 키르키즈스탄, 카자흐스탄, 몰도바, 러시
아, 타지키스탄, 투르크멘

EP 유럽특허 : 오스트리아, 벨기에, 스위스, 사이
프러스, 독일, 덴마크, 스페인, 핀란드, 프랑스,
영국, 그리스, 아일랜드, 이탈리아, 룩셈부르크,
모나코, 네덜란드, 포르투갈, 스웨덴

OA OAPI특허 : 부르키나파소, 베닌, 중앙아프리카,
콩고, 코트디부아르, 카메룬, 가봉, 기니, 기니 비
사우, 말리, 모리타니, 니제르, 세네갈, 차드, 토
고

특허청구의 범위

청구항 1

서열번호 4, 14, 58, 60, 61, 62, 63, 71, 73, 74, 77 또는 79 중 어느 하나에 나타난 아미노산 서열을 갖고, 서열번호 4 또는 서열번호 14 중 어느 하나의 아미노산 서열을 갖는 폴리펩타이드에 특이적으로 결합하는 항체를 유도할 수 있으며, 개체에 있어서 항-스트렙토코커스 반응을 유도할 수 있는 분리형 폴리펩타이드를 코딩하는 분리형 폴리뉴클레오타이드.

청구항 2

서열번호 4, 14, 58, 60 내지 63, 67 내지 74, 77 또는 79 중 어느 하나에 나타난 아미노산 서열로 이루어진 분리형 폴리펩타이드를 코딩하는 분리형 폴리뉴클레오타이드.

청구항 3

제 1항의 폴리뉴클레오타이드에 상보적인 분리형 폴리뉴클레오타이드.

청구항 4

제 2항의 폴리뉴클레오타이드에 상보적인 분리형 폴리뉴클레오타이드.

청구항 5

제 1항에 있어서, 상기 폴리뉴클레오타이드는 DNA인 것을 특징으로 하는 분리형 폴리뉴클레오타이드.

청구항 6

제 2항에 있어서, 상기 폴리뉴클레오타이드는 DNA인 것을 특징으로 하는 분리형 폴리뉴클레오타이드.

청구항 7

제 1항에 있어서, 상기 폴리뉴클레오타이드는 RNA인 것을 특징으로 하는 분리형 폴리뉴클레오타이드.

청구항 8

제 2항에 있어서, 상기 폴리뉴클레오타이드는 RNA인 것을 특징으로 하는 분리형 폴리뉴클레오타이드.

청구항 9

발현 조절 영역에 조작적으로 결합된 제1항의 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 벡터.

청구항 10

발현 조절 영역에 조작적으로 결합된 제2항의 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 벡터.

청구항 11

제 9항의 벡터로 형질전환된 숙주 세포.

청구항 12

제 10항의 벡터로 형질전환된 숙주 세포.

청구항 13

상기 폴리펩타이드의 발현에 적합한 조건 하에서 제11항에 따른 숙주 세포를 배양하는 것을 포함하는 폴리펩타이드의 제조 공정.

청구항 14

상기 폴리펩타이드의 발현에 적합한 조건 하에서 제12항에 따른 숙주 세포를 배양하는 것을 포함하는 폴리펩타

이드의 제조 공정.

청구항 15

서열번호 4, 14, 58, 60, 61, 62, 63, 67, 68, 72, 73, 74, 77 또는 79 중 어느 하나에 나타난 아미노산 서열을 갖고, 서열번호 4 또는 서열번호 14 중 어느 하나의 아미노산 서열을 갖는 폴리펩타이드에 특이적으로 결합하는 항체를 유도할 수 있으며, 개체에 있어서 항-스트렙토코커스 반응을 유도할 수 있는 분리형 폴리펩타이드.

청구항 16

제 15항에 있어서, 서열번호 4, 14, 58, 60, 61, 62, 63, 67, 68, 72, 73, 74, 77 또는 79 중 어느 하나에 나타난 아미노산 서열로 이루어진 분리형 폴리펩타이드.

청구항 17

제 15항에 있어서, 서열번호 4 또는 서열번호 14의 N-말단 Met 잔기가 결실된 것을 특징으로 하는 분리형 폴리펩타이드.

청구항 18

제 16항에 있어서, 서열번호 4 또는 서열번호 14의 N-말단 Met 잔기가 결실된 것을 특징으로 하는 분리형 폴리펩타이드.

청구항 19

서열번호 4, 14, 58, 60, 61, 62, 63, 67, 68, 72, 73, 74, 77 또는 79로부터 선택된 둘 이상의 폴리펩타이드로 이루어지고, 상기 둘 이상의 폴리펩타이드가 연결되어 키메라성 폴리펩타이드를 형성하는 것을 특징으로 하는 키메라성 폴리펩타이드.

청구항 20

서열번호 58, 60, 62, 67, 68, 72, 74 또는 77로부터 선택된 둘 이상의 폴리펩타이드로 이루어지고, 상기 둘 이상의 폴리펩타이드가 연결되어 키메라성 폴리펩타이드를 형성하는 것을 특징으로 하는 키메라성 폴리펩타이드.

청구항 21

하기 구조식 1로 표시되는 키메라성 폴리펩타이드:

(구조식 1)



상기 구조식 1에 있어서,

m은 0 또는 1,

n은 0 또는 1,

A는 서열번호 4, 14, 58, 60, 61, 62, 63, 67, 68, 72, 73, 74, 77 또는 79로부터 선택되고;

B는 서열번호 4, 14, 58, 60, 61, 62, 63, 67, 68, 72, 73, 74, 77 또는 79로부터 선택되며;

C는 서열번호 4, 14, 58, 60, 61, 62, 63, 67, 68, 72, 73, 74, 77 또는 79로부터 선택되고;

D는 서열번호 4, 14, 58, 60, 61, 62, 63, 67, 68, 72, 73, 74, 77 또는 79로부터 선택된다.

청구항 22

하기 구조식 1로 표시되는 키메라성 폴리펩타이드:

(구조식 1)



상기 구조식 1에 있어서,

m은 0 또는 1,

n은 0 또는 1,

A는 서열번호 58, 60, 62, 67, 68, 72, 74 또는 77로부터 선택되고;

B는 서열번호 58, 60, 62, 67, 68, 72, 74 또는 77로부터 선택되며;

C는 서열번호 58, 60, 62, 67, 68, 72, 74 또는 77로부터 선택되고;

D는 서열번호 58, 60, 62, 67, 68, 72, 74 또는 77로부터 선택된다.

청구항 23

제15항 내지 제18항 중 어느 한 항에 따른 폴리펩타이드 또는 제19항 내지 제22항 중 어느 한 항에 따른 키메라성 폴리펩타이드, 및 약학적으로 수용가능한 운반체, 희석제, 또는 애주번트(adjuvant)를 포함하는 백신 조성물.

청구항 24

제23항에 따른 백신 조성물을 포함하는 뇌막염, 중이염, 균혈증 또는 폐렴 감염의 치료 또는 예방을 위한 약학적 조성물.

청구항 25

제23항에 따른 백신 조성물을 포함하는 스트렙토코커스 박테리아 감염의 치료 또는 예방을 위한 약학적 조성물.

청구항 26

제25항에 있어서, 상기 박테리아는 S. 뉴모니아, 그룹 A 스트렙토코커스(피오젠(*pyogenes*)), 그룹 B 스트렙토코커스(GBS 또는 아갈락티아(*S. agalactiae*)), S. 디스갈락티아(*S. dysgalactiae*), 또는 S. 우베리스(*S. uberis*)인 것을 특징으로 하는 약학적 조성물.

청구항 27

제24항에 있어서, 상기 균혈증 또는 폐렴 감염은 S. 뉴모니아 균혈증 또는 S. 뉴모니아 폐렴 감염인 것을 특징으로 하는 약학적 조성물.

청구항 28

제23항의 백신 조성물의 예방량 또는 치료량을 스트렙토코커스에 감염되기 쉽거나 또는 감염된 인간을 제외한 동물에 투여하는 것을 포함하는 상기 인간을 제외한 동물에서 스트렙토코커스 감염을 예방 또는 치료하는 방법.

청구항 29

제15항 내지 제18항 중 어느 한 항에 따른 폴리펩타이드 또는 제19항 내지 제22항 중 어느 한 항에 따른 키메라성 폴리펩타이드, 및 약학적으로 수용 가능한 애주번트를 포함하는 백신 조성물.

청구항 30

제15항 내지 제18항에 있어서, 상기 폴리펩타이드는 당류에 결합되는 것을 특징으로 하는 분리형 폴리펩타이드.

청구항 31

제19항 내지 제22항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 키메라성 폴리펩타이드는 당류에 결합되는 것을 특징으로 하

는 키메라성 폴리펩타이드.

청구항 32

서열번호 4 또는 14 중 어느 하나에 나타난 아미노산 서열로 이루어진 폴리펩타이드에 대한 결합 특이성을 갖는 항체를 생성할 수 있으며, 스트렙토코커스에 대한 특이적 면역반응을 유도할 수 있는 분리형 폴리펩타이드를 코딩하는 분리형 폴리뉴클레오타이드.

청구항 33

발현 조절 영역에 조작적으로 결합된 제32항의 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 벡터.

청구항 34

제33항의 벡터로 형질전환된 숙주 세포.

청구항 35

상기 폴리펩타이드의 발현에 적합한 조건하에서 제34항에 따른 숙주 세포를 배양하는 것을 포함하는 폴리펩타이드의 제조 방법.

명세서

기술 분야

- <1> 본 발명은 항원에 관한 것으로, 좀 더 자세하게는 치료 및/또는 예방을 위한 백신 성분으로 유용한 스트렙토코커스 뉴모니에(*streptococcus pneumoniae*) 병원균(pathogen)의 단백질 항원에 관한 것이다.

배경 기술

- <2> S. 뉴모니에는 사람 특히 유아, 노인 및 면역력이 떨어진 사람에게 주요한 발병 요인이다. 상기 병원균은 전세계적으로 높은 발병률 및 사망율을 갖는 균혈증(bacteraemia) / 패혈증(septicaemia), 폐렴(pneumonia), 뇌막염(meningitis) 등의 침입성 질병의 환자로 부터 자주 검출된다. 심지어 적절한 항생제 치료가 병행되어도, 폐렴 구균(peumococcal)의 감염은 여전히 높은 사망율을 나타낸다. 비록 항미생물성 약물의 출현이 전반적인 폐렴 구균성 질병으로 인한 사망율을 감소시켰다 하더라도 저항성을 갖는 폐렴 구균성 미생물의 존재는 오늘날 세계적으로 주요 문제가 되고 있다. 효과적인 폐렴 구균 백신은 S. 뉴모니에로 인한 발병을 및 사망율에 주요 효과를 가져야 한다. 또한, 상기 백신은 유아와 어린이의 중이염(otitis media)을 막는데도 잠재적으로 유용하다.
- <3> 폐렴 구균 백신을 개발하기 위한 노력은 일반적으로 폐렴 구균 외피 다당류에 면역 반응을 유발하는 것으로 집약될 수 있다. 80개 이상의 폐렴 구균 외피 혈청형(serotype)이 항원적으로 차이점을 가진다는 사실은 알려져왔다. 현재 입수 가능한 폐렴 구균 백신은 가장 빈번하게 질병을 유발하는 23 외피 다당류를 포함하는데, 몇몇 외피 다당류의 낮은 면역 유발력, 및 혈청형의 다양성 및 시간에 따른 혈청형 분포의 차이, 위치 영역 및 연령 그룹과 관련된 중요한 단점들을 가지고 있다. 특히, 모든 혈청형에 대하여 어린이들을 보호하기 위한 기존의 백신 및 현재 개발중인 외피 융합 백신은 효과가 낮아 다른 S. 뉴모니에 성분의 조사를 측정하였다. 비록 외피 다당류의 면역 유발능이 향상될 수 있다하더라도, 혈청형 특이성은 여전히 다당류-원류 백신의 주요 한계점일 것이다. 항원적으로 공통된 면역 유발 폐렴 구균 단백질 항원 단독 또는 부가적인 성분과 결합된 형태의 사용은 단백질-원류의 폐렴 구균 백신의 효과 상승 가능성을 제공한다.
- <4> 1998년 5월 7일자에 "스트렙토코커스 뉴모니에 항원 및 백신"의 명칭으로 공개된 PCT 공개 번호 제W098/18930호는 항원성을 갖는다고 주장된 특정 폴리펩타이드에 대하여 기술하고 있다. 그러나, 상기 폴리펩타이드의 생물학적 활성은 보고되지 않았다.
- <5> 따라서, 스트렙토코커스 감염의 예방 및/또는 치료를 위한 백신 성분으로써 사용될 수 있는 스트렙토코커스 항원에 대한 요구는 충족되지 않은 상태로 남아있는 실정이다.
- <6> 한가지 관점에서, 본 발명은 서열번호 2, 4, 6, 8, 10, 14, 16, 55 내지 75, 77 내지 79, 81, 83 또는 이들의 절편, 유사체 또는 유도체로부터 선택된 서열을 포함하는 제2의 폴리펩타이드와 적어도 70%의 동일성을 갖는 폴리펩타이드를 암호화하는 분리형 폴리뉴클레오타이드를 제공한다.

<7> 다른 관점에서, 본 발명은 발현 조절 영역에 조작적으로 결합된 본 발명의 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 벡터, 상기 벡터로 형질전환된 숙주 세포 및 발현에 적합한 조건 하에서 상기 숙주 세포를 배양하는 것을 포함하는 폴리펩타이드의 제조 방법을 제공한다.

<8> 또 다른 측면에 있어서, 본 발명은 상기 폴리뉴클레오타이드에 의해 암호화되는 신규한 폴리펩타이드를 제공한다.

발명의 상세한 설명

<9> 한가지 관점에서, 본 발명은 서열번호 2, 4, 6, 8, 10, 14, 16, 55 내지 75, 77 내지 79, 81, 83 또는 이들의 절편, 유사체 또는 유도체로부터 선택된 서열을 포함하는 제2의 폴리펩타이드와 적어도 70% 동일성을 갖는 폴리펩타이드를 코딩하는 분리형 폴리뉴클레오타이드를 제공한다.

<10> 한가지 관점에서, 본 발명은 서열번호 2, 4, 6, 8, 10, 14, 16, 55 내지 75, 77 내지 79, 81, 83 또는 이들의 절편, 유사체 또는 유도체로부터 선택된 서열을 포함하는 제2의 폴리펩타이드와 적어도 95% 동일성을 갖는 폴리펩타이드를 코딩하는 분리형 폴리뉴클레오타이드를 제공한다.

<11> 한가지 관점에서, 본 발명은 서열번호 2, 4, 8, 10, 14, 16, 55 내지 75, 77 내지 79, 81, 83 또는 이들의 절편, 유사체 또는 유도체로부터 선택된 서열을 포함하는 제2의 폴리펩타이드와 적어도 70% 동일성을 갖는 폴리펩타이드를 코딩하는 분리형 폴리뉴클레오타이드를 제공한다.

<12> 한가지 관점에서, 본 발명은 서열번호 2, 4, 10, 14, 16, 55 내지 75, 77 내지 79, 81, 83 또는 이들의 절편, 유사체 또는 유도체로부터 선택된 서열을 포함하는 제2의 폴리펩타이드와 적어도 70% 동일성을 갖는 폴리펩타이드를 코딩하는 분리형 폴리뉴클레오타이드를 제공한다.

<13> 한가지 관점에서, 본 발명은 서열번호 2, 4, 8, 10, 14, 16, 55 내지 75, 77 내지 79 또는 이들의 절편, 유사체 또는 유도체로부터 선택된 서열을 포함하는 제2의 폴리펩타이드와 적어도 70% 동일성을 갖는 폴리펩타이드를 코딩하는 분리형 폴리뉴클레오타이드를 제공한다.

<14> 한가지 관점에서, 본 발명은 서열번호 2, 8, 10, 16, 55, 56, 57, 58, 59, 64, 65, 66, 78 또는 이들의 절편, 유사체 또는 유도체로부터 선택된 서열을 포함하는 제2의 폴리펩타이드와 적어도 70% 동일성을 갖는 폴리펩타이드를 코딩하는 분리형 폴리뉴클레오타이드를 제공한다.

<15> 한가지 관점에서, 본 발명은 서열번호 2, 8, 10, 16, 55, 56, 57, 59, 64, 65, 66, 78 또는 이들의 절편, 유사체 또는 유도체로부터 선택된 서열을 포함하는 제2의 폴리펩타이드와 적어도 70% 동일성을 갖는 폴리펩타이드를 코딩하는 분리형 폴리뉴클레오타이드를 제공한다.

<16> 한가지 관점에서, 본 발명은 서열번호 4, 14, 58, 60, 61, 62, 63, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 77, 79 또는 이들의 절편, 유사체 또는 유도체로부터 선택된 서열을 포함하는 제2의 폴리펩타이드와 적어도 70% 동일성을 갖는 폴리펩타이드를 코딩하는 분리형 폴리뉴클레오타이드를 제공한다.

<17> 한가지 관점에서, 본 발명은 서열번호 4, 14, 60, 61, 62, 63, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 77, 79 또는 이들의 절편, 유사체 또는 유도체로부터 선택된 서열을 포함하는 제2의 폴리펩타이드와 적어도 70% 동일성을 갖는 폴리펩타이드를 코딩하는 분리형 폴리뉴클레오타이드를 제공한다.

<18> 한가지 관점에서, 본 발명은 서열번호 2, 4, 10, 14, 16, 55 내지 75, 77 내지 79 또는 이들의 절편, 유사체 또는 유도체로부터 선택된 서열을 포함하는 제2의 폴리펩타이드와 적어도 70% 동일성을 갖는 폴리펩타이드를 코딩하는 분리형 폴리뉴클레오타이드를 제공한다.

<19> 한가지 관점에서, 본 발명은 서열번호 10, 55 내지 75, 77, 78, 79 또는 이들의 절편, 유사체 또는 유도체로부터 선택된 서열을 포함하는 제2의 폴리펩타이드와 적어도 70% 동일성을 갖는 폴리펩타이드를 코딩하는 분리형 폴리뉴클레오타이드를 제공한다.

<20> 한가지 관점에서, 본 발명은 서열번호 55 내지 75, 77, 78, 79 또는 이들의 절편, 유사체 또는 유도체로부터 선택된 서열을 포함하는 제2의 폴리펩타이드와 적어도 70% 동일성을 갖는 폴리펩타이드를 코딩하는 분리형 폴리뉴클레오타이드를 제공한다.

<21> 한가지 관점에서, 본 발명은 서열번호 2, 4, 6, 8, 10 또는 이들의 절편, 유사체 또는 유도체로부터 선택된 서열을 포함하는 제2의 폴리펩타이드와 적어도 70% 동일성을 갖는 폴리펩타이드를 코딩하는 분리형 폴리뉴클레오타이드를 제공한다.

타이드를 제공한다.

- [illegible]

편, 유사체 또는 유도체로부터 선택된 아미노산 서열로 특정되는 폴리펩타이드에 관한 것이다.

- [illegible]

로 특정되는 폴리펩타이드에 관한 것이다.

- <63> 좀 더 구체적으로, 본 발명은 또한 본 출원에 기술된 하나 또는 그 이상의 폴리펩타이드 또는 이들의 절편, 유사체 또는 유도체를 포함하는 키메라성 폴리펩타이드에 관한 것이다.
- <64> 좀 더 구체적으로, 본 발명은 또한 본 출원의 도면에 정의된 하나 또는 그 이상의 폴리펩타이드 또는 이들의 절편, 유사체 또는 유도체를 포함하는 키메라성 폴리펩타이드에 관한 것이다.
- <65> 좀 더 구체적으로, 본 발명은 또한 서열번호 2, 4, 6, 8, 10, 14, 16, 55 내지 75, 77 내지 79, 81, 83 또는 이들의 절편, 유사체 또는 유도체로부터 선택되고; 키메라성 폴리펩타이드를 형성하기 위해 연결된 상기 폴리펩타이드 또는 이들의 절편, 유사체 또는 유도체로부터 제공된 둘 또는 그 이상의 폴리펩타이드를 포함하는 키메라성 폴리펩타이드에 관한 것이다.
- <66> 좀 더 구체적으로, 상기 키메라성 폴리펩타이드는 서열번호 10, 58, 60, 62, 64, 67, 68, 69, 72, 74, 77 또는 이들의 절편, 유사체 또는 유도체로부터 선택되고; 키메라성 폴리펩타이드를 형성하기 위해 연결된 상기 폴리펩타이드 또는 이들의 절편, 유사체 또는 유도체로부터 제공된 둘 또는 그 이상의 폴리펩타이드를 포함할 것이다.
- <67> 좀 더 구체적으로, 상기 키메라성 폴리펩타이드는 서열번호 10, 58, 60, 62, 64, 67, 68, 74, 77 또는 이들의 절편, 유사체 또는 유도체로부터 선택되고; 키메라성 폴리펩타이드를 형성하기 위해 연결된 상기 폴리펩타이드 또는 이들의 절편, 유사체 또는 유도체로부터 제공된 둘 또는 그 이상의 폴리펩타이드를 포함할 것이다.
- <68> 좀 더 구체적으로, 상기 키메라성 폴리펩타이드는 서열번호 10, 62, 64, 67, 68, 74, 77 또는 이들의 절편, 유사체 또는 유도체로부터 선택되고; 키메라성 폴리펩타이드를 형성하기 위해 연결된 폴리펩타이드 또는 이들의 절편, 유사체 또는 유도체로부터 제공된 둘 또는 그 이상의 폴리펩타이드를 포함할 것이다.
- <69> 좀 더 구체적으로, 상기 키메라성 폴리펩타이드는 2 내지 5개의 폴리펩타이드를 포함할 것이다.
- <70> 좀 더 구체적으로, 상기 키메라성 폴리펩타이드는 2 내지 4개의 폴리펩타이드를 포함할 것이다.
- <71> 좀 더 구체적으로, 상기 키메라성 폴리펩타이드는 2 내지 3개의 폴리펩타이드를 포함할 것이다.
- <72> 좀 더 구체적으로, 상기 키메라성 폴리펩타이드는 2개의 폴리펩타이드를 포함할 것이다.
- <73> 좀 더 구체적으로, 본 발명은 하기 구조식 1로 표시되는 키메라성 폴리펩타이드를 제공한다.
- <74> (구조식 1)



- <75>
- <76> 상기 구조식 1에 있어서, m은 0 또는 1, n은 0 또는 1,
- <77> A는 서열번호 2, 4, 6, 8, 10, 14, 16, 55 내지 75, 77 내지 79, 81, 83 또는 이들의 절편 또는 유사체 또는 유도체;
- <78> B는 서열번호 2, 4, 6, 8, 10, 14, 16, 55 내지 75, 77 내지 79, 81, 83 또는 이들의 절편 또는 유사체 또는 유도체;
- <79> C는 서열번호 2, 4, 6, 8, 10, 14, 16, 55 내지 75, 77 내지 79, 81, 83 또는 이들의 절편 또는 유사체 또는 유도체; 및
- <80> D는 서열번호 2, 4, 6, 8, 10, 14, 16, 55 내지 75, 77 내지 79, 81, 83 또는 이들의 절편 또는 유사체 또는 유도체 서열로부터 선택된다.
- <81> 좀 더 구체적으로,
- <82> A는 서열번호 10, 58, 60, 62, 64, 67, 68, 69, 72, 74, 77 또는 이들의 절편 또는 유사체 또는 유도체;
- <83> B는 서열번호 10, 58, 60, 62, 64, 67, 68, 69, 72, 74, 77 또는 이들의 절편 또는 유사체 또는 유도체;
- <84> C는 서열번호 10, 58, 60, 62, 64, 67, 68, 69, 72, 74, 77 또는 이들의 절편 또는 유사체 또는 유도체; 및
- <85> D는 서열번호 10, 58, 60, 62, 64, 67, 68, 69, 72, 74, 77 또는 이들의 절편 또는 유사체 또는 유도체 서열로

부터 선택된다.

- <86> 좀 더 구체적으로,
- <87> A는 서열번호 10, 58, 60, 62, 64, 67, 68, 74, 77 또는 이들의 절편 또는 유사체 또는 유도체;
- <88> B는 서열번호 10, 58, 60, 62, 64, 67, 68, 74, 77 또는 이들의 절편 또는 유사체 또는 유도체;
- <89> C는 서열번호 10, 58, 60, 62, 64, 67, 68, 74, 77 또는 이들의 절편 또는 유사체 또는 유도체; 및
- <90> D는 서열번호 10, 58, 60, 62, 64, 67, 68, 74, 77 또는 이들의 절편 또는 유사체 또는 유도체 서열로 부터 선택된다.
- <91> 일실시예에 있어서, 본 발명의 키메라성 폴리펩타이드는 하기 실시예에 존재하는 폴리펩타이드를 단독 또는 결합체로 포함한다.
- <92> 좀 더 구체적으로, A는 서열번호 10, 58, 62, 64, 67, 68, 74, 77 또는 이들의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <93> 좀 더 구체적으로, A는 서열번호 10 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <94> 좀 더 구체적으로, A는 서열번호 58 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <95> 좀 더 구체적으로, A는 서열번호 62 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <96> 좀 더 구체적으로, A는 서열번호 64 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <97> 좀 더 구체적으로, A는 서열번호 67 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <98> 좀 더 구체적으로, A는 서열번호 68 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <99> 좀 더 구체적으로, A는 서열번호 74 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <100> 좀 더 구체적으로, A는 서열번호 77 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <101> 좀 더 구체적으로, B는 서열번호 10, 58, 62, 64, 67, 68, 74, 77 또는 이들의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <102> 좀 더 구체적으로, B는 서열번호 10 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <103> 좀 더 구체적으로, B는 서열번호 58 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <104> 좀 더 구체적으로, B는 서열번호 64 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <105> 좀 더 구체적으로, B는 서열번호 64 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <106> 좀 더 구체적으로, B는 서열번호 67 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <107> 좀 더 구체적으로, B는 서열번호 68 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <108> 좀 더 구체적으로, B는 서열번호 74 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <109> 좀 더 구체적으로, B는 서열번호 77 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <110> 좀 더 구체적으로, C는 서열번호 10, 58, 62, 64, 67, 68, 74, 77 또는 이들의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <111> 좀 더 구체적으로, C는 서열번호 10 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <112> 좀 더 구체적으로, C는 서열번호 58 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <113> 좀 더 구체적으로, C는 서열번호 62 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <114> 좀 더 구체적으로, C는 서열번호 64 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <115> 좀 더 구체적으로, C는 서열번호 67 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <116> 좀 더 구체적으로, C는 서열번호 68 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <117> 좀 더 구체적으로, C는 서열번호 74 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <118> 좀 더 구체적으로, C는 서열번호 77 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.

- <119> 줌 더 구체적으로, D는 서열번호 10, 58, 62, 64, 67, 68, 74, 77 또는 이들의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <120> 줌 더 구체적으로, D는 서열번호 10 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <121> 줌 더 구체적으로, D는 서열번호 58 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <122> 줌 더 구체적으로, D는 서열번호 62 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <123> 줌 더 구체적으로, D는 서열번호 64 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <124> 줌 더 구체적으로, D는 서열번호 67 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <125> 줌 더 구체적으로, D는 서열번호 68 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <126> 줌 더 구체적으로, D는 서열번호 74 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <127> 줌 더 구체적으로, D는 서열번호 77 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <128> 줌 더 구체적으로, m은 0이다.
- <129> 줌 더 구체적으로, n은 0이다.
- <130> 줌 더 구체적으로, m 및 n은 0이다.
- <131> 줌 더 구체적으로, m 및 n은 0이고, A는 서열번호 64 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이고, B는 서열번호 62 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <132> 줌 더 구체적으로, m 및 n은 0이고, A는 서열번호 62 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이고, B는 서열번호 64 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체이다.
- <133> 본 발명의 견지에서, 폴리펩타이드를 코딩하는 모든 뉴클레오타이드 및 키메라성 폴리펩타이드는 본 발명의 범주내에 있다.
- <134> 줌 더 구체적으로, 본 발명에 부합하는 상기 폴리펩타이드 또는 키메라성 폴리펩타이드는 항원이다.
- <135> 줌 더 구체적으로, 본 발명에 부합하는 상기 폴리펩타이드 또는 키메라성 폴리펩타이드는 개개인에 면역 반응을 도출시킬 수 있다.
- <136> 줌 더 구체적으로, 본 발명은 또한, 상기에 정의된 본 발명의 상기 폴리펩타이드 또는 키메라성 폴리펩타이드에 결합 특이성을 갖는 항체를 생성할 수 있는 폴리펩타이드에 관한 것이다.
- <137> "결합 특이성을 가지는" 항체는 선택된 폴리펩타이드를 인식하고 결합하나 생물학적 샘플 내의 다른 물질들과는 연속적으로 인식하고 결합하지 않는, 자연적으로 선택된 펩타이드를 포함하는 항체이다. 특이적 결합은 선택된 폴리펩타이드가 항원으로 사용된 ELISA 검정을 수행하여 측정될 수 있다.
- <138> 다르게 정의되지 않았다면, 본 명세서에 사용된 모든 기술적 과학적 용어는 본 발명 해당 분야의 당업자에 의해 일반적으로 이해되는 것과 동일한 의미를 갖는다. 본 명세서에 언급된 모든 공개 공보, 특허 출원, 특허 및 다른 참고 문헌들은 모두 참고문헌으로 포함된다. 상충되는 경우 본 명세서의 정의에 따른다. 부가적으로 성가 물질, 방법, 및 실시예들은 단지 기술하기 위한 목적일 뿐 본 발명의 내용을 제한하기 위한 것이 아니다.
- <139> 본 명세서에 사용된 본 발명의 폴리펩타이드의 "절편", "유도체" 또는 "유사체"는 하나 또는 그 이상의 아미노산 잔기가 공통되거나 또는 공통되지 않은 아미노산 잔기(바람직하게는 공통된)로 치환되고, 정상이거나 변성된 폴리펩타이드를 포함한다. 일실시예에 있어서, 본 발명 폴리펩타이드의 유도체 및 유사체는 도면에 기술된 서열 또는 이들의 절편과 약 70%의 동일성을 가질 것이다. 즉, 상기 잔기의 70%는 동일하다. 줌 더 구체적으로, 폴리펩타이드는 75% 이상의 유사성을 가질 것이다. 줌 더 구체적으로, 폴리펩타이드는 80% 이상의 유사성을 가질 것이다. 줌 더 구체적으로, 폴리펩타이드는 85% 이상의 유사성을 가질 것이다. 줌 더 구체적으로, 폴리펩타이드는 90% 이상의 유사성을 가질 것이다. 줌 더 구체적으로, 폴리펩타이드는 95% 이상의 유사성을 가질 것이다. 줌 더 구체적으로, 폴리펩타이드는 99% 이상의 유사성을 가질 것이다. 줌 더 구체적으로, 본 발명 폴리펩타이드의 유도체 및 유사체는 치환, 변성 또는 결실된 아미노산 잔기가 약 20개 이하, 바람직하게는 10개 미만일 것이다. 바람직한 치환은 공통된 잔기 즉, 소수성(hydrophobicity), 사이즈, 극성, 또는 기능기 등의 물리화학적 특성을 공유하는 치환된 잔기로 당업 분야에서 알려진 것이다.
- <140> 본 발명의 견지에 있어서, 본 발명의 폴리펩타이드는 폴리펩타이드 및 키메라성 폴리펩타이드를 모두 포함한다.

- <141> 또한, 본 발명은 폴리펩타이드의 생물학적 또는 약학적 특성을 변화시키는 다른 화합물, 예를 들어 반수명(half-life)을 증가시키는 PEG(polyethylene glycol); 정제를 용이하게 하기 위한 리더 또는 보조 아미노산 서열; 프리프로(prepro-) 및 프로(pro-) 서열; 및 (다)당류가 결합된 폴리펩타이드를 포함한다.
- <142> 또한, 아미노산 영역이 다형적인 것으로 판명될 경우, 좀 더 효과적으로 다른 스트렙토코커스 균주의 다른 항원 결정기와 유사한 하나 또는 그 이상의 특정 아미노산을 다양화하는 것이 바람직하다.
- <143> 게다가, 본 발명의 폴리펩타이드는 안전성을 제공하고, 지지체 또는 다른 물질과의 연결 또는 결합을 위한 소수성을 증가시키기 위하여 말단 -NH₂ 아실화(acylation; 예를 들어 암모니아 또는 메틸 아민을 사용한 아세틸화, 또는 티오글리콜산 아미드화(thioglycolic acid amidation), 말단 카르보시(carboxy) 아미드화)에 의해 변성될 수 있다.
- <144> 또한, 본 발명에서 숙고된 것은 상기 폴리펩타이드 절편, 유사체 및 유도체의 이중 및 동종 폴리펩티드 다합체(multimer)이다. 상기 중합체는 예를 들어 아비딘/바이오틴, 글루테르알데히드(gluteraldehyde) 또는 디메틸 수퍼이미데이트(dimethyl superimide) 등의 크로스-링커(cross-linker)와 크로스-링크된 하나 또는 그 이상의 폴리펩타이드를 포함한다. 상기 중합체는 또한, 둘 또는 그 이상의 직렬 또는 전회된 연속적인 서열을 포함하는 폴리펩타이드를 포함하며, 재조합 DNA 기술에 의하여 제조된 다전사적 mRNAs로부터 제조된다. 바람직하게는 본 발명 폴리펩타이드의 절편, 유사체 또는 유도체는 적어도 하나의 항원성 유발 영역 즉, 적어도 하나의 항원 결정기를 포함할 것이다.
- <145> 항원성 유발중합체(즉, 합성 다합체)를 형성하기 위하여, 비살로아세틸기(bishaloacetyl group), 니트로아릴할라이드(nitroarylhalides) 또는 그 유사체를 가지며, 상기 반응물이 티오기(thio group)에 특이적인 폴리펩타이드가 사용될 수 있다.
- <146> 그러므로, 상기 다른 펩타이드의 두 머캡토 기(mercapto group) 사이의 결합은 단일 결합이거나 또는 적어도 둘, 일반적으로는 적어도 네 개, 그리고 16개를 넘지 않는 결합 그룹으로 구성되나, 일반적으로 탄소수 약 14개를 넘지는 않는다.
- <147> 본 발명의 특정 실시예에서, 본 발명의 폴리펩타이드 절편, 유사체 및 유도체는 출발 잔기로서 메티오닌(Met)을 포함하지는 않는다. 바람직하게 폴리펩타이드는 리더 또는 보조 서열(신호 서열)을 포함하지는 않을 것이다. 본 발명 폴리펩타이드의 신호 부분은 공지의 분자 생물학적 기술에 따라 결정될 수 있다. 일반적으로, 중요한 상기 폴리펩타이드는 스트렙토코커스 배양으로부터 분리될 수 있으며, 성숙 단백질(mature protein)의 초기 잔기 및 성숙 폴리펩타이드의 서열을 결정하기 위하여 연속적으로 서열 분석될 수 있다.
- <148> 본 발명의 다른 관점에 따르면, 본 발명은 약학적으로 적합한 운반 회석제 또는 애주번트(adjuvant)로 이루어진 첨가물에 본 발명의 하나 또는 그 이상의 스트렙토코커스 폴리펩타이드를 포함하는 백신 조성물을 제공한다. 적절한 애주번트는 오일 즉, 프루이드의 완전 또는 불완전 애주번트(Freund's complete or incomplete adjuvant); 염 즉, AlK(SO₄)₂, AlNa(SO₄)₂, AlNH₄(SO₄)₂, 실리카(silica), 카올린(kaolin), 탄소 폴리뉴클레오타이드 즉, 폴리 IC 및 폴리 AU이 포함된다. 바람직한 애주번트는 퀴라(QuilA) 및 Al하이드로겔(Alhydrogel). 본 발명의 백신은 주사제, 급격한 주입, 상인두 흡수(nasopharyngeal absorption), 피부 흡수(dermoabsorption)에 의해 비경구 투여될 수 있으며 또는 구강 또는 경구 투여 될 수 있다. 또한, 약학적으로 적합한 운반체는 파상풍 독소이드(tetanus toxoid)를 포함한다.
- <149> 본 발명의 백신 조성은 본 발명의 참고 문헌에 포함된 P. R. Murray (P. R. Murray, Ed, in chief, E.J. Baron, M.A. Pfaller, F.C. Tenover 및 R.H. Tenover.; Manual of Clinical Microbiology, ASM Press, Washington, D.C. sixth edition, 1995, 1482p)에 의해 기술된 바와 같이 스트렙토코커스 감염 및/또는 스트렙토코커스 감염의 치료 또는 예방에 의해 매개되는 질병 및 증상에 사용된다. 일 실시예에서 본 발명의 백신 조성물은 뇌막염, 중이염, 균혈증 또는 폐렴의 치료 또는 예방을 위해 사용된다. 일 실시예에서 본 발명의 백신 조성물은 스트렙토코커스 감염의 치료 또는 예방 및/또는 스트렙토코커스 특히, 스타필로코커스 유레우스(S. aureus) 뿐 아니라, S. 뉴모니애, 그룹 A 스트렙토코커스(streptococcus; pyogenes), 그룹 B 스트렙토코커스(GBS 또는 agalactiae), 디스갈락티애(dysgalactiae), 우베리스(uberis), 노카르디아(nocardia) 감염에 의해 매개되는 질병 및 증상의 치료 또는 예방을 위한 목적으로 사용된다. 좀 더 구체적으로, 상기 스트렙토코커스는 S. 뉴모니애이다.
- <150> 특정 실시예에 있어서, 백신은 유아, 노인 및 면역력이 결핍된 개체 등과 같이 스트렙토코커스 감염의 위험성이

있는 개체에게 투여될 수 있다.

- <151> 본 발명에서 "개체"라는 용어는 포유류를 의미하며 좀 더 구체적으로 상기 포유류는 사람이다.
- <152> 백신 조성은 바람직하게는 약 0.001 내지 100 $\mu\text{g}/\text{kg}$ (항원/체중), 좀 더 바람직하게는 0.01 내지 10 $\mu\text{g}/\text{kg}$ (항원/체중), 가장 바람직하게는 0.1 내지 1 $\mu\text{g}/\text{kg}$ (항원/체중)의 투여량으로 면역을 위해 투여시기 마다 약 1내지 6주의 간격을 두고 1 내지 3번 투여된다.
- <153> 다른 측면에 의하면, 본 발명은 서열번호 2, 4, 6, 8, 10, 14, 16, 55 내지 75, 77 내지 79, 81, 83 또는 이들의 절편, 유사체 또는 유도체로부터 선택된 아미노산 서열에 의해 특징되는 폴리펩타이드를 코딩하는 폴리뉴클레오타이드를 제공한다.
- <154> 본 발명의 일 실시예에서, 상기 폴리뉴클레오타이드는 ORF를 포함하고, 본 발명의 폴리펩타이드를 코딩하는 서열번호 1, 3, 5, 7, 9, 11, 12, 13, 15, 76, 80, 82로 표시되는 것이다. 도면에 기재된 상기 폴리뉴클레오타이드 서열이 본 발명의 폴리펩타이드를 여전히 코딩하는 코돈을 변형시킴으로써 변경될 수 있다는 사실은 고려되어야 한다. 또한, 본 발명은 서열들 사이에서 50%의 동일성을 갖는 본 명세서 상에서 전술된 폴리뉴클레오타이드 서열(또는 이들에 상보적인 서열)에 혼성화된 폴리뉴클레오타이드를 더욱 제공한다. 일 실시예에서 서열들 사이의 동일성은 적어도 70%이다. 일 실시예에서 서열들 사이의 동일성은 적어도 75%이다. 일 실시예에서 서열들 사이의 동일성은 적어도 80%이다. 일 실시예에서 서열들 사이의 동일성은 적어도 85%이다. 일 실시예에서 서열들 사이의 동일성은 적어도 90%이다. 좀 더 구체적으로 폴리뉴클레오타이드는 적어도 95%의 동일성을 갖는 엄격한 조건(stringent conditions)하에서 혼성화가 가능하다. 좀 더 구체적으로는 동일성은 97% 이상이다.
- <155> 좀 더 구체적으로, 폴리뉴클레오타이드는 본 발명의 폴리펩타이드를 코딩하는 서열번호 1, 3, 7, 9, 11, 12, 13, 15, 76, 80, 82로 표시된다.
- <156> 좀 더 구체적으로, 폴리뉴클레오타이드는 본 발명의 폴리펩타이드를 코딩하고, ORF를 포함하는 서열번호 1, 3, 9, 11, 12, 13, 15, 76, 80, 82로 표시된다.
- <157> 좀 더 구체적으로, 폴리뉴클레오타이드는 본 발명의 폴리펩타이드를 코딩하고, ORF를 포함하는 서열번호 1, 3, 9, 11, 12, 13, 15, 76로 표시된다.
- <158> 좀 더 구체적으로, 폴리뉴클레오타이드는 본 발명의 폴리펩타이드를 코딩하고, ORF를 포함하는 서열번호 1, 3, 7, 9, 11, 12, 13, 15, 76로 표시된다.
- <159> 좀 더 구체적으로, 폴리뉴클레오타이드는 본 발명의 폴리펩타이드를 코딩하고, ORF를 포함하는 서열번호 1, 7, 9, 11, 15, 76로 표시된다.
- <160> 좀 더 구체적으로, 폴리뉴클레오타이드는 본 발명의 폴리펩타이드를 코딩하고, ORF를 포함하는 서열번호 1, 9, 11, 15, 76로 표시된다.
- <161> 좀 더 구체적으로, 폴리뉴클레오타이드는 본 발명의 폴리펩타이드를 코딩하고, ORF를 포함하는 서열번호 1, 7, 9, 11로 표시된다.
- <162> 좀 더 구체적으로, 폴리뉴클레오타이드는 서열번호 1로 표시되며, 본 발명의 폴리펩타이드를 코딩한다.
- <163> 좀 더 구체적으로, 폴리뉴클레오타이드는 서열번호 7로 표시되며, 본 발명의 폴리펩타이드를 코딩한다.
- <164> 좀 더 구체적으로, 폴리뉴클레오타이드는 서열번호 9로 표시되며, 본 발명의 폴리펩타이드를 코딩한다.
- <165> 좀 더 구체적으로, 폴리뉴클레오타이드는 서열번호 11로 표시되며, 본 발명의 폴리펩타이드를 코딩한다.
- <166> 좀 더 구체적으로, 폴리뉴클레오타이드는 서열번호 15로 표시되며, 본 발명의 폴리펩타이드를 코딩한다. 좀 더 구체적으로, 폴리뉴클레오타이드는 서열번호 3, 12, 13, 76으로 표시되며, 본 발명의 폴리펩타이드를 코딩한다.
- <167> 좀 더 구체적으로, 폴리뉴클레오타이드는 서열번호 3으로 표시되며, 본 발명의 폴리펩타이드를 코딩한다.
- <168> 좀 더 구체적으로, 폴리뉴클레오타이드는 서열번호 12로 표시되며, 본 발명의 폴리펩타이드를 코딩한다.
- <169> 좀 더 구체적으로, 폴리뉴클레오타이드는 서열번호 13으로 표시되며, 본 발명의 폴리펩타이드를 코딩한다.
- <170> 좀 더 구체적으로, 폴리뉴클레오타이드는 서열번호 76으로 표시되며, 본 발명의 폴리펩타이드를 코딩한다.
- <171> 당업자에 의해 쉽게 인식되는 바와 같이, 상기 폴리뉴클레오타이드는 DNA 및 RNA 모두를 포함한다.

- <172> 또한, 본 발명은 본 출원 명세서 상에 기술된 상기 폴리뉴클레오타이드에 상보적인 폴리뉴클레오타이드를 포함한다.
- <173> 다른 관점에 있어서, 본 발명의 폴리펩타이드를 코딩하는 폴리뉴클레오타이드 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체는 DNA 번역 실험에 사용될 수 있다. 즉, 상기 폴리뉴클레오타이드 또는 이의 절편, 유사체 또는 유도체는 생체내에서 항원성 폴리펩타이드를 제조함으로써 단사(injection)상에 복제가 가능하고 발현가능한 벡터에 삽입될 수 있다. 예를 들어, 폴리뉴클레오타이드는 진핵세포에서 기능을 하는 CMV 프로모터의 조절하에 플라스미드 벡터로 삽입될 수 있다. 바람직하게 상기 벡터는 근육간 주사로 투여된다.
- <174> 본 발명의 다른 관점에 따르면, 본 발명은 숙주세포에서 상기 폴리펩타이드를 코딩하는 폴리뉴클레오타이드를 발현하고 상기 발현된 폴리펩타이드 산물을 회수하는 재조합 기술에 의한 본 발명의 폴리펩타이드를 제조하는 공정을 제공한다. 또한, 상기 폴리펩타이드는 공지의 합성 화학 기술(synthetic chemical techniques) 즉, 전장 폴리펩타이드를 제조하기 위하여 접합된 올리고펩타이드의 용액상 또는 고체상 합성에 따라 제조될 수 있다.
- <175> 폴리뉴클레오타이드 및 폴리펩타이드의 수득 및 정량 방법은 Sambrook 등에 의한 참고 문헌들을 따랐다 (Sambrook 등, Molecular Cloning, A Laboratory Manual, 2nd ed, Cold Spring Harbor, N. Y., 1989; Current Protocols in Molecular Biology, Edited by Ausubel F.M. 등, John Wiley 및 Sons, Inc. 뉴욕; PCR Cloning Protocols, Molecular Cloning to Genetic Engineering, Edited by White B.A., Humana Press, Totowa, New Jersey, 1997, P.490; Protein Purification, Principles and Practices, Scopes R.K., Springer-Verlag, New York, 3rd Edition, 1993, 380 페이지; Current Protocols in Immunology, Edited by Coligan J. E. 등, John Wiley & Sons Inc., New York)
- <176> 재조합체 생산을 위하여, 숙주 세포는 상기 폴리펩타이드를 코딩하는 벡터로 형질전환되었으며, 그 다음으로 프로모터를 활성화시키기 위하여 적합하도록 변형된 영양 배지상에서 배양하였고, 형질전환체를 선별하거나 또는 유전자를 증폭한다.
- <177> 적합한 벡터는 선택된 숙주내에서 생존 및 복제가 가능한 것이며, 염색체성, 비-염색체성 및 합성 DNA 서열 예를 들어 박테리아 플라스미드, 파지(phage) DNA, 베칼로바이러스(baculovirus), 효모 플라스미드, 플라스미드와 파지 DNA의 결합에 의해 유도된 벡터를 포함한다. 상기 폴리펩타이드 서열은 제한효소를 이용하여 벡터의 적절한 자리에 삽입될 수 있는데, 즉, 프로모터, 리보솜 결합 부위(공통 영역 또는 Shine-Dalgarno 서열), 및 선택적으로 작동인자(operator; 조절 요소)를 포함하는 발현 조절 영역에 조작적으로 연결된다. 주어진 숙주 및 공지의 분자생물학적 원리에 따라 제조된 벡터에 적합한 발현 조절 영역의 개체적 성분을 선택할 수 있다 (Sambrook 등, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 2nd ed, Cold Spring Harbor, N.Y., 1989; Current Protocols in Molecular Biology, Edited by Ausubel F.M. 등, John Wiley and Sons, Inc. New York incorporated herein by reference). 적합한 프로모터는 LTR 또는 SV40 프로모터, *E. Coli* lac, tac 또는 trp 프로모터 및 파지 람다(lambda) P_L 프로모터를 포함하나, 이에 한정되지는 않는다. 바람직하게 벡터는 선별 마커 즉, 앰피실린(ampicilin) 저항 유전자 뿐 아니라 복제 기점(origin)을 포함할 것이다. 적합한 박테리아 벡터는 pET, pQE70, pQE60, pQE-9, pbs, pD10 파지 스크립트(phagescript), psiX174, pbluescript SK, pbsks, pNH8A, pNH16a, pNH18A, pNH46A, ptrc99a, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 및 진핵세포용 벡터인 pBlueBacIII, pWLNEO, pSV2CAT, pOG44, pXT1, pSG, pSVK3, pBPV, pMSG 및 pSVL를 포함한다. 숙주 세포는 박테리아 즉, *E. Coli*, 바실러스 썩틸리스(*Bacillus subtilis*), 스트렙토마이세스(*Streptomyces*); 진균(fungal), 즉 아스파질러스 니거(*Aspergillus niger*), 아스파질러스 니둘린(*Aspergillus nidulins*); 효모 즉, 사카로마이세스(*Saccharomyces*) 또는 진핵세포 즉, CHO, COS 일 수 있다.
- <178> 배양을 통한 폴리펩타이드의 발현시, 세포는 전형적으로 원심분리에 의해 수확된 다음 물리적 또는 화학적 수단 (발현된 폴리펩타이드가 배지로 분비되지 않았을 경우)에 의해 분쇄되었고, 결과적인 조추출물(crude extract)은 중요한 상기 폴리펩타이드를 보유하고 있다. 배양 배지 또는 분쇄액(lysate)으로부터 상기 폴리펩타이드의 정제는 폴리펩타이드의 특성에 따라 공지의 기술 즉, 황산 암모늄 (ammonium sulfate) 또는 에탄올 침전, 산 추출, 음이온 또는 양이온 교환 크로마토그래피, 인산셀룰로오스(phosphocellulose) 크로마토그래피, 소수성 상호작용 크로마토그래피(hydrophobic interaction chromatography), 수산화 인회석(hydroxylapatite) 크로마토그래피 및 렉틴(lectin) 크로마토그래피에 의해 얻어질 수 있다. 최종 정제는 HPLC를 사용하여 얻을 수 있다.
- <179> 상기 폴리펩타이드는 리더 또는 분비 서열을 가지거나 또는 가지지 않은 상태로 발현된다. 전자의 경우 상기 리더 서열은 전사 후 공정에 의해 제거될 수 있으며(본 명세서에 참고문헌으로 기재된 미국특허 제4,431,739호,

미국특허 제4,425,437호, 및 미국특허 제4,338,397호 참조) 또는, 발현된 폴리펩타이드를 정제하기 위한 연속적인 공정을 통해 화학적으로 제거될 수 있다.

- <180> 본 발명의 다른 관점에 따르면, 본 발명의 상기 스트렙토코커스 폴리펩타이드는 스트렙토코커스 특히 S. 뉴모니에 감염의 진단 테스트 시에 사용될 수 있다. 생물학적 시료에 있는 스트렙토코커스 미생물을 진단하기 위해서 여러가지 진단 방법이 가능한데, 예를들어 하기의 과정이 수행될 수 있다:
- <181> a) 환자로부터 생물학적 샘플을 얻는 단계;
- <182> b) 상기 생물학적 샘플과 본 발명의 스트렙토코커스 폴리펩타이드에 반응하는 항체 또는 이의 절편을 배양하여 혼합물을 만드는 단계; 및
- <183> c) 상기 혼합물 내에 특이적으로 결합된 항체 또는 결합 절편이 있는지를 확인하여 스트렙토코커스의 존재를 확인하는 단계.
- <184> 또한, 상기 항체를 포함하고 있거나 포함하고 있다고 추정된 생물학적 시료에서 스트렙토코커스 항원에 특이적인 항체의 감지를 위한 방법은 하기와 같이 수행될 수 있다:
- <185> a) 환자로부터 생물학적 샘플을 얻는 단계;
- <186> b) 상기 생물학적 샘플과 하나 또는 그 이상의 본 발명의 스트렙토코커스 폴리펩타이드 또는 이의 절편을 배양하여 혼합물을 만드는 단계; 및
- <187> c) 상기 혼합물 내에 특이적으로 결합된 항원 또는 결합 절편이 있는지를 확인하여 스트렙토코커스에 특이적인 항체의 존재를 확인하는 단계.
- <188> 당업자는 상기 진단 테스트가 ELISA(enzyme-linked immunosorbent assay), 방사면역분석시험(radioimmunoassay) 또는 유액 응집시험(latex agglutination assay) 등을 포함하는 면역적 방법을 다양한 형태로 수행될 수 있음을 인지할 것이고, 필수적으로 상기 단백질에 특이적인 항체가 미생물 내에 존재하는 지를 결정한다.
- <189> 또한, 본 발명의 폴리펩타이드를 코딩하는 DNA 서열은 해당 박테리아를 함유하고 있다고 추정되는 생물학적 시료에 스트렙토코커스의 존재 유무를 감지하기 위하여 사용되는 DNA 소식자를 디자인하는데 사용될 수 있다. 본 발명의 감지 방법은
- <190> a) 환자로부터 생물학적 샘플을 얻는 단계;
- <191> b) 상기 생물학적 샘플과 본 발명의 폴리펩타이드 또는 이의 절편을 코딩하는 DNA 서열을 갖는 하나 또는 그 이상의 DNA 소식자를 배양하여 혼합물을 형성하는 단계; 및
- <192> c) 스트렙토코커스 박테리아의 존재를 감지하기 위하여 상기 혼합물 내에 특이적으로 결합한 DNA 소식자를 감지하는 단계를 포함한다.
- <193> 또한, 본 발명의 상기 DNA 소식자는 스트렙토코커스 감염을 진단하는 방법으로서 예를들어 PCR을 사용하여 순환하는 스트렙토코커스 즉, 샘플 내 S. 뉴모니에 핵산을 감지하는데 사용될 수 있다. 상기 소식자는 전통적인 방법으로 합성될 수 있으며, 고체상에서 고정되거나 또는 식별 가능한 라벨로 라벨링될 수 있다. 본 발명을 위한 바람직한 DNA 소식자는 본 발명의 스트렙토코커스 뉴모니에 폴리펩타이드의 적어도 6개 지속적인 뉴클레오타이드에 상보적인 서열을 갖는 올리고머이다.
- <194> 환자의 스트렙토코커스를 감지하는 다른 진단 방법은
- <195> a) 감지 가능한 라벨로 상기 발명의 폴리펩타이드 또는 이의 절편과 반응하는 항체를 라벨링하는 단계;
- <196> b) 라벨링된 항체 또는 라벨링된 절편을 환자에 투여하는 단계; 및
- <197> c) 환자에서 특이적으로 결합된 라벨링된 항체 또는 라벨링된 절편을 감지하여 스트렙토코커스의 존재를 감지하는 단계를 포함한다.
- <198> 본 발명의 다른 관점은, 본 발명의 스트렙토코커스 폴리펩타이드를 진단을 위한 특이적인 항체의 제조를 위한 면역원 및 특히, 스트렙토코커스 감염의 치료를 위해 사용하는 용도에 관한 것이다.
- <199> 적합한 항체는 적절한 스크리닝 방법 예를 들어, 테스트 모델에 있어서 스트렙토코커스 감염에 대하여 수동적

로 방어하는 특정 항체의 능력을 측정함으로써 결정될 수 있다. 동물모델의 일실시예는 본 명세서의 실시예에 기술된 마우스 모델이다. 상기 항체는 전체 항체 또는 이의 항원-결합 절편이 될 수 있고, 어떠한 면역글로블린(immunoglobulin) 종류도 가능하다. 상기 항체 또는 절편은 동물 기원, 상세하게는 포유류 기원 및 좀 더 상세하게는 설치류(murine), 랫트 또는 사람 기원이다. 상기 항체 또는 절편은 자연 항체 또는 이의 절편 또는 원한다면 재조합 항체 또는 항체 절편이다. 상기의 재조합 항체 또는 항체 절편 용어는 분자 생물학적 기술을 이용하여 제조된 항체 또는 항체 절편을 의미한다. 상기 항체 또는 항체 절편은 폴리클로날 또는 모노클로날이다. 상기 항체 또는 항체 절편은 스트렙토코커스 뉴모니아 폴리펩타이드와 관련되는 항원결정기의 수에 특이적이거나, 바람직하게는 하나이다.

<200> 범주를 제한하지 않으면서, 또한 본 발명은 BVH-3, BVH-11, BVH-11-2, BVH-28 및 BVH-71로 지정된 새로운 항원에 관한 것이다. 또한, 본 발명은 BVH-3, BVH-11, BVH-11-2, BVH-28 및 BVH-71로 지정된 새로운 항원의 절편을 포함하는 절단된 폴리펩타이드에 관한 것이다. 또한, 본 발명은 BVH-3, BVH-11, BVH-11-2, BVH-28 및 BVH-71로 지정된 새로운 항원의 절편을 포함하는 키메라성 폴리펩타이드에 관한 것이다. 본 발명의 항원들 사이의 관계는 요약하여 하기 참고표에 기재하였다.

<201> 참고표

종류	뉴클레오타이드 서열번호	폴리펩타이드 서열번호
BVH-3		
BVH-3	1, 11	2
BVH-3A	7	8
BVH-3B	9	10
BVH-3 SP63	15	16
BVH-3M		55
BVH-3AD		56
L-BVH-3AD		57
New12	76	58
BVH-3		59
New1		64
New2		65
New3		66
New15		78
BVH-11		
BVH-11	3, 12	4
BVH-11-2	13	14
BVH-11M		60
BVH-11A		61
BVH-11B(New13)		62
BVH-11C		63
New4		67
New5		68
New6		69
New7		70
New8		71
New9		72
BVH-11-2M		73
New10		74
New11		75
New12	76	58
New14		77
New16		79
BVH-28		
BVH-28	5	6

BVH-71		
GBS	80	81
GAS	82	83

실시예

<251> 실시예 1

<252> 본 실시예는 S. 뉴모니에 유전자의 클로닝에 관하여 기술한다.

<253> 서열번호 1로 표시되는 S. 뉴모니에 유전자 BVH-3의 코딩 영역 및 서열번호 5로 표시되는 S. 뉴모니에 유전자 BVH-28의 코딩 영역은 제한효소 위치 Bgl II (AGATCT) 및 Xba I (TCTAGA)의 추가를 위해 첨가된 염기를 함유한 올리고를 사용하여 혈청균 6 S. 뉴모니에 균주 SP64의 게노믹 DNA로부터 PCR(DNA Thermal Cycler GeneAmp PCR system 2400 Perkin Elmer, Scan Jose, CA)을 통해 확장되었다. PCR 산물은 키트(QIAquick gel extraction kit; QIAgen(Chatsworth, CA)를 사용하여 아가로오즈 겔로부터 정제되었고, Bgl II-Xba I(Pharmacia Canada Inc, Baie d'Urfe Canada)로 절단되었고, 페놀: 클로로포름으로 추출되고 에탄올로 침전시켰다. 수퍼링커 벡터 pSL301(Invitrogen, San Diego, CA)은 Bgl II 및 Xba I으로 절단되었고, 키트(QIAquick gel extraction kit; QIAgen(Chatsworth, CA)를 사용하여 아가로오즈 겔로부터 정제하였다. 상기 Bgl II-Xba I 게노믹 DNA 절편은 Bgl II-Xba I pSL301 벡터에 접합되었다. 상기 접합된 산물은 Simanis (Hanahan, D. DNA Cloning, 1985, D.M. Glover (ed). pp. 109-135)의 방법에 따라 E. Coli 균주 DH5a [f80 lacZ DM15 endA1 recA1 hsdR17 (K^{+}) supE44 thi -11- gyrA96 relA1 D(lacZYA-argF) U169] (Gibco BRL, Gaithersburg, MD)로 형질전환되었다. BVH-3 또는 BVH-28 유전자를 포함하는 재조합 pSL301 플라스미드(rpSL301)는 QIAgen 키트(Chatsworth, CA)를 사용하여 정제되었고, DNA 삽입물은 뉴클레오타이드 서열 분석(Taq Dye Deoxy Terminator Cycle Sequencing kit, ABI, Foster City, CA)에 의해 확인되었다. 재조합 rpSL301(rpSL301)은 제한효소 Bgl II (AGATCT) 및 Xho I (CTCGAG)로 절단하였다. 절단된 DNA 절편 Bgl II-Xho I은 키트(QIAquick gel extraction kit; QIAgen(Chatsworth, CA))를 사용하여 정제되었다. 티오레독신(thioredoxin)-His 표지(tag) 서열을 함유하고 있는 pET-32c(+) 발현 벡터(Novagen, Madison, WI)는 Bam HI (GGATCC) 및 Xho I으로 절단하였고, 겔은 키트(QIAquick gel extraction kit; QIAgen(Chatsworth, CA)를 사용하여 추출하였다. 상기 Bgl II-Xho I DNA 절편은 티오레독신-His 표지-BVH-3 또는 티오레독신-His 표지-BVH-28 융합 단백질의 코딩 서열을 제조하기 위하여 pET-32c(+) 벡터의 Bam HI-Xho I 부위에 접합시켰다. 상기 접합된 결과물은 Simanis (Hanahan, D. DNA Cloning, 1985, D.M. Glover (ed). pp. 109-135)의 방법에 따라 E. Coli 균주 DH5a [f80 lacZ DM15 endA1 recA1 hsdR17 (K^{+}) supE44 thi -11- gyrA96 relA1 D(lacZYA-argF) U169] (Gibco BRL, Gaithersburg, MD)로 형질전환되었다. 재조합 pET-32c(+) 플라스미드는 QIAgen 키트(Chatsworth, CA)를 사용하여 정제되었고, 티오레독신-His 표지 및 DNA 삽입물의 융합 부분의 뉴클레오타이드 서열은 DNA 서열분석(Taq Dye Deoxy Terminator Cycle Sequencing kit, ABI, Foster City, CA)에 의해 확인되었다.

<254> 실시예 2

<255> 본 실시예는 CMV 플라스미드 pCMV-GH에서 S. 뉴모니에 단백질 유전자의 클로닝에 관한 것이다.

<256> S. 뉴모니에 단백질의 DNA 코딩 영역은 플라스미드 벡터 pCMV-GH(Tang 등, Nature, 1992, 356: 152)에 있는 CMV(cytomegalavirus) 프로모터의 전사적 조절하에 있는 hGH(human growth hormone)의 하류(downstream)에 삽입되었다. 상기 CMV 프로모터는 E. Coli 세포에서 비기능적인 플라스미드이나, 진핵 세포에 플라스미드를 처리하였을 경우 활성을 갖는다. 또한, 상기 벡터는 오피실린 저항 유전자를 포함한다.

<257> 서열번호 1로 표시되는 BVH-3 유전자의 코딩 영역 및 서열번호 5로 표시되는 BVH-28 유전자는 제한 효소 Bgl II (AGATCT) 및 Xba I (TCTAGA)를 사용하여 rpSL301로부터 얻었다(실시예 1 참조). 상기 절단된 결과물은 키트(QIAquick gel extraction kit; QIAgen(Chatsworth, CA)를 사용하여 정제되었다. 융합 단백질을 제조하기 위하여 사람 성장 호르몬을 포함하는 상기 pCMV-GH 벡터(Laboratory of Dr. Stephen A. Johnston, Department of Biochemistry, The University of Texas, Dallas, Texas)는 Bgl II 및 Xba I으로 절단하였고, 키트(QIAquick gel extraction kit; QIAgen(Chatsworth, CA)를 사용하여 아가로오즈 겔로부터 정제하였다. 상기 Bgl II-Xba I DNA 절편은 Bgl II-Xba I 으로 절단된 pCMV-GH 벡터에 접합시켜 CMV 프로모터에 의해 조절되는 hGH-BVH-3 또는 hGH-BVH-28 융합 단백질을 제조하였다. 상기 접합된 결과물은 Simanis (Hanahan, D. DNA Cloning, 1985, D.M.

Glover (ed). pp. 109-135)의 방법에 따라 *E. Coli* 균주 DH5a [f80 lacZ DM15 *endA1 recA1 hsdR17* ($r^{-}K^{-}K^{+}$) supE44 *thi-11- gyrA96 reIA1 D(lacZYA- argF)* U169] (Gibco BRL, Gaithersburg, MD)로 형질전환되었다. 상기 재조합 pCMV 플라스미드는 QIAgen 키트(Chatsworth, CA)를 사용하여 정제되었다.

<258> 서열번호 3으로 표시되는 BVH-11 유전자의 코딩 영역은 제한효소 위치 Bgl II (AGATCT) 및 Hind III (AAGCTT)의 추가에 의한 첨가된 염기를 함유한 올리고를 사용하여 혈청균 6 *S. 뉴모니에* 균주 SP64의 게놈 DNA로부터 PCR(DNA Thermal Cycler GeneAmp PCR system 2400 Perkin Elmer, Scan Jose, CA)을 통해 확장되었다. PCR 산물은 키트(QIAquick gel extraction kit; QIAgen(Chatsworth, CA)를 사용하여 아가로오즈 겔로부터 정제되었고, 제한 효소들(Pharmacia Canada Inc, Baie d'Urfe Canada)로 절단되었고, 폐놀: 클로로포름으로 추출되고 에탄올로 침전시켰다. 상기 pCMV-GH 벡터(laboratory of Dr. Stephen A. Johnston, Department of Biochemistry, The University of Texas, Dallas, Texas)는 Bgl II 및 Hind III로 절단되고, 키트(QIAquick gel extraction kit; QIAgen(Chatsworth, CA)를 사용하여 아가로오즈 겔로부터 정제하였다. 상기 Bgl II-Hind III DNA 절편은 Bgl II-Hind III pCMV-GH 벡터에 접합되어 CMV 프로모터의 조절을 받는 hGH-BVH-11 융합 단백질을 제조하였다. 상기 접합된 산물은 Simanis (Hanahan, D. DNA Cloning, 1985, D.M. Glover (ed). pp. 109-135)의 방법에 따라 *E. Coli* 균주 DH5a [f80 lacZ DM15 *endA1 recA1 hsdR17* ($r^{-}K^{-}K^{+}$) supE44 *thi-11- gyrA96 reIA1 D(lacZYA-argF)* U169] (Gibco BRL, Gaithersburg, MD)로 형질전환되었다.

<259> 상기 재조합 pCMV 플라스미드는 QIAgen 키트(Chatsworth, CA)를 사용하여 정제되었고, DNA 삽입물의 뉴클레오타이드 서열은 서열 분석으로 확인하였다.

<260> 실시예 3

<261> 본 실시예는 *S. 뉴모니에* 항원에 면역 반응을 일으키는 DNA의 용도에 관한 것이다.

<262> 암컷 BALB/c 마우스(Charles River, St-Constant, Quebec, Canada) 8마리 그룹은 과립백혈구-대식세포 콜로니-촉진 인자 (GM-CSF; granulocyte-macrophage colony-stimulating factor)-발현 플라스미드 pCMV-GH-GM-CSF(Laboratory of Dr. Stephen A. Johnston, Department of Biochemistry, The University of Texas, Dallas, Texas) 50 μ g과 함께 BVH-3, BVH-11 또는 BVH-28 유전자를 코딩하는 재조합 pCMV-GH 100 μ g을 2주 또는 3주의 간격으로 50 μ l씩 세 번에 근육주사하여 면역시켰다. 대조군으로는 pCMV-GH-GM-CSF 50 μ g과 함께 pCMV-GH 100 μ g을 주사한 마우스 그룹을 사용하였다. 혈액 샘플은 각 면역 전 및 세 번째 주사 다음 7일 후에 안구로부터 얻었으며, 혈청 항체 반응은 코팅 항원으로 티오레독신-His 표지-S. 뉴모니에 융합 단백질을 사용한 ELISA로 결정되었다. BVH-3, BVH-11 또는 BVH-28 *S. 뉴모니에* 단백질을 코딩하는 재조합 플라스미드 pCMV-GH를 사용한 DNA 면역 반응은 각각의 재조합 단백질에 대해 반응하는 항체를 유발한다. 상기 상호작용을 나타내는 항체의 타이터(titer)는 흡수 수치가 배경 수치보다 0.1 이상이 되도록 높은 혈청 희석 방법으로 정의한 결과 4×10^3 이상이다.

<263> 실시예 4

<264> 본 실시예는 재조합 *S. 뉴모니에* 단백질의 제조 및 정제에 관한 것이다.

<265> 각각 서열번호 1, 서열번호 3 또는 서열번호 5로 표시되는 BVH-3, BVH-11 또는 BVH-28 유전자를 포함하는 상기 재조합 pET 플라스미드는 전기천공법(Gene Pulser II apparatus, BIO-RAD Labs, Mississauga, Canada)을 사용하여 *E. Coli* 균주 AD494 (DE3)(Dara⁻ *leu7697 DlacX74 DphoA PvuII phoR DmaIF3 F'*[lac(lacI_q) pro] *trxB*: :Kan)(Novagen, Madison, WI)으로 각각 형질전환 되었다. 상기 *E. Coli* 균주에 있어서, T7 RNA 폴리머라아제(1DE3 프로파지 상에 존재)에 의해 특이적으로 인식되는 상기 융합 단백질의 발현을 조절하는 T7 프로모터는 IPTG(isopropyl- β -d-thio-galactopyranoside)에 의해 증폭되는 lac 프로모터에 의해 조절된다. 상기 형질전환체 AD494(DE3)/rpET는 ml당 엠포실린(Sigma-Aldrich Canada Ltd., Oakville, Canada) 100 μ g이 포함된 LB 배지(peptone 10 g/L, 효모 추출물 5 g/L, NaCl 10 g/L) 상에 250 rpm으로 흔들어 주면서 37°C에서 A₆₀₀ 값이 0.6이 될 때까지 배양하였다. 티오레독신-His 표지-BVH-3, 티오레독신-His 표지-BVH-11 또는 티오레독신-His 표지-BVH-28 융합 단백질의 생산을 증폭시키기 위하여, 상기 세포에 최종농도 1 mM로 IPTG를 첨가하고 추가적으로 2 시간동안 배양하였다. 100 ml의 배지에서 증폭된 세포는 원심분리에 의해 분리되어, -70°C에서 냉동시켰다.

<266> IPTG로 증폭된 AD494(DE3)/rpET의 가용성 세포질 부분로부터 상기 융합 단백질의 정제는 His 결합 금속 킬레이트 레진 상에 이동되는 2가 양이온(Ni²⁺)에 결합되는 His 표지 서열(6개의 연속되는 히스티딘 레진)의 특성을 원

리로 하는 친화 크로마토그래피에 의해 수행되었다. 간략하게는, IPTG에 의해 증폭된 100 ml의 배지로부터 얻은 응집된 세포는 PBS(Phosphate buffered saline) : 500 mM NaCl pH 7.1 용액에 재현탁되었고, 초음파 분쇄한 다음 끼꺼기를 제거하기 위하여 $20,000 \times g$ 에서 20분 동안 회전시켰다. 상기 상층액은 여과시켰으며($0.22 \mu m$ 기공크기 막), 미리 충전되고 킬레이트화 되어 사용할 준비가 되어있는 HiTrap^(R)(Pharmacia Biotech, Baie d'Urfe Canada) 1 ml 상에 충전시켰다. 상기 티오레독신-His 표지-S. 뉴모니에 융합 단백질은 1M 이미다졸(imidazole)-500 mM NaCl-PBS(pH 7.1) 용액으로 용출되었다. 상기 샘플의 염 및 이미다졸은 PBS로 4℃에서 투석(dialysis)하여 제거하였다. E. Coli의 수용성 부분으로부터 얻어진 융합 단백질의 양은 MicroBCA(Pierce, Rockford, Illinois)로 측정되었다.

<267> 실시예 5

<268> 본 실시예는 면역에 의한 마우스의 치명적 폐렴 구균 감염에 따른 보호능에 대하여 기술한다.

<269> 암컷 BALB/c 마우스(Charles River) 8마리 그룹은 Quila 애주번트(Cedarlane Laboratories Ltd, Hornby, Canada) 15 μg 이 첨가된 친화 정제된 티오레독신-His 표지-BVH-3 융합 단백질 25 μg 을 3주 간격으로 3번 피하주사하여 면역시켰다. 대조군으로는 PBS 상의 Quila 애주번트 만을 투여한 군을 사용하였다. 혈액 샘플은 각 면역화 과정 1일, 22일, 43일 전 및 3차 주사후 7일(50일째) 후에 안구 동(orbital sinus)으로부터 채취하였다. 일주일 후에 상기 마우스는 타입 3 S. 뉴모니에 균주 WU2를 대략 10^6 CFU 투여하였다. 상기 S. 뉴모니에 투여 접종의 샘플은 CFU를 결정하고, 투여량을 결정하기 위하여 초콜렛 아가 플레이트상에 도말하였다. 사망은 14일 동안 기록되었으며, 투여 후 14일째에 생존하는 마우스는 사망시켰고, 혈액 샘플내 S. 뉴모니에 미생물의 존재 여부를 테스트하였다. 상기 생존 데이터는 하기 표 1에 나타내었다.

<270> 투여된 혈청은 표준적인 면역검정법으로 S. 뉴모니에와 반응하는 항체의 존재 유무가 분석되었다. ELISA 및 면역블롯 분석은 E. Coli 내에 제조된 재조합 S. 뉴모니에 단백질과의 면역 반응이 재조합 및 자연의 폐렴 구균 단백질 모두와 반응하는 항체를 도출하였음을 나타내었다.

표 1

<271> 재조합 BVH-3 단백질로 인한 보호능

면역원	투여 14일 후의 생존 마우스 수: 사망 마우스 수	평균 사망일
BVH-3	8:0	14일 이상
없음	0:8	1

<272> BVH-3 재조합 단백질로 면역된 마우스는 감염에 대해 살아남은 반면, 애주번트만 단독으로 투여한 대조군 마우스는 모두 사망하였다. 마우스 두 그룹 사이의 현저한 생존율 차이를 나타내었다($p < 0.0001$, log rank test for nonparametric analysis of survival curves; $P=0.0002$, Fisher's exact test). 생존한 마우스로부터 얻은 모든 혈구 배양(hemoculture) 결과 투여 14일 후에 음성으로 나타났다.

<273> 실시예 6

<274> 본 실시예는 다양한 S. 뉴모니에 균주로부터 BVH-3 및 BVH-11 유전자의 클로닝 및 상기 유전자들의 분자적 공통성에 관한 것이다.

<275> BVH-3 또는 BVH-11의 다른 영역 DNA 소식자로 분리된 다양한 S. 뉴모니에 염색체 DNA의 분자적 분석은 하나의 BVH-3 유전자 카피 및 두 개의 BVH-11 카피가 존재함을 드러낸다. 상기 두 개의 BVH-11 유전자 카피는 동일하지 않고 및 상기 유전자는 임의로 BVH-11(서열번호 12; 뉴클레오타이드 114 내지 2630의 ORF) 및 BVH-11-2(서열번호 13; 뉴클레오타이드 114 내지 2630의 ORF)로 지정하였다

<276> BVH-3 및 BVH-11 코딩 영역의 첫번째 아미노산은 또한 신호 서열로도 알려진 리더 서열의 특성을 가진다. 리포 단백질(lipoprotein) 변경/과정 부분의 상기 컨센서스(consensus) 신호 펩티다아제 절개 사이트 L-X-X-C는 상기 서열내에 존재한다. S. 뉴모니에 SP64의 성숙 BVH-3, BVH-11 및 BVH-11-2 단백질은 각각 1019, 821 및 819 개의 아미노산을 갖는다. 성숙 BVH-3을 위한 S. 뉴모니에 유전자 코딩 영역인 BVH-3M(뉴클레오타이드 1837-4896; 서열번호 11), BVH-11M(뉴클레오타이드 102-2567; 서열번호 12) 및 BVH-11-2M(뉴클레오타이드 171-2630; 서열번호 13)은 6 또는 7 S. 뉴모니에 균주의 게놈 DNA를 사용한 PCR로 확장하였다(DNA Thermal Cycler

GeneAmp PCR system 2400 Perkin Elmer, San Jose, CA). 혈청형 6 S. 뉴모니에 SP64 및 혈청형 9 SP63 진단 분리체(the laboratoire de la sante publique du quebec, Sainte-Anne-de-Bellevue; 혈청형 4 균주 JNR.7/87(Andrew Camilli, Tufts University School of Medicine, Boston; type 2 균주 D39의 비피낭성(nonencapsulate) 유도체, Rx1 균주 및 유형 3 균주 A66 및 WU2(David E. Briles, University of Alabama, Birmingham) 및 유형 3 진단적 분리체 P4241(centre cenytr de recherche en infectiologie du centre hospitalier de l'universite Laval, Sainte-Foy)은 각각의 공여자로부터 얻었다. 추가적인 제한 효소 부분을 위한 염기 부분을 함유하고 있는 올리고뉴클레오타이드 프라이머 OCRR479-OCRR480의 세트; HAMJ160-OCRR488 및 HAMJ160-HAMJ186은 각각 BVH-3, BVH-11 및 BVH-11-2 유전자의 증폭을 위해 사용하였다. 단, 예외로 SP64 균주의 BVH-11 유전자는 HAMJ487 및 OCRR488로 이루어진 프라이머 세트를 이용하여 확장되었다. 사용한 프라이머 서열은 하기 표 2a, b 및 c에 표시하였다. PCR 결과물은 QIAgen(chatsworth, CA)의 키트(QIAquick gel extraction kit)를 사용하여 아가로오즈 겔로부터 정제하였고, BglII-XbaI 또는 BglII-HindIII(pharmacia Canada Inc, Baie d'Urfe, Canada)로 절단하였다. 절단물은 QIAgen(chatsworth, CA) 키트(QIAquick PCR purification kit)를 사용하여 세척하였다. 상기 PCR 결과물은 BglII-XbaI 또는 BglII-HindIII pSL301 벡터에 접합시켰다. 상기 접합된 결과물은 Simanis (Hanahan, D. DNA Cloning, 1985, D.M. Glover (ed). pp. 109-135)의 방법에 따라 E. Coli 균주 DH5a [$\phi 80$ lacZ DM15 *endA1 recA1 hsdR17* ($K^{-} K^{+}$) supE44 *thi-1* λ^{-} gyrA96 *relA1* Δ (lacZYA-argF) U169] (Gibco BRL, Gaithersburg, MD)로 형질전환되었다. BVH-3, BVH-11 또는 BVH11-2를 포함하는 재조합 pSL301 플라스미드(rpSL301)은 QIAgen 키트(Chatsworth, CA)를 사용하여 정제하였고, DNA 삽입부분은 서열분석하였다(Taq Dye Deoxy Terminator Cycle Sequencing kit, ABI, Foster City, CA). 도 11a, b, c 및 d 및 12는 각각 BVH-3 및 BVH-11의 추론된 아미노산 서열로부터 얻은 공통 서열(consensus sequence)에 관해 도시하고 있다. BVH-3 단백질 서열의 비교 결과 모든 균주의 서열에서 99 내지 100%의 동일성을 나타내었으나, 단 예외로 혈청군 9 SP63 균주의 BVH-3(서열번호 15 및 서열번호 16)는 S. 뉴모니에 SP64의 BVH-3' 단백질 서열의 잔기 244 내지 420에 상응하는 177개 아미노산 부분이 결실되어 있다. 부가적인 혈청군 9 균주의 서열 분석 결과 BVH-3 분자가 4 균주를 제외한 균주 3에 동일한 결실을 가지고 있는 것을 확인하였으며, 따라서, 3 균주는 S. 뉴모니에 혈청군 9 클론의 멤버이다.

<277> 13 BVH-11 뉴클레오타이드 서열은 7 S. 뉴모니에 균주와 비교하였으며, 상기 뉴클레오타이드 서열이 매우 유사함을 확인할 수 있었다. 미리 예측된 BVH-11 단백질 서열 다합체 배열의 컴퓨터 분석(MacVector, Clustal W 1.4) 결과 상기 서열이 834 아미노산 길이에 있어서, 75% 동일성 및 82%의 유사성을 나타내었다. 복합 배열(Pairwise alignment)은 80 내지 100% 동일성을 나타낸다(도 13 참조). 상기 서열은 전체적 부분에서 높은 유사성을 나타낸다. 상기 단백질의 주요 서열에 있어서의 다양성은 거의 단백질 C-말단 부분의 마지막 125 아미노산을 제한한다. 상기 영역은 하나의 도메인을 구성한다. 상기 도메인의 유사성 검사 결과 두 그룹의 서열로 이루어져 있음을 확인하였다. 도 13의 첫번째 9 서열은 제1 그룹에 속하고, 마지막 4 서열은 다른 그룹에 속한다. 상기 도메인 서열 13 단백질을 비교하였고(MacVector, Clustal W 1.4), 동일성 수치는 39% 이었다. 동일 그룹에 속하는 서열을 비교하였을 경우 92% 이상까지 증가된 동일 수치를 나타내었다.

<278> 실시예 7

<279> 본 실시예는 BVH-3 및 BVH-11 유전자의 유사 부분에 관한 것이다.

<280> BVH-3 및 BVH-11 유전자 유래의 DNA 소식자를 사용한 분석 결과 BVH-3 및 BVH-11이 연관되어 있음을 확인하였다. 닷 블롯 혼성화(dot blot hydridization) 결과, BVH-3 또는 BVH-11 유전자 서열을 포함하는 DNA 소식자는 양쪽에 모두 혼성화되었고, 따라서 BVH-3 및 BVH-11 유전자가 유사 서열을 공유하고 있음을 확인하였다. 서열의 비교 결과 ORFs 및 단백질이 각각 43% 및 33%가 동일함을 확인하였다. 유사성 검사 결과는 BVH-3에서 아미노산 1 내지 225 및 BVH-11에서 1 내지 228에 해당하는 영역이 각각 DNA 및 단백질 수준에 있어서, 73% 및 75%로 동일함을 확인하였다. 반대로 BVH-3 아미노산 226 내지 1039 및 BVH-11 아미노산 229-840에 상응하는 3' 영역은 DNA 및 단백질 수준에서 각각 단지 34% 및 22%만이 동일한하였다. 따라서, BVH-3 및 BVH-11 유전자의 5' 말단은 높은 비율의 공통 서열을 함유하고 있는 반면 상기 유전자들의 나머지 부분은 매우 다르다. 전술한 결과는 BVH-3 및 BVH-11이 공통 영역에 존재하는 서열에 의해 매개되는 동일한 기능을 공유할 수 있으며, 반면 BVH-3 및 BVH-11의 특이적 기능은 다른 영역에 존재하는 서열에 의해 매개될 수 있다는 것을 추측하게 한다.

<281> 실시예 8

<282> 본 실시예는 PCR을 통한 BVH-3, BVH-11 및 BVH-11-2 유전자의 클로닝 및 절단된 BVH-3 및 BVH-11 물질의 발현에 관해 기술한다.

<283>

유전자 절편은 *S. 뉴모니에* 균주 SP64 유래의 서열번호 1 및 서열번호 11로 표시되는 BVH-3, 서열번호 3 및 12로 표시되는 BVH-11 또는 서열번호 13으로 표시되는 BVH-11-2를 포괄하는 절편을 증폭하기 위하여 제작된 한쌍의 올리고뉴클레오타이드를 사용한 PCR로 확장되었다. 상기 프라이머 각각은 5' 말단에 제한 엔도뉴클라아제(endonuclease) 부위를 가지고 있으며, 따라서 절단된 플라스미드 벡터로 상기 증폭된 산물의 프레임내 방향성 클로닝을 가능하게 한다(표 2a, b 및 c, 및 표 3 참조). PCR-증폭된 산물은 제한 엔도뉴클레아제로 절단되었고, 동일한 효소로 절단되거나 상보적인 점착 말단(cohesive end)를 생성하는 효소로 절단된 선형화된 플라스미드 pSL301(실시예 1 참조), pCMV-GH(실시예 2 참조) 또는 pET(Novagen, Madison, WI) 발현 벡터에 접합시킨다. 재조합 pSL301 및 재조합 pCMV-GH 플라스미드는 pET 발현 벡터에 프레임내 삽입 클로닝을 위하여 제한 효소로 절단하였다. 클론은 절단된 BVH-3 또는 BVH-11 물질의 발현을 위해 *E. Coli* BL21(λ DE3) 또는 AD494(λ DE3)로 삽입하기 전에 *E. Coli* DH5 α에 안정화시켰다. 결과적인 플라스미드 구조물 각각은 뉴클레오타이드 서열분석으로 확인하였다. 상기 재조합 단백질은 N-말단에 티오레독신 및 His 표지 또는 C-말단에 His 표지를 가진 상태로 발현된다. 상기 발현된 재조합 단백질은 His-결합 금속 킬레이트화 레진(QIAgen, Chatsworth, CA)을 사용하여 초음파 분쇄된 IPTG-증폭 *E. Coli* 배양물의 원심분리로 얻어진 상층액 부분에서 정제되었다. 상기 유전자 결과물은 하기 표 3에 표시되었다. 신호 서열을 포함하는 N-말단 영역 유전자 결과물은 지질화된 단백질 또는 리포 단백질(L-단백질)로 지정되었다. 신호 서열이 결핍된 N-말단 영역에 상응하는 유전자 결과물은 신호 서열이 없는(w/o ss) 단백질로 명명되었다.

표 2a

프라이머	서열 번호	서열 5' - 3'	뉴클레오타이드 위치	절단부위
OCRR 479	17	cagtagatctgtgcctatgcactaaac	서열번호 1 :61-78	BglII
OCRR 480	18	gatctctagactactgctattcctaacgctatg	서열번호 11 :4909-4887	XbaI
OCRR 497	19	atcaactcgagcattacctggataatcctgt	서열번호 1 :1525-1506	XhoI
OCRR 498	20	ctgctaagccttatgaaagatttagat	서열번호 1 :1534-1548	HindIII

<284>

표 2b

OCRR 499	21	gatactcgagctgctattcctaac	서열번호 11 :4906-4893	XhoI
HAMJ 172	22	gaatctcgagtttaagctgctgaattc	서열번호 1 : 675-661	XhoI
HAMJ 247	23	gacgctcgagcgtatgaaatcagataaattc	서열번호 1 :3117-3096	XhoI
HAMJ 248	24	gacgctcgagggcattacctggataatcctgttcattg	서열번호 1 :1527-1501	XhoI
HAMJ 249	25	cagtagatctcttcatttattgaaaagagg	서열번호 11 : 1749-1771	BglII
HAMJ 278	26	ttatttctccatattgacttgacagaagagcaaatagg	서열번호 1 :1414-1437	NdeI
HAMJ 279	27	cgccaagcttctgctatgaaatcagataaattc	서열번호 1 :3117-3096	HindIII
HAMJ 280	28	cgccaagctttccacaataataagtcgattgatt	서열번호 1 :2400-2377	HindIII
HAMJ 281	29	ttatttctccatattggaagtacctaacttggaanaagaa	서열번호 1 :2398-2421	NdeI
HAMJ 300	30	ttatttctccatattggtcctatgcactaaaccagc	서열번호 1 :62-82	NdeI
HAMJ 313	31	ataagaatcgggcgccttccacaataataagtcgattgatt	서열번호 1 :2400-2377	NotI
OCRR 487	32	cagtagatctgtgtcttatgaaactagggttgc	서열번호 3 :58-79	BglII
OCRR 488	33	gatcaagcttctgctacctttaaactctc	서열번호 12 :2577-2556	HindIII
HAMJ 171	34	ctgagatatcctgttatcgttcaaac	서열번호 3 :1060-1075	EcoRV
HAMJ 251	35	ctgcaagcttttaaaagggaataatag	서열번호 3 :1059-1045	HindIII
HAMJ 264	36	cagtagatctgcagaagccttccatctg	서열번호 3 :682-700	BglII
HAMJ 282	37	tcgccaagcttctgttatcgttcaaacattggg	서열번호 3 :1060-1081	HindIII
HAMJ 283	38	ataagaatcgggcgccttactctcttaataaagccaatagtt	서열번호 3 :2520-2492	NdeI
HAMJ 284	39	catgccatggacattgatagctcttgaacagc	서열번호 3 :856-880	NcoI
HAMJ 285	40	cgccaagcttcttactctctttaaataaagccaatag	서열번호 3 :2520-2494	HindIII
HAMJ 286	41	cgacaagcttaacatggctgctagcgttacc	서열번호 3 :2139-2119	HindIII
HAMJ 287	42	cataccatgggcctttatgaggcacctaag	서열번호 3 :2014-2034	NcoI
HAMJ 288	43	cgacaagcttaagtaaatcttcagcctctctcag	서열번호 3 :2376-2353	HindIII

<285>

표 2c

HAMJ 289	44	gataccatggctagcgaccatgttcaagaa	서열번호 3 : 2125-2146	NcoI
HAMJ 290	45	cgccaagcttatccaccactaacttgactttatcac	서열번호 3 : 1533-1508	HindIII
HAMJ 291	46	cataccatggatanccttgccttattagctccg	서열번호 3 : 1531-1554	NcoI
HAMJ 301	47	catgccatggctgtatgaactagggttgc	서열번호 3 : 59- 79	NcoI
HAMJ 302	48	cgccaagcttttagcggtaccaaaccattatc	서열번호 3 : 2128-2107	HindIII
HAMJ 160	49	gtattagatctgttctatgaacttggtgtcacca	서열번호 13 : 172-196	BglII
HAMJ 186	50	cgcctetagactactgtataggagcgg	서열번호 13: 2460-2443	XbaI
HAMJ 292	51	catgccatggaaaacattcaagccttttacgig	서열번호 11: 754-778	NcoI
HAMJ 293	52	cgacaagcttctgtataggagcgggtgacttcc	서열번호 11 : 2457-2434	HindIII
HAMJ 294	53	catgccatggctcgiaaaaaaaggcagaccaag	서열번호 11 : 2038-2062	NcoI
HAMJ 297	54	catgccatggaaacctattggaatgggaag	서열번호 11 : 622-642	NcoI

<286>

표 3

PCR-프라이머 세트	단백질 명칭	동정 (코딩하는 아미노산)	서열번호	클로닝 벡터
OCRR479-OCRR480	BVH-3M	BVH-3 w/o 신호서열 (21-1039)	55	pSL301
OCRR479-OCRR497	BVH-3AD	BVH-3 N' 말단 w/o 신호서열 (21-509)	56	pSL301
HAMJ248-HAMJ249	L-BVH-3AD	BVH-3 N' 말단 (1-509)	57	pET-21(+)
OCRR498-OCRR499	BVH-3B	BVH-3 C' 말단 (512-1039)	10	pSL301
OCRR479-HAMJ172	BVH-3C	BVH-3 N' 말단 w/o 신호서열 (21-225)	59	pET-32 c(+)
OCRR487-OCRR488	BVH-11M	BVH-11 w/o 신호서열 (20-840)	60	pCMV-GH
HAMJ251-OCRR487	BVH-11A	BVH-11 N' 말단 w/o 신호서열 (20-353)	61	pET-32 c (+)
HAMJ171-OCRR488	BVH-11B	BVH-11 C' 말단 (354-840)	62	pET-32 a(+)
HAMJ264-OCRR488	BVH-11C	BVH-11 C' 말단 (228-840)	63	pET-32 a(+)
HAMJ278-HAMJ279	NEW1	BVH-3 C' 말단 (472-1039)	64	pET-21b(+)
HAMJ278-HAMJ280	NEW2	BVH-3 C' 말단 (472-800)	65	pET-21b(+)
HAMJ281-HAMJ279	NEW3	BVH-3 C' 말단 (800-1039)	66	pET-21b(+)
HAMJ284-HAMJ285	NEW4	BVH-11 C' 말단 (286-840)	67	pET-21d(+)
HAMJ284-HAMJ286	NEW5	BVH-11 내부 (286-713)	68	pET-21d(+)
HAMJ287-HAMJ288	NEW6	BVH-11 내부 (672-792)	69	pET-21d(+)
HAMJ285-HAMJ289	NEW7	BVH-11 내부 (709-840)	70	pET-21d(+)
HAMJ284-HAMJ290	NEW8	BVH-11 내부 (286-511)	71	pET-21d(+)
HAMJ286-HAMJ291	NEW9	BVH-11 내부 (511-713)	72	pET-21d(+)
HAMJ160-HAMJ186	BVH-11-2M	BVH-11-2 w/o 신호서열 (20-838)	73	pSL301
HAMJ292-HAMJ293	NEW10	BVH-11-2 C' 말단 (271-838)	74	pET-21d(+)
HAMJ293-HAMJ294	NEW11	BVH-11-2 C' 말단 (699-838)	75	pET-21d(+)
HAMJ282-HAMJ283	BVH-11B	BVH-11 C' 말단 (354-840)	62	pET-21b(+)
HAMJ286-HAMJ297	NEW14	BVH-11-2 내부 (227-699)	77	pET-21d(+)
HAMJ300-HAMJ313	NEW15	BVH-3 N' 말단 w/o 신호서열 (21-800)	78	pET-21b(+)
HAMJ301-HAMJ302	NEW16	BVH-11 N' 말단 w/o 신호서열 (20-709)	79	pET-21d(+)

<287>

<288> 실시예 9

<289> 본 실시예는 모노클로날 항체(Mabs)의 분리 및 BVH-3, BVH-11 및 BVH-11-2 단백질 항원결정기를 특정짓는 모노클로날 항체의 용도에 관해 기술한다.

<290> 암컷 BALB/c 마우스(Charles River)는 Quila 애주번트(Cedarlane Laboratories Ltd, Hornby, Canada) 15 μ g을 첨가하고 S. 뉴모니아 균주 SP64로부터 BVH-3, BVH-11 또는 BVH-11-2 유전자 결과물과 함께 피하주사하여 면역시켰다. 마우스 제1군(융합 실험 1)은 친화 정제된 티오레독신-His 표지-BVH-3M 융합 단백질을 25 μ g을 1일 및 14일에 면역시켰다. 마우스 제2군(융합 실험 2)은 친화 정제된 티오레독신-His 표지-BVH-11M 융합 단백질을 25 μ g을 3주 간격으로 3번 면역시켰다. 제3군(융합 실험 3)은 친화 정제된 티오레독신-His 표지-BVH-11-2M 융합 단백질을 25 μ g을 1일 및 15일에 면역시켰다. 제4군(융합 실험 4)은 친화 정제된 티오레독신-His 표지-BVH-11B 융합 단백질을 25 μ g을 1일에 면역시키고 PBS에 녹인 재조합 BVH-11B를 16일 및 37일에 정맥주사하여 추가면역시켰다. 융합 3시간 또는 4시간 전에 PBS에 현탁된 각 항원 25 μ g을 정맥주사하였다. 하이브리도마(hybridoma)는 J. Hamel 등에 의해 기술된 바와 같이 비분비 SP2/0 골수종(myeloma) 세포와 비장 세포를 융합하여 제조하였다(J. Hamel 등, J. Med. Microbiol., 23, pp163-170 (1987)). 하이브리도마의 배양 상층액은 J. Hamel 등에 의해 기술된 방법에 따라 정제된 재조합 단백질 또는 가열하여 비활성화시킨 S. 뉴모니아 세포의 상층액으로 코팅된 플레이트를 사용하여 ELISA를 수행함으로써 1차적으로 탐색하였다. 다양한 항원을 사용한 ELISA 활성 측정에 근거하여 선택된 양성 하이브리도마는 제한적인 희석법에 의해 클론화되었고, 불린다음 냉동 보관하였다.

<291> 상기 하이브리도마는 모노클로날 항체에 의해 인식된 항원 결정기를 특정하기 위하여 BVH-3 및 BVH-11 유전자 결과물에 대해 ELISA 또는 웨스턴 면역블러팅으로 시험되었다. BVH-3 및 BVH-11는 양쪽 단백질의 활성을 나타내는(표 4 참조) 6개 모노클로날 항체(H3-1-F9, H3-1-D4, H3-1-H12, H11-1-E7, H11-1-H10 및 H11-1.1-G11)와 같은 항원 결정기를 공유하였다. S. 뉴모니아 SP64 유래의 BVH-11 및 BVH-11-2 물질은 BVH-11 및 BVH-11-2, 재조합 단백질과 반응하는 모노클로날 항체(표 5참조)와 BVH-3 상에 존재하지 않는 항원결정기를 공유한다.

표 4

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

<292>

표 5

모노클로날 항체	면역반응성							
	c. BVH-11 결과물				d. BVH-11-2 결과물			
	BVH-11M 20-840	NEW9 286-511	NEW9 511-713	BVH-11B 354-840	BVH-11-2 20-838	NEW10 271-838	NEW11 699-838	NEW14 227-699
3A1	+	+	-	+	+	+	-	+
13C1	+	+	+	+	+	+	-	+
10H10	+	+	+	+	+	+	-	+
1D8	+	+	-	+	+	+	-	+
10G9	+	-	-	+	+	+	-	+
10A2	+	-	-	+	+	+	-	+
3E8	+	-	-	+	+	+	-	+
10D7	+	-	-	+	+	+	-	+
2H7	+	-	-	-	+	-	-	-
6H7	+	-	-	-	+	-	-	-
3A4	-	-	-	-	+	+	+	-
14H6	-	-	-	-	+	+	+	-
7G2	-	-	-	-	+	+	-	+
13H10	-	-	-	-	+	-	-	+
7E8	-	-	-	-	+	-	-	-
7H6	-	-	-	-	+	-	-	-

^a상기 표에 기재된 모노클로날 항체는 재조합 BVH-3 분자와는 반응하지 않는다.

상기 표 4 및 표 5에 나타난 모노클로날 항체의 면역 반응성 연구로부터 얻어진 결과는 각각의 유전자 서열로부터 얻은 단백질 서열과 일치하였다. 실제로 BVH-3 및 BVH-11 분자와 상호작용하는 모노클로날 항체는 공통 영역에 상응하는 BVH-3C 단백질을 인식하며, BVH-11 및 BVH-11-2 특이적 모노클로날 항체는 상기 분자들의 가변 부분에 위치하는 형위결정기와 반응한다. BVH-3 및 BVH-11, 및 BVH-11 및 BVH-11-2는 모노클로날 항체와 그들의 반응성에 의해 구별된다.

실시예 10

본 실시예는 S. 뉴모니에로부터 얻은 BVH-3 및 BVH-11 유전자의 동시적 발현에 관해 기술한다.

BVH-3 및 BVH-11 유전자가 S. 뉴모니에에서 발현되는지의 여부를 조사하기 위하여 표준적인 웨스턴 블롯 기술이 사용되었다. S. 뉴모니에 균주 SP64 및 SP63은 초콜릿 아가 플레이트상에서 5% CO₂ 37℃에서 밤새도록 배양하였고, 박테리아는 PBS에 현탁하였으며, 20분간 56℃에서 가열하여 비활성화시켰다. 항원을 준비하기 위하여 S. 뉴모니에의 현탁액은 100℃에서 5분간 SDS 및 2-머캅토에탄올(2-mercaptoethanol)이 담겨있는 샘플 버퍼로 처리하였다. 페럼구균성 단백질을 항원은 Laemmli의 방법(Laemmli, Nature, 227, pp. 680-685, 1970)에 따라 SDS-PAGE 전기영동으로 분석하였다. SDS-PAGE 수행 후, Towbin의 방법(Towbin, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 76, pp.4350-4354, 1979)에 따라, 상기 단백질을 겔에서 니트로셀룰로오즈 막으로 전기영동으로 전이시키고, 마우스 항혈청 또는 모노클로날 항체로 조사하였다. 항체에 반응하는 항원을 감지하기 위해서 접합된-항-마우스 면역글로블린 및 유색 물질을 사용하는 간접적인 효소-면역 검정을 수행하였다. 항혈청이 재조합 BVH-3를 증가시킬 시점은 S. 뉴모니에 SP64 항원에 대하여 측정되었는데, 분자량이 127 kDa 및 99 kDa인 선명한 두 개의 반응 밴드가 나타난다. 동일한 분자량을 갖는 밴드는 또한, 모노클로날 항체 H3-1-F9, H3-1-D4, H3-1-H12, H11-1-E7, H11-1-H10 및 H11-1.1-G11가 면역적인 소식자로서 개별적으로 사용될 때 감지된다. 반대로 BVH-3 분자에 특이적인 모노클로날 항체는 127 kDa 밴드만을 감지하고, BVH-11에 특이적인 모노클로날 항체는 99 kDa 밴드만을 감지하며, 따라서 127 및 99 kDa 밴드가 각각 BVH-3 및 BVH-11와 동일함을 확인할 수 있었다. 상기 연구는 BVH-3 및 BVH-11 단백질이 동시에 S. 뉴모니에에 존재한다는 증거를 제공한다. 게다가, 상기 결과는 BVH-3 및 BVH-11가 양쪽 단백질에 공통적인 항원 결정기 및 공통적인 단백질을 배제하는 항원 결정기 모두를 소유하고 있다는 이전의 관찰과도 부합된다. S. 뉴모니에 SP64에서, 성숙 BVH-3, BVH-11 및 BVH-11-2는 각각 1019, 821 및 819 아미노산의 단백질이며, 각각 112.5 kDa, 92.4 kDa 및 91.7 kDa의 예측된 분자량을 가지는 단백질이다.

비록, 서열로부터 유추된 분자량과 SDS-PAGE 상에서 측정된 분자량이 일치하지 않아도, BVH-3은 매우 높은 분자량을 가지므로 BVH-11과 구별될 수 있다. 게다가 S. 뉴모니아 균주 SP63 유래의 BVH-3 분자는 127 kDa인 SP64 균주의 BVH-3과 비교하여 SDS-PAGE 상에서 정확히 112 kDa의 분자량을 가진다. 상기 데이터는 S. 뉴모니아 균주 SP63 유래의 BVH-3에서 177 아미노산 부분이 결실된 것과 일치한다.

<299> 실시예 11

<300> 본 실시예는 재조합 BVH-3 또는 BVH-11 유전자 결과물 백신이 투여된 마우스를 실험적으로 감염시킨 후 나타나는 보호능에 관한 것이다.

<301> 7마리 또는 8마리로 이루어진 암컷 BALB/c 마우스(Charles River) 그룹은 친화 정제된 티오레독신-His 표지-BVH-3M 융합 단백질, 친화 정제된 티오레독신-His 표지-BVH-11M 융합 단백질, 또는 대조군으로 PBS에 녹인 QuilA 애주번트를 단독으로 사용하여 3주 간격으로 3번 피하주사하여 면역시켰다. 3번째 면역 후 12 내지 14일 후에, 상기 마우스는 S. 뉴모니아 WU2 균주를 정맥주사하거나 또는 p4241 균주를 비강 투여하였다. 상기 S. 뉴모니아 투여 접종의 샘플은 CFU를 결정하고 투여량을 검증하기 위하여 초콜릿 아가 플레이트에 도말하였다. 투여량은 약 10^6 CFU이었다. 사망은 14일 동안 기록되었으며, 투여 14일 후에 살아남은 마우스는 사망시킨 다음 S. 뉴모니아 미생물의 존재 여부를 혈액 샘플로 테스트하였다. 상기 생존율 데이터는 하기 표 6 및 7에 나타내었다.

표 6

<302> 독성이 있는 S. 뉴모니아 WU2의 실험적 감염 후 재조합 BVH-3M 및 BVH-11M 단백질에 의해 유도되는 보호 효과

실험	면역원	생존수:사망수 ^a	평균 생존일
1	BVH-3M 없음	8:0 0:8	14일 이상 1일
2	BVH-3M 없음	8:0 0:8	14일 이상 1일

<303> ^a 생존 마우스의 수 : 투여 후 14일에 죽은 마우스 수

표 7

<304> 독성이 있는 S. 뉴모니아 P4241의 실험적 감염 후 재조합 BVH-3M 및 BVH-11M 단백질에 의해 유도되는 보호 효과

실험	면역원	생존수:사망수 ^a	평균 생존일
1	BVH-3M 없음	6:1 1:7	14일 이상 4.5일
2	BVH-3M BVH-11M 없음	8:0 8:0 0:8	14일 이상 14일 이상 1일

<305> ^a 생존 마우스의 수 : 투여 후 14일에 죽은 마우스 수

<306> 재조합 BVH-3M 또는 BVH-11M 단백질로 면역된 모든 마우스는 WU2의 감염에 대해서 생존한 반면 애주번트를 투여한 대조군 마우스는 모두 사망하였다. 재조합 BVH-3M 또는 BVH-11M 단백질로 면역된 한 마리를 제외한 모든 마우스는 P4241의 감염에 대하여 생존한 반면 애주번트를 투여한 대조군 마우스는 한 마리만이 생존하였다. 생존한 마우스로부터 얻은 모든 혈액 배양 결과 투여 14일 후에 음성으로 나타났다. 상기 결과는 BVH-3M 및 BVH-11M 모두가 마우스에 보호적인 항-폐렴 구균 면역 반응을 도출한다는 것을 명백하게 나타낸다. 상기 단백질이 S. 뉴모니아 분리체들 사이에서 매우 높게 공통적이라는 사실은 보편적인 백신 유력 물질로서 BVH-3 및 BVH-11의 효능을 강조하는 것이다. 실제로, 혈청군 6 S. 뉴모니아 균주 SP64로부터 얻은 상기 BVH-3 및 BVH-11 단백질은 다른 외피 혈청형의 균주에 의한 폐렴 구균 감염에 대하여 보호능을 나타낸다.

<307> 이상적으로, 폐렴 구균 질병을 막을 수 있는 백신은 뇌막염, 중이염, 박테리아 및 폐렴을 막을 수 있다. BVH-3

및 BVH-11은 치명적인 구조적- 및 폐렴 감염 모델에 대해 보호 효과를 가지며, 사람에게 있어서, BVH-3 및 BVH-11-단백질 기반의 백신은 외피 혈청형에 독립적으로 모든 S. 뉴모니애에 의해 실질적으로 유발된 질병의 광범위한 스펙트럼의 경우를 감소시킬 수 있다.

<308>

표 6 및 7의 데이터는 BVH-3 및 BVH-11 모두가 S. 뉴모니애의 보호-유발 물질이라는 것을 명백하게 나타낸다. 그러나, 알려지지 않은 않았지만 상기 보호 효과는 BVH-3 및 BVH-11 분자 상에 공유되지 않는 특이적 서열에 의해 매개될 수 있다. 암컷 BALB/c 마우스(Charles River) 군은 QuilA 애주번트(Cedarlane Laboratories Ltd, Hornby, Canada) 15 μ g과 함께 친화 정제된 티오레독신-His 표지-BVH-3AD, -BVH-3B 또는 -BVH-3C 융합 단백질을 3주 간격으로 3번 피하주사하여 면역시켰다. 대조군 마우스는 PBS상에 있는 QuilA 애주번트 또는 QuilA와 함께 친화정제된 티오레독신-His 표지 또는 티오레독신-His 표지-융합 단백질(His-Thio)로 면역시켰다.

<309>

일련의 절단된 단백질 NEW4, NEW5, NEW6, NEW7, NEW8, NEW9, NEW10, NEW11, NEW14 및 BVH-11B의 보호능을 결정하기 위하여 암컷 BALB/c 마우스(Charles River)는 QuilA 애주번트 15 μ g과 함께 친화 정제된 His 표지 융합 단백질 25 μ g 으로 3주 간격으로 2번 피하주사하여 면역시켰다. 마지막 면역 후 10 내지 14일 후, 상기 마우스에 독성 S. 뉴모니애를 접종하였다. 본 발명자들에 의한 결과가 지적하는 바와 같이, BVH-3 분자의 아미노산 512-1039로 이루어지는 절단된 BVH-3 분자인 BVH-3B는 마우스 독성 균주 WU2 및 P4241에 대한 보호능을 나타내었다. 동일하게 각각 BVH-11 분자의 아미노산 354-840, 286-840 및 286-713으로 이루어진 BVH-11 분자의 절단형인 BVH-11B, NEW4 및 NEW5 분자는 정맥주사된 WU2 및 비강 투여된 P4241에 대해 보호능을 나타내었다. 또한, BVH-11-2 분자의 아미노산 272-838 및 아미노산 227-699로 이루어지는 NEW10 및 NEW14의 백신화는 폐렴구균 균주로 인한 사망에 대하여 보호능을 유발하였다. 상기 결과는 각각 S. 뉴모니애 SP64 BVH-11 및 BVH-11-2 단백질 서열 상의 아미노산 286-713 및 272-699에 걸쳐있는 428개의 아미노산을 포함하는 영역이 보호능을 갖는 항원결정기를 포함한다는 사실을 나타낸다. 상기 영역은 13개 BVH-11 단백질 서열들과 전체적으로는 91% 동일성 및 94% 유사성을 가지며 높은 비율의 공통서열을 갖는다.

표 8

실험	면역원	WU2 투여		P4241 투여	
		생존수:사망수 ^a	평균 생존일	생존수:사망수	평균 생존일
1 ^b	None	0 : 8	1.5	1 : 7	4.5
	NEW4	8 : 0	>14	8 : 0	>14
	NEW5	8 : 0	>14	8 : 0	>14
	NEW7	0 : 8	2	0 : 8	5
	BVH-11M	8 : 0	>14	8 : 0	>14
2 ^b	None	0 : 8	1	0 : 8	4
	NEW5	8 : 0	>14	8 : 0	>14
	NEW8	0 : 8	1.5	0 : 8	5.5
	NEW9	3 : 5	3.5	2 : 6	7
	BVH-11M	8 : 0	>14	8 : 0	>14
3 ^b	None	0 : 8	1	0 : 8	4
	NEW6	0 : 8	1	4 : 4	10.5 ^c
	NEW10	8 : 0	>14	8 : 0	>14
	NEW11	0 : 8	1.5	1 : 7	6
	BVH-11M	8 : 0	>14	8 : 0	>14
4 ^b	None	0 : 8	2	0 : 8	4
	BVH-11B	7 : 1	>14	8 : 0	>14
	NEW14	8 : 0	>14	8 : 0	>14
5	His-Thio	0 : 8	2		
	BVH-3AD	1 : 7	2.5		
	BVH-3B	5 : 3	>14		
6	His-Thio	0 : 8	1		
	BVH-3C	0 : 8	1		

^a 생존한 마우스의 수 : 투여 14일 후 사망한 마우스의 수

^b WU2 투여량은 105 CFU

^c 14일 이상 생존한 마우스는 평균 값의 결정을 위해 생존 기간을 14일로 정하였다.

실시예 12

본 실시예는 BVH-11의 카르복시 말단 영역 C' 말단에 융합된 BVH-3 카르복시 말단 영역에 상응하는 키메라성 폴리펩타이드를 코딩하는 키메라성 유전자의 클로닝 및 발현, 및 상기 키메라성 폴리펩타이드의 백신화 이후에 관찰된 부가적인 보호능에 관하여 기술한다.

전술한 연구에 따르면 BVH-3 및 BVH-11은 혈청군적으로 다른 분자이고, S. 뉴모니아 상에 동시에 존재하는 것이 명확하다. 마우스의 면역학적 연구 결과는 상기 두 단백질이 모두 좋은 백신 후보 물질이라는 것을 드러낸다. 이들 단백질은 혈청형에 관계없이 모든 폐렴구균에 대하여 보호능을 제공하는 잠재력을 가지고 있다. 심지어 상기 두 단백질이 항원 결정기 및 서열을 공유하여도, 상기 두 단백질은 다른 특성을 가지며 다른 생물학적 기능을 할 수 있다. 따라서, 상기 두 단백질의 면역은 각각 개별적인 면역에 의해 생성되는 것보다 높은 수준의 보호능을 제공할 수 있다. 이를 시험하기 위하여 전장 또는 절단된 BVH-3 및 BVH-11를 복합 또는 융합의 형태로 투여하는 여러 방법으로 실험하였다. 본 발명자들은 본 명세서에서 New-12라 명명된 BVH-3-BVH-11(서열번호 76 및 58로 각각 표시됨) 융합 유전자의 유전공학 및 상기 New-12 단백질의 백신으로서의 잠재적 용도에 관해

기술한다.

<317> 유전자의 3' 말단에 상응하는 BVH-3 및 BVH-11 유전자 절편은 각각 S. 뉴모니애 균주 SP64 BVH-3 및 BVH-11 유전자의 뉴클레오타이드 1414 내지 3117(서열번호 1) 및 뉴클레오타이드 1060 내지 2520(서열번호 3) 부분의 절편은 증폭하기 위하여 제작된 여러쌍의 올리고뉴클레오타이드를 사용한 PCR로 증폭하였다. 사용한 프라이머 HAMJ278 및 HAMJ279; HAMJ282 및 HAMJ283은 5' 말단에 제한 엔도뉴클레아제를 가지며, 따라서 절단된 pET21b(+) 플라스미드 벡터에 증폭된 결과물의 방향성 원프레임 클로닝이 가능하다. PCR-증폭된 결과물은 제한 효소로 절단되었고, 동일한 효소로 절단되어 선형화된 플라스미드 pET21b(+) 벡터에 접합시켰다. 결과적인 플라스미드 구조물은 뉴클레오타이드 서열 분석으로 확인되었다. NdeI-Hind III BVH-3 PCR 결과물을 포함하는 상기 재조합 pET21b(+) 플라스미드는 BVH-11 유전자 절편을 포함하는 재조합 pET21b(+) 벡터로부터 얻은 Hind III-Not I DNA 절편의 프레임 내 클로닝을 위해 제한 효소 Hind III 및 Not I으로 절단되었다. 클론은 키메라성 페렴 구균의 단백질 분자의 발현을 위해 E. Coli BL21(λDE3)로 삽입되기 전에 우선 E. Coli DH5α에서 안정화되었다. NEW12라 명명된 상기 재조합 키메라성 폴리펩타이드는 His 표지를 가지고 C-말단 융합의 형태로 발현된다. 상기 발현된 재조합 NEW12 단백질은 초음파 분쇄된 IPTG-증폭 E. Coli 배양액을 원심분리함으로써 얻어진 상층액 부분으로부터 His-결합 금속 킬레이트화 레진(QiAgen, Chatsworth, CA)을 사용하여 정제되었다.

<318> 전술한 내용과 동일한 과정에 따르면, 다른 키메라성 폴리펩타이드를 제조하는 것이 가능한데, 그 결과로는 New1 및 New4, New1 및 New5, New1 및 New10, 또는 New1 및 New14의 동시 발현이 가능하다. 상기 제조물은 New1 상류(upstream) 또는 New4, New5, New10, BVH-11B 또는 New14의 하류(downstream)를 포함할 수 있다. BVH-3, BVH-11 또는 BVH-11-2 각 유전자의 두 개 이상의 절편의 동시발현의 결과를 위해 다른 키메라성 폴리펩타이드의 제작도 가능하다.

<319> 8마리의 암컷 BALB/c 마우스(Charles River)의 그룹은 QuilA 애주버트 15 μg과 친화 정제된 His 표지-융합 NEW1, BVH-11B 또는 NEW12 단백질 25 μg을 3주 간격으로 3번 피하주사하여 면역시켰다. 마지막 면역 후 10일 내지 14일 후, 상기 마우스에 독성 S. 뉴모니애를 투여하였다. 전술한 바와 같이, 각각 BVH-3 단백질의 아미노산 472에서 1039 및 BVH-11 단백질 아미노산 354-840으로 구성되는 NEW1 및 BVH-11B 분자는 방어적인 면역 반응 도출능이 있는 단백질의 부분과 상응한다. 키메라성 폴리펩타이드가 개별적인 대응물에 대해 보여지는 효과와 비교하여 보호능을 현저하게 향상시키는 지를 결정하기 위하여 투여량은 보호능이 New1 및 BVH-11B 분자에서 기대되지 않는 수준으로 조정되었다. 흥미롭게도, 상기 키메라성 New12 단백질은 마우스에 독성을 나타내는 균주 WU2 및 P4241에 대한 보호능을 도출한다. New 12로 면역된 8마리의 마우스 중 7마리는 투여 후 10일 이후에도 여전히 생존하였으며, New 1, BVH-11B, BVH-3M 또는 애주버트 단독으로 면역된 32 마우스 중 28마리는 투여 후 5일까지 사망하였다. 따라서, NEW12를 사용한 마우스의 백신은 WU2 투여에 대하여 높은 수준의 보호능을 제공하였다. 상기 결과는 키메라성 폴리펩타이드 및 가능하게는 BVH-3 및 BVH-11 유전자 결과물을 결합한 면역은 BVH-3 또는 BVH-11 항원 단독 처리에 의해 얻어지는 것보다 부가적인 보호능을 제공한다.

표 9

면역원	WU2 투여		P4241 투여	
	생존수:사망수 ^a	평균 생존일	생존수:사망수	평균 생존일
없음	0 : 8	1	0 : 8	5
NEW1	2 : 6	2	1 : 7	8
BVH-11B	1 : 7	3.5	3 : 0	>14
NEW12	6 : 2	>14	7 : 1	>14
BVH-3M	1 : 7	3	8 : 1	>14

<320>

<321> 실시예 13

<322> 본 실시예는 S. 뉴모니애 이외에 스트렙토코커스 종에 있어서 추가적인 BVH-3 및 BVH-11 관련 서열의 동정에 관하여 기술한다.

<323> BVH-3, BVH-11 및 BVH-11-2이 공통의 서열을 공유하는 관련 단백질의 파라는 것은 이미 전술한 바 있다. 상기

유전자들의 공통적인 영역 뉴클레오타이드 서열을 가지고 동일성 조사를 수행하였으며, 진뱅크(GenBank) 및 FASTA를 이용하여 EMBL 서열과 비교하였다. 가장 현저한 유사성은 그룹 B 스트렙토코커스 또는 GBS라 명명되는 S. 아갈락티애의 알려지지 않는 기능을 가진 계산된 서열번호 81로 표시되는 92-kDa 단백질에 해당하는 2.469 kb 유전자 코딩 부분에서 관찰되었다. 상기 유전자는 BVH-71이라 명명하였다. GBS 단백질과 99.2% 동일성 및 99.5% 유사성을 나타내는 단백질은 또한 그룹 A 스트렙토코커스 또는 GAS라 명명되는 S. 피오젠(S. pyogenes)에서 동정되었다(서열번호 83). 서열번호 80 및 82로 표시되는 뉴클레오타이드 1 내지 717를 포함하는 BVH-71 서열의 5' 영역은 BVH-3(뉴클레오타이드 1 내지 675) 및 BVH-11(뉴클레오타이드 1 내지 684)의 공통 영역과는 각각 58% 및 60% 동일성을 나타내었다. 상기 GBS 및 GAS BVH-71 ORF의 전사된 서열의 첫번째 239 아미노산은 BVH-3 및 BVH-11의 첫번째 225 및 228 아미노산에 각각 51% 및 54% 동일하다. 또한, 구조적 동일성에 있어서, 스트렙토코커스 BVH-3, BVH-11 및 BVH-71 단백질은 또한, 항원성 항원 결정기를 공유한다. 97 kDa 밴드는 BVH-3 및 BVH-11의 공통된 영역에 반응하는 모노클로날 항체 H11-1.1-G11를 사용하여 수행한 GAS 또는 GBS 전체 세포에 대한 웨스턴 블롯상에 나타났다. 동일하게, GAS 및 GBS 제조함 BVH-71 단백질은 웨스턴 면역 블롯 분석상에 감지되었다.

<324> 상기 결과는 BVH-71, BVH-3 및 BVH-11 단백질이 동일한 기능을 공유할 수 있다는 사실을 나타낸다. 또한, 본 발명자들의 결과는 BVH-71 단백질이 항-스트렙토코커스의 단백질 백신 성분으로 사용될 수 있다는 것을 시사한다. 좀 더 구체적으로, 상기 BVH-71 단백질은 항-GAS 또는 항-GBS 백신의 단백질 백신 성분으로 사용될 수 있다.

도면의 간단한 설명

- <203> 도 1은 서열번호 1로 표시되는 BVH-3 유전자의 DNA 서열이다.
- <204> 도 2는 서열번호 2로 표시되는 BVH-3 단백질의 아미노산 서열이다.
- <205> 도 3은 서열번호 3으로 표시되는 BVH-11 유전자의 DNA 서열이다.
- <206> 도 4는 서열번호 4로 표시되는 BVH-11 단백질의 아미노산 서열이다.
- <207> 도 5는 서열번호 5로 표시되는 BVH-28 유전자의 DNA 서열이다.
- <208> 도 6은 서열번호 6으로 표시되는 BVH-28 단백질의 아미노산 서열이다.
- <209> 도 7은 BVH-3의 5' 말단에 상응하는 서열번호 7로 표시되는 BVH-3A 유전자의 DNA 서열이다.
- <210> 도 8은 서열번호 8로 표시되는 BVH-3A 단백질의 아미노산 서열이다.
- <211> 도 9는 BVH-3의 3' 말단에 상응하는 서열번호 9로 표시되는 BVH-3B 유전자의 DNA 서열이다.
- <212> 도 10은 서열번호 10으로 표시되는 BVH-3B 단백질의 아미노산 서열이다.
- <213> 도 11a, b, c 및 d는 맥벡터 서열 분석 소프트웨어(버전 6.5; MacVector sequence analysis software)의 Clustal W 프로그램을 사용하여 WU2, RX1, JNR. 7/87, SP64, P4241 및 A66 S. 뉴모니애 균주의 BVH-3 ORF(Open Reading Frame)의 예측된 아미노산 서열을 비교한 것이다. 비교 결과 * 로 표시되는 공통 부분, . 로 표시되는 동일 부분 및 유사한 아미노산 잔기가 존재한다.
- <214> 도 12a, b, c 및 d는 맥벡터 서열 분석 소프트웨어(버전 6.5)의 Clustal W 프로그램을 사용하여 WU2, RX1, JNR. 7/87, SP64, P4241 및 A66 및 SP63 S. 뉴모니애 균주의 BVH-11 ORF의 예측 아미노산 서열을 비교한 것이다. 비교 결과 * 로 표시되는 공통 부분, . 로 표시되는 동일 부분 및 유사한 아미노산 잔기가 존재한다.
- <215> 도 13은 다양한 S. 뉴모니애 균주의 BVH-11 단백질의 예상된 아미노산 서열을 비교한 것이다. 동일성(I) 및 유사성(S)의 정도는 맥벡터 서열 분석 소프트웨어(버전 6.5)를 사용하여 결정되었다.
- <216> 도 14a 및 b는 서열번호 11로 표시되는 완전한 BVH-3 유전자(뉴클레오타이드 1777 내지 4896의 ORF)를 포함하는 DNA 서열이다.
- <217> 도 15는 서열번호 12로 표시되는 완전한 BVH-11 유전자(뉴클레오타이드 45 내지 2567의 ORF)를 포함하는 DNA 서열이다.
- <218> 도 16은 서열번호 13으로 표시되는 완전한 BVH-11-2 유전자(뉴클레오타이드 114 내지 2630의 ORF)를 포함하는 DNA 서열이다.

- <219> 도 17은 서열번호 14로 표시되는 BVH-11-2 단백질의 아미노산 서열이다.
- <220> 도 18은 서열번호 15로 표시되는 SP63 BVH-3 유전자의 DNA 서열이다.
- <221> 도 19는 서열번호 16으로 표시되는 SP63 BVH-3 단백질의 아미노산 서열이다.
- <222> 도 20은 서열번호 55로 표시되는 BVH-3M 단백질의 아미노산 서열이다.
- <223> 도 21은 서열번호 56으로 표시되는 BVH-3AD 단백질의 아미노산 서열이다.
- <224> 도 22는 서열번호 57로 표시되는 L-BVH-3-AD 단백질의 아미노산 서열이다.
- <225> 도 23은 서열번호 58로 표시되는 NEW12 단백질의 아미노산 서열이다.
- <226> 도 24는 서열번호 59로 표시되는 BVH-3C 단백질의 아미노산 서열이다.
- <227> 도 25는 서열번호 60으로 표시되는 BVH-11M 단백질의 아미노산 서열이다.
- <228> 도 26은 서열번호 61로 표시되는 BVH-11A 단백질의 아미노산 서열이다.
- <229> 도 27은 서열번호 62로 표시되는 BVH-11B(New13으로도 명명) 단백질의 아미노산 서열이다.
- <230> 도 28은 서열번호 63으로 표시되는 BVH-11C 단백질의 아미노산 서열이다.
- <231> 도 29는 서열번호 64로 표시되는 New1 단백질의 아미노산 서열이다.
- <232> 도 30은 서열번호 65로 표시되는 New2 단백질의 아미노산 서열이다.
- <233> 도 31은 서열번호 66으로 표시되는 New3 단백질의 아미노산 서열이다.
- <234> 도 32는 서열번호 67로 표시되는 New4 단백질의 아미노산 서열이다.
- <235> 도 33은 서열번호 68로 표시되는 New5 단백질의 아미노산 서열이다.
- <236> 도 34는 서열번호 69로 표시되는 New6 단백질의 아미노산 서열이다.
- <237> 도 35는 서열번호 70로 표시되는 New7 단백질의 아미노산 서열이다.
- <238> 도 36은 서열번호 71로 표시되는 New8 단백질의 아미노산 서열이다.
- <239> 도 37은 서열번호 72로 표시되는 New9 단백질의 아미노산 서열이다.
- <240> 도 38은 서열번호 73으로 표시되는 BVH-11-2M 단백질의 아미노산 서열이다.
- <241> 도 39는 서열번호 74로 표시되는 New10 단백질의 아미노산 서열이다.
- <242> 도 40은 서열번호 75로 표시되는 New11 단백질의 아미노산 서열이다.
- <243> 도 41a 및 b은 서열번호 76으로 표시되는 New12 유전자의 DNA 서열이다.
- <244> 도 42는 서열번호 77로 표시되는 New14 단백질의 아미노산 서열이다.
- <245> 도 43은 서열번호 78로 표시되는 New15 단백질의 아미노산 서열이다.
- <246> 도 44는 서열번호 79로 표시되는 New16 단백질의 아미노산 서열이다.
- <247> 도 45는 서열번호 80으로 표시되는 GBS BVH-71 유전자의 DNA 서열이다.
- <248> 도 46은 서열번호 81로 표시되는 GBS BVH-71 단백질의 아미노산 서열이다.
- <249> 도 47은 서열번호 82로 표시되는 GAS BVH-71 유전자의 DNA 서열이다.
- <250> 도 48은 서열번호 83으로 표시되는 GAS BVH-71 단백질의 아미노산 서열이다.

도면

도면1

ATGAAATTTA	GTAAAAATA	TATAGCAGCT	GGATCAGCTG	TTATCGTATC	CTTGAGTCTA	60
TGTGCTTATG	CACTAAACCA	GCATCGTTTC	CAGGAAAAATA	AGGACAATAA	TCGTGTCTCT	120
TATGTGGATG	GCAGCCAGTC	AAGTCAGAAA	AGTGAAAACT	TGACACCAGA	CCAGGTTAGC	180
CAGAAAGAAG	GAATTCAGGC	TGAGCAAATT	GTAATCAAAA	TTACAGATCA	GGGCTATGTA	240
ACGTCACACG	GTGACCACTA	TCATTACTAT	AATGGGAAAG	TTCTTATGA	TGCCCTCTTT	300
AGTGAAGAAC	TCTTGATGAA	GGATCCAAAC	TATCAACTTA	AAGACGCTGA	TATTGTCAAT	360
GAAGTCAAGG	GTGGTTATAT	CATCAAGGTC	GATGGAAAAAT	ATTATGTCTA	CCTGAAAGAT	420
GCAGCTCATG	CTGATAATGT	TCGAACTAAA	GATGAAATCA	ATCGTCAAAA	ACAAGAACAT	480
GTCAAAGATA	ATGAGAAGGT	TAACCTCTAAT	GTTGCTGTAG	CAAGGTCTCA	GGGACGATAT	540
ACGACAAATG	ATGGTTATGT	CTTTAATCCA	GCTGATATTA	TCGAAGATAC	GGGTAATGCT	600
TATATCGTTC	CTCATGGAGG	TCACTATCAC	TACATTCCCA	AAAGCGATTT	ATCTGCTAGT	660
GAATTAGCAG	CAGCTAAAGC	ACATCTGGCT	GGAAAAATA	TGCAACCGAG	TCAGTTAAGC	720
TATTTCTTCAA	CAGCTAGTGA	CAATAACACG	CAATCTGTAG	CAAAAGGATC	AACTAGCAAG	780
CCAGCAAATA	AATCTGAAAA	TCTCCAGAGT	CTTTTGAAGG	AACTCTATGA	TTCAACCTAGC	840
GCCCAACGTT	ACAGTGAATC	AGATGGCCTG	GTCTTTGACC	CTGCTAAGAT	TATCAGTCGT	900
ACACCAAATG	GAGTTGCGAT	TCCGCTAGGC	GACCATTAAC	ACTTTATTCC	TTACAGCAAG	960
CTTTCTGCTT	TAGAAGAAAA	GATTGCCAGA	ATGGTGCCTA	TCAGTGGAAAC	TGGTTCTACA	1020
GTTTCTACAA	ATGCAAAACC	TAATGAAGTA	GTGTCTAGTC	TAGGCAGTCT	TTCAAGCAAT	1080
CCTTCTTCTT	TAACGACAAG	TAAGGAGCTC	TCTTCAGCAT	CTGATGGTTA	TATTTTTAAT	1140
CCAAAGATA	TCGTTGAAGA	AACGGCTACA	GCTTATATTG	TAAGACATGG	TGATCATTTT	1200
CATTACATTC	CAAAATCAAA	TCAAATTGGG	CAACCGACTC	TTCCAAACAA	TAGTCTAGCA	1260
ACACCTTCTC	CATCTCTTCC	AATCAATCCA	GGAACTTCAC	ATGAGAAACA	TGAAGAAGAT	1320
GGATACGGAT	TTGATGCTAA	TCGTATTATC	GCTGAAGATG	AATCAGGTTT	TGTCATGAGT	1380
CACGGAGACC	ACAATCATTA	TTTCTTCAAG	AAGGACTTGA	CAGAAGAGCA	AATTAAGGCT	1440
GCGCAAAAAA	ATTTAGAGGA	AGTTAAAACT	AGTCATAATG	GATTAGATTG	TTTGTCTATC	1500
CATGAACAGG	ATTATCCAGG	TAATGCCAAA	GAAATGAAAG	ATTTAGATAA	AAAAATCGAA	1560
GAAAAAATTG	CTGGCATTAT	GAAACAATAT	GGTGTCAAAC	GTGAAAGTAT	TGTCGTGAAT	1620
AAAGAAAAAA	ATGCGATTAT	TTATCCGCAT	GGAGATCACC	ATCATGCAGA	TCCGATTGAT	1680
GAACATAAAC	CGGTTGGAAT	TGGTCATTCT	CACAGTAAC	ATGAAGTGT	TAAACCCGAA	1740
GAAGGAGTTG	CTAAAAAAGA	AGGGAATAAA	GTTTATATCT	GAGAAGAATT	AACGAATGTT	1800
GTTAATTTGT	TAAAAAATAG	TACGTTTAAT	AATCAAAAC	TTACTCTAGC	CAATGGTCAA	1860
AAACGCGTTT	CTTTTAGTTT	TCCGCCTGAA	TTGGAGAAAA	AATTAGGTAT	CAATATGCTA	1920
GTAAATTTAA	TAACACCAGA	TGGAAAAGTA	TTGGAGAAAG	TATCTGGTAA	AGTATTTGGA	1980
GAAGGAGTAG	GGAATATTGC	AAACTTTGAA	TTAGATCAAC	CTTATTTACC	AGGACAAACA	2040
TTTAAGTATA	CTATCGCTTC	AAAAGATTAT	CCAGAAGTAA	GTTATGATGG	TACATTTACA	2100
GTTCCAACCT	CTTTAGCTTA	CAAAATGGCC	AGTCAAACGA	TTTTCTATCC	TTTCCATGCA	2160
GGGGATACTT	ATTTAAGAGT	GAACCCCTCA	TTTGCAGTGC	CTAAAGGAAC	TGATGCTTTA	2220
GTGAGAGTGT	TTGATGAATT	TCATGGAAAT	GCTTATTTAG	AAAATAACTA	TAAAGTTGGT	2280
GAAATCAAAT	TACCGATTCC	GAAATTAAC	CAAGGAACAA	CCAGAACGGC	CGGAAATAAA	2340
ATTCTGTGTA	CCTTCATGGC	AAATGCTTAT	TGGACAATC	AATCGACTTA	TATTGTGGAA	2400
GTACCTATCT	TGGAAAAAGA	AAATCAAACT	GATAAACCAA	GTATTCTACC	ACAATTTAAA	2460
AGGAATAAAG	CACAAGAAAA	CTCAAAACTT	GATGAAAAAG	TAGAAGAACC	AAAGACTAGT	2520
GAGAAGGTAG	AAAAAGAAAA	ACTTTCTGAA	ACTGGGAATA	GTAAGTAGTA	TTCAACGTTA	2580
GAAGAAGTTC	CTACAGTGGG	TCCGTGTACAA	GAAAAAGTAG	CAAAATTTGC	TGAAAGTTAT	2640
GGGATGAAGC	TAGAAAAATG	CTTGTTTAAT	ATGGACGGAA	CAATTGAATT	ATATTTACCA	2700
TCAGGAGAAG	TCATTAAAAA	GAATATGGCA	GATTTTACAG	GAGAAGCACC	TCAAGGAAAT	2760
GGTGAAAAATA	AACCATCTGA	AAATGGAAAA	GTATCTACTG	GAACAGTTGA	GAACCAACCA	2820
ACAGAAAAATA	AACCAGCAGA	TTCTTTACCA	GAGGCACCAA	ACGAAAAACC	TGTAAAAACCA	2880
GAAAACTCAA	CGGATAATGG	AATGTTGAAT	CCAGAAGGGA	ATGTGGGGAG	TGACCCCTATG	2940
TTAGATCCAG	CATTAGAGGA	AGCTCCAGCA	GTAGATCCTG	TACAAGAAAA	ATTAGAAAAA	3000
TTTACAGCTA	GTTACGGATT	AGGCTTAGAT	AGTGTATAT	TCAATATGGA	TGGAACGATT	3060
GAATTAAGAT	TGCCAAGTGG	AGAAGTGATA	AAAAAGAAAT	TATCTGATTT	CATAGCGTAA	3120

도면2

MKFSKKYIAA	GSAVIVSLSL	CAYALNQHRS	QENKDNRRVS	YVDGSQSSQK	50
SENLTDPQVS	QKEGIQAEQI	VIKITDQGYV	TSHGDHYHYV	NGKVPYDALF	100
SEELLMKDPN	YQLKDADIVN	EVKGGYIIKV	DGKYVYVLKD	AAHADNVRTK	150
DEINRQKQEH	VKDNEKVNSN	VAVARSQGRY	TTNDGYVFNP	ADIIEDTGNA	200
YIVPHGGHYH	YIPKSDLSAS	ELAAAKAHLA	GKNMQPSQLS	YSSTASDNNT	250
QSVAKGSTSK	PANKSENLQS	LLKELYDSPS	AQRYSESDGL	VFDPAKIISR	300
TPNGVAIPHG	DHYHFIPYSK	LSALEEKIAR	MVPISGTGST	VSTNAKPNEV	350
VSSLGSLSSN	PSSLTTSKEL	SSASDGYIFN	PKDIVEETAT	AYIVRHGDHF	400
HYIPKSNQIG	QPTLPNNSLA	TPSPSLPINP	QTSHEKHEED	GYGFDANRII	450
AEDESGFVMS	HGDHNHYFFK	KDLTEEQIKA	AQKHLEEVKT	SHNGLDLSLS	500
HEQDYPGNAK	EMKDLDDKIE	EKIAGIMKQY	GVKRESIVVN	KEKNAIYPH	550
GDHHHADPID	EHKPVGIGHS	HSNYELFKPE	EGVAKKEGK	VYTGEELTNV	600
VNLLKNSTFN	NQNFLLANGQ	KRVSFSPPE	LEKKLGINML	VKLITPDGKV	650
LEKVSQKVFQ	EGVGNIANFE	LDQPYLPGQT	FKYTIASKDY	PEVSYDGTFT	700
VPTSLAYKMA	SQTIFYPFHA	GDTYLRVNPQ	FAVPGTDLAL	VRVFDEFHGN	750
AYLENNYKVG	EIKLPIPKLN	QGTTRTAGNK	IPVTFMANAY	LDNQSTYIVE	800
VPILEKENQT	DKPSILPQFK	RNKAQENSKL	DEKVEEPKTS	EKVEKEKLSE	850
TGNSTSNSTL	EEVPTVDPVQ	EKVAKFAESY	GMKLENVLFN	MOGTIELYLP	900
SGEVIKKNMA	DFTGEAPQGN	GENKPSENGK	VSTGTVENQP	TENKPADSLP	950
EAPNEKPVKP	ENSTDNGMLN	PEGNVGSDPM	LDPALAEAPA	VDPVQEKLEK	1000
FTASYGLGLD	SVIFNMDGTI	ELRLPSGEVI	KKNLSDFIA		1039

도면3

ATGAAAAATCA	ATAAAAAATA	TCTAGCTGGG	TCAGTAGCTA	CACCTGTTTT	AAGTGCTCTGT	60
GCTTATGAAC	TAGGTTTGCA	TCAAAGCTCAA	ACTGTAAAAG	AAAATAATCG	TGTTTTCTAT	120
ATAGATGGAA	AACAAGCGAC	GCAAAAAACG	GAGAATTTGA	CTCCTGATGA	GTTTAGCAAG	180
CGTGAAGGAA	TCAACGCCGA	ACAAATCGTC	ATCAAGATTA	CGGATCAAGG	TTATGTGACC	240
TCTCATGGAG	ACCATTATCA	TTACTATAAT	GGCAAGGTCC	CTTATGATGC	CATCATCAGT	300
GAAGAGCTCC	TCATGAAAGA	TCCGAATTAT	CAGTTGAAGG	ATTCAGACAT	TGTCAATGAA	360
ATCAAGGGTG	GTTATGTCAT	TAAGGTAAAC	GGTAAATACT	ATGTTTACCT	TAAGGATGCA	420
GCTCATGCGG	ATAATGTCCG	TACAAAAGAA	GAAATCAATC	GGCAAAAACA	AGAACATAGT	480
CAGCATCGTG	AAGGAGGGAC	TTCAGCAAAC	GATGGTGCGG	TAGCCTTTGC	ACGTTACACG	540
GGACGCTACA	CCACAGATGA	TGTTTATATC	TTCAATGCAT	CTGATATCAT	CGAAGATACG	600
GGCGATGCCCT	ATATCGTTCC	TCATGGAGAT	CATTACCATT	ACATTCCCTAA	GAATGAGTTA	660
TCAGCTAGCG	AGTTGGCTGC	TGCAGAAGCC	TTCTTATCTG	GTCGGGAAAA	TCTGTCAAAT	720
TTAAGAACCT	ATCGCCGACA	AAATAGCGAT	AACACTCCAA	GAACAAACTG	GGTACCTTCT	780
GTAAGCAATC	CAGGAACCTAC	AAATACTAAC	ACAAGCAACA	ACAGCAACAC	TAACAGTCAA	840
GCAAGTCAAA	GTAATGACAT	TGATAGTCTC	TTGAAACAGC	TCTACAAACT	GCCTTTGAGT	900
CAACGCCATG	TAGAACTCTGA	TGGCCTTATT	TTGACCCAG	CGCAAAATCAC	AAGTCGAACC	960
GCCAGAGGTG	TAGCTGTCCC	TCATGGTAAC	CATTACCACT	TTATCCCTTA	TGAACAAATG	1020
TCTGAATTGG	AAAAACGAAT	TGCTCGTATT	ATTCCCTTTC	GTTATCGTTC	AAACCATTGG	1080
GTACCAGATT	CAAGACCAGA	AGAACCAGT	CCACAACCGA	CTCCAGAACC	TAGTCCAAGT	1140
CCGCAACCTG	CACCAAATCC	TCAACCAGCT	CCAAGCAATC	CAATTGATGA	GAAATTGGTC	1200
AAAGAAGCTG	TTGGAAGAGT	AGCGATGGT	TATGTCTTTG	AGGAGAATGG	AGTTTCTCGT	1260
TATATCCCAG	CCAAGAATCT	TTCAGCAGAA	ACAGCAGCAG	GCATTGATAG	CAAACTGGCC	1320
AAGCAGGAAA	GTTTATCTCA	TAAGCTAGGA	GCTAAGAAAA	CTGACCTCCC	ATCTAGTGAT	1380
CGAGAATTTT	ACAATAAGGC	TTATGACTTA	CTAGCAAGAA	TTCACCAAGA	TTTACTTGAT	1440
AATAAAGGTC	GACAAGTTGA	TTTTGAGGCT	TTGGATAACC	TGTTGGAACG	ACTCAAGGAT	1500
GTCTCAAGTG	ATAAAGTCAA	GTTAGTGGAT	GATATTCTTG	CCTTCTTAGC	TCCGATTTCG	1560
CATCCAGAAC	GTTTAGGAAA	ACCAAATGCG	CAAATTACCT	ACACTGATGA	TGAGATTCAA	1620
GTAGCCCAAGT	TGGCAGGCAA	GTACACAACA	GAAGACGGTT	ATATCTTTGA	TCCTCGTGAT	1680
ATAACCACTG	ATGAGGGGGA	TGCCTATGTA	ACTCCACATA	TGACCCATAG	CCACTGGATT	1740
AAAAAAGATA	GTTTGTCTGA	AGCTGAGAGA	GCGGCAGCCC	AGGCTTATGC	TAAAGAGAAA	1800
GGTTTGACCC	CTCCTTCGAC	AGACCATCAG	GATTCAAGAA	ATACTGAGGC	AAAAGGAGCA	1860
GAAGCTATCT	ACAACCGCGT	GAAAGCAGCT	AAGAAGGTGC	CACCTTGATCG	TATGCCTTAC	1920
AATCTTCAAT	ATACTGTAGA	AGTCAAAAAC	GGTAGTTTAA	TCATACCTCA	TTATGACCAT	1980
TACCATAACA	TCAAATTTGA	GTGGTTTGAC	GAAGGCCCTT	ATGAGGCACC	TAAGGGGTAT	2040
ACTCTTGAGG	ATCTTTTGGC	CACTGTCAAG	TACTATGTGC	AACATCCAAA	CGAACGTCCT	2100
CATTACAGATA	ATGGTTTGGG	TAACGCTAGC	GACCATGTTT	AAAGAAACAA	AAATGGTCAA	2160
GCTGATACCA	ATCAAACCGA	AAAACCAAGC	GAGGAGAAAC	CTCAGACAGA	AAAACCTGAG	2220
GAAGAAACCC	CTCGAGAAGA	GAAACCACAA	AGCGAGAAAC	CAGAGTCTCC	AAAACCAACA	2280
GAGGAACCCAG	AAGAAGAATC	ACCAGAGGAA	TCAGAAGAAC	CTCAGGTCTGA	GACTGAAAAG	2340
GTTGAAGAAA	AACTGAGAGA	GGCTGAAGAT	TTACTTGGAA	AAATCCAGGA	TCCAATTATC	2400
AAGTCCAATG	CCAAAGAGAC	TCTCACAGGA	TTAAAAATA	ATTTACTATT	TGGCACCCAG	2460
GACAACAATA	CTATTATGGC	AGAAGCTGAA	AACTATTGG	CTTTATTAAA	GGAGAGTAAG	2520
TAA						2523

도면4

MKINKKYL	SVATLVLSVC	AYELGLHQAQ	TVKENNRVSY	IDGKQATQKT	50
ENLTPDEVSK	REGINAEQIV	IKITDQGYVT	SHGDHYHYYN	GKVPYDAIIS	100
EELLMKDPNY	QLKDSDIVNE	IKGGYVIKVN	GKYYVYLKDA	AHADNVRTKE	150
EINRQKQEH	QHREGGTSAN	DGAVAFARSQ	GRYTTDDGYI	FNASDIIEDT	200
GDAYIVPHGD	HYHYIPKNEL	SASELAAAEA	FLSGRENLSN	LRTYRRQNSD	250
NTPRTNWVPS	VSNPGTTNTN	TSNNSNTNSQ	ASQSDIDSL	LKQLYKLPLS	300
QRHVESDGLI	FDPAQITSRT	ARGVAVPHGN	HYHPIPYEQM	SELEKRIARI	350
IPLRYSNNHW	VPDSRPEEPS	PQPTPEPSPS	PQPAPNPQPA	PSNPIDEKLV	400
KEAVRKVGDG	YVFEENGVS	YIPAKNLSAE	TAAGIDSKLA	KQESLSHKLK	450
AKKTDLPSSD	REFYNKAYDL	LARIHQDLLD	NKGRQVDFEA	LDNLLERLKD	500
VSSDKVKLV	DILAFAPIR	HPERLGKPN	QITYTDDEIQ	VAKLAGKYTT	550
EDGYIFDPRD	ITSDEGDAYV	TPHMTSHWI	KKDSLSEAE	AAAQAYAKEK	600
GLTPPSTDHQ	DSGNTEAKGA	EAIYNRVKAA	KKVPLDRMPY	NLQYTVKVN	650
GSLIIPHYDH	YHNIKFEWFD	EGLYEAPKGY	TLEDLLATVK	YYVEHPNERP	700
HSDNGFGNAS	DHVQRNKNGQ	ADTNQTEKPS	EKPQTEKPE	EETPREKPKQ	750
SEKPESPKPT	EEPEEESPEE	SEEPQVETEK	VEEKLREAED	LLGKIQDPPI	800
KSNAKETITG	LKNLLFGTQ	DNNTIMAEAE	KLALLKESK		840

도면5

ATGGAGAATA	TAGACATGTT	TAAATCAAAT	CATGAGCGAA	GAATGCGTTA	TTCCATTTCGT	60
AAATTTAGTG	TAGGAGTAGC	TAGCGTAGCT	GTIGCCAGTC	TTTTTATGGG	AAGTGTGTGA	120
CATGCGACAG	AGAAAGAGGG	AAGTACCCAA	GCAGCCACTT	CTTTTAATAG	GGGAAATGGA	180
AGTCAGGCAG	AACAACGTGG	AGAACTCGAT	TTAGAACGAG	ATAAGGCAAT	GAAAGCGGTC	240
AGTGAATATG	TAGGAAAAAT	GGTGAGAGAT	GCCTATGTAA	AATCAGATAG	AAAACGACAT	300
AAAAAATCTG	TAGCTCTAGT	TAACCACTTG	GGAAACATTA	AGAACAGGTA	TTTGAATGAA	360
ATAGTTCATT	CAACCTCAAA	AAGCCAACTA	CAGGAACTGA	TGATGAAGAG	TCAATCAGAA	420
GTAGATGAAG	CTGTGTCTAA	ATTTGAAAAG	GACTCATTIT	CTTCGTCAAG	TTCAGGATCC	480
TCCACTAAAC	CAGAAACTCC	GCAGCCGGAA	AATCCAGAGC	ATCAAAAACC	AACAACCTCCA	540
TCTCCGGATA	CCAAACCAAG	CCCTCAACCA	GAAGGCAAGA	AACCAAGCGT	ACCAGACATT	600
AATCAGGAAA	AAGAAAAAGC	TAAGCTTGCT	GTAAGTAACCT	ACATGAGCAA	GATTTTAGAT	660
GATATACAAA	AACATCATCT	GCAGAAAGAA	AAACATCGTC	AGATTGTGTC	TCTTATTAAG	720
GAGCTTATG	AGCTTAAAAA	GCAAGCTCTT	TCTGAAATTC	ATAATGTAAA	TACCAAAGTA	780
GAAATTGAAA	ATACAGTCCA	CAAGATATTT	GCAGACATGG	ATGCAGTTGT	GAATAAATTC	840
AAAAAAGGCT	TAACCTCAGGA	CACACCAAAA	GAACCAAGTA	ACAAAAAACC	ATCTGCTCCA	900
AAACCAGGTA	TGCAACCAAG	TCCTCAACCA	GAGGTATAAC	CGCAGCTGGA	AAAACCAAAA	960
CCAGAGGTTA	AACCGCAACC	AGAAAAACCA	AAACCAGAGG	TTAAACCGCA	GCCGGAAAAA	1020
CCAAAACCA	AGGTATAAAC	GCAGCCGGAA	AAACCAAAAC	CAGAGGTTAA	ACCGCAGCCG	1080
GAAAAACCAA	AACCAGAGGT	TAAACCGCAG	CCGGAAAAAC	CAAAACCAAG	GGTTAAACCG	1140
CAGCCGGAAA	AACCAAAACC	AGAGGTATAA	CCGCAGCCGG	AAAAACCAAA	ACCAGAGGTT	1200
AAACCGCAGC	CGGAAAAACC	AAAACCAAGG	GTATAACCGC	AGCCGGAAAA	ACCAAAACCA	1260
GAGGTATAAC	CGCAGCCGGA	AAAACCAAAA	CCAGAGGTTA	AACCGCAACC	AGAAAAACCA	1320
AAACCAAGAG	TTAAACCGCA	ACCAGAAAAA	CCAAAAACCA	ATAATAGCAA	GCCACAAGCA	1380
GATGATAAGA	AGCCATCAAC	TACAAATAAT	TTAAGCAAGG	ACAAGCAACC	TTCTAACCAA	1440
GCTTCAACAA	ACGAAAAAGC	AACAAATAAA	CCGAAGAAGT	CATTGCCATC	AACTGGATCT	1500
ATTTCAAATC	TAGCACTTGA	AATTGCAGGT	CTTCTTACCT	TGGCGGGGGC	AACCATTCTT	1560
GCTAAGAAAA	GAATGAAATA	G				1581

도면6

MENIDMFKN	HERRMYSIR	KFSVGVASVA	VASLFMGSVV	HATEKEGSTQ	50
AATSFNRNG	SQAEQRGELD	LERDKAMKAV	SEYVGKMRD	AYVKSQRKRH	100
KNTVALVNQ	GNIKNRYLNE	IVHSTSKSQL	QELMMKSQSE	VDEAVSKFEK	150
DSFSSSSSGS	STKPETPQPE	NPEHQKPTTP	SPDTKPSQPQ	EGKKPSVPDI	200
NQEKEKAKLA	VVTYMSKILD	DIQKHHLQKE	KHRQIVALIK	ELDELKKQAL	250
SEIDNVNTKV	EIENTVHKIF	ADMDAVVTKF	KKGLTQDTPK	EPGNKKPSAP	300
KPGMQPSPQP	EVKPQLEKPK	PEVKPQPEKP	KPEVKPQPEK	PKPEVKPQPE	350
KPKPEVKPQP	EKPKPEVKPQ	PEKPKPEVKP	QPEKPKPEVK	PQPEKPKPEV	400
KPQPEKPKPE	VKPQPEKPKP	EVKPQPEKPK	PEVKPQPEKP	KPEVKPQPEK	450
PKPDNSKPQA	DDKKPSTTNN	LSKDKQPSNQ	ASTNEKATNK	PKKSLPSTGS	500
ISNLALAIAG	LLTLGATIL	AKKRMK			526

도면7

ATGAAATTTA	GTA AAAAATA	TATAGCAGCT	GGATCAGCTG	TTATCGTATC	CTTGAGTCTA	60
TGTGCCTATG	CACTAAACCA	GCATCGTTCC	CAGGAAAAATA	AGGACAATAA	TCGTGTCTCT	120
TATGTGGATG	GCAGCCAGTC	AAGTCAGAAA	AGTGAAAACT	TGACACCAGA	CCAGGTTAGC	180
CAGAAAGAAG	GAATTCAGGC	TGAGCAAATT	GTAATCAAAA	TTACAGATCA	GGGCTATGTA	240
ACGTCACACG	GTGACCACTA	TCATTACTAT	AATGGGAAAG	TTCCTTATGA	TGCCCTCTTT	300
AGTGAAGAAC	TCTTGATGAA	GGATCCAAAC	TATCAACTTA	AAGACGCTGA	TATTGTCAAT	360
GAAGTCAAGG	GTGGTTATAT	CATCAAGGTC	GATGGAAAAAT	ATTATGTCTA	CCTGAAAGAT	420
GCAGCTCATG	CTGATAATGT	TCGAACTAAA	GATGAAATCA	ATCGTCAAAA	ACAAGAACAT	480
GTCAAAGATA	ATGAGAAGGT	TAACTCTAAT	GTTGCTGTAG	CAAGGTCTCA	GGGACGATAT	540
ACGACAAATG	ATGGTTATGT	CTTTAATCCA	GCTGATATTA	TCGAAGATAC	GGGTAATGCT	600
TATATCGTTC	CTCATGGAGG	TCCTATCAC	TACATTTCCA	AAAGCGATTT	ATCTGCTAGT	660
GAATTAGCAG	CAGCTAAAGC	ACATCTGGCT	GGAAAAATA	TGCAACCGAG	TCAGTTAAGC	720
TATTCTTCAA	CAGCTAGTGA	CAATAACACG	CAATCTGTAG	CAAAAGGATC	AACTAGCAAG	780
CCAGCAAATA	AATCTGAAAA	TCTCCAGAGT	CTTTTGAAGG	AAGTCTATGA	TTCACCTAGC	840
GCCCAACGTT	ACAGTGAATC	AGATGGCCTG	GTCTTTGACC	CTGCTAAGAT	TATCAGTCGT	900
ACACCAAATG	GAGTTGCGAT	TCCGCATGGC	GACCAATTACC	ACTTTATTCC	TTACAGCAAG	960
CTTTCTGCTT	TAGAAGAAAA	GATTGCCAGA	ATGGTGCCTA	TCAGTGGAAC	TGGTTCTACA	1020
GTTTCTACAA	ATGCAAAACC	TAATGAAGTA	GTGTCTAGTC	TAGGCAGTCT	TTCAAGCAAT	1080
CCTTCTTCTT	TAACGACAAG	TAAGGAGCTC	TCTTCAGCAT	CTGATGGTTA	TATTTTAAAT	1140
CCAAAAGATA	TCGTTGAAGA	AACGGCTACA	GCTTATATTG	TAAGACATGG	TGATCATTTC	1200
CATTACATTG	CAAAATCAAA	TCAAATTGGG	CAACCGACTC	TTCCAAACAA	TAGTCTAGCA	1260
ACACCTTCTC	CATCTCTTCC	AATCAATCCA	GGAACTTCAC	ATGAGAAACA	TGAAGAAGAT	1320
GGATACGGAT	TTGATGCTAA	TCGTATTATC	GCTGAAGATG	AATCAGGTTT	TGTCATGAGT	1380
CACGGAGACC	ACAATCATTA	TTTCTTCAAG	AAGGACTTGA	CAGAAGAGCA	AATTAAGGTG	1440
CGCAAAAACA	TTTAG					1455

도면8

MKFSKYYIAA	GSAVIVSLSL	CAYALNQHRS	QENKDNMRVS	YVDGSQSSQK	50
SENLTDPQVS	QKEGIQAEQI	VIKITDQGYV	TSHGDHYHYH	NGKVPHYDALF	100
SEELLMKDPN	YQLKDADIVN	EVKGGYIIKV	DGKYVYVLKD	AAHADNVRTK	150
DEINRQKQEH	VKDNEKVNSN	VAVARSQGRY	TTNDGYVFNP	ADIIEDTGNA	200
YIVPHGGHYH	YIPKSDLAS	ELAAAKAHLA	GKNMQPSQLS	YSSTASDNNT	250
QSVAKGSTSK	PANKSENLOS	LLKELYDSPS	AQRYSES DGL	VFDPAKIISR	300
TPNGVAIPHG	DHYHFIPYSK	LSALEEKIAR	MVPISGTGST	VSTNAKPNEV	350
VSSLGSLSSN	PSSLTTSKEL	SSASDGYIFN	PKDIVEETAT	AYIVRHGDHF	400
HYIPKSNQIG	QPTLPNNSLA	TPSPSLPINP	GTSHEKHEED	GYGFDANRII	450
AEDESGFVMS	HGDHNHYFFK	KDLTEEQIKV	RKNI		484

도면9

ATGAAAGATT	TAGATAAAAA	AATCGAAGAA	AAAATTGCTG	GCATTATGAA	ACAATATGGT	60
GTCAAACGTG	AAAGTATTGT	CGTGAATAAA	GAAGAAAAATG	CGATTATTTA	TCCGCATGGA	120
GATCACCATC	ATGCAGATCC	GATTGATGAA	CATAAACCGG	TTGGAATTGG	TCATTCTCAC	180
AGTAACTATG	AACTGTTTAA	ACCCGAAGAA	GGAGTTGCTA	AAAAAGAAGG	GAATAAAGTT	240
TATACTGGAG	AAGAATTAAC	GAATGTTGTT	AATTGTGTTA	AAAATAGTAC	GTTTAATAAT	300
CAAAACTTTA	CTCTAGCCAA	TGGTCAAAAA	CGCGTTTCTT	TTAGTTTTC	GCCTGAATTG	360
GAGAAAAAAT	TAGGTATCAA	TATGCTAGTA	AAATTAATAA	CACCAGATGG	AAAAGTATTG	420
GAGAAAGTAT	CTGGTAAAGT	ATTTGGAGAA	GGAGTAGGGA	ATATTGCAAA	CTTTGAATTA	480
GATCAACCTT	ATTTACCAGG	ACAAACATTT	AAGTATACTA	TCGCTTCAAA	AGATTATCCA	540
GAAGTAAGTT	ATGATGGTAC	ATTTACAGTT	CCAACCTCTT	TAGCTTACAA	AATGGCCAGT	600
CAAACGATTT	TCTATCCTTT	CCATGCAGGG	GATACTTATT	TAAGAGTGAA	CCCTCAATTT	660
GCAGTGCCCTA	AAGGAACTGA	TGCTTTAGTC	AGAGTGTGTTG	ATGAATTTCA	TGGAAATGCT	720
TATTTAGAAA	ATAACTATAA	AGTTGGTGAA	ATCAAATTAC	CGATTCCGAA	ATTAAACCAA	780
GGAACAACCA	GAACGGCCGG	AAATAAAATT	CCTGTAACCT	TCATGGCAAA	TGCTTATTTG	840
GACAATCAAT	CGACTTATAT	TGTGGAAGTA	CCTATCTTGG	AAAAAGAAAA	TCAAACTGAT	900
AAACCAAGTA	TTCTACCACA	ATTTAAAAGG	AATAAAGCAC	AAGAAAACTC	AAAACCTGAT	960
GAAAAGGTAG	AAGAACCAAA	GACTAGTGAG	AAGGTAGAAA	AAGAAAAACT	TTCTGAAACT	1020
GGGAATAGTA	CTAGTAATTC	AACGTTAGAA	GAAGTTCCTA	CAGTGGATCC	TGTACAAGAA	1080
AAAGTAGCAA	AATTTGCTGA	AAAGTTATGGG	ATGAAGCTAG	AAAATGTCTT	GTTTAAATATG	1140
GACGGAACAA	TTGAATTATA	TTTACCATCA	GGAGAAGTCA	TTAAAAAGAA	TATGGCAGAT	1200
TTTACAGGAG	AAGCACCTCA	AGGAAATGGT	GAAAAATAAC	CATCTGAAAA	TGGAAAAGTA	1260
TCTACTGGAA	CAGTTGAGAA	CCAACCAACA	GAAAAATAAC	CAGCAGATTC	TTTACCAGAG	1320
GCACCAACCG	AAAAACCTGT	AAAACCAGAA	AACTCAACGG	ATAATGGAAT	GTTGAATCCA	1380
GAAGGGAATG	TGGGGAGTGA	CCCTATGTGA	GATCCAGCAT	TAGAGGAAGC	TCCAGCAGTA	1440
GATCCTGTAC	AAGAAAAATT	AGAAAAATTT	ACAGCTAGTT	ACGGATTAGG	CTTAGATAGT	1500
GTTATATTCA	ATATGGATGG	AACGATTGAA	TTAAGATTGC	CAAGTGGAGA	AGTGATAAAA	1560
AAGAATTTAT	CTGATTTTCAT	AGCGTAA				1587

도면10

MKDLDDKIEE	KIAGIMKQYG	VKRESIVVNK	EKNAIIPHG	DHHHADPIDE	50
HKPVGIGHSH	SNYELFKPEE	GVAKKEGNKV	YTGEELTNV	NLLKNSTFNN	100
QNFTLANGQK	RVSFSFPPEL	EKKLGINMLV	KLITPDGKVL	EKVSQKVFGE	150
GVGNIANFEL	DQPYLPGQTF	KYTIASKDYP	EVSYDGTFTV	PTSLAYKMAS	200
QTIFYPFHAG	DTYLRVNPQF	AVPKGTDALV	RVFDEFHGNA	YLENNYKVGE	250
IKLPIPKLNQ	GTTRTAGNKI	PVTFMANAYL	DNQSTYIVEV	PILEKENQTD	300
KPSILPQFKR	NKAQENSKLD	EKVEEPTSE	KVEKEKLSET	GNSTSNSTLE	350
EVPTVDPVQE	KVAKFAESYG	MKLENVLFNM	DGTIELYLPS	GEVIKKNMAD	400
FTGEAPQNGG	ENKPSSENGK	STGTVENQPT	ENKPADSLPE	APNEKPKVKE	450
NSTDNGMLNP	EGNVGSDPML	DPALAEAPAV	DPVQEKLEKF	TASYGLGLDS	500
VIFNMDGTIE	LRLPSGEVIK	KNLSDFIA			528

도면11a

BVH3 WU2	1	CAYALNQHRSQENKDNRRVSYVDGSSQSSQKSENLTDPQVSQKEGIAEQIVIKITDQGYV	60
BVH3 RX1	1	CAYALNQHRSQENKDNRRVSYVDGSSQSSQKSENLTDPQVSQKEGIAEQIVIKITDQGYV	60
BVH3 JNR7/87	1	CAYALNQHRSQENKDNRRVSYVDGSSQSSQKSENLTDPQVSQKEGIAEQIVIKITDQGYV	60
BVH3 SP64	1	CAYALNQHRSQENKDNRRVSYVDGSSQSSQKSENLTDPQVSQKEGIAEQIVIKITDQGYV	60
BVH3 P4241	1	CAYALNQHRSQENKDNRRVSYVDGSSQSSQKSENLTDPQVSQKEGIAEQIVIKITDQGYV	60
BVH3 A66	1	CAYALNQHRSQENKDNRRVSYVDGSSQSSQKSENLTDPQVSQKEGIAEQIVIKITDQGYV	60

BVH3 WU2	61	TSHGDHYHYNGKVPYDALFSEELMKDPNYQLKDADIVNEVKGGYIIKVDGKYVYVLKD	120
BVH3 RX1	61	TSHGDHYHYNGKVPYDALFSEELMKDPNYQLKDADIVNEVKGGYIIKVDGKYVYVLKD	120
BVH3 JNR7/87	61	TSHGDHYHYNGKVPYDALFSEELMKDPNYQLKDADIVNEVKGGYIIKVDGKYVYVLKD	120
BVH3 SP64	61	TSHGDHYHYNGKVPYDALFSEELMKDPNYQLKDADIVNEVKGGYIIKVDGKYVYVLKD	120
BVH3 P4241	61	TSHGDHYHYNGKVPYDALFSEELMKDPNYQLKDADIVNEVKGGYIIKVDGKYVYVLKD	120
BVH3 A66	61	TSHGDHYHYNGKVPYDALFSEELMKDPNYQLKDADIVNEVKGGYIIKVDGKYVYVLKD	120

BVH3 WU2	121	AAHADNVRTKDEINRQKQEHVKDNEKVNSNVAVARSSQGRYTTNDGYVFNPAIIEDTGNA	180
BVH3 RX1	121	AAHADNVRTKDEINRQKQEHVKDNEKVNSNVAVARSSQGRYTTNDGYVFNPAIIEDTGNA	180
BVH3 JNR7/87	121	AAHADNVRTKDEINRQKQEHVKDNEKVNSNVAVARSSQGRYTTNDGYVFNPAIIEDTGNA	180
BVH3 SP64	121	AAHADNVRTKDEINRQKQEHVKDNEKVNSNVAVARSSQGRYTTNDGYVFNPAIIEDTGNA	180
BVH3 P4241	121	AAHADNVRTKDEINRQKQEHVKDNEKVNSNVAVARSSQGRYTTNDGYVFNPAIIEDTGNA	180
BVH3 A66	121	AAHADNVRTKDEINRQKQEHVKDNEKVNSNVAVARSSQGRYTTNDGYVFNPAIIEDTGNA	180

BVH3 WU2	181	YIVPHRGHYHYIPKSDLSASELAAAKAHLAGKNMOPSQLSYSSSTASDNNTQSVAKGSTSK	240
BVH3 RX1	181	YIVPHGGHYHYIPKSDLSASELAAAKAHLAGKNMOPSQLSYSSSTASDNNTQSVAKGSTSK	240
BVH3 JNR7/87	181	YIVPHGGHYHYIPKSDLSASELAAAKAHLAGKNMOPSQLSYSSSTASDNNTQSVAKGSTSK	240
BVH3 SP64	181	YIVPHGGHYHYIPKSDLSASELAAAKAHLAGKNMOPSQLSYSSSTASDNNTQSVAKGSTSK	240
BVH3 P4241	181	YIVPHRGHYHYIPKSDLSASELAAAKAHLAGKNMOPSQLSYSSSTASDNNTQSVAKGSTSK	240
BVH3 A66	181	YIVPHRGHYHYIPKSDLSASELAAAKAHLAGKNMOPSQLSYSSSTASDNNTQSVAKGSTSK	240

도면11b

BVH3 WU2	241	PANKSENLSLLKELYDSPAQRYSSESDGLVFDPAKIIISRTPNGVAIPHGDHYHFIPYSK	300
BVH3 RX1	241	PANKSENLSLLKELYDSPAQRYSSESDGLVFDPAKIIISRTPNGVAIPHGDHYHFIPYSK	300
BVH3 JNR7/87	241	PANKSENLSLLKELYDSPAQRYSSESDGLVFDPAKIIISRTPNGVAIPHGDHYHFIPYSK	300
BVH3 SP64	241	PANKSENLSLLKELYDSPAQRYSSESDGLVFDPAKIIISRTPNGVAIPHGDHYHFIPYSK	300
BVH3 P4241	241	PANKSENLSLLKELYDSPAQRYSSESDGLVFDPAKIIISRTPNGVAIPHGDHYHFIPYSK	300
BVH3 A66	241	PANKSENLSLLKELYDSPAQRYSSESDGLVFDPAKIIISRTPNGVAIPHGDHYHFIPYSK	300

BVH3 WU2	301	LSALEEKIARMVPISGTGSTVSTNAKPNEVVSSLGSLSSNPSSLTTSKELSSASDGYIFN	360
BVH3 RX1	301	LSALEEKIARRVPISGTGSTVSTNAKPNEVVSSLGSLSSNPSSLTTSKELSSASDGYIFN	360
BVH3 JNR7/87	301	LSALEEKIARMVPISGTGSTVSTNAKPNEVVSSLGSLSSNPSSLTTSKELSSASDGYIFN	360
BVH3 SP64	301	LSALEEKIARMVPISGTGSTVSTNAKPNEVVSSLGSLSSNPSSLTTSKELSSASDGYIFN	360
BVH3 P4241	301	LSALEEKIARMVPISGTGSTVSTNAKPNEVVSSLGSLSSNPSSLTTSKELSSASDGYIFN	360
BVH3 A66	301	LSALEEKIARMVPISGTGSTVSTNAKPNEVVSSLGSLSSNPSSLTTSKELSSASDGYIFN	360

BVH3 WU2	361	PKDIVEETATAYIVRHGDHFHYIPKSNQIGQPTLPNNSLATPSPSLPINPGTSHEKHEED	420
BVH3 RX1	361	PKDIVEETATAYIVRHGDHFHYIPKSNQIGQPTLPNNSLATPSPSLPINPGTSHEKHEED	420
BVH3 JNR7/87	361	PKDIVEETATAYIVRHGDHFHYIPKSNQIGQPTLPNNSLATPSPSLPINPGTSHEKHEED	420
BVH3 SP64	361	PKDIVEETATAYIVRHGDHFHYIPKSNQIGQPTLPNNSLATPSPSLPINPGTSHEKHEED	420
BVH3 P4241	361	PKDIVEETATAYIVRHGDHFHYIPKSNQIGQPTLPNNSLATPSPSLPINPGTSHEKHEED	420
BVH3 A66	361	PKDIVEETATAYIVRHGDHFHYIPKSNQIGQPTLPNNSLATPSPSLPINPGTSHEKHEED	420

BVH3 WU2	421	GYGFANRIIAEDES GFVMSHGDHNNHYFFKKDLTEEQIKAAQKHLEEVKTSHNGLDSLSS	480
BVH3 RX1	421	GYGFANRIIAEDES GFVMSHGDHNNHYFFKKDLTEEQIKAAQKHLEEVKTSHNGLDSLSS	480
BVH3 JNR7/87	421	GYGFANRIIAEDES GFVMSHGDHNNHYFFKKDLTEEQIKAAQKHLEEVKTSHNGLDSLSS	480
BVH3 SP64	421	GYGFANRIIAEDES GFVMSHGDHNNHYFFKKDLTEEQIKAAQKHLEEVKTSHNGLDSLSS	480
BVH3 P4241	421	GYGFANRIIAEDES GFVMSHGDHNNHYFFKKDLTEEQIKAAQKHLEEVKTSHNGLDSLSS	480
BVH3 A66	421	GYGFANRIIAEDES GFVMSHGDHNNHYFFKKDLTEEQIKAAQKHLEEVKTSHNGLDSLSS	480

도면11c

BVH3 WU2	481	HEQDYPSNAKEMKDLKKIEEKIAGIMKQYGVKRESIVVNKEKNAIYYPHGDHHDADPID	540
BVH3 RX1	481	HEQDYPSNAKEMKDLKKIEEKIAGIMKQYGVKRESIVVNKEKNAIYYPHGDHHDADPID	540
BVH3 JNR7/87	481	HEQDYPSNAKEMKDLKKIEEKIAGIMKQYGVKRESIVVNKEKNAIYYPHGDHHDADPID	540
BVH3 SP64	481	HEQDYPSNAKEMKDLKKIEEKIAGIMKQYGVKRESIVVNKEKNAIYYPHGDHHDADPID	540
BVH3 P4241	481	HEQDYPSNAKEMKDLKKIEEKIAGIMKQYGVKRESIVVNKEKNAIYYPHGDHHDADPID	540
BVH3 A66	481	HEQDYPSNAKEMKDLKKIEEKIAGIMKQYGVKRESIVVNKEKNAIYYPHGDHHDADPID	540

BVH3 WU2	541	EHKPVGIGHSHSNYELFKPEEGVAKKEGKVTYTGEEELTNVNVLLKJNSTFNNQNTFLANGQ	600
BVH3 RX1	541	EHKPVGIGHSHSNYELFKPEEGVAKKEGKVTYTGEEELTNVNVLLKJNSTFNNQNTFLANGQ	600
BVH3 JNR7/87	541	EHKPVGIGHSHSNYELFKPEEGVAKKEGKVTYTGEEELTNVNVLLKJNSTFNNQNTFLANGQ	600
BVH3 SP64	541	EHKPVGIGHSHSNYELFKPEEGVAKKEGKVTYTGEEELTNVNVLLKJNSTFNNQNTFLANGQ	600
BVH3 P4241	541	EHKPVGIGHSHSNYELFKPEEGVAKKEGKVTYTGEEELTNVNVLLKJNSTFNNQNTFLANGQ	600
BVH3 A66	541	EHKPVGIGHSHSNYELFKPEEGVAKKEGKVTYTGEEELTNVNVLLKJNSTFNNQNTFLANGQ	600

BVH3 WU2	601	KRVSFSPFPELEKKGIMNLVKLITPDGKVLKESGKVFGEVGNIANFELDQPYLPQGT	660
BVH3 RX1	601	KRVSFSPFPELEKKGIMNLVKLITPDGKVLKESGKVFGEVGNIANFELDQPYLPQGT	660
BVH3 JNR7/87	601	KRVSFSPFPELEKKGIMNLVKLITPDGKVLKESGKVFGEVGNIANFELDQPYLPQGT	660
BVH3 SP64	601	KRVSFSPFPELEKKGIMNLVKLITPDGKVLKESGKVFGEVGNIANFELDQPYLPQGT	660
BVH3 P4241	601	KRVSFSPFPELEKKGIMNLVKLITPDGKVLKESGKVFGEVGNIANFELDQPYLPQGT	660
BVH3 A66	601	KRVSFSPFPELEKKGIMNLVKLITPDGKVLKESGKVFGEVGNIANFELDQPYLPQGT	660

BVH3 WU2	661	FKYTIASKDYPEVSYDQTTFTVPTSLAYOMASQTIYFPFHAGDTYLRVNPQFAVPKGTDAL	720
BVH3 RX1	661	FKYTIASKDYPEVSYDQTTFTVPTSLAYOMASQTIYFPFHAGDTYLRVNPQFAVPKGTDAL	720
BVH3 JNR7/87	661	FKYTIASKDYPEVSYDQTTFTVPTSLAYOMASQTIYFPFHAGDTYLRVNPQFAVPKGTDAL	720
BVH3 SP64	661	FKYTIASKDYPEVSYDQTTFTVPTSLAYOMASQTIYFPFHAGDTYLRVNPQFAVPKGTDAL	720
BVH3 P4241	661	FKYTIASKDYPEVSYDQTTFTVPTSLAYOMASQTIYFPFHAGDTYLRVNPQFAVPKGTDAL	720
BVH3 A66	661	FKYTIASKDYPEVSYDQTTFTVPTSLAYOMASQTIYFPFHAGDTYLRVNPQFAVPKGTDAL	720

도면11d

BVH3 WU2	721	VRVDFEFGHAYLENNYKVGIEIKLPIPKLNQOTTTRTAGNKIPVTFMANAYLDNQSTYIVE	780
BVH3 RX1	721	VRVDFEFGHAYLENNYKVGIEIKLPIPKLNQOTTTRTAGNKIPVTFMANAYLDNQSTYIVE	780
BVH3 JNR7/87	721	VRVDFEFGHAYLENNYKVGIEIKLPIPKLNQOTTTRTAGNKIPVTFMANAYLDNQSTYIVE	780
BVH3 SP64	721	VRVDFEFGHAYLENNYKVGIEIKLPIPKLNQOTTTRTAGNKIPVTFMANAYLDNQSTYIVE	780
BVH3 P4241	721	VRVDFEFGHAYLENNYKVGIEIKLPIPKLNQOTTTRTAGNKIPVTFMANAYLDNQSTYIVE	780
BVH3 A66	721	VRVDFEFGHAYLENNYKVGIEIKLPIPKLNQOTTTRTAGNKIPVTFMANAYLDNQSTYIVE	780

BVH3 WU2	781	VPILEKENQTDKPSILPQFKRKAQENSKFDEKVEEPKTSSEKVEKEKLSSETGNSTSNSTL	840
BVH3 RX1	781	VPILEKENQTDKPSILPQFKRKAQENSKFDEKVEEPKTSSEKVEKEKLSSETGNSTSNSTL	840
BVH3 JNR7/87	781	VPILEKENQTDKPSILPQFKRKAQENSKFDEKVEEPKTSSEKVEKEKLSSETGNSTSNSTL	840
BVH3 SP64	781	VPILEKENQTDKPSILPQFKRKAQENSKFDEKVEEPKTSSEKVEKEKLSSETGNSTSNSTL	840
BVH3 P4241	781	VPILEKENQTDKPSILPQFKRKAQENSKFDEKVEEPKTSSEKVEKEKLSSETGNSTSNSTL	840
BVH3 A66	781	VPILEKENQTDKPSILPQFKRKAQENSKFDEKVEEPKTSSEKVEKEKLSSETGNSTSNSTL	840

BVH3 WU2	841	EEVPTVDPVQEKVAKFAESYGMKLENVLFNMDDGTIELYLPSEGEVIKKNMADFTGEAPQGN	900
BVH3 RX1	841	EEVPTVDPVQEKVAKFAESYGMKLENVLFNMDDGTIELYLPSEGEVIKKNMADFTGEAPQGN	900
BVH3 JNR7/87	841	EEVPTVDPVQEKVAKFAESYGMKLENVLFNMDDGTIELYLPSEGEVIKKNMADFTGEAPQGN	900
BVH3 SP64	841	EEVPTVDPVQEKVAKFAESYGMKLENVLFNMDDGTIELYLPSEGEVIKKNMADFTGEAPQGN	900
BVH3 P4241	841	EEVPTVDPVQEKVAKFAESYGMKLENVLFNMDDGTIELYLPSEGEVIKKNMADFTGEAPQGN	900
BVH3 A66	841	EEVPTVDPVQEKVAKFAESYGMKLENVLFNMDDGTIELYLPSEGEVIKKNMADFTGEAPQGN	900

BVH3 WU2	901	GENKPSENGKVSOTGTVENQPTENKPADSLPEAPNEKPVKPNSTDNQMLNPEGNVGSDPM	960
BVH3 RX1	901	GENKPSENGKVSOTGTVENQPTENKPADSLPEAPNEKPVKPNSTDNQMLNPEGNVGSDPM	960
BVH3 JNR7/87	901	GENKPSENGKVSOTGTVENQPTENKPADSLPEAPNEKPVKPNSTDNQMLNPEGNVGSDPM	960
BVH3 SP64	901	GENKPSENGKVSOTGTVENQPTENKPADSLPEAPNEKPVKPNSTDNQMLNPEGNVGSDPM	960
BVH3 P4241	901	GENKPSENGKVSOTGTVENQPTENKPADSLPEAPNEKPVKPNSTDNQMLNPEGNVGSDPM	960
BVH3 A66	901	GENKPSENGKVSOTGTVENQPTENKPADSLPEAPNEKPVKPNSTDNQMLNPEGNVGSDPM	960

BVH3 WU2	961	LDPALEEAFAVDPVQEKLEKFTASYGLGLDSVIFNMDDGTIELRLPSGEVIKKNLSDLIA	1019
BVH3 RX1	961	LDPALEEAFAVDPVQEKLEKFTASYGLGLDSVIFNMDDGTIELRLPSGEVIKKNLSDLIA	1019
BVH3 JNR7/87	961	LDPALEEAFAVDPVQEKLEKFTASYGLGLDSVIFNMDDGTIELRLPSGEVIKKNLSDLIA	1019
BVH3 SP64	961	LDPALEEAFAVDPVQEKLEKFTASYGLGLDSVIFNMDDGTIELRLPSGEVIKKNLSDLIA	1019
BVH3 P4241	961	LDPALEEAFAVDPVQEKLEKFTASYGLGLDSVIFNMDDGTIELRLPSGEVIKKNLSDLIA	1019
BVH3 A66	961	LDPALEEAFAVDPVQEKLEKFTASYGLGLDSVIFNMDDGTIELRLPSGEVIKKNLSDLIA	1019

도면12a

```

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

BVH11-2 SP64      61 VTSBGDHYHYHYNGKVPYDAIIEELLMKDPNYQLKSDIVNEIKGGYVIKVDGKYVYVLK 120
BVH11-2 JNR7/87  61 VTSBGDHYHYHYNGKVPYDAIIEELLMKDPNYQLKSDIVNEIKGGYVIKVDGKYVYVLK 120
BVH11-2 P4241    61 VTSBGDHYHYHYNGKVPYDAIIEELLMKDPNYQLKSDIVNEIKGGYVIKVDGKYVYVLK 120
BVH11-2 A66      61 VTSBGDHYHYHYNGKVPYDAIIEELLMKDPNYQLKSDIVNEIKGGYVIKVDGKYVYVLK 120
BVH11-2 WU2      61 VTSBGDHYHYHYNGKVPYDAIIEELLMKDPNYQLKSDIVNEIKGGYVIKVDGKYVYVLK 120
BVH11-2 Rx1      61 VTSBGDHYHYHYNGKVPYDAIIEELLMKDPNYQLKSDIVNEIKGGYVIKVDGKYVYVLK 120
BVH11 P4241      61 VTSBGDHYHYHYNGKVPYDAIIEELLMKDPNYQLKSDIVNEIKGGYVIKVDGKYVYVLK 120
BVH11 WU2        61 VTSBGDHYHYHYNGKVPYDAIIEELLMKDPNYQLKSDIVNEIKGGYVIKVDGKYVYVLK 120
BVH11 A66        61 VTSBGDHYHYHYNGKVPYDAIIEELLMKDPNYQLKSDIVNEIKGGYVIKVDGKYVYVLK 120
BVH11 Rx1        61 VTSBGDHYHYHYNGKVPYDAIIEELLMKDPNYQLKSDIVNEIKGGYVIKVDGKYVYVLK 120
BVH11 JNR7/87    61 VTSBGDHYHYHYNGKVPYDAIIEELLMKDPNYQLKSDIVNEIKGGYVIKVDGKYVYVLK 120
BVH11 SP63       61 VTSBGDHYHYHYNGKVPYDAIIEELLMKDPNYQLKSDIVNEIKGGYVIKVDGKYVYVLK 120
BVH11 SP64       60 VTSBGDHYHYHYNGKVPYDAIIEELLMKDPNYQLKSDIVNEIKGGYVIKVDGKYVYVLK 119
      *****

BVH11-2 SP64      121 DAAHADNIRTKEEIKRQKQEHSHNHNSRA---DNAAAAAQAQGRYTTDDGYIFNASDIIE 177
BVH11-2 JNR7/87  121 DAAHADNIRTKEEIKRQKQEHSHNHGGGGSN--DQAVVAARAQGRYTTDDGYIFNASDIIE 178
BVH11-2 P4241    121 DAAHADNIRTKEEIKRQKQEHSHNHGGGGSN--DQAVVAARAQGRYTTDDGYIFNASDIIE 178
BVH11-2 A66      121 DAAHADNIRTKEEIKRQKQEHSHNHGGGGSN--DQAVVAARAQGRYTTDDGYIFNASDIIE 178
BVH11-2 WU2      121 DAAHADNIRTKEEIKRQKQEHSHNHGGGGSN--DQAVVAARAQGRYTTDDGYIFNASDIIE 178
BVH11-2 Rx1      121 DAAHADNIRTKEEIKRQKQEHSHNHNSRA---DNAAAAAQAQGRYTTDDGYIFNASDIIE 177
BVH11 P4241      121 DAAHADNIRTKEEIKRQKQEHSHNHGGGGSN--DQAVVAARAQGRYTTDDGYIFNASDIIE 178
BVH11 WU2        121 DAAHADNIRTKEEIKRQKQEHSHNHGGGGSN--DQAVVAARAQGRYTTDDGYIFNASDIIE 178
BVH11 A66        121 DAAHADNIRTKEEIKRQKQEHSHNHGGGGSN--DQAVVAARAQGRYTTDDGYIFNASDIIE 178
BVH11 Rx1        121 DAAHADNIRTKEEIKRQKQEHSHNHNSRA---DNAAAAAQAQGRYTTDDGYIFNASDIIE 177
BVH11 JNR7/87    121 DAAHADNIRTKEEIKRQKQEHSHNHNSRA---DNAAAAAQAQGRYTTDDGYIFNASDIIE 177
BVH11 SP63       121 DAAHADNIRTKEEIKRQKQEHSHNHNSRA---DNAAAAAQAQGRYTTDDGYIFNASDIIE 177
BVH11 SP64       120 DAAHADNVRTKEEINRQKQEHSHQREGGTSANDGAVAFARSQGRYTTDDGYIFNASDIIE 179
      *****

BVH11-2 SP64      178 DTGDAYIVPHGDHYHYIPKNELSASELAEEAYWNGKQGSRPSSSSSYNANPAQPRLSN 237
BVH11-2 JNR7/87  179 DTGDAYIVPHGDHYHYIPKNELSASELAEEAYWNGKQGSRPSSSSSYNANPAQPRLSN 238
BVH11-2 P4241    179 DTGDAYIVPHGNHFHYIPKSDLSASELAAQAAYWNGKQGSRPSSSSSHNANPAQPRLSN 238
BVH11-2 A66      179 DTGDAYIVPHGNHFHYIPKSDLSASELAAQAAYWNGKQGSRPSSSSSHNANPAQPRLSN 238
BVH11-2 WU2      179 DTGDAYIVPRGNHFHYIPKSDLSASELAAQAAYWNGKQGSRPSSSSSHNANPAQPRLSN 238
BVH11-2 Rx1      178 DTGDAYIVPHGDHYHYIPKSDLSASELAAQAAYWNGKQGSRPSSSSSHNANPAQPRLSN 237
BVH11 P4241      179 DTGDAYIVPHGNHFHYIPKSDLSASELAAQAAYWNGKQGSRPSSSSSHNANPAQPRLSN 238
BVH11 WU2        179 DTGDAYIVPHGNHFHYIPKSDLSASELAAQAAYWNGKQGSRPSSSSSHNANPAQPRLSN 238
BVH11 A66        179 DTGDAYIVPHGNHFHYIPKSDLSASELAAQAAYWNGKQGSRPSSSSSHNANPAQPRLSN 238
BVH11 Rx1        178 DTGDAYIVPHGDHYHYIPKSDLSASELAAQAAYWNGKQGSRPSSSSSHNANPAQPRLSN 237
BVH11 JNR7/87    178 DTGDAYIVPHGDHYHYIPKNELSASELAEEAYWNGKQGSRPSSSSSYNANPAQPRLSN 237
BVH11 SP63       178 DTGDAYIVPHGNHFHYIPKSDLSASELAAQAAYWNGKQGSRPSSSSSHNANPAQPRLSN 237
BVH11 SP64       180 DTGDAYIVPHGDHYHYIPKNELSASELAEEAFLSGRENLSNLRTRYRRQNSDNTPRTNWV 239
      *****

```

도면12b

```

BVH11-2 SP64      238 HNLTVTPTYHQ-----QGENISSLLRELYAKPLSERHVESDGLIFDPAQITS 285
BVH11-2 JNR7/87  239 HNLTVTPTYHQ-----QGENISSLLRELYAKPLSERHVESDGLIFDPAQITS 286
BVH11-2 P4241    239 HNLTVTPTYHQ-----QGENISSLLRELYAKPLSERHVESDGLIFDPAQITS 286
BVH11-2 A66      239 HNLTVTPTYHQ-----QGENISSLLRELYAKPLSERHVESDGLIFDPAQITS 286
BVH11-2 WU2      239 HNLTVTPTYHQ-----QGENISSLLRELYAKPLSERHVESDGLIFDPAQITS 286
BVH11-2 Rx1      238 HNLTVTPTYHQ-----QGENISSLLRELYAKPLSERHVESDGLIFDPAQITS 285
BVH11 P4241      239 HNLTVTPTYHQ-----QGENISSLLRELYAKPLSERHVESDGLIFDPAQITS 286
BVH11 WU2        239 HNLTVTPTYHQ-----QGENISSLLRELYAKPLSERHVESDGLIFDPAQITS 286
BVH11 A66        239 HNLTVTPTYHQ-----QGENISSLLRELYAKPLSERHVESDGLIFDPAQITS 286
BVH11 Rx1        238 HNLTVTPTYHQ-----QGENISSLLRELYAKPLSERHVESDGLIFDPAQITS 285
BVH11 JNR7/87    238 HNLTVTPTYHQ-----QGENISSLLRELYAKPLSERHVESDGLIFDPAQITS 285
BVH11 SP63       238 HNLTVTPTYHQ-----QGENISSLLRELYAKPLSERHVESDGLIFDPAQITS 285
BVH11 SP64       240 PVSVPNPGTNTNTSNNSTNSQASQNDIDSLKQLYKLPLSRHVESDGLIFDPAQITS 299
      * * * * *
BVH11-2 SP64      286 RTARGVAVPHGNHYHFIPYEQMSELEKRIARIIPLYRSNHWVPDSRPEQPSQSTPEPS 345
BVH11-2 JNR7/87  287 RTARGVAVPHGNHYHFIPYEQMSELEKRIARIIPLYRSNHWVPDSRPEQPSQSTPEPS 346
BVH11-2 P4241    287 RTARGVAVPHGNHYHFIPYEQMSELEKRIARIIPLYRSNHWVPDSRPEQPSQSTPEPS 342
BVH11-2 A66      287 RTARGVAVPHGNHYHFIPYEQMSELEKRIARIIPLYRSNHWVPDSRPEQPSQSTPEPS 342
BVH11-2 WU2      287 RTARGVAVPHGNHYHFIPYEQMSELEKRIARIIPLYRSNHWVPDSRPEQPSQSTPEPS 342
BVH11-2 Rx1      286 RTANGVAVPHGDHYHFIPYSQSPLEEKLARIIPLYRSNHWVPDSRPEQPSQSTPEPS 345
BVH11 P4241      287 RTARGVAVPHGNHYHFIPYEQMSELEKRIARIIPLYRSNHWVPDSRPEQPSQSTPEPS 342
BVH11 WU2        287 RTARGVAVPHGNHYHFIPYEQMSELEKRIARIIPLYRSNHWVPDSRPEQPSQSTPEPS 342
BVH11 A66        287 RTARGVAVPHGNHYHFIPYEQMSELEKRIARIIPLYRSNHWVPDSRPEQPSQSTPEPS 342
BVH11 Rx1        286 RTANGVAVPHGDHYHFIPYSQSPLEEKLARIIPLYRSNHWVPDSRPEQPSQSTPEPS 345
BVH11 JNR7/87    286 RTARGVAVPHGNHYHFIPYEQMSELEKRIARIIPLYRSNHWVPDSRPEQPSQSTPEPS 345
BVH11 SP63       286 RTARGVAVPHGNHYHFIPYSQSPLEEKLARIIPLYRSNHWVPDSRPEQPSQSTPEPS 345
BVH11 SP64       300 RTARGVAVPHGNHYHFIPYEQMSELEKRIARIIPLYRSNHWVPDSRPEQPSQSTPEPS 359
      * * * * *
BVH11-2 SP64      346 PSLQAPNPQAPAPSNPIDEKLVKEAVRKVGDDGYVFEENGVSRYIPAKDLSAETAAGIDSK 405
BVH11-2 JNR7/87  347 PSPQPAPNPQAPAPSNPIDEKLVKEAVRKVGDDGYVFEENGVSRYIPAKDLSAETAAGIDSK 406
BVH11-2 P4241    343 PSPQPAPNPQAPAPSNPIDEKLVKEAVRKVGDDGYVFEENGVSRYIPAKDLSAETAAGIDSK 402
BVH11-2 A66      343 PSPQPAPNPQAPAPSNPIDEKLVKEAVRKVGDDGYVFEENGVSRYIPAKDLSAETAAGIDSK 402
BVH11-2 WU2      343 PSPQPAPNPQAPAPSNPIDEKLVKEAVRKVGDDGYVFEENGVSRYIPAKDLSAETAAGIDSK 402
BVH11-2 Rx1      346 PSPQPAPNPQAPAPSNPIDEKLVKEAVRKVGDDGYVFEENGVSRYIPAKDLSAETAAGIDSK 405
BVH11 P4241      343 PSPQPAPNPQAPAPSNPIDEKLVKEAVRKVGDDGYVFEENGVSRYIPAKDLSAETAAGIDSK 402
BVH11 WU2        343 PSPQPAPNPQAPAPSNPIDEKLVKEAVRKVGDDGYVFEENGVSRYIPAKDLSAETAAGIDSK 402
BVH11 A66        343 PSPQPAPNPQAPAPSNPIDEKLVKEAVRKVGDDGYVFEENGVSRYIPAKDLSAETAAGIDSK 402
BVH11 Rx1        346 PSPQPAPNPQAPAPSNPIDEKLVKEAVRKVGDDGYVFEENGVSRYIPAKDLSAETAAGIDSK 405
BVH11 JNR7/87    346 PSP-----QPAPSNPIDEKLVKEAVRKVGDDGYVFEENGVSRYIPAKDLSAETAAGIDSK 399
BVH11 SP63       346 PSPQAPNPQAPAPSNPIDEKLVKEAVRKVGDDGYVFEENGVSRYIPAKDLSAETAAGIDSK 405
BVH11 SP64       360 PSPQPAPNPQAPAPSNPIDEKLVKEAVRKVGDDGYVFEENGVSRYIPAKDLSAETAAGIDSK 419
      * * * * *
BVH11-2 SP64      406 LAKQESLSHKLGAKKTDLPSSDREFYNKAYDLLARIHQDLDNKGQVDFEALDNLLERL 465
BVH11-2 JNR7/87  407 LAKQESLSHKLGAKKTDLPSSDREFYNKAYDLLARIHQDLDNKGQVDFEALDNLLERL 466
BVH11-2 P4241    403 LAKQESLSHKLGTGKTDLPSSDREFYNKAYDLLARIHQDLDNKGQVDFEALDNLLERL 462
BVH11-2 A66      403 LAKQESLSHKLGTGKTDLPSSDREFYNKAYDLLARIHQDLDNKGQVDFEALDNLLERL 462
BVH11-2 WU2      403 LAKQESLSHKLGTGKTDLPSSDREFYNKAYDLLARIHQDLDNKGQVDFEALDNLLERL 462
BVH11-2 Rx1      406 LAKQESLSHKLGAKKTDLPSSDREFYNKAYDLLARIHQDLDNKGQVDFEALDNLLERL 465
BVH11 P4241      403 LAKQESLSHKLGTGKTDLPSSDREFYNKAYDLLARIHQDLDNKGQVDFEALDNLLERL 462
BVH11 WU2        403 LAKQESLSHKLGTGKTDLPSSDREFYNKAYDLLARIHQDLDNKGQVDFEALDNLLERL 462
BVH11 A66        403 LAKQESLSHKLGTGKTDLPSSDREFYNKAYDLLARIHQDLDNKGQVDFEALDNLLERL 462
BVH11 Rx1        406 LAKQESLSHKLGAKKTDLPSSDREFYNKAYDLLARIHQDLDNKGQVDFEALDNLLERL 465
BVH11 JNR7/87    400 LAKQESLSHKLGAKKTDLPSSDREFYNKAYDLLARIHQDLDNKGQVDFEALDNLLERL 459
BVH11 SP63       406 LAKQESLSHKLGAKKTDLPSSDREFYNKAYDLLARIHQDLDNKGQVDFEALDNLLERL 465
BVH11 SP64       420 LAKQESLSHKLGAKKTDLPSSDREFYNKAYDLLARIHQDLDNKGQVDFEALDNLLERL 479
      * * * * *

```

도면12c

```

BVH11-2 SP64 466 KDVSSDKVKLVDDILAFAPIRHPERLGKPNQIITYTDDIEIQVAKLAGKYTTTDEGYIFDP 525
BVH11-2 JNR7/87 467 KDVPSDKVKLVDDILAFAPIRHPERLGKPNQIITYTDDIEIQVAKLAGKYTTTDEGYIFDP 526
BVH11-2 P4241 463 KDVSSDKVKLVVEDILAFAPIRHPERLGKPNQIITYTDDIEIQVAKLAGKYTTTDEGYIFDP 522
BVH11-2 A66 463 KDVSSDKVKLVVEDILAFAPIRHPERLGKPNQIITYTDDIEIQVAKLAGKYTTTDEGYIFDP 522
BVH11-2 WU2 463 KDVSSDKVKLVVEDILAFAPIRHPERLGKPNQIITYTDDIEIQVAKLAGKYTTTDEGYIFDP 522
BVH11-2 Rx1 466 KDVSSDKVKLVDDILAFAPIRHPERLGKPNQIITYTDDIEIQVAKLAGKYTTTDEGYIFDP 525
BVH11 P4241 463 KDVSSDKVKLVVEDILAFAPIRHPERLGKPNQIITYTDDIEIQVAKLAGKYTTTDEGYIFDP 522
BVH11 WU2 463 KDVSSDKVKLVVEDILAFAPIRHPERLGKPNQIITYTDDIEIQVAKLAGKYTTTDEGYIFDP 522
BVH11 A66 463 KDVSSDKVKLVVEDILAFAPIRHPERLGKPNQIITYTDDIEIQVAKLAGKYTTTDEGYIFDP 522
BVH11 Rx1 466 KDVSSDKVKLVDDILAFAPIRHPERLGKPNQIITYTDDIEIQVAKLAGKYTTTDEGYIFDP 525
BVH11 JNR7/87 460 KDVSSDKVKLVDDILAFAPIRHPERLGKPNQIITYTDDIEIQVAKLAGKYTTTDEGYIFDP 519
BVH11 SP63 466 EDVPSDKVKLVDDILAFAPIRHPERLGKPNQIITYTDDIEIQVAKLAGKYTTTDEGYIFDP 525
BVH11 SP64 480 KDVSSDKVKLVDDILAFAPIRHPERLGKPNQIITYTDDIEIQVAKLAGKYTTTDEGYIFDP 539
** *****

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

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

BVH11-2 SP64 646 GYSLEDLLATVKYVEHPNERPHSDNGFGNASDHVRKNK-----ADQDSK 690
BVH11-2 JNR7/87 647 GYTLEDLLATVKYVEHPNERPHSDNGFGNASDHVRKNK-----VDQDSK 691
BVH11-2 P4241 643 GYTLEDLLATVKYVEHPNERPHSDNGFGNASDHVRKNK-----ADQDSK 687
BVH11-2 A66 643 GYTLEDLLATVKYVEHPNERPHSDNGFGNASDHVRKNK-----ADQDSK 687
BVH11-2 WU2 643 GYTLEDLLATVKYVEHPNERPHSDNGFGNASDHVRKNK-----ADQDSK 687
BVH11-2 Rx1 646 GYSLEDLLATVKYVEHPNERPHSDNGFGNASDHVRKNKQADTNQTEKPNEEKPTTEK 705
BVH11 P4241 643 GYTLEDLLATVKYVEHPNERPHSDNGFGNASDHVRKNK-----ADQDSK 687
BVH11 A66 643 GYTLEDLLATVKYVEHPNERPHSDNGFGNASDHVRKNK-----ADQDSK 687
BVH11 Rx1 646 GYSLEDLLATVKYVEHPNERPHSDNGFGNASDHVRKNK-----NQ 687
BVH11 JNR7/87 640 GYSLEDLLATVKYVEHPNERPHSDNGFGNASDHVRKNK-----NQ 681
BVH11 SP63 646 GYTLEDLLATVKYVEHPNERPHSDNGFGNASDHVRKNK-----NQ 687
BVH11 SP64 560 GYTLEDLLATVKYVEHPNERPHSDNGFGNASDHVRKNK-----NQ 701
** *****

```

도면12d

BVH11-2 SP64	691	PDEDKEHDEVSEPTHPESDEKENHAGLNPSADNLYKPSTDTETETEEAEEDTTDEAEIPQV	750
BVH11-2 JNR7/87	692	PDEDKEHDEVSEPTHPESDEKENHAGLNPSADNLYKPSTDTETETEEAEEDTTDEAEIPQV	751
BVH11-2 P4241	688	PDEDKGHDEVSEPTHPESDEKENHAGLNPSADNLYKPSTDTETETEEAEEDTTDEAEIPQV	747
BVH11-2 A66	688	PDEDKGHDEVSEPTHPESDEKENHAGLNPSADNLYKPSTDTETETEEAEEDTTDEAEIPQV	747
BVH11-2 WU2	688	PDEDKGHDEVSEPTHPESDEKENHAGLNPSADNLYKPSTDTETETEEAEEDTTDEAEIPQV	747
BVH11-2 Rx1	706	PEEDKEHDEVSEPTHPESDEKENHAGLNPSADNLYKPSTDTETETEEAEEDTTDEAEIPQV	765
BVH11 P4241	688	PDEDKGHDEVSEPTHPESDEKENHAGLNPSADNLYKPSTDTETETEEAEEDTTDEAEIPQV	747
BVH11 WU2	688	PDEDKGHDEVSEPTHPESDEKENHAGLNPSADNLYKPSTDTETETEEAEEDTTDEAEIPQV	747
BVH11 A66	688	PDEDKGHDEVSEPTHPESDEKENHAGLNPSADNLYKPSTDTETETEEAEEDTTDEAEIPQV	747
BVH11 Rx1	688	ADTNQTEKPNEEKPQTEKPEEETPREEKQSEKPSPKPTPEEPEEESPEESEEPQV	747
BVH11 JNR7/87	682	ADTNQTEKPNEEKPQTEKPEEETPREEKQSEKPSPKPTPEEPEEESPEESEEPQV	741
BVH11 SP63	688	ADTNQTEKPNEEKPQTEKPEEETPREEKQSEKPSK-----KPTEEPPEEESPEESEEPQV	743
BVH11 SP64	702	ADTNQTEKPNEEKPQTEKPEEETPREEKQSEKPSK-----KPTEEPPEEESPEESEEPQV	757
		* * * * *	
BVH11-2 SP64	751	ENSVINAKIADAEALLEKVTDPsirQnamETLTGLKSSLLLGTKDNNTISAEVDSLLALL	810
BVH11-2 JNR7/87	752	ENSVINAKIADAEALLEKVTDPsirQnamETLTGLKSSLLLGTKDNNTISAEVDSLLALL	811
BVH11-2 P4241	748	EHSVINAKIADAEALLEKVTDPsirQnamETLTGLKSSLLLGTKDNNTISAEVDSLLALL	807
BVH11-2 A66	748	EHSVINAKIADAEALLEKVTDPsirQnamETLTGLKSSLLLGTKDNNTISAEVDSLLALL	807
BVH11-2 WU2	748	EHSVINAKIADAEALLEKVTDPsirQnamETLTGLKSSLLLGTKDNNTISAEVDSLLALL	807
BVH11-2 Rx1	766	EYSVINAKIADAEALLEKVTDPsirQnamETLTGLKSSLLLGTKDNNTISAEVDSLLALL	825
BVH11 P4241	748	EHSVINAKIADAEALLEKVTDPsirQnamETLTGLKSSLLLGTKDNNTISAEVDSLLALL	807
BVH11 WU2	748	EHSVINAKIADAEALLEKVTDPsirQnamETLTGLKSSLLLGTKDNNTISAEVDSLLALL	807
BVH11 A66	748	EHSVINAKIADAEALLEKVTDPsirQnamETLTGLKSSLLLGTKDNNTISAEVDSLLALL	807
BVH11 Rx1	748	ETEKVKEKLREAEEDLLGKIQNPIIKSNAKETLTGLKNNLLFGTDQNNNTIMAEAEKLLALL	807
BVH11 JNR7/87	742	ETEKVKEKLREAEEDLLGKIQNPIIKSNAKETLTGLKNNLLFGTDQNNNTIMAEAEKLLALL	801
BVH11 SP63	744	ETEKVKEKLREAEEDLLGKIQNPIIKSNAKETLTGLKNNLLFGTDQNNNTIMAEAEKLLALL	803
BVH11 SP64	758	ETEKVKEKLREAEEDLLGKIQNPIIKSNAKETLTGLKNNLLFGTDQNNNTIMAEAEKLLALL	817
		* * * * *	
BVH11-2 SP64	811	KESQPAPIQ	819
BVH11-2 JNR7/87	812	KESQPAPIQ	820
BVH11-2 P4241	808	KKSQPAPIQ	816
BVH11-2 A66	808	KKSQPAPIQ	816
BVH11-2 WU2	808	KKSQPAPIQ	816
BVH11-2 Rx1	826	KESQPAPIQ	834
BVH11 P4241	808	KESK	811
BVH11 WU2	808	KESK	811
BVH11 A66	808	KESK	811
BVH11 Rx1	808	KESK	811
BVH11 JNR7/87	802	KESK	805
BVH11 SP63	804	KESK	807
BVH11 SP64	818	KESK	821

도면13

BVH11-2 SP64	BVH11 SP63	BVH11 JNR.7/87	BVH11-2 JNR.7/87	BVH11 WU2	BVH11-2 WU2	BVH11 A66	BVH11-2 A66	BVH11 P4241	BVH11-2 P4241	BVH11 Rx-1	BVH11-2 Rx-1
I 81%	I 88%	I 88%	I 82%	I 80%	I 80%	I 80%	I 80%	I 80%	I 80%	I 88%	I 81%
S 86%	S 90%	S 91%	S 87%	S 85%	S 85%	S 85%	S 85%	S 85%	S 85%	S 91%	S 85%
	I 87%	I 87%	I 98%	I 95%	I 96%	I 95%	I 96%	I 95%	I 96%	I 87%	I 94%
	S 90%	S 90%	S 98%	S 96%	S 97%	S 96%	S 97%	S 96%	S 97%	S 90%	S 95%
	I 96%	I 88%	I 88%	I 87%	I 87%	I 88%	I 87%	I 88%	I 87%	I 97%	I 89%
	S 96%	S 91%	S 91%	S 90%	S 90%	S 91%	S 90%	S 91%	S 90%	S 97%	S 91%
		I 87%	I 87%	I 86%	I 86%	I 87%	I 86%	I 87%	I 86%	I 96%	I 88%
		S 90%	S 90%	S 90%	S 90%	S 91%	S 90%	S 91%	S 90%	S 96%	S 90%
				I 97%	I 97%	I 97%	I 97%	I 97%	I 97%	I 87%	I 94%
				S 98%	S 98%	S 97%	S 98%	S 97%	S 98%	S 90%	S 95%
				I 98%	I 98%	I 92%	I 98%	I 99%	I 98%	I 87%	I 92%
				S 98%	S 98%	S 94%	S 98%	S 99%	S 98%	S 91%	S 94%
						I 98%	I 99%	I 98%	I 99%	I 86%	I 93%
						S 98%	S 99%	S 98%	S 99%	S 90%	S 95%
						I 99%	I 99%	I 100%	I 99%	I 87%	I 92%
						S 99%	S 99%	S 99%	S 99%	S 91%	S 94%
										I 86%	I 93%
										S 90%	S 95%
										I 91%	I 91%
										S 92%	S 92%

도면14a

AATTCCTTGT	CGGGTAAGTT	CCGACCCGCA	CGAAAGGCGT	AATGATTTGG	GCACTGTCTC	60
AACGAGAGAC	TCGGTGAAAT	TTTAGTACCT	GTGAAGATGC	AGGTTACCCG	CGACAGGACG	120
GAAAGACCCC	ATGGAGCTTT	ACTGCAGTTT	GATATTGAGT	GTCTGTACCA	CATGTACAGG	180
ATAGGTAGGA	GTCTAAGAGA	TCGGGACGCC	AGTTTCGAAG	GAGACGCTGT	TGGGATACTA	240
CCCTTGTGTT	ATGGCCACTC	TAACCCAGAT	AGGTGATCCC	TATCGGAGAC	AGTGTCTGAC	300
GGGCAGTTTG	ACTGGGGCGG	TCGCCTCCTA	AAAGGTAACG	GAGGCGCCCA	AAGGTTCCCT	360
CAGAATGGTT	GGAAATCATT	CGCAGAGTGT	AAAGGTATAA	GGGAGCTTGA	CTGCCGAGAGC	420
TACAACCTCGA	GCAGGGACGA	AAGTCGGGCT	TAGTGATCCG	GTGGTTCCGT	ATGGAAGGGC	480
CATCGCTCAA	CGGATAAAAG	CTACCCTGGG	GATAACAGGC	TTATCTCCCC	CAAGAGTTCA	540
CATCGACGGG	GAGGTTTGGC	ACCTCGATGT	CGGCTCGTCG	CATCCTGGGG	CTGTAGTCGG	600
TCCCAAGGGT	TGGGCTGTTC	GCCCATTAAA	GCGGCACGCG	AGCTGGGTTT	AGAACGTCGT	660
GAGACAGTTC	GGTCCCTATC	CGTCGCGGGG	GTAGGAAATT	TGAGAGGATC	TGCTCCTAGT	720
ACGAGAGGAC	CAGAGTGGAC	TTACCGCTGG	TGTACCAAGT	GTCTTGCCAA	AGGCATCGCT	780
GGGTAGCTAT	GTAGGGAAGG	GATAAACGCT	GAAAGCATCT	AAGTGTGAAA	CCCACCTCAA	840
GATGAGATTT	CCCATGATTA	TATATCAGTA	AGAGCCCTGA	GAGATGATCA	GGTAGATAGG	900
TTAGAAAGTGG	AAGTGTGGCG	ACACATGTAG	CGGACTAATA	CTAATAGCTC	GAGGACTTAT	960
CCAAAGTAAC	TGAGAATATG	AAAGCGAACG	GTTTCTCTAA	ATTGAATAGA	TATTCAAATT	1020
TGAGTAGGTA	TTACTCAGAG	TTAAGTGACG	ATAGCCTAGG	AGATACACCT	GTACCCATGC	1080
CGAACACAGA	AGTTAAGCCC	TAGAACGCCG	GAAGTAGTTG	GGGGTTGCCG	CCTGTGAGAT	1140
AGGGAAAGTCG	CTTAGCTCTA	GGGAGTTTAG	CTCAGCTGGG	AGAGCATCTG	CCTTACAAGC	1200
AGAGGGTCAG	CGGTTTCGATC	CCGTTAACTC	CCAAAGGTCC	CGTAGTGTAG	CGGTTATCAC	1260
GTCCGCTCTGT	CACGGCGAAG	ATCGCGGGTT	CGATTCCCGT	CGGGACCGTT	TAAGGTAACG	1320
CAAGTTATTT	TAGACTCGTT	AGCTCAGTTG	GTAGAGCAAT	TGACTTTTAA	TCAATGGGTC	1380
ACTGGTTCGA	GCCCACTACG	GGTCATATAT	GCGGGTTTGG	CGGAATTCTA	ATCTCTTTGA	1440
AATCATCTTC	TCTCACTTTC	CAAACTCTTA	TTACCTCTTA	TTATACCACA	TTTCAATCTT	1500
CAACTTCCCA	GTAATATAAG	CACCTCTGGC	GAAAGAAGTT	TCAATGTCCCT	AAAGTAATAA	1560
GTGAATCCAA	TTCAGGAAGT	CCAAGAACAA	AAGAAACATC	TGGTGTCCAC	AGTATTGGAT	1620
GGCACAGAGT	CACGTGGTAG	TCTGACCCTA	GCAGAAATTT	TAAATAGTAA	ACTATTTACT	1680
GGTTAATTTAA	ATGGTTAAAT	AACCGGTTTA	GAAACTATT	TAATAAAGTA	AAAGAAGTTG	1740
AGAAAAAACT	TCATCATTTA	TTGAAATGAG	GGATTTATGA	AATTTAGTAA	AAAATATATA	1800
GCAGCTGGAT	CAGCTGTTAT	CGTATCCTTG	AGTCTATGTG	CCTATGCACT	AAACGACAT	1860
CGTTGCGCAGG	AAAATAAGGA	CAATAATCGT	GTCTCTTATG	TGGATGGCAG	CCAGTCAAGT	1920
CAGAAAAGTG	AAAACCTGAC	ACCAGACCGG	GTTAGCCAGA	AAGAAGGAAT	TCAGGCTGAG	1980
CAAAATTGTAA	TCAAAATTAC	AGATCAGGGC	TATGTAACGT	CACACGGTGA	CCACTATCAT	2040
TACTATAATG	GGAAAGTTCC	TTATGATGCC	CTCTTTAGTG	AAGAACTCTT	GATGAAGGAT	2100
CCAAACTATC	AACCTTAAAG	CGCTGATATT	GTCAATGAAG	TCAAGGGTGG	TTATATCATC	2160
AAGGTCGATG	GAAATATTTA	TGTCTACCTG	AAAGATGCAG	CTCATGCTGA	TAATGTTCTGA	2220
ACTAAAGATG	AAATCAATCG	TCAAAAACAA	GAACATGTCA	AAGATAATGA	GAAGGTTAAC	2280
TCTAATGTTG	CTGTAGCAAG	GTCTCAGGGA	CGATATACGA	CAAAATGATG	TTATGTCTTT	2340
AATCCAGCTG	ATATTATCGA	AGATACGGGT	AATGCTTATA	TCGTTCCCTCA	TGGAGGTCAC	2400
TATCACTACA	TTCCCAAAAG	CGATTATATCT	GCTAGTGAAT	TAGCAGCAGC	TAAAGCACAT	2460
CTGGCTGJAA	AAAATATGCA	ACCGAGTCAG	TTAAGCTATT	CTTCAACAGC	TAGTGACAAT	2520
AACACGCAAT	CTGTAGCAAA	AGGATCAACT	AGCAAGCCAG	CAAATAAATC	TGAAAATCTC	2580
CAGAGTCTTT	TGAAGGAACT	CTATGATTCA	CCTAGCGCCC	AACGTTACAG	TGAATCAGAT	2640
GGCCTGGTCT	TTGACCCCTGC	TAAGATTATC	AGTCGTACAC	CAAATGGAGT	TGCGATTCCG	2700
CATGGCGACC	ATTACCACTT	TATTCCTTAC	AGCAAGCITT	CTGCTTTAGA	AGAAAAGATT	2760
GCCAGAAATGG	TGCCTATCAG	TGGAAGTGGT	TCTACAGTTT	CTACAAATGC	AAAACCTAAT	2820
GAAGTAGTGT	CTAGTCTAGG	CAGTCTTTCA	AGCAATCCTT	CTTCTTTAAC	GACAAGTAAG	2880
GAGCTCTCTT	CAGCATCTGA	TGGTTATATT	TTAATCCAA	AAGATATCGT	TGAAGAAACG	2940
GCTACAGGTT	ATATTGTAAG	ACATGGTGAT	CATTTCCTAT	ACATTCCAAA	ATCAAATCAA	3000
ATTGGGCAAC	CGACTCTTCC	AAACAATAGT	CTAGCAACAC	CTTCTCCATC	TCTTCCAATC	3060
AATCCAGGAA	CTTCACATGA	GAAACATGAA	GAAGATGGAT	ACGGATTTGA	TGCTAATCGT	3120
ATTATCGCTG	AAGATGAATC	AGGTTTGTG	ATGAGTCACG	GAGACCACAA	TCATTATTTT	3180
TTCAAGAAAG	ACTTGACAGA	AGAGCAAAAT	AAGGCTGCGC	AAAAACATTT	AGAGGAAAGTT	3240
AAAACTAGTC	ATAATGGATT	AGATTCTTTG	TCATCTCATG	AACAGGATTA	TCCAGGTAAT	3300
GCCAAAGAAA	TGAAAGATTT	AGATAAAAAA	ATCGAAGAAA	AAATTGCTGG	CATTATGAAA	3360

도면14b

CAATATGGTG	TCAAACGTGA	AAGTATTGTC	GTGAATAAAG	AAAAAAATGC	GATTATTTAT	3420
CCGCATGGAG	ATCACCATCA	TGCAGATCCG	ATTGATGAAC	ATAAACCGGT	TGGAATTGGT	3480
CATTCTCACA	GTAACATATGA	ACTGTTTAAA	CCCGAAGAAG	GAGTTGCTAA	AAAAGAAGGG	3540
AATAAAGTTT	ATACTGGAGA	AGAATTAACG	AATGTTGTTA	ATTTGTTAAA	AAATAGTACG	3600
TTTAATAATC	AAAACTTTAC	TCTAGCCAAT	GGTCAAAAAC	GCGTTTCTTT	TAGTTTCCG	3660
CCTGAATTGG	AGAAAAAATT	AGGTATCAAT	ATCCTAGTAA	AATTAATAAC	ACCAGATGGA	3720
AAAGTATTGG	AGAAAGTATC	TGGTAAAGTA	TTTGGAGAAG	GAGTAGGGAA	TATTGCAAAC	3780
TTTGAATTAG	ATCAACCTTA	TTTACCAGGA	CAACACATTTA	AGTATACTAT	CGCTTCAAAA	3840
GATTATCCAG	AAGTAAGTTA	TGATGGTACA	TTTACAGTTC	CAACCTCTTT	AGCTTACAAA	3900
ATGGCCAGTC	AAACGATTTT	CTATCCTTTC	CATGCAGGGG	ATACTTATTT	AAGAGTGAAC	3960
CCTCAATTTG	CAGTGCCTAA	AGGAACTGAT	GCTTTAGTCA	GAGTGTTTGA	TGAATTTTCAT	4020
GGAAATGCTT	ATTTAGAAAA	TAACATATAA	GTGCGTGAAG	TCAAATTACC	GATTCCGAAA	4080
TTAAACCAAG	GAACAACCAG	AACGGCCGGA	AATAAAATTC	CTGTAACCTT	CATGGCAAAAT	4140
GCTTATTTGG	ACAATCAATC	GACTTATATT	GTGGAAGTAC	CTATCTTGGG	AAAAGAAAAAT	4200
CAAACTGATA	AACCAAGTAT	TCTACCACAA	TTTAAAAGGA	ATAAAGCACA	AGAAAACTCA	4260
AAACTTGTAG	AAAAGGTAGA	AGAACCAGAG	ACTAGTGAGA	AGGTAGAAAA	AGAAAAACTT	4320
TCTGAAACTG	GGAATAGTAC	TAGTAATTCA	ACGTTAGAAG	AAGTTCCTAC	AGTGGATCCT	4380
GTACAAGAAA	AAGTAGCAAA	ATTTGCTGAA	AGTTATGGGA	TGAAGCTAGA	AAATGCTCTG	4440
TTTAATATGG	ACGGAACAAT	TGAATTATAT	TTACCATCAG	GAGAAGTCAT	TAAAAAGAAT	4500
ATGGCAGATT	TTACAGGAGA	AGCACCTCAA	GGAAATGGTG	AAAATAAACC	ATCTGAAAAT	4560
GGAAAAGTAT	CTACTGGAAC	AGTTGAGAAC	CAACCAACAG	AAAATAAACC	AGCAGATTCT	4620
TTACCAGAGG	CACCAACGGA	AAAACCTGTA	AAACCAGAAA	ACTCAACGGA	TAATGGAATG	4680
TTGAATCCAG	AAGGGAATGT	GGGGAGTGAC	CCTATGTTAG	ATCCAGCATT	AGAGGAAGCT	4740
CCAGCAGTAG	ATCCTGTACA	AGAAAAATTA	GAAAAATTTA	CAGCTAGTTA	CGGATTAGGC	4800
TTAGATAGTG	TTATATTCAA	TATGGATGGA	ACGATTGAAT	TAAGATTGCC	AAGTGGAGAA	4860
GTGATAAAAA	AGAATTTATC	TGATTTTATA	GCGTAAGGAA	TAGCAGTAGA	AAAAGTCTGA	4920
ATCAAAAAATG	AAGTTCTCTC	AAAAGTTAGA	AATAAACTTC	TGACTTTGGG	AGAATTTTCAT	4980
TTTATTATTA	ATATATAAAA	TTTCTTGACA	TACAACCTAA	AAAGAGGTGG	AATATTTACT	5040
AGTTAAAT						5048

도면15

CAGAGATCTT	AGTGAATCAA	ATATACTTAA	GAAAAAGGGA	AAGAATGAAA	ATCAATAAAA	60
AATATCTAGC	TGGGTCAGTA	GCTACACTTG	TTTTAAGTGT	CTGTGCTTAT	GAAC TAGGTT	120
TGCATCAAGC	TCAAAC TGTA	AAAGAAAATA	ATCGTGTTTC	CTATATAGAT	GGAAAACAAG	180
CGACGCAAAA	AACGGAGAAT	TTGACTCCTG	ATGAGGTTAG	CAAGCGTGAA	GGAAATCAACG	240
CCGAACAAAT	CCTCATCAAG	ATTACGGATC	AAGGTTATGT	GACCTCTCAT	GGAGACCATT	300
ATCATTACTA	TAATGGCAAG	GTCCCTTATG	ATGCCATCAT	CAGTGAAGAG	CTCCTCATGA	360
AAGATCCGAA	TTATCAGTTG	AAGGATTCAG	ACATTGTCAA	TGAAATCAAG	GGTGGTTATG	420
TCATTAAAGT	AAACGGTAAA	TACTATGTTT	ACCTTAAGGA	TGCAGCTCAT	GCGGATAATG	480
TCCGTACAAA	AGAAGAAATC	AATCGGCAAA	AACAAGAACA	TAGTCAGCAT	CGTGAAGGAG	540
GGACTTCAGC	AAACGATGGT	GCGGTAGCCT	TTGCACGTTT	ACAGGGACGC	TACACCACAG	600
ATGATGGTTA	TATCTTCAAT	GCATCTGATA	TCATCGAAGA	TACGGGCGAT	GCCTATATCG	660
TTCCTCATGG	AGATCATTAC	CATTACATTG	CTAAGAATGA	GTTATCAGCT	AGCGAGTTGG	720
CTGCTGCAGA	AGCCTTCCTA	TCTGGTCGGG	AAAATCTGTC	AAATTTAAGA	ACCTATCGCC	780
GACAAAATAG	CGATAACACT	CCAAGAACAA	ACTGGGTACC	TTCTGTAAGC	AATCCAGGAA	840
CTACAAATAC	TAACACAAGC	AACAACAGCA	ACACTAACAG	TCAAGCAAGT	CAAAGTAATG	900
ACATTGATAG	TCTCTTGAAA	CAGCTCTACA	AACCTGCCTT	GAGTCAACGC	CATGTAGAAT	960
CTGATGGCCT	TATTTTCGAC	CCAGCGCAAA	TCACAAGTCG	AACCGCCAGA	GGTG TAGCTG	1020
TCCCTCATGG	TAACCATTAC	CACTTTATCC	CTTATGAACA	AATGTCTGAA	TTGGAAAAAC	1080
GAATTGCTCG	TATTATTCCT	CTTCGTTATC	GTTCAAACCA	TTGGGTACCA	GATTCAGAGC	1140
CAGAAGAACC	AAGTCCACAA	CCGACTCCAG	AACCTAGTCC	AAGTCCGCAA	CCTGCACCAA	1200
ATCCTCAACC	AGCTCCAAGC	AATCCAATTG	ATGAGAAAAT	GSTCAAAGAA	GCTGTTTCGAA	1260
AAGTAGGCGA	TGGTTATGTC	TTTGAGGAGA	ATGGAGTTTC	TCGTTATATC	CCAGCCAAGA	1320
ATCTTTCAGC	AGAAACAGCA	GCAGGCATTG	ATAGCAAACCT	GGCCAAGCAG	GAAAGTTTAT	1380
CTCATAAGCT	AGGAGCTAAG	AAAAC TGACC	TCCCATCTAG	TGATCGAGAA	TTTTACAATA	1440
AGGCTTATGA	CTTACTAGCA	AGAATTCACC	AAGATTTACT	TGATAATAAA	GGTCGACAAG	1500
TTGATTTTGA	GGCTTTGGAT	AACCTGTTGG	AACGACTCAA	GGATGTCTCA	AGTGATAAAG	1560
TCAAGTTAGT	GGATGATATT	CTTGCTTCTT	TAGCTCCGAT	TCGTCATCCA	GAACGTTTAG	1620
GAAAACCAAA	TGCGCAAAAT	ACCTACACTG	ATGATGAGAT	TCAAGTAGCC	AAGTTGGCAG	1680
GCAAGTACAC	AACAGAAGAC	GGTTATATCT	TTGATCCTCG	TGATATAACC	AGTGATGAGG	1740
GGGATGCCTA	TGTAACCTCA	CATATGACCC	ATAGCCACTG	GATTAAAAAA	GATAGTTTGT	1800
CTGAAGCTGA	GAGAGCGGCA	GCCCAGGCTT	ATGCTAAAGA	GAAAGGTTTG	ACCCCTCCTT	1860
CGACAGACCA	TCAGGATTCA	GGAAATACTG	AGGCAAAAGG	AGCAGAAGCT	ATCTACAACC	1920
GCGTGAAAGC	AGCTAAGAAG	GTGCCACTTG	ATCGTATGCC	TTACAATCTT	CAATATACTG	1980
TAGAAGTCAA	AAACGGTAGT	TTAATCATAC	CTCATTTATG	CCATTACCAT	AACATCAAAT	2040
TTGAGTGGTT	TGACGAAGGC	CTTTATGAGG	CACCTAAGGG	GTATACTCTT	GAGGATCTTT	2100
TGGCGACTGT	CAAGTACTAT	GTGCAACATC	CAAACGAACG	TCCGCATTCA	GATAATGGTT	2160
TTGGTAACGC	TAGCGACCAT	GTTCAAAGAA	ACAAAAATGG	TCAAGCTGAT	ACCAATCAAA	2220
CGGAAAAACC	AAGCGAGGAG	AAACCTCAGA	CAGAAAAACC	TGAGGAAGAA	ACCCCTCGAG	2280
AAGAGAAAACC	ACAAAGCGAG	AAACCAGAGT	CTCCAAAACC	AACAGAGGAA	CCAGAAGAAG	2340
AATCACCAGA	GGAAATCAGAA	GAACCTCAGG	TCGAGACTGA	AAAGGTTGAA	GAAAAACTGA	2400
GAGAGGGCTGA	AGATTTACTT	GGAAAAATCC	AGGATCCAAT	TATCAAGTCC	AATGCCAAAG	2460
AGACTCTCAC	AGGATTAAAA	AATAATTTAC	TATTTGGCAC	CCAGGACAAC	AATACTATTA	2520
TGGCAGAAGC	TGAAAAACTA	TTGGCTTTAT	TAAAGGAGAG	TAAGTAAAGG	TAGCAGCATT	2580
TTCTAACTCC	TAAAAACAGG	ATAGGAGAAC	GGGAAAACGA	AAAATGAGAG	CAGAATGTGA	2640
GTTC TAG						2647

FIGURE 15

도면16

```

GGGTCTTAAA ACTCTGAATC CTTTAGAGGC AGACCCACAA AATGACAAGA CCTATTTAGA      60
AAATCTGGAA GAAAATATGA GTGTTCTAGC AGAAGAATTA AAGTGAGGAA AGAATGAAAA      120
TCAATAAAAA ATATCTAGCA GGTTCAGTGG CAGTCCTTGC CCTAAGTGTT TGTTCCCTATG      180
AACTTGGTCG TCACCAAGCT GGTCAAGTTA AGAAAGAGTC TAATCGAGTT TCTTATATAG      240
ATGGTGATCA GGCTGGTCAA AAGGCAGAAA ATTTGACACC AGATGAAGTC AGTAAGAGAG      300
AGGGGATCAA CGCCGAACAA ATTGTTATCA AGATTACGGA TCAAGGTTAT GTGACCTCTC      360
ATGGAGACCA TTATCATTAC TATAATGGCA AGGTTCCCTA TGATGCCATC ATCAGTGAAG      420
AACTTCTCAT GAAAGATCCG AATTATCAGT TGAAGGATTC AGACATTGTC AATGAAATCA      480
AGGGTGGCTA TGTGATTAAG GTAGACGGAA AATACTATGT TTACCTTAAA GATGCGGCCC      540
ATGCGGACAA TATTCGGACA AAAGAAGAGA TTAACGTC AAGACAGGAA CACAGTCATA      600
ATCATAACTC AAGAGCAGAT AATGCTGTTG CTGCAGCCAG AGCCCAAGGA CGTTATACAA      660
CGGATGATGG GTATATCTTC AATGCATCTG ATATCATTGA GGACACGGGT GATGCTTATA      720
TCGTTCTCTA CGGCGACCAT TACCAATTACA TTCCTAAGAA TGAGTTATCA GCTAGCGAGT      780
TAGCTGCTGC AGAAGCCTAT TGGAAATGGGA AGCAGGGATC TCGTCTCTCT TCAAGTTCTA      840
GTTTAATATG AAATCCAGTT CAACCAAGAT TGTGAGAGAA CCACAATCTG ACTGTCACTC      900
CAACTTATCA TCAAAATCAA GGGGAAAACA TTTCAAGCCT TTTACGTGAA TTGTATGCTA      960
AACCCTTATC AGAAGCCCAT GTAGAACTCTG ATGGCCTTAT TTTGACCCCA GCGCAAATCA      1020
CAAGTCGAAC CGCCAGAGGT GTAGCTGTCC CTCATGGTAA CCATTACCAC TTTATCCCTT      1080
ATGAACAAAT GTCTGAATTG GAAAACGAA TTGCTCGTAT TATTCCTCTT CGTTATCGTT      1140
CAAACCATTG GGTACAGAT TCAAGACGAG AACCAACAAG TCCACAATCG ACTCCGGAAC      1200
CTAGTCCAAG TCTGCAACCT GCACCAAAATC CTCAACGAGC TCCAAGCAAT CCAATTGATG      1260
AGAAATTTGT CAAAGAAGCT GTTCGAAAG TAGGCGATGG TTATGTCTTT GAGGAGAATG      1320
GAGTTTCTCG TTATATCCCA GCCAAGGATC TTTGAGCAGA AACAGCAGCA GGCATTGATA      1380
GCAAACTGGC CAAGCAGGAA AGTTTATCTC ATAAGCTAGG AGCTAAGAAA ACTGACCTCC      1440
CATCTAGTGA TCGAGAATTT TACAATAAGG CTTATGACTT ACTAGCAAGA ATTCACCAAG      1500
ATTTACTTGA TAATAAAGGT CGACAAGTTG ATTTTGAGGT TTTGGATAAC CTGTTGGAAC      1560
GACTCAAGGA TGTCTCAAGT GATAAAGTCA AGTTAGTGGG TGATATTCTT GCCTTCTTAG      1620
CTCCGATTCTG TCATCCAGAA CGTTTAGGAA AACCAAAATGC GCAAATTACC TACTCTGATG      1680
ATGAGATTCA AGTAGCCAAG TTGGCAGGCA AGTACACAAC AGAAGACGGT TATATCTTTG      1740
ATCCTCGTGA TATAACCACTGATGAGGGG ATGCCTATGT AACTCCACAT ATGACCCATA      1800
GCCACTGGAT TAAAAAGAT AGTTTGTCTG AAGCTGAGAG AGCGGCAGCC CAGGCTTATG      1860
CTAAAGAGAA AGGTTTGACC CCTCCTTCGA CAGACCACCA GGATTCAGGA AATACTGAGG      1920
CAAAAGGAGC AGAAGCTATC TACAACCGCG TGAAGCAGC TAAGAAGGTG CCACTTGATC      1980
GTATGCTTCA CAATCTTCAA TATACTGTAG AAGTCAAAAA CGGTAGTTTA ATCATACCTC      2040
ATTATGACCA TTACCATAAC ATCAAATTTG AGTGGTTTGA CGAAGGCCTT TATGAGGCAC      2100
CTAAGGGGTA TAGTCTTGAG GATCTTTTGG CACTGTCAA GTACTATGTC GAACATCCAA      2160
ACGAACGTCG GCATTCAGAT AATGGTTTTG GTAACGCTAG TGACCATGTT CGTAAAAATA      2220
AGGCAGACCA AGATAGTAAA CCTGATGAAG ATAAGGAACA TGATGAAGTA AGTGAGCCAA      2280
CTCACCTTGA ATCTGATGAA AAAGAGAATC ACGCTGGTTT AAATCCTTCA GCAGATAATC      2340
TTTATAAACC AAGCACTGAT ACGGAAGAGA CAGAGGAAGA AGCTGAAGAT ACCACAGATG      2400
AGGCTGAAAT TCCTCAAGTA GAGAATTCTG TTATTAACGC TAAGATAGCA GATGCGGAGG      2460
CCTTGTCTAGA AAAAGTAACA GATCCTAGTA TTACACAAAA TGCTATGGAG ACATTGACTG      2520
GTCTAAAAAG TAGTCTTCTT CTCGGAACGA AAGATAATAA CACTATTCA GCAGAAGTAG      2580
ATAGTCTCTT GGTCTTTGTA AAAGAAAGTC AACCGGCTCC TATACAGTAG TAAATGAA      2639
(SEQ ID NO : 13)

```

도면17

```

MKINKKYLAL SVAVLALSVC SYELGRHQAG QVKKESNRVS YIDGDQAGQK      50
AENLTPDEV S KREGINAEQI VIKITDQGYV TSHGDHYHYH NGKVPYDAII      100
SELLMKDPN YQLKDSDIVN EIKGGYVIKV DGKYYVYLKD AAHADNIRTK      150
EEIKRQKQEH SHNHN SRADN AVAAARAQGR YTTDDGYIFN ASDIIEDTGD      200
AYIVPHGDHY HYIPKNELSA SELAAAEAYW NGKQGSRPSS SSSYNANPVQ      250
PRLSENHNL T VTPTYHQNGQ ENISSLLREL YAKPLSERHV ESDGLIFDPA      300
QITSRTARGV AVPHGNHYHF IPYEQMSELE KRIARIIPLR YRSNHWVPDS      350
RPEQPSPOST PEPSPSLQPA PNPQAPSNP IDEKLVKEAV RKVGDGYVFE      400
ENGVSRYIPA KDLAETAAG IDSKLAKQES LSHKLGAKKT DLPSSDREFY      450
NKAYDLLARI HQDLLDNKGR QVDFEVLN LERLKDVS SD KVKLVDDILA      500
FLAPIRHPER LGKPNQITY TDDEIQVAKL AGKYTTEDGY IFDPRDITSD      550
EGDAYVTPHM THSHWIKKDS LSEAERAAQ AYAKEKGLTP PSTDHQDSGN      600
TEAKGAEAIY NRVKAACKVP LDRMPYNLQY TVEVKNGSLI IPHYDHYHNI      650
KFEWFDEGLY EAPKGYSLED LLATVKYVVE HPNERPHSDN GFGNASDHVR      700
KNKADQDSKP DEDKEHDEVS EPTHPESDEK ENHAGLNPSA DNLYKPSTDT      750
EETEEEAEDT TDEAEIPQVE NSVINAKIAD AEALLEKVT D PSIRQNAME T      800
LTGLKSSLLL GTKDNNTISA EVDSLALLK ESQAPIQ      838
(SEQ ID NO : 14)

```

FIGURE 17

도면18

TGTGCCTATG	CACTAAACCA	GCATCGTTCG	CAGGAAAATA	AGGACAATAA	TCGTGTCTCT	60
TATGTGGATG	GCAGCCAGTC	AAGTCAGAAA	AGTGAAGAACT	TGACACCAGA	CCAGGTTAGC	120
CAGAAAGAAG	GAATTCAGGC	TGAGCAAATT	GTAATCAAAA	TTACAGATCA	GGGCTATGTA	180
ACGTACACACG	GTGATCACTA	TCATTACTAT	AATGGGAAAG	TTCCTTATGA	TGCCCTCTTT	240
AGTGAAGAAC	TCTTGATGAA	GGATCCAAAC	TATCAACTTA	AAGACGCTGA	TATTGTCAAT	300
GAAGTCAAGG	GTGGTTATAT	CATCAAGGTC	GATGGAAAAT	ATTATGTCTA	CCTGAAAGAT	360
GCAGCTCATG	CTGATAATGT	TCGAACTAAA	GATGAAATCA	ATCGTCAAAA	ACAAGAACAT	420
GTCAAAGATA	ATGAGAAGGT	TAACTCTAAT	GTTGCTGTAG	CAAGGTCTCA	GGGACGATAT	480
ACGACAAATG	ATGGTTATGT	CTTTAATCCA	GCTGATATTA	TCGAAGATAC	GGGTAATGCT	540
TATATCGTTC	CTCATGGAGG	TCACTATCAC	TACATTCCCA	AAAGCGATTT	ATCTGCTAGT	600
GAATTAGCAG	CAGCTAAAGC	ACATCTGGCT	GGAAAAATA	TGCAACCGAG	TCAGTTAAGC	660
TATTTCTTCAA	CACCTTCTCC	ATCTCTTCCA	ATCAATCCAG	GAACCTTACA	TGAGAAACAT	720
GAAGAAGATG	GATACGGATT	TGATGCTAAT	CGTATTATCG	CTGAAGATGA	ATCAGGTTTT	780
GTCATGAGTC	ACGGAGACCA	CAATCATTAT	TTCTTCAAGA	AGGACTTGAC	AGAAGAGCAA	840
ATTAAGGCTG	CGCAAAAACA	TTTAGAGGAA	GTTAAACTA	GTCATAATGG	ATTAGATTCT	900
TTGTCACTC	ATGAACAGGA	TTATCCAAGT	AATGCCAAAG	AAATGAAAGA	TTTAGATAAA	960
AAAAATCGAAG	AAAAAATTGC	TGGCATTATG	AAACAATATG	GTGTCAAACG	TGAAAGTATT	1020
GTCGTGAATA	AAGAAAAAAA	TGCGATTATT	TATCCGCATG	GAGATCACC	TCATGCAGAT	1080
CCGATTGATG	AACATAAACC	GGTTGGAATT	GGTCATTCTC	ACAGTAACTA	TGAACTGTTT	1140
AAACCCGAAG	AAGGAGTTGC	TAAAAAAGAA	GGGAATAAAG	TTTATACTGG	AGAAGAATTA	1200
ACGAATGTTG	TAAATTGTGT	AAAAAATAGT	ACGTTTAATA	ATCAAAACTT	TACTCTAGCC	1260
AATGGTCAAA	AACGGGTTTT	TTTTAGTTTT	CCGCCTGAAT	TGGAGAAAAA	ATTAGGTATC	1320
AATATGCTAG	TAAAAATTAAT	AACACCAGAT	GGAAAAGTAT	TGGAGAAAGT	ATCTGGTAAA	1380
GTATTTGGAG	AAGGAGTAGG	GAATATTGCA	AACTTTGAAT	TAGATCAACC	TTATTTACCA	1440
GGACAAACAT	TTAAGTATAC	TATCGCTTCA	AAAGATTATC	CAGAAGTAAG	TTATGATGGT	1500
ACATTTACAG	TTCCAACCTC	TTTAGCTTAC	AAAATGGCCA	GTCAAACGAT	TTTCTATCCT	1560
TTCCATGCAG	GGGATACTTA	TTTAAGAGTG	AACCCCTCAAT	TTGCAGTGCC	TAAAGGAACT	1620
GATGCTTTAG	TCAGAGTGTT	TGATGAATTT	CATGGAAATG	CTTATTTAGA	AAATAACTAT	1680
AAAGTTGGTG	AAATCAAATT	ACCGATTCCG	AAATTAAACC	AAGGAACAAC	CAGAACGGCC	1740
GGAAATAAAA	TTCTGTAAAC	CTTCATGGCA	AATGCTTATT	TGGACAATCA	ATCGACTTAT	1800
ATTGTGGAAG	TACCTATCTT	GGAAAAAGAA	AATCAAACTG	ATAAACCAAG	TATTCTACCA	1860
CAATTTAAAA	GGATAAAAGC	ACAAGAAAC	TCAAAACITG	ATGAAAAGGT	AGAAGAACCA	1920
AAGACTAGTG	AGAAGGTAGA	AAAAGAAAAA	CTTTCTGAAA	CTGGGAATAG	TACTAGTAAT	1980
TCAACGTTAG	AAGAAGTTCC	TACAGTGGAT	CCTGTACAAG	AAAAAGTAGC	AAAATTTGCT	2040
GAAAGTTATG	GGATGAAGCT	AGAAAAATGC	TTGTTTAATA	TGGACGGAAC	AATTGAATTA	2100
TATTTACCAT	CGGGAGAAGT	CATTAAAAAG	AATATGGCAG	ATTTTACAGG	AGAAGCACCT	2160
CAAGGAAATG	GTGAAAAATA	ACCATCTGAA	AATGGAAAAG	TATCTACTGG	AACAGTTGAG	2220
AACCAACCAA	CAGAAAATAA	ACCAGCAGAT	TCTTTACCAG	AGGCACCAAA	CGAAAAACCT	2280
GTAAAAACAG	AAAACTCAAC	GGATAATGGA	ATGTTGAATC	CAGAAGGGAA	TGTGGGGAGT	2340
GACCTTATGT	TAGATTGAGC	ATTAGAGGAA	GCTCCAGCAG	TAGATCCTGT	ACAAGAAAAA	2400
TTAGAAAAAT	TTACAGCTAG	TTACGGATTA	GGCTTAGATA	GTGTTATATT	CAATATGGAT	2460
GGAACGATTG	AATTAAGATT	GCCAAGTGGA	GAGTGATAA	AAAAGAAATTT	ATTGATCTCA	2520
TAGCGTAA	(SEQ ID NO : 15)					2528

도면19

CAYALNQHRG	QFKNNNRVS	YVQSSQSSQA	SENLTTFQVQ	QKEGIQAEQI	50
VIKITDQCYV	TSBDDHYHY	NGKVPYDALP	SEELLMKDPN	YQLKDADIVN	100
EVKGGYIIKV	DGKYVYVLKD	AAHADNVRTA	DEINRQKQEH	VKDNEKVNSN	150
VAVARSQGRY	TTNDGYVFN	ADIIEDTQNA	YIVPHGGHYH	YIPKSDLSAS	200
ELAAAKAHLA	GKNMQPSQLS	YSSTPSPSLP	INPOTSHEKH	EEDGYGFDAN	250
RIIAEDESGF	VMSHGDHNNY	FFKKDLTEEQ	LKAAQKHLEE	VKTSHNGLDS	300
LSSHEQDYP	NAKEMKDLK	KIEEKIAGIM	KQYGVKRESI	VVNKEKNAIL	350
YPHGDHHDH	PIDEHKPVGI	GHSNSNYELF	KPEEGVAKKE	GNKVYTGEEL	400
TNVVNLLKNS	TFNNQNFTLA	NGQKRVSFSP	PPELEKKLGI	NMLVKLITPD	450
GKVLKESVSK	VFEGGVGNIA	NFELDQPYLP	QSTFKYTIAS	KDYPEVSYDG	500
TFTVPTSLAY	KMASQTIFYP	FHAGDTYLFV	NQQAFAVPKGT	DALVRVFEDEF	550
HGNAYLENNY	KVGEIKLPI	KLNOGTTRTA	GNKIPVTFMA	NAYLDNQSTY	600
IVEVFILKE	NOTDKPSILP	QFKRNKAQEN	SKLDEKVEEP	KTSEKVEKEK	650
LSETONSTSN	STLEEVPTVD	PVQEKVAKFA	LSYGMKLENY	LFNMDGTIEL	700
YLPSEGEVIK	NMADFTGEAP	QNGENKPSH	NGKVSTGTVE	NQPTENKPAD	750
SLPEAPNEKP	VEPENSTONG	MLNPEGNVGS	BPMLDSALEE	APAVDPVQEK	800
LEKFTASYGL	GLDSVIFNMD	GTIELRLPSG	EVIKKNLLIS		840
(SEQ ID NO : 16)					

도면20

CAYALNQHRS	QENKDNRRVS	YVDGSQSSOR	SENLTDPQVS	QKEGIAEQEI	50
VIKITDQGYV	TSHGDHYHYH	NGKVPYDALF	SEELLMKDPN	YQLKDADIVN	100
EVKGGYIIKV	DGKYVYVLKD	AAHADNVRTK	DEINRQKQEH	VKDNEKVNSN	150
VAVARSQGRY	TTNDGYVFNP	ADIIEDTGNA	YIVPHGGHYH	YIPKSDLSAS	200
ELAAAKAHLA	GKNMQPSQLS	YSSTASDNNT	QSVAKGSTSK	PANKSENLSQ	250
LLKELYDSPS	AQRYSES DGL	VFDPAKIISR	TPNGVAIPHG	DHYHFIPYSK	300
LSALEEKIAR	MVPISGTGST	VSTNAKPNEV	VSSLGSLSSN	PSSLTTSKEL	350
SSASDGYIFN	PKDIVEETAT	AYIVRHGDHF	HYIPKSNQIG	QPTLPNNSLA	400
TPSPSLPINP	GTSHEKHEED	GYGFDANRII	AEDESGFVMS	HGDHNNHYFFK	450
KDLTEEQIKA	AQKHLEEVKT	SHNGLDSLSS	HEQDYPGNAK	EMKOLDKKIE	500
EKIAGIMKQY	GVKRESIVVN	KEKNALIIYPH	GDHPHADPID	EHKPVGIGHS	550
HSNYELFKPE	EGVAKKEGKN	VYTGEELTNV	VNLLKNSTFN	NQNFTELANGQ	600
KRVSFSPFPE	LEKKLGINML	VKLITPDGKV	DEKVSQKVFG	EGVGNIANFE	650
LDQPYLPQQT	FKYTIASKDY	PEVSYDGTFT	VETSLAYKMA	SQTIFYPFHA	700
GDTYLRVNFQ	FAVPKGTDAL	VRVDEFHGN	AYLENNYKVG	EIKLPIPKLN	750
QGTTRTAGNK	IPVTFMANAY	LDNQSTYIVE	VPILEKENQT	DKPSILPQFK	800
RNKAQENSKL	DEKVEEPTKS	EKVEKEKLSE	TGNSTSNSTL	EEVPTVDPVQ	850
EKVAKFAESY	GKLEHVLFN	MDGTIELYLP	SSEVIKKNMA	DFTGEAPQGN	900
GENKPSGENK	VSTGTVENQP	TENKPADSLP	EAPNEKPKVP	ENSTDNGMLN	950
PEGNVGSDPM	LDPALEEAPA	VDPVQEKLEK	FTASYGLGLD	SVIFNMGTI	1000
ELRLPSGEVI	KKNLSDFIA	(SEQ ID NO : 55)			1019

도면21

CAYALNQHRS	QENKDNRRVS	YVDGSQSSOR	SENLTDPQVS	QKEGIAEQEI	50
VIKITDQGYV	TSHGDHYHYH	NGKVPYDALF	SEELLMKDPN	YQLKDADIVN	100
EVKGGYIIKV	DGKYVYVLKD	AAHADNVRTK	DEINRQKQEH	VKDNEKVNSN	150
VAVARSQGRY	TTNDGYVFNP	ADIIEDTGNA	YIVPHGGHYH	YIPKSDLSAS	200
ELAAAKAHLA	GKNMQPSQLS	YSSTASDNNT	QSVAKGSTSK	PANKSENLSQ	250
LLKELYDSPS	AQRYSES DGL	VFDPAKIISR	TPNGVAIPHG	DHYHFIPYSK	300
LSALEEKIAR	MVPISGTGST	VSTNAKPNEV	VSSLGSLSSN	PSSLTTSKEL	350
SSASDGYIFN	PKDIVEETAT	AYIVRHGDHF	HYIPKSNQIG	QPTLPNNSLA	400
TPSPSLPINP	GTSHEKHEED	GYGFDANRII	AEDESGFVMS	HGDHNNHYFFK	450
KDLTEEQIKA	AQKHLEEVKT	SHNGLDSLSS	HEQDYPGNA		489
(SEQ ID NO : 56)					

도면22

MKFSKKYIAA	GSATVLSLSL	CAYALNQHRS	QENKDNRRVS	YVDGSQSSOR	SENLTDPQVS	60
QKEGIAEQEI	VIKITDQGYV	TSHGDHYHYH	NGKVPYDALF	SEELLMKDPN	YQLKDADIVN	120
EVKGGYIIKV	DGKYVYVLKD	AAHADNVRTK	DEINRQKQEH	VKDNEKVNSN	VAVARSQGRY	180
TTNDGYVFNP	ADIIEDTGNA	YIVPHGGHYH	YIPKSDLSAS	ELAAAKAHLA	GKNMQPSQLS	240
YSSTASDNNT	QSVAKGSTSK	PANKSENLSQ	LLKELYDSPS	AQRYSES DGL	VFDPAKIISR	300
TPNGVAIPHG	DHYHFIPYSK	LSALEEKIAR	MVPISGTGST	VSTNAKPNEV	VSSLGSLSSN	360
PSSLTTSKEL	SSASDGYIFN	PKDIVEETAT	AYIVRHGDHF	HYIPKSNQIG	QPTLPNNSLA	420
TPSPSLPINP	GTSHEKHEED	GYGFDANRII	AEDESGFVMS	HGDHNNHYFFK	KDLTEEQIKA	480
AQKHLEEVKT	SHNGLDSLSS	HEQDYPGNA	(SEQ ID NO : 57)			509

도면23

DLTEEQIKAA QKHLEEVKTS	ENGLDSLSSH	EQDYPGNAKE	MKDLDKKIEE	50
KIAGIMKQYG VKRESIVVVK	EKNAILYPHG	DHHHADPIDE	HKPVGIGHSH	100
SNYELFKPEE GVAKKEGNKV	YTGEELTNV	NLLKNSTFNN	QNFTLANGQK	150
RVSFSFPPEL EKKLGINMLV	KLITPDGKVL	EKVSQKVFG	GVGNIANFEL	200
DQPYLPGQTF KYTIASKDYP	EVSYDGTFTV	PTSLAYKMAS	QTIFYPFHAG	250
DTYLRVNPQF AVPKGTDALV	RVDEFHGNA	YLENNYKVGE	IKLPIPKLNQ	300
GTTRTAGNKI PVTFMANAYL	DNQSTYIVEV	PILEKENQTD	KPSILPQFKR	350
NKAQENSKLD EKVEEPTSE	KVEKEKLSET	GNSTSNSTLE	EVPTVDPVQE	400
KVAKFAESYG MKLENVLFNM	DGTIELYLPS	GEVIKKNMAD	FTGEAPQNG	450
ENKPSENGKV STGTVENQPT	ENKPADSLPE	APNEKPVKPE	NSTDNGMLNP	500
EGNVGSDPML DPALEEAPAV	DPVQEKLEKF	TASYGLGLDS	VIFNMDGTIE	550
LRLPSGEVIK KNLSDFIACL	RYRSNHWVPD	SRPEEPSPOP	TPEPSPSPQP	600
APNPQAPASN PIDEKLVKEA	VRKVGDGYVF	EENGVSRYIP	AKNLSAETAA	650
GIDSKLAKQE SLSHKLGAKK	TDLPSDDREF	YNKAYDLLAR	IHQDLLDNKG	700
RQVDFEALDN LLERLKDVS	DKVKLVDDIL	AFLAPIRHPE	RLGKPNQIT	750
YTDDIEIQVAK LAGKYTTEDG	YIFDPRDITS	DEGDAYVTPH	MTHSHWIKKD	800
SLSEAERAAA QAYAKEKGLT	PPSTDHQQSG	NTEAKGAEAI	YNRVKAAKKV	850
PLDRMPYNLQ YTVGVKNGSL	IIPHYDHYHN	IKFEWFDEGL	YEAPKGYTLE	900
DLLATVKYYV EHPNERPHSD	NGFGNASDHV	QRNKGQADT	NOTEKPSEEK	950
POTEKPEEET PREEKPOSEK	PESPKPTEEP	EEESPSESEE	PQVETEKVEE	1000
KLREAEDLLG KIQDPIIKSN	AKETLTGLKN	NLLFGTQDNN	TIMAEAEKLL	1050
ALLKESK (SEQ ID NO : 58)				1057

FIGURE 23

도면24

CAYALNQHRS QENKDNHRVS	YVDGSSQSSQK	SENLTPOQVS	QKEGIAEQI	50
VIKITDQGYV TSHGDHYHY	NGKVPYDALF	SEELLMKDPN	YOLKDADIVN	100
EVKGGYIKV DGKYYVYLKD	AAHADNVRTK	DEINRQKQEH	VKDNEKVNSN	150
VAVARSQGRY TTNDGYVFNP	ADIIEDTGNA	YIVPHGGHYH	YIPKSDLSAS	200
ELAAA (SEQ ID NO : 59)				205

FIGURE 24

도면25

CAYELGLHQA QTVKENNRVS	YIDGKQATQK	TENLTPDEV	KREGINAEQI	50
VIKITDQGYV TSHGDHYHY	NGKVPYDAII	SEELLMKDPN	YOLKDSDIVN	100
EIKGGYVIKV NGKYYVYLKD	AAHADNVRTK	DEINRQKQEH	SQHREGGTS	150
NDGAVAFARS QGRYTTDDGY	IFNASDIED	TODAYIVPHG	DHYHYIPKNE	200
LSASELAAAE AFLSGRENLS	NLRTYRRONS	DNTPRTNWVP	SVSNPGTTNT	250
NTSNNSNTNS QASQSNIDS	LLKQLYKLPL	SQRHVESDGL	IFDPAQITSR	300
TARGVAVPHG NHYHFIPYEQ	MSELEKRIAR	IIPLYRSNA	WVPDSRPEEP	350
SPQPTPEPSP SPQAPNPQF	APSNPIDEKL	VKEAVRKVGD	GYVFEENGVS	400
RYIPAKNLSA ETAAGIDSKL	AKQESLSHKL	CAKKTDLPS	DREFYNKAYD	450
LLARIHQDLL DNKGRQVDFE	ALDNLLERLK	DVSSDKVKLV	DDILAFLAPI	500
RHPERLGKPN AQITYTDEI	QVAKLAGKYT	TEDGYIFDPR	DITSDEGDAY	550
VTPHMTSHW IKKDSLSEAE	RAAAQAYAKE	KGLTPPSTDH	QDSGNTAEAG	600
AEAIYNRVKA AKKVPLDRMP	YNLQYTVEVK	NGSLIIPHYD	HYHNKFEWF	650
DEGLYEAPKG YTLDDLATV	KYYVEHPNER	PHSDNGFCNA	SDHVQRNKNG	700
QADTNQTEKP SEEKPQTEKP	EEETPREKP	QSEKPESPKP	TEEPPEESPE	750
ESEEPQVETE KVEEKLREAE	DLLGKIQDPI	IKSNAKETLT	GLKNNLLFGT	800
QDNNTIMAEA EKLLALLKES	K ((SEQ ID NO : 60)			821

FIGURE 25

도면26

CAYELGLHQA	QTVKENNRVS	YIDCKQATQK	TENLTPDEVS	KREGINAEQI	50
VIKITDQGYV	TSHGDHYHY	NGKVPYDAII	SEELMKDPN	YOLKSDIVN	100
EIKGGYVIKV	NGKYYVYLKD	AAHADNVRTK	EEINRQKQEH	SOHREGGTS	150
NDGAVAFARS	QGRYTTDDGY	IFNASDIIED	TGDYIVPHG	DHYHYIPKNE	200
LSASELAAAE	AFLSGRENLS	NLRTYRRQNS	DNTPTNWWP	SVSNPGTTNT	250
NTSNNSNTNS	QASQSNIDDS	LLKQLYKLPL	SQRMVESDGL	IFDPAQITSR	300
TARGVAVPHG	NHYHFIPYEQ	MSELEKRIAR	IIPL		334
(SEQ ID NO : 61)					

FIGURE 26

도면27

RYRSNHWPDP	SRPEEPSPQP	TPEPSPSPQP	APNPQPAPSN	PIDEKLVKEA	50
VRKVGDDGYV	EENGVSRYIP	AKNLSAETAA	GIDSKLAKOE	SLSHKLGAKK	100
TDLPSDDREF	YNKAYDLLAR	IHQDLLDNKG	RQVDFEALDN	LLERLKDVS	150
OKVKLVDDIL	AFLAPIRHPE	RLGKPNQAQIT	YTDDIIVQVAK	LAGKYTTEDG	200
YIFDPRDITS	DEGDAYVTPH	MTHSHWIKKD	SLSEAERAAA	QAYAKEKGLT	250
PPSTDHQDSG	NTEAKGAEAI	YNRVKAAKVV	PLDRMPYNLQ	YTVEVKNKSL	300
IIPHYDHYHN	IKFEWFDEGL	YEAPKGYTLE	DLLATVKYYV	EHPNERPHSD	350
NGFGNASDHV	QRNKGQADT	NQTEKPSEEK	PQTEKPEEET	PREEKPQSEK	400
PESPKPTQEP	EEESPPEESEE	PQVETEKVEE	KLREAEDLLG	KIQDPIIKSN	450
AKETLTGLKN	NLLFGTQDNN	TIMAEAEKLL	ALLKESK		487
(SEQ ID NO : 62)					

도면28

AEAFSLSGREN	LSNLRTYRRQ	NSDNTPTNWW	VPSVSNPGTT	NTNTSNNSNT	50
NSQASQSNDI	DSLLKQLYKL	PLSQRMVESD	GLIFDPAQIT	SRTARGVAVP	100
HGNHYHFIPY	EQMSELEKRI	ARIIPLRVRS	NHWVPDSRPE	EPSPQPTPEP	150
SPSPQAPNP	QPAPSNPIDE	KLVKEAVRKV	GDGYVFEENG	VSRYIPAKNL	200
SAETAAGIDS	KLAKQESLSH	KLGAKKTDLP	SSDREFYNKA	YDLLARIHQD	250
LLDNKGRQVD	FEALDNLLER	LKDVSDDKVK	LVODILAFLA	PIRHPERLGK	300
PNAQITYTDD	EQVAKLAGK	YTTEDGYIFD	PRDITSDEGD	AYVTPHMTS	350
HWIKKDSLSE	AERAAAQAYA	KEKGLTPPST	DHQDSGNTGA	KGAEAIYNRV	400
KAAKKVPLDR	MPYNLQYTV	VKNGLIIPH	YDHYHNKIFE	WFDEGLYEAP	450
KGYTLEDLLA	TVKYYVEHPN	ERPHSDNGFG	NASDHVQRNK	NGQADTNQTE	500
KPSEKQPTE	KPEEETPREE	KPQSEKPESP	KPTEEPPEES	PEESEPQVE	550
TEKVEEKLRE	AEDLLGKIQD	PIIKSNAKET	LTGLKNLLF	GTQDNNTIMA	600
EAEKLLALLK	ESK	(SEQ ID NO : 63)			613

FIGURE 28

도면29

DLTEEQIKAA	QKHEEVKTS	HNGLDLSLSN	EQDYPGNAKE	MKDLDKKIEE	50
KIAGIMKQYG	VKRESIVVNK	EKNAILYPHG	DHHHADPIDE	HKPVGIGHSH	100
SNYELFKPEE	GVAKKEGNKV	YTGEELTNV	NLLKNSTFNN	QNFTLANGQK	150
RVSFSPPEL	EKKLGINMLV	KLITPDGKVL	EKVSQKVFGE	GVGNIANFEL	200
DQPYLPGQTF	KYTIASKDYP	EVSYDGTFTV	PTSLAYKMAS	QTIFYPFHAG	250
DTYLRVNPQF	AVPKGTDALV	RVDEFHGN	LENNYKVGE	IKLPIPKLNQ	300
GTTRTAGNKI	PVTFMANAYL	DNQSTYIVEV	PILEKENQTD	KPSILPQFKR	350
NKAQENSKLD	EKVEEPKTSE	KVEKEKLSET	GNSTSNSTLE	EVPTVDPVQE	400
KVAKFAESYG	MKLENVLFNM	DGTIELYLPS	GEVIKKNMAD	FTGEAPQNG	450
ENKPSSENGKV	STGTVENQPT	ENKPADSLPE	APNEKPVKPE	NSTDNGMLNP	500
EGNVGSDPML	DPALAEAPAV	DPVQEKLEKF	TASYGLGLDS	VIFNMDGTIE	550
LRLPSGEVIK	KNLSDFIA	(SEQ ID NO : 64)			568

FIGURE 29

도면30

DLTEEQIKAA QKHLEEVKTS HNGLDLSLSSH EQDYTPGNAKE MKDLDDKKIEE	50
KIAGIMKQYG VKRESIVVNK EKNATYYPHG DHHHADPIDE HKPVGIGHSH	100
SNYELFKPEE GVAKKEGNKV YTGEELTNVV NLLKNSTFNN QNFTLANGQK	150
RVSFSFPPEL EKKLGINMLV KLITPDGKVL EKVSQKVFGE GVGNIANFEL	200
DQPYLPGQTF KYTIASKDYP EVSYDGTFTV PTLAYKMAS QTIFYPPHAG	250
DTYLRVNPQF AVPKGTDALV RVFDEFHGNA YLENNYKVGE IKLPIPKLNQ	300
GTTRTAGNKI PVTFMANAYL DNQSTYIVE (SEQ ID NO : 65)	329

FIGURE 30

도면31

EVPILEKENQ TDKPSILPOF KRKAQENSK LDEKVEEPTK SEKVEKEKLS	50
ETGNSTSNST LEEVPTVDPV QEKVAKFAES YGMKLENVLF NMDGTIELYL	100
PSGEVIKKNM ADFTGEAPOG NGENKPSENG KVSTGTVENQ PTENKPADSL	150
PEAPNEKPVK PENSTDNGML NPEGNVGSDP MLDPALEEAP AVDPVQEKLE	200
KFTASYGLGL DSVIFNMDGT IELRLPSGEV IKQNLSDFIA	240

(SEQ ID NO : 66)

도면32

DIDSLKQLY KLPLSQRHVE SDGLIFDPAQ ITERTARGVA VPHGNHYHFI	50
PYEQMSELEK RIARIIPLY RSNHWVPDSR PEEPSQPTP EPSPSQPAP	100
NPQPAPSNPI DEKLVEAVR KVGDDGYVFEE NGVSRYIPAK NLSAETAAGI	150
DSKLAKQESL SHKLGAKKTD LPSSDREFYN KAYDLLARIH QDLLDNKGRQ	200
VDFEALDNLL ERLKDVSSDK VKLVDDILAF LAPIRHPERL GKPNAQITYT	250
DDEIQVAKLA GKYTTEDGYI FDPDITSDE GDAYVTPHMT HSHWIKKDSL	300
SEAERAAAQA YAKEKGLTPP STDHODSGNT EAKGAEAIYN RVKAACKVPL	350
DRMPYNLQYT VEVKNGSLII PHYDHYHNIK FEWFDEGLYE APKGYTLEDL	400
LATVKYYVEH PNERPHSDNG FGNASDHVQR NKNGQADTNQ TEKPSEEKPO	450
TEKPSEETPR EEKPOSEKPE SPKPTEEPPE ESPEESEEPQ VETEKVEEKL	500
REAEDLLGKI QDPIIKSNAK ETLTGLKNL LGFTQDNNTI MAEAEKLLAL	550
LKESK (SEQ ID NO : 67)	555

FIGURE 32

도면33

DIDSLKQLY KLPLSQRHVE SDGLIFDPAQ ITERTARGVA VPHGNHYHFI	50
PYEQMSELEK RIARIIPLY RSNHWVPDSR PEEPSQPTP EPSPSQPAP	100
NPQPAPSNPI DEKLVEAVR KVGDDGYVFEE NGVSRYIPAK NLSAETAAGI	150
DSKLAKQESL SHKLGAKKTD LPSSDREFYN KAYDLLARIH QDLLDNKGRQ	200
VDFEALDNLL ERLKDVSSDK VKLVDDILAF LAPIRHPERL GKPNAQITYT	250
DDEIQVAKLA GKYTTEDGYI FDPDITSDE GDAYVTPHMT HSHWIKKDSL	300
SEAERAAAQA YAKEKGLTPP STDHODSGNT EAKGAEAIYN RVKAACKVPL	350
DRMPYNLQYT VEVKNGSLII PHYDHYHNIK FEWFDEGLYE APKGYTLEDL	400
LATVKYYVEH PNERPHSDNG FGNASDHV (SEQ ID NO : 68)	428

FIGURE 33

도면34

GLYEAPKGYT LEDLLATVKY YVEHPNERPH SONGFGNASD HVQRNKGQA	50
DTNOTEKPEE EKPQTEKPEE ETPREEKPOS EKPESEPKPTE EPSEESPEES	100
EEPQVETEKV EEKLREAEDL L (SEQ ID NO : 69)	121

FIGURE 34

도면35

ASDHVQRNKN	GQADTNQTEK	PSEKPKQTEK	PLESTPREK	PQSEKPESPK	50
PTEEPPEESP	EESEEPQVET	EKVEEKLREA	EDLLGKIQDP	IIKSNAKETL	100
TGLKNLLFG	TQDNNTIMAE	AEKLLALLKE	SK		132
(SEQ ID NO : 70)					

FIGURE 35

도면36

DIDSLRLQLY	KPLPSORHVE	SDGLIFDPAQ	ITSRTARGVA	VPHGNHYHFI	50
PYEQMSELEK	RIARIIPLEY	RSNHWVPDSR	PEEPSQPTP	EPSPSQPAP	100
NPQPAPSNPI	DEKLVKEAVR	KVGDGYVFEE	NGVSRYPYAK	NLSAETAAGI	150
DSKLAKQESL	SHKLGAKKTD	LPSSDREFYN	KAYDLLARIH	QDLLDNKGRQ	200
VDFEALDNLL	ERLKDVSDDK	VKLVD	(SEQ ID NO : 71)		226

FIGURE 36

도면37

DILAFAPIR	HPERLGKPN	QITYTDEIQ	VAKLAGKYTT	EDGYIFDPRD	50
ITSDEGDAYV	TPHMTSHWI	KKDSLSEAER	AAAQAYAKEK	GLTPPSTDHQ	100
DSGNTAKGA	EATYNRVKA	KKVPLDRMPY	NLOYTVEVKN	GSLIIPHYDH	150
YHNIKFEWFD	EGLYEAPKGY	TLEDLLATVK	YYVEHPNERP	HSDNGFGNAS	200
DHV	(SEQ ID NO : 72)				203

FIGURE 37

도면38

CSYELGRHQA	GQVKRESNRV	SYIDGDAQG	LAENLTPDEV	SKREGINAEQ	50
IVIKITDQGY	VTSHGDHYHY	YNGKVPYDAI	ISELLMKDP	NYQLKDSDIV	100
NEIKGGYVIK	VDGKYVYLYK	DAAHADNIRT	KKEIKKROKQE	HSHNHSRAD	150
NAVAAAARQ	RYTTDDGYIF	NASDIEDTG	DAYIVPHGDH	YHYIPKNELS	200
ASELAAAEAY	WNGKQGSRPS	SSSSYNANPV	QPRLSNHNH	TVTPTYHQNQ	250
GENISSLLRE	LYAKPLSERH	VESDGLIFDP	AQITSRTARG	VAVPHGNHYH	300
FIPYEQMSEL	EKRIARIIP	RYRSNHWVPD	SRPEQSPQOS	TPEPSPSLQP	350
APNPQAPSN	PIDEKLVKEA	VRKVGDCYVF	EENGVSRYIP	AKDLSAETAA	400
GIDSKLAKQE	SLSHKLGAKK	TDLPSDREF	YNKAYDLLAR	IQDLLDNKNG	450
RQVDFEVLN	LLERLKDVS	DKVKLVDDIL	AFLAPIRHPE	RLGKPNQAIT	500
YTDEIQVAK	LAGKYTTEDG	YIFDPRDITS	DEGDAYVTPH	MTHSHWIKKD	550
SLSEAERAAA	QAYAKEKGLT	PPSTDHQDSG	NTEAKGAEAI	YNRVKAARKV	600
PLDRMPYNLQ	YTVEVKNGSL	IIPHYDHYHN	IKFEWFDEGL	YEAPKGYSLE	650
DLLATVKYV	EHPNERPHSD	NGFGNASDHV	RKNKADQUSK	PDEDKEHDEV	700
SEPTHPESDE	KENHAGLNPS	ADNLYKPSTD	TEETEEEAED	TTDEAEIPQV	750
ENSVINAKIA	DAEALLEKVT	DPSIRQNAME	TITGLKSSLL	LGTRKDNNTIS	800
AEVDSLLALL	KESQPAPIQ	(SEQ ID NO : 73)			819

FIGURE 38

도면39

ENISSLLREL	YAKPLSERHV	ESDGLIFDPA	QITSRTARGV	AVPHGNHYHF	50
IPYEQMSELE	KRIARIIPLR	YRSNHWVPDS	RFEQPSPOST	PEPSPSLQPA	100
PNPQPAPSNP	IDEKLVKEAV	RKVG DG YVFE	ENGVSRYIPA	KOLSAETAAG	150
IDSKLAKQES	LSHKLGA KKT	DLPSSDREFY	NKAYDLLARI	HQOLLDNKGR	200
QVDFEVL DNL	LERLKDVS SD	KVKLVDDILA	FLAPIRHPER	LCKPNAQITY	250
TDDEIQVAKL	AGKYTTEDGY	IFDPRDITSD	EGDAYVT PHM	THSHWIKKDS	300
LSEAERAAAQ	AYAKEKGLTP	PSTDHQDSGN	TEAKGAEAIY	NRVKA AKKVP	350
LDRMPYNLQY	TVEVKNGSLI	IPHYDHYHNI	KFEWFDEGLY	EAPKGYSLED	400
LLATVKYYVE	HPNERPHSDN	GFGNASDHVR	KNKADQDSKP	DEKKEHDEVS	450
EPTHPESDEK	ENHAGLNPSA	ONLYKPSTDT	EETEEEAEDT	TDEAEIPQVE	500
NSVINAKIAD	AEALLEKVTD	PSIRQAMET	LTGLKSSLLL	GTKDNNTISA	550
EVDSLLALLK	ESQPAPIQ	(SEQ ID NO : 74)			568

FIGURE 39

도면40

VRKNKADQDS	KPDCKEHDE	VSEPTHPESD	ENHAGLNPSA	ONLYKPST	50
DTEETEEAE	DTTDEAEIPQ	VENSVINAKI	ADAEAL EKV	TDPSIRQAM	100
ETLTGLKSSL	LLGTKDNNTI	SAEVD SLLAL	LKESQPAPIQ		140

(SEQ ID NO : 75)

도면41a

GACTTGACAG	AAGAGCAAAAT	TAAGGCTGGG	CAAAAACATT	TAGAGGAAGT	50
TAAAACTAGT	CATAATGGAT	TAGATTCTTT	GTCTATCTCAT	GAACAGGATT	100
ATCCAGGTAA	TGCCAAAGAA	ATGAAAGATT	TAGATAAAAA	AATCGAAGAA	150
AAAATTGCTG	GCATTATGAA	ACAATATGGT	GTCAAACGTG	AAAGTATTGT	200
CGTGAATAAA	GAAAAAATG	CGATTATTTA	TCCGCATGGA	GATCACCATC	250
ATGCAGATCC	GATTGATGAA	CATAAACCGG	TTGGAATTGG	TCATTCTCAC	300
AGTAACTATG	AACGTGTTAA	ACCCGAAGAA	GGAGTTGCTA	AAAAAGAAGG	350
GAATAAAGTT	TATACTGGAG	AAGAATTAAC	GAAIGTTGTT	AATTTGTTAA	400
AAAATAGTAC	GTTTAATAAT	CAAAACTTTA	CTCTAGCCAA	TGGTCAAAAA	450
CGCGTTTCTT	TTAGTTTTC	GCCTGAATTG	GAGAAAAAAT	TAGGTATCAA	500
TATGCTAGTA	AAATTAATAA	CACCAGATGG	AAAAGTATTG	GAGAAAGTAT	550
CTGGTAAAGT	ATTTGGAGAA	GGAGTAGGGA	ATATTGCCAA	CTTTGAATTA	600
GATCAACCTT	ATTTACCAGG	ACAAACATTT	AAGTATACTA	TCGCTTCAAA	650
AGATTATCCA	GAAGTAAGTT	ATGATGGTAC	ATTTACAGTT	CCAACCTCTT	700
TAGCTTACAA	AATGGCCAGT	CAACCGATT	TCTATCCTTT	CCATGCAGGG	750
GATACTTATT	TAAGAGTGAA	CCCTCAATTT	GCAGTGCCCTA	AAGGGAAGTGA	800
TGCTTTAGTC	AGAGTGTG	ATGAATTTCA	TGGAAATGCT	TATTTAGAAA	850
ATACTATAAA	AGTTGGTGAA	ATCAAAATTAC	CGATTCCGAA	ATTAAACCAA	900
GGAACAACCA	GAACGGCCCG	AAATAAAAT	CCTGTAACCT	TCATGGCAAA	950
TGCTTATTTG	GACAATCAAT	CGACTTATAT	IGTGGAAGTA	CCTATCTTGG	1000
AAAAAGAAAA	TCAAACCTGAT	AAACCAAGTA	TTCTACCACA	ATTTAAAGG	1050
AATAAGCAC	AAGAAAACTC	AAAACCTGAT	GAAAAGGTAG	AAGAACCAAA	1100
GACTAGTGAG	AAGGTAGAAA	AAGAAAACT	TTCTGAAACT	GGGAATAGTA	1150
CTAGTAATTC	AACGTTAGAA	GAGTTTCTTA	CAGTGGATCC	TGTACAAGAA	1200
AAAGTAGCAA	AATTTGCTGA	AAGTTATGGG	ATGAAGCTAG	AAAATGTCTT	1250
GTTTAATATG	GACGGAACAA	TTGAATTATA	TTTACCATCA	GGAGAAGTCA	1300
TTAAAAAGAA	TATGGCAGAT	TTTACAGGAG	AAGCACCTCA	AGGAAATGGT	1350
GAAAATAAAC	CATCTGAAAA	TGGAAAAGTA	TCTACTGGAA	CAGTTGAGAA	1400
CCAACCAACA	GAAAAATAAC	CAGCAGATTC	TTTACCAGAG	GCACCAACCG	1450
AAAAACCTGT	AAAACCAGAA	AACTCAACGG	ATAATGGAAT	GTTGAATCCA	1500
GAAGGGAAATG	TGGGGAGTGA	CCCTATGTTA	GATCCAGCAT	TAGAGGAAGC	1550
TCCAGCAGTA	GATCCTGTAC	AAGAAAAATT	AGAAAAATTT	ACAGCTAGTT	1600
ACGGATTAGG	CTTAGATAGT	GTTATATTCA	ATATGGATGG	AACGATTGAA	1650
TTAAGATTGC	CAAGTGGAGA	AGTGATAAAA	AAGAATTTAT	CTGATTTCAT	1700
AGCGAAGCTT	CGTTATCGTT	CAAACCATTTG	GGTACCAGAT	TCAAGACCAG	1750
AAGAACCAAG	TCCACAACCG	ACTCCAGAAC	CTAGTCCAAG	TCCGCAACCT	1800
GCACCAATC	CTCAACCAAG	TCCAAGCAAT	CCAATTGATG	AGAAATTGGT	1850
CAAGAAGCT	GTTCCGAAAAG	TAGGCGATGG	TTATGTCTTT	GAGGAGAATG	1900
GAGTTTCTCG	TTATATCCCA	GCCAAGAATC	TTTCAGCAGA	AACAGCAGCA	1950
GGCATTGATA	GCAAACTGGC	CAAGCAGGAA	AGTTTATCTC	ATAAGCTAGG	2000
AGCTAAGAAA	ACTGACCTCC	CATCTAGTGA	TCGAGAATTT	TACAATAAGG	2050
CTTATGAÇTT	ACTAGCAAGA	ATTCACCAAG	ATTTACTTGA	TAATAAAGGT	2100
CGACAAGTTG	ATTTTGAGGC	TTTGGATAAC	CTGTTGGAAC	GACTCAAGGA	2150
TGTCTCAAGT	GATAAAGTCA	AGTTAGTGGA	TGATATTCTT	GCCTTCTTAG	2200
CTCCGATTGG	TCATCCAGAA	CGTTTAGGAA	AACCAAAATG	GCAAAATTACC	2250
TACACTGATG	ATGAGATTCA	AGTAGCCAAG	TTGGCAGGCA	AGTACACAAC	2300
AGAAGACGGT	TATATCTTTG	ATCCTCGTGA	TATAACCAGT	GATGAGGGGG	2350
ATGCCTATGT	AACTCCACAT	ATGACCCATA	GCACTGGAT	TAAAAAAGAT	2400

도면41b

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

도면42

EAYWNGKQGS	RPSSSSSYNA	NPVQPRLESEN	HNLTVTPTYH	QNQGENISSL	50
LRELYAKPLS	ERHVESDGLI	FDPAQITSRT	ARGVAVPHGN	HYHFIPYEQM	100
SELEKRIARI	IPLRYRSNHW	VPDSRPEQPS	POSTPEPSPS	LQPAPNPQPA	150
PSNPIDEKLV	KEAVRKVGDG	YVFEENGVSF	YIPAKDLSAE	TAAGIDSKLA	200
KQESLSHKLK	AKKTDLPSDD	REFYNKAYDL	LARIHODLLD	NKGRQVDFEV	250
LDNLLERLKD	VSSDKVKLVD	DILAFLAPIR	HPERLGKPNK	QITYTDDEIQ	300
VAKLAGKYTT	EDGYIFDPRD	ITSDEGDAYV	TPHMTSHHWI	KKDSLSEAER	350
AAAQAYAKEK	GLTPPSTDHQ	DSGNTEAKGA	EAIYNRVKAA	KKVPLDRMPY	400
NLQYTVEVKN	GSLIIPHYDH	YHNIKFEWED	SGLYEAPKQY	SLEDLLATVK	450
YYVEHPNERP	HSDNGFGNAS	DHV	(SEQ ID NO : 77)		473

도면43

CAYALNQHRS	QENKDNRRVS	YVDGSQSSQK	SENLTPEQVS	QKEGIQAEQI	50
VIKITDQGYV	TSHGDHYHYH	NGKVPYDALF	SEELLMKDPN	YQLKDADIVN	100
EVKGGYIIVK	DKKYVYVLKD	AAHADNVRTK	DEINRQKQEH	VKDNEKVNSN	150
VAVARSQGRY	TNDGYVFNP	ADIIEDTGNA	YIVPHGGHYH	YIPKSDLSAS	200
ELAAAKAHLA	GKNMQPSQLS	YSSTASDNNT	QSVAKGSTSK	PANKSENLSQ	250
LEKELYDSPS	AQRYSESDDL	VFDPAKIISR	TPNGVAIPHG	DHYHFIPYSK	300
LSALEEKIAR	MVPISGTGST	VSTNAKPNEV	VSSLGSLSSN	PSSLTTSKEL	350
SSASDGYIFN	PKDIVEETAT	AYIVRHGDHF	HYIPKSNQIG	QPTLPNNSLA	400
TPSPSLFINP	GTSHEKHEED	GYGFDANRII	AEDESGFVMS	HGDHNNHYFFK	450
KDLTEEQIKA	AQKHLEEVKT	SHNGLDLSLS	HEQDYPGNAK	EMKDLDKKIE	500
EKIAGIMKQY	GVKRESIVVN	KEKNAIIPYH	GDHHHADPID	EHKPVGIGHS	550
HSNYELFKPE	EGVAKKEGK	VYTGEELTNV	VNLLKNSTFN	QNFNFTLANGQ	600
KRVSPSPFPE	LEKKLGINML	VKLITPDGKV	DEKVSQKVFQ	EGVGNIANFE	650
LDQPYLPGQT	FKYTIASKDY	PEVSYDGTFT	VPTSLAYKMA	SQTIFYPFHA	700
GDTYLRVNPO	FAVPKGTDAL	VRVFDEFHGN	AYLENNYKVG	EIKLPIPKLN	750
OGTTTRTAGN	IPVTFMANAY	LDNQSTYIVE	(SEQ ID NO : 78)		780

FIGURE 43

도면44

CAYELGLHQA QTVKENNRVS YIDGKOATOK VENTPDRVS FREGINAEQI	50
VIKITDQGYV TSHGDHYHY NGKVPYDAII SEELLMKDPN YQLKDSIDVN	100
EIKGGYVIKV NGKYYVYLKD AAHADNVRTK EENRQKQEH SQHREGGTS	150
NDGAVAFARS QGRYTDDGY IFNASDIED TGDAYIVPHG DHYHYIPKNE	200
LSASELAAAE AFLSGRENLS NLRTYRRQNS DNTFRTNWVP SVSNPGTTNT	250
NTSNNSNTNS QASQSNIDDS LLKQLYKLPL SQRHVESDGL IFDPAQITSR	300
TARGVAVPHG NHYHFIPYEQ MSELEKRIAR IIPLYRSNH WVPDSRPEEP	350
SPQPTPEPSP SPQPAPNPQP APSNPIDEKL VKEAVRKVGE GYVFEENGVS	400
RYIPAKNLSA ETAAGIDSKL AKQESLSHKL GAKKTDLPSS DREFYNKAYD	450
LLARIHQDLL DNKGROVDFE ALDNLLERLK DVSGDKVKLV DDILAFLAPI	500
RHPERLGKPN AQITYTDEI QVAKLAGKYT TEDGYIFDPR DITSDEGDAY	550
VTFPHMTHSHW IKKDSLSEAE RAAQAQYAKE KGLTTPSTDH QDSGNTAKG	600
AEAIYNRVKA AKKVPLDRMP YNLQYTVEVK NGLLIIPHYD HYHNIKFEWF	650
DEGLYEAPKG YTLEDLLATV KYYVEHPNER PHSONGFGNA	690

(SEQ ID NO : 79)

도면45

GTGAAGAAAA CATATGGTTA TATCGGCTCA GTTGCTGCCA TTTTACTAGC TACTCATATT	60
GGAAGTTACC AACTTGGTAA GCATCATATG GGTCTACCAA CAAAGGACAA TCAGATTGCC	120
TATATTGATG ACAGCAAAGG TAAGGCCAAA GCGCCTAAAA CAAACAAAAC GATGGATCAA	180
ATCAGTGCTG AAGAAGGCAT CTCIGCTGAA CAGATCGTAG TCAAAATTAC TGACCAAGGC	240
TATGTGACCT CACACGGTGA CCATTATCAT TTTTACAATG GGAAAGTTCC TTATGATCGG	300
ATTATTAGTG AAGAGTTGTT GATGACGGAT CCTAATTACC GTTTTAAACA ATCAGACGTT	360
ATCAATGAAA TCTTAGACGG TTACGTTATT AAAGTCAATG GCAACTATTA TGTTTACCTC	420
AAGCCAGGTA GTAAGCGCAA AAACATTGCA ACCAAACAAC AAATTGCTGA GCAAGTAGCC	480
AAAGGAACATA AAGAAGCTAA AGAAAAAGGT TTAGCTCAAG TGGCCCATCT CAGTAAAGAA	540
GAAGTTGCGG CAGTCAATGA AGCAAAAAGA CAAGGACGCT ATACTACAGA CGATGGCTAT	600
ATTTTGTAGT CGACAGATAT CATTGATGAT TTAGGAGATG CTTATTTAGT ACCTCATGGT	660
AATCACTATC ATTATATTCC TAAAAAGGAT TTGTCTCCAA GTGAGCTAGC TGCTGCACAA	720
GCCTACTGGA GTCAAAAACA AGGTGAGGT GCTAGACCGT CTGATTACCG CCGACACCA	780
GCCCCAGGTC GTAGGAAAGC CCCAATTCCT GATGTGACGC TAAACCTGG ACAAGGTCAT	840
CAGCCAGATA ACGGTGGCTA TCATCCAGCG CCTCCTAGGC CAAATGATGC GTCACAAAAC	900
AAACACCAAA GAGATGAGTT TAAAGGAAA ACCTTTAAGG AACTTTTAGA TCAACTACAC	960
CCTCTTGATT TGAATACCG TCATGTGAAA GAAGATGGGT TGATTTTGA ACCGACTCAA	1020
GTGATCAAAAT CAAACGCTTT TGGGTATGTG GTGCTCATG GAGATCATT TCATATTATC	1080
CCAAGAAGTC AGTTATCACC TCTTGAAATG GAATTAGCAG ATCGATACTT AGCTGGCCAA	1140
ACTGAGGACA ATGACTCAGG TTCAGAGCAC TCAAAACCAT CAGATAAAGA AGTGACACAT	1200
ACCTTTCTTG GTCATCGCAT CAAAGCTTAC GGAAAAGGCT TAGATGGTAA ACCATATGAT	1260
ACGAGTGATG CTTATGTTTT TAGTAAAGAA TCCATTCAAT CAGTGGATAA ATCAGGAGTT	1320
ACAGCTAAAC ACGGAGATCA TTTCCACTAT ATAGGATTTG GAGAACTGA ACAATATGAG	1380
TTGGATGAGG TCGCTAAGTG GGTGAAAGCA AAAGGTCAAG CTGATGAGCT TGCTGCTGCT	1440
TTGGATCAGG AACAAGGCAA AGAAAAACCA CTCTTTGACA CTAAAAAAGT GAGTCGCAAA	1500
GTAACAAAAG ATGGTAAAGT GGGCTATATG ATGCCAAAAG ATGGTAAGGA CTATTTCTAT	1560
GCTCGTGATC AACTTGATTT GACTCAGATT GCCTTTGCCG AACAAGAAGT AATGCTTAAA	1620
GATAAGAAGC ATTACCGTTA TGACATTGTT GACACAGGTA TTGAGCCACG ACTTGCTGTA	1680
GATGTGTCAA GTCTGCCGAT GCATGCTGGT AATGCTACTT ACGATACTGG AAGTTCGTTT	1740
GTTATCCAC ATATTGATCA TATCCATGTC GTTCCGTATT CATGGTTGAC GCGCGATCAG	1800
ATTGCAACAG TCAAGTATGT GATGCAACAC CCGGAAGTTC GTCCGGATGT ATGGTCTAAG	1860
CCAGGGCATG AAGAGTCAGG TTCGGTCATT CCAATGTTA CGCCTCTTGA TAAACGTGCT	1920
GGTATGCCAA ACTGGCAAAT TATCCATTCT GCTGAAGAAG TTCAAAAAGC CTAAGCAGAA	1980
GGTCGTTTTG CAACACCAGA CGGCTATATT TTCGATCCAC GAGATGTTTT GGCCAAAGAA	2040
ACTTTTGTAT GGAAGATGG CTCCTTTAGC ATCCCAAGAG CAGATGGCAG TTCATTGAGA	2100
ACCATTAAATA AATCTGATCT ATCCCAAGCT GAGTGGCAAC AAGCTCAAGA GTTATTGGCA	2160
AAGAAAAATA CTGGTGATGC TACTGATACG GATAAACCCA AAGAAAAAGCA ACAGGCAGAT	2220
AAGAGCAATG AAAACCAACA GCCAAGTGAA GCCAGTAAAG AAGAAAAAGA ATCAGATGAC	2280
TTTATAGACA GTTTACCAGA CTATGGTCTA GATAGAGCAA CCCTAGAAGA TCATATCAAT	2340
CAATTAGCAC AAAAAGCTAA TATCGATCCT AAGTATCTCA TTTTCCAACC AGAAGGTGTC	2400
CAATTTTATA ATAAAAATGG TGAATTGGTA ACTTATGATA TCAAGACACT TCAACAAATA	2460
AACCCTTAA (SEQ ID NO : 80)	2469

도면46

VKTYGYIGS	VAAILLATHI	GSYOLGKHHM	GLATKDNQIA	YIDDSKGRKAK	50
APKTNKTMDO	ISAEEGISAE	QIVVKITDQG	YVTSHGDDHYH	FYNGKVPYDA	100
IISEELLMTD	PNYRFKQSDV	INEILDGYVI	KVNGNYVYVL	KPGSKRKNIR	150
TKQOIAEQVA	KGTKEAKEKG	LAQVAHLSKE	EVAAVNEAKR	QGRYTTDDGY	200
IFSPTDIIDD	LGDAYLVPHG	NHYHYIPKKE	LSPELAAAO	AYWSQKQGRG	250
ARPSDYRPTP	APGRRKAPIP	DVTPNPGQGH	QPDNGGYHPA	PPRPNDASQN	300
KHQRDEFKGG	TFKELLDQLH	RLDLKYRHVE	EDGLIFEPTQ	VIKSNAGFYV	350
VPHGDHYHII	PRSQLSPLEM	ELADRYLAGQ	TEDNDSGSEH	SKPSDKEVTH	400
TFLGHRIKAY	GKGLDGKPYD	TSDAYVFSKE	SIHSDVKSGV	TAKHGDHFHY	450
IGFGELEQYE	LDEVANWVKA	KQADELAAA	LDQEQGKEKP	LFDTKKVSRR	500
VTKDGVGYM	MPKDGKDYFY	ARDQLDLTQI	AFAEQELMLK	DKKHYRYDIV	550
DTGIEPRLAV	DVSSSLPMHAG	NATYDTGSEF	VIPHIDHIIHV	VPYSWLTRDO	600
IATVKYVMQH	PEVRPDVWSK	PGHEESGSGVI	PNVTPLDKRA	GMPNWQIIHS	650
AEEVQKALAE	GRFATPDGYI	FDPRDVLAKE	TFVWKGGSFS	IPRADGSSLR	700
TINKSDLSQA	EQQQAQELLA	KKNTGDATDT	DKPKEKQOAO	KSNNQOPSE	750
ASKEEKESDD	FIDSLPDYGL	DRATLEDHIN	QLAQKANIDP	KYLIFQPEGV	800
QFYKNKNGELV	TYDIKTLOQI	NPP	(SEQ ID NO : 91)		823

SEQUENCE 46

도면47

GTGAAGAAAA	CAIATGGTTA	TATCGGCTCA	GTTGCTGCCA	TTTTACTAGC	TACTCATATT	60
GGAAGTTACC	AACTTGGTAA	GCATCATATG	GGTCTAGCAA	CAAAGGACAA	TCAGATTGCC	120
TATATTGATG	ATAGCAAAGG	TAAGGCAAAA	GCCCCIAAAA	CAAAACAAAC	GATGGATCAA	180
ATCAGTGCTG	AAGAAGGCAT	CTCTGCTGAA	CAGATCGTAG	TCAAAATTAC	TGACCAAGGT	240
TATGTGACCT	CACACGGTGA	CCATTATCAT	TTTITACAATG	GGAAAGTTCC	TTATGATGCG	300
ATTATTAGTG	AAGAGTTGTT	GATGACGGAT	CCTAATTACC	ATTTTAAACA	ATCAGACGTT	360
ATCAATGAAA	TCTTAGACGG	TTACGTTATT	AAAGTCAATG	GCAACTATTA	TGTTTACCTC	420
AAGCCAGGTA	GTAAGCGCAA	AAACATTGCA	ACCAACAAC	AAATTGCTGA	GCAAGTAGCC	480
AAAGGAACATA	AAGAAGCTAA	AGAAAAAGGT	TTAGCTCAAG	TGGCCCATCT	CAGTAAAGAA	540
GAAGTTGCGG	CAGTCAATGA	AGCAAAAAGA	CAAGGACGCT	ATACTACAGA	CGATGGCTAT	600
ATTTTTAGTC	CGACAGATAT	CATTGATGAT	TTAGGAGACG	CTTATTTAGT	ACCTCATGGT	660
AATCACTATC	ATTATATTCC	TAAAAAAGAT	TTGTCTCCAA	GTGAGCTAGC	TGCTGCACAA	720
GCTTACTGGA	GTCAAAAACA	AGGTGAGGT	GCTAGACCGT	CTGATTACCG	CCCGACACCA	780
GCCCCAGGTC	GTAGGAAAGC	TCCAATTCTC	GATGTGACGC	CTAACCTTGG	ACAAGGTCAT	840
CAGCCAGATA	ACGGTGGCTA	TCATCCAGCG	CCTCCTAGGC	CAATGATGTC	GTCAAAAAC	900
AAACACCAAA	GAGATGAGTT	TAAAGGAAAA	ACCTTTAAGG	AACCTTTAGA	TCAACTACAC	960
CGTCTTGATT	TGAAATACCG	TCATGTGGAA	GAAGATGGGT	TGATTTTGA	ACCGACTCAA	1020
GTGATCAAAT	CAAAACGCTT	TGGGTATGTG	GTGCTCATG	GAGATCATT	TCATATTATC	1080
CCAAGTAGTC	AGTTATCACC	TCTTGAAATG	GAATTAGCAG	ATCGATACTT	AGCCGGTCAA	1140
ACTGAGGACA	ATGATTACAG	TTCAGATCAC	TCAAAACCAT	CAGATAAAGA	AGTGACACAT	1200
ACCTTTCTTG	GTCATCGCAT	CAAAGCTTAC	GGAAAAGGCT	TAGATGGTAA	ACCATATGAT	1260
ACGAGTGATG	CTTATGTTTT	TAGTAAAGAA	TCCATTCAAT	CAGTGGATAA	ATCAGGAGTT	1320
ACAGCTAAAC	ACGGAGATCA	TTTCCACTAT	ATAGGATTTG	GAGAACTTGA	ACAATATGAG	1380
TTGGATGAGG	TCGCTAACTG	GGTGAAAGCA	AAAGGTCAAG	CTGATGAGCT	TGCTGCTGCT	1440
TTGGATCAGG	AACAAGGCAA	AGAAAAACCA	CTCTTTGACA	CTAAAAAAGT	GAGTCGCAAA	1500
GTAACAAAAG	ATGGTAAAGT	GGGCTATATT	ATGCCAAAAG	ATGGCAAGGA	CTATTTCTAT	1560
GCTCGTGATC	AACTTGATTT	GACTCAGATT	GCCTTTGCCG	AACAAGAAGT	AATGCTTAAA	1620
GATAAGAACC	ATTACCGTTA	TGACATTGTT	GACACAGGTA	TTGAGCCACG	ACTTGCTGTA	1680
GATGTGTCAA	GTCTGCCGAT	GCATGCTGGT	AATGCTACTT	ACGATACTGG	AAGTTCGTTT	1740
GTTATCCCTC	ATATTGATCA	TATCCATGTC	GTTCCGTATT	CATGGTTGAC	GCGCGATCAG	1800
ATTGCAACAA	TCAAGTATGT	GATGCAACAC	CCCGAAGTTC	GTCCAGATGT	ATGGTCTAAG	1860
CCAGGGCATG	AAGAGTCAGG	TTCGGTCATT	CCAAATGTTA	CGCCTCTTGA	TAAACGTGCT	1920
GGTATGCCAA	ATTGGCAAAT	CATCCATTCT	GCTGAAGAAG	TTCAAAAAGC	CCTAGCAGAA	1980
GGTCGTTTGG	CAACACCAGA	CGGCTATATT	TTCGATCCAC	GAGATGTTTT	GGCCAAAGAA	2040
ACTTTTGAT	GGAAAGATGG	CTCCTTTAGC	ATCCCAAGAG	CAGATGGCAG	TTCATTGAGA	2100
ACCATTATAA	AATCTGATCT	ATCCCAAGCT	GAGTGGCAAC	AAGCTCAAGA	GTTATTGGCA	2160
AAGAAAAACG	CTGGTGATGC	TACTGATACG	GATAAACCCA	AAGAAAAGCA	ACAGGCAGAT	2220
AAGAGCAATG	AAAACCAACA	GCCAAAGTAA	GCCAGTAAAG	AAGAAAGAAA	AGAATCAGAT	2280
GACTTTATAG	ACAGTTTACC	AGACTATGGT	CTAGATAGAG	CAACCCTAGA	AGATCATATC	2340
AATCAATTAG	CACAAAAAGC	TAATATCGAT	CCTAAGTATC	TCATTTTCCA	ACCAGAAGGT	2400
GTCCAATTTT	ATAATAAAAA	TGGTGAATTA	GTAACCTATG	ATATCAAGAC	GCTTCAACAA	2460
ATAAACCCCTT	AA	(SEQ ID NO : 92)				2472

FIGURE 47

도면48

VKKTYGYIGS	VAAILLATHI	GSYQLGKHHM	GLATKDNQIA	YIDDSKGKAK	50
APKTNKTMDO	ISAEEGISAE	QIVVKITDOG	YVTSHGHDYH	FYNGKVPYDA	100
I ISEELLMTD	PNYHFKQSDV	INEILDGYVI	KVNGNYVYVL	KPGSKRKNI	150
TKQOIAEQVA	KGTKEAKEKG	LAQVAHLSKE	EVAAVNEAKR	QGRYTDDGY	200
IFSPTDIIDD	LGDAYLVPHG	NHYHYIPKID	LSPSELAAQ	AYWSQKQGRG	250
ARPSDYRFTP	APGRRKAPIP	DVTPNPGQGH	QPDNGGYHPA	FPRPNDASQN	300
KHORDEFKGG	TFKELLDQLH	RLDLKYRHVE	EDGLIFEPTQ	VIKSNAGYV	350
VPHGDHYHII	PRSQLSPLEM	ELADRYLAGQ	TEDNDSGSDH	SKPSDKVETH	400
TFLGHRIKAY	GKGLDGKPYD	TSDAYVFSKE	SIHSVDKSGV	TAKHGDHFHY	450
IGFGELEQYE	LDEVANWVKA	KGOADELAAA	LDQEQGKEKP	LFDTKKVSrk	500
VTKDGGKVGyi	MPKDGKDYFY	ARDQLDLTQI	AFAEQELMLK	DKNHRYDIV	550
DTGIEPRLAV	DVSSLPMHAG	NATYDTGSSF	VIPHIDHIHV	VPYSLWTRDQ	600
IATIKYVMQH	PEVRPDVWSK	PGHEESGsvi	PNVTPLDKRA	GMPNwQIHS	650
AEVQKALAE	GRFATPDGYI	FDPRDLAKE	TFVWKDGSFS	IPRADGSSLR	700
TINKSDLQA	EWQQAQELLA	KKNAGDATDT	DKPKEKQCAD	KSNENQQPSE	750
ASKEEEKESD	DFIDSLPDYG	LDRATLEDHI	NOLAQKANID	PKYLIFQPEG	800
VQFYNNKNGEL	VTYDIKTLQO	INPP	(SEQ ID NO : 83)		824

서열 목록

- <110> BIOCHEM PHARMA INC.
- <120> NOVEL STREPTOCOCCUS ANTIGENS
- <130> shire-E1-623
- <150> US 60/113,800
- <151> 1998-12-23
- <160> 102
- <170> Kopatent In 1.71
- <210> 1
- <211> 3120
- <212> DNA
- <213> S. pneumoniae
- <400> 1

```

atgaaattta gtaaaaaata tatagcagct ggatcagctg ttatcgtatc cttagagtcta      60
tgtgcctatg cactaaacca gcatcggttc caggaaaaata aggacaataa tegtgtctct      120
tatgtggatg gcagccagtc aagtcagaaa agtgaaaact tgacaccaga ccaggttagc      180
cagaaagaag
gaattcagcg tgagcaaat gtaatcaaaa ttacagatca gggctatgta      240
acgtcacacg gtgaccacta tcattactat aatgggaaag ttccttatga tgccctcttt      300
agtgaagaac tcttgatgaa ggatccaaac tatcaactta aagacgctga tattgtcaat      360
gaagtcaagg gtggttatat catcaaggtc gatggaaaat attatgtcta cctgaaagat      420
gcagctcatg ctgataatgt tcgaactaaa gatgaaatca atcgtcaaaa acaagaacat      480
gtcaaagata atgagaaggt taactctaatt gttgctgtag caaggtctca gggacgatat      540
acgacaaatg atggttatgt ctttaattcca gctgatatta tcgaagatac
gggtaaatgct      600
tatatcggtc ctcatggagg tcaactatcac tacattccca aaagcgattt atctgctagt      660
gaattagcag cagctaaagc acatctggct ggaaaaaata tgcaaccgag tcagttaagc      720
tattcttcaa cagctagtga caataacacg caatctgtag caaaaggatc aactagcaag      780
ccagcaataa aatctgaaaa tctccagagt cttttgaagg aactctatga ttcacctagc      840
gccccacgtt acagtgaatc agatggcctg gtctttgacc ctgctaagat tatcagtcgt      900
acaccaaatg gagttagcat tccgcatggc gaccattacc actttattcc ttacagcaag      960
ctttctgctt tagaagaaaa
gattgccaga atggtgccta tcagtggaaac tggttctaca      1020
gtttctacaa atgcaaaacc taatgaagta gtgtctagtc taggcagtct ttcaagcaat      1080
ccttcttctt taacgacaag taaggagctc tcttcagcat ctgatggtta tatttttaat      1140
ccaaaagata tegtigaaga aacggctaca gcttatattg taagacatgg tgatcatttc      1200
cattacattc caaaatcaaa tcaaatggg caaccgactc ttccaacaaa tagtctagca      1260

```

acacctttctc catctcttcc aatcaatcca ggaacttcac atgagaaaca tgaagaagat 1320
ggatacggat ttgatgctaa tcgtattatc gctgaagatg aatcaggttt tgtcatgagt

1380

cacggagacc acaatcatta tttcttcaag aaggacttga cagaagagca aattaaggct 1440
gcgcaaaaac atttagagga agttaaact agtcataatg gattagattc tttgtcatct 1500
catgaacagg attatccagg taatgccaaa gaaatgaaag atttagataa aaaaatcgaa 1560
gaaaaaattg ctggcattat gaaacaatat ggtgtcaaac gtgaaagtat tgtcgtgaat 1620
aaagaaaaaa atgcgattat ttatccgcat ggagatcacc atcatgcaga tccgattgat 1680
gaacataaac cggttggaat tggtcattct cacagtaact atgaactgtt taaacccgaa 1740
gaaggagttg ctaaaaaaga agggaataaa

gtttatactg gagaagaatt aacgaatgtt 1800

gttaatttgt taaaaaatag tacgtttaat aatcaaaact ttactctagc caatgggtcaa 1860
aaacgcgttt ctittagttt tccgcctgaa ttggagaaaa aattaggtat caatatgcta 1920
gtaaaattaa taacaccaga tggaaaagta ttggagaaag tatctggtaa agtatttgga 1980
gaaggagtag ggaatattgc aaactttgaa ttagatcaac cttattttacc aggacaaaca 2040
tttaagtata ctatcgcttc aaaagattat ccagaagtaa gttatgatgg tacatttaca 2100
gttccaacct ctttagctta caaaatggcc agtcaaacga ttttctatcc tttccatgca 2160

ggggatactt atttaagagt gaacctctca tttgcagtgc ctaaaggaac tgatgcttta 2220
gtcagagtgt ttgatgaatt tcatggaaat gcttatttag aaaataacta taaagttggt 2280
gaaatcaaat taccgattcc gaaattaaac caaggaacaa ccagaacggc cggaaataaa 2340
attcctgtaa cttcatggc aaatgcttat ttggacaatc aatcgactta tattgtggaa 2400
gtacctatct tggaaaaaga aaatcaaaact gataaaccaa gtattctacc acaattttaa 2460
aggaataaag cacaagaaaa ctcaaaactt gatgaaaagg tagaagaacc aaagactagt 2520
gagaaggtag aaaaagaaaa actttctgaa actgggaata

gtactagtaa ttcaacgtta 2580

gaagaagttc ctacagtgga tcctgtacaa gaaaaagtag caaaatttgc tgaaagttat 2640
gggatgaagc tagaaaatgt cttgtttaat atggacggaa caattgaatt atatttacca 2700
tcaggagaag tcattaaaaa gaatatggca gattttacag gagaagcacc tcaaggaaat 2760
ggtgaaaata aaccatctga aaatggaaaa gtatctactg gaacagttga gaaccaacca 2820
acagaaaata aaccagcaga ttctttacca gaggcaccaa acgaaaaacc tgtaaaacca 2880
gaaaactcaa cggataatgg aatgttgaat ccagaaggga atgtggggag tgaccctatg 2940
ttagatccag

cattagagga agctccagca gtagatcctg tacaagaaaa attagaaaaa 3000

tttacagcta gttacggatt aggcttagat agtgttatat tcaatatgga tggaacgatt 3060
gaattaagat tgccaagttg agaagtgaata aaaaagaatt tatctgattt catagcgtaa 3120
3120

<210> 2
<211> 1039
<212> PRT
<213> S. pneumoniae
<400> 2

Met Lys Phe Ser Lys Lys Tyr Ile Ala Ala Gly Ser Ala Val Ile Val
1 5 10 15

Ser Leu Ser Leu Cys Ala Tyr Ala Leu Asn Gln His Arg Ser Gln Glu
20 25 30

Asn Lys Asp Asn Asn Arg Val Ser Tyr Val Asp Gly Ser Gln Ser Ser
35 40 45

Gln Lys Ser Glu Asn Leu Thr Pro Asp Gln Val Ser Gln Lys Glu Gly
50 55 60

Ile Gln Ala Glu Gln Ile Val Ile Lys Ile Thr Asp Gln Gly Tyr Val
65 70 75 80

Thr Ser His Gly Asp His Tyr His Tyr Tyr Asn Gly Lys Val Pro Tyr

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

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

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

Pro Ser Gly Glu Val Ile Lys Lys Asn Leu Ser Asp Phe Ile Ala
1025 1030 1035
<210> 3
<211> 2523
<212> DNA
<213> S. pneumoniae
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(2520)
<400> 3
atg aaa atc aat aaa aaa tat cta gct ggg tca gta gct aca ctt gtt 48
Met Lys Ile Asn Lys Lys Tyr Leu Ala Gly Ser Val Ala Thr Leu Val
1 5 10 15
tta agt gtc tgt gct tat gaa cta ggt ttg cat caa gct caa act gta 96
Leu Ser Val Cys Ala Tyr Glu Leu Gly Leu His Gln Ala Gln Thr Val
20 25 30
aaa gaa aat aat cgt gtt tcc
tat ata gat gga aaa caa gcg acg caa 144
Lys Glu Asn Asn Arg Val Ser Tyr Ile Asp Gly Lys Gln Ala Thr Gln
35 40 45
aaa acg gag aat ttg act cct gat gag gtt agc aag cgt gaa gga atc 192
Lys Thr Glu Asn Leu Thr Pro Asp Glu Val Ser Lys Arg Glu Gly Ile
50 55 60
aac gcc gaa caa atc gtc atc aag att acg gat caa ggt tat gtg acc 240
Asn Ala Glu Gln Ile Val Ile
Lys Ile Thr Asp Gln Gly Tyr Val Thr
65 70 75 80
tct cat gga gac cat tat cat tac tat aat ggc aag gtc cct tat gat 288
Ser His Gly Asp His Tyr His Tyr Tyr Asn Gly Lys Val Pro Tyr Asp
85 90 95
gcc atc atc agt gaa gag ctc ctc atg aaa gat ccg aat tat cag ttg 336
Ala Ile Ile Ser Glu Glu Leu Leu Met Lys Asp Pro Asn Tyr Gln Leu
100 105 110
aag gat tca gac att gtc aat gaa atc aag ggt ggt tat gtc att aag 384
Lys Asp Ser Asp Ile Val Asn Glu Ile Lys Gly Gly Tyr Val Ile Lys
115 120 125
gta aac ggt aaa tac tat gtt tac ctt aag gat gca gct cat gcg gat 432
Val Asn Gly Lys Tyr Tyr Val Tyr Leu Lys Asp Ala Ala His Ala Asp
130 135 140
aat gtc cgt aca aaa gaa gaa atc aat cgg caa aaa caa gaa cat agt 480
Asn Val Arg Thr Lys Glu Glu Ile Asn Arg Gln Lys Gln Glu His Ser
145 150 155 160
cag cat cgt gaa gga ggg act tca gca aac gat ggt gcg gta gcc ttt 528
Gln His Arg Glu Gly Gly Thr Ser Ala Asn Asp Gly Ala Val Ala Phe
165 170 175
gca cgt tca cag gga cgc tac acc aca gat gat ggt tat atc ttc aat 576
Ala Arg Ser Gln Gly Arg Tyr Thr Thr Asp Asp Gly Tyr Ile Phe Asn
180
185 190
gca tct gat atc atc gaa gat acg ggc gat gcc tat atc gtt cct cat 624
Ala Ser Asp Ile Ile Glu Asp Thr Gly Asp Ala Tyr Ile Val Pro His
195 200 205
gga gat cat tac cat tac att cct aag aat gag tta tca gct agc gag 672
Gly Asp His Tyr His Tyr Ile Pro Lys Asn Glu Leu Ser Ala Ser Glu

210	215	220	
ttg gct gct gca gaa gcc ttc			
cta tct ggt cgg gaa aat ctg tca aat	720		
Leu Ala Ala Ala Glu Ala Phe Leu Ser Gly Arg Glu Asn Leu Ser Asn			
225	230	235	240
tta aga acc tat cgc cga caa aat agc gat aac act cca aga aca aac			768
Leu Arg Thr Tyr Arg Arg Gln Asn Ser Asp Asn Thr Pro Arg Thr Asn			
245	250	255	
tgg gta cct tct gta agc aat cca gga act aca aat act aac aca agc			816
Trp Val Pro Ser Val Ser Asn			
Pro Gly Thr Thr Asn Thr Asn Thr Ser			
260	265	270	
aac aac agc aac act aac agt caa gca agt caa agt aat gac att gat			864
Asn Asn Ser Asn Thr Asn Ser Gln Ala Ser Gln Ser Asn Asp Ile Asp			
275	280	285	
agt ctc ttg aaa cag ctc tac aaa ctg cct ttg agt caa cgc cat gta			912
Ser Leu Leu Lys Gln Leu Tyr Lys Leu Pro Leu Ser Gln Arg His Val			
290	295	300	
gaa tct gat ggc ctt att ttc gac cca gcg caa atc aca agt cga acc			960
Glu Ser Asp Gly Leu Ile Phe Asp Pro Ala Gln Ile Thr Ser Arg Thr			
305	310	315	320
gcc aga ggt gta gct gtc cct cat ggt aac cat tac cac ttt atc cct			1008
Ala Arg Gly Val Ala Val Pro His Gly Asn His Tyr His Phe Ile Pro			
325	330	335	
tat gaa caa atg tct gaa ttg gaa aaa cga att gct cgt att att			
ccc	1056		
Tyr Glu Gln Met Ser Glu Leu Glu Lys Arg Ile Ala Arg Ile Ile Pro			
340	345	350	
ctt cgt tat cgt tca aac cat tgg gta cca gat tca aga cca gaa gaa			1104
Leu Arg Tyr Arg Ser Asn His Trp Val Pro Asp Ser Arg Pro Glu Glu			
355	360	365	
cca agt cca caa ccg act cca gaa cct agt cca agt ccg caa cct gca			1152
Pro Ser Pro Gln Pro Thr Pro Glu Pro Ser Pro Ser Pro Gln Pro			
Ala			
370	375	380	
cca aat cct caa cca gct cca agc aat cca att gat gag aaa ttg gtc			1200
Pro Asn Pro Gln Pro Ala Pro Ser Asn Pro Ile Asp Glu Lys Leu Val			
385	390	395	400
aaa gaa gct gtt cga aaa gta ggc gat ggt tat gtc ttt gag gag aat			1248
Lys Glu Ala Val Arg Lys Val Gly Asp Gly Tyr Val Phe Glu Glu Asn			
405	410	415	
gga			
gtt tct cgt tat atc cca gcc aag aat ctt tca gca gaa aca gca			1296
Gly Val Ser Arg Tyr Ile Pro Ala Lys Asn Leu Ser Ala Glu Thr Ala			
420	425	430	
gca ggc att gat agc aaa ctg gcc aag cag gaa agt tta tct cat aag			1344
Ala Gly Ile Asp Ser Lys Leu Ala Lys Gln Glu Ser Leu Ser His Lys			
435	440	445	
cta gga gct aag aaa act gac ctc cca tct agt gat cga gaa ttt tac			1392
Leu			
Gly Ala Lys Lys Thr Asp Leu Pro Ser Ser Asp Arg Glu Phe Tyr			
450	455	460	
aat aag gct tat gac tta cta gca aga att cac caa gat tta ctt gat			1440
Asn Lys Ala Tyr Asp Leu Leu Ala Arg Ile His Gln Asp Leu Leu Asp			
465	470	475	480
aat aaa ggt cga caa gtt gat ttt gag gct ttg gat aac ctg ttg gaa			1488

Asn Lys Gly Arg Gln Val Asp Phe Glu Ala Leu Asp Asn Leu Leu Glu
485
490 495
cga ctc aag gat gtc tca agt gat aaa gtc aag tta gtg gat gat att 1536
Arg Leu Lys Asp Val Ser Ser Asp Lys Val Lys Leu Val Asp Asp Ile
500 505 510
ctt gcc ttc tta gct ccg att cgt cat cca gaa cgt tta gga aaa cca 1584
Leu Ala Phe Leu Ala Pro Ile Arg His Pro Glu Arg Leu Gly Lys Pro
515 520 525
aat gcg caa att acc tac act gat
gat gag att caa gta gcc aag ttg 1632
Asn Ala Gln Ile Thr Tyr Thr Asp Asp Glu Ile Gln Val Ala Lys Leu
530 535 540
gca ggc aag tac aca aca gaa gac ggt tat atc ttt gat cct cgt gat 1680
Ala Gly Lys Tyr Thr Thr Glu Asp Gly Tyr Ile Phe Asp Pro Arg Asp
545 550 555 560
ata acc agt gat gag ggg gat gcc tat gta act cca cat atg acc cat 1728
Ile Thr Ser Asp Glu Gly Asp Ala
Tyr Val Thr Pro His Met Thr His
565 570 575
agc cac tgg att aaa aaa gat agt ttg tct gaa gct gag aga gcg gca 1776
Ser His Trp Ile Lys Lys Asp Ser Leu Ser Glu Ala Glu Arg Ala Ala
580 585 590
gcc cag gct tat gct aaa gag aaa ggt ttg acc cct cct tcg aca gac 1824
Ala Gln Ala Tyr Ala Lys Glu Lys Gly Leu Thr Pro Pro Ser Thr Asp
595 600 605

cat cag gat tca gga aat act gag gca aaa gga gca gaa gct atc tac 1872
His Gln Asp Ser Gly Asn Thr Glu Ala Lys Gly Ala Glu Ala Ile Tyr
610 615 620
aac cgc gtg aaa gca gct aag aag gtg cca ctt gat cgt atg cct tac 1920
Asn Arg Val Lys Ala Ala Lys Lys Val Pro Leu Asp Arg Met Pro Tyr
625 630 635 640
aat ctt caa tat act gta gaa gtc aaa aac ggt agt tta atc ata cct
1968
Asn Leu Gln Tyr Thr Val Glu Val Lys Asn Gly Ser Leu Ile Ile Pro
645 650 655
cat tat gac cat tac cat aac atc aaa ttt gag tgg ttt gac gaa ggc 2016
His Tyr Asp His Tyr His Asn Ile Lys Phe Glu Trp Phe Asp Glu Gly
660 665 670
ctt tat gag gca cct aag ggg tat act ctt gag gat ctt ttg gcg act 2064
Leu Tyr Glu Ala Pro Lys Gly Tyr Thr Leu Glu Asp Leu Leu Ala Thr

675 680 685
gtc aag tac tat gtc gaa cat cca aac gaa cgt ccg cat tca gat aat 2112
Val Lys Tyr Tyr Val Glu His Pro Asn Glu Arg Pro His Ser Asp Asn
690 695 700
ggt ttt ggt aac gct agc gac cat gtt caa aga aac aaa aat ggt caa 2160
Gly Phe Gly Asn Ala Ser Asp His Val Gln Arg Asn Lys Asn Gly Gln
705 710 715 720
gct gat
acc aat caa acg gaa aaa cca agc gag gag aaa cct cag aca 2208
Ala Asp Thr Asn Gln Thr Glu Lys Pro Ser Glu Glu Lys Pro Gln Thr
725 730 735
gaa aaa cct gag gaa gaa acc cct cga gaa gag aaa cca caa agc gag 2256
Glu Lys Pro Glu Glu Glu Thr Pro Arg Glu Glu Lys Pro Gln Ser Glu
740 745 750

aaa cca gag tct cca aaa cca aca gag gaa cca gaa gaa gaa tca cca 2304
 Lys Pro
 Glu Ser Pro Lys Pro Thr Glu Glu Pro Glu Glu Glu Ser Pro
 755 760 765
 gag gaa tca gaa gaa cct cag gtc gag act gaa aag gtt gaa gaa aaa 2352
 Glu Glu Ser Glu Glu Pro Gln Val Glu Thr Glu Lys Val Glu Glu Lys
 770 775 780
 ctg aga gag gct gaa gat tta ctt gga aaa atc cag gat cca att atc 2400
 Leu Arg Glu Ala Glu Asp Leu Leu Gly Lys Ile Gln Asp Pro Ile Ile
 785 790
 795 800
 aag tcc aat gcc aaa gag act ctc aca gga tta aaa aat aat tta cta 2448
 Lys Ser Asn Ala Lys Glu Thr Leu Thr Gly Leu Lys Asn Asn Leu Leu
 805 810 815
 ttt ggc acc cag gac aac aat act att atg gca gaa gct gaa aaa cta 2496
 Phe Gly Thr Gln Asp Asn Asn Thr Ile Met Ala Glu Ala Glu Lys Leu
 820 825 830
 ttg gct tta tta aag gag agt aag taa
 2523
 Leu Ala Leu Leu Lys Glu Ser Lys
 835 840
 <210> 4
 <211> 840
 <212> PRT
 <213> S. pneumoniae
 <400> 4
 Met Lys Ile Asn Lys Lys Tyr Leu Ala Gly Ser Val Ala Thr Leu Val
 1 5 10 15
 Leu Ser Val Cys Ala Tyr Glu Leu Gly Leu His Gln Ala Gln Thr Val
 20 25 30
 Lys Glu Asn Asn Arg Val Ser Tyr Ile Asp Gly Lys Gln Ala Thr Gln
 35 40 45
 Lys Thr Glu Asn Leu Thr Pro Asp Glu Val Ser Lys Arg Glu Gly Ile
 50 55 60
 Asn Ala Glu Gln Ile Val Ile Lys Ile Thr Asp Gln Gly Tyr Val Thr
 65 70 75 80
 Ser His Gly Asp His Tyr His Tyr Tyr Asn Gly Lys Val Pro Tyr Asp
 85 90 95
 Ala Ile Ile Ser Glu Glu Leu Leu Met Lys Asp Pro Asn Tyr Gln Leu
 100 105 110
 Lys Asp Ser Asp Ile Val Asn Glu Ile Lys Gly Gly Tyr Val Ile Lys
 115 120 125
 Val Asn Gly Lys Tyr Tyr Val Tyr Leu Lys Asp Ala Ala His Ala Asp
 130 135 140
 Asn Val Arg Thr Lys Glu Glu Ile Asn Arg Gln Lys Gln Glu His Ser
 145 150 155 160
 Gln His Arg Glu Gly Gly Thr Ser Ala Asn Asp Gly Ala Val Ala Phe

165	170	175
Ala Arg Ser Gln Gly Arg Tyr Thr Thr Asp Asp Gly Tyr Ile Phe Asn		
180	185	190
Ala Ser Asp Ile Ile Glu Asp Thr Gly Asp Ala Tyr Ile Val Pro His		
195	200	205
Gly Asp His Tyr His Tyr Ile Pro Lys Asn Glu Leu Ser Ala Ser Glu		
210	215	220
Leu Ala Ala Ala Glu Ala Phe Leu Ser Gly Arg Glu Asn Leu Ser Asn		
225	230	240
Leu Arg Thr Tyr Arg Arg Gln Asn Ser Asp Asn Thr Pro Arg Thr Asn		
245	250	255
Trp Val Pro Ser Val Ser Asn Pro Gly Thr Thr Asn Thr Asn Thr Ser		
260	265	270
Asn Asn Ser Asn Thr Asn Ser Gln Ala Ser Gln Ser Asn Asp Ile Asp		
275	280	285
Ser Leu Leu Lys Gln Leu Tyr Lys Leu Pro Leu Ser Gln Arg His Val		
290	295	300
Glu Ser Asp Gly Leu Ile Phe Asp Pro Ala Gln Ile Thr Ser Arg Thr		
305	310	320
Ala Arg Gly Val Ala Val Pro His Gly Asn His Tyr His Phe Ile Pro		
325	330	335
Tyr Glu Gln Met Ser Glu Leu Glu Lys Arg Ile Ala Arg Ile Ile Pro		
340	345	350
Leu Arg Tyr Arg Ser Asn His Trp Val Pro Asp Ser Arg Pro Glu Glu		
355	360	365
Pro Ser Pro Gln Pro Thr Pro Glu Pro Ser Pro Ser Pro Gln Pro Ala		
370	375	380
Pro Asn Pro Gln Pro Ala Pro Ser Asn Pro Ile Asp Glu Lys Leu Val		
385	390	400
Lys Glu Ala Val Arg Lys Val Gly Asp Gly Tyr Val Phe Glu Glu Asn		
405	410	415
Gly Val Ser Arg Tyr Ile Pro Ala Lys Asn Leu Ser Ala Glu Thr Ala		
420	425	430
Ala Gly Ile Asp Ser Lys Leu Ala Lys Gln Glu Ser Leu Ser His Lys		
435	440	445
Leu Gly Ala Lys Lys Thr Asp Leu Pro Ser Ser Asp Arg Glu Phe Tyr		
450	455	460
Asn Lys Ala Tyr Asp Leu Leu Ala Arg Ile His Gln Asp Leu Leu Asp		
465	470	480

Asn	Lys	Gly	Arg	Gln	Val	Asp	Phe	Glu	Ala	Leu	Asp	Asn	Leu	Leu	Glu	485
Arg	Leu	Lys	Asp	Val	Ser	Ser	Asp	Lys	Val	Lys	Leu	Val	Asp	Asp	Ile	490
Leu	Ala	Phe	Leu	Ala	Pro	Ile	Arg	His	Pro	Glu	Arg	Leu	Gly	Lys	Pro	495
Asn	Ala	Gln	Ile	Thr	Tyr	Thr	Asp	Asp	Glu	Ile	Gln	Val	Ala	Lys	Leu	500
Ala	Gly	Lys	Tyr	Thr	Thr	Glu	Asp	Gly	Tyr	Ile	Phe	Asp	Pro	Arg	Asp	505
Ile	Thr	Ser	Asp	Glu	Gly	Asp	Ala	Tyr	Val	Thr	Pro	His	Met	Thr	His	510
Ser	His	Trp	Ile	Lys	Lys	Asp	Ser	Leu	Ser	Glu	Ala	Glu	Arg	Ala	Ala	515
Ala	Gln	Ala	Tyr	Ala	Lys	Glu	Lys	Gly	Leu	Thr	Pro	Pro	Ser	Thr	Asp	520
His	Gln	Asp	Ser	Gly	Asn	Thr	Glu	Ala	Lys	Gly	Ala	Glu	Ala	Ile	Tyr	525
Asn	Arg	Val	Lys	Ala	Ala	Lys	Lys	Val	Pro	Leu	Asp	Arg	Met	Pro	Tyr	530
Asn	Leu	Gln	Tyr	Thr	Val	Glu	Val	Lys	Asn	Gly	Ser	Leu	Ile	Ile	Pro	535
His	Tyr	Asp	His	Tyr	His	Asn	Ile	Lys	Phe	Glu	Trp	Phe	Asp	Glu	Gly	540
Leu	Tyr	Glu	Ala	Pro	Lys	Gly	Tyr	Thr	Leu	Glu	Asp	Leu	Leu	Ala	Thr	545
Val	Lys	Tyr	Tyr	Val	Glu	His	Pro	Asn	Glu	Arg	Pro	His	Ser	Asp	Asn	550
Gly	Phe	Gly	Asn	Ala	Ser	Asp	His	Val	Gln	Arg	Asn	Lys	Asn	Gly	Gln	555
Ala	Asp	Thr	Asn	Gln	Thr	Glu	Lys	Pro	Ser	Glu	Glu	Lys	Pro	Gln	Thr	560
Glu	Lys	Pro	Glu	Glu	Glu	Thr	Pro	Arg	Glu	Glu	Lys	Pro	Gln	Ser	Glu	565
Lys	Pro	Glu	Ser	Pro	Lys	Pro	Thr	Glu	Glu	Pro	Glu	Glu	Glu	Ser	Pro	570
Glu	Glu	Ser	Glu	Glu	Pro	Gln	Val	Glu	Thr	Glu	Lys	Val	Glu	Glu	Lys	575
Leu	Arg	Glu	Ala	Glu	Asp	Leu	Leu	Gly	Lys	Ile	Gln	Asp	Pro	Ile	Ile	580

785	790	795	800
Lys Ser Asn Ala Lys Glu Thr Leu Thr Gly Leu Lys Asn Asn Leu Leu			
	805	810	815
Phe Gly Thr Gln Asp Asn Asn Thr Ile Met Ala Glu Ala Glu Lys Leu			
	820	825	830
Leu Ala Leu Leu Lys Glu Ser Lys			
	835	840	
<210>	5		
<211>	1581		
<212>	DNA		
<213>	S. pneumoniae		
<220>			
<221>	CDS		
<222>	(1)..(1578)		
<400>	5		
atg gag aat ata gac atg ttt aaa tca aat cat gag cga aga atg cgt			48
Met Glu Asn Ile Asp Met Phe Lys Ser Asn His Glu Arg Arg Met Arg			
1 5 10 15			
tat tcc attcgt aaa ttt agt gta gga gta gct agc gta gct gtt gcc			96
Tyr Ser Ile Arg Lys Phe Ser Val Gly Val Ala Ser Val Ala Val Ala			
20 25 30			
agt ctt ttt atg gga agt gtt			
gta cat gcg aca gag aaa gag gga agt		144	
Ser Leu Phe Met Gly Ser Val Val His Ala Thr Glu Lys Glu Gly Ser			
35 40 45			
acc caa gca gcc act tct ttt aat agg gga aat gga agt cag gca gaa			192
Thr Gln Ala Ala Thr Ser Phe Asn Arg Gly Asn Gly Ser Gln Ala Glu			
50 55 60			
caa cgt gga gaa ctc gat tta gaa cga gat aag gca atg aaa gcg gtc			240
Gln Arg Gly Glu Leu Asp Leu			
Glu Arg Asp Lys Ala Met Lys Ala Val			
65 70 75 80			
agt gaa tat gta gga aaa atg gtg aga gat gcc tat gta aaa tca gat			288
Ser Glu Tyr Val Gly Lys Met Val Arg Asp Ala Tyr Val Lys Ser Asp			
85 90 95			
aga aaa cga cat aaa aat act gta gct cta gtt aac cag ttg gga aac			336
Arg Lys Arg His Lys Asn Thr Val Ala Leu Val Asn Gln Leu Gly Asn			
100 105 110			
att aag aac agg tat ttg aat gaa ata gtt cat tca acc tca aaa agc			384
Ile Lys Asn Arg Tyr Leu Asn Glu Ile Val His Ser Thr Ser Lys Ser			
115 120 125			
caa cta cag gaa ctg atg atg aag agt caa tca gaa gta gat gaa gct			432
Gln Leu Gln Glu Leu Met Met Lys Ser Gln Ser Glu Val Asp Glu Ala			
130 135 140			
gtg tct aaa ttt gaa aag gac tca ttt tct tcg tca agt tca gga tcc			480
Val Ser Lys Phe Glu Lys Asp Ser Phe Ser Ser Ser Ser Ser Gly Ser			
145 150 155 160			
tcc act aaa cca gaa act ccg cag ccg gaa aat cca gag cat caa aaa			528
Ser Thr Lys Pro Glu Thr Pro Gln Pro Glu Asn Pro Glu His Gln Lys			
165 170 175			
cca aca act cca tct ccg gat acc aaa cca agc cct caa cca gaa ggc			576
Pro Thr Thr Pro Ser Pro Asp Thr Lys Pro Ser Pro Gln Pro Glu Gly			

180
185 190
aag aaa cca agc gta cca gac att aat cag gaa aaa gaa aaa gct aag 624
Lys Lys Pro Ser Val Pro Asp Ile Asn Gln Glu Lys Glu Lys Ala Lys
195 200 205
ctt gct gta gta acc tac atg agc aag att tta gat gat ata caa aaa 672
Leu Ala Val Val Thr Tyr Met Ser Lys Ile Leu Asp Asp Ile Gln Lys
210 215 220
cat cat ctg cag aaa gaa aaa
cat cgt cag att gtt gct ctt att aag 720
His His Leu Gln Lys Glu Lys His Arg Gln Ile Val Ala Leu Ile Lys
225 230 235 240
gag ctt gat gag ctt aaa aag caa gct ctt tct gaa att gat aat gta 768
Glu Leu Asp Glu Leu Lys Lys Gln Ala Leu Ser Glu Ile Asp Asn Val
245 250 255
aat acc aaa gta gaa att gaa aat aca gtc cac aag ata ttt gca gac 816
Asn Thr Lys Val Glu Ile Glu
Asn Thr Val His Lys Ile Phe Ala Asp
260 265 270
atg gat gca gtt gtg act aaa ttc aaa aaa ggc tta act cag gac aca 864
Met Asp Ala Val Val Thr Lys Phe Lys Lys Gly Leu Thr Gln Asp Thr
275 280 285
cca aaa gaa cca ggt aac aaa aaa cca tct gct cca aaa cca ggt atg 912
Pro Lys Glu Pro Gly Asn Lys Lys Pro Ser Ala Pro Lys Pro Gly Met
290 295 300

caa cca agt cct caa cca gag gtt aaa ccg cag ctg gaa aaa cca aaa 960
Gln Pro Ser Pro Gln Pro Glu Val Lys Pro Gln Leu Glu Lys Pro Lys
305 310 315 320
cca gag gtt aaa ccg caa cca gaa aaa cca aaa cca gag gtt aaa ccg 1008
Pro Glu Val Lys Pro Gln Pro Glu Lys Pro Lys Pro Glu Val Lys Pro
325 330 335
cag ccg gaa aaa cca aaa cca gag gtt aaa ccg cag ccg gaa aaa
cca 1056
Gln Pro Glu Lys Pro Lys Pro Glu Val Lys Pro Gln Pro Glu Lys Pro
340 345 350
aaa cca gag gtt aaa ccg cag ccg gaa aaa cca aaa cca gag gtt aaa 1104
Lys Pro Glu Val Lys Pro Gln Pro Glu Lys Pro Lys Pro Glu Val Lys
355 360 365
ccg cag ccg gaa aaa cca aaa cca gag gtt aaa ccg cag ccg gaa aaa 1152
Pro Gln Pro Glu Lys Pro Lys Pro Glu Val Lys Pro Gln Pro Glu
Lys
370 375 380
cca aaa cca gag gtt aaa ccg cag ccg gaa aaa cca aaa cca gag gtt 1200
Pro Lys Pro Glu Val Lys Pro Gln Pro Glu Lys Pro Lys Pro Glu Val
385 390 395 400
aaa ccg cag ccg gaa aaa cca aaa cca gag gtt aaa ccg cag ccg gaa 1248
Lys Pro Gln Pro Glu Lys Pro Lys Pro Glu Val Lys Pro Gln Pro Glu
405 410 415
aaa
cca aaa cca gag gtt aaa ccg cag ccg gaa aaa cca aaa cca gag 1296
Lys Pro Lys Pro Glu Val Lys Pro Gln Pro Glu Lys Pro Lys Pro Glu
420 425 430
gtt aaa ccg caa cca gaa aaa cca aaa cca gag gtt aaa ccg caa cca 1344
Val Lys Pro Gln Pro Glu Lys Pro Lys Pro Glu Val Lys Pro Gln Pro
435 440 445
gaa aaa cca aaa cca gat aat agc aag cca caa gca gat gat aag aag 1392

Glu

Lys Pro Lys Pro Asp Asn Ser Lys Pro Gln Ala Asp Asp Lys Lys
450 455 460

cca tca act aca aat aat tta agc aag gac aag caa cct tct aac caa 1440
Pro Ser Thr Thr Asn Asn Leu Ser Lys Asp Lys Gln Pro Ser Asn Gln
465 470 475 480

gct tca aca aac gaa aaa gca aca aat aaa ccg aag aag tca ttg cca 1488
Ala Ser Thr Asn Glu Lys Ala Thr Asn Lys Pro Lys Lys Ser Leu Pro
485

tca act gga tct att tca aat cta gca ctt gaa att gca ggt ctt ctt 1536
Ser Thr Gly Ser Ile Ser Asn Leu Ala Leu Glu Ile Ala Gly Leu Leu
500 505 510

acc ttg gcg ggg gca acc att ctt gct aag aaa aga atg aaa ta 1580
Thr Leu Ala Gly Ala Thr Ile Leu Ala Lys Lys Arg Met Lys
515 520 525

g 1581

<210> 6
<211> 526
<212> PRT
<213> S. pneumoniae
<400> 6

Met Glu Asn Ile Asp Met Phe Lys Ser Asn His Glu Arg Arg Met Arg
1 5 10 15

Tyr Ser Ile Arg Lys Phe Ser Val Gly Val Ala Ser Val Ala Val Ala
20 25 30

Ser Leu Phe Met Gly Ser Val Val His Ala Thr Glu Lys Glu Gly Ser
35 40 45

Thr Gln Ala Ala Thr Ser Phe Asn Arg Gly Asn Gly Ser Gln Ala Glu
50 55 60

Gln Arg Gly Glu Leu Asp Leu Glu Arg Asp Lys Ala Met Lys Ala Val
65 70 75 80

Ser Glu Tyr Val Gly Lys Met Val Arg Asp Ala Tyr Val Lys Ser Asp
85 90 95

Arg Lys Arg His Lys Asn Thr Val Ala Leu Val Asn Gln Leu Gly Asn
100 105 110

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

Gln Leu Gln Glu Leu Met Met Lys Ser Gln Ser Glu Val Asp Glu Ala
130 135 140

Val Ser Lys Phe Glu Lys Asp Ser Phe Ser Ser Ser Ser Gly Ser
145 150 155 160

Ser Thr Lys Pro Glu Thr Pro Gln Pro Glu Asn Pro Glu His Gln Lys
165 170 175

Pro Thr Thr Pro Ser Pro Asp Thr Lys Pro Ser Pro Gln Pro Glu Gly

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

Ser Thr Gly Ser Ile Ser Asn Leu Ala Leu Glu Ile Ala Gly Leu Leu
500 505 510

Thr Leu Ala Gly Ala Thr Ile Leu Ala Lys Lys Arg Met Lys
515 520 525

<210> 7
<211> 1455
<212> DNA
<213> S. pneumoniae
<220>

<221> CDS
<222> (1)..(1452)
<400> 7

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

Ile Ile Glu Asp Thr Gly Asn Ala Tyr Ile Val Pro His Gly Gly His	
195 200 205	
tat cac tac att ccc aaa agc gat tta tct gct agt gaa tta gca gca	672
Tyr His Tyr Ile Pro Lys Ser Asp Leu Ser Ala Ser Glu Leu Ala Ala	
210 215 220	
gct aaa gca cat ctg gct gga	
aaa aat atg caa ccg agt cag tta agc	720
Ala Lys Ala His Leu Ala Gly Lys Asn Met Gln Pro Ser Gln Leu Ser	
225 230 235 240	
tat tct tca aca gct agt gac aat aac acg caa tct gta gca aaa gga	768
Tyr Ser Ser Thr Ala Ser Asp Asn Asn Thr Gln Ser Val Ala Lys Gly	
245 250 255	
tca act agc aag cca gca aat aaa tct gaa aat ctc cag agt ctt ttg	816
Ser Thr Ser Lys Pro Ala Asn	
Lys Ser Glu Asn Leu Gln Ser Leu Leu	
260 265 270	
aag gaa ctc tat gat tca cct agc gcc caa cgt tac agt gaa tca gat	864
Lys Glu Leu Tyr Asp Ser Pro Ser Ala Gln Arg Tyr Ser Glu Ser Asp	
275 280 285	
ggc ctg gtc ttt gac cct gct aag att atc agt cgt aca cca aat gga	912
Gly Leu Val Phe Asp Pro Ala Lys Ile Ile Ser Arg Thr Pro Asn Gly	
290 295 300	
gtt gcg att ccg cat ggc gac cat tac cac ttt att cct tac agc aag	960
Val Ala Ile Pro His Gly Asp His Tyr His Phe Ile Pro Tyr Ser Lys	
305 310 315 320	
ctt tct gct tta gaa gaa aag att gcc aga atg gtg cct atc agt gga	1008
Leu Ser Ala Leu Glu Glu Lys Ile Ala Arg Met Val Pro Ile Ser Gly	
325 330 335	
act ggt tct aca gtt tct aca aat gca aaa cct aat gaa gta gtg	
tct 1056	
Thr Gly Ser Thr Val Ser Thr Asn Ala Lys Pro Asn Glu Val Val Ser	
340 345 350	
agt cta ggc agt ctt tca agc aat cct tct tct tta acg aca agt aag	1104
Ser Leu Gly Ser Leu Ser Ser Asn Pro Ser Ser Leu Thr Thr Ser Lys	
355 360 365	
gag ctc tct tca gca tct gat ggt tat att ttt aat cca aaa gat atc	1152
Glu Leu Ser Ser Ala Ser Asp Gly Tyr Ile Phe Asn Pro Lys Asp	
Ile	
370 375 380	
gtt gaa gaa acg gct aca gct tat att gta aga cat ggt gat cat ttc	1200
Val Glu Glu Thr Ala Thr Ala Tyr Ile Val Arg His Gly Asp His Phe	
385 390 395 400	
cat tac att cca aaa tca aat caa att ggg caa ccg act ctt cca aac	1248
His Tyr Ile Pro Lys Ser Asn Gln Ile Gly Gln Pro Thr Leu Pro Asn	
405 410 415	
aat	
agt cta gca aca cct tct cca tct ctt cca atc aat cca gga act	1296
Asn Ser Leu Ala Thr Pro Ser Pro Ser Leu Pro Ile Asn Pro Gly Thr	
420 425 430	
tca cat gag aaa cat gaa gaa gat gga tac gga ttt gat gct aat cgt	1344
Ser His Glu Lys His Glu Glu Asp Gly Tyr Gly Phe Asp Ala Asn Arg	
435 440 445	
att atc gct gaa gat gaa tca ggt ttt gtc atg agt cac gga gac cac	1392
Ile	
Ile Ala Glu Asp Glu Ser Gly Phe Val Met Ser His Gly Asp His	
450 455 460	

```

aat cat tat ttc ttc aag aag gac ttg aca gaa gag caa att aag gtg      1440
Asn His Tyr Phe Phe Lys Lys Asp Leu Thr Glu Glu Gln Ile Lys Val
465          470          475          480
cgc aaa aac att          tag      1455
Arg Lys Asn Ile
<210> 8
<211
> 484
<212> PRT
<213> S. pneumoniae
<400> 8
Met Lys Phe Ser Lys Lys Tyr Ile Ala Ala Gly Ser Ala Val Ile Val
 1          5          10          15

Ser Leu Ser Leu Cys Ala Tyr Ala Leu Asn Gln His Arg Ser Gln Glu
      20          25          30

Asn Lys Asp Asn Asn Arg Val Ser Tyr Val Asp Gly Ser Gln Ser Ser
      35          40          45

Gln Lys Ser Glu Asn Leu Thr Pro Asp Gln Val Ser Gln Lys Glu Gly
      50          55          60

Ile Gln Ala Glu Gln Ile Val Ile Lys Ile Thr Asp Gln Gly Tyr Val
      65          70          75          80

Thr Ser His Gly Asp His Tyr His Tyr Tyr Asn Gly Lys Val Pro Tyr
      85          90          95

Asp Ala Leu Phe Ser Glu Glu Leu Leu Met Lys Asp Pro Asn Tyr Gln
      100          105          110

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

Lys Val Asp Gly Lys Tyr Tyr Val Tyr Leu Lys Asp Ala Ala His Ala
      130          135          140

Asp Asn Val Arg Thr Lys Asp Glu Ile Asn Arg Gln Lys Gln Glu His
      145          150          155          160

Val Lys Asp Asn Glu Lys Val Asn Ser Asn Val Ala Val Ala Arg Ser
      165          170          175

Gln Gly Arg Tyr Thr Thr Asn Asp Gly Tyr Val Phe Asn Pro Ala Asp
      180          185          190

Ile Ile Glu Asp Thr Gly Asn Ala Tyr Ile Val Pro His Gly Gly His
      195          200          205

Tyr His Tyr Ile Pro Lys Ser Asp Leu Ser Ala Ser Glu Leu Ala Ala
      210          215          220

Ala Lys Ala His Leu Ala Gly Lys Asn Met Gln Pro Ser Gln Leu Ser
      225          230          235          240

Tyr Ser Ser Thr Ala Ser Asp Asn Asn Thr Gln Ser Val Ala Lys Gly

```

	245		250		255	
Ser Thr Ser Lys Pro Ala Asn Lys Ser Glu Asn Leu Gln Ser Leu Leu						
	260		265		270	
Lys Glu Leu Tyr Asp Ser Pro Ser Ala Gln Arg Tyr Ser Glu Ser Asp						
	275		280		285	
Gly Leu Val Phe Asp Pro Ala Lys Ile Ile Ser Arg Thr Pro Asn Gly						
	290		295		300	
Val Ala Ile Pro His Gly Asp His Tyr His Phe Ile Pro Tyr Ser Lys						
305		310		315		320
Leu Ser Ala Leu Glu Glu Lys Ile Ala Arg Met Val Pro Ile Ser Gly						
	325		330		335	
Thr Gly Ser Thr Val Ser Thr Asn Ala Lys Pro Asn Glu Val Val Ser						
	340		345		350	
Ser Leu Gly Ser Leu Ser Ser Asn Pro Ser Ser Leu Thr Thr Ser Lys						
	355		360		365	
Glu Leu Ser Ser Ala Ser Asp Gly Tyr Ile Phe Asn Pro Lys Asp Ile						
	370		375		380	
Val Glu Glu Thr Ala Thr Ala Tyr Ile Val Arg His Gly Asp His Phe						
385		390		395		400
His Tyr Ile Pro Lys Ser Asn Gln Ile Gly Gln Pro Thr Leu Pro Asn						
	405		410		415	
Asn Ser Leu Ala Thr Pro Ser Pro Ser Leu Pro Ile Asn Pro Gly Thr						
	420		425		430	
Ser His Glu Lys His Glu Glu Asp Gly Tyr Gly Phe Asp Ala Asn Arg						
	435		440		445	
Ile Ile Ala Glu Asp Glu Ser Gly Phe Val Met Ser His Gly Asp His						
	450		455		460	
Asn His Tyr Phe Phe Lys Lys Asp Leu Thr Glu Glu Gln Ile Lys Val						
465		470		475		480
Arg Lys Asn Ile						
<210>	9					
<211>	1587					
<212>	DNA					
<213>	S. pneumoniae					
<220>						
<221>	CDS					
<222>	(1)..(1584)					
<400>	9					
atg aaa gat tta gat aaa aaa atc gaa gaa aaa att gct ggc att atg						48
Met Lys Asp Leu Asp Lys Lys Ile Glu Glu Lys Ile Ala Gly Ile Met						
1	5		10		15	
aaa caa tat ggt gtc aaa cgt gaa agt att gtc gtg aat aaa gaa aaa						96
Lys Gln Tyr Gly Val Lys Arg Glu Ser Ile Val Val Asn Lys Glu Lys						

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

Glu Val Pro Ile Leu Glu Lys Glu Asn Gln Thr Asp Lys Pro Ser Ile
290 295 300

cta cca caa ttt aaa agg aat aaa gca caa gaa aac tca aaa ctt gat 960
Leu Pro Gln Phe Lys Arg Asn Lys Ala Gln Glu Asn Ser Lys Leu Asp
305 310 315 320

gaa aag gta gaa gaa cca aag act agt gag aag gta gaa aaa gaa aaa 1008
Glu Lys Val Glu Glu Pro Lys Thr Ser Glu Lys Val Glu Lys Glu Lys
325 330 335

ctt tct gaa act ggg aat agt act agt aat tca acg tta gaa gaa
gtt 1056

Leu Ser Glu Thr Gly Asn Ser Thr Ser Asn Ser Thr Leu Glu Glu Val
340 345 350

cct aca gtg gat cct gta caa gaa aaa gta gca aaa ttt gct gaa agt 1104
Pro Thr Val Asp Pro Val Gln Glu Lys Val Ala Lys Phe Ala Glu Ser
355 360 365

tat ggg atg aag cta gaa aat gtc ttg ttt aat atg gac gga aca att 1152
Tyr Gly Met Lys Leu Glu Asn Val Leu Phe Asn Met Asp Gly Thr
Ile
370 375 380

gaa tta tat tta cca tca gga gaa gtc att aaa aag aat atg gca gat 1200
Glu Leu Tyr Leu Pro Ser Gly Glu Val Ile Lys Lys Asn Met Ala Asp
385 390 395 400

ttt aca gga gaa gca cct caa gga aat ggt gaa aat aaa cca tct gaa 1248
Phe Thr Gly Glu Ala Pro Gln Gly Asn Gly Glu Asn Lys Pro Ser Glu
405 410 415

aat

gga aaa gta tct act gga aca gtt gag aac caa cca aca gaa aat 1296
Asn Gly Lys Val Ser Thr Gly Thr Val Glu Asn Gln Pro Thr Glu Asn
420 425 430

aaa cca gca gat tct tta cca gag gca cca aac gaa aaa cct gta aaa 1344
Lys Pro Ala Asp Ser Leu Pro Glu Ala Pro Asn Glu Lys Pro Val Lys
435 440 445

cca gaa aac tca acg gat aat gga atg ttg aat cca gaa ggg aat gtg 1392
Pro

Glu Asn Ser Thr Asp Asn Gly Met Leu Asn Pro Glu Gly Asn Val
450 455 460

ggg agt gac cct atg tta gat cca gca tta gag gaa gct cca gca gta 1440
Gly Ser Asp Pro Met Leu Asp Pro Ala Leu Glu Glu Ala Pro Ala Val
465 470 475 480

gat cct gta caa gaa aaa tta gaa aaa ttt aca gct agt tac gga tta 1488
Asp Pro Val Gln Glu Lys Leu Glu Lys Phe Thr Ala Ser Tyr Gly Leu
485

490 495

ggc tta gat agt gtt ata ttc aat atg gat gga acg att gaa tta aga 1536
Gly Leu Asp Ser Val Ile Phe Asn Met Asp Gly Thr Ile Glu Leu Arg
500 505 510

ttg cca agt gga gaa gtg ata aaa aag aat tta tct gat ttc ata gcg 1584
Leu Pro Ser Gly Glu Val Ile Lys Lys Asn Leu Ser Asp Phe Ile Ala
515 520 525

taa 1587

<210> 10
<211> 528
<212> PRT
<213> S. pneumoniae
<400> 10

Met Lys Asp Leu Asp Lys Lys Ile Glu Glu Lys Ile Ala Gly Ile Met
1 5 10 15

Lys Gln Tyr Gly Val Lys Arg Glu Ser Ile Val Val Asn Lys Glu Lys
20 25 30

Asn Ala Ile Ile Tyr Pro His Gly Asp His His His Ala Asp Pro Ile
35 40 45

Asp Glu His Lys Pro Val Gly Ile Gly His Ser His Ser Asn Tyr Glu
50 55 60

Leu Phe Lys Pro Glu Glu Gly Val Ala Lys Lys Glu Gly Asn Lys Val
65 70 75 80

Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Thr Asn Val Val Asn Leu Leu Lys Asn Ser
85 90 95

Thr Phe Asn Asn Gln Asn Phe Thr Leu Ala Asn Gly Gln Lys Arg Val
100 105 110

Ser Phe Ser Phe Pro Pro Glu Leu Glu Lys Lys Leu Gly Ile Asn Met
115 120 125

Leu Val Lys Leu Ile Thr Pro Asp Gly Lys Val Leu Glu Lys Val Ser
130 135 140

Gly Lys Val Phe Gly Glu Gly Val Gly Asn Ile Ala Asn Phe Glu Leu
145 150 155 160

Asp Gln Pro Tyr Leu Pro Gly Gln Thr Phe Lys Tyr Thr Ile Ala Ser
165 170 175

Lys Asp Tyr Pro Glu Val Ser Tyr Asp Gly Thr Phe Thr Val Pro Thr
180 185 190

Ser Leu Ala Tyr Lys Met Ala Ser Gln Thr Ile Phe Tyr Pro Phe His
195 200 205

Ala Gly Asp Thr Tyr Leu Arg Val Asn Pro Gln Phe Ala Val Pro Lys
210 215 220

Gly Thr Asp Ala Leu Val Arg Val Phe Asp Glu Phe His Gly Asn Ala
225 230 235 240

Tyr Leu Glu Asn Asn Tyr Lys Val Gly Glu Ile Lys Leu Pro Ile Pro
245 250 255

Lys Leu Asn Gln Gly Thr Thr Arg Thr Ala Gly Asn Lys Ile Pro Val
260 265 270

Thr Phe Met Ala Asn Ala Tyr Leu Asp Asn Gln Ser Thr Tyr Ile Val
275 280 285

Glu Val Pro Ile Leu Glu Lys Glu Asn Gln Thr Asp Lys Pro Ser Ile
290 295 300

Leu Pro Gln Phe Lys Arg Asn Lys Ala Gln Glu Asn Ser Lys Leu Asp

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

<210>	11								
<211>	5048								
<212>	DNA								
<213>	<i>S. pneumoniae</i>								
<400>	11								
aattcctt	gtt	cggttaagtt	cgcaccgcga	cgaaaggcgt	aatgatttgg	gcactgtctc			60
aacgagagac	tcggtgaaat	tttagtacct	gtgaagatgc	aggttacccg	cgacaggacg				120
gaaagacccc	atggagcttt	actgcagttt	gatattgagt	gtctgtacca	catgtacagg				180
ataggttagga	gtctaagaga	tcgggacgcc	agtttcgaag	gagacgctgt	tgggatacta				240
cccttgtgtt	atggccactc	taaccagat	aggatgatcc	tatcggagac	agtgtctgac				300
gggcagtttg	actggggcgc	tgcctccta	aaaggtaacg						
gaggcgccca	aaggttccct		360						
cagaatggtt	ggaatcatt	cgcagagtgt	aaaggtataa	gggagcttga	ctgcgagagc				420
tacaactcga	gcagggacga	aagtcgggct	tagtgatccg	gtggttccgt	atggaagggc				480
catcgctcaa	cggataaaa	ctacctggg	gataacaggc	ttatctcccc	caagagttca				540
catcgacggg	gaggtttggc	acctcgatgt	cggctcgtcg	catcctgggg	ctgtagtcgg				600
tcccaagggt	tgggctgttc	gccattaaa	gcggcacgcg	agctgggttc	agaacctcgt				660
gagacagttc	ggtccctatc	cgtcgcgggc	gtaggaaatt	tgagaggatc	tgctcctagt				720

acgagaggac

cagagtggac ttaccgctgg tgtaccagtt gtcttgccaa aggcacgcct 780
 gggtagctat gtagggaagg gataaacgct gaaagcatct aagtgtgaaa cccacctcaa 840
 gatgagattt cccatgatta tatacagta agagccctga gagatgatca ggtagatagg 900
 ttagaagtgg aagtgtggcg acacatgtag cggactaata ctaatagctc gaggacttat 960
 ccaaagtaac tgagaatatg aaagcgaacg gttttcttaa attgaataga tattcaattt 1020
 tgagtaggta ttactcagag ttaagtacg atagcctagg agatacacct gtacccatgc 1080
 cgaacacaga agttaagccc tagaacgccg gaagtagttg ggggttgccc

cctgtgagat 1140
 aggggaagtcg cttagctcta gggagtttag ctgagctggg agagcatctg cttacaagc 1200
 agagggtcag cggttcgatc ccgttaactc ccaaaggctc cgtagttag cggttatcac 1260
 gtcgcctgt cagcgcaag atcgcggtt cgattcccgt cgggaccgtt taaggtaacg 1320
 caagtattt tagactcgtt agctcagttg gtagagcaat tgacttttaa tcaatgggtc 1380
 actggttcga gcccagtagc ggtcatatat gcgggtttgg cggaattcta atctcttga 1440
 aatcatcttc tctactttc caaaactcta ttaccttta ttataccaca tttcaatctt 1500
 caacttcca gtaataaag

cacctctggc gaaagaagtt tcaatgtcct aaagtaataa 1560
 gtgaatccaa ttcaggaact ccaagaacaa aagaaacatc tgggtgcaca agtattggat 1620
 ggcacagagt cacgtgtag tctgacctta gcagaaattt taaatagtaa actatttact 1680
 ggttaattaa atggttaaat aaccggttta gaaaactatt taataaagta aaagaagttg 1740
 agaaaaaact tcatcattta ttgaaatgag ggatttatga aatttagtaa aaaatatata 1800
 gcagctggat cagctgttat cgtatccttg agtctatgtg cctatgcact aaaccagcat 1860
 cgttcgcagg aaaataagga caataatcgt gtctcttatg tggatggcag ccagtcaagt

1920
 cagaaaagtg aaaacttgac accagaccag gttagccaga aagaaggaat tcaggctgag 1980
 caaattgtaa tcaaaattac agatcagggc tatgtaacgt cacacggtga ccactatcat 2040
 tactataatg ggaaagtcc ttatgatgcc ctcttttagtg aagaactctt gatgaaggat 2100
 ccaaactatc aacttaaga cgctgatatt gtcaatgaag tcaagggtgg ttatatcatc 2160
 aaggtcgatg gaaaatatat tgctctacctg aaagatgcag ctcatgctga taatgttcga 2220
 actaaagatg aaatcaatcg tcaaaaacaa gaacatgtca aagataatga gaaggttaac 2280
 tctaattgtg ctgtagcaag gtctcaggga

cgatatcga caaatgatgg ttatgtcttt 2340
 aatccagctg atattatcga agatacgggt aatgcttata tcgttctca tggaggtcac 2400
 tatcactaca ttcccaaaag cgatttatct gctagtgaat tagcagcagc taaagcacat 2460
 ctggctggaa aaaaatgca accgagtcag ttaagctatt cttcaacagc tagtgacaat 2520
 aacacgcaat ctgtagcaaa aggatcaact agcaagccag caaataaatc tgaatatctc 2580
 cagagtcttt tgaaggaact ctatgattca cctagcgccc aacgttacag tgaatcagat 2640
 ggcctggtct ttgacctgc taagattatc agtcgtacac caaatggagt tgcgattccg 2700

catggcgacc attaccactt tattccttac agcaagcttt ctgctttaga agaaaagatt 2760
 gccagaatgg tgcctatcag tggaactggg tctacagttt ctacaaatgc aaaacctaat 2820
 gaagtagtgt ctagtctagg cagcttttca agcaatcctt cttctttaac gacaagtaag 2880
 gagctctctt cagcatctga tggttatatt tttaatccaa aagatatcgt tgaagaaacg 2940
 gctacagctt atattgtaag acatgggtgat catttccatt acattccaaa atcaaatcaa 3000
 attgggcaac cgactcttcc aaacaatagt ctagcaacac cttctccatc tcttccaatc 3060
 aatccaggaa cttcacatga gaaacatgaa gaagatggat

acggatttga tgctaactgt 3120
 attatcgctg aagatgaatc aggttttgtc atgagtcacg gagaccacaa tcattatttc 3180
 ttcaagaagg acttgacaga agagcaaat aaggctgcgc aaaaacattt agaggaagtt 3240
 aaaactagtc ataattgatt agattctttg tcatctcatg aacaggatta tccaggtaat 3300
 gccaaagaaa tgaagattt agataaaaaa atcgaagaaa aaattgctgg cattatgaaa 3360
 caatatggtg tcaaacgtga aagtattgtc gtgaataaag aaaaaaatgc gattatttat 3420
 ccgcatggag atcacatca tgcagatccg attgatgaac ataaaccggt tgggaattggt 3480
 cattctcaca

gtaactatga actgttttaa cccgaagaag gagttgctaa aaaagaaggg 3540
 aataaagttt atactggaga agaattaacg aatgttgtta atttgttaaa aaatagtacg 3600
 ttttaataac aaaactttac tctagccaat ggtcaaaaac gcgtttcttt tagttttccg 3660

cctgaattgg agaaaaaatt aggtatcaat atgctagtaa aattaataac accagatgga	3720
aaagtattgg agaaagtatc tggtaaagta ttggagaag gagtagggaa tattgcaaac	3780
tttgaattag atcaacctta ttaccagga caaacattta agtatactat cgcttcaaaa	3840
gattatccag aagtaagtta tgatggtaca ttacagttc caacctcttt	
agcttacaaa	3900
atggccagtc aaacgatttt ctatcctttc catgcagggg atacttattt aagagtgaac	3960
cctcaatttg cagtgcctaa aggaactgat gctttagtca gagtgtttga tgaatttcac	4020
ggaaatgctt atttagaaaa taactataaa gttggtgaaa tcaaattacc gattccgaaa	4080
ttaaaccaag gaacaaccag aacggccgga aataaaattc ctgtaacctt catggcaaat	4140
gcttatttgg acaatcaatc gacttatatt gtggaagtac ctatcttgga aaaagaaaat	4200
caaaactgata aaccaagtat tctaccacaa tttaaaagga ataaagcaca agaaaactca	4260
aaacttgatg aaaaggtaga	
agaaccaag actagtgaga aggtagaaaa agaaaaactt	4320
tctgaaactg ggaatagtac tagtaattca acgttagaag aagttcctac agtggatcct	4380
gtacaagaaa aagtagcaaa atttgctgaa agttatggga tgaagctaga aaatgtcttg	4440
tttaatatgg acggaacaat tgaattatat ttaccatcag gagaagtcac taaaaagaat	4500
atggcagatt ttacaggaga agcacctcaa ggaaatggtg aaaataaacc atctgaaaat	4560
ggaaaagtat ctactggaac agttgagaac caaccaacag aaaataaacc agcagattct	4620
ttaccagagg caccaaacga aaaacctgta aaaccagaaa actcaacgga taatggaatg	
4680	
ttgaatccag aagggaatgt ggggagtgac cctatgttag atccagcatt agaggaagct	4740
ccagcagtag atcctgtaca agaaaaatta gaaaaattta cagctagtta cggattaggc	4800
ttagatagtg ttatattcaa tatggatgga acgattgaat taagattgcc aagtggagaa	4860
gtgataaaaa agaatttatac tgatttcata gcgtaaggaa tagcagtaga aaaagtcga	4920
atcaaaaatg aagttctctc aaaagttaga aataaaactc tgactttggg agaatttcac	4980
tttattatta atatataaaa tttcttgaca tacaacttaa aaagaggtgg aatatttact	5040
agttaatt	5048
<210> 12	
<211> 2647	
<212> DNA	
<213> S. pneumoniae	
<400> 12	
cagagatctt agtgaatcaa atatacttaa gaaaagagga aagaatgaaa atcaataaaa	60
aatatctagc tgggtcagta gctacacttg ttttaagtgt ctgtgcttat gaactaggtt	120
tgcatcaagc tcaaactgta aaagaaaata atcgtgtttc ctatatagat ggaaaacaag	180
cgacgcaaaa aacggagaat ttgactcctg atgaggttag caagcgtgaa ggaatcaacg	240
ccgaacaaat cgtcatcaag attacggatc aaggttatgt gacctctcat ggagaccatt	300
atcattacta taatggcaag gtccttatg atgccatcat	
cagtgaagag ctctcatga	360
aagatccgaa ttatcagttg aaggattcag acattgtcaa tgaaatcaag ggtggttatg	420
tcattaaggt aaacggtaaa tactatgttt accttaagga tgcagctcat gcggataatg	480
tccgtacaaa agaagaaatc aatcggaaca aacaagaaca tagtcagcat cgtgaaggag	540
ggacttcagc aaacgatggt gcggtagcct ttgcacgttc acagggacgc tacaccacag	600
atgatggtta tatcttcaat gcacttgata tcatcgaaga tacgggcgat gcctatatcg	660
ttcctcatgg agatcattac cattacattc ctaagaatga gttatcagct agcgagttgg	720
ctgctgcaga	
agccttccta tctggtcggg aaaatctgtc aaatttaaga acctatcgcc	780
gacaaaaatag cgataaact ccaagaacaa actgggtacc ttctgtaagc aatccaggaa	840
ctacaatac taacacaagc aacaacagca acactaacag tcaagcaagt caaagtaatg	900
acattgatag tctcttgaag cagctctaca aactgccttt gagtcaacgc catgtagaat	960
ctgatggcct tattttcgac ccagcgcaaa tcacaagtcg aaccgccaga ggtgtagctg	1020
tccctcatgg taaccattac cactttatcc cttatgaaca aatgtctgaa ttggaaaaac	1080
gaattgctcg tattattccc cttcgttatc gttcaacca ttgggtacca	
gattcaagac	1140
cagaagaacc aagtccaca ccgactccag aacctagtcc aagtcgcaa cctgcaccaa	1200
atcctcaacc agctccaagc aatccaattg atgagaaatt ggtcaaagaa gctgttcgaa	1260

aagtaggcga tggttatgtc tttagaggaga atggagtttc tcgttatatc ccagccaaga	1320
atctttcagc agaaacagca gcaggcattg atagcaaact ggccaagcag gaaagtattat	1380
ctcataagct aggagctaag aaaactgacc tcccatctag tgatcgagaa ttttacaata	1440
aggcttatga cttactagca agaattcacc aagatttact tgataataaa ggtcgacaag	1500
ttgattttga ggctttggat	
aacctgttgg aacgactcaa ggatgtctca agtgataaag	1560
tcaagttagt ggatgatatt cttgccttct tagctccgat tcgtcatcca gaacgtttag	1620
gaaaacaaaa tgcgcaaatt acctacactg atgatgagat tcaagtagcc aagttggcag	1680
gcaagtacac aacagaagac ggttatatct ttgatcctcg tgatataacc agtgatgagg	1740
gggatgccta tgtaactcca catatgaccc atagccactg gattaaaaaa gatagtittgt	1800
ctgaagctga gagagcggca gcccaggctt atgctaaaga gaaaggtttg acccctcctt	1860
cgacagacca tcaggattca ggaaatactg aggcaaaagg agcagaagct atctacaacc	
1920	
gcgtgaaagc agctaagaag gtgccacttg atcgtatgcc ttacaatctt caatatactg	1980
tagaagtcaa aaacggtagt ttaatcatac ctcatatga ccattaccat aacatcaaat	2040
ttgagtgggt tgacgaaggc ctttatgagg cacctaaggg gtatactctt gaggatcttt	2100
tggcgactgt caagtactat gtcgaacatc caaacgaacg tccgcattca gataatggtt	2160
ttggtaacgc tagcgaccat gttcaaagaa acaaaaatgg tcaagctgat accaatcaaa	2220
cggaaaaacc aagcgaggag aaacctcaga cagaaaaacc tgaggaagaa acccctcgag	2280
aagagaaacc acaagcgag aaaccagagt	
ctccaaaacc aacagaggaa ccagaagaag	2340
aatcaccaga ggaatcagaa gaacctcagg tcgagactga aaaggttgaa gaaaaactga	2400
gagaggctga agatttactt ggaaaaatcc aggatccaat tatcaagtcc aatgccaaag	2460
agactctcac aggattaaaa aataatttac tatttggcac ccaggacaac aatactatta	2520
tggcagaagc tgaaaaacta ttggctttat taaaggagag taagtaagg tagcagcatt	2580
ttctaactcc taaaaacagg ataggagaac gggaaaacga aaatgagag cagaatgtga	2640
gttctag	2647
<210> 13	
<211> 2639	
<212> DNA	
<213> S. pneumoniae	
<220>	
<221> CDS	
<222> (114)..(2627)	
<400> 13	
gggtcttaaa actctgaatc ctttagaggc agaccacaaa aatgacaaga cctattttaga	60
aatctggaa gaaaatatga gtgttctagc agaagaatta aagtgaggaa aga	113
atg aaa atc aat aaa aaa tat cta gca ggt tca gtg gca gtc ctt gcc	161
Met Lys Ile Asn Lys Lys Tyr Leu Ala Gly Ser Val Ala Val Leu Ala	
1 5 10 15	
cta agt gtt tgt tcc tat gaa ctt ggt cgt cac caa gct ggt cag gtt	209
Leu Ser	
Val Cys Ser Tyr Glu Leu Gly Arg His Gln Ala Gly Gln Val	
20 25 30	
aag aaa gag tct aat cga gtt tct tat ata gat ggt gat cag gct ggt	257
Lys Lys Glu Ser Asn Arg Val Ser Tyr Ile Asp Gly Asp Gln Ala Gly	
35 40 45	
caa aag gca gaa aat ttg aca cca gat gaa gtc agt aag aga gag ggg	305
Gln Lys Ala Glu Asn Leu Thr Pro Asp Glu Val Ser Lys Arg Glu Gly	
50 55	
60	
atc aac gcc gaa caa att gtt atc aag att acg gat caa ggt tat gtg	353
Ile Asn Ala Glu Gln Ile Val Ile Lys Ile Thr Asp Gln Gly Tyr Val	
65 70 75 80	
acc tct cat gga gac cat tat cat tac tat aat ggc aag gtt cct tat	401

Thr Ser His Gly Asp His Tyr His Tyr Tyr Asn Gly Lys Val Pro Tyr
85 90 95
gat gcc atc atc agt gaa gaa ctt ctc atg
aaa gat ccg aat tat cag 449
Asp Ala Ile Ile Ser Glu Glu Leu Leu Met Lys Asp Pro Asn Tyr Gln
100 105 110
ttg aag gat tca gac att gtc aat gaa atc aag ggt ggc tat gtg att 497
Leu Lys Asp Ser Asp Ile Val Asn Glu Ile Lys Gly Gly Tyr Val Ile
115 120 125
aag gta gac gga aaa tac tat gtt tac ctt aaa gat gcg gcc cat gcg 545
Lys Val Asp Gly Lys Tyr Tyr Val Tyr Leu
Lys Asp Ala Ala His Ala
130 135 140
gac aat att cgg aca aaa gaa gag att aaa cgt cag aag cag gaa cac 593
Asp Asn Ile Arg Thr Lys Glu Glu Ile Lys Arg Gln Lys Gln Glu His
145 150 155 160
agt cat aat cat aac tca aga gca gat aat gct gtt gct gca gcc aga 641
Ser His Asn His Asn Ser Arg Ala Asp Asn Ala Val Ala Ala Ala Arg
165 170 175
gcc caa gga cgt tat aca acg gat gat ggg tat atc ttc aat gca tct 689
Ala Gln Gly Arg Tyr Thr Thr Asp Asp Gly Tyr Ile Phe Asn Ala Ser
180 185 190
gat atc att gag gac acg ggt gat gct tat atc gtt cct cac ggc gac 737
Asp Ile Ile Glu Asp Thr Gly Asp Ala Tyr Ile Val Pro His Gly Asp
195 200 205
cat tac cat tac att cct aag aat gag tta tca gct agc gag tta gct 785
His Tyr His Tyr Ile Pro Lys Asn Glu Leu Ser Ala Ser Glu Leu Ala
210 215 220
gct gca gaa gcc tat tgg aat ggg aag cag gga tct cgt cct tct tca 833
Ala Ala Glu Ala Tyr Trp Asn Gly Lys Gln Gly Ser Arg Pro Ser Ser
225 230 235 240
agt tct agt tat aat gca aat cca gtt caa cca aga ttg tca gag aac 881
Ser Ser Ser Tyr Asn Ala Asn Pro Val Gln Pro Arg Leu Ser Glu Asn
245
250 255
cac aat ctg act gtc act cca act tat cat caa aat caa ggg gaa aac 929
His Asn Leu Thr Val Thr Pro Thr Tyr His Gln Asn Gln Gly Glu Asn
260 265 270
att tca agc ctt tta cgt gaa ttg tat gct aaa ccc tta tca gaa cgc 977
Ile Ser Ser Leu Leu Arg Glu Leu Tyr Ala Lys Pro Leu Ser Glu Arg
275 280 285
cat gta gaa tct gat ggc ctt att
ttc gac cca gcg caa atc aca agt 1025
His Val Glu Ser Asp Gly Leu Ile Phe Asp Pro Ala Gln Ile Thr Ser
290 295 300
cga acc gcc aga ggt gta gct gtc cct cat ggt aac cat tac cac ttt 1073
Arg Thr Ala Arg Gly Val Ala Val Pro His Gly Asn His Tyr His Phe
305 310 315 320
atc cct tat gaa caa atg tct gaa ttg gaa aaa cga att gct cgt att 1121
Ile Pro Tyr Glu Gln Met Ser Glu
Leu Glu Lys Arg Ile Ala Arg Ile
325 330 335
att ccc ctt cgt tat cgt tca aac cat tgg gta cca gat tca aga cca 1169
Ile Pro Leu Arg Tyr Arg Ser Asn His Trp Val Pro Asp Ser Arg Pro
340 345 350

gaa caa cca agt cca caa tcg act ccg gaa cct agt cca agt ctg caa Glu Gln Pro Ser Pro Gln Ser Thr Pro Glu Pro Ser Pro Ser Leu Gln 355 360 365	1217
cct gca cca aat cct caa cca gct cca agc aat cca att gat gag aaa Pro Ala Pro Asn Pro Gln Pro Ala Pro Ser Asn Pro Ile Asp Glu Lys 370 375 380	1265
ttg gtc aaa gaa gct gtt cga aaa gta ggc gat ggt tat gtc ttt gag Leu Val Lys Glu Ala Val Arg Lys Val Gly Asp Gly Tyr Val Phe Glu 385 390 395 400	1313
gag aat gga gtt tct cgt tat atc cca gcc aag gat ctt tca gca gaa 1361 Glu Asn Gly Val Ser Arg Tyr Ile Pro Ala Lys Asp Leu Ser Ala Glu 405 410 415	
aca gca gca ggc att gat agc aaa ctg gcc aag cag gaa agt tta tct Thr Ala Ala Gly Ile Asp Ser Lys Leu Ala Lys Gln Glu Ser Leu Ser 420 425 430	1409
cat aag cta gga gct aag aaa act gac ctc cca tct agt gat cga gaa His Lys Leu Gly Ala Lys Lys Thr Asp Leu Pro Ser Ser Asp Arg Glu 435 440 445	1457
ttt tac aat aag gct tat gac tta cta gca aga att cac caa gat tta Phe Tyr Asn Lys Ala Tyr Asp Leu Leu Ala Arg Ile His Gln Asp Leu 450 455 460	1505
ctt gat aat aaa ggt cga caa gtt gat ttt gag gtt ttg gat aac ctg Leu Asp Asn Lys Gly Arg Gln Val Asp Phe Glu Val Leu Asp Asn Leu 465 470 475 480	1553
ttg gaa cga ctc aag gat gtc tca agt gat aaa gtc aag tta gtg gat Leu Glu Arg Leu Lys Asp Val Ser Ser Asp Lys Val Lys Leu Val Asp 485 490 495	1601
gat att ctt gcc ttc tta gct ccg att cgt cat cca gaa cgt tta gga Asp Ile Leu Ala Phe Leu Ala Pro Ile Arg His Pro Glu Arg Leu Gly 500 505 510	1649
aaa cca aat gcg caa att acc tac act gat gat gag att caa gta gcc Lys Pro Asn Ala Gln Ile Thr Tyr Thr Asp Asp Glu Ile Gln Val Ala 515 520 525	1697
aag ttg gca ggc aag tac aca aca gaa gac ggt tat atc ttt gat cct Lys Leu Ala Gly Lys Tyr Thr Thr Glu Asp Gly Tyr Ile Phe Asp Pro 530 535 540	1745
cgt gat ata acc agt gat gag ggg gat gcc tat gta act cca cat atg Arg Asp Ile Thr Ser Asp Glu Gly Asp Ala Tyr Val Thr Pro His Met 545 550	1793
acc cat agc cac tgg att aaa aaa gat agt ttg tct gaa gct gag aga Thr His Ser His Trp Ile Lys Lys Asp Ser Leu Ser Glu Ala Glu Arg 555 560 565 570 575	1841
gcg gca gcc cag gct tat gct aaa gag aaa ggt ttg acc cct cct tcg Ala Ala Ala Gln Ala Tyr Ala Lys Glu Lys Gly Leu Thr Pro Pro Ser 580 585 590	1889
aca gac cac cag gat tca gga aat act gag gca aaa gga gca gaa gct Thr Asp His Gln Asp Ser Gly Asn Thr Glu Ala Lys Gly Ala Glu Ala 595 600 605	
atc tac aac cgc gtg aaa gca gct aag aag gtg cca ctt gat cgt atg Ile Tyr Asn Arg Val Lys Ala Ala Lys Lys Val Pro Leu Asp Arg Met	1985

610 615 620
 cct tac aat ctt caa tat act gta gaa gtc aaa aac ggt agt tta atc 2033
 Pro Tyr Asn Leu Gln Tyr Thr Val Glu
 Val Lys Asn Gly Ser Leu Ile
 625 630 635 640
 ata cct cat tat gac cat tac cat aac atc aaa ttt gag tgg ttt gac 2081
 Ile Pro His Tyr Asp His Tyr His Asn Ile Lys Phe Glu Trp Phe Asp
 645 650 655
 gaa ggc ctt tat gag gca cct aag ggg tat agt ctt gag gat ctt ttg 2129
 Glu Gly Leu Tyr Glu Ala Pro Lys Gly Tyr Ser Leu Glu Asp Leu Leu
 660 665 670

 gcg act gtc aag tac tat gtc gaa cat cca aac gaa cgt ccg cat tca 2177
 Ala Thr Val Lys Tyr Tyr Val Glu His Pro Asn Glu Arg Pro His Ser
 675 680 685
 gat aat ggt ttt ggt aac gct agt gac cat gtt cgt aaa aat aag gca 2225
 Asp Asn Gly Phe Gly Asn Ala Ser Asp His Val Arg Lys Asn Lys Ala
 690 695 700
 gac caa gat agt aaa cct gat gaa gat aag gaa cat gat gaa gta agt 2273

 Asp Gln Asp Ser Lys Pro Asp Glu Asp Lys Glu His Asp Glu Val Ser
 705 710 715 720
 gag cca act cac cct gaa tct gat gaa aaa gag aat cac gct ggt tta 2321
 Glu Pro Thr His Pro Glu Ser Asp Glu Lys Glu Asn His Ala Gly Leu
 725 730 735
 aat cct tca gca gat aat ctt tat aaa cca agc act gat acg gaa gag 2369
 Asn Pro Ser Ala Asp Asn Leu Tyr Lys Pro Ser Thr Asp Thr Glu Glu
 740
 745 750
 aca gag gaa gaa gct gaa gat acc aca gat gag gct gaa att cct caa 2417
 Thr Glu Glu Glu Ala Glu Asp Thr Thr Asp Glu Ala Glu Ile Pro Gln
 755 760 765
 gta gag aat tct gtt att aac gct aag ata gca gat gcg gag gcc ttg 2465
 Val Glu Asn Ser Val Ile Asn Ala Lys Ile Ala Asp Ala Glu Ala Leu
 770 775 780
 cta gaa aaa gta aca gat cct
 agt att aga caa aat gct atg gag aca 2513
 Leu Glu Lys Val Thr Asp Pro Ser Ile Arg Gln Asn Ala Met Glu Thr
 785 790 795 800
 ttg act ggt cta aaa agt agt ctt ctt ctc gga acg aaa gat aat aac 2561
 Leu Thr Gly Leu Lys Ser Ser Leu Leu Leu Gly Thr Lys Asp Asn Asn
 805 810 815
 act att tca gca gaa gta gat agt ctc ttg gct ttg tta aaa gaa agt 2609
 Thr Ile Ser Ala Glu Val Asp
 Ser Leu Leu Ala Leu Leu Lys Glu Ser
 820 825 830
 caa ccg gct cct ata cag tag taaaatgaa 2639
 Gln Pro Ala Pro Ile Gln
 835
 <210> 14
 <211> 838
 <212> PRT
 <213> S. pneumoniae
 <400> 14
 Met Lys Ile Asn Lys Lys Tyr Leu Ala Gly Ser Val Ala Val Leu Ala
 1 5 10 15

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

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

Ile Pro His Tyr Asp His Tyr His Asn Ile Lys Phe Glu Trp Phe Asp
645 650 655

Glu Gly Leu Tyr Glu Ala Pro Lys Gly Tyr Ser Leu Glu Asp Leu Leu
660 665 670

Ala Thr Val Lys Tyr Tyr Val Glu His Pro Asn Glu Arg Pro His Ser
675 680 685

Asp Asn Gly Phe Gly Asn Ala Ser Asp His Val Arg Lys Asn Lys Ala
690 695 700

Asp Gln Asp Ser Lys Pro Asp Glu Asp Lys Glu His Asp Glu Val Ser
705 710 715 720

Glu Pro Thr His Pro Glu Ser Asp Glu Lys Glu Asn His Ala Gly Leu
725 730 735

Asn Pro Ser Ala Asp Asn Leu Tyr Lys Pro Ser Thr Asp Thr Glu Glu
740 745 750

Thr Glu Glu Glu Ala Glu Asp Thr Thr Asp Glu Ala Glu Ile Pro Gln
755 760 765

Val Glu Asn Ser Val Ile Asn Ala Lys Ile Ala Asp Ala Glu Ala Leu
770 775 780

Leu Glu Lys Val Thr Asp Pro Ser Ile Arg Gln Asn Ala Met Glu Thr
785 790 795 800

Leu Thr Gly Leu Lys Ser Ser Leu Leu Leu Gly Thr Lys Asp Asn Asn
805 810 815

Thr Ile Ser Ala Glu Val Asp Ser Leu Leu Ala Leu Leu Lys Glu Ser
820 825 830

Gln Pro Ala Pro Ile Gln
835

<210> 15
<211> 2528
<212> DNA
<213> S. pneumoniae
<220>

<221> CDS
<222> (1)..(2520)
<400> 15

tgt gcc tat gca cta aac cag cat cgt tcg cag gaa aat aag gac aat 48
Cys Ala Tyr Ala Leu Asn Gln His Arg Ser Gln Glu Asn Lys Asp Asn
1 5 10 15

aat cgt gtc tct tat gtg gat ggc agc cag tca agt cag aaa agt gaa 96
Asn Arg Val Ser Tyr Val Asp Gly Ser Gln Ser Ser Gln Lys Ser Glu
20 25 30

aac ttg aca cca gac cag gtt
agc cag aaa gaa gga att cag gct gag 144
Asn Leu Thr Pro Asp Gln Val Ser Gln Lys Glu Gly Ile Gln Ala Glu
35 40 45

caa att gta atc aaa att aca gat cag ggc tat gta acg tca cac ggt 192
Gln Ile Val Ile Lys Ile Thr Asp Gln Gly Tyr Val Thr Ser His Gly

50	55	60	
gat cac tat cat tac tat aat ggg aaa gtt cct tat gat gcc ctc ttt			240
Asp His Tyr His Tyr Tyr Asn			
Gly Lys Val Pro Tyr Asp Ala Leu Phe			
65	70	75	80
agt gaa gaa ctc ttg atg aag gat cca aac tat caa ctt aaa gac gct			288
Ser Glu Glu Leu Leu Met Lys Asp Pro Asn Tyr Gln Leu Lys Asp Ala			
85	90	95	
gat att gtc aat gaa gtc aag ggt ggt tat atc atc aag gtc gat gga			336
Asp Ile Val Asn Glu Val Lys Gly Gly Tyr Ile Ile Lys Val Asp Gly			
100	105	110	
aaa tat tat gtc tac ctg aaa gat gca gct cat gct gat aat gtt cga			384
Lys Tyr Tyr Val Tyr Leu Lys Asp Ala Ala His Ala Asp Asn Val Arg			
115	120	125	
act aaa gat gaa atc aat cgt caa aaa caa gaa cat gtc aaa gat aat			432
Thr Lys Asp Glu Ile Asn Arg Gln Lys Gln Glu His Val Lys Asp Asn			
130	135	140	
gag aag gtt aac tct aat gtt gct gta gca agg tct cag gga cga tat			480
Glu Lys Val Asn Ser Asn Val Ala Val Ala Arg Ser Gln Gly Arg Tyr			
145	150	155	160
acg aca aat gat ggt tat gtc ttt aat cca gct gat att atc gaa gat			528
Thr Thr Asn Asp Gly Tyr Val Phe Asn Pro Ala Asp Ile Ile Glu Asp			
165	170	175	
acg ggt aat gct tat atc gtt cct cat gga ggt cac tat cac tac att			576
Thr Gly Asn Ala Tyr Ile Val Pro His Gly Gly His Tyr His Tyr Ile			
180	185	190	
ccc aaa agc gat tta tct gct agt gaa tta gca gca gct aaa gca cat			624
Pro Lys Ser Asp Leu Ser Ala Ser Glu Leu Ala Ala Ala Lys Ala His			
195	200	205	
ctg gct gga aaa aat atg caa ccg agt cag tta agc tat tct tca aca			672
Leu Ala Gly Lys Asn Met Gln Pro Ser Gln Leu Ser Tyr Ser Ser Thr			
210	215	220	
cct tct cca tct ctt cca atc			
aat cca gga act tca cat gag aaa cat	720		
Pro Ser Pro Ser Leu Pro Ile Asn Pro Gly Thr Ser His Glu Lys His			
225	230	235	240
gaa gaa gat gga tac gga ttt gat gct aat cgt att atc gct gaa gat			768
Glu Glu Asp Gly Tyr Gly Phe Asp Ala Asn Arg Ile Ile Ala Glu Asp			
245	250	255	
gaa tca ggt ttt gtc atg agt cac gga gac cac aat cat tat ttc ttc			816
Glu Ser Gly Phe Val Met Ser			
His Gly Asp His Asn His Tyr Phe Phe			
260	265	270	
aag aag gac ttg aca gaa gag caa att aag gct gcg caa aaa cat tta			864
Lys Lys Asp Leu Thr Glu Glu Gln Ile Lys Ala Ala Gln Lys His Leu			
275	280	285	
gag gaa gtt aaa act agt cat aat gga tta gat tct ttg tca tct cat			912
Glu Glu Val Lys Thr Ser His Asn Gly Leu Asp Ser Leu Ser Ser His			
290	295	300	
gaa cag gat tat cca agt aat gcc aaa gaa atg aaa gat tta gat aaa			960
Glu Gln Asp Tyr Pro Ser Asn Ala Lys Glu Met Lys Asp Leu Asp Lys			
305	310	315	320
aaa atc gaa gaa aaa att gct ggc att atg aaa caa tat ggt gtc aaa			1008

Lys Ile Glu Glu Lys Ile Ala Gly Ile Met Lys Gln Tyr Gly Val Lys
 325 330 335
 cgt gaa agt att gtc gtg aat aaa gaa aaa aat gcg att att tat
 ccg 1056
 Arg Glu Ser Ile Val Val Asn Lys Glu Lys Asn Ala Ile Ile Tyr Pro
 340 345 350
 cat gga gat cac cat cat gca gat ccg att gat gaa cat aaa ccg gtt 1104
 His Gly Asp His His His Ala Asp Pro Ile Asp Glu His Lys Pro Val
 355 360 365
 gga att ggt cat tct cac agt aac tat gaa ctg ttt aaa ccc gaa gaa 1152
 Gly Ile Gly His Ser His Ser Asn Tyr Glu Leu Phe Lys Pro Glu
 Glu
 370 375 380
 gga gtt gct aaa aaa gaa ggg aat aaa gtt tat act gga gaa gaa tta 1200
 Gly Val Ala Lys Lys Glu Gly Asn Lys Val Tyr Thr Gly Glu Glu Leu
 385 390 395 400
 acg aat gtt gtt aat ttg tta aaa aat agt acg ttt aat aat caa aac 1248
 Thr Asn Val Val Asn Leu Leu Lys Asn Ser Thr Phe Asn Asn Gln Asn
 405 410 415
 ttt
 act cta gcc aat ggt caa aaa cgc gtt tct ttt agt ttt ccg cct 1296
 Phe Thr Leu Ala Asn Gly Gln Lys Arg Val Ser Phe Ser Phe Pro Pro
 420 425 430
 gaa ttg gag aaa aaa tta ggt atc aat atg cta gta aaa tta ata aca 1344
 Glu Leu Glu Lys Lys Leu Gly Ile Asn Met Leu Val Lys Leu Ile Thr
 435 440 445
 cca gat gga aaa gta ttg gag aaa gta tct ggt aaa gta ttt gga gaa 1392
 Pro
 Asp Gly Lys Val Leu Glu Lys Val Ser Gly Lys Val Phe Gly Glu
 450 455 460
 gga gta ggg aat att gca aac ttt gaa tta gat caa cct tat tta cca 1440
 Gly Val Gly Asn Ile Ala Asn Phe Glu Leu Asp Gln Pro Tyr Leu Pro
 465 470 475 480
 gga caa aca ttt aag tat act atc gct tca aaa gat tat cca gaa gta 1488
 Gly Gln Thr Phe Lys Tyr Thr Ile Ala Ser Lys Asp Tyr Pro Glu Val
 485
 490 495
 agt tat gat ggt aca ttt aca gtt cca acc tct tta gct tac aaa atg 1536
 Ser Tyr Asp Gly Thr Phe Thr Val Pro Thr Ser Leu Ala Tyr Lys Met
 500 505 510
 gcc agt caa acg att ttc tat cct ttc cat gca ggg gat act tat tta 1584
 Ala Ser Gln Thr Ile Phe Tyr Pro Phe His Ala Gly Asp Thr Tyr Leu
 515 520 525
 aga gtg aac cct caa ttt gca gtg
 cct aaa gga act gat gct tta gtc 1632
 Arg Val Asn Pro Gln Phe Ala Val Pro Lys Gly Thr Asp Ala Leu Val
 530 535 540
 aga gtg ttt gat gaa ttt cat gga aat gct tat tta gaa aat aac tat 1680
 Arg Val Phe Asp Glu Phe His Gly Asn Ala Tyr Leu Glu Asn Asn Tyr
 545 550 555 560
 aaa gtt ggt gaa atc aaa tta ccg att ccg aaa tta aac caa gga aca 1728
 Lys Val Gly Glu Ile Lys Leu Pro
 Ile Pro Lys Leu Asn Gln Gly Thr
 565 570 575
 acc aga acg gcc gga aat aaa att cct gta acc ttc atg gca aat gct 1776
 Thr Arg Thr Ala Gly Asn Lys Ile Pro Val Thr Phe Met Ala Asn Ala
 580 585 590

tat ttg gac aat caa tcg act tat att gtg gaa gta cct atc ttg gaa Tyr Leu Asp Asn Gln Ser Thr Tyr Ile Val Glu Val Pro Ile Leu Glu 595 600 605	1824
aaa gaa aat caa act gat aaa cca agt att cta cca caa ttt aaa agg Lys Glu Asn Gln Thr Asp Lys Pro Ser Ile Leu Pro Gln Phe Lys Arg 610 615 620	1872
aat aaa gca caa gaa aac tca aaa ctt gat gaa aag gta gaa gaa cca Asn Lys Ala Gln Glu Asn Ser Lys Leu Asp Glu Lys Val Glu Glu Pro 625 630 635 640	1920
aag act agt gag aag gta gaa aaa gaa aaa ctt tct gaa act ggg aat 1968	
Lys Thr Ser Glu Lys Val Glu Lys Glu Lys Leu Ser Glu Thr Gly Asn 645 650 655	
agt act agt aat tca acg tta gaa gaa gtt cct aca gtg gat cct gta Ser Thr Ser Asn Ser Thr Leu Glu Glu Val Pro Thr Val Asp Pro Val 660 665 670	2016
caa gaa aaa gta gca aaa ttt gct gaa agt tat ggg atg aag cta gaa Gln Glu Lys Val Ala Lys Phe Ala Glu Ser Tyr Gly Met Lys Leu Glu 675 680 685	2064
aat gtc ttg ttt aat atg gac gga aca att gaa tta tat tta cca tcg Asn Val Leu Phe Asn Met Asp Gly Thr Ile Glu Leu Tyr Leu Pro Ser 690 695 700	2112
gga gaa gtc att aaa aag aat atg gca gat ttt aca gga gaa gca cct Gly Glu Val Ile Lys Lys Asn Met Ala Asp Phe Thr Gly Glu Ala Pro 705 710 715 720	2160
caa gga	
aat ggt gaa aat aaa cca tct gaa aat gga aaa gta tct act Gln Gly Asn Gly Glu Asn Lys Pro Ser Glu Asn Gly Lys Val Ser Thr 725 730 735	2208
gga aca gtt gag aac caa cca aca gaa aat aaa cca gca gat tct tta Gly Thr Val Glu Asn Gln Pro Thr Glu Asn Lys Pro Ala Asp Ser Leu 740 745 750	2256
cca gag gca cca aac gaa aaa cct gta aaa cca gaa aac tca acg gat Pro Glu Ala Pro Asn Glu Lys Pro Val Lys Pro Glu Asn Ser Thr Asp 755 760 765	2304
aat gga atg ttg aat cca gaa ggg aat gtg ggg agt gac cct atg tta Asn Gly Met Leu Asn Pro Glu Gly Asn Val Gly Ser Asp Pro Met Leu 770 775 780	2352
gat tca gca tta gag gaa gct cca gca gta gat cct gta caa gaa aaa Asp Ser Ala Leu Glu Glu Ala Pro Ala Val Asp Pro Val Gln Glu Lys 785 790	2400
tta gaa aaa ttt aca gct agt tac gga tta ggc tta gat agt gtt ata Leu Glu Lys Phe Thr Ala Ser Tyr Gly Leu Gly Leu Asp Ser Val Ile 805 810 815	2448
ttc aat atg gat gga acg att gaa tta aga ttg cca agt gga gaa gtg Phe Asn Met Asp Gly Thr Ile Glu Leu Arg Leu Pro Ser Gly Glu Val 820 825 830	2496
ata aaa aag aat tta ttg atc tca tagcgtaa 2528	
Ile Lys Lys Asn Leu Leu Ile Ser 835 840	
<210> 16	
<211> 840	

<212> PRT

<213> *S. pneumoniae*

<400> 16

Cys Ala Tyr Ala Leu Asn Gln His Arg Ser Gln Glu Asn Lys Asp Asn
1 5 10 15

Asn Arg Val Ser Tyr Val Asp Gly Ser Gln Ser Ser Gln Lys Ser Glu
20 25 30

Asn Leu Thr Pro Asp Gln Val Ser Gln Lys Glu Gly Ile Gln Ala Glu
35 40 45

Gln Ile Val Ile Lys Ile Thr Asp Gln Gly Tyr Val Thr Ser His Gly
50 55 60

Asp His Tyr His Tyr Tyr Asn Gly Lys Val Pro Tyr Asp Ala Leu Phe
65 70 75 80

Ser Glu Glu Leu Leu Met Lys Asp Pro Asn Tyr Gln Leu Lys Asp Ala
85 90 95

Asp Ile Val Asn Glu Val Lys Gly Gly Tyr Ile Ile Lys Val Asp Gly
100 105 110

Lys Tyr Tyr Val Tyr Leu Lys Asp Ala Ala His Ala Asp Asn Val Arg
115 120 125

Thr Lys Asp Glu Ile Asn Arg Gln Lys Gln Glu His Val Lys Asp Asn
130 135 140

Glu Lys Val Asn Ser Asn Val Ala Val Ala Arg Ser Gln Gly Arg Tyr
145 150 155 160

Thr Thr Asn Asp Gly Tyr Val Phe Asn Pro Ala Asp Ile Ile Glu Asp
165 170 175

Thr Gly Asn Ala Tyr Ile Val Pro His Gly Gly His Tyr His Tyr Ile
180 185 190

Pro Lys Ser Asp Leu Ser Ala Ser Glu Leu Ala Ala Ala Lys Ala His
195 200 205

Leu Ala Gly Lys Asn Met Gln Pro Ser Gln Leu Ser Tyr Ser Ser Thr
210 215 220

Pro Ser Pro Ser Leu Pro Ile Asn Pro Gly Thr Ser His Glu Lys His
225 230 235 240

Glu Glu Asp Gly Tyr Gly Phe Asp Ala Asn Arg Ile Ile Ala Glu Asp
245 250 255

Glu Ser Gly Phe Val Met Ser His Gly Asp His Asn His Tyr Phe Phe
260 265 270

Lys Lys Asp Leu Thr Glu Glu Gln Ile Lys Ala Ala Gln Lys His Leu
275 280 285

Glu Glu Val Lys Thr Ser His Asn Gly Leu Asp Ser Leu Ser Ser His

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

Lys Glu Asn Gln Thr Asp Lys Pro Ser Ile Leu Pro Gln Phe Lys Arg
 610 615 620
 Asn Lys Ala Gln Glu Asn Ser Lys Leu Asp Glu Lys Val Glu Glu Pro
 625 630 635 640
 Lys Thr Ser Glu Lys Val Glu Lys Glu Lys Leu Ser Glu Thr Gly Asn
 645 650 655
 Ser Thr Ser Asn Ser Thr Leu Glu Glu Val Pro Thr Val Asp Pro Val
 660 665 670
 Gln Glu Lys Val Ala Lys Phe Ala Glu Ser Tyr Gly Met Lys Leu Glu
 675 680 685
 Asn Val Leu Phe Asn Met Asp Gly Thr Ile Glu Leu Tyr Leu Pro Ser
 690 695 700
 Gly Glu Val Ile Lys Lys Asn Met Ala Asp Phe Thr Gly Glu Ala Pro
 705 710 715 720
 Gln Gly Asn Gly Glu Asn Lys Pro Ser Glu Asn Gly Lys Val Ser Thr
 725 730 735
 Gly Thr Val Glu Asn Gln Pro Thr Glu Asn Lys Pro Ala Asp Ser Leu
 740 745 750
 Pro Glu Ala Pro Asn Glu Lys Pro Val Lys Pro Glu Asn Ser Thr Asp
 755 760 765
 Asn Gly Met Leu Asn Pro Glu Gly Asn Val Gly Ser Asp Pro Met Leu
 770 775 780
 Asp Ser Ala Leu Glu Glu Ala Pro Ala Val Asp Pro Val Gln Glu Lys
 785 790 795 800
 Leu Glu Lys Phe Thr Ala Ser Tyr Gly Leu Gly Leu Asp Ser Val Ile
 805 810 815
 Phe Asn Met Asp Gly Thr Ile Glu Leu Arg Leu Pro Ser Gly Glu Val
 820 825 830
 Ile Lys Lys Asn Leu Leu Ile Ser
 835 840
 <210> 17
 <211> 27
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220>
 <223> PCR oligonucleotide primer
 <400> 17
 cagtagatct gtgcctatgc actaaac
 <210> 18
 <211> 33
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	
<400>	18	
	gatctctaga ctactgctat tccttagct atg	33
<210>	19	
<211>	30	
<212>	DNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	
<400>	19	
	atcactcgag cattacctgg ataatacctgt	30
<210>	20	
<211>	26	
<212>	DNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	
<400>	20	
	ctgctaagct tatgaaagat ttagat	26
<210>	21	
<211>	24	
<212>	DNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	
<400>	21	
	gatactcgag ctgctattcc ttac	24
<210>	22	
<211>	28	
<212>	DNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	
<400>	22	
	gaatctcgag ttaagctgct gctaattc	28
<210>	23	
<211>	32	
<212>	DNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	
<400>	23	
	gacgctcgag cgctatgaaa tcagataaat tc	32
<210>	24	
<211>	37	
<212>	DNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	

<400>	24	
gacgctcgag ggcattacct ggataatcct gttcatg		37
<210>	25	
<211>	33	
<212>	DNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	
<400>	25	
cagtagatct cttcatcatt tattgaaaag agg		33
<210>	26	
<211>	40	
<212>	DNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	
<400>	26	
ttattttctt catatggact tgacagaaga gcaaattaag		40
<210>	27	
<211>	32	
<212>	DNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	
<400>	27	
cgccaagctt cgctatgaaa tcagataaat tc		32
<210>	28	
<211>	34	
<212>	DNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	
<400>	28	
cgccaagctt ttccacaata taagtcgatt gatt		34
<210>	29	
<211>	40	
<212>	DNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	
<400>	29	
ttattttctt catatggaag tacctatctt ggaaaaagaa		40
<210>	30	
<211>	37	
<212>	DNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	
<400>	30	
ttattttctt catatgggtgc ctatgcacta aaccagc		37
<210>	31	

<211>	40	
<212>	DNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	
<400>	31	
	ataagaatgc ggccgcttcc acaatataag tcgattgatt	40
<210>	32	
<211>	31	
<212>	DNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	
<400>	32	
	cagtagatct gtgcttatga actaggtttg c	31
<210>	33	
<211>	32	
<212>	DNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	
<400>	33	
	gatcaagctt gctgctacct ttacttactc tc	32
<210>	34	
<211>	26	
<212>	DNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	
<400>	34	
	ctgagatatc cgttatcggtt caaacc	26
<210>	35	
<211>	28	
<212>	DNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	
<400>	35	
	ctgcaagctt ttaaaggga ataatacg	28
<210>	36	
<211>	29	
<212>	DNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	
<400>	36	
	cagtagatct gcagaagcct tcctatctg	29
<210>	37	
<211>	33	
<212>	DNA	
<213>	Artificial Sequence	

<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	
<400>	37	
	tcgccaagct tcgttatcgt tcaaaccatt ggg	33
<210>	38	
<211>	45	
<212>	DNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	
<400>	38	
	ataagaatgc ggccgcctta ctctccttta ataaagccaa tagtt	45
<210>	39	
<211>	34	
<212>	DNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	
<400>	39	
	catgccatgg acattgatag tctcttgaaa cagc	34
<210>	40	
<211>	37	
<212>	DNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	
<400>	40	
	cgccaagctt cttactctcc tttataaag ccaatag	37
<210>	41	
<211>	31	
<212>	DNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	
<400>	41	
	cgacaagctt aacatggtcg ctagcgttac c	31
<210>	42	
<211>	30	
<212>	DNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	
<400>	42	
	cataccatgg gcctttatga ggcacctaag	30
<210>	43	
<211>	34	
<212>	DNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	

<400>	43	
cgacaagctt aagtaaactc tcagcctctc tcag		34
<210>	44	
<211>	31	
<212>	DNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	
<400>	44	
gataccatgg ctagcgacca tgttcaaaga a		31
<210>	45	
<211>	36	
<212>	DNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	
<400>	45	
cgccaagctt atcatccact aacttgactt tatcac		36
<210>	46	
<211>	33	
<212>	DNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	
<400>	46	
cataccatgg atattcttgc cttcttagct ccg		33
<210>	47	
<211>	30	
<212>	DNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	
<400>	47	
catgccatgg tgcttatgaa ctaggtttgc		30
<210>	48	
<211>	32	
<212>	DNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	
<400>	48	
cgccaagctt tagcggtacc aaaaccatta tc		32
<210>	49	
<211>	36	
<212>	DNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220>		
<223>	PCR oligonucleotide primer	
<400>	49	
gtattagatc tgttcctatg aacttggtcg tcacca		36
<210>	50	

<211> 28
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220>

<223> PCR oligonucleotide primer
 <400> 50
 cgcctctaga ctactgtata ggagccgg 28
 <210> 51
 <211> 34
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220>

<223> PCR oligonucleotide primer
 <400> 51
 catgccatgg aaaacatttc aagcctttta cgtg 34
 <210> 52
 <211> 34
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220>

<223> PCR oligonucleotide primer
 <400> 52
 cgacaagctt ctgtatagga gccggttgac tttc 34
 <210> 53
 <211> 34
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220>

<223> PCR oligonucleotide primer
 <400> 53
 catgccatgg ttcgtaaaaa taaggcagac caag 34
 <210> 54
 <211> 30
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220>

<223> PCR oligonucleotide primer
 <400> 54
 catgccatgg aagcctattg gaatgggaag 30
 <210> 55
 <211> 1019
 <212> PRT
 <213> S. pneumoniae
 <400> 55
 Cys Ala Tyr Ala Leu Asn Gln His Arg Ser Gln Glu Asn Lys Asp Asn
 1 5 10 15
 Asn Arg Val Ser Tyr Val Asp Gly Ser Gln Ser Ser Gln Lys Ser Glu
 20 25 30
 Asn Leu Thr Pro Asp Gln Val Ser Gln Lys Glu Gly Ile Gln Ala Glu

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

Ala Ser Asp Gly Tyr Ile Phe Asn Pro Lys Asp Ile Val Glu Glu Thr
355 360 365

Ala Thr Ala Tyr Ile Val Arg His Gly Asp His Phe His Tyr Ile Pro
370 375 380

Lys Ser Asn Gln Ile Gly Gln Pro Thr Leu Pro Asn Asn Ser Leu Ala
385 390 395 400

Thr Pro Ser Pro Ser Leu Pro Ile Asn Pro Gly Thr Ser His Glu Lys
405 410 415

His Glu Glu Asp Gly Tyr Gly Phe Asp Ala Asn Arg Ile Ile Ala Glu
420 425 430

Asp Glu Ser Gly Phe Val Met Ser His Gly Asp His Asn His Tyr Phe
435 440 445

Phe Lys Lys Asp Leu Thr Glu Glu Gln Ile Lys Ala Ala Gln Lys His
450 455 460

Leu Glu Glu Val Lys Thr Ser His Asn Gly Leu Asp Ser Leu Ser Ser
465 470 475 480

His Glu Gln Asp Tyr Pro Gly Asn Ala Lys Glu Met Lys Asp Leu Asp
485 490 495

Lys Lys Ile Glu Glu Lys Ile Ala Gly Ile Met Lys Gln Tyr Gly Val
500 505 510

Lys Arg Glu Ser Ile Val Val Asn Lys Glu Lys Asn Ala Ile Ile Tyr
515 520 525

Pro His Gly Asp His His His Ala Asp Pro Ile Asp Glu His Lys Pro
530 535 540

Val Gly Ile Gly His Ser His Ser Asn Tyr Glu Leu Phe Lys Pro Glu
545 550 555 560

Glu Gly Val Ala Lys Lys Glu Gly Asn Lys Val Tyr Thr Gly Glu Glu
565 570 575

Leu Thr Asn Val Val Asn Leu Leu Lys Asn Ser Thr Phe Asn Asn Gln
580 585 590

Asn Phe Thr Leu Ala Asn Gly Gln Lys Arg Val Ser Phe Ser Phe Pro
595 600 605

Pro Glu Leu Glu Lys Lys Leu Gly Ile Asn Met Leu Val Lys Leu Ile
610 615 620

Thr Pro Asp Gly Lys Val Leu Glu Lys Val Ser Gly Lys Val Phe Gly
625 630 635 640

Glu Gly Val Gly Asn Ile Ala Asn Phe Glu Leu Asp Gln Pro Tyr Leu
645 650 655

Pro Gly Gln Thr Phe Lys Tyr Thr Ile Ala Ser Lys Asp Tyr Pro Glu

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

Lys Leu Glu Lys Phe Thr Ala Ser Tyr Gly Leu Gly Leu Asp Ser Val
980 985 990

Ile Phe Asn Met Asp Gly Thr Ile Glu Leu Arg Leu Pro Ser Gly Glu
995 1000 1005

Val Ile Lys Lys Asn Leu Ser Asp Phe Ile Ala
1010 1015

<210> 56
<211> 489
<212> PRT
<213> S. pneumoniae
<400> 56

Cys Ala Tyr Ala Leu Asn Gln His Arg Ser Gln Glu Asn Lys Asp Asn
1 5 10 15

Asn Arg Val Ser Tyr Val Asp Gly Ser Gln Ser Ser Gln Lys Ser Glu
20 25 30

Asn Leu Thr Pro Asp Gln Val Ser Gln Lys Glu Gly Ile Gln Ala Glu
35 40 45

Gln Ile Val Ile Lys Ile Thr Asp Gln Gly Tyr Val Thr Ser His Gly
50 55 60

Asp His Tyr His Tyr Tyr Asn Gly Lys Val Pro Tyr Asp Ala Leu Phe
65 70 75 80

Ser Glu Glu Leu Leu Met Lys Asp Pro Asn Tyr Gln Leu Lys Asp Ala
85 90 95

Asp Ile Val Asn Glu Val Lys Gly Gly Tyr Ile Ile Lys Val Asp Gly
100 105 110

Lys Tyr Tyr Val Tyr Leu Lys Asp Ala Ala His Ala Asp Asn Val Arg
115 120 125

Thr Lys Asp Glu Ile Asn Arg Gln Lys Gln Glu His Val Lys Asp Asn
130 135 140

Glu Lys Val Asn Ser Asn Val Ala Val Ala Arg Ser Gln Gly Arg Tyr
145 150 155 160

Thr Thr Asn Asp Gly Tyr Val Phe Asn Pro Ala Asp Ile Ile Glu Asp
165 170 175

Thr Gly Asn Ala Tyr Ile Val Pro His Gly Gly His Tyr His Tyr Ile
180 185 190

Pro Lys Ser Asp Leu Ser Ala Ser Glu Leu Ala Ala Ala Lys Ala His
195 200 205

Leu Ala Gly Lys Asn Met Gln Pro Ser Gln Leu Ser Tyr Ser Ser Thr
210 215 220

Ala Ser Asp Asn Asn Thr Gln Ser Val Ala Lys Gly Ser Thr Ser Lys
225 230 235 240

Pro Ala Asn Lys Ser Glu Asn Leu Gln Ser Leu Leu Lys Glu Leu Tyr

245										250					255				
Asp	Ser	Pro	Ser	Ala	Gln	Arg	Tyr	Ser	Glu	Ser	Asp	Gly	Leu	Val	Phe				
260				265				270											
Asp	Pro	Ala	Lys	Ile	Ile	Ser	Arg	Thr	Pro	Asn	Gly	Val	Ala	Ile	Pro				
275				280				285											
His	Gly	Asp	His	Tyr	His	Phe	Ile	Pro	Tyr	Ser	Lys	Leu	Ser	Ala	Leu				
290				295				300											
Glu	Glu	Lys	Ile	Ala	Arg	Met	Val	Pro	Ile	Ser	Gly	Thr	Gly	Ser	Thr				
305				310				315				320							
Val	Ser	Thr	Asn	Ala	Lys	Pro	Asn	Glu	Val	Val	Ser	Ser	Leu	Gly	Ser				
325				330				335											
Leu	Ser	Ser	Asn	Pro	Ser	Ser	Leu	Thr	Thr	Ser	Lys	Glu	Leu	Ser	Ser				
340				345				350											
Ala	Ser	Asp	Gly	Tyr	Ile	Phe	Asn	Pro	Lys	Asp	Ile	Val	Glu	Glu	Thr				
355				360				365											
Ala	Thr	Ala	Tyr	Ile	Val	Arg	His	Gly	Asp	His	Phe	His	Tyr	Ile	Pro				
370				375				380											
Lys	Ser	Asn	Gln	Ile	Gly	Gln	Pro	Thr	Leu	Pro	Asn	Asn	Ser	Leu	Ala				
385				390				395				400							
Thr	Pro	Ser	Pro	Ser	Leu	Pro	Ile	Asn	Pro	Gly	Thr	Ser	His	Glu	Lys				
405				410				415											
His	Glu	Glu	Asp	Gly	Tyr	Gly	Phe	Asp	Ala	Asn	Arg	Ile	Ile	Ala	Glu				
420				425				430											
Asp	Glu	Ser	Gly	Phe	Val	Met	Ser	His	Gly	Asp	His	Asn	His	Tyr	Phe				
435				440				445											
Phe	Lys	Lys	Asp	Leu	Thr	Glu	Glu	Gln	Ile	Lys	Ala	Ala	Gln	Lys	His				
450				455				460											
Leu	Glu	Glu	Val	Lys	Thr	Ser	His	Asn	Gly	Leu	Asp	Ser	Leu	Ser	Ser				
465				470				475				480							
His	Glu	Gln	Asp	Tyr	Pro	Gly	Asn	Ala											
485																			
<210>	57																		
<211>	509																		
<212>	PRT																		
<213>	S. pneumoniae																		
<400>	57																		
Met	Lys	Phe	Ser	Lys	Lys	Tyr	Ile	Ala	Ala	Gly	Ser	Ala	Val	Ile	Val				
1				5				10				15							
Ser	Leu	Ser	Leu	Cys	Ala	Tyr	Ala	Leu	Asn	Gln	His	Arg	Ser	Gln	Glu				
20				25				30											
Asn	Lys	Asp	Asn	Asn	Arg	Val	Ser	Tyr	Val	Asp	Gly	Ser	Gln	Ser	Ser				

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

Ser Leu Gly Ser Leu Ser Ser Asn Pro Ser Ser Leu Thr Thr Ser Lys
355 360 365

Glu Leu Ser Ser Ala Ser Asp Gly Tyr Ile Phe Asn Pro Lys Asp Ile
370 375 380

Val Glu Glu Thr Ala Thr Ala Tyr Ile Val Arg His Gly Asp His Phe
385 390 395 400

His Tyr Ile Pro Lys Ser Asn Gln Ile Gly Gln Pro Thr Leu Pro Asn
405 410 415

Asn Ser Leu Ala Thr Pro Ser Pro Ser Leu Pro Ile Asn Pro Gly Thr
420 425 430

Ser His Glu Lys His Glu Glu Asp Gly Tyr Gly Phe Asp Ala Asn Arg
435 440 445

Ile Ile Ala Glu Asp Glu Ser Gly Phe Val Met Ser His Gly Asp His
450 455 460

Asn His Tyr Phe Phe Lys Lys Asp Leu Thr Glu Glu Gln Ile Lys Ala
465 470 475 480

Ala Gln Lys His Leu Glu Glu Val Lys Thr Ser His Asn Gly Leu Asp
485 490 495

Ser Leu Ser Ser His Glu Gln Asp Tyr Pro Gly Asn Ala
500 505

<210> 58
<211> 1057
<212> PRT
<213> S. pneumoniae
<400> 58

Asp Leu Thr Glu Glu Gln Ile Lys Ala Ala Gln Lys His Leu Glu Glu
1 5 10 15

Val Lys Thr Ser His Asn Gly Leu Asp Ser Leu Ser Ser His Glu Gln
20 25 30

Asp Tyr Pro Gly Asn Ala Lys Glu Met Lys Asp Leu Asp Lys Lys Ile
35 40 45

Glu Glu Lys Ile Ala Gly Ile Met Lys Gln Tyr Gly Val Lys Arg Glu
50 55 60

Ser Ile Val Val Asn Lys Glu Lys Asn Ala Ile Ile Tyr Pro His Gly
65 70 75 80

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

Gly His Ser His Ser Asn Tyr Glu Leu Phe Lys Pro Glu Glu Gly Val
100 105 110

Ala Lys Lys Glu Gly Asn Lys Val Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Thr Asn
115 120 125

Val Val Asn Leu Leu Lys Asn Ser Thr Phe Asn Asn Gln Asn Phe Thr

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

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

755	760	765
Asp Gly Tyr Ile Phe Asp Pro Arg Asp Ile Thr Ser Asp Glu Gly Asp		
770	775	780
Ala Tyr Val Thr Pro His Met Thr His Ser His Trp Ile Lys Lys Asp		
785	790	795
Ser Leu Ser Glu Ala Glu Arg Ala Ala Ala Gln Ala Tyr Ala Lys Glu		
805	810	815
Lys Gly Leu Thr Pro Pro Ser Thr Asp His Gln Asp Ser Gly Asn Thr		
820	825	830
Glu Ala Lys Gly Ala Glu Ala Ile Tyr Asn Arg Val Lys Ala Ala Lys		
835	840	845
Lys Val Pro Leu Asp Arg Met Pro Tyr Asn Leu Gln Tyr Thr Val Glu		
850	855	860
Val Lys Asn Gly Ser Leu Ile Ile Pro His Tyr Asp His Tyr His Asn		
865	870	875
Ile Lys Phe Glu Trp Phe Asp Glu Gly Leu Tyr Glu Ala Pro Lys Gly		
885	890	895
Tyr Thr Leu Glu Asp Leu Leu Ala Thr Val Lys Tyr Tyr Val Glu His		
900	905	910
Pro Asn Glu Arg Pro His Ser Asp Asn Gly Phe Gly Asn Ala Ser Asp		
915	920	925
His Val Gln Arg Asn Lys Asn Gly Gln Ala Asp Thr Asn Gln Thr Glu		
930	935	940
Lys Pro Ser Glu Glu Lys Pro Gln Thr Glu Lys Pro Glu Glu Glu Thr		
945	950	955
Pro Arg Glu Glu Lys Pro Gln Ser Glu Lys Pro Glu Ser Pro Lys Pro		
965	970	975
Thr Glu Glu Pro Glu Glu Glu Ser Pro Glu Glu Ser Glu Glu Pro Gln		
980	985	990
Val Glu Thr Glu Lys Val Glu Glu Lys Leu Arg Glu Ala Glu Asp Leu		
995	1000	1005
Leu Gly Lys Ile Gln Asp Pro Ile Ile Lys Ser Asn Ala Lys Glu Thr		
1010	1015	1020
Leu Thr Gly Leu Lys Asn Asn Leu Leu Phe Gly Thr Gln Asp Asn Asn		
1025	1030	1035
Thr Ile Met Ala Glu Ala Glu Lys Leu Leu Ala Leu Leu Lys Glu Ser		
1045	1050	1055
Lys		
<210> 59		
<211> 205		

<212> PRT
 <213> S. pneumoniae
 <400> 59
 Cys Ala Tyr Ala Leu Asn Gln His Arg Ser Gln Glu Asn Lys Asp Asn
 1 5 10 15

Asn Arg Val Ser Tyr Val Asp Gly Ser Gln Ser Ser Gln Lys Ser Glu
 20 25 30

Asn Leu Thr Pro Asp Gln Val Ser Gln Lys Glu Gly Ile Gln Ala Glu
 35 40 45

Gln Ile Val Ile Lys Ile Thr Asp Gln Gly Tyr Val Thr Ser His Gly
 50 55 60

Asp His Tyr His Tyr Tyr Asn Gly Lys Val Pro Tyr Asp Ala Leu Phe
 65 70 75 80

Ser Glu Glu Leu Leu Met Lys Asp Pro Asn Tyr Gln Leu Lys Asp Ala
 85 90 95

Asp Ile Val Asn Glu Val Lys Gly Gly Tyr Ile Ile Lys Val Asp Gly
 100 105 110

Lys Tyr Tyr Val Tyr Leu Lys Asp Ala Ala His Ala Asp Asn Val Arg
 115 120 125

Thr Lys Asp Glu Ile Asn Arg Gln Lys Gln Glu His Val Lys Asp Asn
 130 135 140

Glu Lys Val Asn Ser Asn Val Ala Val Ala Arg Ser Gln Gly Arg Tyr
 145 150 155 160

Thr Thr Asn Asp Gly Tyr Val Phe Asn Pro Ala Asp Ile Ile Glu Asp
 165 170 175

Thr Gly Asn Ala Tyr Ile Val Pro His Gly Gly His Tyr His Tyr Ile
 180 185 190

Pro Lys Ser Asp Leu Ser Ala Ser Glu Leu Ala Ala Ala
 195 200 205

<210> 60
 <211> 821
 <212> PRT
 <213> S. pneumoniae
 <400> 60

Cys Ala Tyr Glu Leu Gly Leu His Gln Ala Gln Thr Val Lys Glu Asn
 1 5 10 15

Asn Arg Val Ser Tyr Ile Asp Gly Lys Gln Ala Thr Gln Lys Thr Glu
 20 25 30

Asn Leu Thr Pro Asp Glu Val Ser Lys Arg Glu Gly Ile Asn Ala Glu
 35 40 45

Gln Ile Val Ile Lys Ile Thr Asp Gln Gly Tyr Val Thr Ser His Gly
 50 55 60

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

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

Asn Ala Ser Asp His Val Gln Arg Asn Lys Asn Gly Gln Ala Asp Thr
 690 695 700
 Asn Gln Thr Glu Lys Pro Ser Glu Glu Lys Pro Gln Thr Glu Lys Pro
 705 710 715 720
 Glu Glu Glu Thr Pro Arg Glu Glu Lys Pro Gln Ser Glu Lys Pro Glu
 725 730 735
 Ser Pro Lys Pro Thr Glu Glu Pro Glu Glu Glu Ser Pro Glu Glu Ser
 740 745 750
 Glu Glu Pro Gln Val Glu Thr Glu Lys Val Glu Glu Lys Leu Arg Glu
 755 760 765
 Ala Glu Asp Leu Leu Gly Lys Ile Gln Asp Pro Ile Ile Lys Ser Asn
 770 775 780
 Ala Lys Glu Thr Leu Thr Gly Leu Lys Asn Asn Leu Leu Phe Gly Thr
 785 790 795 800
 Gln Asp Asn Asn Thr Ile Met Ala Glu Ala Glu Lys Leu Leu Ala Leu
 805 810 815
 Leu Lys Glu Ser Lys
 820
 <210> 61
 <211> 334
 <212> PRT
 <213> S. pneumoniae
 <400> 61
 Cys Ala Tyr Glu Leu Gly Leu His Gln Ala Gln Thr Val Lys Glu Asn
 1 5 10 15
 Asn Arg Val Ser Tyr Ile Asp Gly Lys Gln Ala Thr Gln Lys Thr Glu
 20 25 30
 Asn Leu Thr Pro Asp Glu Val Ser Lys Arg Glu Gly Ile Asn Ala Glu
 35 40 45
 Gln Ile Val Ile Lys Ile Thr Asp Gln Gly Tyr Val Thr Ser His Gly
 50 55 60
 Asp His Tyr His Tyr Tyr Asn Gly Lys Val Pro Tyr Asp Ala Ile Ile
 65 70 75 80
 Ser Glu Glu Leu Leu Met Lys Asp Pro Asn Tyr Gln Leu Lys Asp Ser
 85 90 95
 Asp Ile Val Asn Glu Ile Lys Gly Gly Tyr Val Ile Lys Val Asn Gly
 100 105 110
 Lys Tyr Tyr Val Tyr Leu Lys Asp Ala Ala His Ala Asp Asn Val Arg
 115 120 125
 Thr Lys Glu Glu Ile Asn Arg Gln Lys Gln Glu His Ser Gln His Arg
 130 135 140
 Glu Gly Gly Thr Ser Ala Asn Asp Gly Ala Val Ala Phe Ala Arg Ser

145 150 155 160
 Gln Gly Arg Tyr Thr Thr Asp Asp Gly Tyr Ile Phe Asn Ala Ser Asp
 165 170 175
 Ile Ile Glu Asp Thr Gly Asp Ala Tyr Ile Val Pro His Gly Asp His
 180 185 190
 Tyr His Tyr Ile Pro Lys Asn Glu Leu Ser Ala Ser Glu Leu Ala Ala
 195 200 205
 Ala Glu Ala Phe Leu Ser Gly Arg Glu Asn Leu Ser Asn Leu Arg Thr
 210 215 220
 Tyr Arg Arg Gln Asn Ser Asp Asn Thr Pro Arg Thr Asn Trp Val Pro
 225 230 235 240
 Ser Val Ser Asn Pro Gly Thr Thr Asn Thr Asn Thr Ser Asn Asn Ser
 245 250 255
 Asn Thr Asn Ser Gln Ala Ser Gln Ser Asn Asp Ile Asp Ser Leu Leu
 260 265 270
 Lys Gln Leu Tyr Lys Leu Pro Leu Ser Gln Arg His Val Glu Ser Asp
 275 280 285
 Gly Leu Ile Phe Asp Pro Ala Gln Ile Thr Ser Arg Thr Ala Arg Gly
 290 295 300
 Val Ala Val Pro His Gly Asn His Tyr His Phe Ile Pro Tyr Glu Gln
 305 310 315 320
 Met Ser Glu Leu Glu Lys Arg Ile Ala Arg Ile Ile Pro Leu
 325 330
 <210> 62
 <211> 487
 <212> PRT
 <213> S. pneumoniae
 <400> 62
 Arg Tyr Arg Ser Asn His Trp Val Pro Asp Ser Arg Pro Glu Glu Pro
 1 5 10 15

 Ser Pro Gln Pro Thr Pro Glu Pro Ser Pro Ser Pro Gln Pro Ala Pro
 20 25 30

 Asn Pro Gln Pro Ala Pro Ser Asn Pro Ile Asp Glu Lys Leu Val Lys
 35 40 45

 Glu Ala Val Arg Lys Val Gly Asp Gly Tyr Val Phe Glu Glu Asn Gly
 50 55 60

 Val Ser Arg Tyr Ile Pro Ala Lys Asn Leu Ser Ala Glu Thr Ala Ala
 65 70 75 80

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

 Gly Ala Lys Lys Thr Asp Leu Pro Ser Ser Asp Arg Glu Phe Tyr Asn

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

Glu Ser Glu Glu Pro Gln Val Glu Thr Glu Lys Val Glu Glu Lys Leu
420 425 430

Arg Glu Ala Glu Asp Leu Leu Gly Lys Ile Gln Asp Pro Ile Ile Lys
435 440 445

Ser Asn Ala Lys Glu Thr Leu Thr Gly Leu Lys Asn Asn Leu Leu Phe
450 455 460

Gly Thr Gln Asp Asn Asn Thr Ile Met Ala Glu Ala Glu Lys Leu Leu
465 470 475 480

Ala Leu Leu Lys Glu Ser Lys
485

<210> 63
<211> 613
<212> PRT
<213> S. pneumoniae
<400> 63

Ala Glu Ala Phe Leu Ser Gly Arg Glu Asn Leu Ser Asn Leu Arg Thr
1 5 10 15

Tyr Arg Arg Gln Asn Ser Asp Asn Thr Pro Arg Thr Asn Trp Val Pro
20 25 30

Ser Val Ser Asn Pro Gly Thr Thr Asn Thr Asn Thr Ser Asn Asn Ser
35 40 45

Asn Thr Asn Ser Gln Ala Ser Gln Ser Asn Asp Ile Asp Ser Leu Leu
50 55 60

Lys Gln Leu Tyr Lys Leu Pro Leu Ser Gln Arg His Val Glu Ser Asp
65 70 75 80

Gly Leu Ile Phe Asp Pro Ala Gln Ile Thr Ser Arg Thr Ala Arg Gly
85 90 95

Val Ala Val Pro His Gly Asn His Tyr His Phe Ile Pro Tyr Glu Gln
100 105 110

Met Ser Glu Leu Glu Lys Arg Ile Ala Arg Ile Ile Pro Leu Arg Tyr
115 120 125

Arg Ser Asn His Trp Val Pro Asp Ser Arg Pro Glu Glu Pro Ser Pro
130 135 140

Gln Pro Thr Pro Glu Pro Ser Pro Ser Pro Gln Pro Ala Pro Asn Pro
145 150 155 160

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

Val Arg Lys Val Gly Asp Gly Tyr Val Phe Glu Glu Asn Gly Val Ser
180 185 190

Arg Tyr Ile Pro Ala Lys Asn Leu Ser Ala Glu Thr Ala Ala Gly Ile
195 200 205

Asp Ser Lys Leu Ala Lys Gln Glu Ser Leu Ser His Lys Leu Gly Ala

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

Ser Pro Lys Pro Thr Glu Glu Pro Glu Glu Glu Ser Pro Glu Glu Ser
530 535 540

Glu Glu Pro Gln Val Glu Thr Glu Lys Val Glu Glu Lys Leu Arg Glu
545 550 555 560

Ala Glu Asp Leu Leu Gly Lys Ile Gln Asp Pro Ile Ile Lys Ser Asn
565 570 575

Ala Lys Glu Thr Leu Thr Gly Leu Lys Asn Asn Leu Leu Phe Gly Thr
580 585 590

Gln Asp Asn Asn Thr Ile Met Ala Glu Ala Glu Lys Leu Leu Ala Leu
595 600 605

Leu Lys Glu Ser Lys
610

<210> 64
<211> 568
<212> PRT
<213> S. pneumoniae
<400> 64

Asp Leu Thr Glu Glu Gln Ile Lys Ala Ala Gln Lys His Leu Glu Glu
1 5 10 15

Val Lys Thr Ser His Asn Gly Leu Asp Ser Leu Ser Ser His Glu Gln
20 25 30

Asp Tyr Pro Gly Asn Ala Lys Glu Met Lys Asp Leu Asp Lys Lys Ile
35 40 45

Glu Glu Lys Ile Ala Gly Ile Met Lys Gln Tyr Gly Val Lys Arg Glu
50 55 60

Ser Ile Val Val Asn Lys Glu Lys Asn Ala Ile Ile Tyr Pro His Gly
65 70 75 80

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

Gly His Ser His Ser Asn Tyr Glu Leu Phe Lys Pro Glu Glu Gly Val
100 105 110

Ala Lys Lys Glu Gly Asn Lys Val Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Thr Asn
115 120 125

Val Val Asn Leu Leu Lys Asn Ser Thr Phe Asn Asn Gln Asn Phe Thr
130 135 140

Leu Ala Asn Gly Gln Lys Arg Val Ser Phe Ser Phe Pro Pro Glu Leu
145 150 155 160

Glu Lys Lys Leu Gly Ile Asn Met Leu Val Lys Leu Ile Thr Pro Asp
165 170 175

Gly Lys Val Leu Glu Lys Val Ser Gly Lys Val Phe Gly Glu Gly Val
180 185 190

Gly Asn Ile Ala Asn Phe Glu Leu Asp Gln Pro Tyr Leu Pro Gly Gln

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

Ala Leu Glu Glu Ala Pro Ala Val Asp Pro Val Gln Glu Lys Leu Glu
515 520 525

Lys Phe Thr Ala Ser Tyr Gly Leu Gly Leu Asp Ser Val Ile Phe Asn
530 535 540

Met Asp Gly Thr Ile Glu Leu Arg Leu Pro Ser Gly Glu Val Ile Lys
545 550 555 560

Lys Asn Leu Ser Asp Phe Ile Ala
565

<210> 65
<211> 329
<212> PRT
<213> S. pneumoniae
<400> 65

Asp Leu Thr Glu Glu Gln Ile Lys Ala Ala Gln Lys His Leu Glu Glu
1 5 10 15

Val Lys Thr Ser His Asn Gly Leu Asp Ser Leu Ser Ser His Glu Gln
20 25 30

Asp Tyr Pro Gly Asn Ala Lys Glu Met Lys Asp Leu Asp Lys Lys Ile
35 40 45

Glu Glu Lys Ile Ala Gly Ile Met Lys Gln Tyr Gly Val Lys Arg Glu
50 55 60

Ser Ile Val Val Asn Lys Glu Lys Asn Ala Ile Ile Tyr Pro His Gly
65 70 75 80

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

Gly His Ser His Ser Asn Tyr Glu Leu Phe Lys Pro Glu Glu Gly Val
100 105 110

Ala Lys Lys Glu Gly Asn Lys Val Tyr Thr Gly Glu Glu Leu Thr Asn
115 120 125

Val Val Asn Leu Leu Lys Asn Ser Thr Phe Asn Asn Gln Asn Phe Thr
130 135 140

Leu Ala Asn Gly Gln Lys Arg Val Ser Phe Ser Phe Pro Pro Glu Leu
145 150 155 160

Glu Lys Lys Leu Gly Ile Asn Met Leu Val Lys Leu Ile Thr Pro Asp
165 170 175

Gly Lys Val Leu Glu Lys Val Ser Gly Lys Val Phe Gly Glu Gly Val
180 185 190

Gly Asn Ile Ala Asn Phe Glu Leu Asp Gln Pro Tyr Leu Pro Gly Gln
195 200 205

Thr Phe Lys Tyr Thr Ile Ala Ser Lys Asp Tyr Pro Glu Val Ser Tyr
210 215 220

Asp Gly Thr Phe Thr Val Pro Thr Ser Leu Ala Tyr Lys Met Ala Ser

225						230					235					240				
Gln	Thr	Ile	Phe	Tyr	Pro	Phe	His	Ala	Gly	Asp	Thr	Tyr	Leu	Arg	Val					
				245					250					255						
Asn	Pro	Gln	Phe	Ala	Val	Pro	Lys	Gly	Thr	Asp	Ala	Leu	Val	Arg	Val					
				260					265					270						
Phe	Asp	Glu	Phe	His	Gly	Asn	Ala	Tyr	Leu	Glu	Asn	Asn	Tyr	Lys	Val					
				275					280					285						
Gly	Glu	Ile	Lys	Leu	Pro	Ile	Pro	Lys	Leu	Asn	Gln	Gly	Thr	Thr	Arg					
				290					295					300						
Thr	Ala	Gly	Asn	Lys	Ile	Pro	Val	Thr	Phe	Met	Ala	Asn	Ala	Tyr	Leu					
305				310					315					320						
Asp	Asn	Gln	Ser	Thr	Tyr	Ile	Val	Glu												
				325																
<210>	66																			
<211>	240																			
<212>	PRT																			
<213>	S. pneumoniae																			
<400>	66																			
Glu	Val	Pro	Ile	Leu	Glu	Lys	Glu	Asn	Gln	Thr	Asp	Lys	Pro	Ser	Ile					
1		5			10					15										
Leu	Pro	Gln	Phe	Lys	Arg	Asn	Lys	Ala	Gln	Glu	Asn	Ser	Lys	Leu	Asp					
				20			25					30								
Glu	Lys	Val	Glu	Glu	Pro	Lys	Thr	Ser	Glu	Lys	Val	Glu	Lys	Glu	Lys					
				35			40					45								
Leu	Ser	Glu	Thr	Gly	Asn	Ser	Thr	Ser	Asn	Ser	Thr	Leu	Glu	Glu	Val					
50				55					60											
Pro	Thr	Val	Asp	Pro	Val	Gln	Glu	Lys	Val	Ala	Lys	Phe	Ala	Glu	Ser					
65				70					75					80						
Tyr	Gly	Met	Lys	Leu	Glu	Asn	Val	Leu	Phe	Asn	Met	Asp	Gly	Thr	Ile					
				85					90					95						
Glu	Leu	Tyr	Leu	Pro	Ser	Gly	Glu	Val	Ile	Lys	Lys	Asn	Met	Ala	Asp					
				100					105					110						
Phe	Thr	Gly	Glu	Ala	Pro	Gln	Gly	Asn	Gly	Glu	Asn	Lys	Pro	Ser	Glu					
				115					120					125						
Asn	Gly	Lys	Val	Ser	Thr	Gly	Thr	Val	Glu	Asn	Gln	Pro	Thr	Glu	Asn					
130				135					140											
Lys	Pro	Ala	Asp	Ser	Leu	Pro	Glu	Ala	Pro	Asn	Glu	Lys	Pro	Val	Lys					
145				150					155					160						
Pro	Glu	Asn	Ser	Thr	Asp	Asn	Gly	Met	Leu	Asn	Pro	Glu	Gly	Asn	Val					
				165					170					175						
Gly	Ser	Asp	Pro	Met	Leu	Asp	Pro	Ala	Leu	Glu	Glu	Ala	Pro	Ala	Val					

180 185 190
 Asp Pro Val Gln Glu Lys Leu Glu Lys Phe Thr Ala Ser Tyr Gly Leu
 195 200 205
 Gly Leu Asp Ser Val Ile Phe Asn Met Asp Gly Thr Ile Glu Leu Arg
 210 215 220
 Leu Pro Ser Gly Glu Val Ile Lys Lys Asn Leu Ser Asp Phe Ile Ala
 225 230 235 240
 <210> 67
 <211> 555
 <212> PRT
 <213> S. pneumoniae
 <400> 67
 Asp Ile Asp Ser Leu Leu Lys Gln Leu Tyr Lys Leu Pro Leu Ser Gln
 1 5 10 15
 Arg His Val Glu Ser Asp Gly Leu Ile Phe Asp Pro Ala Gln Ile Thr
 20 25 30
 Ser Arg Thr Ala Arg Gly Val Ala Val Pro His Gly Asn His Tyr His
 35 40 45
 Phe Ile Pro Tyr Glu Gln Met Ser Glu Leu Glu Lys Arg Ile Ala Arg
 50 55 60
 Ile Ile Pro Leu Arg Tyr Arg Ser Asn His Trp Val Pro Asp Ser Arg
 65 70 75 80
 Pro Glu Glu Pro Ser Pro Gln Pro Thr Pro Glu Pro Ser Pro Ser Pro
 85 90 95
 Gln Pro Ala Pro Asn Pro Gln Pro Ala Pro Ser Asn Pro Ile Asp Glu
 100 105 110
 Lys Leu Val Lys Glu Ala Val Arg Lys Val Gly Asp Gly Tyr Val Phe
 115 120 125
 Glu Glu Asn Gly Val Ser Arg Tyr Ile Pro Ala Lys Asn Leu Ser Ala
 130 135 140
 Glu Thr Ala Ala Gly Ile Asp Ser Lys Leu Ala Lys Gln Glu Ser Leu
 145 150 155 160
 Ser His Lys Leu Gly Ala Lys Lys Thr Asp Leu Pro Ser Ser Asp Arg
 165 170 175
 Glu Phe Tyr Asn Lys Ala Tyr Asp Leu Leu Ala Arg Ile His Gln Asp
 180 185 190
 Leu Leu Asp Asn Lys Gly Arg Gln Val Asp Phe Glu Ala Leu Asp Asn
 195 200 205
 Leu Leu Glu Arg Leu Lys Asp Val Ser Ser Asp Lys Val Lys Leu Val
 210 215 220
 Asp Asp Ile Leu Ala Phe Leu Ala Pro Ile Arg His Pro Glu Arg Leu

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

Glu Lys Leu Leu Ala Leu Leu Lys Glu Ser Lys

545 550 555

<210> 68

<211> 428

<212> PRT

<213> S. pneumoniae

<400> 68

Asp Ile Asp Ser Leu Leu Lys Gln Leu Tyr Lys Leu Pro Leu Ser Gln

1 5 10 15

Arg His Val Glu Ser Asp Gly Leu Ile Phe Asp Pro Ala Gln Ile Thr

20 25 30

Ser Arg Thr Ala Arg Gly Val Ala Val Pro His Gly Asn His Tyr His

35 40 45

Phe Ile Pro Tyr Glu Gln Met Ser Glu Leu Glu Lys Arg Ile Ala Arg

50 55 60

Ile Ile Pro Leu Arg Tyr Arg Ser Asn His Trp Val Pro Asp Ser Arg

65 70 75 80

Pro Glu Glu Pro Ser Pro Gln Pro Thr Pro Glu Pro Ser Pro Ser Pro

85 90 95

Gln Pro Ala Pro Asn Pro Gln Pro Ala Pro Ser Asn Pro Ile Asp Glu

100 105 110

Lys Leu Val Lys Glu Ala Val Arg Lys Val Gly Asp Gly Tyr Val Phe

115 120 125

Glu Glu Asn Gly Val Ser Arg Tyr Ile Pro Ala Lys Asn Leu Ser Ala

130 135 140

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

145 150 155 160

Ser His Lys Leu Gly Ala Lys Lys Thr Asp Leu Pro Ser Ser Asp Arg

165 170 175

Glu Phe Tyr Asn Lys Ala Tyr Asp Leu Leu Ala Arg Ile His Gln Asp

180 185 190

Leu Leu Asp Asn Lys Gly Arg Gln Val Asp Phe Glu Ala Leu Asp Asn

195 200 205

Leu Leu Glu Arg Leu Lys Asp Val Ser Ser Asp Lys Val Lys Leu Val

210 215 220

Asp Asp Ile Leu Ala Phe Leu Ala Pro Ile Arg His Pro Glu Arg Leu

225 230 235 240

Gly Lys Pro Asn Ala Gln Ile Thr Tyr Thr Asp Asp Glu Ile Gln Val

245 250 255

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

260 265 270

Pro Arg Asp Ile Thr Ser Asp Glu Gly Asp Ala Tyr Val Thr Pro His

275 280 285
 Met Thr His Ser His Trp Ile Lys Lys Asp Ser Leu Ser Glu Ala Glu
 290 295 300
 Arg Ala Ala Ala Gln Ala Tyr Ala Lys Glu Lys Gly Leu Thr Pro Pro
 305 310 315 320
 Ser Thr Asp His Gln Asp Ser Gly Asn Thr Glu Ala Lys Gly Ala Glu
 325 330 335
 Ala Ile Tyr Asn Arg Val Lys Ala Ala Lys Lys Val Pro Leu Asp Arg
 340 345 350
 Met Pro Tyr Asn Leu Gln Tyr Thr Val Glu Val Lys Asn Gly Ser Leu
 355 360 365
 Ile Ile Pro His Tyr Asp His Tyr His Asn Ile Lys Phe Glu Trp Phe
 370 375 380
 Asp Glu Gly Leu Tyr Glu Ala Pro Lys Gly Tyr Thr Leu Glu Asp Leu
 385 390 395 400
 Leu Ala Thr Val Lys Tyr Tyr Val Glu His Pro Asn Glu Arg Pro His
 405 410 415
 Ser Asp Asn Gly Phe Gly Asn Ala Ser Asp His Val
 420 425
 <210> 69
 <211> 121
 <212> PRT
 <213> S. pneumoniae
 <400> 69
 Gly Leu Tyr Glu Ala Pro Lys Gly Tyr Thr Leu Glu Asp Leu Leu Ala
 1 5 10 15
 Thr Val Lys Tyr Tyr Val Glu His Pro Asn Glu Arg Pro His Ser Asp
 20 25 30
 Asn Gly Phe Gly Asn Ala Ser Asp His Val Gln Arg Asn Lys Asn Gly
 35 40 45
 Gln Ala Asp Thr Asn Gln Thr Glu Lys Pro Ser Glu Glu Lys Pro Gln
 50 55 60
 Thr Glu Lys Pro Glu Glu Glu Thr Pro Arg Glu Glu Lys Pro Gln Ser
 65 70 75 80
 Glu Lys Pro Glu Ser Pro Lys Pro Thr Glu Glu Pro Glu Glu Glu Ser
 85 90 95
 Pro Glu Glu Ser Glu Glu Pro Gln Val Glu Thr Glu Lys Val Glu Glu
 100 105 110
 Lys Leu Arg Glu Ala Glu Asp Leu Leu
 115 120
 <210> 70
 <211> 132
 <212> PRT

<213> S. pneumoniae
 <400> 70
 Ala Ser Asp His Val Gln Arg Asn Lys Asn Gly Gln Ala Asp Thr Asn
 1 5 10 15
 Gln Thr Glu Lys Pro Ser Glu Glu Lys Pro Gln Thr Glu Lys Pro Glu
 20 25 30
 Glu Glu Thr Pro Arg Glu Glu Lys Pro Gln Ser Glu Lys Pro Glu Ser
 35 40 45
 Pro Lys Pro Thr Glu Glu Pro Glu Glu Glu Ser Pro Glu Glu Ser Glu
 50 55 60
 Glu Pro Gln Val Glu Thr Glu Lys Val Glu Glu Lys Leu Arg Glu Ala
 65 70 75 80
 Glu Asp Leu Leu Gly Lys Ile Gln Asp Pro Ile Ile Lys Ser Asn Ala
 85 90 95
 Lys Glu Thr Leu Thr Gly Leu Lys Asn Asn Leu Leu Phe Gly Thr Gln
 100 105 110
 Asp Asn Asn Thr Ile Met Ala Glu Ala Glu Lys Leu Leu Ala Leu Leu
 115 120 125
 Lys Glu Ser Lys
 130
 <210> 71
 <211> 226
 <212> PRT
 <213> S. pneumoniae
 <400> 71
 Asp Ile Asp Ser Leu Leu Lys Gln Leu Tyr Lys Leu Pro Leu Ser Gln
 1 5 10 15
 Arg His Val Glu Ser Asp Gly Leu Ile Phe Asp Pro Ala Gln Ile Thr
 20 25 30
 Ser Arg Thr Ala Arg Gly Val Ala Val Pro His Gly Asn His Tyr His
 35 40 45
 Phe Ile Pro Tyr Glu Gln Met Ser Glu Leu Glu Lys Arg Ile Ala Arg
 50 55 60
 Ile Ile Pro Leu Arg Tyr Arg Ser Asn His Trp Val Pro Asp Ser Arg
 65 70 75 80
 Pro Glu Glu Pro Ser Pro Gln Pro Thr Pro Glu Pro Ser Pro Ser Pro
 85 90 95
 Gln Pro Ala Pro Asn Pro Gln Pro Ala Pro Ser Asn Pro Ile Asp Glu
 100 105 110
 Lys Leu Val Lys Glu Ala Val Arg Lys Val Gly Asp Gly Tyr Val Phe
 115 120 125
 Glu Glu Asn Gly Val Ser Arg Tyr Ile Pro Ala Lys Asn Leu Ser Ala

130 135 140
 Glu Thr Ala Ala Gly Ile Asp Ser Lys Leu Ala Lys Gln Glu Ser Leu
 145 150 155 160
 Ser His Lys Leu Gly Ala Lys Lys Thr Asp Leu Pro Ser Ser Asp Arg
 165 170 175
 Glu Phe Tyr Asn Lys Ala Tyr Asp Leu Leu Ala Arg Ile His Gln Asp
 180 185 190
 Leu Leu Asp Asn Lys Gly Arg Gln Val Asp Phe Glu Ala Leu Asp Asn
 195 200 205
 Leu Leu Glu Arg Leu Lys Asp Val Ser Ser Asp Lys Val Lys Leu Val
 210 215 220
 Asp Asp
 225
 <210> 72
 <211> 203
 <212> PRT
 <213> S. pneumoniae
 <400> 72
 Asp Ile Leu Ala Phe Leu Ala Pro Ile Arg His Pro Glu Arg Leu Gly
 1 5 10 15
 Lys Pro Asn Ala Gln Ile Thr Tyr Thr Asp Asp Glu Ile Gln Val Ala
 20 25 30
 Lys Leu Ala Gly Lys Tyr Thr Thr Glu Asp Gly Tyr Ile Phe Asp Pro
 35 40 45
 Arg Asp Ile Thr Ser Asp Glu Gly Asp Ala Tyr Val Thr Pro His Met
 50 55 60
 Thr His Ser His Trp Ile Lys Lys Asp Ser Leu Ser Glu Ala Glu Arg
 65 70 75 80
 Ala Ala Ala Gln Ala Tyr Ala Lys Glu Lys Gly Leu Thr Pro Pro Ser
 85 90 95
 Thr Asp His Gln Asp Ser Gly Asn Thr Glu Ala Lys Gly Ala Glu Ala
 100 105 110
 Ile Tyr Asn Arg Val Lys Ala Ala Lys Lys Val Pro Leu Asp Arg Met
 115 120 125
 Pro Tyr Asn Leu Gln Tyr Thr Val Glu Val Lys Asn Gly Ser Leu Ile
 130 135 140
 Ile Pro His Tyr Asp His Tyr His Asn Ile Lys Phe Glu Trp Phe Asp
 145 150 155 160
 Glu Gly Leu Tyr Glu Ala Pro Lys Gly Tyr Thr Leu Glu Asp Leu Leu
 165 170 175
 Ala Thr Val Lys Tyr Tyr Val Glu His Pro Asn Glu Arg Pro His Ser

180 185 190
 Asp Asn Gly Phe Gly Asn Ala Ser Asp His Val
 195 200
 <210> 73
 <211> 819
 <212> PRT
 <213> S. pneumoniae
 <400> 73
 Cys Ser Tyr Glu Leu Gly Arg His Gln Ala Gly Gln Val Lys Lys Glu
 1 5 10 15
 Ser Asn Arg Val Ser Tyr Ile Asp Gly Asp Gln Ala Gly Gln Lys Ala
 20 25 30
 Glu Asn Leu Thr Pro Asp Glu Val Ser Lys Arg Glu Gly Ile Asn Ala
 35 40 45
 Glu Gln Ile Val Ile Lys Ile Thr Asp Gln Gly Tyr Val Thr Ser His
 50 55 60
 Gly Asp His Tyr His Tyr Tyr Asn Gly Lys Val Pro Tyr Asp Ala Ile
 65 70 75 80
 Ile Ser Glu Glu Leu Leu Met Lys Asp Pro Asn Tyr Gln Leu Lys Asp
 85 90 95
 Ser Asp Ile Val Asn Glu Ile Lys Gly Gly Tyr Val Ile Lys Val Asp
 100 105 110
 Gly Lys Tyr Tyr Val Tyr Leu Lys Asp Ala Ala His Ala Asp Asn Ile
 115 120 125
 Arg Thr Lys Glu Glu Ile Lys Arg Gln Lys Gln Glu His Ser His Asn
 130 135 140
 His Asn Ser Arg Ala Asp Asn Ala Val Ala Ala Ala Arg Ala Gln Gly
 145 150 155 160
 Arg Tyr Thr Thr Asp Asp Gly Tyr Ile Phe Asn Ala Ser Asp Ile Ile
 165 170 175
 Glu Asp Thr Gly Asp Ala Tyr Ile Val Pro His Gly Asp His Tyr His
 180 185 190
 Tyr Ile Pro Lys Asn Glu Leu Ser Ala Ser Glu Leu Ala Ala Ala Glu
 195 200 205
 Ala Tyr Trp Asn Gly Lys Gln Gly Ser Arg Pro Ser Ser Ser Ser
 210 215 220
 Tyr Asn Ala Asn Pro Val Gln Pro Arg Leu Ser Glu Asn His Asn Leu
 225 230 235 240
 Thr Val Thr Pro Thr Tyr His Gln Asn Gln Gly Glu Asn Ile Ser Ser
 245 250 255
 Leu Leu Arg Glu Leu Tyr Ala Lys Pro Leu Ser Glu Arg His Val Glu

260	265	270
Ser Asp Gly Leu Ile Phe Asp Pro Ala Gln Ile Thr Ser Arg Thr Ala		
275	280	285
Arg Gly Val Ala Val Pro His Gly Asn His Tyr His Phe Ile Pro Tyr		
290	295	300
Glu Gln Met Ser Glu Leu Glu Lys Arg Ile Ala Arg Ile Ile Pro Leu		
305	310	315
Arg Tyr Arg Ser Asn His Trp Val Pro Asp Ser Arg Pro Glu Gln Pro		
	325	330
Ser Pro Gln Ser Thr Pro Glu Pro Ser Pro Ser Leu Gln Pro Ala Pro		
	340	345
Asn Pro Gln Pro Ala Pro Ser Asn Pro Ile Asp Glu Lys Leu Val Lys		
	355	360
Glu Ala Val Arg Lys Val Gly Asp Gly Tyr Val Phe Glu Glu Asn Gly		
	370	375
Val Ser Arg Tyr Ile Pro Ala Lys Asp Leu Ser Ala Glu Thr Ala Ala		
385	390	395
Gly Ile Asp Ser Lys Leu Ala Lys Gln Glu Ser Leu Ser His Lys Leu		
	405	410
Gly Ala Lys Lys Thr Asp Leu Pro Ser Ser Asp Arg Glu Phe Tyr Asn		
	420	425
Lys Ala Tyr Asp Leu Leu Ala Arg Ile His Gln Asp Leu Leu Asp Asn		
	435	440
Lys Gly Arg Gln Val Asp Phe Glu Val Leu Asp Asn Leu Leu Glu Arg		
	450	455
Leu Lys Asp Val Ser Ser Asp Lys Val Lys Leu Val Asp Asp Ile Leu		
465	470	475
Ala Phe Leu Ala Pro Ile Arg His Pro Glu Arg Leu Gly Lys Pro Asn		
	485	490
Ala Gln Ile Thr Tyr Thr Asp Asp Glu Ile Gln Val Ala Lys Leu Ala		
	500	505
Gly Lys Tyr Thr Thr Glu Asp Gly Tyr Ile Phe Asp Pro Arg Asp Ile		
	515	520
Thr Ser Asp Glu Gly Asp Ala Tyr Val Thr Pro His Met Thr His Ser		
	530	535
His Trp Ile Lys Lys Asp Ser Leu Ser Glu Ala Glu Arg Ala Ala Ala		
545	550	555
Gln Ala Tyr Ala Lys Glu Lys Gly Leu Thr Pro Pro Ser Thr Asp His		
	565	570

Gln Asp Ser Gly Asn Thr Glu Ala Lys Gly Ala Glu Ala Ile Tyr Asn
580 585 590

Arg Val Lys Ala Ala Lys Lys Val Pro Leu Asp Arg Met Pro Tyr Asn
595 600 605

Leu Gln Tyr Thr Val Glu Val Lys Asn Gly Ser Leu Ile Ile Pro His
610 615 620

Tyr Asp His Tyr His Asn Ile Lys Phe Glu Trp Phe Asp Glu Gly Leu
625 630 635 640

Tyr Glu Ala Pro Lys Gly Tyr Ser Leu Glu Asp Leu Leu Ala Thr Val
645 650 655

Lys Tyr Tyr Val Glu His Pro Asn Glu Arg Pro His Ser Asp Asn Gly
660 665 670

Phe Gly Asn Ala Ser Asp His Val Arg Lys Asn Lys Ala Asp Gln Asp
675 680 685

Ser Lys Pro Asp Glu Asp Lys Glu His Asp Glu Val Ser Glu Pro Thr
690 695 700

His Pro Glu Ser Asp Glu Lys Glu Asn His Ala Gly Leu Asn Pro Ser
705 710 715 720

Ala Asp Asn Leu Tyr Lys Pro Ser Thr Asp Thr Glu Glu Thr Glu Glu
725 730 735

Glu Ala Glu Asp Thr Thr Asp Glu Ala Glu Ile Pro Gln Val Glu Asn
740 745 750

Ser Val Ile Asn Ala Lys Ile Ala Asp Ala Glu Ala Leu Leu Glu Lys
755 760 765

Val Thr Asp Pro Ser Ile Arg Gln Asn Ala Met Glu Thr Leu Thr Gly
770 775 780

Leu Lys Ser Ser Leu Leu Leu Gly Thr Lys Asp Asn Asn Thr Ile Ser
785 790 795 800

Ala Glu Val Asp Ser Leu Leu Ala Leu Leu Lys Glu Ser Gln Pro Ala
805 810 815

Pro Ile Gln
<210> 74
<211> 568
<212> PRT
<213> S. pneumoniae
<400> 74

Glu Asn Ile Ser Ser Leu Leu Arg Glu Leu Tyr Ala Lys Pro Leu Ser
1 5 10 15

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

Thr Ser Arg Thr Ala Arg Gly Val Ala Val Pro His Gly Asn His Tyr

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

Arg Met Pro Tyr Asn Leu Gln Tyr Thr Val Glu Val Lys Asn Gly Ser
355 360 365

Leu Ile Ile Pro His Tyr Asp His Tyr His Asn Ile Lys Phe Glu Trp
370 375 380

Phe Asp Glu Gly Leu Tyr Glu Ala Pro Lys Gly Tyr Ser Leu Glu Asp
385 390 395 400

Leu Leu Ala Thr Val Lys Tyr Tyr Val Glu His Pro Asn Glu Arg Pro
405 410 415

His Ser Asp Asn Gly Phe Gly Asn Ala Ser Asp His Val Arg Lys Asn
420 425 430

Lys Ala Asp Gln Asp Ser Lys Pro Asp Glu Asp Lys Glu His Asp Glu
435 440 445

Val Ser Glu Pro Thr His Pro Glu Ser Asp Glu Lys Glu Asn His Ala
450 455 460

Gly Leu Asn Pro Ser Ala Asp Asn Leu Tyr Lys Pro Ser Thr Asp Thr
465 470 475 480

Glu Glu Thr Glu Glu Glu Ala Glu Asp Thr Thr Asp Glu Ala Glu Ile
485 490 495

Pro Gln Val Glu Asn Ser Val Ile Asn Ala Lys Ile Ala Asp Ala Glu
500 505 510

Ala Leu Leu Glu Lys Val Thr Asp Pro Ser Ile Arg Gln Asn Ala Met
515 520 525

Glu Thr Leu Thr Gly Leu Lys Ser Ser Leu Leu Leu Gly Thr Lys Asp
530 535 540

Asn Asn Thr Ile Ser Ala Glu Val Asp Ser Leu Leu Ala Leu Leu Lys
545 550 555 560

Glu Ser Gln Pro Ala Pro Ile Gln
565

<210> 75
<211> 140
<212> PRT
<213> S. pneumoniae
<400> 75

Val Arg Lys Asn Lys Ala Asp Gln Asp Ser Lys Pro Asp Glu Asp Lys
1 5 10 15

Glu His Asp Glu Val Ser Glu Pro Thr His Pro Glu Ser Asp Glu Lys
20 25 30

Glu Asn His Ala Gly Leu Asn Pro Ser Ala Asp Asn Leu Tyr Lys Pro
35 40 45

Ser Thr Asp Thr Glu Glu Thr Glu Glu Glu Ala Glu Asp Thr Thr Asp
50 55 60

Glu Ala Glu Ile Pro Gln Val Glu Asn Ser Val Ile Asn Ala Lys Ile

65	70	75	80
Ala Asp Ala Glu Ala Leu Leu Glu Lys Val Thr Asp Pro Ser Ile Arg			
	85	90	95
Gln Asn Ala Met Glu Thr Leu Thr Gly Leu Lys Ser Ser Leu Leu Leu			
	100	105	110
Gly Thr Lys Asp Asn Asn Thr Ile Ser Ala Glu Val Asp Ser Leu Leu			
	115	120	125
Ala Leu Leu Lys Glu Ser Gln Pro Ala Pro Ile Gln			
	130	135	140
<210>	76		
<211>	3171		
<212>	DNA		
<213>	S. pneumoniae		
<400>	76		
gacttgacag aagagcaaat taaggctgcg caaaaacatt tagaggaagt taaaactagt			60
cataatggat tagattcttt gtcattctcat gaacaggatt atccaggtaa tgccaaagaa			120
atgaaagatt tagataaaaa aatcgaagaa aaaattgctg gcattatgaa acaatatggt			180
gtcaaactg aaagtattgt cgtgaataaa gaaaaaaatg cgattattta tccgcatgga			240
gatcaccatc atgcagatcc			
gattgatgaa cataaaccgg ttggaattgg tcattctcac		300	
agtaactatg aactgtttaa acccgaagaa ggagttgcta aaaaagaagg gaataaagtt			360
tatactggag aagaattaac gaatgttgtt aatttgttaa aaaatagtag gtttaataat			420
caaaacttta ctctagccaa tgggtcaaaaa cgcgtttctt ttagttttcc gcctgaattg			480
gagaaaaaat taggtatcaa tatgctagta aaattaataa caccagatgg aaaagtattg			540
gagaaagtat ctggtaaagt atttggagaa ggagtaggga atattgcaa ctttgaatta			600
gatcaacctt atttaccagg acaaacattt aagtatacta tcgcttcaaa agattatcca			
	660		
gaagtaagtt atgatggtac atttacagtt ccaacctctt tagcttaca aatggccagt			720
caaacgattt tctatccttt ccatgcaggg gatacttatt taagagtga ccctcaattt			780
gcagtgccta aaggaactga tgccttagtc agagtgttg atgaatttca tggaaatgct			840
tatttagaaa ataactataa agttggtgaa atcaaattac cgattccgaa attaaaccaa			900
ggaacaacca gaacggccgg aaataaaatt cctgtaacct tcatggcaaa tgcttatttg			960
gacaatcaat cgacttatat tgtggaagta cctatcttgg aaaaagaaaa tcaaactgat			1020
aaaccaagta ttctaccaca attttaaagg			
aataaagcac aagaaaactc aaaacttgat		1080	
gaaaaggtag aagaaccaa gactagttag aaggtagaaa aagaaaaact ttctgaaact			1140
gggaatagta ctagtaattc aacgttagaa gaagttccta cagtggatcc tgtacaagaa			1200
aaagtagcaa aatttgctga aggttatggg atgaagctag aaaatgtctt gtttaatatg			1260
gacggaacaa ttgaattata ttaccatca ggagaagtca ttaaaaagaa tatggcagat			1320
tttacaggag aagcacctca aggaatgggt gaaaataaac catctgaaaa tggaaaagta			1380
tctactggaa cagttgagaa ccaaccaaca gaaaataaac cagcagattc ttaccagag			1440
gcaccaaacg aaaaacctgt aaaaccagaa aactcaacgg ataatggaat gttgaatcca			1500
gaagggaatg tggggagtga ccctatgtta gatccagcat tagaggaagc tccagcagta			1560
gatcctgtac aagaaaaatt agaaaaattt acagctagtt acggattagg cttagatagt			1620
gttatattca atatggatgg aacgattgaa ttaagattgc caagtggaga agtgataaaa			1680
aagaatttat ctgatttcat agcgaagctt cgttatcgtt caaacattg ggtaccagat			1740
tcaagaccag aagaaccaag tccacaaccg actccagaac ctagtccaag tccgcaacct			1800
gcaccaaate ctcaaccagc tccaagcaat ccaattgatg			
agaaattggt caaagaagct		1860	
gttcgaaaag taggcgatgg ttatgtcttt gaggagaatg gagtttctcg ttatatccca			1920
gccagaatc tticagcaga aacagcagca gcattgata gcaaaactggc caagcaggaa			1980
agtttatctc ataagctagg agctaagaaa actgacctcc catctagtga tcgagaattt			2040
tacaataagg cttatgactt actagcaaga attcaccaag atttacttga taataaagg			2100

cgacaagttg attttgaggc ttgggataac ctgttggaac gactcaagga tgtctcaagt 2160
gataaagtca agttagtga tgatattctt gccttcttag ctccgattcg tcatccagaa 2220
cgtttaggaa

aaccaaattgc gcaaattacc tacactgatg atgagattca agtagccaag 2280
ttggcaggca agtacacaac agaagacggt tatatctttg atcctcgtga tataaccagt 2340
gatgaggggg atgcctatgt aactccacat atgaccata gccactggat taaaaaagat 2400
agtttgtctg aagctgagag agcggcagcc caggcttatg ctaaagagaa aggtttgacc 2460
cctccttcga cagaccatca ggattcagga aatactgagg caaaaggagc agaagctatc 2520
tacaaccgcg tgaagcagc taagaaggtg ccacttgatc gtatgcctta caatcttcaa 2580
tatactgtag aagtcaaaaa cggtagttaa atcatactc attatgacca

ttaccataac 2640

atcaaatttg agtgggttga cgaaggcctt tatgaggcac ctaaggggta tactcttgag 2700
gatcttttgg cgactgtcaa gtactatgtc gaacatccaa acgaacgtcc gcattcagat 2760
aatggttttg gtaacgctag cgaccatgtt caaagaaaca aaaatggtca agctgatacc 2820
aatcaaacgg aaaaaccaag cgaggagaaa cctcagacag aaaaacctga ggaagaaacc 2880
cctcgagaag agaaccaca aagcgagaaa ccagagtctc caaaaccaac agaggaacca 2940
gaagaagaat caccagagga atcagaagaa cctcaggtcg agactgaaaa ggttgaagaa 3000
aaactgagag aggtgaaga

tttacttga aaaaaccagg atccaattat caagtccaat 3060

gccaaagaga ctctcacagg attaaaaaat aatttactat ttggcaccca ggacaacaat 3120
actattatgg cagaagctga aaaactattg gctttattaa aggagagtaa g 3171

<210> 77
<211> 473
<212> PRT
<213> S. pneumoniae
<400> 77

Glu Ala Tyr Trp Asn Gly Lys Gln Gly Ser Arg Pro Ser Ser Ser Ser
1 5 10 15

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

Leu Thr Val Thr Pro Thr Tyr His Gln Asn Gln Gly Glu Asn Ile Ser
35 40 45

Ser Leu Leu Arg Glu Leu Tyr Ala Lys Pro Leu Ser Glu Arg His Val
50 55 60

Glu Ser Asp Gly Leu Ile Phe Asp Pro Ala Gln Ile Thr Ser Arg Thr
65 70 75 80

Ala Arg Gly Val Ala Val Pro His Gly Asn His Tyr His Phe Ile Pro
85 90 95

Tyr Glu Gln Met Ser Glu Leu Glu Lys Arg Ile Ala Arg Ile Ile Pro
100 105 110

Leu Arg Tyr Arg Ser Asn His Trp Val Pro Asp Ser Arg Pro Glu Gln
115 120 125

Pro Ser Pro Gln Ser Thr Pro Glu Pro Ser Pro Ser Leu Gln Pro Ala
130 135 140

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

Lys Glu Ala Val Arg Lys Val Gly Asp Gly Tyr Val Phe Glu Glu Asn

165	170	175
Gly Val Ser Arg Tyr Ile Pro Ala Lys Asp Leu Ser Ala Glu Thr Ala		
180	185	190
Ala Gly Ile Asp Ser Lys Leu Ala Lys Gln Glu Ser Leu Ser His Lys		
195	200	205
Leu Gly Ala Lys Lys Thr Asp Leu Pro Ser Ser Asp Arg Glu Phe Tyr		
210	215	220
Asn Lys Ala Tyr Asp Leu Leu Ala Arg Ile His Gln Asp Leu Leu Asp		
225	230	235
Asn Lys Gly Arg Gln Val Asp Phe Glu Val Leu Asp Asn Leu Leu Glu		
245	250	255
Arg Leu Lys Asp Val Ser Ser Asp Lys Val Lys Leu Val Asp Asp Ile		
260	265	270
Leu Ala Phe Leu Ala Pro Ile Arg His Pro Glu Arg Leu Gly Lys Pro		
275	280	285
Asn Ala Gln Ile Thr Tyr Thr Asp Asp Glu Ile Gln Val Ala Lys Leu		
290	295	300
Ala Gly Lys Tyr Thr Thr Glu Asp Gly Tyr Ile Phe Asp Pro Arg Asp		
305	310	315
Ile Thr Ser Asp Glu Gly Asp Ala Tyr Val Thr Pro His Met Thr His		
325	330	335
Ser His Trp Ile Lys Lys Asp Ser Leu Ser Glu Ala Glu Arg Ala Ala		
340	345	350
Ala Gln Ala Tyr Ala Lys Glu Lys Gly Leu Thr Pro Pro Ser Thr Asp		
355	360	365
His Gln Asp Ser Gly Asn Thr Glu Ala Lys Gly Ala Glu Ala Ile Tyr		
370	375	380
Asn Arg Val Lys Ala Ala Lys Lys Val Pro Leu Asp Arg Met Pro Tyr		
385	390	395
Asn Leu Gln Tyr Thr Val Glu Val Lys Asn Gly Ser Leu Ile Ile Pro		
405	410	415
His Tyr Asp His Tyr His Asn Ile Lys Phe Glu Trp Phe Asp Glu Gly		
420	425	430
Leu Tyr Glu Ala Pro Lys Gly Tyr Ser Leu Glu Asp Leu Leu Ala Thr		
435	440	445
Val Lys Tyr Tyr Val Glu His Pro Asn Glu Arg Pro His Ser Asp Asn		
450	455	460
Gly Phe Gly Asn Ala Ser Asp His Val		
465	470	
<210>	78	

<211> 780
 <212> PRT
 <213> S. pneumoniae
 <400> 78
 Cys Ala Tyr Ala Leu Asn Gln His Arg Ser Gln Glu Asn Lys Asp Asn
 1 5 10 15
 Asn Arg Val Ser Tyr Val Asp Gly Ser Gln Ser Ser Gln Lys Ser Glu
 20 25 30
 Asn Leu Thr Pro Asp Gln Val Ser Gln Lys Glu Gly Ile Gln Ala Glu
 35 40 45
 Gln Ile Val Ile Lys Ile Thr Asp Gln Gly Tyr Val Thr Ser His Gly
 50 55 60
 Asp His Tyr His Tyr Tyr Asn Gly Lys Val Pro Tyr Asp Ala Leu Phe
 65 70 75 80
 Ser Glu Glu Leu Leu Met Lys Asp Pro Asn Tyr Gln Leu Lys Asp Ala
 85 90 95
 Asp Ile Val Asn Glu Val Lys Gly Gly Tyr Ile Ile Lys Val Asp Gly
 100 105 110
 Lys Tyr Tyr Val Tyr Leu Lys Asp Ala Ala His Ala Asp Asn Val Arg
 115 120 125
 Thr Lys Asp Glu Ile Asn Arg Gln Lys Gln Glu His Val Lys Asp Asn
 130 135 140
 Glu Lys Val Asn Ser Asn Val Ala Val Ala Arg Ser Gln Gly Arg Tyr
 145 150 155 160
 Thr Thr Asn Asp Gly Tyr Val Phe Asn Pro Ala Asp Ile Ile Glu Asp
 165 170 175
 Thr Gly Asn Ala Tyr Ile Val Pro His Gly Gly His Tyr His Tyr Ile
 180 185 190
 Pro Lys Ser Asp Leu Ser Ala Ser Glu Leu Ala Ala Ala Lys Ala His
 195 200 205
 Leu Ala Gly Lys Asn Met Gln Pro Ser Gln Leu Ser Tyr Ser Ser Thr
 210 215 220
 Ala Ser Asp Asn Asn Thr Gln Ser Val Ala Lys Gly Ser Thr Ser Lys
 225 230 235 240
 Pro Ala Asn Lys Ser Glu Asn Leu Gln Ser Leu Leu Lys Glu Leu Tyr
 245 250 255
 Asp Ser Pro Ser Ala Gln Arg Tyr Ser Glu Ser Asp Gly Leu Val Phe
 260 265 270
 Asp Pro Ala Lys Ile Ile Ser Arg Thr Pro Asn Gly Val Ala Ile Pro
 275 280 285
 His Gly Asp His Tyr His Phe Ile Pro Tyr Ser Lys Leu Ser Ala Leu

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

Pro Glu Leu Glu Lys Lys Leu Gly Ile Asn Met Leu Val Lys Leu Ile
610 615 620

Thr Pro Asp Gly Lys Val Leu Glu Lys Val Ser Gly Lys Val Phe Gly
625 630 635 640

Glu Gly Val Gly Asn Ile Ala Asn Phe Glu Leu Asp Gln Pro Tyr Leu
645 650 655

Pro Gly Gln Thr Phe Lys Tyr Thr Ile Ala Ser Lys Asp Tyr Pro Glu
660 665 670

Val Ser Tyr Asp Gly Thr Phe Thr Val Pro Thr Ser Leu Ala Tyr Lys
675 680 685

Met Ala Ser Gln Thr Ile Phe Tyr Pro Phe His Ala Gly Asp Thr Tyr
690 695 700

Leu Arg Val Asn Pro Gln Phe Ala Val Pro Lys Gly Thr Asp Ala Leu
705 710 715 720

Val Arg Val Phe Asp Glu Phe His Gly Asn Ala Tyr Leu Glu Asn Asn
725 730 735

Tyr Lys Val Gly Glu Ile Lys Leu Pro Ile Pro Lys Leu Asn Gln Gly
740 745 750

Thr Thr Arg Thr Ala Gly Asn Lys Ile Pro Val Thr Phe Met Ala Asn
755 760 765

Ala Tyr Leu Asp Asn Gln Ser Thr Tyr Ile Val Glu
770 775 780

<210> 79
<211> 690
<212> PRT
<213> S. pneumoniae
<400> 79

Cys Ala Tyr Glu Leu Gly Leu His Gln Ala Gln Thr Val Lys Glu Asn
1 5 10 15

Asn Arg Val Ser Tyr Ile Asp Gly Lys Gln Ala Thr Gln Lys Thr Glu
20 25 30

Asn Leu Thr Pro Asp Glu Val Ser Lys Arg Glu Gly Ile Asn Ala Glu
35 40 45

Gln Ile Val Ile Lys Ile Thr Asp Gln Gly Tyr Val Thr Ser His Gly
50 55 60

Asp His Tyr His Tyr Tyr Asn Gly Lys Val Pro Tyr Asp Ala Ile Ile
65 70 75 80

Ser Glu Glu Leu Leu Met Lys Asp Pro Asn Tyr Gln Leu Lys Asp Ser
85 90 95

Asp Ile Val Asn Glu Ile Lys Gly Gly Tyr Val Ile Lys Val Asn Gly
100 105 110

Lys Tyr Tyr Val Tyr Leu Lys Asp Ala Ala His Ala Asp Asn Val Arg

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

Lys	Lys	Thr	Asp	Leu	Pro	Ser	Ser	Asp	Arg	Glu	Phe	Tyr	Asn	Lys	Ala	
		435						440					445			
Tyr	Asp	Leu	Leu	Ala	Arg	Ile	His	Gln	Asp	Leu	Leu	Asp	Asn	Lys	Gly	
	450					455					460					
Arg	Gln	Val	Asp	Phe	Glu	Ala	Leu	Asp	Asn	Leu	Leu	Glu	Arg	Leu	Lys	
465					470					475					480	
Asp	Val	Ser	Ser	Asp	Lys	Val	Lys	Leu	Val	Asp	Asp	Ile	Leu	Ala	Phe	
				485					490					495		
Leu	Ala	Pro	Ile	Arg	His	Pro	Glu	Arg	Leu	Gly	Lys	Pro	Asn	Ala	Gln	
			500					505					510			
Ile	Thr	Tyr	Thr	Asp	Asp	Glu	Ile	Gln	Val	Ala	Lys	Leu	Ala	Gly	Lys	
	515					520						525				
Tyr	Thr	Thr	Glu	Asp	Gly	Tyr	Ile	Phe	Asp	Pro	Arg	Asp	Ile	Thr	Ser	
	530					535					540					
Asp	Glu	Gly	Asp	Ala	Tyr	Val	Thr	Pro	His	Met	Thr	His	Ser	His	Trp	
545					550					555					560	
Ile	Lys	Lys	Asp	Ser	Leu	Ser	Glu	Ala	Glu	Arg	Ala	Ala	Ala	Gln	Ala	
			565						570					575		
Tyr	Ala	Lys	Glu	Lys	Gly	Leu	Thr	Pro	Pro	Ser	Thr	Asp	His	Gln	Asp	
			580					585					590			
Ser	Gly	Asn	Thr	Glu	Ala	Lys	Gly	Ala	Glu	Ala	Ile	Tyr	Asn	Arg	Val	
	595						600					605				
Lys	Ala	Ala	Lys	Lys	Val	Pro	Leu	Asp	Arg	Met	Pro	Tyr	Asn	Leu	Gln	
	610					615					620					
Tyr	Thr	Val	Glu	Val	Lys	Asn	Gly	Ser	Leu	Ile	Ile	Pro	His	Tyr	Asp	
625					630					635					640	
His	Tyr	His	Asn	Ile	Lys	Phe	Glu	Trp	Phe	Asp	Glu	Gly	Leu	Tyr	Glu	
			645						650					655		
Ala	Pro	Lys	Gly	Tyr	Thr	Leu	Glu	Asp	Leu	Leu	Ala	Thr	Val	Lys	Tyr	
			660					665					670			
Tyr	Val	Glu	His	Pro	Asn	Glu	Arg	Pro	His	Ser	Asp	Asn	Gly	Phe	Gly	
	675					680						685				
Asn	Ala															
690																
<210>	80															
<211>	2469															
<212>	DNA															
<213>	S. pneumoniae															
<400>	80															
gtgaagaaaa	catatgggta	tatcggtca	gttgctgcca	ttttactagc	tactcatatt											60
ggaagttacc	aacttggtaa	gcatcatatg	ggtctagcaa	caaaggacaa	tcagattgcc											120
tatattgatg	acagcaaagg	taaggcaaaa	gccctaaaa	caaacaaaac	gatggatcaa											180
atcagtgtgt	aagaaggcat	ctctgtctgaa	cagatcgtag	tcaaaattac	tgaccaaggc											240

tatgtgacct cacacgggtga ccattatcat ttttacaatg ggaaagttcc ttatgatgcg	300
attattagtg aagagttgtt	
gatgacggat cctaattacc gttttaaaca atcagacgtt	360
atcaatgaaa tcttagacgg ttacgttatt aaagtcaatg gcaactatta tgtttacctc	420
aagccaggta gtaagcgcaa aaacattcga accaaacaac aaattgctga gcaagtagcc	480
aaaggaacta aagaagctaa agaaaaaggt ttagctcaag tggcccatct cagtaaagaa	540
gaagttgcgg cagtcaatga agcaaaaaga caaggacgt atactacaga c gatggctat	600
atTTTTtagtc cgacagatat cattgatgat ttaggagatg cttatttagt acctcatggt	660
aatcactatc attatattcc taaaaaggat ttgtctccaa gtgagctagc tgctgcacaa	
720	
gcctactgga gtcaaaaaa aggtcgaggt gctagaccgt ctgattaccg cccgacacca	780
gccccaggtc gtaggaaagc cccaattcct gatgtgacgc ctaaccctgg acaaggtcat	840
cagccagata acggtggcta tcatccagcg cctcctaggc caaatgatgc gtcacaaaac	900
aaacacacaaa gagatgagtt taaaggaaaa acctttaagg aactttttaga tcaactacac	960
cgtcttgatt tgaatatccg tcatgtggaa gaagatgggt tgatttttga accgactcaa	1020
gtgatcaaat caaacgcttt tgggtatgtg gtgcctcatg gagatcatta tcatattatc	1080
ccaagaagtc agttatcacc tcttgaaatg	
gaattagcag atcgatactt agctggccaa	1140
actgaggaca atgactcagg ttacagacac tcaaaacat cagataaaga agtgacacat	1200
acctttcttg gtcatcgcat caaagcttac ggaaaaggct tagatggtaa accatatgat	1260
acgagtgatg cttatgtttt tagtaaagaa tccattcatt cagtggataa atcaggagtt	1320
acagctaaac acggagatca ttccactat ataggatttg gagaacttga acaatatgag	1380
ttggatgagg tcgctaactg ggtgaaagca aaaggtaag ctgatgagct tgctgtctgt	1440
ttggatcagg aacaaggcaa agaaaaacca ctctttgaca ctaaaaaagt gagtcgcaaa	1500
gtaacaaaag atggtaaagt gggctatatg atccaaaag atggtaagga ctatttctat	1560
gctcgtgac aacttgattt gactcagatt gcctttgccg aacaagaact aatgcttaaa	1620
gataagaagc attaccgtta tgacattgtt gacacaggta ttgagccacg acttgctgta	1680
gatgtgtcaa gtctgccgat gcatgctggt aatgctactt acgatactgg aagttcgttt	1740
gttatccac atattgatca tatccatgtc gtcccgatt catggttgac gcgcgatcag	1800
attgcaacag tcaagtatgt gatgcaacac cccgaagttc gtccggatgt atggtctaag	1860
ccaggcatg aagagtcagg ttccgtcatt ccaaatgtta	
cgcctcttga taaacgtgct	1920
ggtatgcaa actggcaaat tatccattct gctgaagaag ttcaaaaagc ctagcagaa	1980
ggtcgttttg caacaccaga cggtatatt ttgatccac gagatgttt ggccaaagaa	2040
acttttgat ggaaagatgg ctcttttagc atcccaagag cagatggcag ttcatgaga	2100
accattaata aatctgatct atcccaagct gaggggcaac aagctcaaga gttattggca	2160
aagaaaaata ctggtgatgc tactgatagc gataaaccca aagaaaagca acaggcagat	2220
aagagcaatg aaaaccaaca gccaaagtga gccagtaag aagaaaaaga atcagatgac	2280
tttatagaca	
gtttaccaga ctatggtcta gatagagcaa cctagaaga tcatatcaat	2340
caattagcac aaaaagctaa tatcgatcct aagtatctca tttccaacc agaaggtgtc	2400
caattttata ataaaaatgg tgaattggta acttatgata tcaagacact tcaacaaata	2460
aacccttaa	2469
<210> 81	
<211> 823	
<212> PRT	
<213> S. pneumoniae	
<400> 81	
Val Lys Lys Thr Tyr Gly Tyr Ile Gly Ser Val Ala Ala Ile Leu Leu	
1 5 10 15	
Ala Thr His Ile Gly Ser Tyr Gln Leu Gly Lys His His Met Gly Leu	
20 25 30	
Ala Thr Lys Asp Asn Gln Ile Ala Tyr Ile Asp Asp Ser Lys Gly Lys	

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

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

660	665	670
Pro Arg Asp Val Leu Ala Lys Glu Thr Phe Val Trp Lys Asp Gly Ser		
675	680	685
Phe Ser Ile Pro Arg Ala Asp Gly Ser Ser Leu Arg Thr Ile Asn Lys		
690	695	700
Ser Asp Leu Ser Gln Ala Glu Trp Gln Gln Ala Gln Glu Leu Leu Ala		
705	710	715
Lys Lys Asn Thr Gly Asp Ala Thr Asp Thr Asp Lys Pro Lys Glu Lys		
725	730	735
Gln Gln Ala Asp Lys Ser Asn Glu Asn Gln Gln Pro Ser Glu Ala Ser		
740	745	750
Lys Glu Glu Lys Glu Ser Asp Asp Phe Ile Asp Ser Leu Pro Asp Tyr		
755	760	765
Gly Leu Asp Arg Ala Thr Leu Glu Asp His Ile Asn Gln Leu Ala Gln		
770	775	780
Lys Ala Asn Ile Asp Pro Lys Tyr Leu Ile Phe Gln Pro Glu Gly Val		
785	790	795
Gln Phe Tyr Asn Lys Asn Gly Glu Leu Val Thr Tyr Asp Ile Lys Thr		
805	810	815
Leu Gln Gln Ile Asn Pro Pro		
820		
<210> 82		
<211> 2472		
<212> DNA		
<213> S. pneumoniae		
<400> 82		
gtgaagaaaa catatgggta tatcggtca gttgctgcca ttttactagc tactcatatt	60	
ggaagttacc aacttggtaa gcatcatatg ggtctagcaa caaaggacaa tcagattgcc	120	
tatattgatg atagcaaagg taaggcaaaa gccctaaaa caaacaaaac gatggatcaa	180	
atcagtgtctg aagaaggcat ctctgtctgaa cagatcgtag tcaaaattac tgaccaaggt	240	
tatgtgacct cacacggtga ccattatcat tttacaatg ggaaagttcc		
ttatgatgcg 300		
attattagtg aagagttggt gatgacggat cctaattacc attttaaaca atcagacgtt	360	
atcaatgaaa tcttagacgg ttacgttatt aaagtcaatg gcaactatta tgtttacctc	420	
aagccaggta gtaagcgcaa aaacattcga accaaacaac aaattgctga gcaagtagcc	480	
aaaggaacta aagaagctaa agaaaaaggt ttagctcaag tggcccatct cagtaaagaa	540	
gaagttgcgg cagtcaatga agcaaaaaga caaggacgct atactacaga cgatggctat	600	
attttttagtc cgacagatat cattgatgat ttaggagacg cttatttagt acctcatggt	660	
aatcactatc attatattcc		
taaaaaagat ttgtctccaa gtgagctagc tgtgcacaa 720		
gcttactgga gtcaaaaaca aggtcgaggt gctagaccgt ctgattaccg cccgacacca	780	
gccccaggtc gtaggaaagc tccaattcct gatgtgacgc ctaaccctgg acaaggtcat	840	
cagccagata acggtggcta tcatccagcg cctcctaggc caaatgatgc gtcaaaaaac	900	
aaacacaaaa gagatgagtt taaaggaaaa acctttaagg aacttttaga tcaactacac	960	
cgtcttgatt tgaataaccg tcatgtggaa gaagatgggt tgatttttga accgactcaa	1020	
gtgatcaaat caaacgcttt tgggtatgtg gtgcctcatg gagatcatta tcatattatc		
1080		
ccaagaagtc agttatcacc tcttgaaatg gaattagcag atcgatactt agccggtcaa	1140	

actgaggaca atgattcagg ttcagatcac tcaaaacat cagataaaga agtgacacat 1200
 acctttcttg gtcacgcat caaagcttac ggaaaaggct tagatggtaa accatatgat 1260
 acgagtgatg cttatgtttt tagtaaagaa tccattcatt cagtggataa atcaggagtt 1320
 acagctaaac acggagatca ttccactat ataggatttg gagaacttga acaatatgag 1380
 ttggatgagg tcgctaactg ggtgaaagca aaagggtcaag ctgatgagct tgctgctgct 1440
 ttggatcagg aacaaggcaa agaaaaacca
 ctctttgaca ctaaaaaagt gaggcgcaaa 1500
 gtaacaaaag atggtaaagt gggctatatt atgccaaaag atggcaagga ctatttctat 1560
 gctcgtgac aacttgatgt gactcagatt gcctttgccg aacaagaact aatgcttaaa 1620
 gataagaacc attaccgtta tgacattgtt gacacaggta ttgagccacg acttgctgta 1680
 gatgtgtcaa gtcgcccgat gcatgctggt aatgctactt acgatactgg aagttcgttt 1740
 gttatccctc atattgatca tatccatgtc gttccgtatt catggttgac gcgcatcag 1800
 attgcaacaa tcaagtatgt gatgcaacac cccgaagtgc gtccagatgt atgggtctaag 1860

 ccagggcattg aagagtcagg ttcggtcatt ccaaagtta cgctcttga taaacgtgct 1920
 ggtatgcaa attggcaaat catccattct gctgaagaag ttcaaaaagc ctagcagaa 1980
 ggtcgttttg caacaccaga cggctatatt ttcgatccac gagatgtttt ggccaaagaa 2040
 acttttgat ggaaagatgg ctcttttagc atcccaagag cagatggcag ttcattgaga 2100
 accattaata aatctgatct atcccaagct gaggggcaac aagctcaaga gttattggca 2160
 aagaaaaacg ctggtgatgc tactgatacg gataaaccca aagaaaagca acaggcagat 2220
 aagagcaatg aaaaccaaca gccaaagtga gccagtaaag
 aagaagaaaa agaatcagat 2280
 gactttatag acagtttacc agactatggt ctagatagag caaccctaga agatcatatc 2340
 aatcaattag cacaaaaagc taatatcgat cctaagtatc tcattttcca accagaaggt 2400
 gtccaatttt ataataaaaa tggatgaatta gtaacttatg atatcaagac gttcaacaa 2460
 ataaaccctt aa 2472
 <210> 83
 <211> 824
 <212> PRT
 <213> S. pneumoniae
 <400> 83
 Val Lys Lys Thr Tyr Gly Tyr Ile Gly Ser Val Ala Ala Ile Leu Leu
 1 5
 10 15
 Ala Thr His Ile Gly Ser Tyr Gln Leu Gly Lys His His Met Gly Leu
 20 25 30
 Ala Thr Lys Asp Asn Gln Ile Ala Tyr Ile Asp Asp Ser Lys Gly Lys
 35 40 45
 Ala Lys Ala Pro Lys Thr Asn Lys Thr Met Asp Gln Ile Ser Ala Glu
 50 55 60
 Glu Gly Ile Ser Ala Glu Gln Ile Val Val Lys Ile Thr Asp Gln Gly
 65 70 75 80
 Tyr Val Thr Ser His Gly Asp His Tyr His Phe Tyr Asn Gly Lys Val
 85 90 95
 Pro Tyr Asp Ala Ile Ile Ser Glu Glu Leu Leu Met Thr Asp Pro Asn
 100 105 110
 Tyr His Phe Lys Gln Ser Asp Val Ile Asn Glu Ile Leu Asp Gly Tyr
 115 120 125
 Val Ile Lys Val Asn Gly Asn Tyr Tyr Val Tyr Leu Lys Pro Gly Ser
 130 135 140

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

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

Tyr Gly Leu Asp Arg Ala Thr Leu Glu Asp His Ile Asn Gln Leu Ala
 770 775 780
 Gln Lys Ala Asn Ile Asp Pro Lys Tyr Leu Ile Phe Gln Pro Glu Gly
 785 790 795 800
 Val Gln Phe Tyr Asn Lys Asn Gly Glu Leu Val Thr Tyr Asp Ile Lys
 805 810 815
 Thr Leu Gln Gln Ile Asn Pro Pro
 820
 <210> 84
 <211> 1019
 <212> PRT
 <213> S. pneumoniae
 <400> 84
 Cys Ala Tyr Ala Leu Asn Gln His Arg Ser Gln Glu Asn Lys Asp Asn
 1 5 10 15
 Asn Arg Val Ser Tyr Val Asp Gly Ser Gln Ser Ser Gln Lys Ser Glu
 20 25 30
 Asn Leu Thr Pro Asp Gln Val Ser Gln Lys Glu Gly Ile Gln Ala Glu
 35 40 45
 Gln Ile Val Ile Lys Ile Thr Asp Gln Gly Tyr Val Thr Ser His Gly
 50 55 60
 Asp His Tyr His Tyr Tyr Asn Gly Lys Val Pro Tyr Asp Ala Leu Phe
 65 70 75 80
 Ser Glu Glu Leu Leu Met Lys Asp Pro Asn Tyr Gln Leu Lys Asp Ala
 85 90 95
 Asp Ile Val Asn Glu Val Lys Gly Gly Tyr Ile Ile Lys Val Asp Gly
 100 105 110
 Lys Tyr Tyr Val Tyr Leu Lys Asp Ala Ala His Ala Asp Asn Val Arg
 115 120 125
 Thr Lys Asp Glu Ile Asn Arg Gln Lys Gln Glu His Val Lys Asp Asn
 130 135 140
 Glu Lys Val Asn Ser Asn Val Ala Val Ala Arg Ser Gln Gly Arg Tyr
 145 150 155 160
 Thr Thr Asn Asp Gly Tyr Val Phe Asn Pro Ala Asp Ile Ile Glu Asp
 165 170 175
 Thr Gly Asn Ala Tyr Ile Val Pro His Arg Gly His Tyr His Tyr Ile
 180 185 190
 Pro Lys Ser Asp Leu Ser Ala Ser Glu Leu Ala Ala Ala Lys Ala His
 195 200 205
 Leu Ala Gly Lys Asn Met Gln Pro Ser Gln Leu Ser Tyr Ser Ser Thr
 210 215 220
 Ala Ser Asp Asn Asn Thr Gln Ser Val Ala Lys Gly Ser Thr Ser Lys

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

Val Gly Ile Gly His Ser His Ser Asn Tyr Glu Leu Phe Lys Pro Glu
545 550 555 560

Glu Gly Val Ala Lys Lys Glu Gly Asn Lys Val Tyr Thr Gly Glu Glu
565 570 575

Leu Thr Asn Val Val Asn Leu Leu Lys Asn Ser Thr Phe Asn Asn Gln
580 585 590

Asn Phe Thr Leu Ala Asn Gly Gln Lys Arg Val Ser Phe Ser Phe Pro
595 600 605

Pro Glu Leu Glu Lys Lys Leu Gly Ile Asn Met Leu Val Lys Leu Ile
610 615 620

Thr Pro Asp Gly Lys Val Leu Glu Lys Val Ser Gly Lys Val Phe Gly
625 630 635 640

Glu Gly Val Gly Asn Ile Ala Asn Phe Glu Leu Asp Gln Pro Tyr Leu
645 650 655

Pro Gly Gln Thr Phe Lys Tyr Thr Ile Ala Ser Lys Asp Tyr Pro Glu
660 665 670

Val Ser Tyr Asp Gly Thr Phe Thr Val Pro Thr Ser Leu Ala Tyr Lys
675 680 685

Met Ala Ser Gln Thr Ile Phe Tyr Pro Phe His Ala Gly Asp Thr Tyr
690 695 700

Leu Arg Val Asn Pro Gln Phe Ala Val Pro Lys Gly Thr Asp Ala Leu
705 710 715 720

Val Arg Val Phe Asp Glu Phe His Gly Asn Ala Tyr Leu Glu Asn Asn
725 730 735

Tyr Lys Val Gly Glu Ile Lys Leu Pro Ile Pro Lys Leu Asn Gln Gly
740 745 750

Thr Thr Arg Thr Ala Gly Asn Lys Ile Pro Val Thr Phe Met Ala Asn
755 760 765

Ala Tyr Leu Asp Asn Gln Ser Thr Tyr Ile Val Glu Val Pro Ile Leu
770 775 780

Glu Lys Glu Asn Gln Thr Asp Lys Pro Ser Ile Leu Pro Gln Phe Lys
785 790 795 800

Arg Asn Lys Ala Gln Glu Asn Ser Lys Phe Asp Glu Lys Val Glu Glu
805 810 815

Pro Lys Thr Ser Glu Lys Val Glu Lys Glu Lys Leu Ser Glu Thr Gly
820 825 830

Asn Ser Thr Ser Asn Ser Thr Leu Glu Glu Val Pro Thr Val Asp Pro
835 840 845

Val Gln Glu Lys Val Ala Lys Phe Ala Glu Ser Tyr Gly Met Lys Leu

850 855 860
 Glu Asn Val Leu Phe Asn Met Asp Gly Thr Ile Glu Leu Tyr Leu Pro
 865 870 875 880
 Ser Gly Glu Val Ile Lys Lys Asn Met Ala Asp Phe Thr Gly Glu Ala
 885 890 895
 Pro Gln Gly Asn Gly Glu Asn Lys Pro Ser Glu Asn Gly Lys Val Ser
 900 905 910
 Thr Gly Thr Val Glu Asn Gln Pro Thr Glu Asn Lys Pro Ala Asp Ser
 915 920 925
 Leu Pro Glu Ala Pro Asn Glu Lys Pro Val Lys Pro Glu Asn Ser Thr
 930 935 940
 Asp Asn Gly Met Leu Asn Pro Glu Gly Asn Val Gly Ser Asp Pro Met
 945 950 955 960
 Leu Asp Pro Ala Leu Glu Glu Ala Pro Ala Val Asp Pro Val Gln Glu
 965 970 975
 Lys Leu Glu Lys Phe Thr Ala Ser Tyr Gly Leu Gly Leu Asp Ser Val
 980 985 990
 Ile Phe Asn Met Asp Gly Thr Ile Glu Leu Arg Leu Pro Ser Gly Glu
 995 1000 1005
 Val Ile Lys Lys Asn Leu Ser Asp Leu Ile Ala
 1010 1015
 <210> 85
 <211> 1019
 <212> PRT
 <213> S. pneumoniae
 <400> 85
 Cys Ala Tyr Ala Leu Asn Gln His Arg Ser Gln Glu Asn Lys Asp Asn
 1 5 10 15
 Asn Arg Val Ser Tyr Val Asp Gly Ser Gln Ser Ser Gln Lys Ser Glu
 20 25 30
 Asn Leu Thr Pro Asp Gln Val Ser Gln Lys Glu Gly Ile Gln Ala Glu
 35 40 45
 Gln Ile Val Ile Lys Ile Thr Asp Gln Gly Tyr Val Thr Ser His Gly
 50 55 60
 Asp His Tyr His Tyr Tyr Asn Gly Lys Val Pro Tyr Asp Ala Leu Phe
 65 70 75 80
 Ser Glu Glu Leu Leu Met Lys Asp Pro Asn Tyr Gln Leu Lys Asp Ala
 85 90 95
 Asp Ile Val Asn Glu Val Lys Gly Gly Tyr Ile Ile Lys Val Asp Gly
 100 105 110
 Lys Tyr Tyr Val Tyr Leu Lys Asp Ala Ala His Ala Asp Asn Val Arg

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

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

740	745	750
Thr Thr Arg Thr Ala Gly Asn Lys Ile Pro Val Thr Phe Met Ala Asn		
755	760	765
Ala Tyr Leu Asp Asn Gln Ser Thr Tyr Ile Val Glu Val Pro Ile Leu		
770	775	780
Glu Lys Glu Asn Gln Thr Asp Lys Pro Ser Ile Leu Pro Gln Phe Lys		
785	790	800
Arg Asn Lys Ala Gln Glu Asn Ser Lys Leu Asp Glu Lys Val Glu Glu		
805	810	815
Pro Lys Thr Ser Glu Lys Val Glu Lys Glu Lys Leu Ser Glu Thr Gly		
820	825	830
Asn Ser Thr Ser Asn Ser Thr Leu Glu Glu Val Pro Thr Val Asp Pro		
835	840	845
Val Gln Glu Lys Val Ala Lys Phe Ala Glu Ser Tyr Gly Met Lys Leu		
850	855	860
Glu Asn Val Leu Phe Asn Met Asp Gly Thr Ile Glu Leu Tyr Leu Pro		
865	870	875
Ser Gly Glu Val Ile Lys Lys Asn Met Ala Asp Phe Thr Gly Glu Ala		
885	890	895
Pro Gln Gly Asn Gly Glu Asn Lys Pro Ser Glu Asn Gly Lys Val Ser		
900	905	910
Thr Gly Thr Val Glu Asn Gln Pro Thr Glu Asn Lys Pro Ala Asp Ser		
915	920	925
Leu Pro Glu Ala Pro Asn Glu Lys Pro Val Lys Pro Glu Asn Ser Thr		
930	935	940
Asp Asn Gly Met Leu Asn Pro Glu Gly Asn Val Gly Ser Asp Pro Met		
945	950	955
Leu Asp Pro Ala Leu Glu Glu Ala Pro Ala Val Asp Pro Val Gln Glu		
965	970	975
Lys Leu Glu Lys Phe Thr Ala Ser Tyr Gly Leu Gly Leu Asp Ser Val		
980	985	990
Ile Phe Asn Met Asp Gly Thr Ile Glu Leu Arg Leu Pro Ser Gly Glu		
995	1000	1005
Val Ile Lys Lys Asn Leu Ser Asp Leu Ile Ala		
1010	1015	
<210>	86	
<211>	1019	
<212>	PRT	
<213>	S. pneumoniae	
<400>	86	
Cys Ala Tyr Ala Leu Asn Gln His Arg Ser Gln Glu Asn Lys Asp Asn		

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

Val Ser Thr Asn Ala Lys Pro Asn Glu Val Val Ser Ser Leu Gly Ser
325 330 335

Leu Ser Ser Asn Pro Ser Ser Leu Thr Thr Ser Lys Glu Leu Ser Ser
340 345 350

Ala Ser Asp Gly Tyr Ile Phe Asn Pro Lys Asp Ile Val Glu Glu Thr
355 360 365

Ala Thr Ala Tyr Ile Val Arg His Gly Asp His Phe His Tyr Ile Pro
370 375 380

Lys Ser Asn Gln Ile Gly Gln Pro Thr Leu Pro Asn Asn Ser Leu Ala
385 390 395 400

Thr Pro Ser Pro Ser Leu Pro Ile Asn Pro Gly Thr Ser His Glu Lys
405 410 415

His Glu Glu Asp Gly Tyr Gly Phe Asp Ala Asn Arg Ile Ile Ala Glu
420 425 430

Asp Glu Ser Gly Phe Val Met Ser His Gly Asp His Asn His Tyr Phe
435 440 445

Phe Lys Lys Asp Leu Thr Glu Glu Gln Ile Lys Ala Ala Gln Lys His
450 455 460

Leu Glu Glu Val Lys Thr Ser His Asn Gly Leu Asp Ser Leu Ser Ser
465 470 475 480

His Glu Gln Asp Tyr Pro Ser Asn Ala Lys Glu Met Lys Asp Leu Asp
485 490 495

Lys Lys Ile Glu Glu Lys Ile Ala Gly Ile Met Lys Gln Tyr Gly Val
500 505 510

Lys Arg Glu Ser Ile Val Val Asn Lys Glu Lys Asn Ala Ile Ile Tyr
515 520 525

Pro His Gly Asp His His His Ala Asp Pro Ile Asp Glu His Lys Pro
530 535 540

Val Gly Ile Gly His Ser His Ser Asn Tyr Glu Leu Phe Lys Pro Glu
545 550 555 560

Glu Gly Val Ala Lys Lys Glu Gly Asn Lys Val Tyr Thr Gly Glu Glu
565 570 575

Leu Thr Asn Val Val Asn Leu Leu Lys Asn Ser Thr Phe Asn Asn Gln
580 585 590

Asn Phe Thr Leu Ala Asn Gly Gln Lys Arg Val Ser Phe Ser Phe Pro
595 600 605

Pro Glu Leu Glu Lys Lys Leu Gly Ile Asn Met Leu Val Lys Leu Ile
610 615 620

Thr Pro Asp Gly Lys Val Leu Glu Lys Val Ser Gly Lys Val Phe Gly

625	630	635	640
Glu Gly Val Gly Asn Ile Ala Asn Phe Glu Leu Asp Gln Pro Tyr Leu	645	650	655
Pro Gly Gln Thr Phe Lys Tyr Thr Ile Ala Ser Lys Asp Tyr Pro Glu	660	665	670
Val Ser Tyr Asp Gly Thr Phe Thr Val Pro Thr Ser Leu Ala Tyr Lys	675	680	685
Met Ala Ser Gln Thr Ile Phe Tyr Pro Phe His Ala Gly Asp Thr Tyr	690	695	700
Leu Arg Val Asn Pro Gln Phe Ala Val Pro Lys Gly Thr Asp Ala Leu	705	710	715
Val Arg Val Phe Asp Gly Phe His Gly Asn Ala Tyr Leu Glu Asn Asn	725	730	735
Tyr Lys Val Gly Glu Ile Lys Leu Pro Ile Pro Lys Leu Asn Gln Gly	740	745	750
Thr Thr Arg Thr Ala Gly Asn Lys Ile Pro Val Thr Phe Met Ala Asn	755	760	765
Ala Tyr Leu Asp Asn Gln Ser Thr Tyr Ile Val Glu Val Pro Ile Leu	770	775	780
Glu Lys Glu Asn Gln Thr Asp Lys Pro Ser Ile Leu Pro Gln Phe Lys	785	790	795
Arg Asn Lys Ala Gln Glu Asn Leu Lys Leu Asp Glu Lys Val Glu Glu	805	810	815
Pro Lys Thr Ser Glu Lys Val Glu Lys Glu Lys Leu Ser Glu Thr Gly	820	825	830
Asn Ser Thr Ser Asn Ser Thr Leu Glu Glu Val Pro Thr Val Asp Pro	835	840	845
Val Gln Glu Lys Val Ala Lys Phe Ala Glu Ser Tyr Gly Met Lys Leu	850	855	860
Glu Asn Val Leu Phe Asn Met Asp Gly Thr Ile Glu Leu Tyr Leu Pro	865	870	875
Ser Gly Glu Val Ile Lys Lys Asn Met Ala Asp Phe Thr Gly Glu Ala	885	890	895
Pro Gln Gly Asn Gly Glu Asn Lys Pro Ser Glu Asn Gly Lys Val Ser	900	905	910
Thr Gly Thr Val Glu Asn Gln Pro Thr Glu Asn Lys Pro Ala Asp Ser	915	920	925
Leu Pro Glu Ala Pro Asn Glu Lys Pro Val Lys Pro Glu Asn Ser Thr	930	935	940

Asp Asn Gly Met Leu Asn Pro Glu Gly Asn Val Gly Ser Asp Pro Met
 945 950 955 960
 Leu Asp Pro Ala Leu Glu Glu Ala Pro Ala Val Asp Pro Val Gln Glu
 965 970 975
 Lys Leu Glu Lys Phe Thr Ala Ser Tyr Gly Leu Gly Leu Asp Ser Val
 980 985 990
 Ile Phe Asn Met Asp Gly Thr Ile Glu Leu Arg Leu Pro Ser Gly Glu
 995 1000 1005
 Val Ile Lys Lys Asn Leu Ser Asp Leu Ile Ala
 1010 1015
 <210> 87
 <211> 1019
 <212> PRT
 <213> S. pneumoniae
 <400> 87
 Cys Ala Tyr Ala Leu Asn Gln His Arg Ser Gln Glu Asn Lys Asp Asn
 1 5 10 15
 Asn Arg Val Ser Tyr Val Asp Gly Ser Gln Ser Ser Gln Lys Ser Glu
 20 25 30
 Asn Leu Thr Pro Asp Gln Val Ser Gln Lys Glu Gly Ile Gln Ala Glu
 35 40 45
 Gln Ile Val Ile Lys Ile Thr Asp Gln Gly Tyr Val Thr Ser His Gly
 50 55 60
 Asp His Tyr His Tyr Tyr Asn Gly Lys Val Pro Tyr Asp Ala Leu Phe
 65 70 75 80
 Ser Glu Glu Leu Leu Met Lys Asp Pro Asn Tyr Gln Leu Lys Asp Ala
 85 90 95
 Asp Ile Val Asn Glu Val Lys Gly Gly Tyr Ile Ile Lys Val Asp Gly
 100 105 110
 Lys Tyr Tyr Val Tyr Leu Lys Asp Ala Ala His Ala Asp Asn Val Arg
 115 120 125
 Thr Lys Asp Glu Ile Asn Arg Gln Lys Gln Glu His Val Lys Asp Asn
 130 135 140
 Glu Lys Val Asn Ser Asn Val Ala Val Ala Arg Ser Gln Gly Arg Tyr
 145 150 155 160
 Thr Thr Asn Asp Gly Tyr Val Phe Asn Pro Ala Asp Ile Ile Glu Asp
 165 170 175
 Thr Gly Asn Ala Tyr Ile Val Pro His Gly Gly His Tyr His Tyr Ile
 180 185 190
 Pro Lys Ser Asp Leu Ser Ala Ser Glu Leu Ala Ala Ala Lys Ala His
 195 200 205
 Leu Ala Gly Lys Asn Met Gln Pro Ser Gln Leu Ser Tyr Ser Ser Thr

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

Pro His Gly Asp His His His Ala Asp Pro Ile Asp Glu His Lys Pro
530 535 540

Val Gly Ile Gly His Ser His Ser Asn Tyr Glu Leu Phe Lys Pro Glu
545 550 555 560

Glu Gly Val Ala Lys Lys Glu Gly Asn Lys Val Tyr Thr Gly Glu Glu
565 570 575

Leu Thr Asn Val Val Asn Leu Leu Lys Asn Ser Thr Phe Asn Asn Gln
580 585 590

Asn Phe Thr Leu Ala Asn Gly Gln Lys Arg Val Ser Phe Ser Phe Pro
595 600 605

Pro Glu Leu Glu Lys Lys Leu Gly Ile Asn Met Leu Val Lys Leu Ile
610 615 620

Thr Pro Asp Gly Lys Val Leu Glu Lys Val Ser Gly Lys Val Phe Gly
625 630 635 640

Glu Gly Val Gly Asn Ile Ala Asn Phe Glu Leu Asp Gln Pro Tyr Leu
645 650 655

Pro Gly Gln Thr Phe Lys Tyr Thr Ile Ala Ser Lys Asp Tyr Pro Glu
660 665 670

Val Ser Tyr Asp Gly Thr Phe Thr Val Pro Thr Ser Leu Ala Tyr Lys
675 680 685

Met Ala Ser Gln Thr Ile Phe Tyr Pro Phe His Ala Gly Asp Thr Tyr
690 695 700

Leu Arg Val Asn Pro Gln Phe Ala Val Pro Lys Gly Thr Asp Ala Leu
705 710 715 720

Val Arg Val Phe Asp Glu Phe His Gly Asn Ala Tyr Leu Glu Asn Asn
725 730 735

Tyr Lys Val Gly Glu Ile Lys Leu Pro Ile Pro Lys Leu Asn Gln Gly
740 745 750

Thr Thr Arg Thr Ala Gly Asn Lys Ile Pro Val Thr Phe Met Ala Asn
755 760 765

Ala Tyr Leu Asp Asn Gln Ser Thr Tyr Ile Val Glu Val Pro Ile Leu
770 775 780

Glu Lys Glu Asn Gln Thr Asp Lys Pro Ser Ile Leu Pro Gln Phe Lys
785 790 795 800

Arg Asn Lys Ala Gln Glu Asn Ser Lys Leu Asp Glu Lys Val Glu Glu
805 810 815

Pro Lys Thr Ser Glu Lys Val Glu Lys Glu Lys Leu Ser Glu Thr Gly
820 825 830

Asn Ser Thr Ser Asn Ser Thr Leu Glu Glu Val Pro Thr Val Asp Pro

835 840 845
 Val Gln Glu Lys Val Ala Lys Phe Ala Glu Ser Tyr Gly Met Lys Leu
 850 855 860
 Glu Asn Val Leu Phe Asn Met Asp Gly Thr Ile Glu Leu Tyr Leu Pro
 865 870 875 880
 Ser Gly Glu Val Ile Lys Lys Asn Met Ala Asp Phe Thr Gly Glu Ala
 885 890 895
 Pro Gln Gly Asn Gly Glu Asn Lys Pro Ser Glu Asn Gly Lys Val Ser
 900 905 910
 Thr Gly Thr Val Glu Asn Gln Pro Thr Glu Asn Lys Pro Ala Asp Ser
 915 920 925
 Leu Pro Glu Ala Pro Asn Glu Lys Pro Val Lys Pro Glu Asn Ser Thr
 930 935 940
 Asp Asn Gly Met Leu Asn Pro Glu Gly Asn Val Gly Ser Asp Pro Met
 945 950 955 960
 Leu Asp Pro Ala Leu Glu Glu Ala Pro Ala Val Asp Pro Val Gln Glu
 965 970 975
 Lys Leu Glu Lys Phe Thr Ala Ser Tyr Gly Leu Gly Leu Asp Ser Val
 980 985 990
 Ile Phe Asn Met Asp Gly Thr Ile Glu Leu Arg Leu Pro Ser Gly Glu
 995 1000 1005
 Val Ile Lys Lys Asn Leu Ser Asp Phe Ile Ala
 1010 1015
 <210> 88
 <211> 1019
 <212> PRT
 <213> S. pneumoniae
 <400> 88
 Cys Ala Tyr Ala Leu Asn Gln His Arg Ser Gln Glu Asn Lys Asp Asn
 1 5 10 15
 Asn Arg Val Ser Tyr Val Asp Gly Ser Gln Ser Ser Gln Lys Ser Glu
 20 25 30
 Asn Leu Thr Pro Asp Gln Val Ser Gln Lys Glu Gly Ile Gln Ala Glu
 35 40 45
 Gln Ile Val Ile Lys Ile Thr Asp Gln Gly Tyr Val Thr Ser His Gly
 50 55 60
 Asp His Tyr His Tyr Tyr Asn Gly Lys Val Pro Tyr Asp Ala Leu Phe
 65 70 75 80
 Ser Glu Glu Leu Leu Met Lys Asp Pro Asn Tyr Gln Leu Lys Asp Ala
 85 90 95
 Asp Ile Val Asn Glu Val Lys Gly Gly Tyr Ile Ile Lys Val Asp Gly

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

His Glu Glu Asp Gly Tyr Gly Phe Asp Ala Asn Arg Ile Ile Ala Glu
420 425 430

Asp Glu Ser Gly Phe Val Met Ser His Gly Asp His Asn His Tyr Phe
435 440 445

Phe Lys Lys Asp Leu Thr Glu Glu Gln Ile Lys Ala Ala Gln Lys His
450 455 460

Leu Glu Glu Val Lys Thr Ser His Asn Gly Leu Asp Ser Leu Ser Ser
465 470 475 480

His Glu Gln Asp Tyr Pro Ser Asn Ala Lys Glu Met Lys Asp Leu Asp
485 490 495

Lys Lys Ile Glu Glu Lys Ile Ala Gly Ile Met Lys Gln Tyr Gly Val
500 505 510

Lys Arg Glu Ser Ile Val Val Asn Lys Glu Lys Asn Ala Ile Ile Tyr
515 520 525

Pro His Gly Asp His His His Ala Asp Pro Ile Asp Glu His Lys Pro
530 535 540

Val Gly Ile Gly His Ser His Ser Asn Tyr Glu Leu Phe Lys Pro Glu
545 550 555 560

Glu Gly Val Ala Lys Lys Glu Gly Asn Lys Val Tyr Thr Gly Glu Glu
565 570 575

Leu Thr Asn Val Val Asn Leu Leu Lys Asn Ser Thr Phe Asn Asn Gln
580 585 590

Asn Phe Thr Leu Ala Asn Gly Gln Lys Arg Val Ser Phe Ser Phe Pro
595 600 605

Pro Glu Leu Glu Lys Lys Leu Gly Ile Asn Met Leu Val Lys Leu Ile
610 615 620

Thr Pro Asp Gly Lys Val Leu Glu Lys Val Ser Gly Lys Val Phe Gly
625 630 635 640

Glu Gly Val Gly Asn Ile Ala Asn Phe Glu Leu Asp Gln Pro Tyr Leu
645 650 655

Pro Gly Gln Thr Phe Lys Tyr Thr Ile Ala Ser Lys Asp Tyr Pro Glu
660 665 670

Val Ser Tyr Asp Gly Thr Phe Thr Val Pro Thr Ser Leu Ala Tyr Lys
675 680 685

Met Ala Ser Gln Thr Ile Phe Tyr Pro Phe His Ala Gly Asp Thr Tyr
690 695 700

Leu Arg Val Asn Pro Gln Phe Ala Val Pro Lys Gly Thr Asp Ala Leu
705 710 715 720

Val Arg Val Phe Asp Glu Phe His Gly Asn Ala Tyr Leu Glu Asn Asn

	725		730		735
Tyr Lys Val Gly Glu Ile Lys Leu Pro Ile Pro Lys Leu Asn Gln Gly					
	740		745		750
Thr Thr Arg Thr Ala Gly Asn Lys Ile Pro Val Thr Phe Met Ala Asn					
	755		760		765
Ala Tyr Leu Asp Asn Gln Ser Thr Tyr Ile Val Glu Val Pro Ile Leu					
	770		775		780
Glu Lys Glu Asn Gln Thr Asp Lys Pro Ser Ile Leu Pro Gln Phe Lys					
	785		790		800
Arg Asn Lys Ala Gln Glu Asn Ser Lys Phe Asp Glu Lys Val Glu Glu					
	805		810		815
Pro Lys Thr Ser Glu Lys Val Glu Lys Glu Lys Leu Ser Glu Thr Gly					
	820		825		830
Asn Ser Thr Ser Asn Ser Thr Leu Glu Glu Val Pro Thr Val Asp Pro					
	835		840		845
Val Gln Glu Lys Val Ala Lys Phe Ala Glu Ser Tyr Gly Met Lys Leu					
	850		855		860
Glu Asn Val Leu Phe Asn Met Asp Gly Thr Ile Glu Leu Tyr Leu Pro					
	865		870		875
Ser Gly Glu Val Ile Lys Lys Asn Met Ala Asp Phe Thr Gly Glu Ala					
	885		890		895
Pro Gln Gly Asn Gly Glu Asn Lys Pro Ser Glu Asn Gly Lys Val Ser					
	900		905		910
Thr Gly Thr Val Glu Asn Gln Pro Thr Glu Asn Lys Pro Ala Asp Ser					
	915		920		925
Leu Pro Glu Ala Pro Asn Glu Lys Pro Val Lys Pro Glu Asn Ser Thr					
	930		935		940
Asp Asn Gly Met Leu Asn Pro Glu Gly Asn Val Gly Ser Asp Pro Met					
	945		950		955
Leu Asp Pro Ala Leu Glu Glu Ala Pro Ala Val Asp Pro Val Gln Glu					
	965		970		975
Lys Leu Glu Lys Phe Thr Ala Ser Tyr Gly Leu Gly Leu Asp Ser Val					
	980		985		990
Ile Phe Asn Met Asp Gly Thr Ile Glu Leu Arg Leu Pro Ser Gly Glu					
	995		1000		1005
Val Ile Lys Lys Asn Leu Ser Asp Leu Ile Ala					
	1010		1015		
<210>	89				
<211>	1019				
<212>	PRT				
<213>	S. pneumoniae				

<400> 89
Cys Ala Tyr Ala Leu Asn Gln His Arg Ser Gln Glu Asn Lys Asp Asn
1 5 10 15
Asn Arg Val Ser Tyr Val Asp Gly Ser Gln Ser Ser Gln Lys Ser Glu
20 25 30
Asn Leu Thr Pro Asp Gln Val Ser Gln Lys Glu Gly Ile Gln Ala Glu
35 40 45
Gln Ile Val Ile Lys Ile Thr Asp Gln Gly Tyr Val Thr Ser His Gly
50 55 60
Asp His Tyr His Tyr Tyr Asn Gly Lys Val Pro Tyr Asp Ala Leu Phe
65 70 75 80
Ser Glu Glu Leu Leu Met Lys Asp Pro Asn Tyr Gln Leu Lys Asp Ala
85 90 95
Asp Ile Val Asn Glu Val Lys Gly Gly Tyr Ile Ile Lys Val Asp Gly
100 105 110
Lys Tyr Tyr Val Tyr Leu Lys Asp Ala Ala His Ala Asp Asn Val Arg
115 120 125
Thr Lys Asp Glu Ile Asn Arg Gln Lys Gln Glu His Val Lys Asp Asn
130 135 140
Glu Lys Val Asn Ser Asn Val Ala Val Ala Arg Ser Gln Gly Arg Tyr
145 150 155 160
Thr Thr Asn Asp Gly Tyr Val Phe Asn Pro Ala Asp Ile Ile Glu Asp
165 170 175
Thr Gly Asn Ala Tyr Ile Val Pro His Arg Gly His Tyr His Tyr Ile
180 185 190
Pro Lys Ser Asp Leu Ser Ala Ser Glu Leu Ala Ala Ala Lys Ala His
195 200 205
Leu Ala Gly Lys Asn Met Gln Pro Ser Gln Leu Ser Tyr Ser Ser Thr
210 215 220
Ala Ser Asp Asn Asn Thr Gln Ser Val Ala Lys Gly Ser Thr Ser Lys
225 230 235 240
Pro Ala Asn Lys Ser Glu Asn Leu Gln Ser Leu Leu Lys Glu Leu Tyr
245 250 255
Asp Ser Pro Ser Ala Gln Arg Tyr Ser Glu Ser Asp Gly Leu Val Phe
260 265 270
Asp Pro Ala Lys Ile Ile Ser Arg Thr Pro Asn Gly Val Ala Ile Pro
275 280 285
His Gly Asp His Tyr His Phe Ile Pro Tyr Ser Lys Leu Ser Ala Leu
290 295 300
Glu Glu Lys Ile Ala Arg Met Val Pro Ile Ser Gly Thr Gly Ser Thr

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

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

930 935 940
 Asp Asn Gly Met Leu Asn Pro Glu Gly Asn Val Gly Ser Asp Pro Met
 945 950 955 960
 Leu Asp Pro Ala Leu Glu Glu Ala Pro Ala Val Asp Pro Val Gln Glu
 965 970 975
 Lys Leu Glu Lys Phe Thr Ala Ser Tyr Gly Leu Gly Leu Asp Ser Val
 980 985 990
 Ile Phe Asn Met Asp Gly Thr Ile Glu Leu Arg Leu Pro Ser Gly Glu
 995 1000 1005
 Val Ile Lys Lys Asn Leu Ser Asp Leu Ile Ala
 1010 1015
 <210> 90
 <211> 819
 <212> PRT
 <213> S. pneumoniae
 <400> 90
 Cys Ser Tyr Glu Leu Gly Arg His Gln Ala Gly Gln Val Lys Lys Glu
 1 5 10 15
 Ser Asn Arg Val Ser Tyr Ile Asp Gly Asp Gln Ala Gly Gln Lys Ala
 20 25 30
 Glu Asn Leu Thr Pro Asp Glu Val Ser Lys Arg Glu Gly Ile Asn Ala
 35 40 45
 Glu Gln Ile Val Ile Lys Ile Thr Asp Gln Gly Tyr Val Thr Ser His
 50 55 60
 Gly Asp His Tyr His Tyr Tyr Asn Gly Lys Val Pro Tyr Asp Ala Ile
 65 70 75 80
 Ile Ser Glu Glu Leu Leu Met Lys Asp Pro Asn Tyr Gln Leu Lys Asp
 85 90 95
 Ser Asp Ile Val Asn Glu Ile Lys Gly Gly Tyr Val Ile Lys Val Asp
 100 105 110
 Gly Lys Tyr Tyr Val Tyr Leu Lys Asp Ala Ala His Ala Asp Asn Ile
 115 120 125
 Arg Thr Lys Glu Glu Ile Lys Arg Gln Lys Gln Glu His Ser His Asn
 130 135 140
 His Asn Ser Arg Ala Asp Asn Ala Val Ala Ala Ala Arg Ala Gln Gly
 145 150 155 160
 Arg Tyr Thr Thr Asp Asp Gly Tyr Ile Phe Asn Ala Ser Asp Ile Ile
 165 170 175
 Glu Asp Thr Gly Asp Ala Tyr Ile Val Pro His Gly Asp His Tyr His
 180 185 190
 Tyr Ile Pro Lys Asn Glu Leu Ser Ala Ser Glu Leu Ala Ala Ala Glu

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

Gly Lys Tyr Thr Thr Glu Asp Gly Tyr Ile Phe Asp Pro Arg Asp Ile
 515 520 525
 Thr Ser Asp Glu Gly Asp Ala Tyr Val Thr Pro His Met Thr His Ser
 530 535 540
 His Trp Ile Lys Lys Asp Ser Leu Ser Glu Ala Glu Arg Ala Ala Ala
 545 550 555 560
 Gln Ala Tyr Ala Lys Glu Lys Gly Leu Thr Pro Pro Ser Thr Asp His
 565 570 575
 Gln Asp Ser Gly Asn Thr Glu Ala Lys Gly Ala Glu Ala Ile Tyr Asn
 580 585 590
 Arg Val Lys Ala Ala Lys Lys Val Pro Leu Asp Arg Met Pro Tyr Asn
 595 600 605
 Leu Gln Tyr Thr Val Glu Val Lys Asn Gly Ser Leu Ile Ile Pro His
 610 615 620
 Tyr Asp His Tyr His Asn Ile Lys Phe Glu Trp Phe Asp Glu Gly Leu
 625 630 635 640
 Tyr Glu Ala Pro Lys Gly Tyr Ser Leu Glu Asp Leu Leu Ala Thr Val
 645 650 655
 Lys Tyr Tyr Val Glu His Pro Asn Glu Arg Pro His Ser Asp Asn Gly
 660 665 670
 Phe Gly Asn Ala Ser Asp His Val Arg Lys Asn Lys Ala Asp Gln Asp
 675 680 685
 Ser Lys Pro Asp Glu Asp Lys Glu His Asp Glu Val Ser Glu Pro Thr
 690 695 700
 His Pro Glu Ser Asp Glu Lys Glu Asn His Ala Gly Leu Asn Pro Ser
 705 710 715 720
 Ala Asp Asn Leu Tyr Lys Pro Ser Thr Asp Thr Glu Glu Thr Glu Glu
 725 730 735
 Glu Ala Glu Asp Thr Thr Asp Glu Ala Glu Ile Pro Gln Val Glu Asn
 740 745 750
 Ser Val Ile Asn Ala Lys Ile Ala Asp Ala Glu Ala Leu Leu Glu Lys
 755 760 765
 Val Thr Asp Pro Ser Ile Arg Gln Asn Ala Met Glu Thr Leu Thr Gly
 770 775 780
 Leu Lys Ser Ser Leu Leu Leu Gly Thr Lys Asp Asn Asn Thr Ile Ser
 785 790 795 800
 Ala Glu Val Asp Ser Leu Leu Ala Leu Leu Lys Glu Ser Gln Pro Ala
 805 810 815
 Pro Ile Gln
 <210> 91

<211> 820
 <212> PRT
 <213> S. pneumoniae
 <400> 91
 Cys Ser Tyr Glu Leu Gly Arg His Gln Ala Gly Gln Val Lys Lys Glu
 1 5 10 15
 Ser Asn Arg Val Ser Tyr Ile Asp Gly Asp Gln Ala Gly Gln Lys Ala
 20 25 30
 Glu Asn Leu Thr Pro Asp Glu Val Ser Lys Arg Glu Gly Ile Asn Ala
 35 40 45
 Glu Gln Ile Val Ile Lys Ile Thr Asp Gln Gly Tyr Val Thr Ser His
 50 55 60
 Gly Asp His Tyr His Tyr Tyr Asn Gly Lys Val Pro Tyr Asp Ala Ile
 65 70 75 80
 Ile Ser Glu Glu Leu Leu Met Lys Asp Pro Asn Tyr Gln Leu Lys Asp
 85 90 95
 Ser Asp Ile Val Asn Glu Ile Lys Gly Gly Tyr Val Ile Lys Val Asp
 100 105 110
 Gly Lys Tyr Tyr Val Tyr Leu Lys Asp Ala Ala His Ala Asp Asn Ile
 115 120 125
 Arg Thr Lys Glu Glu Ile Lys Arg Gln Lys Gln Glu His Ser His Asn
 130 135 140
 His Gly Gly Gly Ser Asn Asp Gln Ala Val Val Ala Ala Arg Ala Gln
 145 150 155 160
 Gly Arg Tyr Thr Thr Asp Asp Gly Tyr Ile Phe Asn Ala Ser Asp Ile
 165 170 175
 Ile Glu Asp Thr Gly Asp Ala Tyr Ile Val Pro His Gly Asp His Tyr
 180 185 190
 His Tyr Ile Pro Lys Asn Glu Leu Ser Ala Ser Glu Leu Ala Ala Ala
 195 200 205
 Glu Ala Tyr Trp Asn Gly Lys Gln Gly Ser Arg Pro Ser Ser Ser Ser
 210 215 220
 Ser Tyr Asn Ala Asn Pro Ala Gln Pro Arg Leu Ser Glu Asn His Asn
 225 230 235 240
 Leu Thr Val Thr Pro Thr Tyr His Gln Asn Gln Gly Glu Asn Ile Ser
 245 250 255
 Ser Leu Leu Arg Glu Leu Tyr Ala Lys Pro Leu Ser Glu Arg His Val
 260 265 270
 Glu Ser Asp Gly Leu Ile Phe Asp Pro Ala Gln Ile Thr Ser Arg Thr
 275 280 285
 Ala Arg Gly Val Ala Val Pro His Gly Asn His Tyr His Phe Ile Pro

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

Asn Leu Gln Tyr Thr Val Glu Val Lys Asn Gly Ser Leu Ile Ile Pro
 610 615 620
 His Tyr Asp His Tyr His Asn Ile Lys Phe Glu Trp Phe Asp Glu Gly
 625 630 635 640
 Leu Tyr Glu Ala Pro Lys Gly Tyr Thr Leu Glu Asp Leu Leu Ala Thr
 645 650 655
 Val Lys Tyr Tyr Val Glu His Pro Asn Glu Arg Pro His Ser Asp Asn
 660 665 670
 Gly Phe Gly Asn Ala Ser Asp His Val Arg Lys Asn Lys Val Asp Gln
 675 680 685
 Asp Ser Lys Pro Asp Glu Asp Lys Glu His Asp Glu Val Ser Glu Pro
 690 695 700
 Thr His Pro Glu Ser Asp Glu Lys Glu Asn His Ala Gly Leu Asn Pro
 705 710 715 720
 Ser Ala Asp Asn Leu Tyr Lys Pro Ser Thr Asp Thr Glu Glu Thr Glu
 725 730 735
 Glu Glu Ala Glu Asp Thr Thr Asp Glu Ala Glu Ile Pro Gln Val Glu
 740 745 750
 Asn Ser Val Ile Asn Ala Lys Ile Ala Asp Ala Glu Ala Leu Leu Glu
 755 760 765
 Lys Val Thr Asp Pro Ser Ile Arg Gln Asn Ala Met Glu Thr Leu Thr
 770 775 780
 Gly Leu Lys Ser Ser Leu Leu Leu Gly Thr Lys Asp Asn Asn Thr Ile
 785 790 795 800
 Ser Ala Glu Val Asp Ser Leu Leu Ala Leu Leu Lys Glu Ser Gln Pro
 805 810 815
 Ala Pro Ile Gln
 820
 <210> 92
 <211> 816
 <212> PRT
 <213> S. pneumoniae
 <400> 92
 Cys Ser Tyr Glu Leu Gly Arg His Gln Ala Gly Gln Asp Lys Lys Glu
 1 5 10 15
 Ser Asn Arg Val Ala Tyr Ile Asp Gly Asp Gln Ala Gly Gln Lys Ala
 20 25 30
 Glu Asn Leu Thr Pro Asp Glu Val Ser Lys Arg Glu Gly Ile Asn Ala
 35 40 45
 Glu Gln Ile Val Ile Lys Ile Thr Asp Gln Gly Tyr Val Thr Ser His
 50 55 60
 Gly Asp His Tyr His Tyr Tyr Asn Gly Lys Val Pro Tyr Asp Ala Ile

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

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

690	695	700	
Ser Asp Glu Lys Glu Asn His Ala Gly Leu Asn Pro Ser Ala Asp Asn			
705	710	715	720
Leu Tyr Lys Pro Ser Thr Asp Thr Glu Glu Thr Glu Glu Glu Ala Glu			
	725	730	735
Asp Thr Thr Asp Glu Ala Glu Ile Pro Gln Val Glu His Ser Val Ile			
	740	745	750
Asn Ala Lys Ile Ala Asp Ala Glu Ala Leu Leu Glu Lys Val Thr Asp			
	755	760	765
Pro Ser Ile Arg Gln Asn Ala Met Glu Thr Leu Thr Gly Leu Lys Ser			
	770	775	780
Ser Leu Leu Leu Gly Thr Lys Asp Asn Asn Thr Ile Ser Ala Glu Val			
785	790	795	800
Asp Ser Leu Leu Ala Leu Leu Lys Lys Ser Gln Pro Ala Pro Ile Gln			
	805	810	815
<210>	93		
<211>	816		
<212>	PRT		
<213>	S. pneumoniae		
<400>	93		
Cys Ser Tyr Glu Leu Gly Arg His Gln Ala Gly Gln Asp Lys Lys Glu			
1	5	10	15
Ser Asn Arg Val Ala Tyr Ile Asp Gly Asp Gln Ala Gly Gln Lys Ala			
	20	25	30
Glu Asn Leu Thr Pro Asp Glu Val Ser Lys Arg Glu Gly Ile Asn Ala			
	35	40	45
Glu Gln Ile Val Ile Lys Ile Thr Asp Gln Gly Tyr Val Thr Ser His			
	50	55	60
Gly Asp His Tyr His Tyr Tyr Asn Gly Lys Val Pro Tyr Asp Ala Ile			
65	70	75	80
Ile Ser Glu Glu Leu Leu Met Lys Asp Pro Asn Tyr Gln Leu Lys Asp			
	85	90	95
Ser Asp Ile Val Asn Glu Ile Lys Gly Gly Tyr Val Ile Lys Val Asn			
	100	105	110
Gly Lys Tyr Tyr Val Tyr Leu Lys Asp Ala Ala His Ala Asp Asn Ile			
	115	120	125
Arg Thr Lys Glu Glu Ile Lys Arg Gln Arg Gln Glu His Ser His Asn			
	130	135	140
His Gly Gly Gly Ser Asn Asp Gln Ala Val Val Ala Ala Arg Ala Gln			
145	150	155	160
Gly Arg Tyr Thr Thr Asp Asp Gly Tyr Ile Phe Asn Ala Ser Asp Ile			

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

Ala Pro Ile Arg His Pro Glu Arg Leu Gly Lys Pro Asn Ser Gln Ile
485 490 495

Thr Tyr Thr Asp Asp Glu Ile Gln Val Ala Lys Leu Ala Gly Lys Tyr
500 505 510

Thr Thr Glu Asp Gly Tyr Ile Phe Asp Pro Arg Asp Ile Thr Ser Asp
515 520 525

Glu Gly Asp Ala Tyr Val Thr Pro His Met Thr His Ser His Trp Ile
530 535 540

Lys Lys Asp Ser Leu Ser Glu Ala Glu Arg Ala Ala Ala Gln Ala Tyr
545 550 555 560

Ala Lys Glu Lys Gly Leu Thr Pro Pro Ser Thr Asp His Gln Asp Ser
565 570 575

Gly Asn Thr Glu Ala Lys Gly Ala Glu Ala Ile Tyr Asn Arg Val Lys
580 585 590

Ala Ala Lys Lys Val Pro Leu Asp Arg Met Pro Tyr Asn Leu Gln Tyr
595 600 605

Thr Val Glu Val Lys Asn Gly Ser Leu Ile Ile Pro His Tyr Asp His
610 615 620

Tyr His Asn Ile Lys Phe Glu Trp Phe Asp Glu Gly Leu Tyr Glu Ala
625 630 635 640

Pro Lys Gly Tyr Thr Leu Glu Asp Leu Leu Ala Thr Val Lys Tyr Tyr
645 650 655

Val Glu His Pro Asn Glu Arg Pro His Ser Asp Asn Gly Phe Gly Asn
660 665 670

Ala Ser Asp His Val Arg Lys Asn Lys Ala Asp Gln Asp Ser Lys Pro
675 680 685

Asp Glu Asp Lys Gly His Asp Glu Val Ser Glu Pro Thr His Pro Glu
690 695 700

Ser Asp Glu Lys Glu Asn His Ala Gly Leu Asn Pro Ser Ala Asp Asn
705 710 715 720

Leu Tyr Lys Pro Ser Thr Asp Thr Glu Glu Thr Glu Glu Glu Ala Glu
725 730 735

Asp Thr Thr Asp Glu Ala Glu Ile Pro Gln Val Glu His Ser Val Ile
740 745 750

Asn Ala Lys Ile Ala Asp Ala Glu Ala Leu Leu Glu Lys Val Thr Asp
755 760 765

Pro Ser Ile Arg Gln Asn Ala Met Glu Thr Leu Thr Gly Leu Lys Ser
770 775 780

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

785	790								795								800			
Asp	Ser	Leu	Leu	Ala	Leu	Leu	Lys	Lys	Ser	Gln	Pro	Ala	Pro	Ile	Gln					
				805				810				815								
<210>		94																		
<211>		816																		
<212>		PRT																		
<213>		S. pneumoniae																		
<400>		94																		
Cys	Ser	Tyr	Glu	Leu	Gly	Arg	His	Gln	Ala	Gly	Gln	Asp	Lys	Lys	Glu					
1		5				10				15										
Ser	Asn	Arg	Val	Ala	Tyr	Ile	Asp	Gly	Asp	Gln	Ala	Gly	Gln	Lys	Ala					
			20		25				30											
Glu	Asn	Leu	Thr	Pro	Asp	Glu	Val	Ser	Lys	Arg	Glu	Gly	Ile	Asn	Ala					
			35		40				45											
Glu	Gln	Ile	Val	Ile	Lys	Ile	Thr	Asp	Gln	Gly	Tyr	Val	Thr	Ser	His					
50			55				60													
Gly	Asp	His	Tyr	His	Tyr	Tyr	Asn	Gly	Lys	Val	Pro	Tyr	Asp	Ala	Ile					
65		70				75				80										
Ile	Ser	Glu	Glu	Leu	Leu	Met	Lys	Asp	Pro	Asn	Tyr	Gln	Leu	Lys	Asp					
				85				90				95								
Ser	Asp	Ile	Val	Asn	Glu	Ile	Lys	Gly	Gly	Tyr	Val	Ile	Lys	Val	Asn					
			100		105				110											
Gly	Lys	Tyr	Tyr	Val	Tyr	Leu	Lys	Asp	Ala	Ala	His	Ala	Asp	Asn	Ile					
115			120				125													
Arg	Thr	Lys	Glu	Glu	Ile	Lys	Arg	Gln	Lys	Gln	Glu	His	Ser	His	Asn					
130			135				140													
His	Gly	Gly	Gly	Ser	Asn	Asp	Gln	Ala	Val	Val	Ala	Ala	Arg	Ala	Gln					
145		150				155				160										
Gly	Arg	Tyr	Thr	Thr	Asp	Asp	Gly	Tyr	Ile	Phe	Asn	Ala	Ser	Asp	Ile					
				165		170				175										
Ile	Glu	Asp	Thr	Gly	Asp	Ala	Tyr	Ile	Val	Pro	Arg	Gly	Asn	His	Phe					
			180		185				190											
His	Tyr	Ile	Pro	Lys	Ser	Asp	Leu	Ser	Ala	Ser	Glu	Leu	Ala	Ala	Ala					
195			200				205													
Gln	Ala	Tyr	Trp	Asn	Gly	Lys	Gln	Gly	Ser	Arg	Pro	Ser	Ser	Ser	Ser					
210			215				220													
Ser	His	Asn	Ala	Asn	Pro	Ala	Gln	Pro	Arg	Leu	Ser	Glu	Asn	His	Asn					
225		230				235				240										
Leu	Thr	Val	Thr	Pro	Thr	Tyr	His	Gln	Asn	Gln	Gly	Glu	Asn	Ile	Ser					
				245		250				255										
Ser	Leu	Leu	Arg	Glu	Leu	Tyr	Ala	Lys	Pro	Leu	Ser	Glu	Arg	Arg	Val					

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

Gly Asn Thr Glu Ala Lys Gly Ala Glu Ala Ile Tyr Asn Arg Val Lys
580 585 590

Ala Ala Lys Lys Val Pro Leu Asp Arg Met Pro Tyr Asn Leu Gln Tyr
595 600 605

Thr Val Glu Val Lys Asn Gly Ser Leu Ile Ile Pro His Tyr Asp His
610 615 620

Tyr His Asn Ile Lys Phe Glu Trp Phe Asp Glu Gly Leu Tyr Glu Ala
625 630 635 640

Pro Lys Gly Tyr Thr Leu Glu Asp Leu Leu Ala Thr Val Lys Tyr Tyr
645 650 655

Val Glu His Pro Asn Glu Arg Pro His Ser Asp Asn Gly Phe Gly Asn
660 665 670

Ala Ser Asp His Val Arg Lys Asn Lys Ala Asp Gln Asp Ser Lys Pro
675 680 685

Asp Glu Asp Lys Gly His Asp Glu Val Ser Glu Pro Thr His Pro Glu
690 695 700

Ser Asp Glu Lys Glu Asn His Ala Gly Leu Asn Pro Ser Ala Asp Asn
705 710 715 720

Leu Tyr Lys Pro Ser Thr Asp Thr Glu Glu Thr Glu Glu Glu Ala Glu
725 730 735

Asp Thr Thr Asp Glu Ala Glu Ile Pro Gln Val Glu His Ser Val Ile
740 745 750

Asn Ala Lys Ile Ala Asp Ala Glu Ala Leu Leu Glu Lys Val Thr Asp
755 760 765

Pro Ser Ile Arg Gln Asn Ala Met Glu Thr Leu Thr Gly Leu Lys Ser
770 775 780

Ser Leu Leu Leu Gly Thr Lys Asp Asn Asn Thr Ile Ser Ala Glu Val
785 790 795 800

Asp Ser Leu Leu Ala Leu Leu Lys Lys Ser Gln Pro Ala Pro Ile Gln
805 810 815

<210> 95
<211> 834
<212> PRT
<213> S. pneumoniae
<400> 95

Cys Ser Tyr Glu Leu Gly Arg His Gln Ala Gly Gln Val Lys Lys Glu
1 5 10 15

Ser Asn Arg Val Ser Tyr Ile Asp Gly Asp Gln Ala Gly Gln Lys Ala
20 25 30

Glu Asn Leu Thr Pro Asp Glu Val Ser Lys Arg Glu Gly Ile Asn Ala
35 40 45

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

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

Phe Gly Asn Ala Ser Asp His Val Gln Arg Asn Lys Asn Gly Gln Ala
 675 680 685
 Asp Thr Asn Gln Thr Glu Lys Pro Asn Glu Glu Lys Pro Gln Thr Glu
 690 695 700
 Lys Pro Glu Glu Asp Lys Glu His Asp Glu Val Ser Glu Pro Thr His
 705 710 715 720
 Pro Glu Ser Asp Glu Lys Glu Asn His Val Gly Leu Asn Pro Ser Ala
 725 730 735
 Asp Asn Leu Tyr Lys Pro Ser Thr Asp Thr Glu Glu Thr Glu Glu Glu
 740 745 750
 Ala Glu Asp Thr Thr Asp Glu Ala Glu Ile Pro Gln Val Glu Tyr Ser
 755 760 765
 Val Ile Asn Ala Lys Ile Ala Glu Ala Glu Ala Leu Leu Glu Lys Val
 770 775 780
 Thr Asp Ser Ser Ile Arg Gln Asn Ala Val Glu Thr Leu Thr Gly Leu
 785 790 795 800
 Lys Ser Ser Leu Leu Leu Gly Thr Lys Asp Asn Asn Thr Ile Ser Ala
 805 810 815
 Glu Val Asp Ser Leu Leu Ala Leu Leu Lys Glu Ser Gln Pro Ala Pro
 820 825 830
 Ile Gln
 <210> 96
 <211> 811
 <212> PRT
 <213> S. pneumoniae
 <400> 96
 Cys Ser Tyr Glu Leu Gly Arg His Gln Ala Gly Gln Asp Lys Lys Glu
 1 5 10 15
 Ser Asn Arg Val Ala Tyr Ile Asp Gly Asp Gln Ala Gly Gln Lys Ala
 20 25 30
 Glu Asn Leu Thr Pro Asp Glu Val Ser Lys Arg Glu Gly Ile Asn Ala
 35 40 45
 Glu Gln Ile Val Ile Lys Ile Thr Asp Gln Gly Tyr Val Thr Ser His
 50 55 60
 Gly Asp His Tyr His Tyr Tyr Asn Gly Lys Val Pro Tyr Asp Ala Ile
 65 70 75 80
 Ile Ser Glu Glu Leu Leu Met Lys Asp Pro Asn Tyr Gln Leu Lys Asp
 85 90 95
 Ser Asp Ile Val Asn Glu Ile Lys Gly Gly Tyr Val Ile Lys Val Asn
 100 105 110
 Gly Lys Tyr Tyr Val Tyr Leu Lys Asp Ala Ala His Ala Asp Asn Ile

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

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

740 745 750
 Asn Ala Lys Ile Ala Asp Ala Glu Ala Leu Leu Glu Lys Val Thr Asp
 755 760 765
 Pro Ser Ile Arg Gln Asn Ala Met Glu Thr Leu Thr Gly Leu Lys Ser
 770 775 780
 Ser Leu Leu Leu Gly Thr Lys Asp Asn Asn Thr Ile Ser Ala Glu Val
 785 790 795 800
 Asp Ser Leu Leu Ala Leu Leu Lys Glu Ser Lys
 805 810
 <210> 97
 <211> 811
 <212> PRT
 <213> S. pneumoniae
 <400> 97
 Cys Ser Tyr Glu Leu Gly Arg His Gln Ala Gly Gln Asp Lys Lys Glu
 1 5 10 15
 Ser Asn Arg Val Ala Tyr Ile Asp Gly Asp Gln Ala Gly Gln Lys Ala
 20 25 30
 Glu Asn Leu Thr Pro Asp Glu Val Ser Lys Arg Glu Gly Ile Asn Ala
 35 40 45
 Glu Gln Ile Val Ile Lys Ile Thr Asp Gln Gly Tyr Val Thr Ser His
 50 55 60
 Gly Asp His Tyr His Tyr Tyr Asn Gly Lys Val Pro Tyr Asp Ala Ile
 65 70 75 80
 Ile Ser Glu Glu Leu Leu Met Lys Asp Pro Asn Tyr Gln Leu Lys Asp
 85 90 95
 Ser Asp Ile Val Asn Glu Ile Lys Gly Gly Tyr Val Ile Lys Val Asn
 100 105 110
 Gly Lys Tyr Tyr Gly Tyr Leu Lys Asp Ala Ala His Ala Asp Asn Ile
 115 120 125
 Arg Thr Lys Glu Glu Ile Lys Arg Gln Lys Gln Glu His Ser His Asn
 130 135 140
 His Gly Gly Gly Ser Asn Asp Gln Ala Val Val Ala Ala Arg Ala Gln
 145 150 155 160
 Gly Arg Tyr Thr Thr Asp Asp Gly Tyr Ile Phe Asn Ala Ser Asp Ile
 165 170 175
 Ile Glu Asp Thr Gly Asp Ala Tyr Ile Val Pro His Gly Asn His Phe
 180 185 190
 His Tyr Ile Pro Lys Ser Asp Leu Ser Ala Ser Glu Leu Ala Ala Ala
 195 200 205
 Gln Ala Tyr Trp Asn Gly Lys Gln Gly Ser Arg Pro Ser Ser Ser Ser

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

Glu Gly Asp Ala Tyr Val Thr Pro His Met Thr His Ser His Trp Ile
 530 535 540
 Lys Lys Asp Ser Leu Ser Glu Ala Glu Arg Ala Ala Ala Gln Ala Tyr
 545 550 555 560
 Ala Lys Glu Lys Gly Leu Thr Pro Pro Ser Thr Asp His Gln Asp Ser
 565 570 575
 Gly Asn Thr Glu Ala Lys Gly Ala Glu Ala Ile Tyr Asn Arg Val Lys
 580 585 590
 Ala Ala Lys Lys Val Pro Leu Asp Arg Met Pro Tyr Asn Leu Gln Tyr
 595 600 605
 Thr Val Glu Val Lys Asn Gly Ser Leu Ile Ile Pro His Tyr Asp His
 610 615 620
 Tyr His Asn Ile Lys Phe Glu Trp Phe Asp Glu Gly Leu Tyr Glu Ala
 625 630 635 640
 Pro Lys Gly Tyr Thr Leu Glu Asp Leu Leu Ala Thr Val Lys Tyr Tyr
 645 650 655
 Val Glu His Pro Asn Glu Arg Pro His Ser Asp Asn Gly Phe Gly Asn
 660 665 670
 Ala Ser Asp His Val Arg Lys Asn Lys Ala Asp Gln Asp Ser Lys Pro
 675 680 685
 Asp Glu Asp Lys Gly His Asp Glu Val Ser Glu Pro Thr His Pro Glu
 690 695 700
 Ser Asp Glu Lys Glu Asn His Ala Gly Leu Asn Pro Ser Ala Asp Asn
 705 710 715 720
 Leu Tyr Lys Pro Ser Thr Asp Thr Glu Glu Thr Glu Glu Glu Ala Glu
 725 730 735
 Asp Thr Thr Asp Glu Ala Glu Ile Pro Gln Val Glu His Ser Val Ile
 740 745 750
 Asn Ala Lys Ile Ala Asp Ala Glu Ala Leu Leu Glu Lys Val Thr Asp
 755 760 765
 Pro Ser Ile Arg Gln Asn Ala Met Glu Thr Leu Thr Gly Leu Lys Ser
 770 775 780
 Ser Leu Leu Leu Gly Thr Lys Asp Asn Asn Thr Ile Ser Ala Glu Val
 785 790 795 800
 Asp Ser Leu Leu Ala Leu Leu Lys Glu Ser Lys
 805 810
 <210> 98
 <211> 811
 <212> PRT
 <213> S. pneumoniae
 <400> 98
 Cys Ser Tyr Glu Leu Gly Arg His Gln Ala Gly Gln Asp Lys Lys Glu

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

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

625 630 635 640
 Pro Lys Gly Tyr Thr Leu Glu Asp Leu Leu Ala Thr Val Lys Tyr Tyr
 645 650 655
 Val Glu His Pro Asn Glu Arg Pro His Ser Asp Asn Gly Phe Gly Asn
 660 665 670
 Ala Ser Asp His Val Arg Lys Asn Lys Ala Asp Gln Asp Ser Lys Pro
 675 680 685
 Asp Glu Asp Lys Gly His Asp Glu Val Ser Glu Pro Thr His Pro Glu
 690 695 700
 Ser Asp Glu Lys Glu Asn His Ala Gly Leu Asn Pro Ser Ala Asp Asn
 705 710 715 720
 Leu Tyr Lys Pro Ser Thr Asp Thr Glu Glu Thr Glu Glu Glu Ala Glu
 725 730 735
 Asp Thr Thr Asp Glu Ala Glu Ile Pro Gln Val Glu His Ser Val Ile
 740 745 750
 Asn Ala Lys Ile Ala Asp Ala Glu Ala Leu Leu Glu Lys Val Thr Asp
 755 760 765
 Pro Ser Ile Arg Gln Asn Ala Met Glu Thr Leu Thr Gly Leu Lys Ser
 770 775 780
 Ser Leu Leu Leu Gly Thr Lys Asp Asn Asn Thr Ile Ser Ala Glu Val
 785 790 795 800
 Asp Ser Leu Leu Ala Leu Leu Lys Glu Ser Lys
 805 810
 <210> 99
 <211> 811
 <212> PRT
 <213> S. pneumoniae
 <400> 99
 Cys Ser Tyr Glu Leu Gly Arg His Gln Ala Gly Gln Val Lys Lys Glu
 1 5 10 15
 Ser Asn Arg Val Ser Tyr Ile Asp Gly Asp Gln Ala Gly Gln Lys Ala
 20 25 30
 Glu Asn Leu Thr Pro Asp Glu Val Ser Lys Arg Glu Gly Ile Asn Ala
 35 40 45
 Glu Gln Ile Val Ile Lys Ile Thr Asp Gln Gly Tyr Val Thr Ser His
 50 55 60
 Gly Asp His Tyr His Tyr Tyr Asn Gly Lys Val Pro Tyr Asp Ala Ile
 65 70 75 80
 Ile Ser Glu Glu Leu Leu Met Lys Asp Pro Asn Tyr Gln Leu Lys Asp
 85 90 95
 Ser Asp Ile Val Asn Glu Ile Lys Gly Gly Tyr Val Ile Lys Val Asp

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

Gly Ala Lys Lys Thr Asp Leu Pro Ser Ser Asp Arg Glu Phe Tyr Asn
420 425 430

Lys Ala Tyr Asp Leu Leu Ala Arg Ile His Gln Asp Leu Leu Asp Asn
435 440 445

Lys Gly Arg Gln Val Asp Phe Glu Ala Leu Asp Asn Leu Leu Glu Arg
450 455 460

Leu Lys Asp Val Ser Ser Asp Lys Val Lys Leu Val Asp Asp Ile Leu
465 470 475 480

Ala Phe Leu Ala Pro Ile Arg His Pro Glu Arg Leu Gly Lys Pro Asn
485 490 495

Ala Gln Ile Thr Tyr Thr Asp Asp Glu Ile Gln Val Ala Lys Leu Ala
500 505 510

Gly Lys Tyr Thr Thr Glu Asp Gly Tyr Ile Phe Asp Pro Arg Asp Ile
515 520 525

Thr Ser Asp Glu Gly Asp Ala Tyr Val Thr Pro His Met Thr His Ser
530 535 540

His Trp Ile Lys Lys Asp Ser Leu Ser Glu Ala Glu Arg Ala Ala Ala
545 550 555 560

Gln Ala Tyr Ala Lys Glu Lys Gly Leu Thr Pro Pro Ser Thr Asp His
565 570 575

Gln Asp Ser Gly Asn Thr Glu Ala Lys Gly Ala Glu Ala Ile Tyr Asn
580 585 590

Arg Val Lys Ala Ala Lys Lys Val Pro Leu Asp Arg Met Pro Tyr Asn
595 600 605

Leu Gln Tyr Thr Val Glu Val Lys Asn Gly Ser Leu Ile Ile Pro His
610 615 620

Tyr Asp His Tyr His Asn Ile Lys Phe Glu Trp Phe Asp Glu Gly Leu
625 630 635 640

Tyr Glu Ala Pro Lys Gly Tyr Ser Leu Glu Asp Leu Leu Ala Thr Val
645 650 655

Lys Tyr Tyr Val Glu His Pro Asn Glu Arg Pro His Ser Asp Asn Gly
660 665 670

Phe Gly Asn Ala Ser Asp His Val Gln Arg Asn Lys Asn Gly Gln Ala
675 680 685

Asp Thr Asn Gln Thr Glu Lys Pro Asn Glu Glu Lys Pro Gln Thr Glu
690 695 700

Lys Pro Glu Glu Glu Thr Pro Arg Glu Glu Lys Pro Gln Ser Glu Lys
705 710 715 720

Pro Glu Ser Pro Lys Pro Thr Glu Glu Pro Glu Glu Glu Ser Pro Glu

725					730					735						
Glu	Ser	Pro	Glu	Glu	Ser	Glu	Glu	Pro	Gln	Val	Glu	Thr	Glu	Lys	Val	
740					745					750						
Lys	Glu	Lys	Leu	Arg	Glu	Ala	Glu	Asp	Leu	Leu	Gly	Lys	Ile	Gln	Asn	
755					760					765						
Pro	Ile	Ile	Lys	Ser	Asn	Ala	Lys	Glu	Thr	Leu	Thr	Gly	Leu	Lys	Asn	
770					775					780						
Asn	Leu	Leu	Phe	Gly	Thr	Gln	Asp	Asn	Asn	Thr	Ile	Met	Ala	Glu	Ala	
785					790					795					800	
Glu	Lys	Leu	Leu	Ala	Leu	Leu	Lys	Glu	Ser	Lys						
805					810											
<210>	100															
<211>	805															
<212>	PRT															
<213>	S. pneumoniae															
<400>	100															
Cys	Ser	Tyr	Glu	Leu	Gly	Arg	His	Gln	Ala	Gly	Gln	Asp	Lys	Lys	Glu	
1	5					10					15					
Ser	Asn	Arg	Val	Ala	Tyr	Ile	Asp	Gly	Asp	Gln	Ala	Gly	Gln	Lys	Ala	
20					25					30						
Glu	Asn	Leu	Thr	Pro	Asp	Glu	Val	Ser	Lys	Arg	Glu	Gly	Ile	Asn	Ala	
35					40					45						
Glu	Gln	Ile	Val	Ile	Lys	Ile	Thr	Asp	Gln	Gly	Tyr	Val	Thr	Ser	His	
50					55					60						
Gly	Asp	His	Tyr	His	Tyr	Tyr	Asn	Gly	Lys	Val	Pro	Tyr	Asp	Ala	Ile	
65					70					75					80	
Ile	Ser	Glu	Glu	Leu	Leu	Met	Lys	Asp	Pro	Asn	Tyr	Gln	Leu	Lys	Asp	
85					90					95						
Ser	Asp	Ile	Val	Asn	Glu	Ile	Lys	Gly	Gly	Tyr	Val	Ile	Lys	Val	Asn	
100					105					110						
Gly	Lys	Tyr	Tyr	Val	Tyr	Leu	Lys	Asp	Ala	Ala	His	Ala	Asp	Asn	Ile	
115					120					125						
Arg	Thr	Lys	Glu	Glu	Ile	Lys	Arg	Gln	Lys	Gln	Glu	Arg	Ser	His	Asn	
130					135					140						
His	Asn	Ser	Arg	Ala	Asp	Asn	Ala	Val	Ala	Ala	Ala	Arg	Ala	Gln	Gly	
145					150					155					160	
Arg	Tyr	Thr	Thr	Asp	Asp	Gly	Tyr	Ile	Phe	Asn	Ala	Ser	Asp	Ile	Ile	
165					170					175						
Glu	Asp	Thr	Gly	Asp	Ala	Tyr	Ile	Val	Pro	His	Gly	Asp	His	Tyr	His	
180					185					190						
Tyr	Ile	Pro	Lys	Asn	Glu	Leu	Ser	Ala	Ser	Glu	Leu	Ala	Ala	Ala	Glu	

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

Asp Gly Tyr Ile Phe Asp Pro Arg Asp Ile Thr Ser Asp Glu Gly Asp
 515 520 525
 Ala Tyr Val Thr Pro His Met Thr His Ser His Trp Ile Lys Lys Asp
 530 535 540
 Ser Leu Ser Glu Ala Glu Arg Ala Ala Ala Gln Ala Tyr Ala Lys Glu
 545 550 555 560
 Lys Gly Leu Thr Pro Pro Ser Thr Asp His Gln Asp Ser Gly Asn Thr
 565 570 575
 Glu Ala Lys Gly Ala Glu Ala Ile Tyr Asn Arg Val Lys Ala Ala Lys
 580 585 590
 Lys Val Pro Leu Asp Arg Met Pro Tyr Asn Leu Gln Tyr Thr Val Glu
 595 600 605
 Val Lys Asn Gly Ser Leu Ile Ile Pro His Tyr Asp His Tyr His Asn
 610 615 620
 Ile Lys Phe Glu Trp Phe Asp Glu Gly Leu Tyr Glu Ala Pro Lys Gly
 625 630 635 640
 Tyr Ser Leu Glu Asp Leu Leu Ala Thr Val Lys Tyr Tyr Val Glu His
 645 650 655
 Pro Asn Glu Arg Pro His Ser Asp Asn Gly Phe Gly Asn Ala Ser Asp
 660 665 670
 His Val Gln Arg Asn Lys Asn Gly Gln Ala Asp Thr Asn Gln Thr Glu
 675 680 685
 Lys Pro Asn Glu Glu Lys Pro Gln Thr Glu Lys Pro Glu Glu Glu Thr
 690 695 700
 Pro Arg Glu Glu Lys Pro Gln Ser Glu Lys Pro Glu Ser Pro Lys Pro
 705 710 715 720
 Thr Glu Glu Pro Glu Glu Glu Ser Pro Glu Glu Ser Pro Glu Glu Ser
 725 730 735
 Glu Glu Pro Gln Val Glu Thr Glu Lys Val Lys Glu Lys Leu Arg Glu
 740 745 750
 Ala Glu Asp Leu Leu Gly Lys Ile Gln Asn Pro Ile Ile Lys Ser Asn
 755 760 765
 Ala Lys Glu Thr Leu Thr Gly Leu Lys Asn Asn Leu Leu Phe Gly Thr
 770 775 780
 Gln Asp Asn Asn Thr Ile Met Ala Glu Ala Glu Lys Leu Leu Ala Leu
 785 790 795 800
 Leu Lys Glu Ser Lys
 805
 <210> 101
 <211> 807
 <212> PRT

<213> S. pneumoniae
 <400> 101
 Cys Ser Tyr Glu Leu Gly Arg His Gln Ala Gly Gln Val Lys Lys Glu
 1 5 10 15
 Ser Asn Arg Val Ser Tyr Ile Asp Gly Asp Gln Ala Gly Gln Lys Ala
 20 25 30
 Glu Asn Leu Thr Pro Asp Glu Val Ser Lys Arg Glu Gly Ile Asn Ala
 35 40 45
 Glu Gln Ile Val Ile Lys Ile Thr Asp Gln Gly Tyr Val Thr Ser His
 50 55 60
 Gly Asp His Tyr His Tyr Tyr Asn Gly Lys Val Pro Tyr Asp Ala Ile
 65 70 75 80
 Ile Ser Glu Glu Leu Leu Met Lys Asp Pro Asn Tyr Gln Leu Lys Asp
 85 90 95
 Ser Asp Ile Val Asn Glu Ile Lys Gly Gly Tyr Val Ile Lys Val Asp
 100 105 110
 Gly Lys Tyr Tyr Val Tyr Leu Lys Asp Ala Ala His Ala Asp Asn Ile
 115 120 125
 Arg Thr Lys Glu Glu Ile Lys Arg Gln Lys Gln Glu Arg Ser His Asn
 130 135 140
 His Asn Ser Arg Ala Asp Asn Ala Val Ala Ala Ala Arg Ala Gln Gly
 145 150 155 160
 Arg Tyr Thr Thr Asp Asp Gly Tyr Ile Phe Asn Ala Ser Asp Ile Ile
 165 170 175
 Glu Asp Thr Gly Asp Ala Tyr Ile Val Pro His Gly Asn His Phe His
 180 185 190
 Tyr Ile Pro Lys Ser Asp Leu Ser Ala Ser Glu Leu Ala Ala Ala Gln
 195 200 205
 Ala Tyr Trp Asn Gly Lys Gln Gly Ser Arg Pro Ser Ser Ser Ser
 210 215 220
 His Asn Ala Asn Pro Ala Gln Pro Arg Leu Ser Glu Asn His Asn Leu
 225 230 235 240
 Thr Val Thr Pro Thr Tyr His Gln Asn Gln Gly Glu Asn Ile Ser Ser
 245 250 255
 Leu Leu Arg Glu Leu Tyr Ala Lys Pro Leu Ser Glu Arg His Val Glu
 260 265 270
 Ser Asp Gly Leu Ile Phe Asp Pro Ala Gln Ile Thr Ser Arg Thr Ala
 275 280 285
 Arg Gly Val Ala Val Pro His Gly Asn His Tyr His Phe Ile Pro Tyr
 290 295 300

Ser Gln Met Ser Glu Leu Glu Glu Arg Ile Ala Arg Ile Ile Pro Leu
305 310 315 320

Arg Tyr Arg Ser Asn His Trp Val Pro Asp Ser Arg Pro Glu Gln Pro
325 330 335

Ser Pro Gln Ser Thr Pro Glu Pro Ser Pro Ser Pro Gln Ser Ala Pro
340 345 350

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

Glu Val Val Arg Lys Val Gly Asp Gly Tyr Val Phe Glu Lys Asn Gly
370 375 380

Val Ser Arg Tyr Ile Pro Ala Lys Asn Leu Ser Ala Glu Thr Ala Ala
385 390 395 400

Gly Ile Asp Ser Lys Leu Ala Lys Gln Glu Ser Leu Ser His Lys Leu
405 410 415

Gly Ala Lys Lys Thr Asp Leu Pro Ser Ser Asp Arg Glu Phe Tyr Asn
420 425 430

Lys Ala Tyr Asp Leu Leu Ala Arg Ile His Gln Asp Leu Leu Asp Asn
435 440 445

Lys Gly Arg Gln Val Asp Phe Glu Ala Leu Asp Asn Leu Leu Glu Arg
450 455 460

Leu Glu Asp Val Pro Ser Asp Lys Val Lys Leu Val Asp Asp Ile Leu
465 470 475 480

Ala Phe Leu Ala Pro Ile Arg His Pro Glu Arg Leu Gly Lys Pro Asn
485 490 495

Ala Gln Ile Thr Tyr Thr Asp Asp Glu Ile Gln Val Ala Lys Leu Ala
500 505 510

Gly Lys Tyr Thr Thr Glu Asp Gly Tyr Ile Phe Asp Pro Arg Asp Ile
515 520 525

Thr Ser Asp Glu Gly Asp Ala Tyr Val Thr Pro His Met Thr His Ser
530 535 540

His Trp Ile Lys Lys Asp Ser Leu Ser Glu Ala Glu Arg Ala Ala Ala
545 550 555 560

Gln Ala Tyr Ala Lys Glu Lys Gly Leu Thr Pro Pro Ser Thr Asp His
565 570 575

Gln Asp Ser Gly Asn Thr Glu Ala Lys Gly Ala Glu Ala Ile Tyr Asn
580 585 590

Arg Val Lys Ala Ala Lys Lys Val Pro Leu Asp Arg Met Pro Tyr Asn
595 600 605

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

610 615 620
 Tyr Asp His Tyr His Asn Ile Lys Phe Glu Trp Phe Asp Glu Gly Leu
 625 630 635 640
 Tyr Glu Ala Pro Lys Gly Tyr Thr Leu Glu Asp Leu Leu Ala Thr Val
 645 650 655
 Lys Tyr Tyr Val Glu His Pro Asn Glu Arg Pro His Ser Asp Asn Gly
 660 665 670
 Phe Gly Asn Ala Ser Asp His Val Gln Arg Asn Lys Asn Gly Gln Ala
 675 680 685
 Asp Thr Asn Gln Thr Glu Lys Pro Ser Glu Glu Lys Pro Gln Thr Glu
 690 695 700
 Lys Pro Glu Glu Glu Thr Pro Arg Glu Glu Lys Pro Gln Ser Glu Lys
 705 710 715 720
 Pro Glu Ser Pro Lys Pro Thr Glu Glu Pro Glu Glu Glu Ser Pro Glu
 725 730 735
 Glu Ser Glu Glu Pro Gln Val Glu Thr Glu Lys Val Glu Glu Lys Leu
 740 745 750
 Arg Glu Ala Glu Asp Leu Leu Gly Lys Ile Gln Asp Pro Ile Ile Lys
 755 760 765
 Ser Asn Ala Lys Glu Thr Leu Thr Gly Leu Lys Asn Asn Leu Leu Phe
 770 775 780
 Gly Thr Gln Asp Asn Asn Thr Ile Met Ala Glu Ala Glu Lys Leu Leu
 785 790 795 800
 Ala Leu Leu Lys Glu Ser Lys
 805
 <210> 102
 <211> 821
 <212> PRT
 <213> S. pneumoniae
 <400> 102
 Cys Ala Tyr Glu Leu Gly Leu His Gln Ala Gln Thr Val Lys Glu Asn
 1 5 10 15
 Asn Arg Val Ser Tyr Ile Asp Gly Lys Gln Ala Thr Gln Lys Thr Glu
 20 25 30
 Asn Leu Thr Pro Asp Glu Val Ser Lys Arg Glu Gly Ile Asn Ala Glu
 35 40 45
 Gln Ile Val Ile Lys Ile Thr Asp Gln Gly Tyr Val Thr Ser His Gly
 50 55 60
 Asp His Tyr His Tyr Tyr Asn Gly Lys Val Pro Tyr Asp Ala Ile Ile
 65 70 75 80
 Ser Glu Glu Leu Leu Met Lys Asp Pro Asn Tyr Gln Leu Lys Asp Ser

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

Arg Tyr Ile Pro Ala Lys Asn Leu Ser Ala Glu Thr Ala Ala Gly Ile
405 410 415

Asp Ser Lys Leu Ala Lys Gln Glu Ser Leu Ser His Lys Leu Gly Ala
420 425 430

Lys Lys Thr Asp Leu Pro Ser Ser Asp Arg Glu Phe Tyr Asn Lys Ala
435 440 445

Tyr Asp Leu Leu Ala Arg Ile His Gln Asp Leu Leu Asp Asn Lys Gly
450 455 460

Arg Gln Val Asp Phe Glu Ala Leu Asp Asn Leu Leu Glu Arg Leu Lys
465 470 475 480

Asp Val Ser Ser Asp Lys Val Lys Leu Val Asp Asp Ile Leu Ala Phe
485 490 495

Leu Ala Pro Ile Arg His Pro Glu Arg Leu Gly Lys Pro Asn Ala Gln
500 505 510

Ile Thr Tyr Thr Asp Asp Glu Ile Gln Val Ala Lys Leu Ala Gly Lys
515 520 525

Tyr Thr Thr Glu Asp Gly Tyr Ile Phe Asp Pro Arg Asp Ile Thr Ser
530 535 540

Asp Glu Gly Asp Ala Tyr Val Thr Pro His Met Thr His Ser His Trp
545 550 555 560

Ile Lys Lys Asp Ser Leu Ser Glu Ala Glu Arg Ala Ala Ala Gln Ala
565 570 575

Tyr Ala Lys Glu Lys Gly Leu Thr Pro Pro Ser Thr Asp His Gln Asp
580 585 590

Ser Gly Asn Thr Glu Ala Lys Gly Ala Glu Ala Ile Tyr Asn Arg Val
595 600 605

Lys Ala Ala Lys Lys Val Pro Leu Asp Arg Met Pro Tyr Asn Leu Gln
610 615 620

Tyr Thr Val Glu Val Lys Asn Gly Ser Leu Ile Ile Pro His Tyr Asp
625 630 635 640

His Tyr His Asn Ile Lys Phe Glu Trp Phe Asp Glu Gly Leu Tyr Glu
645 650 655

Ala Pro Lys Gly Tyr Thr Leu Glu Asp Leu Leu Ala Thr Val Lys Tyr
660 665 670

Tyr Val Glu His Pro Asn Glu Arg Pro His Ser Asp Asn Gly Phe Gly
675 680 685

Asn Ala Ser Asp His Val Gln Arg Asn Lys Asn Gly Gln Ala Asp Thr
690 695 700

Asn Gln Thr Glu Lys Pro Ser Glu Glu Lys Pro Gln Thr Glu Lys Pro

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