

(51) Int. Cl. ⁷	識別記号	F I	テ-マコード* (参考)
G 0 1 N 33/569		G 0 1 N 33/569	L 4 B 0 2 4
C 0 7 K 14/005		C 0 7 K 14/005	4 B 0 6 4
C 1 2 N 1/15		C 1 2 N 1/15	4 B 0 6 5
1/19		1/19	4 H 0 4 5
1/21		1/21	
審査請求 未請求 予備審査請求 (全150数) 最終頁に続く			

(21)出願番号	特願2001 - 565733(P2001 - 565733)	(71)出願人	ヘスカ コーポレイション アメリカ合衆国 80525 コロラド州 フォ ート コリンズ プロスペクト パークウ エイ 1613
(86)(22)出願日	平成13年3月7日(2001.3.7)	(71)出願人	コロラド ステイト ユニバーシティ リ サーチ ファウンデーション
(85)翻訳文提出日	平成14年8月29日(2002.8.29)		アメリカ合衆国 コロラド 80521, フォ ート コリンズ, サウス ハウス 601
(86)国際出願番号	PCT/US01/07251	(72)発明者	ジェンセン, ウェイン エイ. アメリカ合衆国 コロラド 80549, ウェ リントン, エヌシーアール 9133 ナンバ ー5
(87)国際公開番号	W001/066568	(74)代理人	弁理士 山本 秀策 (外 2 名) 最終頁に続く
(87)国際公開日	平成13年9月13日(2001.9.13)		
(31)優先権主張番号	09/521,738		
(32)優先日	平成12年3月9日(2000.3.9)		
(33)優先権主張国	米国(US)		

(54)【発明の名称】 動物の免疫状態を決定するための組換え抗原の使用

(57)【要約】

本発明は、動物の免疫状態を決定する方法を包含し、この方法は、(a) 組換え抗原と抗体との間の複合体の形成に適切な条件下で、感染性因子に対して選択的な抗体を検出するために特異的な組換え感染性因子抗原に、動物の生物学的検体を接触させる工程、および(b) この複合体の存在または非存在を検出する工程(ここで、複合体の存在または非存在は、動物の免疫状態を示す)を包含する。好ましくは、このような方法は、動物がワクチン接種されるべきか否かを示す。本発明はまた、(a) この感染性因子について選択的な抗体を検出するために特異的な組換え感染性因子抗原;および(b) この組換え抗原に選択的に結合する抗体を検出する手段を含むアッセイを包含する。また、本発明において含まれるものは、組換え抗原およびこのような抗原をコードする核酸分子、ならびにこのような核酸分子および組換え抗原を生成し、使用する方法である。

【特許請求の範囲】

【請求項 1】 動物の免疫状態を決定する方法であって、該方法が、以下：

(a) 該動物の生物学的検体を組換え感染性因子抗原と、該組換え抗原と該抗体との間での複合体の形成のために適切な条件下で、接触させる工程であって、該抗原が、該感染性因子について選択的な抗体を検出するために特異的である、工程；および

(b) 該複合体の存在または非存在を検出する工程であって、ここで、該複合体の存在または非存在が該動物の免疫状態を示す、工程、を包含する、方法。

【請求項 2】 動物にワクチン接種するか否かを決定する方法であって、該方法が、以下：

(a) 該動物の生物学的検体を組換え感染性因子抗原と、該組換え抗原と該抗体との間での複合体の形成のために適切な条件下で、接触させる工程であって、該抗原が、該感染性因子について選択的な抗体を検出するために特異的である、工程；および

(b) 該複合体の存在または非存在を検出する工程であって、ここで、該複合体の存在が、該動物がワクチン接種される必要がないことを示し、そして該複合体の非存在が、該動物がワクチン接種されるべきであることを示す、工程、を包含する、方法。

【請求項 3】 動物の免疫状態を決定するアッセイであって、該アッセイが以下：

(a) 生物学的検体において抗体を検出するために特異的である組換え感染性因子抗原であって、該抗体が該感染性因子について選択的であり、該抗体の存在が該動物の免疫状態を示す、抗原；および

(b) 該組換え抗原に選択的に結合する抗体を検出するための手段、を含む、アッセイ。

【請求項 4】 組換えタンパク質を含む組換え抗原であって、該組換えタンパク質が、配列番号 2、配列番号 4、配列番号 6、配列番号 8、配列番号 10、配列番号 12、配列番号 14、配列番号 16、配列番号 18、配列番号 20、配

列番号22、配列番号24、配列番号26、配列番号28、配列番号30、配列番号32、配列番号34、配列番号36、および該アミノ酸配列のいずれかをコードする核酸配列の対立遺伝子改変体によってコードされるアミノ酸配列からなる群より選択されるアミノ酸配列を有する、組換え抗原。

【請求項5】 前記検出する工程が、前記複合体が存在する場合、試験シグナルを得るために、該複合体に結合する検出試薬を適用する工程を包含し、ここで、該試験シグナルの存在が、前記動物がワクチン接種される必要がないことを示し、そして該試験シグナルの非存在が、該動物がワクチン接種されるべきであることを示す、請求項2に記載の方法。

【請求項6】 前記複合体の存在が、前記感染性因子による感染に対する非感受性を示す、請求項2に記載の方法。

【請求項7】 前記抗体が、母系由来の抗体、前記感染性因子による天然の感染に応答して生成される抗体、および該感染性因子に対するワクチン接種に応答して生成される抗体からなる群より選択される、請求項1、2または3に記載の発明。

【請求項8】 前記生物学的検体が、血液、血清、血漿、唾液、尿、涙、房水、脳脊髄液、リンパ、鼻汁、気管気管支吸引液、乳汁、初乳、腸分泌物、および糞便からなる群より選択される、請求項1、2または3に記載の発明。

【請求項9】 前記動物が、ネコ、イヌ、およびウマからなる群より選択される、請求項1、2または3に記載の発明。

【請求項10】 前記組換え抗原が、基材上に固定される、請求項1、2または3に記載の発明。

【請求項11】 請求項1または2に記載の方法であって、ここで、該方法が、アッセイまたは請求項3に記載のアッセイを実行する工程を包含し、ここで、請求項1、2または3に記載のアッセイが、酵素結合イムノアッセイ、ラジオイムノアッセイ、蛍光イムノアッセイ、発光アッセイ、リン光アッセイ、イムノプロットアッセイ、イムノドットアッセイ、免疫沈降アッセイ、ラテラルフローアッセイ、フロースルーアッセイ、凝集反応アッセイ、微粒子に基づくアッセイ、および電子感覚アッセイからなる群より選択される、方法。

【請求項12】 前記検出する工程が、前記複合体が存在する場合、試験シグナルを得るために、該複合体に結合する検出試薬を適用する工程を包含し、ここで、試験シグナルの存在または非存在が、前記動物の免疫状態を示す、請求項1に記載の方法。

【請求項13】 前記検出試薬が、検出可能なマーカーに結合した抗体結合パートナーを含む、請求項5、12または29に記載の発明。

【請求項14】 前記抗体結合パートナーが、Fc結合抗体、Fcレセプター、および抗体結合細菌表面タンパク質からなる群より選択される、請求項13に記載の発明。

【請求項15】 請求項13に記載の発明であって、ここで、前記検出可能なマーカーが、酵素、放射性標識、蛍光標識、発光標識、リン光標識、発色標識、金属ゾル標識、金属結合標識、物理的標識、電気的標識、およびリガンドからなる群より選択される、発明。

【請求項16】 前記組換え抗原が、検出可能なマーカーをさらに含む、請求項1、2または4に記載の発明。

【請求項17】 前記方法が、約1日以内で実行される、請求項1または2に記載の方法。

【請求項18】 前記方法が、約1時間以内で実行される、請求項1または2に記載の方法。

【請求項19】 前記方法が、約1分と約15分との間の時間で実行される、請求項1または2に記載の方法。

【請求項20】 前記組換え抗原が、組換えウイルス抗原、組換え細菌抗原、組換え真菌抗原、組換え内部寄生生物抗原、および組換え外部寄生生物抗原からなる群より選択される、請求項1、2または3に記載の発明。

【請求項21】 前記組換え抗原が、組換えウイルス抗原である、請求項1、2または3に記載の発明。

【請求項22】 前記組換え抗原が、カリチウイルスタンパク質、ジステンパーウイルスタンパク質、ヘルペスウイルスタンパク質、白血病ウイルスタンパク質、およびパルボウイルスタンパク質からなる群より選択される、請求項1、

2または3に記載の発明。

【請求項23】 請求項1、2または3に記載の発明であって、ここで、前記組換え抗原が、ネコカリチウイルスキャプシドタンパク質、ネコヘルペスウイルス糖タンパク質Bタンパク質、ネコヘルペスウイルス糖タンパク質Cタンパク質、ネコヘルペスウイルス糖タンパク質Dタンパク質、ネコパルボウイルスVP12タンパク質、ネコパルボウイルスVP2タンパク質、ネコ白血病ウイルスp27タンパク質、ネコ白血病ウイルスgp70タンパク質、ネコ白血病ウイルスp27-gp70融合タンパク質、イヌジステンパーウイルス融合タンパク質、およびイヌジステンパーウイルス血球凝集素タンパク質からなる群より選択される、発明。

【請求項24】 請求項1、2または3に記載の発明であって、ここで、前記組換え抗原が、PFCVCP₆₇₁、PFCVCP₅₄₇、PFPVVP2₅₈₄、PFPVVP2C₂₄₃、PFPVpVP12₆₂₀、PFPVpVP2₄₇₇、PFHVgB₉₄₃、PFHVgB₂₅₀、PFHVgC₅₃₄、PFHVgC₄₆₇、PFHVgC_{467(opt)}、PFHVgD₃₇₄、PFHVgD₃₀₀、PFELVp27₂₅₃、PFELVp27₆₁₉、PFELVp27-gp70₆₁₁、PCDVH₆₀₄、PCDVF₆₆₂、PHis-PFCVCP₆₇₁、PHis-PFCVCP₅₄₇、PHis-PFPVVP2₅₈₄、PHis-PFPVVP2C₂₄₃、PHis-PFPVpVP12₆₂₀、PHis-PFPVpVP2₄₇₇、PHis-PFHVgB₉₄₃、PHis-PFHVgB₂₅₀、PHis-PFHVgC₅₃₄、PHis-PFHVgC₄₆₇、PHis-PFHVgC_{467(opt)}、PHis-PFHVgD₃₇₄、PHis-PFHVgD₃₀₀、PHis-PFELVp27₂₅₃、PHis-PFELVp27₆₁₉、PHis-PFELVp27-gp70₆₁₁、PHis-PCDVH₆₀₄、およびPHis-PCDVF₆₆₂からなる群より選択される、発明。

【請求項25】 請求項1、2または3に記載の発明であって、ここで、前記組換え抗原が、PFCVCP₆₇₁、PFCVCP₅₄₇、PFPVVP2₅₈₄、PFPVVP2C₂₄₃、PFPVpVP12₆₂₀、PFPVpVP2₄₇₇、

$_{77}$ 、 $P F H V g B_{943}$ 、 $P F H V g B_{250}$ 、 $P F H V g C_{534}$ 、 $P F H V g C_{467}$ 、 $P F H V g C_{467(opt)}$ 、 $P F H V g D_{374}$ 、 $P F H V g D_{300}$ 、 $P F e L V p 27_{253}$ 、 $P F e L V p 27_{619}$ 、 $P F e L V p 27 - g p 70_{611}$ 、 $P C D V H_{604}$ 、および $P C D V F_{662}$ からなる群より選択される組換えタンパク質を含む、発明。

【請求項26】請求項1、2または3に記載の方法であって、ここで、前記組換え抗体が、配列番号2、配列番号4、配列番号6、配列番号8、配列番号10、配列番号12、配列番号14、配列番号16、配列番号18、配列番号20、配列番号22、配列番号24、配列番号26、配列番号28、配列番号30、配列番号32、配列番号34および配列番号36からなる群より選択されるアミノ酸配列を含む、方法。

【請求項27】請求項1、2または3に記載の方法であって、ここで、前記組換え抗原が、配列番号1、配列番号3、配列番号5、配列番号7、配列番号9、配列番号11、配列番号13、配列番号15、配列番号17、配列番号19、配列番号21、配列番号23、配列番号25、配列番号27、配列番号29、配列番号31、配列番号33および配列番号35からなる群より選択される核酸配列によってコードされる、方法。

【請求項28】請求項1または2に記載の方法であって、ここで、前記生物学的検体が、組換えカリチウイルス抗原、組換えヘルペスウイルス抗原および組換えパルボウイルス抗原と接触され、カリチウイルス感染、ヘルペスウイルス感染およびパルボウイルス感染に対する前記動物の請求項1に記載の免疫状態または請求項2に記載のワクチン接種状態が決定されるような条件下で該接触がなされる、方法。

【請求項29】前記手段が、検出試薬を含む、請求項3に記載のアッセイ。

【請求項30】前記アッセイが、以下：

- (a) 試験領域および参照領域を含む固体支持体；および
- (b) 参照試薬

をさらに含む、請求項3に記載のアッセイ。

【請求項31】 前記試験領域が、前記組換え抗原を含む、請求項3に記載のアッセイ。

【請求項32】 前記アッセイが、アッセイの確認のためのコントロール領域をさらに含む、請求項3に記載のアッセイ。

【請求項33】 請求項1、2、3または4に記載の発明であって、ここで、前記組換え抗原が、配列番号1、配列番号3、配列番号5、配列番号7、配列番号9、配列番号11、配列番号13、配列番号15、配列番号17、配列番号19、配列番号21、配列番号23、配列番号25、配列番号27、配列番号29、配列番号31、配列番号33および配列番号35からなる群より選択される核酸配列を含む核酸分子、前記核酸配列のいずれかを含む核酸分子の対立遺伝子改変体を含む核酸分子、ならびに該核酸配列のいずれかを含む核酸分子の縮重物を含む核酸分子によってコードされる、発明。

【請求項34】 核酸分子であって、(a)請求項4に記載のタンパク質をコードする核酸分子；(b)配列番号2、配列番号4、配列番号6、配列番号8、配列番号10、配列番号12、配列番号14、配列番号16、配列番号18、配列番号20、配列番号22、配列番号24、配列番号26、配列番号28、配列番号30、配列番号32、配列番号34および配列番号36からなる群より選択されるアミノ酸配列を含むタンパク質をコードする核酸分子；(c)配列番号1、配列番号3、配列番号5、配列番号7、配列番号9、配列番号11、配列番号13、配列番号15、配列番号17、配列番号19、配列番号21、配列番号23、配列番号25、配列番号27、配列番号29、配列番号31、配列番号33および配列番号35からなる群より選択される核酸配列を含む核酸分子；(d)(c)の核酸分子の対立遺伝子改変体を含む核酸分子；(e)(c)の核酸分子の縮重物を含む核酸分子；および(f)(a)、(b)、(c)、(d)または(e)の核酸分子のいずれかに完全に相補的な核酸分子からなる群より選択される、核酸分子。

【請求項35】 請求項33に記載の核酸分子を含む、組換え分子。

【請求項36】 請求項33に記載の核酸分子を含む、組換え細胞。

【請求項37】 請求項4に記載の組換え抗原を生成する方法であって、該

方法が、請求項 35 に記載の組換え細胞を培養する工程であって、ここで、該細胞が前記組換え抗原をコードする、工程；および該組換え抗原を回収する工程、を包含する、方法。

【請求項 38】 前期組換え抗原が、融合セグメントおよびリガンドからなる群より選択される成分をさらに含む、請求項 4 に記載の組換え抗原。

【請求項 39】 前記組換え抗原が、検出可能なマーカーをさらに含む、請求項 4 に記載の組換え抗原。

【発明の詳細な説明】**【0001】****(発明の分野)**

本発明は、一般的に動物における抗体の検出に有用な物質および方法に関する。特に、本発明は、動物が、感染性因子による感染からの防御を示す抗体を有しているか否かを決定するために、動物の免疫状態を決定するための組換え抗原の使用に関する。

【0002】**(発明の背景)**

病原体に対するワクチン接種の必要性は、ヒトおよび他の動物において、長い間認められている。ワクチン（特に、ウイルスに対するワクチン）の長期の効力は、より近年になって関心の種となってきた。例えば、1つの最近の研究は、ネコパルボウイルス（FPV）、ネコヘルペスウイルス（FHV）、およびネコカリチウイルス（FCV）に対する中和抗体力価が、ネコにおいてワクチン接種後少なくとも3年間残存することを示した：Scottら、1997、*Feline Practice* 25、12-19を参照のこと。しかし、この抗体力価は、経時的に低下し、そして任意の所定のネコが疾患に対して防御されたままである正確な時間は、試験なしでは予測され得ない。ワクチン接種についての現在のガイドラインは、ネコに3年毎にワクチン接種することを推奨している：例えば、Elstonら、1998、*Feline Practice* 26、14-16；Elstonら、1998、*J. Am. Vet. Med. Assoc.* 212、227-241を参照のこと。イヌについては、毎年イヌパルボウイルスおよびイヌジステンパーウイルスに対して再ワクチン接種することが、現在推奨されている。

【0003】

しかし、ワクチン接種は、危険がないわけではない。アナフィラキシー、ワクチン後イヌジステンパーウイルス脳炎、多発性関節症、糸球体腎炎、免疫媒介溶血性貧血、自己免疫非再生性貧血（*autoimmune nonregenerative anemia*）および免疫媒介血小板減少症は、すべて報告され

ているワクチン接種に対する有害反応である；例えば、McCawら、1998、L. Am. Vet. Med. Assoc. 213、72-75を参照のこと。ほんの一部のネコではまた、多重ワクチン注射後に、線維肉腫が発生することも報告されている；例えば、Hersheyら、2000、J. Am. Vet. Med. Assoc. 216、58-61を参照のこと。ワクチン接種に関連するこの危険は、少なくともいくつかのネコは、7年間より長い間特定のワクチン接種を必要とし得ず、そして少なくともいくつかのイヌは、2年より長い間再ワクチン接種を必要とし得ないことを示す最近の研究とあわせて、ワクチン接種前に動物の免疫状態を決定するために抗体価を測定することが望ましいことを示している；Scottら、1999、Am. J. Vet. Res. 60、652-58、1999；McCawら、同書を参照のこと。

【0004】

しかし、Scottら、1999、同書およびMcCawら、同書によって実施された免疫実験の持続は、ウイルス中和（「VN」）試験を利用して、試験動物における感染防御抗体の量を決定した。特定のアッセイに依存して、VN試験は代表的に、実施のため3日～4日間を必要とし、そして6日または7日間ほど長い期間も必要とし得る。時間は、VN試験の唯一不便な点である：この試験はまた、実施のために熟練した実験者を必要とし、かなりのコストを費やし、そしてバイオハザードの危険性を示す生きたウイルスの使用を含む。

【0005】

酵素結合イムノソルベント検定法（ELISA）は、VN試験に対する代替案を表す。ELISAは、一晚のコーティング工程を通常必要とし、実際の試験は、1日未満で実施される。この試験は、多重工程を必要とし、そして実施および分析のために比較的熟練した技術者を必要とする。標準的な方法は、感染防御抗体の検出のために、抗原としてウイルス全体（whole virus）またはウイルス感染細胞を使用して、やはりバイオハザードの危険性を提起する。例えば、Hillら、1995、Am. J. Vet. Res. 56、1181-1187；Spencerら、1991、J. Wildl. Dis. 27、578-583；Fiscusら、1985、Am. J. Vet. Res. 46、859

- 63を参照のこと。さらに、ウイルス全体の調製物は、ウイルスを増殖するために使用される細胞由来の抗原で汚染される。例えば、Fiscusら、同書におけるイヌパルボウイルス(CPV)を得るための手順は、このような細胞性抗原を調製物から完全に除去するのに十分ではない。ワクチン接種された動物由来の血液または血清などの生物学的検体を試験サンプルとして使用する場合、ウイルス調製物中の細胞性抗原は、動物が予めワクチン接種されたウイルス調製物中にあるこのような細胞性タンパク質に応答して、この動物によって予め産生された抗体と反応し得る。イムノアッセイにおけるこのような細胞性抗原の存在は、しばしばアッセイにおけるシグナルのレベルを増加し、それによって偽陽性またはあいまいな結果を導く。

【0006】

従って、動物の免疫状態を決定するために現在実施されている方法は、多数の不利益を被る。これらの方法は、検出を望む各抗体型で多重化される。従って、バイオハザードの物質の使用を必要とせず、そして偽陽性を導く汚染物質を含む物質を利用しない、試験サンプル中の抗体を検出するための改良されたアッセイについての必要性が依然として存在する。1つ以上の感染性因子に対する抗体の検出のためのアッセイについての必要性も依然として存在する。このアッセイは、熟練していない人員によって獣医の医院において安価に比較的短期間で実施され得る。さらに、生成において安定かつ経済的なだけでなく、バッチ毎に一致もする抗原試薬についての必要性も依然として存在する。

【0007】

(発明の要旨)

本発明は、一般的に動物の免疫状態の検出に有用な物質および方法に関する。特に、本発明は、組換え抗原および動物における疾患に対する防御を示す抗体の存在を決定するための試薬としてのそれらの使用に関する。

【0008】

本発明の1つの実施形態は、動物の免疫状態を決定する方法である。このような方法は、以下の工程を包含する：(a)動物の生物学的検体を、組換え抗原と抗体との間での複合体の形成に適切な条件下で、感染性因子に対して選択的な抗

体を検出するのに特異的な組換え感染性因子抗原と接触させる工程；および（b）複合体の存在または非存在を検出する工程であって、ここでこの複合体の存在または非存在が、この動物の免疫状態を示す、工程。例えば、複合体の存在は、動物が感染性因子による感染に感受性ではない（すなわち、防御される）ことを示す。

【0009】

本発明の別の実施形態は、動物をワクチン接種するか否かを決定する方法である。このような方法は、以下の工程を包含する：（a）動物の生物学的検体を、組換え抗原と抗体との間での複合体の形成に適切な条件下で、感染性因子に対して選択的な抗体を検出するのに特異的な組換え感染性因子抗原と接触させる工程；および（b）複合体の存在または非存在を検出する工程。このような複合体の存在は、この動物がワクチン接種される必要はないことを示し、一方、このような複合体の非存在は、この動物がワクチン接種されるべきことを示す。

【0010】

本発明のさらに別の実施形態は、動物の免疫状態を決定するアッセイである。このようなアッセイは、（a）感染性因子に対して選択的な抗体を検出するのに特異的な組換え感染性因子抗原；および（b）この組換え抗原に選択的に結合する抗体を検出する手段を含む。

【0011】

本発明はまた、以下の組換え抗原を含む：PFCVCP₆₇₁、PFCVCP₅₄₇、PFPVVP2₅₈₄、PFPVVP2C₂₄₃、PFPVpVP12₆₂₀、PFPVpVP2₄₇₇、PFHVgB₉₄₃、PFHVgB₂₅₀、PFHVgC₅₃₄、PFHVgC₄₆₇、PFHVgC_{467(opt)}、PFHVgD₃₇₄、PFHVgD₃₀₀、PFELVp27₂₅₃、PFELVp27₆₁₉、PFELVp27-gp70₆₁₁、PCDVH₆₀₄、およびPCDVF₆₆₂。これらの組換え抗原は、それぞれ以下のアミノ酸配列によって表わされる：配列番号2、配列番号4、配列番号6、配列番号8、配列番号10、配列番号12、配列番号14、配列番号16、配列番号18、配列番号20、配列番号22、配列番号24、配列番号26、配列番号28、配列番号30、

配列番号32、配列番号34および配列番号36。含まれるものはまた、このような組換え抗原をコードする核酸分子およびこのようなコード配列に完全に相補的な核酸分子である。含まれるものはまた、組換え分子およびこのような核酸分子を含む組換え細胞ならびにこのような核酸分子、組換え分子、組換え細胞、および組換え抗原を生成する方法である。

【0012】

(発明の詳細な説明)

本発明は、動物の免疫状態を決定するための方法を含む。本明細書で使用される場合、動物の免疫状態を決定するという句は、動物において所定の感染性因子に対して選択的な抗体を検出するための方法をいう。このような抗体の存在は、この動物がこの感染性因子による感染から防御されることを示す。このような動物は、感染性因子による感染に感受性ではないので、ワクチン接種される必要はない。動物の免疫状態を決定する本発明の方法は、以下の工程を包含する：(a) 動物の生物学的検体を、組換え抗原と抗体との間での複合体の形成に適切な条件下で、感染性因子に対して選択的な抗体を検出するのに特異的な組換え感染性因子抗原と接触させる工程；および(b) 複合体の存在または非存在を検出する工程であって、ここで複合体の存在または非存在が、動物の免疫状態を示す、工程。1つの実施形態において、このような方法は、動物をワクチン接種するかどうかを決定するために使用される。本発明はまた、動物の免疫状態を決定するためのアッセイおよびこのような方法またはアッセイに使用され得る組換え抗原を含む。含まれるものはまた、このような組換え抗原をコードする核酸分子、組換え分子および組換え細胞ならびにこのような分子および細胞を産生する方法および使用する方法である。

【0013】

組換え抗原が、動物の免疫状態を正確に決定する方法に必須のものであることは、本発明者らにとっては驚くことであった。このような方法におけるのウイルス全体の使用は、ウイルス調製物と細胞性抗原を同時精製することによって引き起こされる偽陽性の可能性があるため受容不可能であることが見出された。細胞性抗原を用いる問題は、ウイルスが大規模調製物において単離される場合、いっ

そう大きくなった。これらの問題を克服するために、例えば、ウイルスを精製するための超遠心分離または塩化セシウム精製技術を使用する試みがなされたが、細胞性抗原の受容不可能なレベルが残った。実施例においてより詳細に記載されるように、各ウイルスが増殖するCrandellネコ腎臓(Crandell feline kidney)(CRFK)細胞から精製されるネコカリチウイルス(FCV)、ネコヘルペスウイルス(FHV)またはネコパルボウイルス(FPV)を含む試薬(すなわち、超遠心分離によって精製されるFCVもしくはFHVまたは塩化セシウムを介して精製されるFPV)が、各ウイルスを予め投与されたネコにおいて抗体を検出するためのELISAにおいて陽性結果を生じるのみならず、各「コントロール」試薬が、感染していないCRFK細胞から同じ様式で精製される。「コントロール」試薬から得られたデータは、受容不可能な偽陽性結果を示し、本発明者らが免疫状態アッセイを開発するための代替の経路を追及することを導いた。本発明者らは、組換え的に生成されたウイルス抗原が、イムノアッセイによる動物の免疫状態の決定において受容可能なバックグラウンドレベルで、予期しない良好な結果を得ることを続いて見出した。

【0014】

このように、本発明は、以下の工程を包含する、動物の免疫状態を決定する方法を含む：(a)動物の生物学的検体を、組換え抗原と抗体との間での複合体の形成に適切な条件下で、感染性因子に対して選択的な抗体を検出するのに特異的な組換え感染性因子抗原と接触させる工程；および(b)複合体の存在または非存在を検出する工程であって、ここで複合体の存在または非存在が、この動物の免疫状態を示す、工程。用語、実体(「a」entity or 「an」entity)は、1つ以上のその実体をいい：例えば、組換え抗原は、1つ以上の抗原またはすくなくとも1つの抗原をいう、ことに注意するべきである。このように、用語「1つの」(「a」)(または「1つの」(「an」))、「1つ以上の」および「少なくとも1つの」は、本明細書中で交換的に使用され得る。用語「含む(comprising)」、「含有する(including)」、および「有する(having)」は、交換的に使用され得ることにまた注意するべきである。

【0015】

本明細書中で使用する場合、組換え感染性因子抗原は、組換え核酸技術を使用して産生される感染性因子の抗原である。本明細書中において本発明の組換え抗原または単に組換え抗原と言及される、このような抗原は、感染性因子に対して選択的な抗体を特異的に検出するその能力によって簡単な様式で同定され得る。本明細書中で使用される場合、本明細書中において抗感染性因子抗体と言及される、感染性因子に対して選択的な抗体は、異なる無関連の感染性因子への結合とは対照的にこの感染性因子に優先的に結合するという点で、その感染性因子に選択的に結合する抗体である。本発明に従って、このような抗体は、動物の生物学的検体に存在することに注意するべきである。なぜなら、動物に感染する際に、所定の感染性因子が、この感染性因子に対して選択的なこのような抗体の産生を含む免疫応答を誘導するからである。本発明の組換え抗原はまた、組換え抗原が、このような検出を可能にするのに十分に感染性因子上の対応する抗原に類似しているという点で、このような抗体の存在を特異的に検出し得る。このような検出の特異性は、動物が、関連しない感染性因子ではなく所定の感染性因子に対する抗体を有するということを確認することを可能にする。抗原と抗体との結合は、当業者に公知の種々の方法（例えば、本明細書中の他の箇所に開示される方法であるが、それらに限定されない）を使用して測定され得る。好ましくは、本発明の組換え抗原は、本発明の抗感染性因子抗体に対して約 10^8 l/mol (M^{-1}) ~ 約 10^{12} M^{-1} の結合親和性を有する。

【0016】

本発明の組換え感染性因子抗原は、感染性因子上で見出される抗原に正確に対応し得るか、または組換え抗原は、このようなネイティブ抗原のホモログであり得る。ホモログの例としては、アミノ酸が欠失（例えば、ペプチドなどのタンパク質の短縮型（*truncation*）バージョン）、挿入、転位、置換およびまたは誘導体化（グリコシル化、リン酸化、アセチル化、ミリスチル化、プレニル化、パルミトイル化、アミド化、および/またはグリセロホスファチジルイノシトールの付加による）されているタンパク質が挙げられる。その結果、ホモログは、抗感染性因子抗体を有する免疫複合体（本明細書中で複合体としてまた

呼ばれる)を形成し得る少なくとも1つのエピトープを含む。本明細書中で使用される場合、用語、エピトープは、抗体の抗原結合部位に選択的に結合し得る、タンパク質または他の抗原の最も小さい部分をいう。タンパク質エピトープの最小のサイズは、約4アミノ酸であることを当業者にとって十分認識されている。1つの実施形態において、本発明の組換え抗原は、改変されて、より可溶性の抗原を産生する。核酸配列またはタンパク質自体のいずれかを改変することによって、より可溶性の抗原を産生する方法は、当業者にとっては周知である。このような方法の1つの例(限定されないことが意図される)は、タンパク質ヨードアセトイミド化(iodoacetimidation)である。

【0017】

組換え抗原ホモログは、天然の対立遺伝子改変または天然変異の結果であり得る。本発明のホモログはまた、当該分野で公知の技術(タンパク質に対する直接改変または例えば、ランダムまたは標的化された変異誘発に影響する古典的な核酸分子技術または組換え核酸分子技術を使用して、タンパク質をコードする核酸分子を改変することが挙げられるが、それらに限定されない)を使用して生成され得る。

【0018】

本発明の組換え抗原としては、全長タンパク質、所定の核酸配列の対立遺伝子改変体によってコードされるタンパク質、ハイブリッドタンパク質、融合タンパク質、多価タンパク質、およびタンパク質の短縮型ホモログであるか、またはタンパク質の少なくとも1つの部分のタンパク質分解産物であるタンパク質が挙げられるが、それらに限定されないことが理解されるべきである。本明細書中で使用される場合、用語、ハイブリッドタンパク質は、少なくとも2つの異なるタンパク質から生成される(すなわち、少なくとも2つの異なるタンパク質由来のドメインを有する)単一のタンパク質をいう。

【0019】

組換え抗原を生成する方法に起因して、本発明の組換え抗原は、天然の環境から取り出されている。このように、組換え抗原は、単離されているかまたは、生物学的に純粋である。このような用語は、組換え抗原が純粋である程度を問わな

い。好ましい組換え抗原は、タンパク質を発現する組換え細胞から精製される。本発明の組換え抗原を生成する方法の例は、本明細書中の他の箇所に開示される。

【0020】

本発明の組換え感染性因子抗原は、感染性因子に対応する（例えば、由来する）任意の組換え抗原である。好ましいのは、動物がこの因子による感染に感受性であるかどうかを決定することを所望する感染性因子である。適切な感染性因子として、ウイルス、細菌、真菌、内部寄生生物および外部寄生生物が挙げられるが、これらに限定されない。このように、適切な組換え感染性因子抗原としては、組換えウイルス、細菌、真菌、内部寄生生物および外部寄生生物の抗原が挙げられるが、これらに限定されない。ウイルス感染性因子の例としては、アデノウイルス、カリチウイルス、コロナウイルス、ジステンパーウイルス、肝炎ウイルス、ヘルペスウイルス、免疫不全ウイルス、伝染性腹膜炎ウイルス、白血病ウイルス、腫瘍ウイルス、乳頭腫ウイルス、パラインフルエンザウイルス、パルボウイルス、狂犬病ウイルス、およびレオウイルスならびに他の癌原因（cancer-causing）ウイルスまたは癌関連ウイルスが挙げられるが、これらに限定されない。細菌感染性因子の例としては、Actinomyces、Bacillus、Bacteroides、Bartonella、Bordetella、Borrelia、Brucella、Campylobacter、Capnocytophaga、Clostridium、Corynebacterium、Coxiella、Dermatophilus、Ehrlichia、Enterococcus、Escherichia、Francisella、Fusobacterium、Haemobartonella、Helicobacter、Klebsiella、L-型細菌、Leptospira、Listeria、Mycobacteria、Mycoplasma、Neorickettsia、Nocardia、Pasteurella、Peptococcus、Peptostreptococcus、Proteus、Pseudomonas、Rickettsia、Rochalimaea、Salmonella、Shigella、Staphylococcus

、*Streptococcus*、および*Yersinia*が挙げられるが、これらに限定されない。真菌感染性因子の例としては、*Absidia*、*Acremonium*、*Alternaria*、*Aspergillus*、*Basidiobolus*、*Bipolaris*、*Blastomyces*、*Candida*、*Chlamydia*、*Coccidioides*、*Conidiobolus*、*Cryptococcus*、*Curvalaria*、*Epidermophyton*、*Exophiala*、*Geotrichum*、*Histoplasma*、*Madurella*、*Malassezia*、*Microsporum*、*Moniliella*、*Mortierella*、*Mucor*、*Paecilomyces*、*Penicillium*、*Phialemonium*、*Phialophora*、*Prototheca*、*Pseudallescheria*、*Pseudomicrodochium*、*Pythium*、*Rhinosporidium*、*Rhizopus*、*Scolecobasidium*、*Sporothrix*、*Stemphylium*、*Trichophyton*、*Trichosporon*、および*Xylohypha*が挙げられるが、これらに限定されない。原生動物寄生生物感染性因子の例としては、*Babesia*、*Balantidium*、*Besnoitia*、*Cryptosporidium*、*Eimeria*、*Encephalitozoon*、*Entamoeba*、*Giardia*、*Hammondia*、*Hepatozoon*、*Isospora*、*Leishmania*、*Microsporidia*、*Neospora*、*Nosema*、*Pentatrichomonas*、*Plasmodium*、*Pneumocystis*、*Sarcocystis*、*Schistosoma*、*Theileria*、*Toxoplasma*、および*Trypanosoma*が挙げられるが、これらに限定されない。蠕虫寄生生物感染性因子の例としては、*Acanthocheilonema*、*Aelurostrongylus*、*Ancylostoma*、*Angiostrongylus*、*Ascaris*、*Brugia*、*Bunostomum*、*Capillaria*、*Chabertia*、*Cooperia*、*Crenosoma*、*Dictyocaulus*、*Dioctophyme*、*Dipetalonema*、*Diphyllbothrium*、*Diply*

dium、Dirofilaria、Dracunculus、Enterobius、Filaroides、Haemonchus、Lagochilascaris、Loa、Mansonella、Muellerius、Nanophyetus、Necator、Nematodirus、Oesophagostomum、Onchocerca、Opisthorchis、Ostertagia、Parafilaria、Paragonimus、Parascaris、Physaloptera、Protostrongylus、Setaria、Spirocercia、Spirometra、Stephanofilaria、Strongyloides、Strongylus、Thelazia、Toxascaris、Toxocara、Trichinella、Trichostrongylus、Trichuris、Uncinaria、およびWuchereriaが挙げられるが、これらに限定されない。

外部寄生生物感染性因子の例としては、ノミ；マダニおよびヒメダニを含むダニ；ハエ（例えば、ユスリカ、カ、スナバエ、ブユ、アブ、ツノサシバエ、メクラアブ、ツェツェバエ、サシバエ、ハエウジ病因バエ（causing fly）および噛み付きナット（biting gnat））；アリ；クモ；シラミ；ダニ（mite）；ならびに半翅類昆虫（true bug）（例えば、トコジラミおよびサシガメ）が挙げられるが、これらに限定されない。

【0021】

本発明の好ましい組換え抗原としては、アデノウイルスタンパク質、カリチウイルスタンパク質、コロナウイルスタンパク質、ジステンパーウイルスタンパク質、ヘルペスウイルスタンパク質、免疫不全ウイルスタンパク質、インフルエンザウイルスタンパク質、白血病ウイルスタンパク質、パルボウイルスタンパク質、狂犬病ウイルスタンパク質、Bartonellaタンパク質、Ehrlichiaタンパク質、Haemobartonellaタンパク質、Leptospiraタンパク質、Streptococcusタンパク質、原虫myeloencephalitisタンパク質、Dirofilariaタンパク質、およびGiardiaタンパク質が挙げられる。より好ましい組換え抗原としては、ネコカリチウイルスタンパク質、ネココロナウイルスタンパク質、ネコヘルペス

ウイルスタンパク質、ネコ白血病タンパク質、ネコパルボウイルスタンパク質、イヌアデノウイルスタンパク質、イヌコロナウイルスタンパク質、イヌジステンパーウイルスタンパク質、イヌパルボウイルスタンパク質、狂犬病ウイルスタンパク質、ウマⅠ型ヘルペスウイルスタンパク質、ウマⅣ型ヘルペスウイルスタンパク質、ウマインフルエンザウイルスタンパク質、Streptococcus equi i タンパク質、および Ehrlichia タンパク質が挙げられる。本発明のさらにより好ましい組換え抗原としては、ネコカリチウイルスキャプシドタンパク質 (rFCVCP タンパク質)、ネコヘルペスウイルス糖タンパク質 B (gB) タンパク質 (rFHVgB タンパク質)、ネコヘルペスウイルス糖タンパク質 C (gC) タンパク質 (rFHVgC タンパク質)、ネコヘルペスウイルス糖タンパク質 D (gD) タンパク質 (rFHVgD タンパク質)、ネコパルボウイルス VP12 タンパク質 (rFPVVP12)、ネコパルボウイルス VP2 タンパク質 (rFPVVP2 タンパク質)、ネコ白血病ウイルス p27 タンパク質 (rFeLVp27 タンパク質)、ネコ白血病ウイルス糖タンパク質 70 タンパク質 (rFeLVpg70 タンパク質)、p27/gp70 融合タンパク質 (rFeLVp27-gp70 タンパク質)、ネコジステンパーウイルス融合タンパク質 (rCDVF タンパク質)、およびイヌジステンパーウイルス赤血球凝集素タンパク質 (rCDVH タンパク質) が挙げられる。本発明のさらにより好ましい組換え抗原としては、PFCVCP₆₇₁、PFCVCP₅₄₇、PFPVVP2₅₈₄、PFPVVP2C₂₄₃、PFPVpVP12₆₂₀、PFPVpVP2₄₇₇、PFHVgB₉₄₃、PFHVgB₂₅₀、PFHVgC₅₃₄、PFHVgC₄₆₇、PFHVgC_{467(opt)}、PFHVgD₃₇₄、PFHVgD₃₀₀、PFeLVp27₂₅₃、PFeLVp27₆₁₉、PFeLVp27-gp70₆₁₁、PCDVH₆₀₄、および PCDFV₆₆₂ が挙げられ、これらの特徴および産生は、実施例において記載される。このような組換えタンパク質は、以下のそれぞれのアミノ酸配列を有する：配列番号 2、配列番号 4、配列番号 6、配列番号 8、配列番号 10、配列番号 12、配列番号 14、配列番号 16、配列番号 18、配列番号 20、配列番号 22、配列番号 24、配列番号 26、配列番号 28、配列番号 30、配列番号 32、配列番号

号34および配列番号36。

【0022】

本発明の特に好ましい組換え抗原は、以下のアミノ酸配列の少なくとも1つを有するタンパク質を含む：配列番号2、配列番号4、配列番号6、配列番号8、配列番号10、配列番号12、配列番号14、配列番号16、配列番号18、配列番号20、配列番号22、配列番号24、配列番号26、配列番号28、配列番号30、配列番号32、配列番号34および配列番号36。このような引用されたアミノ酸配列を有するこのような抗原のいずれかのフラグメント、対応する感染性因子について選択的な抗体に結合し得るフラグメントである組換え抗原もまた、好ましい。好ましい組換え抗原は、(a)以下の核酸配列：配列番号1、配列番号3、配列番号5、配列番号7、配列番号9、配列番号11、配列番号13、配列番号15、配列番号17、配列番号19、配列番号21、配列番号23、配列番号25、配列番号27、配列番号29、配列番号31、配列番号33および配列番号35の少なくとも1つを有するか；(b)(a)の核酸配列の縮重体であるか；(c)(a)の核酸配列の対立遺伝子改変体であるか；あるいは(d)(a)、(b)、または(c)の核酸分子のいずれか1つのフラグメントである、核酸分子によってコードされ得る。上述の配列番号は、実施例において開示される方法によって推定された核酸配列およびアミノ酸配列を示す。核酸配列決定技術は、完全に誤りがないというわけではないので、前述の配列番号は、せいぜい、本発明の特定の核酸分子および組換え抗原の見かけの核酸配列およびアミノ酸配列をそれぞれ示すことに注意すべきである。さらに、前述の配列番号においてみられるバリエーションもまた、少なくとも部分的に、対立遺伝子のバリエーションに起因し得、これは、とりわけ、遺伝的浮動によって引き起こされ得る。

【0023】

本発明のさらなる好ましい組換え抗原は、以下のアミノ酸配列の少なくとも1つを有するタンパク質と、アミノ酸レベルで、少なくとも約70%、好ましくは少なくとも約75%、より好ましくは少なくとも約80%、より好ましくは少なくとも約85%、より好ましくは少なくとも約90%、より好ましくは少なくとも

約95%、そしてより好ましくは少なくとも約100%の同一性を共有する：配列番号2、配列番号4、配列番号6、配列番号8、配列番号10、配列番号12、配列番号14、配列番号16、配列番号18、配列番号20、配列番号22、配列番号24、配列番号26、配列番号28、配列番号30、配列番号32、配列番号34および配列番号36。このような抗原のフラグメント、および特に、長さが、少なくとも約5、10、15、20、25、30、40、50、60、70、80、90、100、150、200、250、300、350、400、450、500、550、600、650、700、750、800、850、または900アミノ酸であるフラグメントもまた好ましい。

【0024】

本発明はまた、組換え抗原核酸分子を含む。本発明の組換え抗原核酸分子は、本発明の組換え抗原をコードする任意の組換え核酸分子ならびに任意のこのようなコード配列に完全に相補的な核酸分子を含む。本発明の核酸分子は、一本鎖または二本鎖であり得る。本発明に従って、単離された核酸分子は、その自然環境から取り出された（すなわち、ヒト操作に供された）核酸分子であり、そして、DNA、RNA、あるいはDNAまたはRNAのいずれかの誘導体を含み得る。用語単離されたとは、核酸分子が精製された程度を反映しないことに注意する。本発明の組換え抗原核酸分子は、その天然の供給源から単離され得るか、または組換えDNA技術（例えば、ポリメラーゼ連鎖反応（PCR）増幅またはクローニング）もしくは化学的合成を使用して産生され得る。成句核酸分子は、物質的な核酸分子をいい、そして、成句核酸配列は、主に、核酸分子上のヌクレオチドの配列をいうが、この2つの成句は、交換可能に使用され得る。

【0025】

本発明の核酸分子は、天然の単離体またはそのホモログであり得る。核酸分子ホモログは、天然の対立遺伝子改変体、および改変が本発明の組換え抗原をコードする核酸分子の能力を実質的に干渉しない様式で、1つ以上のヌクレオチド挿入、欠失、置換、および/または逆位によって改変された核酸分子を含む。本発明の核酸分子ホモログは、多数の当業者に公知の方法；例えば、Sambrookら、1989、Molecular Cloning: A Laboratory

ry Manual, Cold Spring Harbor Labs Press; Sabrookら、同書は、その全体が本明細書中に参考として援用される、を使用して産生され得る。例えば、核酸分子は、種々の技術を使用して改変され得、これらの技術としては、以下を含むがこれらに限定されない：部位特異的変異誘発のような伝統的な変異誘発および組換えDNA技術、化学的処理、制限酵素切断、核酸フラグメントのライゲーション、PCR増幅、核酸分子の混合物を構築するためのオリゴヌクレオチド混合物の合成および混合物群のライゲーション、ならびにそれらの組み合わせ。核酸分子ホモログは、ハイブリダイゼーションによってか、または核酸分子によってコードされたタンパク質の機能（例えば、対応する感染性因子について選択的な抗体を検出する能力）についてスクリーニングすることによって、選択され得る。

【0026】

本発明の適切でそして好ましい核酸分子は、本明細書中に開示されるような適切でそして好ましい組換え抗原をコードする。本発明の特に好ましい核酸分子は、以下の核酸配列を含む：配列番号1、配列番号3、配列番号5、配列番号7、配列番号9、配列番号11、配列番号13、配列番号15、配列番号17、配列番号19、配列番号21、配列番号23、配列番号25、配列番号27、配列番号29、配列番号31、配列番号33および配列番号35；ならびにこのような配列に対して完全に相補的な核酸配列を有する核酸分子。特に好ましい二本鎖核酸分子としては、 $nFCVCP_{2013}$ 、 $nFCVCP_{1641}$ 、 $nFPVVP_{21751}$ 、 $nFPVVP_{2729}$ 、 $nFPVPVP_{121860}$ 、 $nFPVPVP_{21431}$ 、 $nFHVgB_{2829}$ 、 $nFHVgB_{750}$ 、 $nFHVgC_{1602}$ 、 $nFHVgC_{1401}$ 、 $nFHVgC_{1401(opt)}$ 、 $nFHVgD_{1122}$ 、 $nFHVgD_{900}$ 、 $nFeLVp_{27759}$ 、 $nFeLVp_{271857}$ 、 $nFeLVp_{27-gp70_{1833}}$ 、 $nCDVH_{1812}$ 、および $nCDVF_{1986}$ が挙げられる。引用された核酸配列を有する上記の核酸分子およびその対立遺伝子改変体である核酸分子のいずれかに対する縮重配列を有する核酸分子、ならびに上記の核酸分子のいずれかのフラグメントもまた、好ましい。本明細書中で使用される場合、引用された核酸配列と比較して縮重する配

列を有する核酸分子は、引用された配列を有する核酸分子と同じタンパク質をコードする核酸分子であるが、その遺伝子コードの縮重性に起因して異なる核酸配列を有する核酸分子である。本明細書中で使用される場合、引用される核酸配列を有する核酸分子の対立遺伝子改変体は、本明細書中に引用される特定の配列番号を含む遺伝子と基本的に同じゲノム中の座位に存在する遺伝子である核酸分子である。しかし、本明細書中に引用される特定の配列番号は、例えば、変異または組換えによって引き起こされる天然のバリエーションに起因して、類似であるが同一ではない配列を有する。このような遺伝子に由来するcDNAの対立遺伝子改変体もまた、用語対立遺伝子に含まれる。天然の選択は、代表的に機能に影響する変更に対して選択するので、対立遺伝子は、通常、それらが比較される遺伝子によってコードされるタンパク質の活性と類似した活性を有するタンパク質をコードする。核酸分子の対立遺伝子改変体はまた、遺伝子の5'または3'非翻訳領域における（例えば、調節制御領域における）変更を含み得るか、または新生転写物の選択的なスプライシングを含み得、それにより、選択的なエキソンを近接させる。対立遺伝子改変体は、当該分野で周知であり、そして、所定の感染性因子中に見出されることが予期される。

【0027】

本発明のさらなる好ましい組換え抗原核酸分子は、以下の核酸配列の少なくとも1つを有する核酸分子と、核酸レベルで、少なくとも約70%、好ましくは少なくとも約75%、より好ましくは少なくとも約80%、より好ましくは少なくとも約85%、より好ましくは少なくとも約90%、より好ましくは少なくとも約95%、そしてより好ましくは少なくとも約100%の同一性を共有する：配列番号1、配列番号3、配列番号5、配列番号7、配列番号9、配列番号11、配列番号13、配列番号15、配列番号17、配列番号19、配列番号21、配列番号23、配列番号25、配列番号27、配列番号29、配列番号31、配列番号33および配列番号35。このような核酸分子のフラグメント、特に、長さが、少なくとも約15、20、25、30、40、50、60、70、80、90、100、150、200、250、300、350、400、450、500、550、600、650、700、750、800、850、900、950

、1000、1100、1200、1300、1400、1500、1600、1700、1800、1900、2000、2100、2200、2300、2400、2500、2600、2700、または2800ヌクレオチドであるフラグメントもまた好ましい。

【0028】

本発明の組換え抗原の最小サイズは、対応するタンパク質をコードする核酸分子の相補的な配列と、安定したハイブリッドを形成し得る（すなわち、ストリンジントなハイブリダイゼーション条件でハイブリダイズする）核酸分子によってコードされるのに十分なサイズである。このようなタンパク質をコードする核酸分子の大きさは、核酸組成物および核酸分子と相補的な核酸配列との間のパーセント相同性に依存する。ストリンジントな条件下で、安定したハイブリッドを形成するのに必要な相同性の程度は、相同な配列が、所定の核酸分子中に分散しているか、または所定の核酸分子上の別個の領域中でクラスター化している（すなわち、局在化している）か否かに依存して、変化し得ることが容易に理解され得る。

【0029】

組換え抗原をコードする核酸分子と安定したハイブリッドを形成し得る核酸分子の最小の大きさは、代表的に、核酸分子がGCリッチである場合、長さが少なくとも約12～約15ヌクレオチドであり、そして、核酸分子がATリッチである場合、長さが少なくとも約15～約17ヌクレオチドである。本発明の組換え抗原ホモログをコードするために使用される核酸分子の最小の大きさは、長さが約12～約18ヌクレオチドである。従って、本発明の組換え抗原ホモログの最小のサイズは、長さが約4～約6アミノ酸である。本発明の組換え抗原をコードする核酸分子の最小の大きさに対しては、実際上の制限以外に制限はない。なぜなら、本発明の核酸分子は、全長コード領域の一部、または全長コード領域、または複数のコード領域（部分的または全長のいずれか）を含み得るからである。本発明の核酸分子によってコードされるタンパク質の好ましい大きさは、このようなタンパク質の全長、融合物、多価染色体、または機能的部分のいずれが所望であるかに依存する。

【0030】

ストリンジェントなハイブリダイゼーション条件は、核酸分子がハイブリダイズされる標的核酸分子の規定された物理的性質に基づいて決定され、そして、数学的に規定され得る。ストリンジェントなハイブリダイゼーション条件は、個々の当業者が異種の核酸分子間の有意な類似性を同定するのを可能にする実験的パラメーター（すなわち、少なくとも約70%同一である（すなわち、約30%未満のミスマッチを共有する）核酸分子の同定を可能にする条件）である。これらの条件は、当業者に周知である（例えば、Sambrookら、1989、同書、およびMeinkothら、1984, Anal. Biochem. 138, 267-284; Meinkothら（これは、その全体が本明細書中に参考文献として援用される）を参照のこと）。

【0031】

さらに、2つの核酸配列または2つのアミノ酸配列間の類似性の程度を決定するための市販のコンピュータプログラムが存在することが当該分野で公知である。これらのコンピュータプログラムは、核酸分子間およびタンパク質間の同一性の割合ならびにギャップの数および長さを決定するための種々の公知の方法を含む。種々の利用可能な配列分析プログラムは、2つの比較された分子が、30%を超えるアミノ酸同一性を有するアミノ酸配列をコードする場合、実質的に類似の結果を生じることがさらに公知である（例えば、Johnsonら、1993 J. Mol. Biol. 233, 716-738, 1993およびFengら、1985、J. Mol. Evol. 21, 112-125, 1985（これらの各々は、本明細書中にその全体が参考文献として援用される）を参照のこと）。アミノ酸配列の間およびまた核酸配列の間でパーセント同一性を決定するための好ましい方法は、核酸またはアミノ酸配列を比較および分析するために設計された市販のコンピュータプログラムの1つ以上を使用する分析を含む。これらのコンピュータプログラムとしては、GCGTM (Genetics Computer Group, Madison, WIより入手可能)、DNAsisTM (Hitachi Software, San Bruno, CAより入手可能) およびMacVectorTM (Eastman Kodak Co

mpany, New Haven, CTより入手可能)が挙げられるが、決してこれらに限定されない。アミノ酸配列の間およびまた核酸配列の間のパーセント同一性を決定するための特に好ましい方法は、デフォルトパラメーターを使用して、DNAsisTMコンピュータプログラムを使用する分析を行なうことである。

【0032】

本発明はまた、本発明の組換え抗体のミメトープ(mimotope)を含む。本発明に従って、「ミメトープ」は、抗体に結合する本発明の組換え抗原の能力を模倣し得る任意の化合物をいう。ミメトープは、分解に対するその感受性を減少するように改変されたペプチドであるが、抗体結合活性をなお保持するペプチドであり得る。ミメトープの他の例としては、炭水化物ベースの化合物、脂質ベースの化合物、核酸ベースの化合物、天然の有機化合物、合成由来の有機化合物、抗イディオタイプ抗体および/または触媒性抗体、あるいはそのフラグメントが挙げられるが、これらに限定されない。ミメトープは、例えば、抗感染性因子の抗体に結合し得る化合物について、合成化合物のライブラリーをスクリーニングすることによって得られ得る。ミメトープはまた、例えば、合理的な薬物設計によって得られ得る。合理的な薬物設計手順において、本発明の化合物の三次元構造は、例えば、核磁気共鳴(NMR)またはX線結晶学によって分析され得る。次いで、三次元構造を使用して、例えば、コンピューターモデリングによって、潜在的なミメトープの構造を推定する。次いで、推定されるミメトープ構造は、例えば、化学的合成、組換えDNA技術によって、または天然供給源からの単離によって、生成され得る。

【0033】

本発明の1つの実施形態は、本発明の少なくとも1つの単離された核酸分子(宿主細胞にその核酸分子を送達し得る任意のベクターに挿入される)を含み、た組換えベクターを含む。このようなベクターは、異種核酸配列を含み、これは、本発明の核酸分子に隣接して天然に見出されず、そして好ましくは、この核酸分子が由来する種以外の種に由来する核酸配列である。このベクターは、RNAベクターまたはDNAベクターのいずれか、原核生物ベクターまたは真核生物ベク

ターのいずれかであり得、そして代表的には、ウイルスベクターまたはプラスミドベクターである。組換えベクターは、クローニング、配列決定、および/または他に本発明の抗原核酸分子の操作において使用され得る。

【0034】

組換えベクターの1つの型(本明細書中で、組換え分子といわれる)は、発現ベクターに作動可能に連結された本発明の核酸分子を含む。成句作動可能に連結されたとは、核酸分子が宿主細胞に形質転換された場合に発現され得る様式で、その核酸分子を発現ベクターへ挿入することをいう。本明細書中で使用される場合、発現ベクターは、宿主細胞を形質転換し得るそして特定の核酸分子の発現に影響し得るDNAベクターまたはRNAベクターである。好ましくは、この発現ベクターはまた、宿主細胞内で複製し得る。発現ベクターは、原核生物ベクターまたは真核生物ベクターのいずれかであり得、そして、代表的にウイルスベクターまたはプラスミドベクターである。本発明の発現ベクターは、細菌、真菌、寄生物、昆虫、他の動物、および植物細胞を含む、本発明の組換え細胞において機能する(すなわち、遺伝子発現を指向する)任意のベクターを含む。本発明の好ましい発現ベクターは、細菌、酵母、昆虫および哺乳動物細胞において、ならびにより好ましくは、細菌において遺伝子発現を指向し得る。

【0035】

詳細には、本発明の発現ベクターは、転写制御配列、翻訳制御配列、複製起点のような調節配列、および組換え細胞と適合性でありそして本発明の核酸分子の発現を制御する他の調節配列を含む。詳細には、本発明の組換え分子は、転写制御配列を含む。転写制御配列は、転写の開始、伸長、および終結を制御する配列である。特に重要な転写制御配列は、プロモーター、エンハンサー、オペレーターおよびリプレッサー配列のような転写開始を制御する配列である。適切な転写制御配列は、本発明の組換え細胞の少なくとも1つにおいて機能し得る、任意の転写制御配列を含む。種々のこのような転写制御配列は、当業者に公知である。好ましい転写制御配列は、細菌、酵母、昆虫または哺乳動物細胞において機能する配列を含む。より好ましい転写制御配列は、例えば、以下のような細菌において機能する配列を含むが、これらに限定されない: *tac*、*lac*、*trp*、*t*

rc、oxy-pro、omp/lpp、rrnB、バクテリオファージλ (λ_{p_L}およびλ_{p_R}およびこのようなプロモーターを含む融合物のような)、バクテリオファージT7、T7lac、バクテリオファージT3、バクテリオファージSP6、バクテリオファージSP01、および抗生物質耐性遺伝子転写制御配列。

【0036】

本発明の組換えベクター中に入れるための適切かつ好ましい核酸分子は、本明細書中で開示されるような核酸分子である。組換えベクターに入れるための好ましい核酸分子、および特に組換え分子として以下が挙げられる：

【0037】

【化1】

nFCVCP₂₀₁₃, nFCVCP₁₆₄₁, nFPVVP2₁₇₅₂, nFPVVP2C₇₂₉, nFPVpVP12₁₈₆₀,
nFPVpVP2₁₄₃₁, nFHVgB₂₈₂₉, nFHVgB₇₅₀, nFHVgC₁₆₀₂, nFHVgC₁₄₀₁, nFHVgC_{1401(opt)},
nFHVgD₁₁₂₂, nFHVgD₉₀₀, nFeLVp27₇₅₉, nFeLVp27₁₈₅₇, nFeLVp27-gp70₁₈₃₃,
nCDVH₁₈₁₂,およびnCDVF₁₉₈₆.

。本発明の特に好ましい組換え分子として以下が挙げられる：

【0038】

【化2】

pλ_RHis-nFCVCP₂₀₁₃, pλ_R-nFCVCP₁₆₄₁, pλ_RHis-
nFPVVP2₁₇₅₂, pλ_RHis-nFPVVP2C₇₂₉, pλ_R-nFPVVP2C₇₂₉, pλ_RHis- nFPVpVP12₁₈₆₀,
pλ_RHis- nFPVpVP2₁₄₃₁, pλ_R- nFPVpVP2₁₄₃₁, pλ_RHis-nFHVgB₂₈₂₉, pλ_RHis-
nFHVgB₇₅₀, pλ_RHis-nFHVgC₁₆₀₂, pλ_RHis-nFHVgC₁₄₀₁, pλ_R-nFHVgC_{1401(opt)},
pλ_RHis-nFHVgD₁₁₂₂, pλ_RHis-nFHVgD₉₀₀, pλ_R- nFeLVp27₇₅₉, pλ_RHis-
nFeLVp27₁₈₅₇, pλ_R-nFeLVp27-gp70₁₈₃₃, pλ_RHis-nCDVH₁₈₁₂,およびpλ_RHis-
nCDVF₁₉₈₆.

。これらの生成物は実施例の節に記載される。

【0039】

本発明の組換え分子はまた (a) 本発明の発現される抗原がタンパク質を産生

する細胞から分泌されることを可能にするための分泌シグナル（すなわち、シグナルセグメント核酸配列）を含み得、そして／または（b）本発明の核酸分子の融合タンパク質としての発現を生じる融合配列を含み得る。適切なシグナルセグメントの例として、本発明のタンパク質の分泌を指向し得る任意のシグナルセグメントが挙げられる。本発明での使用について適切な融合セグメントとして：タンパク質の安定性を高め得る、基質へのタンパク質の付着性を高め得る、そして／または本発明の単離された抗原の精製（例えば、アフィニティークロマトグラフィーによって）を補助し得るセグメントが挙げられるが、これらに限定されない。適切な融合セグメントは、所望の機能（例えば、増加した安定性の供与、基質への付着性の増強、および／またはタンパク質精製の単純化）を有する任意のサイズのドメインであり得る。融合セグメントは、タンパク質のアミノ末端および／またはカルボキシル末端に結合され得、そして本発明の単離された抗原の単純な回収を可能にするための切断に感受性であり得る。融合タンパク質は、好ましくは、ドメインのカルボキシル末端および／またはアミノ末端のいずれかに付着される融合セグメントを含むタンパク質をコードする融合核酸分子で形質転換された組換え細胞を培養することによって作製される。好ましい融合セグメントとして金属結合ドメイン（例えば、ポリヒスチジンセグメント）；免疫グロブリン結合ドメイン（例えば、プロテインA；プロテインG；T細胞；B細胞；Fcレセプターまたは相補的タンパク質抗体結合ドメイン）；糖結合ドメイン（例えば、マルトース結合ドメイン）；および／または「タグ」ドメイン（例えば、 β ガラクトシダーゼの少なくとも一部、ストレップタグペプチド、ドメインに結合する化合物を使用して精製され得る他のドメイン（例えば、モノクローナル抗体））が挙げられる。より好ましい融合セグメントは、金属結合ドメインである。本発明の特に好ましい融合タンパク質の例として以下が挙げられる：

【0040】

【化3】

PHis-PFCVCP₆₇₁, PHis-
 PFCVCP₅₄₇, PHis-PFPVVP2₅₈₄, PHis-PFPVVP2C₂₄₃, PHis-PFPVpVP12₆₂₀, PHis-
 PFPVpVP2₄₇₇, PHis-PFHVgB₉₄₃, PHis-PFHVgB₂₅₀, PHis-PFHVgC₅₃₄, PHis-
 PFHVgC₄₆₇, PHis-PFHVgC_{467(op4)}, PHis-PFHVgD₃₇₄, PHis-PFHVgD₃₀₀, PHis-
 PFeLVp27₂₅₃, PHis-PFeLVp27₆₁₉, PHis-PFeLVp27-gp70₆₁₁, PHis-PCDVH₆₀₄, および"
 PHis-PCDVF₆₆₂,

このような融合タンパク質を作製する方法は、実施例に開示される。本発明はまた、リガンドを導入するための組換え抗原の翻訳後修飾を含む。リガンドの例として、ビオチン、ビオチン様化合物、アビジン、アビジン様化合物、金属結合化合物、糖結合化合物、免疫グロブリン結合ドメイン、および他のタグドメインが挙げられる。

【0041】

本発明の別の実施形態は、本発明の1以上の核酸分子または組換え分子で形質転換された宿主細胞を含む組換え細胞を含む。核酸分子の細胞への形質転換は、任意の方法によって達成され得、その方法によって核酸分子は細胞へ挿入され得る。形質転換技術として、トランスフェクション、エレクトロポレーション、マイクロインジェクション、リポフェクション、吸着、およびプロトプラスト融合が挙げられるが、これらに限定されない。本発明の形質転換された核酸分子は、染色体外にとどまり得るか、または形質転換された（すなわち、組換え）細胞の染色体内の1以上の部位に組込まれ得る。このような様式において、これらの核酸分子の発現能力は、保持される。細胞を形質転換する適切な核酸分子として本明細書中で開示された任意の核酸分子が挙げられ、これらは組換え抗原をコードする。細胞を形質転換するための特に好ましい核酸分子として以下が挙げられる：

【0042】

【化4】

nFCVCP₂₀₁₃, nFCVCP₁₆₄₁, nFPVVP2₁₇₅₂, nFPVVP2C₇₂₉, nFPVpVP12₁₈₆₀,
 nFPVpVP2₁₄₃₁, nFHVgB₂₈₂₉, nFHVgB₇₅₀, nFHVgC₁₆₀₂, nFHVgC₁₄₀₁, nFHVgC_{1401(opt)},
 nFHVgD₁₁₂₂, nFHVgD₉₀₀, nFeLVp27₇₅₉, nFeLVp27₁₈₅₇, nFeLVp27-gp70₁₈₃₃,
 nCDVH₁₈₁₂,および^unCDVF₁₉₈₆

。

【0043】

形質転換するための適切な宿主細胞として、本発明の核酸分子で形質転換され得る任意の細胞が挙げられる。宿主細胞は、形質転換されていない細胞であるか、または少なくとも1つの核酸分子ですでに形質転換されている細胞のいずれかであり得る。本発明の宿主細胞は、本発明の少なくとも1つのタンパク質を産生し得る任意の細胞であり得る。宿主細胞として、細菌、真菌（酵母を含む）、寄生物（蠕虫、原生動物および外部寄生生物を含む）、他の昆虫、他の動物および植物細胞が挙げられる。好ましい宿主細胞として、細菌細胞、ミコバクテリア細胞、酵母細胞、昆虫細胞および哺乳動物細胞が挙げられる。より好ましい宿主細胞として、*Salmonella*細胞、*Escherichia*細胞、*Bacillus*細胞、*Listeria*細胞、*Saccharomyces*細胞、*Pichia*細胞、*Spodoptera*細胞、*Mycobacteria*細胞、および*Trichoplusia*細胞が挙げられる。特に好ましい宿主細胞は、*Escherichia coli*である。

【0044】

組換え細胞は、好ましくは宿主細胞を、転写制御配列を含む発現ベクターに作動可能に連結された本発明の組換え抗原をコードする組換え分子で形質転換することによって作製される。特に好ましい組換え分子として以下が挙げられる：

【0045】

【化5】

pλP_RHis-nFCVCP₂₀₁₃, pλP_R-
nFCVCP₁₆₄₁, pλP_RHis-nFPVVP2₁₇₅₂, pλP_RHis-nFPVVP2C₇₂₉, pλP_R-nFPVVP2C₇₂₉,
pλP_RHis-nFPVpVP12₁₈₆₀, pλP_RHis-nFPVpVP2₁₄₃₁, pλP_R-nFPVpVP2₁₄₃₁, pλP_RHis-
nFHVgB₂₈₂₉, pλP_RHis-nFHVgB₇₅₀, pλP_RHis-nFHVgC₁₆₀₂, pλP_RHis-nFHVgC₁₄₀₁, pλP_R-
nFHVgC_{1401(op)}, pλP_RHis-nFHVgD₁₁₂₂, pλP_RHis-nFHVgD₉₀₀, pλP_R-nFeLVp27₇₅₉,
pλP_RHis-nFeLVp27₁₈₅₇, pλP_R-nFeLVp27-gp70₁₈₃₃, pλP_RHis-nCDVH₁₈₁₂, ~~δγδν~~^{δγδν}pλP_RHis-
nCDVF₁₉₈₆

。特に好ましい組換え細胞として以下が挙げられ：

【0046】

【化6】

E. coli:pλP_RHis-
nFCVCP₂₀₁₃, *E. coli*:pλP_R-nFCVCP₁₆₄₁, *E. coli*:pλP_RHis-nFPVVP2₁₇₅₂, *E. coli*:pλP_RHis-
nFPVVP2C₇₂₉, *E. coli*:pλP_R-nFPVVP2C₇₂₉, *E. coli*:pλP_RHis-nFPVpVP12₁₈₆₀, *E.*
coli:pλP_RHis-nFPVpVP2₁₄₃₁, *E. coli*:pλP_R-nFPVpVP2₁₄₃₁, *E. coli*:pλP_RHis-
nFHVgB₂₈₂₉, *E. coli*:pλP_RHis-nFHVgB₇₅₀, *E. coli*:pλP_RHis-nFHVgC₁₆₀₂, *E.*
coli:pλP_RHis-nFHVgC₁₄₀₁, *E. coli*:pλP_R-nFHVgC_{1401(op)}, *E. coli*:pλP_RHis-nFHVgD₁₁₂₂,
E. coli:pλP_RHis-nFHVgD₉₀₀, *E. coli*:pλP_R-nFeLVp27₇₅₉, *E. coli*:pλP_RHis-
nFeLVp27₁₈₅₇, *E. coli*:pλP_R-nFeLVp27-gp70₁₈₃₃, *E. coli*:pλP_RHis-nCDVH₁₈₁₂, ~~δγδν~~^{δγδν}*E.*
coli:pλP_RHis-nCDVF₁₉₈₆

これらの組換え細胞の作製に関連する詳細が本明細書中で開示される。

【0047】

組換えDNA技術を使用して、例えば、宿主細胞中の核酸分子のコピーの数、核酸分子が翻訳される効率、生じた転写物が翻訳される効率、および翻訳後修飾の効率を操作することによって形質転換された核酸分子の発現を改善し得る。本発明の核酸分子の発現を増強するために有用な組換え技術として、高いコピー数のプラスミドへの核酸分子の作動可能な連結、1以上の宿主細胞染色体への核酸分子の組込み、プラスミドへのベクター安定配列の付加、転写制御シグナル（例えば、プロモーター、オペレーター、エンハンサー）の置換または改変、翻訳制御シグナル（例えば、リボソーム結合部位、シャイン-ダルガーノ配列）の置換

または改変、宿主細胞のコドン利用頻度に一致させるための本発明の核酸分子の改変、転写物を不安定化する配列の欠失、および発酵の間に組換え酵素産生から組換え細胞増殖を一時的に分離する制御シグナルの使用が挙げられるが、これらに限定されない。本発明の発現された組換え抗原の活性は、このような抗原をコードする核酸分子を断片化、改変、または誘導化することによって促進され得る。

【0048】

本発明の組換え抗原は、当業者に公知の種々の方法で生成され得る。1つの実施形態において、本発明の組換え抗原は、抗原を生成するのに効果的な条件下で抗原を発現し得る細胞を培養すること、そしてその抗原を回収することによって生成される。培養するための好ましい細胞は、本発明の組換え細胞である。効果的な培養条件として、タンパク質生成を可能にする効果的な培地、効果的なバイオリアクター、効果的な温度、効果的なpHおよび効果的な酸素条件が挙げられるが、これらに限定されない。効果的な培地とは、本発明の組換え抗原を生成するために細胞がその中で培養される任意の培地を言う。このような培地は代表的には同化可能な炭素、窒素およびリン酸供給源、ならびに適切な塩、ミネラル、金属および他の栄養源（例えば、ビタミン）を含有する水性培地を含む。本発明の組換え細胞は、従来の発酵バイオリアクター、振盪フラスコ、試験管、マイクロタイターディッシュ、およびペトリ皿で培養され得る。培養は、組換え細胞に適切な温度、pH、および酸素含有量で行われ得る。このような培養条件は、当業者の知識の範囲内である。適切な条件の例は、実施例の節に含まれる。

【0049】

生成に使用されるベクターおよび宿主系に依存して、発現された組換え抗原は、組換え細胞内に残存し得るか；発酵培地に分泌され得るか；2つの細胞膜間の空間（例えば、E. coliの細胞周辺腔）に分泌され得るか；または細胞もしくはウイルス膜の外面に保持され得るかのいずれかであり得る。

【0050】

成句「抗原を回収する」および類似の成句は、組換え生成物を含有する全発酵培地を収集することを言い、分離または精製のさらなる工程を含意する必要はな

い。本発明のタンパク質は、種々の標準的なタンパク質精製技術（例えば、アフィニティークロマトグラフィー、イオン交換クロマトグラフィー、濾過、電気泳動、疎水性相互作用クロマトグラフィー、ゲル濾過クロマトグラフィー、逆相クロマトグラフィー、コンカナバリンAクロマトグラフィー、クロマトフォーカシングおよび示差的可溶化が挙げられるが、これらに限定されない）を使用して精製され得る。本発明の組換え抗原は、好ましくは「実質的に純粋な」形態で回収される。本明細書中で使用される場合、「実質的に純粋」は、検出試薬としてのタンパク質の効果的な使用を可能にする純度を言う。好ましくは、このような組換え抗原試薬は、偽陽性反応を引き起こさない。好ましい実施形態において、本発明の組換え抗原は、少なくとも約60%の純度、好ましくは少なくとも約65%の純度、より好ましくは少なくとも約70%の純度、より好ましくは少なくとも約75%の純度、より好ましくは少なくとも約80%の純度、より好ましくは少なくとも約85%の純度、より好ましくは少なくとも約90%の純度、そしてより好ましくは少なくとも約95%の純度である。1つの実施形態において、本発明の組換え抗原は、少なくとも約98%～100%の純度である。

【0051】

本発明の1つの実施形態は、動物の所望の感染性因子への免疫状態を、その感染性因子に選択的に結合するその動物中の抗原を検出することによって決定する方法である。その方法は以下の工程を包含する：（a）動物の生物学的検体と組換え感染性因子の抗原（この抗原は、その感染性因子について選択的な抗体を検出することに特異的である）とを、組換え抗原と抗体の間の複合体の形成に適切な条件下で接触させる工程；および（b）この複合体の存在または非存在を検出する工程であって、ここで複合体の存在または非存在が、この動物の免疫状態の指標である工程。複合体の存在は、動物が、その感染性因子による感染から保護されているか、またはこの感染を浮けにくいことを示し、例えば、その動物がワクチン接種する必要があることを示す。複合体の非存在は、動物が感染性因子による感染から保護され得ないか、またはこの感染受けやすくあり得ることを示唆し、例えば、その動物をワクチン接種することが望ましいことが示唆される。

【0052】

検出される抗体は、感染性因子による天然の感染、またはワクチン接種に対する応答において子孫に伝えられた母系抗体であり得るか、またはそのような応答において作製（すなわち、生成）され得る。ワクチン接種は、当業者に公知の以下に挙げられる（しかし、限定ではない）種々の方法で達成され得る：感染性因子自体またはそれらの任意の免疫原性形態（例えば、改変された生の感染性因子、不活化、破壊、細分化もしくは弱毒化した感染性因子、ネイティブもしくは組換え抗原、または感染性因子に対する免疫応答を惹起する核酸分子が挙げられるが、これらに限定されない）を投与すること。検出される抗体は、任意のクラス（すなわち、免疫グロブリンA（IgA）抗体、免疫グロブリンD（IgD）抗体、免疫グロブリンE（IgE）抗体、免疫グロブリンG（IgG）抗体、または免疫グロブリンM（IgM）抗体、IgE抗体、IgG抗体、もしくはIgM抗体であり得る。検出のために好ましい抗体は、IgA抗体、IgG抗体、およびIgM抗体である。

【0053】

感染性因子または対応するワクチンに対する応答における母系抗体を保有するか、または抗体を生成する任意の動物が、本発明に従って試験され得る。1つの実施形態において、試験するための好ましい動物は、試験の少なくとも約6ヶ月、1年、2年または3年前にワクチン接種された（すなわち、ワクチンを投与された）動物である。別の実施形態において、試験するための好ましい動物は、その感染またはワクチン状態が未知である。免疫状態を決定する適切な動物として、ネコ（すなわち、ネコ科）、イヌ（すなわち、イヌ科）、ウマ（すなわち、ウマ科）、ヒトおよび他の霊長類、クロアシイタチおよび他のイタチ科、ウシ、ヒツジ、ブタ、および齧歯動物、ならびに他のコンパニオンアニマル（すなわち、ペット）、食用動物、作業用動物、または動物園の動物が挙げられるが、これらに限定されない。試験される好ましい動物として、ネコ、イヌ、ウマおよび他のコンパニオンアニマルが挙げられ、ネコ、イヌおよびウマがさらに好ましい。本明細書中で使用される場合、ネコは、ネコ科（cat family）（すなわち、ネコ科（Felidae））の任意のメンバーを言い、家庭用ネコ、野生のネコおよび動物園のネコを言う。ネコの例として、家庭用ネコ、ライオン、

トラ、ヒョウ、パンサー、クーガ、ボブキャット、オオヤマネコ、ジャガー、チータ、およびサーバルが挙げられるが、これらに限定されない。試験するための好ましいネコは、家庭用ネコである。本明細書中で使用される場合、イヌは、イヌ科の任意のメンバーを言い、家庭用イヌ、野生のイヌ、キツネ、オオカミ、ジャッカル、およびコヨーテならびにイヌ科の他のメンバーが挙げられるが、これらに限定されない。本明細書中で使用される場合、ウマは、ウマ科の動物を言う。ウマ科の動物は、有蹄の哺乳動物であり、そして家畜用ウマおよび野生のウマ（例えば、ウマ、ロバ（a s s）、ロバ（d o n k e y）およびシマウマ）が挙げられるがこれらに限定されない。試験のための好ましいウマとして、レース用ウマを含む家畜用のウマが挙げられる。

【0054】

生物学的検体とは、動物から回収され得る（得られ得る）任意のサンプルであって、その中に抗体が見出され得るサンプルを言う。適切な生物学的検体として、体液組成物または細胞組成物が挙げられるが、これらに限定されない。体液の例として、血液、血清、血漿、唾液、尿、涙液、水性体液、脳脊髄液、リンパ、鼻汁、気管支吸引物、乳汁、初乳、腸性分泌物、および排泄物が挙げられるが、これらに限定されず、血液、血清、血漿、唾液、尿、涙液、乳汁、初乳が好ましく、そして血液、血清または血漿がさらにより好ましい。

【0055】

本明細書中で使用される場合、用語、接触する（接触させる）は、この場合において、生物学的検体と本発明の組換え抗原を結合または混合することを言う。組換え抗原と生物学的検体中に存在する感染性因子について選択性の任意の抗体（すなわち、抗感染性因子抗体）の間の複合体（すなわち、免疫複合体）の形成とは、組換え抗原が、検出可能な適切な複合体を形成するためにその抗体に選択的に結合する能力を言う。本明細書中で使用される場合、用語、抗体に選択的に結合する、または抗体に特異的であるとは、本発明の組換え抗原が、他の関係のない抗体に実質的に結合し得ることなく、疾患からその動物が保護されていることを示す抗体に優先的に結合する能力を言う。組換え抗原と抗感染性因子抗体間の結合は、複合体を形成するための適切な条件下で生じる；そのような条件（例

えば、適切な濃度、緩衝液、温度、反応時間）ならびにこのような条件を最適化するための方法は、当業者に公知であり、そして例が本明細書中に開示されている。複合体形成の条件の例はまた、例えば、Sambrookら（同書）および Harlowら、1988、Antibodies, a Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Labs Press; Harlowら（同書）（本明細書中でその全体が参考として援用される）に開示される。

【0056】

本明細書中で使用される場合、成句「複合体の存在または非存在を検出する」とは、任意の複合体が形成されたか否かを決定すること、すなわち複合体の存在（すなわち、実在）または非存在（すなわち、非実在）についてアッセイすることを言う。複合体が形成される場合、形成された複合体の量が決定され得るが、必要ではない。組換え抗原と抗感染性因子抗体との間の複合体形成、または選択的結合は、当該分野で標準的な種々の方法を使用して測定（すなわち、検出、決定）され得る；例えば、Sambrookら（同書）、Harlowら（同書）および本明細書中の実施例を参照のこと。

【0057】

複合体は、種々の方法（以下のアッセイの1つが挙げられるが、これらに限定されない）で測定され得る：酵素結合イムノアッセイ、ラジオイムノアッセイ、蛍光イムノアッセイ、発光アッセイ（例えば、化学発光アッセイまたは生物発光アッセイ）、リン光アッセイ、イムノプロットアッセイ（例えば、ウエスタンブロット）、イムノドットアッセイ、免疫沈降アッセイ、ラテラルフローアッセイ（lateral flow assay）、フロースルーアッセイ、凝集反応アッセイ、微粒子に基づくアッセイ（particulate-based assay）（例えば、磁性粒子もしくはプラスチックポリマー（例えば、ラテックスビーズまたはポリスチレンビーズ）が挙げられるが、これらに限定されない粒子を使用して）、および電子感覚アッセイ（electronic sensory assay）（例えば、エレクトロニックチップを使用して）。1つの実施形態において、ウイルス中和アッセイ、赤血球凝集アッセイ、または補体固

着アッセイの使用は好ましくない。このようなアッセイは当業者に周知のアッセイである；例えば、Harlowら（同書）を参照のこと。アッセイを使用してその使用方法に依存する定性的または定量的結果を得られ得る。

【0058】

いくつかのアッセイ（例えば、凝集、粒子分離、および免疫沈降）は、検出マーカの必要性なしに視覚的に観察され得る（例えば、目視または機械（例えば、濃度計または分光光度計）のいずれかによって）。他のアッセイにおいて、検出マーカの、本発明の組換え抗原へのまたは検出される抗体に選択的に結合する本発明の抗体結合パートナーへの結合（すなわち、付着、連結）は、複合体形成を測定することに役立つ。結合は、組換え抗原または抗体結合パートナーの抗感染性因子抗体への選択的な結合能力が損われないような様式で行われる。結合は、例えば、検出マーカの組換え抗原もしくは抗体結合パートナーへの結合、または検出マーカに融合される組換え抗原もしくは検出マーカに融合される抗体結合パートナーをコードする遺伝的キメラを構築することによって達成され得る。 検出マーカの例として、酵素、放射性ラベル、蛍光ラベル、発光ラベル（例えば、生物発光ラベルまたは化学発光ラベル）、発色体（例えば、比色分析）ラベル、金属ゾルラベル、金属結合ラベル、物理的ラベル、電気的ラベル、またはリガンドが挙げられるが、これらに限定されない。リガンドとは、別の分子に選択的に結合する分子を言う。好ましい検出マーカとして、ホスファターゼ（例えば、アルカリホスファターゼ）、ペルオキシダーゼ（例えば、西洋ワサビペルオキシダーゼ）、 β ガラクトシダーゼ、ルシフェラーゼ、フルオレセイン、ラジオアイソトープ、ビーズ（例えば、色素ビーズ、磁性ビーズ）、コロイド状金、ビオチン、アビジン、およびビオチン関連化合物またはアビジン関連化合物（例えば、ストレプトアビジンもしくはImmunoPure（登録商標）NeutrAvidin）が挙げられるが、これらに限定されない。

【0059】

本発明の抗体結合パートナーは、本発明の抗病原菌抗体に結合し得る任意の化合物である。好ましくは、抗体結合パートナーは、このような抗体の定常領域（例えば、IgA抗体、IgD抗体、IgE抗体、IgG抗体、またはIgM抗体

のFc領域)に結合する。このような抗体結合パートナーの例としては、試験される動物の抗体の定常領域に選択的に結合する抗アイソタイプ抗体(例えば、抗IgA抗体、抗IgD抗体、抗IgE抗体、抗IgG抗体、および抗IgM抗体)、抗体Fc領域(例えば、IgAレセプター、IgDレセプター、IgEレセプター、IgGレセプター、IgMレセプター)、抗体結合細菌表面タンパク質(例えば、プロテインAまたはプロテインG、またはこれらのタンパク質の組換え形態)、抗体結合細胞(例えば、B細胞、T細胞、またはマクロファージ)、他の抗体結合真核生物表面タンパク質、および抗体結合補体タンパク質、ならびに抗病原菌抗体に選択的に結合するこれらのタンパク質の任意の部分が挙げられる。好ましい抗体結合パートナーとしては、プロテインA、プロテインG、抗IgG抗体、抗IgM抗体、抗IgA抗体、抗IgE抗体、Fc γ レセプター分子、Fc ϵ レセプター分子、Fc μ レセプター分子、およびFc α レセプター分子、ならびに抗病原菌抗体の定常領域に選択的に結合する任意のこのようなタンパク質の部分が挙げられる。抗病原菌抗体と本発明の組換え抗原との間の複合体が、1つ以上の層および/または二次抗体の型または他の結合化合物を使用して決定され得ることは、本発明の範囲内である。例えば、未標識の二次抗体は、抗病原菌抗体に結合され得、次いで、未標識の二次抗体は、標識された三次抗体によって結合され得る。

【0060】

本発明の1つの実施形態において、複合体の存在または非存在は、試験シグナルを得るために、存在する場合に、この複合体に結合する検出試薬を適用することによって検出される。用語、適用(する)は、組換え抗原が、検体中の任意の抗病原菌抗体と複合体を形成する条件下で、検体と組み合わせられた後、生物学的検体に検出試薬を添加することをいう。この検出試薬は、任意の存在する複合体に結合し、そしてこのような結合は、試験シグナル(すなわち、検出され得る事象)を生じる。抗病原菌抗体が、生物学的検体中に存在する場合、試験シグナルが保証される。抗病原菌抗体が存在しない場合、試験シグナルは発生しない。好ましくは、この検出試薬は、本発明の検出可能なマーカーに結合体化された本発明の抗体結合パートナーを含む。

【0061】

1つの実施形態において、複合体は、溶液中で形成および測定され得る。別の実施形態において、本発明の組換え抗原または本発明の抗体結合パートナーは、基材に固定され（例えば、コートされ）得る。好ましくは、本発明の組換え抗原は、基材上に固定される。固定技術は、当業者に公知である。本発明の組換え抗原もしくは抗体結合パートナーまたは組成物を固定する適切な基材としては、プラスチック、ガラス、ゲル、セルロイド、紙、織物、電子チップ、ならびにラテックス、ポリスチレン、ナイロン、ニトロセルロース、アガロース、綿、PVD F（ポリビニリデンフルオライド）および磁性樹脂のような粒子性物質が挙げられるがこれらに限定されない。適切な基材としては、ウェル（例えば、マイクロタイターディッシュウェル）、プレート、ディップスティック、ストリップ、ビーズ、スポンジ、ラテラルフロー装置、膜、フィルター、チューブ、ディッシュ、セルロイド型マトリクス、磁性粒子、電子感知デバイス（例えば、電子感知チップ）、および他の粒子が挙げられるがこれらに限定されない。1つの実施形態において、基材（例えば、粒子性基材）は、検出可能なマーカースを含み得る。

【0062】

好ましい実施形態において、動物の免疫状態を決定する方法は、約1日以内、より好ましくは約2時間以内、より好ましくは約1時間以内、そしてなおより好ましくは約1分と約15分との間の時間内で、行なわれ得る。

【0063】

免疫状態を検出するための本発明の方法は、定性的、定量的、または半定量的であり得る。1つの実施形態において、生物学的検体中の抗病原菌抗体の量を決定するために、本発明の試験シグナルの強度と、参照試薬を検出試薬と接触させることによって得られた参照シグナルの強度を比較する工程を包含する。1つの実施形態において、参照シグナルは、閾値を示し、この結果、試験シグナルが参照シグナルよりも強力である場合、生物学的検体が収集される動物は、病原菌による感染から保護されるとみなされる。1つの実施形態において、参照試薬は、基材上、好ましくは、組換え抗体と同じ基材上に固定される。適切な参照試薬は、試験されるのと同じ動物の種から単離された抗体を含む。ネコ、イヌ、および

ウマについての免疫状態アッセイにおいて使用するための好ましい参照試薬としては、それぞれ、ネコ抗体、イヌ抗体およびウマ抗体が挙げられる。

【0064】

動物の免疫状態を決定するための本発明の方法の1つの実施形態は、1つを超える病原菌に関して、免疫状態を決定することである。任意の数の組換え抗原が、このような決定において用いられ得ることが意図され得る。1つの実施形態において、動物由来の生物学的検体は、カリチウイルス感染、ヘルペスウイルス感染、およびパルボウイルス感染に対する動物の免疫状態が決定されるような条件で、組換えカリチウイルス抗原、組換えヘルペスウイルス抗原および組換えパルボウイルス抗原と接触される。

【0065】

本発明の別の実施形態は、ヒトが、狂犬病ウイルス感染について処置されるべきか否かを決定するための免疫状態アッセイの使用を含む。このような実施形態において、生物学的検体は、本発明に従って狂犬病ウイルス感染にヒトを曝露せたと疑われる動物から収集され、そして、組換え狂犬病ウイルス抗原と接触される。複合体の存在は、ヒトが、狂犬病ウイルス感染について処置されるべきであることを示す。

【0066】

抗病原菌抗体を検出するための好ましい方法は、免疫吸着アッセイである。1つの実施形態において、本発明の組換え抗原は、基材（例えば、マイクロタイターディッシュウェルまたはディップスティック）上に固定される。動物から収集された生物学的検体は、基材上に適用され、そして、複合体の形成を可能にするのに十分な条件下でインキュベートされる。過剰の流体は、存在する場合、除去され、そして、抗病原菌抗体に選択的に結合し得る検出試薬が、基材に添加され、そして、検出試薬と組換え抗原：抗病原菌抗体複合体との間の複合体の形成を可能にするようにインキュベートされる。過剰の検出試薬は、除去され、必要であれば、現像剤が添加され、そして、基材が、分析のための検出デバイスに供される。あるいは、上記のような抗体結合パートナーは、基材上に固定され、そして、生物学的検体は、複合体を形成する抗体結合パートナーと共にインキュベ-

トされる。次いで、複合体検出は、本発明の検出可能なマーカー結合体化組換え抗原を複合体に適用することによって、達成され得る。

【0067】

動物の免疫状態を決定するための別の好ましい方法は、ラテラルフローアッセイであり、これらの例は、Pronovostらによる1995年6月13日に発行された米国特許第5,424,193号; Imrichらによる1995年5月16日に発行された米国特許第5,415,994号; Millerらによる1994年12月22日に公開されたWO94/29696; およびPawlakらによる1994年1月20日に公開されたWO94/01775に開示され、これらの特許公開の各々は、本明細書中にその全体が参考文献として援用される。動物の免疫状態を決定するための別の好ましい方法は、フロースルーアッセイであり、この例は、Valkirsらによる1986年12月30日に発行された米国特許第4,632,901号およびValkirsらによる1988年2月23日に発行された米国特許第4,727,019号において開示される; 米国特許第4,632,901号、同書、および米国特許第4,727,019号、同書、は共に本明細書中に参考文献としてその全体が援用される。

【0068】

本発明の別の実施形態は、動物をワクチン接種するか否を決定するための方法である。このような方法としては、以下の工程: (a) 組換え抗原と抗体との間での複合体の形成に適切な条件下で、動物の生物学的検体と、病原菌に選択的な抗体を検出するために特異的である組換え病原菌抗原とを接触させる工程; および (b) 複合体の存在または非存在を検出する工程。このような複合体の存在は、動物が、ワクチン接種される必要がないことを示し、一方このような複合体の非存在は、動物が、ワクチン接種されるべきであることを示す。このような複合体の検出は、動物の免疫状態を決定するための、本明細書中に開示された様式と類似の様式で、達成され得る。

【0069】

本発明のなお別の実施形態は、動物の免疫状態を決定するためのそして/または動物をワクチン接種するか否かを決定するためのアッセイまたはキットである

。このようなアッセイは、(a)病原菌に選択的な抗体を検出するために特異的である組換え病原菌抗原；および(b)組換え抗原に選択的に結合する抗体を検出するための手段を含む。1つの実施形態において、この手段は、本発明の検出試薬を含む。本発明のアッセイはまた、(a)試験領域および参照領域を含む固体支持体；および(b)参照試薬を必要ではないが、含み得る。好ましくは、試験領域は、本発明の1つ以上の組換え抗原を含み、そして、参照領域は、本発明の1つ以上の参照試薬を含む。本発明のアッセイはまた、アッセイ確証のためのコントロール領域を必要ではないが、含み得る。好ましくは、本発明の組換え病原菌抗原は、本明細書中に開示されるような基材上に固定される。特に好ましいアッセイとしては、ELISA、ラテラルフローアッセイ、およびフロースルーアッセイが挙げられる。

【0070】

以下の実施例は、例示の目的のために提供され、そして、本発明の範囲を制限することを意図しない。

【0071】

(実施例)

この実施例は、当業者に公知であると考えられる多数の生物学技術、微生物学技術、免疫学技術および生化学技術を含むことに注意すべきである。このような技術の開示は、例えば、Sambrookら、同書、Harlowら、同書、および関連した参考文献において見出され得る。

【0072】

(実施例1)

この実施例は、動物の免疫状態を決定するための完全なウイルス調製物の使用が、偽ポジティブを生じ、そしてそれ自体が、受容可能でない試薬であるということを実証する。

【0073】

(A. ネコカリチウイルスおよびネコ鼻気管炎ウイルスの調製)

ネコ鼻気管炎ウイルス(ネコヘルペスウイルス、すなわち、FHVとしてもまた知られている)およびネコカリチウイルス(FCV)を、FHVについて2%

胎児ウシ血清 (FBS) を含み、FCVについて胎児ウシ血清を含まない、DMEM高グルコース (Gibco BRL, Gaithersburg, MDから入手可能) 中でCrandall Reese Feline Kidney (CRFK) 細胞中で培養した。力価決定した (titered) ($TCID_{50}$) ウイルス含有組織培養物上清のアリコートを集し、そして、使用まで - 70 で保存した。

【0074】

FCVまたはFHV含有上清アリコートを、各々、37 の水浴で迅速に解凍し、そして、4 で10分間、 $1000 \times g$ での遠心分離によって清澄化した。5倍容量の60% (w/v) イオジキサノール溶液 (OptiPrep, Nycomed, Oslo, Norwayから入手可能) を、0.8% NaCl、60mM HEPES, pH 7.4の1容量と混合し、50%イオジキサノール溶液を生成した。3mlのイオジキサノール含有上清アリコートを、 16×102 mm Beckman Ultra Clear遠心分離管 (Beckman, Fullerton, CAより入手可能) に移した。3mlの50%イオジキサノール溶液を上清アリコートの下に重ねた。ウイルスをBeckman SW 28固定角度ローター (Beckmanより入手可能) を使用して、4 で1時間、 $100,000 \times g$ での遠心分離によって、沈降させた。ウイルスは、イオジキサノールクッションの頂部ではっきりとした帯を形成した。3mlの上清を除去した。チューブの残りの内容物を混合して、約25%イオジキサノールにおいて、濃縮したウイルス懸濁液を生成した。この懸濁液を、 16×76 mm Beckman Quicksealチューブ (Beckmanより入手可能) に移した。熱シールチューブ中の残りの空間を、0.8% NaCl、60mM HEPES緩衝液で充填し、そして、チューブを熱シールした。このチューブをBeckman VTi-65.1ローター (Beckmanより入手可能) を使用して、4 で1~3時間 $350,000 \times g$ で遠心分離した。このローターを、ブレーキなしで、 $21 \times g$ (500 rpm) から減速させた。チューブ上のシールを破り、そして、上清の大部分を、長いパスツールピペットを用いて取り出した。約1mlの流体が、各チューブに残された。この物質を普通のチューブ

に移し、そして、本来のチューブを0.5mlの0.8% NaCl / 60mM HEPES緩衝液でリンスし、そして、その物質を普通のチューブに添加した。総タンパク質をBioRad Protein Assay (BioRad, Richmond, CAから入手可能)によって決定した。ウイルスのアリコートは-70℃に貯蔵した。調製物の純度をELISAによって決定した。この様式で精製されたFCVは、Optiprep精製FCV調製物またはOptiprep精製FCVといわれる。この様式で精製されたFHVを、Optiprep精製FHV調製物またはOptiprep精製FHVという。

【0075】

(B. ネコ汎白血球減少症ウイルスの精製)

ネコ汎白血球減少症ウイルス(FPV)を、2%胎児ウシ血清を用いるDMEM高グルコース中で、Crandall Reese Feline Kidney (CRFK)細胞中で、培養した。力価決定した(TCID₅₀)ウイルス含有組織培養物上清のアリコートを収集し、そして、使用まで-70℃で保存した。

【0076】

FPV含有上清アリコートを、4℃で15分間、7000×gでの遠心分離によって清澄化した。ペレットを捨て、そして、ウイルスを、固体のポリエチレングリコール(PEG)3350(0.75M PEGまで)および0.2M 塩化ナトリウムの添加によって、上清から沈殿させた。混合物を、氷上で30分間インキュベートし、次いで、4℃で30分間、7000×gで遠心分離した。ペレットを0.5M NaClを有する0.2M ホウ酸緩衝液(pH7.4)中で再懸濁した。この物質を、5分間450×gで遠心分離し、不溶性物質を除去する。ウイルスは、4℃で20時間の150,000×g(Beckman SW65Tiローター中で40,000rpm)での平衡遠心分離によって、等密度の塩化セシウム(CsCl)勾配(1.40g/ml)においてバンドを形成した。総タンパク質をBioRad Protein Assayによって決定した。ウイルスのアリコートを-70℃で保存した。調製物の純度をELISAによって決定した。この様式で精製されたFPVを、CsCl精製FPV調製物

またはC S C 1精製F P Vという。

【0077】

(C. 免疫状態試薬としての全F C V調製物の試験)

実施例1 Aに記載されるように産生されたO p t i p r e p精製F C V調製物、ならびに同じ様式で調製されているが、C R F K細胞がF C Vと感染していない調製物(すなわち、O p t i p r e p精製非感染細胞(すなわちN I C)調製物)を、F C Vワクチン接種した(ポジティブ)ネコまたはバリア(b a r r i e r)コントロール(ネガティブ)ネコ由来の血清と反応するその能力について、E L I S Aによって、各々試験した。

【0078】

E L I S Aを以下のように行なった。O p t i p r e p精製F C VおよびN I C調製物を、表1に示されるようなタンパク質濃度に従って、50mM 炭酸/炭酸水素緩衝液(pH9.6)中に各々希釈した。希釈後、プレートにP o l y S o r p ストリップ(Nunc、VWR Scientific、West Chester、PAより入手可能)中のウェルの中で、各希釈液の100μLのアリコートでコートした。各ストリップをストリップホルダープレートに配置し、4で一晩インキュベートした。コートされたウェルを、自動プレートウォッシャー(Bio-tek Instruments、Inc.、Winooski、VTより入手可能)を使用して、P B S T(1L水中に8.5g NaCl、0.20g K H₂ P O₄、および1.16g N a₂ H P O₄を含む10mM P B S(pH=7.2)0.05% Tween-20(C₅₈H₁₁₄O₂₆;FW=1227、Fisher Scientific、Pittsburgh、PAより入手可能))で4回洗浄した。洗浄後、Stabil Coat(SurModics、Eden Prairie、MNより入手可能)の200μLのアリコートを各ウェルに添加し、そして、ストリップを22で一時間インキュベートした。次いで、ウェルを、自動プレートウォッシャーを使用して、P B S Tで4回洗浄した。ワクチン接種した(ポジティブ)ネコ血清またはバリア(ネガティブ)ネコ血清を、希釈液A(P B S T, 4% F B S, 0.5% ProClin300(Supelco、Bellefonte、PAから

入手可能))と共にウェルに添加する前に、1 : 50に希釈した。次いで、適切に希釈した血清の100 μ Lアリコートをし、適切なウェルの各々に添加し、そして、プレートで22で2時間インキュベートし、次いで、自動プレートウォッシャーを使用して、PBSTを用いる4回の洗浄した。ヤギ抗ネコIgG (H & L) - HRP (Kirkgaard & Perry Laboratories, Gaithersburg, MDから入手可能)を希釈液A中で500 ng/mlに希釈し、次いで、100 μ Lのアリコートを各ウェルに添加した。このプレートを22で1時間インキュベートし、次いで、自動プレートウォッシャーを使用してPBSTを用いる4回の洗浄した。次いで、二成分基材 (TMB Peroxidase Substrate System、Kirkgaard & Perry Laboratoriesより入手可能)の100 μ Lのアリコートを、ウェルの各々に添加し、次いで、22で5分間インキュベートした。反応を、100 μ LのIM H_3PO_4 をウェルの各々に添加することによって停止し、その時点で、自動プレートリーダーを使用して(例えば、Molecular Devices SpectraMax 250 (Molecular Devices, Sunnyvale, CAより入手可能)を使用して)、450 nmでのO.Dを決定する。ELISA結果を表1に示す。

【0079】

【表1】

表1: FCV ワクチン接種した (ポジティブ) ネコまたは FCV
 バリア (ネガティブ) ネコ から集められた血清を試験するための
 の Optiprep 精製 FCV または NIC を使用する ELISA

タンパク質 (ng/ml)	ポジティブ (FCV)	ネガティブ (FCV)	ポジティブ (NIC)	ネガティブ (NIC)
20000	4.15	0.61		
10000	4.15	0.70	3.368	0.616
5000	4.15	0.88	3.231	0.506
2500	4.15	0.84	2.901	0.396
1250	4.15	0.86	2.485	0.362
625	4.15	0.74	2.035	0.303
313	4.04	0.66	1.586	0.264
156	4.00	0.62	1.204	0.244
78	3.72	0.52	0.782	0.216
39	3.22	0.45	0.721	0.165
20	2.68	0.36	0.629	0.134
10	2.34	0.36	0.598	0.124
5	2.16	0.31	0.653	0.13

これらのデータは、Optiprep 精製 FCV 調製物は、FCV ワクチン接種ネコにおいて抗体を検出し得るが、Optiprep 精製 NIC 調製物 (すなわち、同様な手順を使用する未感染細胞から生成された調製物) もまたそうである。このように、完全な FCV は、ワクチン接種されたネコ由来の血清と反応する細胞性タンパク質の存在に起因する、高い割合の偽ポジティブ反応の可能性に起因して、ネコの免疫状態の決定のための受容可能ではない試薬である。

【0080】

(D. 免疫状態試薬としての完全な FHV 調製物の試験)

実施例 1A に記載されるように産生された Optiprep 精製 FHV 調製物、ならびに同様の様式で調製されているが、CRFK 細胞が FHV に感染していない調製物 (すなわち、Optiprep 精製非感染細胞 (すなわち NIC) 調製物) を、FHV ワクチン接種した (ポジティブ) ネコまたはバリアコントロール (ネガティブ) ネコ由来の血清と反応するその能力について、ELISA によって、各々試験した。

【0081】

Optiprep 精製 FHV 調製物を Optiprep 精製 FCV 調製物の代わりに使用し、FHV ワクチン接種したネコ由来の血清を使用し、そして調製物の希釈を表 2 に示すように実施した以外は、実施例 1C に記載するように ELI

S Aを実施した。結果を表2に示す。

【0082】

(表2：FHVワクチン接種したネコ(陽性)またはバリアネコ(陰性)から収集した血清を試験するためのOptiprep精製FHVまたはNICを用いたELISA)

【0083】

【表2】

タンパク質 (ng/ml)	陽性(FHV)	陰性 (FHV)	陽性 (NIC)	陰性 (NIC)
20000	4.13	0.02		
10000	4.13	0.02	3.368	0.616
5000	4.15	0.00	3.231	0.506
2500	4.14	0.01	2.901	0.396
1250	4.01	0.13	2.485	0.362
625	3.73	0.37	2.035	0.303
313	3.47	0.46	1.586	0.264
156	2.95	0.40	1.204	0.244
78	2.25	0.47	0.782	0.216
39	1.68	0.38	0.721	0.165
20	1.40	0.50	0.629	0.134
10	0.80	0.26	0.598	0.124
5	0.72	0.17	0.653	0.13

これらのデータは、Optiprep精製FHV調製物がFHVワクチン接種したネコの抗体を検出し得るが、Optiprep精製NIC調製物(すなわち、類似の手順を用いて未感染細胞から生成された調製物)も同様にこれを検出し得ることを示す。従って、全FHVは、ワクチン接種したネコ由来の血清と反応する細胞タンパク質の存在に起因する高い割合の疑陽性反応の可能性が原因で、ネコの免疫状態の決定のために受容可能な試薬ではない。

【0084】

(E. 免疫状態試薬としての全FPV調製物の試験)

実施例1Bに記載したように生成したCsC1精製FPV調製物ならびに同様の様式で調製したがCRFK細胞をFPVで感染していない調製物(すなわち、CsC1精製非感染細胞、すなわちNIC、調製物)を、各々、FPVワクチン接種したネコ(陽性)またはバリアネコ(陰性)由来の血清と反応するその能力に関して、ELISAによって試験した。

【0085】

C s C l 精製 F P V 調製物を O p t i p r e p 精製 F C V 調製物の代わりに使用し、F P V ワクチン接種したネコ由来の血清を使用し、そして調製物の希釈を表3に示すように実施した以外は、実施例1Cに記載するように E L I S A を実施した。結果を表3に示す。

【0086】

(表3：F P V ワクチン接種したネコ(陽性)またはバリアネコ(陰性)から収集した血清を試験するための C s C l 精製 F P V または N I C を用いた E L I S A)

【0087】

【表3】

タンパク質 (ng/ml)	陽性 (FPV)	陰性 (FPV)	陽性 (NIC)	陰性 (NIC)
10000	4.082	0.468	3.368	0.616
5000	4.031	0.474	3.231	0.506
2500	3.947	0.492	2.901	0.396
1250	3.799	0.5	2.485	0.362
625	3.233	0.481	2.035	0.303
313	2.58	0.393	1.586	0.264
156	1.929	0.287	1.204	0.244
78	1.115	0.21	0.782	0.216
39	0.838	0.16	0.721	0.165
20	0.655	0.134	0.629	0.134
10	0.752	0.111	0.598	0.124
5	0.527	0.103	0.653	0.13

これらのデータは、C s C l 精製 F P V 調製物が F P V ワクチン接種したネコの抗体を検出し得るが、C s C l 精製 N I C 調製物(すなわち、類似の手順を用いて未感染細胞から生成された調製物)も同様にこれを検出し得ることを示す。従って、全 F P V は、ワクチン接種したネコ由来の血清と反応する細胞タンパク質の存在に起因する高い割合の疑陽性反応の可能性が原因で、ネコの免疫状態の決定のための受容可能な試薬ではない。

【0088】

(実施例2)

本実施例は、本発明のネコカリチウイルスコートタンパク質(F C V C P)を

コードする本発明の核酸分子の単離および発現を記載する。本発明の組換えネコカリチウイルスコートタンパク質 (rFCVCP) の精製もまた、記載する。

【0089】

A. 配列番号1によって示されるコード鎖を有し、本明細書中nFCVCP₂₀₁₃として示される2016ヌクレオチドの核酸分子(全長FCVCPをコードする)を、標準的な技術(Sambrookら(同書)に記載されるような技術)を用いてPCR増幅およびTAクローニングによって生成した。PCT公開番号WO98/12563(1998年3月26日、Grieveら)に記載されるように、N末端ヒスチジン(His)タグをコードする組換えベクターのヌクレオチドがネコカリチウイルスコートタンパク質をコードするヌクレオチドとインフレーム連結するように、核酸分子nFCVCP₂₀₁₃を組換えベクターλP_Rcro/T²ori/RSET-Bに連結した。得られる組換え分子(本明細書中、pλP_RHis-nFCVCP₂₀₁₃として示す)を、標準的な技術(Sambrookら(同書)に開示されるような技術)を用いてEscherichia coliに形質転換し、組換え細胞E. coli:pλP_RHis-nFCVCP₂₀₁₃を作製した。組換え細胞E. coli:pλP_RHis-nFCVCP₂₀₁₃を、WO98/12563(同書)に記載されるように培養し、Hisタグに連結された672アミノ酸のFCVCPタンパク質(配列番号2)(PFCVCP₆₇₁と示す)を生成した。本明細書中PHis-PFCVCP₆₇₁と称する融合タンパク質を、標準的なタンパク質精製技術によってE. coliから精製した。

【0090】

B. 配列番号1のヌクレオチド373~2016にまたがる1644ヌクレオチドの核酸分子(配列番号3によって示されるコード鎖を有し本明細書中nFCVCP₁₆₄₁として示す)(成熟FCVCPをコードする)を、実施例2Aに記載するようなPCR増幅およびTAクローニングによって生成した。核酸分子nFCVCP₁₆₄₁を、組換えベクターλP_Rcro/T²ori/RSET-B/Hislessに連結した。このλP_Rcro/T²ori/RSET-B/Hislessは、組換えベクターλP_Rcro/T²ori/RSET-

B（実施例2Aに記載する）の改変バージョンであり、Hisタグをコードするコドンが取り除かれている。生じる組換え分子（本明細書中、 $p\lambda P_R - nFCVC P_{1641}$ として示す）を、実施例2Aに記載するように、*Escherichia coli*に形質転換し、組換え細胞*E. coli*: $p\lambda P_R - nFCVC P_{1641}$ を作製した。組換え細胞*E. coli*: $p\lambda P_R - nFCVC P_{1641}$ を、実施例2AのWO98/12563（同書）に記載されるように培養し、548アミノ酸のFCVCPタンパク質（ $PFVCVC P_{547}$ と示す）を生成し、このアミノ酸配列を配列番号4として本明細書中に表す。 $PFVCVC P_{547}$ を、標準的なタンパク質精製技術によって*E. coli*から精製した。

【0091】

（実施例3）

本実施例は、本発明のネコパルボウイルスキャプシドタンパク質（FPVVP）をコードする本発明の核酸分子の単離および発現を記載する。本発明の組換えネコパルボウイルスキャプシドタンパク質（rFPVVP）の精製もまた、記載する。

【0092】

A．配列番号5によって示されるコード鎖を有し本明細書中 $nFPVVP 2_{1752}$ として示される1755ヌクレオチドの核酸分子（全長ネコパルボウイルスVP2キャプシドタンパク質をコードする）を、実施例2Aに記載するようにPCR増幅およびTAクローニングによって生成した。実施例2Aに記載するように、核酸分子 $nFPVVP 2_{1752}$ を組換えベクター $\lambda P_R cro / T^2 o r i / RSET - B$ に連結して、組換え分子 $p\lambda P_R His - nFPVVP 2_{1752}$ を生成した。次いでこれを、実施例2Aに記載するように、*Escherichia coli*に形質転換し、組換え細胞*E. coli*: $p\lambda P_R His - nFPVVP 2_{1752}$ を作製した。組換え細胞*E. coli*: $p\lambda P_R His - nFPVVP 2_{1752}$ を、実施例2Aに記載するように培養し、Hisタグに融合した585アミノ酸のFPVVP2タンパク質（配列番号6）（ $PFVPVP 2_{584}$ と示す）を生成した。本明細書中 $PHis - PFVPVP 2_{584}$ と称する融合タンパク質を、標準的なタンパク質精製技術によって*E. coli*

i から精製した。

【0093】

B. 配列番号5のヌクレオチド703～1431にまたがる729ヌクレオチドの核酸分子(配列番号7によって示されるコード鎖を有し本明細書中nFPVV P2C₇₂₉として示す)(短縮VP2キャプシドタンパク質をコードする)を、実施例2Aに記載するようなPCR増幅およびTAクローニングによって生成した。核酸分子nFPVV P2C₇₂₉を、実施例2Aに記載するような組換えベクターλP_Rcro/T²ori/RSET-Bに連結し、組換え分子pλP_RHis-nFPVV P2C₇₂₉を作製した。次いでこれを、実施例2Aに記載するように、Escherichia coliに形質転換し、組換え細胞E. coli:pλP_RHis-nFPVV P2C₇₂₉を作製した。組換え細胞E. coli:pλP_RHis-nFPVV P2C₇₂₉を、実施例2Aに記載するように培養し、Hisタグに融合した配列番号8の243アミノ酸のFPVV P2タンパク質(PFPVV P2C₂₄₃と示す)を生成した。この融合タンパク質(本明細書中PHis-PFPVV P2C₂₄₃と呼ぶ)を、標準的なタンパク質精製技術によってE. coliから精製した。

【0094】

核酸分子nFPVV P2C₇₂₉をまた、実施例2Bに記載するような組換えベクターλP_Rcro/T²ori/RSET-B/Hislessに連結し、組換え分子pλP_R-nFPVV P2C₇₂₉を作製した。次いでこれを、実施例2Aに記載するように、Escherichia coliに形質転換し、組換え細胞E. coli:pλP_R-nFPVV P2C₇₂₉を作製した。組換え細胞E. coli:pλP_R-nFPVV P2C₇₂₉を、実施例2Aに記載するように培養し、243アミノ酸のFPVV P2タンパク質(PFPVV P2C₂₄₃と本明細書中に示す)(配列番号8として本明細書中に示されるアミノ酸配列)を生成した。PFPVV P2C₂₄₃を、標準的なタンパク質精製技術によってE. coliから精製した。

【0095】

C. 1860ヌクレオチドの核酸分子(配列番号9によって示されるコード鎖

を有し本明細書中nFPVPVP12₁₈₆₀として示す)(短縮VP1-VP2キャプシドタンパク質をコードする)を、実施例2Aに記載するようなPCR増幅およびTAクローニングによって生成した。核酸分子nFPVPVP12₁₈₆₀を、実施例2Aに記載するような組換えベクターλP_Rcro/T²ori/RSET-Bに連結し、組換え分子pλP_RHis-nFPVPVP12₁₈₆₀を作製した。次いでこれを、実施例2Aに記載するように、Escherichia coliに形質転換し、組換え細胞E. coli:pλP_RHis-nFPVPVP12₁₈₆₀を作製した。組換え細胞E. coli:pλP_RHis-nFPVPVP12₁₈₆₀を、実施例2Aに記載するように培養し、Hisタグに融合した配列番号10の620アミノ酸のFPVPVP12タンパク質(PFPVPVP12₆₂₀と示す)を生成した。この融合タンパク質(本明細書中PHis-PFPVPVP12₆₂₀と呼ぶ)を、標準的なタンパク質精製技術によってE. coliから精製した。

【0096】

D. 配列番号5のヌクレオチド1~1431にまたがる1431ヌクレオチドの核酸分子(配列番号11によって示されるコード鎖を有し本明細書中nFPVPVP2₁₄₃₁として示す)(短縮VP2キャプシドタンパク質をコードする)を、実施例2Aに記載するようなPCR増幅およびTAクローニングによって生成した。核酸分子nFPVPVP2₁₄₃₁を、実施例2Bに記載するような組換えベクターλP_Rcro/T²ori/RSET-B/Hislessに連結し、組換え分子pλP_R-nFPVPVP2₁₄₃₁を作製した。次いでこれを、実施例2Aに記載するように、Escherichia coliに形質転換し、組換え細胞E. coli:pλP_R-nFPVPVP2₁₄₃₁を作製した。組換え細胞E. coli:pλP_R-nFPVPVP2₁₄₃₁を、実施例2Aに記載するように培養し、477アミノ酸の短縮FPVPVP2タンパク質(PFPVPVP2₄₇₇と示す)(配列番号12として示されるアミノ酸配列)を生成した。PFPVPVP2₄₇₇を、標準的なタンパク質精製技術によってE. coliから精製した。

【0097】

核酸分子 $nFPVPVP2_{1431}$ をまた、実施例2Aに記載するような組換えベクター $\lambda P_Rcro/T^2ori/RSET-B$ に連結し、組換え分子 $p\lambda P_RHis-nFPVPVP2_{1431}$ を作製した。次いでこれを、実施例2Aに記載するように、*Escherichia coli*に形質転換し、組換え細胞 $E.coli:p\lambda P_RHis-nFPVPVP2_{1431}$ を作製した。組換え細胞 $E.coli:p\lambda P_RHis-nFPVPVP2_{1431}$ を、実施例2Aに記載するように培養し、Hisタグに融合した配列番号12の477アミノ酸の短縮 $FPVPVP2$ タンパク質($FPVPVP2_{477}$ と示す)を生成した。この融合タンパク質($PHis-FPVPVP2_{477}$ と示す)を、標準的なタンパク質精製技術によって $E.coli$ から精製した。

【0098】

(実施例4)

本実施例は、本発明のネコヘルペスウイルス糖タンパク質をコードする本発明の核酸分子の単離および発現を記載する。本発明の組換えネコヘルペスウイルス糖タンパク質($rFHVgB$ 、 $rFHVgC$ 、および $rFHVgD$ タンパク質)の精製もまた、記載する。

【0099】

A. 配列番号13によって示されるコード鎖を有し本明細書中 $nFHVgB_{2829}$ として示される2832ヌクレオチドの核酸分子(全長ネコヘルペスウイルス糖タンパク質Bタンパク質をコードする)を、実施例2Aに記載するようなPCR増幅およびTAクローニングによって生成した。核酸分子 $nFHVgB_{2829}$ を、実施例2Aに記載するように組換えベクター $\lambda P_Rcro/T^2ori/RSET-B$ に連結し、組換え分子 $p\lambda P_RHis-nFHVgB_{2829}$ を作製した。次いでこれを、実施例2Aに記載するように、*Escherichia coli*に形質転換し、組換え細胞 $E.coli:p\lambda P_RHis-nFHVgB_{2829}$ を作製した。組換え細胞 $E.coli:p\lambda P_RHis-nFHVgB_{2829}$ を、実施例2Aに記載するように培養し、Hisタグに連結された配列番号14の944アミノ酸の $FHVgB$ タンパク質($PFHVgB_{943}$ と示す)を生成した。本明細書中 $PHis-PFHVgB_{943}$ と称する融合

タンパク質を、標準的なタンパク質精製技術によって *E. coli* から精製した。

【0100】

B. 配列番号13のヌクレオチド1～750にまたがる750ヌクレオチドの核酸分子（配列番号15によって示されるコード鎖を有し本明細書中nFHVgB₇₅₀として示す）（短縮ネコヘルペスウイルス糖タンパク質Bタンパク質をコードする）を、実施例2Aに記載するようなPCR増幅およびTAクローニングによって生成した。核酸分子nFHVgB₇₅₀を、実施例2Aに記載するように、組換えベクターλP_Rcro/T²ori/RSET-Bに連結し、組換え分子pλP_RHis-nFHVgB₇₅₀を作製した。次いでこれを、実施例2Aに記載するように、*Escherichia coli* に形質転換し、組換え細胞*E. coli*:pλP_RHis-nFHVgB₇₅₀を作製した。組換え細胞*E. coli*:pλP_RHis-nFHVgB₇₅₀を、実施例2Aに記載するように培養し、Hisタグに融合した配列番号16の250アミノ酸のFHVgBタンパク質（PFHVgB₂₅₀と示す）を生成した。この融合タンパク質（本明細書中PHis-PFHVgB₂₅₀と呼ぶ）を、標準的なタンパク質精製技術によって *E. coli* から精製した。

【0101】

C. 1605ヌクレオチドの核酸分子（配列番号17によって示されるコード鎖を有し本明細書中nFHVgC₁₆₀₂として示す）（全長ネコヘルペスウイルス糖タンパク質Cタンパク質をコードする）を、実施例2Aに記載するようなPCR増幅およびTAクローニングによって生成した。核酸分子nFHVgC₁₆₀₂を、実施例2Aに記載するように、組換えベクターλP_Rcro/T²ori/RSET-Bに連結し、組換え分子pλP_RHis-nFHVgC₁₆₀₂を作製した。次いでこれを、実施例2Aに記載するように、*Escherichia coli* に形質転換し、組換え細胞*E. coli*:pλP_RHis-nFHVgC₁₆₀₂を作製した。組換え細胞*E. coli*:pλP_RHis-nFHVgC₁₆₀₂を、実施例2Aに記載するように培養し、Hisタグに融合した配列番号18の535アミノ酸のFHVgCタンパク質（PFHVgC₅₃

と示す)を生成した。この融合タンパク質(本明細書中PHis-PFHVg C₅₃₄と呼ぶ)を、標準的なタンパク質精製技術によってE.coliから精製した。

【0102】

D. 配列番号17のヌクレオチド97~1497にまたがる1401ヌクレオチドの核酸分子(配列番号19によって示されるコード鎖を有し本明細書中nFHVg C₁₄₀₁として示す)(短縮ネコヘルペスウイルス糖タンパク質Cタンパク質をコードする)を、実施例2Aに記載するようなPCR増幅およびTAクローニングによって生成した。核酸分子nFHVg C₁₄₀₁を、実施例2Aに記載するように、組換えベクターλP_Rcro/T²ori/RSET-Bに連結し、組換え分子pλP_RHis-nFHVg C₁₄₀₁を作製した。次いでこれを、実施例2Aに記載するように、Escherichia coliに形質転換し、組換え細胞E.coli:pλP_RHis-nFHVg C₁₄₀₁を作製した。組換え細胞E.coli:pλP_RHis-nFHVg C₁₄₀₁を、実施例2Aに記載するように培養し、Hisタグに融合した配列番号20の467アミノ酸のFHVg Cタンパク質(PFHVg C₄₆₇と示す)を生成した。この融合タンパク質(本明細書中PHis-PFHVg C₄₆₇と呼ぶ)を、標準的なタンパク質精製技術によってE.coliから精製した。

【0103】

E. ネコヘルペスウイルスタンパク質PFHVg C₄₆₇をコードするが多数のコドンがE.coliにおける発現のために最適化されている1401ヌクレオチドの核酸配列(nFHVg C_{1401(opt)}と命名した)を以下のように作製した。一連のPCR変異誘発工程を、標準的な技術(Sambrookら(同書)に記載されるような技術)を用いてnFHVg C₁₄₀₁(このコード鎖は、配列番号19によって示される)に対して実行し、以下のコドンを標的化した: 配列番号19のヌクレオチド119~124にまたがる2つのアルギニンコドン; 配列番号19のヌクレオチド133~141にまたがる3つのセリンコドン; 配列番号19のヌクレオチド724~726にまたがるグリシンコドン; ならびに、配列番号19のヌクレオチド727~729にまたがるロイシンコド

ン。生じる核酸分子（主に、 $nFHVG C_{1401(opt)}$ ）は、配列番号21に示されるようなコード鎖配列を有する。核酸分子 $nFHVG C_{1401(opt)}$ を、実施例2Bに記載されるように組換えベクター $\lambda P_R cro / T^2 ori / RSET - B / Hisless$ に連結し、組換え分子 $p\lambda P_R - nFHVG C_{1401(opt)}$ を作製し、次いでこれを、実施例2Aに記載するように、*Escherichia coli*に形質転換し、組換え細胞*E. coli* : $p\lambda P_R - nFHVG C_{1401(opt)}$ を作製した。組換え細胞*E. coli* : $p\lambda P_R - nFHVG C_{1401(opt)}$ を、実施例2Aに記載するように培養し、467アミノ酸の $FHVg C$ タンパク質（ $PFHVg C_{467(opt)}$ と命名した）を生成した。 $PFHVg C_{467(opt)}$ （このアミノ酸配列を、配列番号22として示し、これは、配列番号20と同一である）を、標準的なタンパク質精製技術によって*E. coli*から精製した。

【0104】

F. 1125ヌクレオチドの核酸分子（配列番号23によって示されるコード鎖を有し本明細書中 $nFHVG D_{1122}$ と命名した）（全長ネコヘルペスウイルス糖タンパク質Dタンパク質をコードする）を、実施例2Aに記載するようなPCR増幅およびTAクローニングによって生成した。核酸分子 $nFHVG D_{1122}$ を、実施例2Aに記載するように、組換えベクター $\lambda P_R cro / T^2 ori / RSET - B$ に連結し、組換え分子 $p\lambda P_R His - nFHVG D_{1122}$ を作製した。次いでこれを、実施例2Aに記載するように、*Escherichia coli*に形質転換し、組換え細胞*E. coli* : $p\lambda P_R His - nFHVG D_{1122}$ を作製した。組換え細胞*E. coli* : $p\lambda P_R His - nFHVG D_{1122}$ を、実施例2Aに記載するように培養し、Hisタグに融合した配列番号24の375アミノ酸の $FHVg D$ タンパク質（ $PFHVg D_{374}$ と示す）を生成した。この融合タンパク質（本明細書中 $PHis - PFHVg D_{374}$ と呼ぶ）を、標準的なタンパク質精製技術によって*E. coli*から精製した。

【0105】

G. 配列番号23のヌクレオチド85～894にまたがる900ヌクレオチド

の核酸分子（配列番号25によって示されるコード鎖を有し本明細書中nFHVgD₉₀₀と命名した）（短縮ネコヘルペスウイルス糖タンパク質Dタンパク質をコードする）を、実施例2Aに記載するようなPCR増幅およびTAクローニングによって生成した。核酸分子nFHVgD₉₀₀を、実施例2Aに記載するように、組換えベクターλP_Rcro/T²ori/RSET-Bに連結し、組換え分子pλP_RHis-nFHVgD₉₀₀を作製した。次いでこれを、実施例2Aに記載するように、Escherichia coliに形質転換し、組換え細胞E. coli:pλP_RHis-nFHVgD₉₀₀を作製した。組換え細胞E. coli:pλP_RHis-nFHVgD₉₀₀を、実施例2Aに記載するように培養し、Hisタグに融合した配列番号26の300アミノ酸のFHVgDタンパク質（PFHVgD₃₀₀と命名した）を生成した。この融合タンパク質（本明細書中PHis-PFHVgD₃₀₀と呼ぶ）を、標準的なタンパク質精製技術によってE. coliから精製した。

【0106】

（実施例5）

本実施例は、本発明のネコ白血病ウイルス（FeLV）タンパク質をコードする本発明の核酸分子の単離および発現を記載する。また、本発明の組換えネコヘルペスウイルスタンパク質（rFeLVp27タンパク質およびrFeLVgp70タンパク質）の精製を記載する。

【0107】

（A.）789ヌクレオチドの核酸分子であり、成熟FeLVp27タンパク質をコードし、配列番号27によって表されるコード鎖を有する、本明細書中でnFeLVp27₇₅₉と名付けられた核酸分子を、実施例2Aに記載のようにPCR増幅およびTAクローニングによって生成した。核酸分子nFeLVp27₇₅₉を、実施例2Bに記載のように、組換えベクターλP_Rcro/T²ori/RSET-B/Hislessに連結して、組換え分子pλP_R-nFeLVp27₇₅₉を生成した。次いで、実施例2Aに記載のように、この分子を、Escherichia coli中に形質転換して、組換え細胞E. coli:pλP_R-nFeLVp27₇₅₉を生成した。組換え細胞E. coli:

p λ P_R-nFeLVp27₇₅₉を、実施例2Aに記載のように培養し、PF eLVp27₂₅₃と名付けられた263アミノ酸のFeLVp27タンパク質を生成した。そのアミノ酸配列を、配列番号28として表す。標準的なタンパク質精製技術により、PF eLVp27₂₅₃をE.coliから精製した。

【0108】

(B.) 1857ヌクレオチドの核酸分子であり、成熟FeLVエンベロープ糖タンパク質70(gp70)タンパク質をコードし、配列番号29によって表されるコード鎖を有する、本明細書中でnFeLVgp70₁₈₃₀と名付けられた核酸分子を、実施例2Aに記載のようにPCR増幅およびTAクローニングによって生成した。核酸分子nFeLVgp70₁₈₃₀を、実施例2Aに記載のように、組換えベクター λ P_Rcro/T²ori/RSET-Bに連結して、組換え分子p λ P_RHis-nFeLVp27₁₈₅₇を生成した。次いで、実施例2Aに記載のように、この分子を、Escherichia coli中に形質転換して、組換え細胞E.coli:p λ P_RHis-nFeLVp27₁₈₅₇を生成した。組換え細胞E.coli:p λ P_RHis-nFeLVp27₁₈₅₇を、実施例2Aに記載のように培養し、PF eLVgp70₆₁₀と名付けられた619アミノ酸のFeLVgp70タンパク質を生成した。Hisタグと融合したそのアミノ酸配列を、配列番号30として表す。標準的なタンパク質精製技術により、本明細書中でPHis-PFeLVgp70₆₁₀と呼ばれるこの融合タンパク質を、E.coliから精製した。

【0109】

(C.) 1833ヌクレオチドの核酸分子であり、FeLVPr65-gagのカルボキシ末端とgp70との融合タンパク質をコードし、配列番号31によって表されるコード鎖を有する、本明細書中でnFeLVp27-gp70₁₈₃₃と名付けられた核酸分子を、実施例2Aに記載のようにPCR増幅およびTAクローニングによって生成した。核酸分子nFeLVp27-gp70₁₈₃₃を、実施例2Bに記載のように、組換えベクター λ P_Rcro/T²ori/RSET-B/Hislessに連結して、組換え分子p λ P_R-nFeLVp27-gp70₁₈₃₃を生成した。次いで、実施例2Aに記載のように、この

分子を、*Escherichia coli* 中に形質転換して、組換え細胞 *E. coli*: p λ P_R-nFeLVp27-gp70₁₈₃₃ を生成した。組換え細胞 *E. coli*: p λ P_R-nFeLVp27-gp70₁₈₃₃ を、実施例 2A に記載のように培養し、PFeLVp27-gp70₆₁₁ と名付けられた 611 アミノ酸の融合タンパク質を生成した。そのアミノ酸配列を、配列番号 32 として表す。標準的なタンパク質精製技術により、PFeLVp27-gp70₆₁₁ を *E. coli* から精製した。

【0110】

核酸分子 nFeLVp27-gp70₁₈₃₃ をまた、実施例 2B に記載のように、組換えベクター λ P_Rcro/T²ori/RSET-B に連結して、組換え分子 p λ P_RHis-nFeLVp27-gp70₁₈₃₃ を生成した。次いで、実施例 2A に記載のように、この分子を、*Escherichia coli* 中に形質転換して、組換え細胞 *E. coli*: p λ P_RHis-nFeLVp27-gp70₁₈₃₃ を生成した。組換え細胞 *E. coli*: p λ P_RHis-nFeLVp27-gp70₁₈₃₃ を、実施例 2A に記載のように培養し、PFeLVp27-gp70₆₁₁ と名付けられた 611 アミノ酸の融合タンパク質を生成した。His タグに融合したそのアミノ酸配列を、配列番号 32 として表す。標準的なタンパク質精製技術により、PHis-PFeLVp27-gp70₆₁₁ と名付けられたこの融合タンパク質を *E. coli* から精製した。

【0111】

(実施例 6)

本実施例は、本発明のイヌジステンパーウイルス (CDV) タンパク質をコードする本発明の核酸分子の単離および発現を記載する。また、本発明の組換え CDV 血球凝集素 (rCDVH) タンパク質および融合 (rCDVH) タンパク質の精製を記載する。

【0112】

(A.) 1812 ヌクレオチドの核酸分子であり、CDV 血球凝集素タンパク質をコードし、配列番号 33 によって表されるコード鎖を有する、本明細書中で

nCDVH₁₈₁₂と名付けられた核酸分子を、実施例2Aに記載のようにPCR増幅およびTAクローニングによって生成した。核酸分子nCDVH₁₈₁₂を、実施例2Aに記載のように、組換えベクターλP_Rcro/T²ori/RSET-Bに連結して、組換え分子pλP_RHis-nCDVH₁₈₁₂を生成した。次いで、実施例2Aに記載のように、この分子を、Escherichia coli中に形質転換して、組換え細胞E. coli:pλP_RHis-nCDVH₁₈₁₂を生成した。組換え細胞E. coli:pλP_RHis-nCDVH₁₈₁₂を、実施例2Aに記載のように培養し、PCDVH₆₀₄と名付けられた604アミノ酸のタンパク質を生成した。Hisタグと融合したそのアミノ酸配列を、配列番号34として表す。標準的なタンパク質精製技術により、PHis-PCDVH₆₀₄と名付けられたこの融合タンパク質をE. coliから精製した。

(B.) 1986ヌクレオチドの核酸分子であり、CDV融合タンパク質をコードし、配列番号35によって表されるコード鎖を有する、本明細書中でnCDVH₁₉₈₆と名付けられた核酸分子を、実施例2Aに記載のようにPCR増幅およびTAクローニングによって生成した。核酸分子nCDVH₁₉₈₆を、実施例2Aに記載のように、組換えベクターλP_Rcro/T²ori/RSET-Bに連結して、組換え分子pλP_RHis-nCDVH₁₉₈₆を生成した。次いで、実施例2Aに記載のように、この分子を、Escherichia coli中に形質転換して、組換え細胞E. coli:pλP_RHis-nCDVH₁₉₈₆を生成した。組換え細胞E. coli:pλP_RHis-nCDVH₁₉₈₆を、実施例2Aに記載のように培養し、PCDVH₆₆₂と名付けられた662アミノ酸のタンパク質を生成した。Hisタグと融合したそのアミノ酸配列を、配列番号36として表す。標準的なタンパク質精製技術により、PHis-PCDVH₆₆₂と名付けられたこの融合タンパク質をE. coliから精製した。

【0113】

(実施例7)

本実施例は、本発明の免疫状態アッセイを実証する。特に、この実施例は、汎

白血球減少症ウイルス (F P V) ワクチン、ヘルペスウイルス 1 (F H V - 1) ワクチンおよびカリチウイルス (F C V) ワクチンで予めワクチン接種したネコにおける体液性免疫応答と、チャレンジ感染からのこのようなネコの防御との間の関連を実証する。

【 0 1 1 4 】

40匹のネコを、以下の様式で処置した：14匹のネコに、チャレンジの6ヶ月前に F C V ワクチン、 F H V - 1 ワクチンおよび F P V ワクチンを用いて1回ワクチン接種した；12匹のネコに、1回または2回のいずれかで、 F C V ワクチン、 F H V - 1 ワクチンおよび F P V ワクチンでワクチン接種し、最後のワクチンは、チャレンジの30～36ヶ月前に与えた；そして14匹のネコには、ワクチン接種しなかった。チャレンジを、ワクチン承認について使用される U C D A チャレンジプロトコールに従って達成した。免疫状態 E L I S A を使用して、以下の本発明の抗原をそれぞれ使用して、チャレンジの前にこれらのネコの各々の血清中の抗 F C V 抗体、抗 F H V - 1 抗体および抗 F P V 抗体の量を、それぞれ決定した：組換え F C V コートタンパク質 (r F C V C P) タンパク質 P F C V C P₅₄₇ (そのアミノ酸配列は配列番号4として表され、そしてその産生が、実施例2Bに記載される) ；組換え F H V 糖タンパク質 C (r F H V g C) タンパク質 P H i s - P F H V g C₄₆₇ (F H V g C₄₆₇ の融合タンパク質) (そのアミノ酸配列は配列番号22によって示され、そしてその産生は、実施例4Dに記載される) ；ならびに組換え F P V VP2 キャプシドタンパク質 (r F P V V P 2) タンパク質 P F P V p V P 2₄₇₇ (そのアミノ酸配列は配列番号12によって表され、そしてその産生は、実施例3Dに記載される) 。カットオフ値は、30匹のワクチン接種しなかったネコからの結果に基づいた。 E L I S A を、実施例1Cに記載されるものと類似の様式で、以下の改変と共に実行した。これらの特定の組換え抗原を以下の濃度で使用して、プレート (1 ウェル当たり 100 μ L) を被覆した。 r F C V C P タンパク質 P F C V C P₅₄₇ (開始濃度 3 m g / m l) を 20 n g / m l に希釈した (1 : 150 , 000 希釈) ； r F H V g C タンパク質 P F H V g C₄₆₇ (開始濃度 2 . 24 m g / m l) を 50 n g / m l に希釈した (1 : 44 , 800 希釈) ；および r F P V V P 2

タンパク質 P F P V p V P 2₄₇₇ (開始濃度 1 . 1 2 m g / m l) を 1 2 0 n g / m l に希釈した (1 : 9 3 3 3) 。 r F C V C P 抗原および r F H V g C 抗原を含むウェルについて、試験されるネコ血清を、希釈液 A 中に 1 : 8 0 0 希釈した ; r F P V V P 2 抗原を含むウェルについて、試験されるネコ血清を、希釈液 A で 1 : 1 0 0 希釈した。

【 0 1 1 5 】

抗体レベルを、臨床スコア (F C V 、 F H V - 1) または好中球減少症の発症 (F P V) と比較した。この臨床スコアが、ワクチン接種していないネコ群の臨床スコアの平均の 5 0 % 以下である場合、ネコが、F C V または F H V - 1 に対して防御されたとみなす。抗 F C V 抗体レベル、抗 F H V 抗体レベルおよび抗 F P V 抗体レベルの間の相関、ならびに F C V についてのそれぞれの臨床スコア、F H V - 1 についてのそれぞれの臨床スコア、そしてそれぞれの好中球減少症の発症 (F P V) を、それぞれ表 4 、 5 および 6 に示す。

【 0 1 1 6 】

(表 4 : 組換え抗原 P F C V C P₅₄₇ を使用した E L I S A によって測定された F C V チャレンジ後の臨床スコアと抗 F C V 抗体レベルとの間の相関)

【 0 1 1 7 】

【表 4】

サンプル	群	OD 平均	OD 標準 偏差	ELISA	臨床スコア
79	ワクチンI	4.200	0.000	+	0
80	ワクチンI	4.200	0.000	+	1
93	ワクチンI	4.200	0.000	+	5
100	ワクチンI	4.200	0.000	+	3
116	ワクチンI	4.200	0.000	+	0
118	ワクチンI	4.200	0.000	+	4
119	ワクチンI	4.200	0.000	+	1
122	ワクチンI	4.200	0.000	+	0
123	ワクチンI	4.200	0.000	+	1
130	ワクチンI	4.200	0.000	+	8
148	ワクチンI	4.200	0.000	+	0
155	ワクチンI	4.200	0.000	+	2
156	ワクチンI	4.200	0.000	+	0
7029	ワクチンI	4.200	0.000	+	0
QVY3	ワクチンII	4.200	0.000	+	2
AMI4	ワクチンII	4.200	0.000	+	0
AMX1	ワクチンII	4.200	0.000	+	0
G444	ワクチンII	4.200	0.000	+	0
BWN3	ワクチンII	4.200	0.000	+	0
QWM3	ワクチンII	4.200	0.000	+	0
QVF3	ワクチンII	4.200	0.000	+	0
G087	ワクチンII	4.200	0.000	+	0
3592	ワクチンII	4.200	0.000	+	0
1959	ワクチンII	4.200	0.000	+	2
AME5	ワクチンII	4.200	0.000	+	0
3513	ワクチンII	4.200	0.000	+	0
7086	コントロールI			-	7
7090	コントロールI			-	17
7113	コントロールI			-	19
7115	コントロールI			-	23
7122	コントロールI			-	12
7123	コントロールI			-	27
7124	コントロールI			-	24
7131	コントロールI			-	21
7132	コントロールI			-	34
7133	コントロールI			-	25
ALV3	コントロールII			-	44
ALT2	コントロールII			-	35
ALV5	コントロールII			-	38
ALZ1	コントロールII			-	47
AIY2	陰性	0.447	0.213	-	
AIW5	陰性	0.383	0.098	-	
AIY3	陰性	0.514	0.255	-	
AIU5	陰性	0.479	0.206	-	
AIW7	陰性	0.463	0.094	-	

【0118】

【表5】

サニツル	群	OD平均	OD標準偏差	ELISA	臨床スコア
AIY2	陰性	0.345	0.090	-	
AIU4	陰性	0.440	0.118	-	
AIW6	陰性	0.389	0.071	-	
AIW1	陰性	0.427	0.111	-	
AIW1	陰性	0.307	0.098	-	
AIW3	陰性	0.299	0.104	-	
AIU3	陰性	0.389	0.041	-	
AIW4	陰性	0.368	0.197	-	
AIW2	陰性	0.429	0.181	-	
AIY1	陰性	2.370	1.125	+	
	陰性平均	0.406			
	陰性標準偏差	0.064			
	平均+2標準偏差	0.533			

(表5: 組換え抗原PFHVgC₄₆₇を使用したELISAによって測定されたFHV-1チャレンジ後の臨床スコアと抗FHV抗体レベルとの間の相関)

【0119】

【表6】

サニツォル	群	OD 平均	OD 標準 偏差	ELISA	臨床スコア
79	ワクチン I	0.612	0.238	+/	1
80	ワクチン I	0.823	0.219	+	12
93	ワクチン I	0.412	0.152	-	38
100	ワクチン I	1.203	0.087	+	2
116	ワクチン I	0.776	0.165	+	5
118	ワクチン I	3.064	0.405	+	1
119	ワクチン I	0.697	0.047	+	5
122	ワクチン I	0.702	0.148	+	7
123	ワクチン I	0.929	0.134	+	4
130	ワクチン I	1.291	0.352	+	14
148	ワクチン I	0.769	0.297	+	6
155	ワクチン I	3.659	0.473	+	3
156	ワクチン I	3.563	0.212	+	1
7029	ワクチン I	0.460	0.080	-	42
3512	ワクチン II	0.285	0.109	-	10
3514	ワクチン II	1.764	0.596	+	8
3515	ワクチン II	0.663	0.239	+	8
3519	ワクチン II	1.349	0.389	+	14
3522	ワクチン II	0.575	0.178	-	11
3528	ワクチン II	0.660	0.257	+	11
3530	ワクチン II	0.922	0.205	+	13
3531	ワクチン II	0.404	0.101	-	11
3532	ワクチン II	0.708	0.294	+	8
3535	ワクチン II	1.574	0.584	+	16
3537	ワクチン II	2.761	0.338	+	9
3542	ワクチン II	0.407	0.173	-	17
7086	コンドル I	0.271	0.036	-	24
7090	コンドル I	0.207	0.015	-	19
7113	コンドル I	0.296	0.070	-	19
7115	コンドル I	0.327	0.209	-	15

【0120】

【表7】

サニツル	群	OD平均	OD標準偏差	ELISA	臨床スコア
7122	コントロールI	0.259	0.055	-	22
7123	コントロールI	0.258	0.039	-	16
7124	コントロールI	0.215	0.016	-	18
7131	コントロールI	0.807	0.118	+	16
7132	コントロールI	0.290	0.102	-	27
7133	コントロールI	0.259	0.042	-	14
2110	コントロールII	0.377	0.287	-	26
2112	コントロールII	0.396	0.125	-	33
2116	コントロールII	0.185	0.076	-	37
2119	コントロールII	0.295	0.116	-	42
AIY2	陰性	0.208	0.036	-	
AIW5	陰性	0.271	0.128	-	
AIY3	陰性	0.402	0.031	-	
AIU5	陰性	0.192	0.008	-	
AIY1	陰性	0.222	0.024	-	
AIW7	陰性	0.310	0.021	-	
AIY2	陰性	0.240	0.038	-	
AIU4	陰性	0.402	0.158	-	
AIW6	陰性	0.199	0.049	-	
AIW1	陰性	0.374	0.056	-	
AIW1	陰性	0.233	0.045	-	
AIW3	陰性	0.283	0.045	-	
AIU3	陰性	0.175	0.046	-	
AIW4	陰性	0.164	0.057	-	
AIW2	陰性	0.323	0.070	-	
	陰性平均	0.266			
	陰性標準偏差	0.040			
	平均+2標準偏差	0.346			

(表6:組換え抗原FPVP₂₄₇₇を使用したELISAによって測定されたFPVチャレンジ後の好中球減少症の発症と抗FPV抗体レベルとの間の相関)

【0121】

【表8】

サンプル	群	OD 平均	OD 標準偏差	ELISA	白血球減少症?
79	ワクタン I	3.952	0.294	+	いいえ
80	ワクタン I	0.748	0.099	+	いいえ
100	ワクタン I	1.625	0.324	+	いいえ
116	ワクタン I	2.915	0.373	+	いいえ
118	ワクタン I	3.432	0.374	+	いいえ
119	ワクタン I	2.820	0.428	+	いいえ
122	ワクタン I	2.174	0.278	+	いいえ
123	ワクタン I	2.780	0.410	+	いいえ
130	ワクタン I	0.678	0.194	+	いいえ
148	ワクタン I	0.300	0.073	-	いいえ
155	ワクタン I	1.550	0.247	+	いいえ
156	ワクタン I	0.808	0.206	+	いいえ
7029	ワクタン I	1.041	0.136	+	いいえ
3512	ワクタン II	0.505	0.122	-	いいえ

【 0 1 2 2 】

【表9】

サンプル	群	OD 平均	OD 標準偏差	ELISA	白血球減少症?
3514	ワクチン II	0.450	0.074	-	いいえ
3515	ワクチン II	0.547	0.115	-	いいえ
3519	ワクチン II	1.675	0.214	+	いいえ
3522	ワクチン II	0.292	0.042	-	いいえ
3528	ワクチン II	0.395	0.091	-	いいえ
3530	ワクチン II	0.369	0.102	-	いいえ
3531	ワクチン II	0.534	0.155	-	いいえ
3532	ワクチン II	0.427	0.145	-	いいえ
3535	ワクチン II	0.345	0.078	-	いいえ
3537	ワクチン II	1.221	0.353	+	いいえ
3542	ワクチン II	0.377	0.061	-	いいえ
7132	コントロール I	1.115	0.297	+	はい
7086	コントロール I	0.301	0.063	-	はい
7090	コントロール I	0.262	0.012	-	はい
7113	コントロール I	0.275	0.065	-	はい
7115	コントロール I	0.596	0.157	-	はい
7122	コントロール I	0.278	0.087	-	はい
7123	コントロール I	0.378	0.213	-	はい
7124	コントロール I	0.615	0.308	+/	はい
7131	コントロール I	0.377	0.083	-	はい
7133	コントロール I	0.310	0.114	-	はい
2110	コントロール II	0.299	0.071	-	はい
2112	コントロール II	0.578	0.199	-	はい
2116	コントロール II	0.324	0.125	-	はい
2119	コントロール II	0.306	0.079	-	はい
AIY2	陰性	0.236	0.042	-	
AIW5	陰性	0.145	0.093	-	
AIY3	陰性	0.240	0.071	-	
AIU5	陰性	0.153	0.055	-	
AIY1	陰性	0.266	0.081	-	
AIW7	陰性	0.195	0.092	-	
AIY2	陰性	0.214	0.138	-	
AIU4	陰性	0.196	0.111	-	
AIW6	陰性	0.162	0.043	-	
AIY1	陰性	0.292	0.074	-	
AIW1	陰性	0.228	0.068	-	
AIW3	陰性	0.121	0.030	-	
AIU3	陰性	0.122	0.037	-	
AIW4	陰性	0.165	0.053	-	
AIW2	陰性	0.209	0.066	-	
	陰性平均	0.196			
	陰性標準偏差	0.030			
	平均+2標準偏差	0.256			

これらのデータは、ウイルスチャレンジからネコが防御されることを予測することにおける本発明の免疫状態の有用性を示す。詳細には、表4の結果は、ワクチン接種を受けた26匹のネコ全てが、FCVチャレンジから防御されたこと、そしてこれらのネコの各々が防御を予測する抗体レベルを有したことを示す。表

5の結果は、ワクチン接種された26匹のネコのうち22匹がFHV-1チャレンジから防御されたこと、そして防御された22匹のネコのうち18匹が防御を予測する抗体レベルを有したことを示す。防御されなかったこの群の4匹のネコのうち、2匹のネコが、防御の欠如を予測する抗体レベルを有し、そして2匹のネコが、防御を予測する抗体レベルを有した。表6の結果は、好中球減少症が、ワクチン接種されていない14匹のネコの全てにおいて検出されたが、ワクチン接種されたネコにおいては検出されず、ワクチン接種されなかったネコにおいて汎白血球減少症を確認した。ワクチン接種されたネコのうち、研究のために利用可能な25匹のうち14匹のネコが、防御を予測するFPV抗体レベルを有した。

【0123】

結論として、本発明の免疫状態アッセイは、有毒なFCV、FHV-1またはFPVに曝露された、健康なワクチン接種されたネコにおいて、チャレンジからの防御との高い陽性相関を示す。

【0124】

本発明の種々の実施形態が詳細に記載されたが、これらの実施形態の改変および適応が生じることは、当業者に明らかである。しかし、このような改変および適応は、上記の特許請求の範囲に示されるような、本発明の範囲内にあることが、明白に理解されるべきである。

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> HESKA CORPORATION
 JENSEN, Wayne A.
 LAPPIN, Michael R.
 ROSEN, David K.
 ANDREWS, Janet S.

<120> USE OF RECOMBINANT ANTIGENS TO DETERMINE THE IMMUNE
 STATUS OF AN ANIMAL

<130> DI-9-PCT

<140> not yet assigned

<141> 2001-03-09

<150> 09/521,738

<151> 2000-03-09

<160> 36

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1

<211> 2013

<212> DNA

<213> Feline calicivirus

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(2013)

<400> 1

atg tgc tca acc tgc gct aac gtg ctt aaa tat tat gat tgg gac ccc	48
Met Cys Ser Thr Cys Ala Asn Val Leu Lys Tyr Tyr Asp Trp Asp Pro	
1 5 10 15	
cat ttc aaa ttg gta atc aac ccc aac aac ttc ctc tct gtt ggc ttt	96
His Phe Lys Leu Val Ile Asn Pro Asn Asn Phe Leu Ser Val Gly Phe	
20 25 30	
tgt agt aac cct tta atg tgt tgc tac cca gaa ctc ctt ccg gaa ttt	144
Cys Ser Asn Pro Leu Met Cys Cys Tyr Pro Glu Leu Leu Pro Glu Phe	
35 40 45	
gga act gtt tgg gat tgc gat cgg tca cca ctt gaa att tac cta gaa	192
Gly Thr Val Trp Asp Cys Asp Arg Ser Pro Leu Glu Ile Tyr Leu Glu	
50 55 60	
tca ata ctt ggt gat gat gaa tgg gca tcc act ttt gac gct gtt gac	240
Ser Ile Leu Gly Asp Asp Glu Trp Ala Ser Thr Phe Asp Ala Val Asp	
65 70 75 80	
cca gtc gtt ccc cca atg cac tgg ggt gct gct gga aaa att ttc cag	288
Pro Val Val Pro Pro Met His Trp Gly Ala Ala Gly Lys Ile Phe Gln	
85 90 95	
cca cac ccc ggt gtt ctc atg cac cat ctc att ggt aag gtt gct gca	336
Pro His Pro Gly Val Leu Met His His Leu Ile Gly Lys Val Ala Ala	
100 105 110	

ggt tgg gac ccc gat ctg cct cta att cga ctc gag gcg gat gac ggg	384
Gly Trp Asp Pro Asp Leu Pro Leu Ile Arg Leu Glu Ala Asp Asp Gly	
115 120 125	
tca atc aca gca ccc gag caa gga aca atg gtt ggc ggc gtc atc gct	432
Ser Ile Thr Ala Pro Glu Gln Gly Thr Met Val Gly Gly Val Ile Ala	
130 135 140	
gaa ccc agc gcc cag atg tca aca gct gct gat atg gcc acc ggg aaa	480
Glu Pro Ser Ala Gln Met Ser Thr Ala Ala Asp Met Ala Thr Gly Lys	
145 150 155 160	
agc gtt gat tct gag tgg gag gca ttc ttc tcc ttt cac acc agc gtc	528
Ser Val Asp Ser Glu Trp Glu Ala Phe Phe Ser Phe His Thr Ser Val	
165 170 175	
aat tgg agt aca tct gaa acc caa gga aag att ctc ttc aaa caa tcc	576
Asn Trp Ser Thr Ser Glu Thr Gln Gly Lys Ile Leu Phe Lys Gln Ser	
180 185 190	
tta ggc cct ttg ctc aac cca tat cta gaa cac ctt gct aag cta tat	624
Leu Gly Pro Leu Leu Asn Pro Tyr Leu Glu His Leu Ala Lys Leu Tyr	
195 200 205	
gtt gcg tgg tct ggg tcg att gag gtt agg ttc tct atc tct ggc tct	672
Val Ala Trp Ser Gly Ser Ile Glu Val Arg Phe Ser Ile Ser Gly Ser	
210 215 220	
ggt gtc ttt ggt ggg aag ctc gca gct att gtt gta cct cct ggg gtt	720
Gly Val Phe Gly Gly Lys Leu Ala Ala Ile Val Val Pro Pro Gly Val	
225 230 235 240	
gat cca gtg cag agt act tcg atg cta caa tac ccc cat gtt ttg ttt	768
Asp Pro Val Gln Ser Thr Ser Met Leu Gln Tyr Pro His Val Leu Phe	
245 250 255	
gat gct cgt cag gtg gaa cca gtt atc ttc tgt ctt cct gat cta aga	816
Asp Ala Arg Gln Val Glu Pro Val Ile Phe Cys Leu Pro Asp Leu Arg	
260 265 270	
agc acc ctg tac cac ctt atg tct gac act gac act aca tcc ttg gtc	864
Ser Thr Leu Tyr His Leu Met Ser Asp Thr Asp Thr Thr Ser Leu Val	
275 280 285	
att atg gtg tac aat gat ctc atc aat ccc tat gcc aat gat gcc aac	912
Ile Met Val Tyr Asn Asp Leu Ile Asn Pro Tyr Ala Asn Asp Ala Asn	
290 295 300	
tct tct ggg tgt att gtc act gtc gag aca aaa cct ggc cct gac ttc	960
Ser Ser Gly Cys Ile Val Thr Val Glu Thr Lys Pro Gly Pro Asp Phe	
305 310 315 320	
aag ttt cac ctc ctt aag cca ccc gga tct atg cta acc cat ggc tct	1008
Lys Phe His Leu Leu Lys Pro Pro Gly Ser Met Leu Thr His Gly Ser	
325 330 335	
atc cct tct gat tta att ccc aaa aca tct tcg ctc tgg atc ggt aac	1056
Ile Pro Ser Asp Leu Ile Pro Lys Thr Ser Ser Leu Trp Ile Gly Asn	
340 345 350	
cgc tac tgg tca gac ata act gat ttt gtg att cgg ccg ttt gtc ttc	1104

Arg Tyr Trp Ser Asp Ile Thr Asp Phe Val Ile Arg Pro Phe Val Phe	
355 360 365	
caa gca aat cgt cat ttt gac ttt aat caa gag acc gca ggg tgg agc	1152
Gln Ala Asn Arg His Phe Asp Phe Asn Gln Glu Thr Ala Gly Trp Ser	
370 375 380	
aca cca cgg ttt cgg cct ata tct gtt acc att act gaa cag aac gga	1200
Thr Pro Arg Phe Arg Pro Ile Ser Val Thr Ile Thr Glu Gln Asn Gly	
385 390 395 400	
gca aaa ttg ggc att ggg gtg gca aca gat tac ata gtg cct gga atc	1248
Ala Lys Leu Gly Ile Gly Val Ala Thr Asp Tyr Ile Val Pro Gly Ile	
405 410 415	
cct gat ggc tgg cct gac acc aca att cct ggg gag ttg ata cca gct	1296
Pro Asp Gly Trp Pro Asp Thr Thr Ile Pro Gly Glu Leu Ile Pro Ala	
420 425 430	
ggc gat tac gca atc acc aat ggt act ggc aat gac atc acc acg gct	1344
Gly Asp Tyr Ala Ile Thr Asn Gly Thr Gly Asn Asp Ile Thr Thr Ala	
435 440 445	
aca gga tat gac act gct gat ata att aag aac aat acc aac ttt agg	1392
Thr Gly Tyr Asp Thr Ala Asp Ile Ile Lys Asn Asn Thr Asn Phe Arg	
450 455 460	
ggc atg tac ata tgt ggt tcg ctc cag cgt gcc tgg ggt gat aag aaa	1440
Gly Met Tyr Ile Cys Gly Ser Leu Gln Arg Ala Trp Gly Asp Lys Lys	
465 470 475 480	
att tcc aac act gcc ttt atc acc act gcc acc cta gat ggt gac aac	1488
Ile Ser Asn Thr Ala Phe Ile Thr Thr Ala Thr Leu Asp Gly Asp Asn	
485 490 495	
aac aac aag atc aat ccc tgt aat acc ata gac cag tca aag atc gtc	1536
Asn Asn Lys Ile Asn Pro Cys Asn Thr Ile Asp Gln Ser Lys Ile Val	
500 505 510	
gtg ttt caa gac aac cat gtt gga aag aaa gcg caa acc tca gac gat	1584
Val Phe Gln Asp Asn His Val Gly Lys Lys Ala Gln Thr Ser Asp Asp	
515 520 525	
aca ttg gcc ctg ctt ggt tac act ggc att ggt gag cag gcc atc ggg	1632
Thr Leu Ala Leu Leu Gly Tyr Thr Gly Ile Gly Glu Gln Ala Ile Gly	
530 535 540	
tct gat agg gac cgg gtt gtg cgc atc agc act ctc cct gaa act ggt	1680
Ser Asp Arg Asp Arg Val Val Arg Ile Ser Thr Leu Pro Glu Thr Gly	
545 550 555 560	
gct cga ggc ggt aac cac cca att ttc tac aag aac tcc att aaa ttg	1728
Ala Arg Gly Gly Asn His Pro Ile Phe Tyr Lys Asn Ser Ile Lys Leu	
565 570 575	
gga tat gta att agg tct att gat gtc ttt aat tca caa atc ttg cac	1776
Gly Tyr Val Ile Arg Ser Ile Asp Val Phe Asn Ser Gln Ile Leu His	
580 585 590	
act tcc aga cag tta tcg cta aat cat tac cta ctc cca cct gat tct	1824
Thr Ser Arg Gln Leu Ser Leu Asn His Tyr Leu Leu Pro Pro Asp Ser	

595	600	605	
ttt gcc gtc tat aga ata att gac tca aat ggc tcg tgg ttt gat att			1872
Phe Ala Val Tyr Arg Ile Ile Asp Ser Asn Gly Ser Trp Phe Asp Ile			
610	615	620	
gga att gat agt gat ggg ttc tct ttt gtt ggt gtt tct ggc ttt ggt			1920
Gly Ile Asp Ser Asp Gly Phe Ser Phe Val Gly Val Ser Gly Phe Gly			
625	630	635	640
aaa tta gaa ttt ccc ctt tct gcc tcc tac atg gga ata caa ttg gca			1968
Lys Leu Glu Phe Pro Leu Ser Ala Ser Tyr Met Gly Ile Gln Leu Ala			
645	650	655	
aag atc cgg ctt gcc tct aac att agg agt ccc atg act aag tta			2013
Lys Ile Arg Leu Ala Ser Asn Ile Arg Ser Pro Met Thr Lys Leu			
660	665	670	
<210> 2			
<211> 671			
<212> PRT			
<213> Feline calicivirus			
<400> 2			
Met Cys Ser Thr Cys Ala Asn Val Leu Lys Tyr Tyr Asp Trp Asp Pro			
1	5	10	15
His Phe Lys Leu Val Ile Asn Pro Asn Asn Phe Leu Ser Val Gly Phe			
20	25	30	
Cys Ser Asn Pro Leu Met Cys Cys Tyr Pro Glu Leu Leu Pro Glu Phe			
35	40	45	
Gly Thr Val Trp Asp Cys Asp Arg Ser Pro Leu Glu Ile Tyr Leu Glu			
50	55	60	
Ser Ile Leu Gly Asp Asp Glu Trp Ala Ser Thr Phe Asp Ala Val Asp			
65	70	75	80
Pro Val Val Pro Pro Met His Trp Gly Ala Ala Gly Lys Ile Phe Gln			
85	90	95	
Pro His Pro Gly Val Leu Met His His Leu Ile Gly Lys Val Ala Ala			
100	105	110	
Gly Trp Asp Pro Asp Leu Pro Leu Ile Arg Leu Glu Ala Asp Asp Gly			
115	120	125	
Ser Ile Thr Ala Pro Glu Gln Gly Thr Met Val Gly Gly Val Ile Ala			
130	135	140	
Glu Pro Ser Ala Gln Met Ser Thr Ala Ala Asp Met Ala Thr Gly Lys			
145	150	155	160
Ser Val Asp Ser Glu Trp Glu Ala Phe Phe Ser Phe His Thr Ser Val			
165	170	175	
Asn Trp Ser Thr Ser Glu Thr Gln Gly Lys Ile Leu Phe Lys Gln Ser			
180	185	190	

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

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

<210> 3
 <211> 1641
 <212> DNA
 <213> Feline calicivirus

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1641)

<400> 3	
gcg gat gac ggg tca atc aca gca ccc gag caa gga aca atg gtt ggc 48	
Ala Asp Asp Gly Ser Ile Thr Ala Pro Glu Gln Gly Thr Met Val Gly	
1 5 10 15	
ggc gtc atc gct gaa ccc agc gcc cag atg tca aca gct gct gat atg 96	
Gly Val Ile Ala Glu Pro Ser Ala Gln Met Ser Thr Ala Ala Asp Met	
20 25 30	
gcc acc ggg aaa agc gtt gat tct gag tgg gag gca ttc ttc tcc ttt 144	
Ala Thr Gly Lys Ser Val Asp Ser Glu Trp Glu Ala Phe Phe Ser Phe	
35 40 45	
cac acc agc gtc aat tgg agt aca tct gaa acc caa gga aag att ctc 192	
His Thr Ser Val Asn Trp Ser Thr Ser Glu Thr Gln Gly Lys Ile Leu	
50 55 60	
ttc aaa caa tcc tta ggc cct ttg ctc aac cca tat cta gaa cac ctt 240	
Phe Lys Gln Ser Leu Gly Pro Leu Leu Asn Pro Tyr Leu Glu His Leu	
65 70 75 80	

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

Ile Thr Thr Ala Thr Gly Tyr Asp Thr Ala Asp Ile Ile Lys Asn Asn	
325 330 335	
acc aac ttt agg ggc atg tac ata tgt ggt tgc ctc cag cgt gcc tgg	1056
Thr Asn Phe Arg Gly Met Tyr Ile Cys Gly Ser Leu Gln Arg Ala Trp	
340 345 350	
ggt gat aag aaa att tcc aac act gcc ttt atc acc act gcc acc cta	1104
Gly Asp Lys Lys Ile Ser Asn Thr Ala Phe Ile Thr Thr Ala Thr Leu	
355 360 365	
gat ggt gac aac aac aac aag atc aat ccc tgt aat acc ata gac cag	1152
Asp Gly Asp Asn Asn Asn Lys Ile Asn Pro Cys Asn Thr Ile Asp Gln	
370 375 380	
tca aag atc gtc gtg ttt caa gac aac cat gtt gga aag aaa gcg caa	1200
Ser Lys Ile Val Val Phe Gln Asp Asn His Val Gly Lys Lys Ala Gln	
385 390 395 400	
acc tca gac gat aca ttg gcc ctg ctt ggt tac act ggc att ggt gag	1248
Thr Ser Asp Asp Leu Ala Leu Leu Gly Tyr Thr Gly Ile Gly Glu	
405 410 415	
cag gcc atc ggg tct gat agg gac cgg gtt gtg cgc atc agc act ctc	1296
Gln Ala Ile Gly Ser Asp Arg Asp Arg Val Val Arg Ile Ser Thr Leu	
420 425 430	
cct gaa act ggt gct cga ggc ggt aac cac cca att ttc tac aag aac	1344
Pro Glu Thr Gly Ala Arg Gly Gly Asn His Pro Ile Phe Tyr Lys Asn	
435 440 445	
tcc att aaa ttg gga tat gta att agg tct att gat gtc ttt aat tca	1392
Ser Ile Lys Leu Gly Tyr Val Ile Arg Ser Ile Asp Val Phe Asn Ser	
450 455 460	
caa atc ttg cac act tcc aga cag tta tgc cta aat cat tac cta ctc	1440
Gln Ile Leu His Thr Ser Arg Gln Leu Ser Leu Asn His Tyr Leu Leu	
465 470 475 480	
cca cct gat tct ttt gcc gtc tat aga ata att gac tca aat ggc tgc	1488
Pro Pro Asp Ser Phe Ala Val Tyr Arg Ile Ile Asp Ser Asn Gly Ser	
485 490 495	
tgg ttt gat att gga att gat agt gat ggg ttc tct ttt gtt ggt gtt	1536
Trp Phe Asp Ile Gly Ile Asp Ser Asp Gly Phe Ser Phe Val Gly Val	
500 505 510	
tct ggc ttt ggt aaa tta gaa ttt ccc ctt tct gcc tcc tac atg gga	1584
Ser Gly Phe Gly Lys Leu Glu Phe Pro Leu Ser Ala Ser Tyr Met Gly	
515 520 525	
ata caa ttg gca aag atc cgg ctt gcc tct aac att agg agt ccc atg	1632
Ile Gln Leu Ala Lys Ile Arg Leu Ala Ser Asn Ile Arg Ser Pro Met	
530 535 540	
act aag tta	1641
Thr Lys Leu	
545	

<211> 547

<212> PRT

<213> Feline calicivirus

<400> 4

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

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

<210> 5
 <211> 1752
 <212> DNA
 <213> Feline parvovirus

 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1752)

 <400> 5

atg agt gat gga gca gtt caa cca gac ggt ggt caa cct gct gtc aga	48
Met Ser Asp Gly Ala Val Gln Pro Asp Gly Gly Gln Pro Ala Val Arg	
1 5 10 15	
aat gaa aga gct aca gga tct ggg aac ggg tct gga ggc ggg ggt ggt	96
Asn Glu Arg Ala Thr Gly Ser Gly Asn Gly Ser Gly Gly Gly Gly Gly	
20 25 30	
ggt ggt tct ggg ggt gtg ggg att tct acg ggt act ttc aat aat cag	144
Gly Gly Ser Gly Gly Val Gly Ile Ser Thr Gly Thr Phe Asn Asn Gln	
35 40 45	
acg gaa ttt aaa ttt ttg gaa aac ggg tgg gtg gaa atc aca gca aac	192
Thr Glu Phe Lys Phe Leu Glu Asn Gly Trp Val Glu Ile Thr Ala Asn	
50 55 60	
tca agc aga ctt gta cat tta aat atg cca gaa agt gaa aat tat aaa	240
Ser Ser Arg Leu Val His Leu Asn Met Pro Glu Ser Glu Asn Tyr Lys	
65 70 75 80	
aga gta gtt gta aat aat atg gat aaa act gca gtt aaa gga aac atg	288
Arg Val Val Val Asn Asn Met Asp Lys Thr Ala Val Lys Gly aac Met	
85 90 95	
gct tta gat gat att cat gta caa att gta aca cct tgg tca ttg gtt	336
Ala Leu Asp Asp Ile His Val Gln Ile Val Thr Pro Trp Ser Leu Val	
100 105 110	
gat gca aat gct tgg gga gtt tgg ttt aat cca gga gat tgg caa cta	384
Asp Ala Asn Ala Trp Gly Val Trp Phe Asn Pro Gly Asp Trp Gln Leu	
115 120 125	
att gtt aat act atg agt gag ttg cat tta gtt agt ttt gaa caa gaa	432
Ile Val Asn Thr Met Ser Glu Leu His Leu Val Ser Phe Glu Gln Glu	
130 135 140	
att ttt aat gtt gtt tta aag act gtt tca gaa tct gct act cag cca	480
Ile Phe Asn Val Val Leu Lys Thr Val Ser Glu Ser Ala Thr Gln Pro	
145 150 155 160	
cca act aaa gtt tat aat aat gat tta act gca tca ttg atg gtt gca	528
Pro Thr Lys Val Tyr Asn Asn Asp Leu Thr Ala Ser Leu Met Val Ala	
165 170 175	
tta gat agt aat aat act atg cca ttt act cca gca gct atg aga tct	576
Leu Asp Ser Asn Asn Thr Met Pro Phe Thr Pro Ala Ala Met Arg Ser	
180 185 190	
gag aca ttg ggt ttt tat cca tgg aaa cca acc ata cca act cca tgg	624
Glu Thr Leu Gly Phe Tyr Pro Trp Lys Pro Thr Ile Pro Thr Pro Trp	
195 200 205	
aga tat tat ttt caa tgg gat aga aca tta ata cca tct cat act gga	672
Arg Tyr Tyr Phe Gln Trp Asp Arg Thr Leu Ile Pro Ser His Thr Gly	
210 215 220	
act agt ggc aca cca aca aat gta tat cat ggt aca gat cca gat gat	720
Thr Ser Gly Thr Pro Thr Asn Val Tyr His Gly Thr Asp Pro Asp Asp	
225 230 235 240	
gtt caa ttt tat act att gaa aat tct gtg cca gta cac tta cta aga	768

Val	Gln	Phe	Tyr	Thr	Ile	Glu	Asn	Ser	Val	Pro	Val	His	Leu	Leu	Arg	
				245					250					255		
aca	ggt	gat	gaa	ttt	gct	aca	gga	aca	ttt	ttt	ttt	gat	tgt	aaa	cca	816
Thr	Gly	Asp	Glu	Phe	Ala	Thr	Gly	Thr	Phe	Phe	Phe	Asp	Cys	Lys	Pro	
			260					265					270			
tgt	aga	tta	aca	cat	aca	tgg	caa	aca	aat	aga	gca	ttg	ggc	tta	cca	864
Cys	Arg	Leu	Thr	His	Thr	Trp	Gln	Thr	Asn	Arg	Ala	Leu	Gly	Leu	Pro	
		275					280					285				
cca	ttt	tta	aat	tct	ttg	cct	caa	tct	gaa	gga	gct	act	aac	ttt	ggt	912
Pro	Phe	Leu	Asn	Ser	Leu	Pro	Gln	Ser	Glu	Gly	Ala	Thr	Asn	Phe	Gly	
		290				295					300					
gat	ata	gga	ggt	caa	caa	gat	aaa	aga	cgt	ggt	gta	act	caa	atg	gga	960
Asp	Ile	Gly	Val	Gln	Gln	Asp	Lys	Arg	Arg	Gly	Val	Thr	Gln	Met	Gly	
305					310					315					320	
aat	aca	gac	tat	att	act	gaa	gct	act	att	atg	aga	cca	gct	gag	ggt	1008
Asn	Thr	Asp	Tyr	Ile	Thr	Glu	Ala	Thr	Ile	Met	Arg	Pro	Ala	Glu	Val	
			325						330					335		
ggt	tat	agt	gca	cca	tat	tat	tct	ttt	gaa	gcg	tct	aca	caa	ggg	cca	1056
Gly	Tyr	Ser	Ala	Pro	Tyr	Tyr	Ser	Phe	Glu	Ala	Ser	Thr	Gln	Gly	Pro	
			340					345					350			
ttt	aaa	aca	cct	att	gca	gca	gga	cgg	ggg	gga	gcg	caa	aca	gat	gaa	1104
Phe	Lys	Thr	Pro	Ile	Ala	Ala	Gly	Arg	Gly	Gly	Ala	Gln	Thr	Asp	Glu	
		355					360					365				
aat	caa	gca	gca	gat	ggt	gat	cca	aga	tat	gca	ttt	ggt	aga	caa	cat	1152
Asn	Gln	Ala	Ala	Asp	Gly	Asp	Pro	Arg	Tyr	Ala	Phe	Gly	Arg	Gln	His	
		370				375					380					
ggt	caa	aaa	act	act	aca	aca	gga	gaa	aca	cct	gag	aga	ttt	aca	tat	1200
Gly	Gln	Lys	Thr	Thr	Thr	Thr	Gly	Glu	Thr	Pro	Glu	Arg	Phe	Thr	Tyr	
385					390					395					400	
ata	gca	cat	caa	gat	aca	gga	aga	tat	cca	gaa	gga	gat	tgg	att	caa	1248
Ile	Ala	His	Gln	Asp	Thr	Gly	Arg	Tyr	Pro	Glu	Gly	Asp	Trp	Ile	Gln	
			405						410					415		
aat	att	aac	ttt	aac	ctt	cct	gta	aca	aat	gat	aat	gta	ttg	cta	cca	1296
Asn	Ile	Asn	Phe	Asn	Leu	Pro	Val	Thr	Asn	Asp	Asn	Val	Leu	Leu	Pro	
			420					425					430			
aca	gat	cca	att	ggg	ggt	aaa	aca	gga	att	aac	tat	act	aat	ata	ttt	1344
Thr	Asp	Pro	Ile	Gly	Gly	Lys	Thr	Gly	Ile	Asn	Tyr	Thr	Asn	Ile	Phe	
		435				440						445				
aat	act	tat	ggt	cct	tta	act	gca	tta	aat	aat	gta	cca	cca	ggt	tat	1392
Asn	Thr	Tyr	Gly	Pro	Leu	Thr	Ala	Leu	Asn	Asn	Val	Pro	Pro	Val	Tyr	
		450				455					460					
cca	aat	ggt	caa	att	tgg	gat	aaa	gaa	ttt	gat	act	gac	tta	aaa	cca	1440
Pro	Asn	Gly	Gln	Ile	Trp	Asp	Lys	Glu	Phe	Asp	Thr	Asp	Leu	Lys	Pro	
465					470					475					480	
aga	ctt	cat	gta	aat	gca	cca	ttt	gtt	tgt	caa	aat	aat	tgt	cct	ggt	1488
Arg	Leu	His	Val	Asn	Ala	Pro	Phe	Val	Cys	Gln	Asn	Asn	Cys	Pro	Gly	

485										490										495											
caa tta ttt gta aaa gtt gcg cct aat tta acg aat gaa tat gat cct																															1536
Gln Leu Phe Val Lys Val Ala Pro Asn Leu Thr Asn Glu Tyr Asp Pro																															
	500										505										510										
gat gca tct gct aat atg tca aga att gta act tat tca gat ttt tgg																															1584
Asp Ala Ser Ala Asn Met Ser Arg Ile Val Thr Tyr Ser Asp Phe Trp																															
	515										520										525										
tgg aaa ggt aaa tta gta ttt aaa gct aaa cta aga gca tct cat act																															1632
Trp Lys Gly Lys Leu Val Phe Lys Ala Lys Leu Arg Ala Ser His Thr																															
	530										535										540										
tgg aat cca att caa caa atg agc att aat gta gat aac caa ttt aac																															1680
Trp Asn Pro Ile Gln Gln Met Ser Ile Asn Val Asp Asn Gln Phe Asn																															
	545										550										555										560
tat gta cca aat aat att gga gct atg aaa att gta tat gaa aaa tct																															1728
Tyr Val Pro Asn Asn Ile Gly Ala Met Lys Ile Val Tyr Glu Lys Ser																															
	565										570										575										
caa cta gca cct aga aaa tta tat																															1752
Gln Leu Ala Pro Arg Lys Leu Tyr																															
	580																														
<210> 6																															
<211> 584																															
<212> PRT																															
<213> Feline parvovirus																															
<400> 6																															
Met Ser Asp Gly Ala Val Gln Pro Asp Gly Gly Gln Pro Ala Val Arg																															
1	5										10										15										
Asn Glu Arg Ala Thr Gly Ser Gly Asn Gly Ser Gly Gly Gly Gly Gly																															
	20										25										30										
Gly Gly Ser Gly Gly Val Gly Ile Ser Thr Gly Thr Phe Asn Asn Gln																															
	35										40										45										
Thr Glu Phe Lys Phe Leu Glu Asn Gly Trp Val Glu Ile Thr Ala Asn																															
	50										55										60										
Ser Ser Arg Leu Val His Leu Asn Met Pro Glu Ser Glu Asn Tyr Lys																															
	65										70										75										80
Arg Val Val Val Asn Asn Met Asp Lys Thr Ala Val Lys Gly Asn Met																															
	85										90										95										
Ala Leu Asp Asp Ile His Val Gln Ile Val Thr Pro Trp Ser Leu Val																															
	100										105										110										
Asp Ala Asn Ala Trp Gly Val Trp Phe Asn Pro Gly Asp Trp Gln Leu																															
	115										120										125										
Ile Val Asn Thr Met Ser Glu Leu His Leu Val Ser Phe Glu Gln Glu																															
	130										135										140										
Ile Phe Asn Val Val Leu Lys Thr Val Ser Glu Ser Ala Thr Gln Pro																															

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

Arg Leu His Val Asn Ala Pro Phe Val Cys Gln Asn Asn Cys Pro Gly
 485 490 495

Gln Leu Phe Val Lys Val Ala Pro Asn Leu Thr Asn Glu Tyr Asp Pro
 500 505 510

Asp Ala Ser Ala Asn Met Ser Arg Ile Val Thr Tyr Ser Asp Phe Trp
 515 520 525

Trp Lys Gly Lys Leu Val Phe Lys Ala Lys Leu Arg Ala Ser His Thr
 530 535 540

Trp Asn Pro Ile Gln Gln Met Ser Ile Asn Val Asp Asn Gln Phe Asn
 545 550 555 560

Tyr Val Pro Asn Asn Ile Gly Ala Met Lys Ile Val Tyr Glu Lys Ser
 565 570 575

Gln Leu Ala Pro Arg Lys Leu Tyr
 580

<210> 7
 <211> 729
 <212> DNA
 <213> Feline parvovirus

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(729)

<400> 7

ggt aca gat cca gat gat gtt caa ttt tat act att gaa aat tct gtg	48
Gly Thr Asp Pro Asp Asp Val Gln Phe Tyr Thr Ile Glu Asn Ser Val	
1 5 10 15	
cca gta cac tta cta aga aca ggt gat gaa ttt gct aca gga aca ttt	96
Pro Val His Leu Leu Arg Thr Gly Asp Glu Phe Ala Thr Gly Thr Phe	
20 25 30	
ttt ttt gat tgt aaa cca tgt aga tta aca cat aca tgg caa aca aat	144
Phe Phe Asp Cys Lys Pro Cys Arg Leu Thr His Thr Trp Gln Thr Asn	
35 40 45	
aga gca ttg ggc tta cca cca ttt tta aat tct ttg cct caa tct gaa	192
Arg Ala Leu Gly Leu Pro Pro Phe Leu Asn Ser Leu Pro Gln Ser Glu	
50 55 60	
gga gct act aac ttt ggt gat ata gga gtt caa caa gat aaa aga cgt	240
Gly Ala Thr Asn Phe Gly Asp Ile Gly Val Gln Gln Asp Lys Arg Arg	
65 70 75 80	
ggt gta act caa atg gga aat aca gac tat att act gaa gct act att	288
Gly Val Thr Gln Met Gly Asn Thr Asp Tyr Ile Thr Glu Ala Thr Ile	
85 90 95	
atg aga cca gct gag gtt ggt tat agt gca cca tat tat tct ttt gaa	336
Met Arg Pro Ala Glu Val Gly Tyr Ser Ala Pro Tyr Tyr Ser Phe Glu	
100 105 110	

gcg tct aca caa ggg cca ttt aaa aca cct att gca gca gga cgg ggg 384
 Ala Ser Thr Gln Gly Pro Phe Lys Thr Pro Ile Ala Ala Gly Arg Gly
 115 120 125

gga gcg caa aca gat gaa aat caa gca gca gat ggt gat cca aga tat 432
 Gly Ala Gln Thr Asp Glu Asn Gln Ala Ala Asp Gly Asp Pro Arg Tyr
 130 135 140

gca ttt ggt aga caa cat ggt caa aaa act act aca aca gga gaa aca 480
 Ala Phe Gly Arg Gln His Gly Gln Lys Thr Thr Thr Thr Gly Glu Thr
 145 150 155 160

cct gag aga ttt aca tat ata gca cat caa gat aca gga aga tat cca 528
 Pro Glu Arg Phe Thr Tyr Ile Ala His Gln Asp Thr Gly Arg Tyr Pro
 165 170 175

gaa gga gat tgg att caa aat att aac ttt aac ctt cct gta aca aat 576
 Glu Gly Asp Trp Ile Gln Asn Ile Asn Phe Asn Leu Pro Val Thr Asn
 180 185 190

gat aat gta ttg cta cca aca gat cca att ggg ggt aaa aca gga att 624
 Asp Asn Val Leu Leu Pro Thr Asp Pro Ile Gly Gly Lys Thr Gly Ile
 195 200 205

aac tat act aat ata ttt aat act tat ggt cct tta act gca tta aat 672
 Asn Tyr Thr Asn Ile Phe Asn Thr Tyr Gly Pro Leu Thr Ala Leu Asn
 210 215 220

aat gta cca cca gtt tat cca aat ggt caa att tgg gat aaa gaa ttt 720
 Asn Val Pro Pro Val Tyr Pro Asn Gly Gln Ile Trp Asp Lys Glu Phe
 225 230 235 240

gat act gac 729
 Asp Thr Asp

<210> 8
 <211> 243
 <212> PRT
 <213> Feline parvovirus

<400> 8
 Gly Thr Asp Pro Asp Asp Val Gln Phe Tyr Thr Ile Glu Asn Ser Val
 1 5 10 15

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

Phe Phe Asp Cys Lys Pro Cys Arg Leu Thr His Thr Trp Gln Thr Asn
 35 40 45

Arg Ala Leu Gly Leu Pro Pro Phe Leu Asn Ser Leu Pro Gln Ser Glu
 50 55 60

Gly Ala Thr Asn Phe Gly Asp Ile Gly Val Gln Gln Asp Lys Arg Arg
 65 70 75 80

Gly Val Thr Gln Met Gly Asn Thr Asp Tyr Ile Thr Glu Ala Thr Ile
 85 90 95

Met Arg Pro Ala Glu Val Gly Tyr Ser Ala Pro Tyr Tyr Ser Phe Glu
 100 105 110

Ala Ser Thr Gln Gly Pro Phe Lys Thr Pro Ile Ala Ala Gly Arg Gly
 115 120 125

Gly Ala Gln Thr Asp Glu Asn Gln Ala Ala Asp Gly Asp Pro Arg Tyr
 130 135 140

Ala Phe Gly Arg Gln His Gly Gln Lys Thr Thr Thr Thr Gly Glu Thr
 145 150 155 160

Pro Glu Arg Phe Thr Tyr Ile Ala His Gln Asp Thr Gly Arg Tyr Pro
 165 170 175

Glu Gly Asp Trp Ile Gln Asn Ile Asn Phe Asn Leu Pro Val Thr Asn
 180 185 190

Asp Asn Val Leu Leu Pro Thr Asp Pro Ile Gly Gly Lys Thr Gly Ile
 195 200 205

Asn Tyr Thr Asn Ile Phe Asn Thr Tyr Gly Pro Leu Thr Ala Leu Asn
 210 215 220

Asn Val Pro Pro Val Tyr Pro Asn Gly Gln Ile Trp Asp Lys Glu Phe
 225 230 235 240

Asp Thr Asp

<210> 9
 <211> 1860
 <212> DNA
 <213> Feline parvovirus

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1860)

<400> 9
 atg gca cct ccg gca aag aga gcc agg aga gga ctt gtg cct cca ggt 48
 Met Ala Pro Pro Ala Lys Arg Ala Arg Arg Gly Leu Val Pro Pro Gly
 1 5 10 15

tat aaa tat ctt ggg cct ggg aac agt ctt gac caa gga gaa cca act 96
 Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Ser Leu Asp Gln Gly Glu Pro Thr
 20 25 30

aac cct tct gac gcc gct gca aaa gaa cac gac gaa gct tac gct gct 144
 Asn Pro Ser Asp Ala Ala Ala Lys Glu His Asp Glu Ala Tyr Ala Ala
 35 40 45

tat ctt cgc tct ggt aaa aac cca tac tta tat ttc tgg cca gca gat 192
 Tyr Leu Arg Ser Gly Lys Asn Pro Tyr Leu Tyr Phe Ser Pro Ala Asp
 50 55 60

caa cgc ttt ata gat caa act aag gac gct aca gat tgg ggg ggg aaa 240
 Gln Arg Phe Ile Asp Gln Thr Lys Asp Ala Thr Asp Trp Gly Gly Lys
 65 70 75 80

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

gat agt aat aat act atg cca ttt act cca gca gct atg aga tct gag	1008
Asp Ser Asn Asn Thr Met Pro Phe Thr Pro Ala Ala Met Arg Ser Glu	
325 330 335	
aca ttg ggt ttt tat cca tgg aaa cca acc ata cca act cca tgg aga	1056
Thr Leu Gly Phe Tyr Pro Trp Lys Pro Thr Ile Pro Thr Pro Trp Arg	
340 345 350	
tat tat ttt caa tgg gat aga aca tta ata cca tct cat act gga act	1104
Tyr Tyr Phe Gln Trp Asp Arg Thr Leu Ile Pro Ser His Thr Gly Thr	
355 360 365	
agt ggc aca cca aca aat ata tat cat ggt aca gat cca gat gat gtt	1152
Ser Gly Thr Pro Thr Asn Ile Tyr His Gly Thr Asp Pro Asp Asp Val	
370 375 380	
caa ttt tat act att gaa aat tct gtg cca gta cac tta cta aga aca	1200
Gln Phe Tyr Thr Ile Glu Asn Ser Val Pro Val His Leu Leu Arg Thr	
385 390 395 400	
ggt gat gaa ttt gct aca gga aca ttt ttt ttt gat tgt aaa cca tgt	1248
Gly Asp Glu Phe Ala Thr Gly Thr Phe Phe Phe Asp Cys Lys Pro Cys	
405 410 415	
aga cta aca cat aca tgg caa aca aac aga gca ttg ggc tta cca cca	1296
Arg Leu Thr His Thr Trp Gln Thr Asn Arg Ala Leu Gly Leu Pro Pro	
420 425 430	
ttt cta aat tct ttg cct caa tct gaa gga gct act aac ttt ggt gat	1344
Phe Leu Asn Ser Leu Pro Gln Ser Glu Gly Ala Thr Asn Phe Gly Asp	
435 440 445	
ata gga gtt caa caa gat aaa aga cgt ggt gta act caa atg gga aat	1392
Ile Gly Val Gln Gln Asp Lys Arg Arg Gly Val Thr Gln Met Gly Asn	
450 455 460	
aca gac tat att act gaa gct act att atg aga cca gct gag gtt ggt	1440
Thr Asp Tyr Ile Thr Glu Ala Thr Ile Met Arg Pro Ala Glu Val Gly	
465 470 475 480	
tat agt gca cca tat tat tct ttt gaa gcg tct aca caa ggg cca ttt	1488
Tyr Ser Ala Pro Tyr Tyr Ser Phe Glu Ala Ser Thr Gln Gly Pro Phe	
485 490 495	
aaa ata cct att gca gca gga cgg ggg gga gcg caa aca gat gaa aat	1536
Lys Ile Pro Ile Ala Ala Gly Arg Gly Gly Ala Gln Thr Asp Glu Asn	
500 505 510	
caa gca gca gat ggt gat cca aga tat gca ttt ggt aga caa cat ggt	1584
Gln Ala Ala Asp Gly Asp Pro Arg Tyr Ala Phe Gly Arg Gln His Gly	
515 520 525	
caa aaa act act aca aca gga gaa aca cct gag aga ttt aca tat ata	1632
Gln Lys Thr Thr Thr Thr Gly Glu Thr Pro Glu Arg Phe Thr Tyr Ile	
530 535 540	
gca cat caa gat aca gga aga tat cca gca gga gat tgg att caa aat	1680
Ala His Gln Asp Thr Arg Tyr Pro Ala Gly Asp Trp Ile Gln Asn	
545 550 555 560	
att aac ttt aac ctt cct gta aca aat gat aat gta ttg cta cca aca	1728

```

Ile Asn Phe Asn Leu Pro Val Thr Asn Asp Asn Val Leu Leu Pro Thr
      565                      570                      575

gat cca att gga ggt aaa aca gga atc aac tat act aat ata ttt aat 1776
Asp Pro Ile Gly Gly Lys Thr Gly Ile Asn Tyr Thr Asn Ile Phe Asn
      580                      585                      590

act tat ggt cct tta act gca tta aat aat gta cca cca gtt tat cca 1824
Thr Tyr Gly Pro Leu Thr Ala Leu Asn Asn Val Pro Pro Val Tyr Pro
      595                      600                      605

aat ggt caa att tgg gat aaa gaa ttt gat act gac 1860
Asn Gly Gln Ile Trp Asp Lys Glu Phe Asp Thr Asp
      610                      615                      620

<210> 10
<211> 620
<212> PRT
<213> Feline parvovirus

<400> 10
Met Ala Pro Pro Ala Lys Arg Ala Arg Arg Gly Leu Val Pro Pro Gly
  1                      5                      10                      15

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Ser Leu Asp Gln Gly Glu Pro Thr
      20                      25                      30

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

Tyr Leu Arg Ser Gly Lys Asn Pro Tyr Leu Tyr Phe Ser Pro Ala Asp
      50                      55                      60

Gln Arg Phe Ile Asp Gln Thr Lys Asp Ala Thr Asp Trp Gly Gly Lys
      65                      70                      75                      80

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

Thr Asp Thr Pro Asp His Pro Ser Thr Ser Arg Pro Thr Lys Pro Thr
      100                      105                      110

Lys Arg Ser Lys Pro Pro Pro His Ile Phe Ile Asn Leu Ala Lys Lys
      115                      120                      125

Lys Lys Ala Gly Ala Gly Gln Val Lys Arg Asp Asn Gln Ala Pro Met
      130                      135                      140

Ser Asp Gly Ala Val Gln Pro Asp Gly Gly Gln Pro Ala Val Arg Asn
      145                      150                      155                      160

Glu Arg Ala Thr Gly Ser Gly Asn Gly Ser Gly Gly Gly Gly Gly Gly
      165                      170                      175

Gly Ser Gly Gly Val Gly Ile Ser Thr Gly Thr Phe Asn Asn Gln Thr
      180                      185                      190

Glu Phe Lys Phe Leu Glu Asn Gly Trp Val Glu Ile Thr Ala Asn Ser
      195                      200                      205

```

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

530	535	540
Ala His Gln Asp Thr Gly Arg Tyr Pro Ala Gly Asp Trp Ile Gln Asn 545 550 555 560		
Ile Asn Phe Asn Leu Pro Val Thr Asn Asp Asn Val Leu Leu Pro Thr 565 570 575		
Asp Pro Ile Gly Gly Lys Thr Gly Ile Asn Tyr Thr Asn Ile Phe Asn 580 585 590		
Thr Tyr Gly Pro Leu Thr Ala Leu Asn Asn Val Pro Pro Val Tyr Pro 595 600 605		
Asn Gly Gln Ile Trp Asp Lys Glu Phe Asp Thr Asp 610 615 620		
 <210> 11 <211> 1431 <212> DNA <213> Feline parvovirus <220> <221> CDS <222> (1)..(1431) <400> 11		
atg agt gat gga gca gtt caa cca gac ggt ggt caa cct gct gtc aga Met Ser Asp Gly Ala Val Gln Pro Asp Gly Gly Gln Pro Ala Val Arg 1 5 10 15		48
aat gaa aga gct aca gga tct ggg aac ggg tct gga ggc ggg ggt ggt Asn Glu Arg Ala Thr Gly Ser Gly Asn Gly Ser Gly Gly Gly Gly Gly 20 25 30		96
ggg ggt tct ggg ggt gtg ggg att tct acg ggt act ttc aat aat cag Gly Gly Ser Gly Gly Val Gly Ile Ser Thr Gly Thr Phe Asn Asn Gln 35 40 45		144
acg gaa ttt aaa ttt ttg gaa aac gga tgg gtg gaa atc aca gca aac Thr Glu Phe Lys Phe Leu Glu Asn Gly Trp Val Glu Ile Thr Ala Asn 50 55 60		192
tca agc aga ctt gta cat tta aat atg cca gaa agt gaa aat tat aaa Ser Ser Arg Leu Val His Leu Asn Met Pro Glu Ser Glu Asn Tyr Lys 65 70 75 80		240
aga gta gtt gta aat aat atg gat aaa act gca gtt aaa gga aac atg Arg Val Val Val Asn Asn Met Asp Lys Thr Ala Val Lys Gly Asn Met 85 90 95		288
gct tta gat gac act cat gta caa att gta aca cct tgg tca ttg gtt Ala Leu Asp Asp Thr His Val Gln Ile Val Thr Pro Trp Ser Leu Val 100 105 110		336
gat gca aat gct tgg gga gtt tgg ttt aat cca gga gat tgg caa cta Asp Ala Asn Ala Trp Gly Val Trp Phe Asn Pro Gly Asp Trp Gln Leu 115 120 125		384

att gtt aat act atg agt gag ttg cat tta gtt agt ttt gaa caa gaa	432
Ile Val Asn Thr Met Ser Glu Leu His Leu Val Ser Phe Glu Gln Glu	
130 135 140	
att ttt aat gtt gtt tta aag act gtt tca gaa tct gct act cag cca	480
Ile Phe Asn Val Val Leu Lys Thr Val Ser Glu Ser Ala Thr Gln Pro	
145 150 155 160	
cca act aaa gtt tat aat aat gat tta act gca tca ttg atg gtt gca	528
Pro Thr Lys Val Tyr Asn Asn Asp Leu Thr Ala Ser Leu Met Val Ala	
165 170 175	
tta gat agt aat aat act atg cca ttt act cca gca gct atg aga tct	576
Leu Asp Ser Asn Asn Thr Met Pro Phe Thr Pro Ala Ala Met Arg Ser	
180 185 190	
gag aca ttg ggt ttt tat cca tgg aaa cca acc ata cca act cca tgg	624
Glu Thr Leu Gly Phe Tyr Pro Trp Lys Pro Thr Ile Pro Thr Pro Trp	
195 200 205	
aga tat tat ttt caa tgg gat aga aca tta ata cca tct cat act gga	672
Arg Tyr Tyr Phe Gln Trp Asp Arg Thr Leu Ile Pro Ser His Thr Gly	
210 215 220	
act agt ggc aca cca aca aat ata tat cat ggt aca gat cca gat gat	720
Thr Ser Gly Thr Pro Thr Asn Ile Tyr His Gly Thr Asp Pro Asp Asp	
225 230 235 240	
gtt caa ttt tat act att gaa aat tct gtg cca gta cac tta cta aga	768
Val Gln Phe Tyr Thr Ile Glu Asn Ser Val Pro Val His Leu Leu Arg	
245 250 255	
aca ggt gat gaa ttt gct aca gga aca ttt ttt ttt gat tgt aaa cca	816
Thr Gly Asp Glu Phe Ala Thr Gly Thr Phe Phe Phe Asp Cys Lys Pro	
260 265 270	
tgt aga cta aca cat aca tgg caa aca aac aga gca ttg ggc tta cca	864
Cys Arg Leu Thr His Thr Trp Gln Thr Asn Arg Ala Leu Gly Leu Pro	
275 280 285	
cca ttt cta aat tct ttg cct caa tct gaa gga gct act aac ttt ggt	912
Pro Phe Leu Asn Ser Leu Pro Gln Ser Glu Gly Ala Thr Asn Phe Gly	
290 295 300	
gat ata gga gtt caa caa gat aaa aga cgt ggt gta act caa atg gga	960
Asp Ile Gly Val Gln Gln Asp Lys Arg Arg Gly Val Thr Gln Met Gly	
305 310 315 320	
aat aca gac tat att act gaa gct act att atg aga cca gct gag gtt	1008
Asn Thr Asp Tyr Ile Thr Glu Ala Thr Ile Met Arg Pro Ala Glu Val	
325 330 335	
ggt tat agt gca cca tat tat tct ttt gaa gcg tct aca caa ggg cca	1056
Gly Tyr Ser Ala Pro Tyr Tyr Ser Phe Glu Ala Ser Thr Gln Gly Pro	
340 345 350	
ttt aaa ata cct att gca gca gga cgg ggg gga gcg caa aca gat gaa	1104
Phe Lys Ile Pro Ile Ala Ala Gly Arg Gly Gly Ala Gln Thr Asp Glu	
355 360 365	
aat caa gca gca gat ggt gat cca aga tat gca ttt ggt aga caa cat	1152

Asn Gln Ala Ala Asp Gly Asp Pro Arg Tyr Ala Phe Gly Arg Gln His
 370 375 380
 ggt caa aaa act act aca aca gga gaa aca cct gag aga ttt aca tat 1200
 Gly Gln Lys Thr Thr Thr Thr Gly Glu Thr Pro Glu Arg Phe Thr Tyr
 385 390 395 400
 ata gca cat caa gat aca gga aga tat cca gca gga gat tgg att caa 1248
 Ile Ala His Gln Asp Thr Gly Arg Tyr Pro Ala Gly Asp Trp Ile Gln
 405 410 415
 aat att aac ttt aac ctt cct gta aca aat gat aat gta ttg cta cca 1296
 Asn Ile Asn Phe Asn Leu Pro Val Thr Asn Asp Asn Val Leu Leu Pro
 420 425 430
 aca gat cca att gga ggt aaa aca gga atc aac tat act aat ata ttt 1344
 Thr Asp Pro Ile Gly Gly Lys Thr Gly Ile Asn Tyr Thr Asn Ile Phe
 435 440 445
 aat act tat ggt cct tta act gca tta aat aat gta cca cca gtt tat 1392
 Asn Thr Tyr Gly Pro Leu Thr Ala Leu Asn Asn Val Pro Pro Val Tyr
 450 455 460
 cca aat ggt caa att tgg gat aaa gaa ttt gat act gac 1431
 Pro Asn Gly Gln Ile Trp Asp Lys Glu Phe Asp Thr Asp
 465 470 475
 <210> 12
 <211> 477
 <212> PRT
 <213> Feline parvovirus
 <400> 12
 Met Ser Asp Gly Ala Val Gln Pro Asp Gly Gly Gln Pro Ala Val Arg
 1 5 10 15
 Asn Glu Arg Ala Thr Gly Ser Gly Asn Gly Ser Gly Gly Gly Gly Gly
 20 25 30
 Gly Gly Ser Gly Gly Val Gly Ile Ser Thr Gly Thr Phe Asn Asn Gln
 35 40 45
 Thr Glu Phe Lys Phe Leu Glu Asn Gly Trp Val Glu Ile Thr Ala Asn
 50 55 60
 Ser Ser Arg Leu Val His Leu Asn Met Pro Glu Ser Glu Asn Tyr Lys
 65 70 75 80
 Arg Val Val Val Asn Asn Met Asp Lys Thr Ala Val Lys Gly Asn Met
 85 90 95
 Ala Leu Asp Asp Thr His Val Gln Ile Val Thr Pro Trp Ser Leu Val
 100 105 110
 Asp Ala Asn Ala Trp Gly Val Trp Phe Asn Pro Gly Asp Trp Gln Leu
 115 120 125
 Ile Val Asn Thr Met Ser Glu Leu His Leu Val Ser Phe Glu Gln Glu
 130 135 140

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

465

470

475

<210> 13
 <211> 2829
 <212> DNA
 <213> Feline herpesvirus 1

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(2829)

<400> 13

```

atg tcc act cgt ggc gat ctt ggg aag cgg cga cga ggg agt cgt tgg 48
Met Ser Thr Arg Gly Asp Leu Gly Lys Arg Arg Arg Gly Ser Arg Trp
  1             5             10             15

cag gga cac agt ggc tat ttt cga cag aga tgt ttt ttc cct tct cta 96
Gln Gly His Ser Gly Tyr Phe Arg Gln Arg Cys Phe Phe Pro Ser Leu
             20             25             30

ctc ggt att gca gcg act ggc tcc aga cat ggt aac gga tcg tcg gga 144
Leu Gly Ile Ala Ala Thr Gly Ser Arg His Gly Asn Gly Ser Ser Gly
             35             40             45

tta acc aga cta gct aga tat gtt tca ttt atc tgg atc gta cta ttc 192
Leu Thr Arg Leu Ala Arg Tyr Val Ser Phe Ile Trp Ile Val Leu Phe
             50             55             60

tta gtc ggt ccc cgt cca gta gag ggt caa tct gga agc aca tcg gaa 240
Leu Val Gly Pro Arg Pro Val Glu Gly Gln Ser Gly Ser Thr Ser Glu
             65             70             75             80

caa ccc cgg cgg act gta gct acc cct gag gta ggg gta cac cac caa 288
Gln Pro Arg Arg Thr Val Ala Thr Pro Glu Val Gly Val His His Gln
             85             90             95

aac caa cta cag atc cca ccg ata tgt cga tat gag gaa gct ctc cgt 336
Asn Gln Leu Gln Ile Pro Pro Ile Cys Arg Tyr Glu Glu Ala Leu Arg
             100             105             110

gcg tcc caa ata gag gct aac gga cca tcg act ttt tat atg tgt cca 384
Ala Ser Gln Ile Glu Ala Asn Gly Pro Ser Thr Phe Tyr Met Cys Pro
             115             120             125

cca cct tca gga tct act gtc gtg cgt tta gag cca cca cgg gcc tgt 432
Pro Pro Ser Gly Ser Thr Val Val Arg Leu Glu Pro Pro Arg Ala Cys
             130             135             140

cca gat tat aaa cta ggg aaa aat ttt acc gag ggt ata gct gta ata 480
Pro Asp Tyr Lys Leu Gly Lys Asn Phe Thr Glu Gly Ile Ala Val Ile
             145             150             155             160

ttt aaa gaa aat ata gcg cca tat aaa ttc aag gca aat ata tac tat 528
Phe Lys Glu Asn Ile Ala Pro Tyr Lys Phe Lys Ala Asn Ile Tyr Tyr
             165             170             175

aaa aac att att atg aca acg gta tgg tct ggg agt tcc tat gcc gtt 576
Lys Asn Ile Ile Met Thr Thr Val Trp Ser Gly Ser Ser Tyr Ala Val
             180             185             190

```

aca acc aac cga tat aca gac agg gtt ccc gtg aaa gtt caa gag att	624
Thr Thr Asn Arg Tyr Thr Asp Arg Val Pro Val Lys Val Gln Glu Ile	
195 200 205	
aca gat ctg ata gat aga cgg ggt atg tgc ctg tcg aaa gct gat tac	672
Thr Asp Leu Ile Asp Arg Arg Gly Met Cys Leu Ser Lys Ala Asp Tyr	
210 215 220	
gtt cgt aac aat tat caa ttt acg gcc ttt gat cga gac gag gat ccc	720
Val Arg Asn Asn Tyr Gln Phe Thr Ala Phe Asp Arg Asp Glu Asp Pro	
225 230 235 240	
aga gaa ctg cct ctg aaa cct cca agt tca aca ctg tcc aga gtc cgt	768
Arg Glu Leu Pro Leu Lys Pro Pro Ser Ser Thr Leu Ser Arg Val Arg	
245 250 255	
gga tgg cac acc aat gaa aca tac aca aag atc gtg ctg ctg gat ttc	816
Gly Trp His Thr Asn Glu Thr Tyr Thr Lys Ile Val Leu Leu Asp Phe	
260 265 270	
cac cac tct ggg acc tct gta aat tgc atc gta gag gaa gtg gat gca	864
His His Ser Gly Thr Ser Val Asn Cys Ile Val Glu Glu Val Asp Ala	
275 280 285	
aga tct gta tat cca tat gac tca ttt gct atc tcc act ggt gac gtg	912
Arg Ser Val Tyr Pro Tyr Asp Ser Phe Ala Ile Ser Thr Gly Asp Val	
290 295 300	
att cac atg tct cca ttc ttt ggg ctg agg gat gga gcc cat gta gaa	960
Ile His Met Ser Pro Phe Phe Gly Leu Arg Asp Gly Ala His Val Glu	
305 310 315 320	
cat act agt tat tct tca gac aga ttt caa caa atc gag gga tac tat	1008
His Thr Ser Tyr Ser Ser Asp Arg Phe Gln Gln Ile Glu Gly Tyr Tyr	
325 330 335	
cca ata gac ttg gat acc gat tac act ggg gca cca gtt tct cgc aat	1056
Pro Ile Asp Leu Asp Thr Asp Tyr Thr Gly Ala Pro Val Ser Arg Asn	
340 345 350	
ttt ttg gaa act ccg cat gtg aca gtg gcc tgg aac tgg acc cca aag	1104
Phe Leu Glu Thr Pro His Val Thr Val Ala Trp Asn Trp Thr Pro Lys	
355 360 365	
tct ggt cgg gta tgt acc tta gcc aaa tgg agg gaa ata gat gaa atg	1152
Ser Gly Arg Val Cys Thr Leu Ala Lys Trp Arg Glu Ile Asp Glu Met	
370 375 380	
cta ccg atg aat ata ggc tcc tat aga ttt aca gcc aag acc ata tcc	1200
Leu Pro Met Asn Ile Gly Ser Tyr Arg Phe Thr Ala Lys Thr Ile Ser	
385 390 395 400	
gct act ttc atc tcc aat act tca caa ttt gaa atc aat cgt atc cgt	1248
Ala Thr Phe Ile Ser Asn Thr Ser Gln Phe Glu Ile Asn Arg Ile Arg	
405 410 415	
ttg ggg gac tgt gcc acc aag gag gca gcc gaa gcc ata gac cgg att	1296
Leu Gly Asp Cys Ala Thr Lys Glu Ala Ala Glu Ala Ile Asp Arg Ile	
420 425 430	

tat aag agt aaa tat agt aaa act cat att cag act gga acc ctg gag	1344
Tyr Lys Ser Lys Tyr Ser Lys Thr His Ile Gln Thr Gly Thr Leu Glu	
435 440 445	
acc tac cta gcc cgt ggg gga ttt cta ata gct ttc cgt ccc atg atc	1392
Thr Tyr Leu Ala Arg Gly Gly Phe Leu Ile Ala Phe Arg Pro Met Ile	
450 455 460	
agc aac gaa cta gca aag tta tat atc aat gaa tta gca cgt tcc aat	1440
Ser Asn Glu Leu Ala Lys Leu Tyr Ile Asn Glu Leu Ala Arg Ser Asn	
465 470 475 480	
cgc acg gta gtg gat ctc agt gca ctc ctc aat cca tct ggg gaa aca	1488
Arg Thr Val Val Asp Leu Ser Ala Leu Leu Asn Pro Ser Gly Glu Thr	
485 490 495	
gta caa cga act aga aga tcg gtc cca tct aat caa cat cat agg tcg	1536
Val Gln Arg Thr Arg Arg Ser Val Pro Ser Asn Gln His His Arg Ser	
500 505 510	
cgg cgc agc aca ata gag ggg ggt ata gaa acc gtg aac aat gca tca	1584
Arg Arg Ser Thr Ile Glu Gly Gly Ile Glu Thr Val Asn Asn Ala Ser	
515 520 525	
ctc ctc aag acc acc tca tct gtg gaa ttc gca atg cta caa ttt gcc	1632
Leu Leu Lys Thr Thr Ser Val Glu Phe Ala Met Leu Gln Phe Ala	
530 535 540	
tat gac tac ata caa gcc cat gta aat gaa atg ttg agt cgg ata gcc	1680
Tyr Asp Tyr Ile Gln Ala His Val Asn Glu Met Leu Ser Arg Ile Ala	
545 550 555 560	
act gcc tgg tgt aca ctt cag aac cgc gaa cat gtg ctg tgg aca gag	1728
Thr Ala Trp Cys Thr Leu Gln Asn Arg Glu His Val Leu Trp Thr Glu	
565 570 575	
acc cta aaa ctc aat ccc ggt ggg gtg gtc tcg atg gcc cta gaa cgt	1776
Thr Leu Lys Leu Asn Pro Gly Gly Val Val Ser Met Ala Leu Glu Arg	
580 585 590	
cgt gta tcc gcg cgc cta ctt gga gat gcc gtc gcc gta aca caa tgt	1824
Arg Val Ser Ala Arg Leu Leu Gly Asp Ala Val Ala Val Thr Gln Cys	
595 600 605	
gtt aac att tct agc gga cat gtc tat atc caa aat tct atg cgg gtg	1872
Val Asn Ile Ser Ser Gly His Val Tyr Ile Gln Asn Ser Met Arg Val	
610 615 620	
acg ggt tca tca acg aca tgt tac agc cgc cct ctt gtt tcc ttc cgt	1920
Thr Gly Ser Ser Thr Thr Cys Tyr Ser Arg Pro Leu Val Ser Phe Arg	
625 630 635 640	
gcc ctc aat gac tcc gaa tac ata gaa gga caa cta ggg gaa aac aat	1968
Ala Leu Asn Asp Ser Glu Tyr Ile Glu Gly Gln Leu Gly Glu Asn Asn	
645 650 655	
gaa ctt ctc gtg gaa cga aaa cta att gag cct tgc act gtc aat aat	2016
Glu Leu Leu Val Glu Arg Lys Leu Ile Glu Pro Cys Thr Val Asn Asn	
660 665 670	
aag cgg tat ttt aag ttt ggg gca gat tat gta tat ttt gag gat tat	2064

Lys	Arg	Tyr	Phe	Lys	Phe	Gly	Ala	Asp	Tyr	Val	Tyr	Phe	Glu	Asp	Tyr		
	675						680					685					
gcg	tat	gtc	cgt	aaa	gtc	ccg	cta	tcg	gag	ata	gaa	ctg	ata	agt	gcg	2112	
Ala	Tyr	Val	Arg	Lys	Val	Pro	Leu	Ser	Glu	Ile	Glu	Leu	Ile	Ser	Ala		
	690						695				700						
tat	gtg	att	aaa	tct	act	ctc	cta	gag	gat	cgt	gaa	ttt	ctc	cac	tca	2160	
Tyr	Val	Ile	Lys	Ser	Thr	Leu	Leu	Glu	Asp	Arg	Glu	Phe	Leu	His	Ser		
	705				710					715					720		
agt	tat	aca	cga	gct	gag	ctg	gaa	gat	acc	ggc	cct	ttt	gac	tac	agc	2208	
Ser	Tyr	Thr	Arg	Ala	Glu	Leu	Glu	Asp	Thr	Gly	Pro	Phe	Asp	Tyr	Ser		
				725					730						735		
gag	att	caa	cgc	cgc	aac	caa	ctc	cac	gcc	tta	aaa	ttt	tat	gat	ata	2256	
Glu	Ile	Gln	Arg	Arg	Asn	Gln	Leu	His	Ala	Leu	Lys	Phe	Tyr	Asp	Ile		
			740					745					750				
gac	agc	ata	gtc	aga	gtg	gat	aat	aat	ctt	gtc	atc	atg	cgt	ggt	atg	2304	
Asp	Ser	Ile	Val	Arg	Val	Asp	Asn	Asn	Leu	Val	Ile	Met	Arg	Gly	Met		
		755					760					765					
gca	aat	ttt	ttt	cag	gga	ctc	ggg	gat	gtg	ggg	gct	ggt	ttc	ggc	aag	2352	
Ala	Asn	Phe	Phe	Gln	Gly	Leu	Gly	Asp	Val	Gly	Ala	Gly	Phe	Gly	Lys		
	770					775					780						
gtg	gtc	tta	ggg	gct	gcg	agt	gcg	gta	atc	tca	aca	gta	tca	ggc	gta	2400	
Val	Val	Leu	Gly	Ala	Ala	Ser	Ala	Val	Ile	Ser	Thr	Val	Ser	Gly	Val		
	785				790					795					800		
tca	tca	ttt	cta	aac	aac	cca	ttt	gga	gca	ttg	gcc	gtg	gga	ctg	tta	2448	
Ser	Ser	Phe	Leu	Asn	Asn	Pro	Phe	Gly	Ala	Leu	Ala	Val	Gly	Leu	Leu		
				805					810					815			
ata	tta	gct	ggc	atc	gtc	gca	gca	ttc	ctg	gca	tat	cgc	tat	ata	tct	2496	
Ile	Leu	Ala	Gly	Ile	Val	Ala	Ala	Phe	Leu	Ala	Tyr	Arg	Tyr	Ile	Ser		
			820					825					830				
aga	tta	cgt	gca	aat	cca	atg	aaa	gcc	tta	tat	cct	gtg	acg	act	agg	2544	
Arg	Leu	Arg	Ala	Asn	Pro	Met	Lys	Ala	Leu	Tyr	Pro	Val	Thr	Thr	Arg		
		835					840					845					
aat	ttg	aaa	cag	acg	gct	aag	agc	ccc	gcc	tca	acg	gct	ggt	ggg	gat	2592	
Asn	Leu	Lys	Gln	Thr	Ala	Lys	Ser	Pro	Ala	Ser	Thr	Ala	Gly	Gly	Asp		
	850					855						860					
agc	gac	ccg	gga	gtc	gat	gac	ttc	gat	gag	gaa	aag	cta	atg	cag	gca	2640	
Ser	Asp	Pro	Gly	Val	Asp	Asp	Phe	Asp	Glu	Glu	Lys	Leu	Met	Gln	Ala		
	865				870					875					880		
agg	gag	atg	ata	aaa	tat	atg	tcc	ctc	gta	tcg	gct	atg	gag	caa	caa	2688	
Arg	Glu	Met	Ile	Lys	Tyr	Met	Ser	Leu	Val	Ser	Ala	Met	Glu	Gln	Gln		
				885					890					895			
gaa	cat	aag	gcg	atg	aaa	aag	aat	aag	ggc	cca	gcg	atc	cta	acg	agt	2736	
Glu	His	Lys	Ala	Met	Lys	Lys	Asn	Lys	Gly	Pro	Ala	Ile	Leu	Thr	Ser		
			900					905					910				
cat	ctc	act	aac	atg	gcc	ctc	cgt	cgc	cgt	gga	cct	aaa	tac	caa	cgc	2784	
His	Leu	Thr	Asn	Met	Ala	Leu	Arg	Arg	Arg	Gly	Pro	Lys	Tyr	Gln	Arg		

915 920 925
 ctc aat aat ctt gat agc ggt gat gat act gaa aca aat ctt gtc 2829
 Leu Asn Asn Leu Asp Ser Gly Asp Asp Thr Glu Thr Asn Leu Val
 930 935 940

 <210> 14
 <211> 943
 <212> PRT
 <213> Feline herpesvirus 1

 <400> 14
 Met Ser Thr Arg Gly Asp Leu Gly Lys Arg Arg Arg Gly Ser Arg Trp
 1 5 10 15
 Gln Gly His Ser Gly Tyr Phe Arg Gln Arg Cys Phe Phe Pro Ser Leu
 20 25 30
 Leu Gly Ile Ala Ala Thr Gly Ser Arg His Gly Asn Gly Ser Ser Gly
 35 40 45
 Leu Thr Arg Leu Ala Arg Tyr Val Ser Phe Ile Trp Ile Val Leu Phe
 50 55 60
 Leu Val Gly Pro Arg Pro Val Glu Gly Gln Ser Gly Ser Thr Ser Glu
 65 70 75 80
 Gln Pro Arg Arg Thr Val Ala Thr Pro Glu Val Gly Val His His Gln
 85 90 95
 Asn Gln Leu Gln Ile Pro Pro Ile Cys Arg Tyr Glu Glu Ala Leu Arg
 100 105 110
 Ala Ser Gln Ile Glu Ala Asn Gly Pro Ser Thr Phe Tyr Met Cys Pro
 115 120 125
 Pro Pro Ser Gly Ser Thr Val Val Arg Leu Glu Pro Pro Arg Ala Cys
 130 135 140
 Pro Asp Tyr Lys Leu Gly Lys Asn Phe Thr Glu Gly Ile Ala Val Ile
 145 150 155 160
 Phe Lys Glu Asn Ile Ala Pro Tyr Lys Phe Lys Ala Asn Ile Tyr Tyr
 165 170 175
 Lys Asn Ile Ile Met Thr Thr Val Trp Ser Gly Ser Ser Tyr Ala Val
 180 185 190
 Thr Thr Asn Arg Tyr Thr Asp Arg Val Pro Val Lys Val Gln Glu Ile
 195 200 205
 Thr Asp Leu Ile Asp Arg Arg Gly Met Cys Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
 210 215 220
 Val Arg Asn Asn Tyr Gln Phe Thr Ala Phe Asp Arg Asp Glu Asp Pro
 225 230 235 240
 Arg Glu Leu Pro Leu Lys Pro Pro Ser Ser Thr Leu Ser Arg Val Arg
 245 250 255

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

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

His Leu Thr Asn Met Ala Leu Arg Arg Arg Gly Pro Lys Tyr Gln Arg
 915 920 925

Leu Asn Asn Leu Asp Ser Gly Asp Asp Thr Glu Thr Asn Leu Val
 930 935 940

<210> 15

<211> 750

<212> DNA

<213> Feline herpesvirus 1

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(750)

<400> 15

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

165	170	175	
aaa aac att att atg aca acg gta tgg tct ggg agt tcc tat gcc gtt			576
Lys Asn Ile Ile Met Thr Thr Val Trp Ser Gly Ser Ser Tyr Ala Val			
180	185	190	
aca acc aac cga tat aca gac agg gtt ccc gtg aaa gtt caa gag att			624
Thr Thr Asn Arg Tyr Thr Asp Arg Val Pro Val Lys Val Gln Glu Ile			
195	200	205	
aca gat ctc ata gat aga cgg ggt atg tgc ctc tcg aaa gct gat tac			672
Thr Asp Leu Ile Asp Arg Arg Gly Met Cys Leu Ser Lys Ala Asp Tyr			
210	215	220	
gtt cgt aac aat tat caa ttt acg gcc ttt gat cga gac gag gat ccc			720
Val Arg Asn Asn Tyr Gln Phe Thr Ala Phe Asp Arg Asp Glu Asp Pro			
225	230	235	240
aga gaa ctg cct ctg aaa cct cca agt tca			750
Arg Glu Leu Pro Leu Lys Pro Pro Ser Ser			
245	250		
 <210> 16			
<211> 250			
<212> PRT			
<213> Feline herpesvirus 1			
 <400> 16			
Met Ser Thr Arg Gly Asp Leu Gly Lys Arg Arg Arg Gly Ser Arg Trp			
1	5	10	15
Gln Gly His Ser Gly Tyr Phe Arg Gln Arg Cys Phe Phe Pro Ser Leu			
20	25	30	
Leu Gly Ile Ala Ala Thr Gly Ser Arg His Gly Asn Gly Ser Ser Gly			
35	40	45	
Leu Thr Arg Leu Ala Arg Tyr Val Ser Phe Ile Trp Ile Val Leu Phe			
50	55	60	
Leu Val Gly Pro Arg Pro Val Glu Gly Gln Ser Gly Ser Thr Ser Glu			
65	70	75	80
Gln Pro Arg Arg Thr Val Ala Thr Pro Glu Val Gly Val His His Gln			
85	90	95	
Asn Gln Leu Gln Ile Pro Pro Ile Cys Arg Tyr Glu Glu Ala Leu Arg			
100	105	110	
Ala Ser Gln Ile Glu Ala Asn Gly Pro Ser Thr Phe Tyr Met Cys Pro			
115	120	125	
Pro Pro Ser Gly Ser Thr Val Val Arg Leu Glu Pro Pro Arg Ala Cys			
130	135	140	
Pro Asp Tyr Lys Leu Gly Lys Asn Phe Thr Glu Gly Ile Ala Val Ile			
145	150	155	160
Phe Lys Glu Asn Ile Ala Pro Tyr Lys Phe Lys Ala Asn Ile Tyr Tyr			
165	170	175	

Lys Asn Ile Ile Met Thr Thr Val Trp Ser Gly Ser Ser Tyr Ala Val
 180 185 190
 Thr Thr Asn Arg Tyr Thr Asp Arg Val Pro Val Lys Val Gln Glu Ile
 195 200 205
 Thr Asp Leu Ile Asp Arg Arg Gly Met Cys Leu Ser Lys Ala Asp Tyr
 210 215 220
 Val Arg Asn Asn Tyr Gln Phe Thr Ala Phe Asp Arg Asp Glu Asp Pro
 225 230 235 240
 Arg Glu Leu Pro Leu Lys Pro Pro Ser Ser
 245 250

<210> 17
 <211> 1602
 <212> DNA
 <213> Feline herpesvirus 1

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1602)

<400> 17
 atg aga cga tat agg atg gga cgc gga atc tac ctt ctc tat atc tgt 48
 Met Arg Arg Tyr Arg Met Gly Arg Gly Ile Tyr Leu Leu Tyr Ile Cys
 1 5 10 15
 ctg tta tat aca tat ctc cag ttt ggt act tcg tcg aca acc gcg gtc 96
 Leu Leu Tyr Thr Tyr Leu Gln Phe Gly Thr Ser Ser Thr Thr Ala Val
 20 25 30
 agt att gaa aat agt gat aat agt act gcg gag atg tta tca tct acc 144
 Ser Ile Glu Asn Ser Asp Asn Ser Thr Ala Glu Met Leu Ser Ser Thr
 35 40 45
 agc atg tcc gct acc acc ccg ata tcc cag cca aca tct cca ttc act 192
 Ser Met Ser Ala Thr Thr Pro Ile Ser Gln Pro Thr Ser Pro Phe Thr
 50 55 60
 act cca act aga aga tct aca aat ata gct aca agt tcg agt acc acc 240
 Thr Pro Thr Arg Arg Ser Thr Asn Ile Ala Thr Ser Ser Ser Thr Thr
 65 70 75 80
 cag gca tcc cag cca aca tct aca tta act act cta act aga agc tcg 288
 Gln Ala Ser Gln Pro Thr Ser Thr Leu Thr Thr Leu Thr Arg Ser Ser
 85 90 95
 aca act ata gct aca agt ccg agt acc acc cag gca gcc aca ttc ata 336
 Thr Thr Ile Ala Thr Ser Pro Ser Thr Thr Gln Ala Ala Thr Phe Ile
 100 105 110
 gga tca tct acc gat tcc aat acc act tta ctc aaa aca aca aaa aaa 384
 Gly Ser Ser Thr Asp Ser Asn Thr Thr Leu Leu Lys Thr Thr Lys Lys
 115 120 125
 cca aag cgt aaa aag aat aag aat aac ggg gcc aga ttt aaa tta tat 432

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

370	375	380	
aga ttc acg aaa agt gta gcc ccg gac gtc tat tac cca cct act gtg			1200
Arg Phe Thr Lys Ser Val Ala Pro Asp Val Tyr Tyr Pro Pro Thr Val			
385	390	395	400
tct gtt acc ttc gct gat aca cgg gct ata tgt gat gtt aaa tgt gta			1248
Ser Val Thr Phe Ala Asp Thr Arg Ala Ile Cys Asp Val Lys Cys Val			
	405	410	415
cca cgg gac ggg ata tcc ttg atg tgg aaa att ggt aac tac cat cta			1296
Pro Arg Asp Gly Ile Ser Leu Met Trp Lys Ile Gly Asn Tyr His Leu			
	420	425	430
cca aaa gca atg agt gct gat ata ctg atc aca ggt ccg tgt ata gaa			1344
Pro Lys Ala Met Ser Ala Asp Ile Leu Ile Thr Gly Pro Cys Ile Glu			
	435	440	445
cgt cca ggt ttg gtc aac att cag agt atg tgt gat ata tca gaa acg			1392
Arg Pro Gly Leu Val Asn Ile Gln Ser Met Cys Asp Ile Ser Glu Thr			
	450	455	460
gat gga ccc gtg agt tat acc tgt cag acc atc gga tac cca cca att			1440
Asp Gly Pro Val Ser Tyr Thr Cys Gln Thr Ile Gly Tyr Pro Pro Ile			
465	470	475	480
cta ccg gga ttt tac gac aca caa gtc tac gac gcg tcc cct gaa atc			1488
Leu Pro Gly Phe Tyr Asp Thr Gln Val Tyr Asp Ala Ser Pro Glu Ile			
	485	490	495
gtc agt gaa tca atg ttg gtt agt gtc gtt gct gta ata cta gga gct			1536
Val Ser Glu Ser Met Leu Val Ser Val Val Ala Val Ile Leu Gly Ala			
	500	505	510
gtt ctc atc aca gtc ttt atc ttt att acg gca tta tgt tta tat tat			1584
Val Leu Ile Thr Val Phe Ile Phe Ile Thr Ala Leu Cys Leu Tyr Tyr			
	515	520	525
tct cat ccc cgg cga tta			1602
Ser His Pro Arg Arg Leu			
530			
<210> 18			
<211> 534			
<212> PRT			
<213> Feline herpesvirus 1			
<400> 18			
Met Arg Arg Tyr Arg Met Gly Arg Gly Ile Tyr Leu Leu Tyr Ile Cys			
1	5	10	15
Leu Leu Tyr Thr Tyr Leu Gln Phe Gly Thr Ser Ser Thr Thr Ala Val			
	20	25	30
Ser Ile Glu Asn Ser Asp Asn Ser Thr Ala Glu Met Leu Ser Ser Thr			
	35	40	45
Ser Met Ser Ala Thr Thr Pro Ile Ser Gln Pro Thr Ser Pro Phe Thr			
50	55	60	

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

```

385              390              395              400
Ser Val Thr Phe Ala Asp Thr Arg Ala Ile Cys Asp Val Lys Cys Val
              405              410              415
Pro Arg Asp Gly Ile Ser Leu Met Trp Lys Ile Gly Asn Tyr His Leu
              420              425              430
Pro Lys Ala Met Ser Ala Asp Ile Leu Ile Thr Gly Pro Cys Ile Glu
              435              440              445
Arg Pro Gly Leu Val Asn Ile Gln Ser Met Cys Asp Ile Ser Glu Thr
              450              455              460
Asp Gly Pro Val Ser Tyr Thr Cys Gln Thr Ile Gly Tyr Pro Pro Ile
465              470              475              480
Leu Pro Gly Phe Tyr Asp Thr Gln Val Tyr Asp Ala Ser Pro Glu Ile
              485              490              495
Val Ser Glu Ser Met Leu Val Ser Val Val Ala Val Ile Leu Gly Ala
              500              505              510
Val Leu Ile Thr Val Phe Ile Phe Ile Thr Ala Leu Cys Leu Tyr Tyr
              515              520              525
Ser His Pro Arg Arg Leu
              530

```

```

<210> 19
<211> 1401
<212> DNA
<213> Feline herpesvirus 1

```

```

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1401)

```

```

<400> 19
agt att gaa aat agt gat aat agt act gcg gag atg tta tca tct acc 48
Ser Ile Glu Asn Ser Asp Asn Ser Thr Ala Glu Met Leu Ser Ser Thr
   1             5             10             15
agc atg tcc gct acc acc ccg ata tcc cag cca aca tct cca ttc act 96
Ser Met Ser Ala Thr Thr Pro Ile Ser Gln Pro Thr Ser Pro Phe Thr
              20             25             30
act cca act aga aga tct aca aat ata gct aca agt tcg agt acc acc 144
Thr Pro Thr Arg Arg Ser Thr Asn Ile Ala Thr Ser Ser Ser Thr Thr
              35             40             45
cag gca tcc cag cca aca tct aca tta act act cta act aga agc tcg 192
Gln Ala Ser Gln Pro Thr Ser Thr Leu Thr Thr Leu Thr Arg Ser Ser
              50             55             60
aca act ata gct aca agt ccg agt acc acc cag gca gcc aca ttc ata 240
Thr Thr Ile Ala Thr Ser Pro Ser Thr Thr Gln Ala Ala Thr Phe Ile
              65             70             75             80

```

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

Ser Ser Val Leu Ala Ile Pro Thr Thr Glu Thr Asp Ser Glu Lys Pro
 325 330 335
 gat ata cga tgt gat ttg gaa tgg cat gaa agt cct gtg tcc tat aag 1056
 Asp Ile Arg Cys Asp Leu Glu Trp His Glu Ser Pro Val Ser Tyr Lys
 340 345 350
 aga ttc acg aaa agt gta gcc ccg gac gtc tat tac cca cct act gtg 1104
 Arg Phe Thr Lys Ser Val Ala Pro Asp Val Tyr Tyr Pro Pro Thr Val
 355 360 365
 tct gtt acc ttc gct gat aca cgg gct ata tgt gat gtt aaa tgt gta 1152
 Ser Val Thr Phe Ala Asp Thr Arg Ala Ile Cys Asp Val Lys Cys Val
 370 375 380
 cca cgg gac ggg ata tcc ttg atg tgg aaa att ggt aac tac cat cta 1200
 Pro Arg Asp Gly Ile Ser Leu Met Trp Lys Ile Gly Asn Tyr His Leu
 385 390 395 400
 cca aaa gca atg agt gct gat ata ctg atc aca ggt ccg tgt ata gaa 1248
 Pro Lys Ala Met Ser Ala Asp Ile Leu Ile Thr Gly Pro Cys Ile Glu
 405 410 415
 cgt cca ggt ttg gtc aac att cag agt atg tgt gat ata tca gaa acg 1296
 Arg Pro Gly Leu Val Asn Ile Gln Ser Met Cys Asp Ile Ser Glu Thr
 420 425 430
 gat gga ccc gtg agt tat acc tgt cag acc atc gga tac cca cca att 1344
 Asp Gly Pro Val Ser Tyr Thr Cys Gln Thr Ile Gly Tyr Pro Pro Ile
 435 440 445
 cta ccg gga ttt tac gac aca caa gtc tac gac gcg tcc cct gaa atc 1392
 Leu Pro Gly Phe Tyr Asp Thr Gln Val Tyr Asp Ala Ser Pro Glu Ile
 450 455 460
 gtc agt gaa 1401
 Val Ser Glu
 465
 <210> 20
 <211> 467
 <212> PRT
 <213> Feline herpesvirus 1
 <400> 20
 Ser Ile Glu Asn Ser Asp Asn Ser Thr Ala Glu Met Leu Ser Ser Thr
 1 5 10 15
 Ser Met Ser Ala Thr Thr Pro Ile Ser Gln Pro Thr Ser Pro Phe Thr
 20 25 30
 Thr Pro Thr Arg Arg Ser Thr Asn Ile Ala Thr Ser Ser Ser Thr Thr
 35 40 45
 Gln Ala Ser Gln Pro Thr Ser Thr Leu Thr Thr Leu Thr Arg Ser Ser
 50 55 60
 Thr Thr Ile Ala Thr Ser Pro Ser Thr Thr Gln Ala Ala Thr Phe Ile
 65 70 75 80

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

405	410	415	
Arg Pro Gly Leu Val Asn Ile Gln Ser Met Cys Asp Ile Ser Glu Thr			
420	425	430	
Asp Gly Pro Val Ser Tyr Thr Cys Gln Thr Ile Gly Tyr Pro Pro Ile			
435	440	445	
Leu Pro Gly Phe Tyr Asp Thr Gln Val Tyr Asp Ala Ser Pro Glu Ile			
450	455	460	
Val Ser Glu			
465			
<210> 21			
<211> 1401			
<212> DNA			
<213> Feline herpesvirus 1			
<220>			
<221> CDS			
<222> (1)..(1401)			
<400> 21			
atg tcc atc gaa aac agc gat aat agt act gcg gag atg tta tca tct	48		
Met Ser Ile Glu Asn Ser Asp Asn Ser Thr Ala Glu Met Leu Ser Ser			
1 5 10 15			
acc agc atg tcc gct acc acc ccg ata tcc cag cca aca tct cca ttc	96		
Thr Ser Met Ser Ala Thr Thr Pro Ile Ser Gln Pro Thr Ser Pro Phe			
20 25 30			
act act cca act cgt cgc tct aca aat ata gct aca tcc tct tcc acc	144		
Thr Thr Pro Thr Arg Arg Ser Thr Asn Ile Ala Thr Ser Ser Thr			
35 40 45			
acc cag gca tcc cag cca aca tct aca tta act act cta act aga agc	192		
Thr Gln Ala Ser Gln Pro Thr Ser Thr Leu Thr Thr Leu Thr Arg Ser			
50 55 60			
tcg aca act ata gct aca agt ccg agt acc acc cag gca gcc aca ttc	240		
Ser Thr Thr Ile Ala Thr Ser Pro Ser Thr Thr Gln Ala Ala Thr Phe			
65 70 75 80			
ata gga tca tct acc gat tcc aat acc act tta ctc aaa aca aca aaa	288		
Ile Gly Ser Ser Thr Asp Ser Asn Thr Thr Leu Leu Lys Thr Thr Lys			
85 90 95			
aaa cca aag cgt aaa aag aat aag aat aac ggg gcc aga ttt aaa tta	336		
Lys Pro Lys Arg Lys Lys Asn Lys Asn Asn Gly Ala Arg Phe Lys Leu			
100 105 110			
gat tgt gga tat aag ggg gtt atc tac aga ccg tat ttt agc cct ctt	384		
Asp Cys Gly Tyr Lys Gly Val Ile Tyr Arg Pro Tyr Phe Ser Pro Leu			
115 120 125			
cag cta aac tgt act cta ccc aca gaa cct cat att acc aac cct att	432		
Gln Leu Asn Cys Thr Leu Pro Thr Glu Pro His Ile Thr Asn Pro Ile			
130 135 140			

gac ttc gag atc tgg ttt aaa cca cgc acc aga ttt ggg gat ttt ctt Asp Phe Glu Ile Trp Phe Lys Pro Arg Thr Arg Phe Gly Asp Phe Leu 145 150 155 160	480
ggg gat aaa gaa gac ttc gta ggg aat cat acc cgc acc agc ata tta Gly Asp Lys Glu Asp Phe Val Gly Asn His Thr Arg Thr Ser Ile Leu 165 170 175	528
cta ttt agc agc cgt aat ggg agt gtt aat tcc atg gat ctt ggg gac Leu Phe Ser Ser Arg Asn Gly Ser Val Asn Ser Met Asp Leu Gly Asp 180 185 190	576
gcg aca ctc ggg atc cta caa tct agg ata cca gat tac aca tta tat Ala Thr Leu Gly Ile Leu Gln Ser Arg Ile Pro Asp Tyr Thr Leu Tyr 195 200 205	624
aat att ccc ata caa cat acc gaa gcg atg tca ttg gga atc aaa tct Asn Ile Pro Ile Gln His Thr Glu Ala Met Ser Leu Gly Ile Lys Ser 210 215 220	672
gtg gaa tct gcc act tct ggt gtt tat aca tgg cgt gtc tat ggt gga Val Glu Ser Ala Thr Ser Gly Val Tyr Thr Trp Arg Val Tyr Gly Gly 225 230 235 240	720
gat ggt ctg aac aaa aca gtg ctg ggt cag gta aat gta tct gta gtg Asp Gly Leu Asn Lys Thr Val Leu Gly Gln Val Asn Val Ser Val Val 245 250 255	768
gca tat cac ccc ccg agc gta aat ctt aca cca cgc gcc agt cta ttt Ala Tyr His Pro Pro Ser Val Asn Leu Thr Pro Arg Ala Ser Leu Phe 260 265 270	816
aat aag acc ttt gag gcg gta tgt gca gtg gcg aat tac ttc ccc ccg Asn Lys Thr Phe Glu Ala Val Cys Ala Val Ala Asn Tyr Phe Pro Pro 275 280 285	864
cga tcc acg aaa cta aca tgg tat ctt gac ggg aag cca ata gaa agg Arg Ser Thr Lys Leu Thr Trp Tyr Leu Asp Gly Lys Pro Ile Glu Arg 290 295 300	912
caa tac att tca gat acg gca agt gta tgg ata gat gga ctc atc acc Gln Tyr Ile Ser Asp Thr Ala Ser Val Trp Ile Asp Gly Leu Ile Thr 305 310 315 320	960
aga agt tct gtg ttg gct att ccg aca act gaa aca gat tcc gag aaa Arg Ser Ser Val Leu Ala Ile Pro Thr Thr Glu Thr Asp Ser Glu Lys 325 330 335	1008
cca gat ata cga tgt gat ttg gaa tgg cat gaa agt cct gtg tcc tat Pro Asp Ile Arg Cys Asp Leu Glu Trp His Glu Ser Pro Val Ser Tyr 340 345 350	1056
aag aga ttc acg aaa agt gta gcc ccg gac gtc tat tac cca cct act Lys Arg Phe Thr Lys Ser Val Ala Pro Asp Val Tyr Tyr Pro Pro Thr 355 360 365	1104
gtg tct gtt acc ttc gct gat aca cgg gct ata tgt gat gtt aaa tgt Val Ser Val Thr Phe Ala Asp Thr Arg Ala Ile Cys Asp Val Lys Cys 370 375 380	1152

```

gta cca cgg gac ggg ata tcc ttg atg tgg aaa att ggt aac tac cat 1200
Val Pro Arg Asp Gly Ile Ser Leu Met Trp Lys Ile Gly Asn Tyr His
385          390          395          400

cta cca aaa gca atg agt gct gat ata ctg atc aca ggt ccg tgt ata 1248
Leu Pro Lys Ala Met Ser Ala Asp Ile Leu Ile Thr Gly Pro Cys Ile
          405          410          415

gaa cgt cca ggt ttg gtc aac att cag agt atg tgt gat ata tca gaa 1296
Glu Arg Pro Gly Leu Val Asn Ile Gln Ser Met Cys Asp Ile Ser Glu
          420          425          430

acg gat gga ccc gtg agt tat acc tgt cag acc atc gga tac cca cca 1344
Thr Asp Gly Pro Val Ser Tyr Thr Cys Gln Thr Ile Gly Tyr Pro Pro
          435          440          445

att cta ccg gga ttt tac gac aca caa gtc tac gac gcg tcc cct gaa 1392
Ile Leu Pro Gly Phe Tyr Asp Thr Gln Val Tyr Asp Ala Ser Pro Glu
          450          455          460

atc gtc tcc 1401
Ile Val Ser
465

<210> 22
<211> 467
<212> PRT
<213> Feline herpesvirus 1

<400> 22
Met Ser Ile Glu Asn Ser Asp Asn Ser Thr Ala Glu Met Leu Ser Ser
 1          5          10          15

Thr Ser Met Ser Ala Thr Thr Pro Ile Ser Gln Pro Thr Ser Pro Phe
          20          25          30

Thr Thr Pro Thr Arg Arg Ser Thr Asn Ile Ala Thr Ser Ser Ser Thr
          35          40          45

Thr Gln Ala Ser Gln Pro Thr Ser Thr Leu Thr Thr Leu Thr Arg Ser
          50          55          60

Ser Thr Thr Ile Ala Thr Ser Pro Ser Thr Thr Gln Ala Ala Thr Phe
          65          70          75          80

Ile Gly Ser Ser Thr Asp Ser Asn Thr Thr Leu Leu Lys Thr Thr Lys
          85          90          95

Lys Pro Lys Arg Lys Lys Asn Lys Asn Asn Gly Ala Arg Phe Lys Leu
          100          105          110

Asp Cys Gly Tyr Lys Gly Val Ile Tyr Arg Pro Tyr Phe Ser Pro Leu
          115          120          125

Gln Leu Asn Cys Thr Leu Pro Thr Glu Pro His Ile Thr Asn Pro Ile
          130          135          140

Asp Phe Glu Ile Trp Phe Lys Pro Arg Thr Arg Phe Gly Asp Phe Leu
          145          150          155          160

```

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

```

<210> 23
<211> 1122
<212> DNA
<213> Feline herpesvirus 1

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1122)

<400> 23
atg atg aca cgt cta cat ttt tgg tgg tgt gga atc ttt gcg gtc ctg 48
Met Met Thr Arg Leu His Phe Trp Trp Cys Gly Ile Phe Ala Val Leu
1 5 10 15

aaa tat ctg gta tgt act tca agc ctt acg acc acg cca aaa aca act 96
Lys Tyr Leu Val Cys Thr Ser Ser Leu Thr Thr Thr Pro Lys Thr Thr
20 25 30

acg gtt tat gtg aag gga ttt aat ata cct cca cta cgc tac aat tat 144
Thr Val Tyr Val Lys Gly Phe Asn Ile Pro Pro Leu Arg Tyr Asn Tyr
35 40 45

act caa gcc aga atc gtg cca aaa att ccc cag gcg atg gat ccg aag 192
Thr Gln Ala Arg Ile Val Pro Lys Ile Pro Gln Ala Met Asp Pro Lys
50 55 60

ata aca gct gaa gta cgt tat gta aca tca atg gat tca tgt ggg atg 240
Ile Thr Ala Glu Val Arg Tyr Val Thr Ser Met Asp Ser Cys Gly Met
65 70 75 80

gtg gca ttg ata tca gag ccg gat ata gac gct act att cga acc ata 288
Val Ala Leu Ile Ser Glu Pro Asp Ile Asp Ala Thr Ile Arg Thr Ile
85 90 95

caa cta tct caa aaa aaa aca tat aac gcg act ata agt tgg ttt aag 336
Gln Leu Ser Gln Lys Lys Thr Tyr Asn Ala Thr Ile Ser Trp Phe Lys
100 105 110

gta acc cag ggt tgt gaa tac cct atg ttt ctt atg gat atg aga ctt 384
Val Thr Gln Gly Cys Glu Tyr Pro Met Phe Leu Met Asp Met Arg Leu
115 120 125

tgt gat cct aaa cgg gaa ttt gga ata tgt gct tta cgg tcg cct tca 432
Cys Asp Pro Lys Arg Glu Phe Gly Ile Cys Ala Leu Arg Ser Pro Ser
130 135 140

tat tgg ttg gaa cct tta aca aag tat atg ttc cta aca gac gat gaa 480
Tyr Trp Leu Glu Pro Leu Thr Lys Tyr Met Phe Leu Thr Asp Asp Glu
145 150 155 160

ctg ggt ttg att atg atg gcc ccg gcc caa ttt aat caa gga caa tat 528
Leu Gly Leu Ile Met Met Ala Pro Ala Gln Phe Asn Gln Gly Gln Tyr
165 170 175

cga aga gtt ata acc atc gat ggt tcc atg ttt tat aca gat ttt atg 576
Arg Arg Val Ile Thr Ile Asp Gly Ser Met Phe Tyr Thr Asp Phe Met
180 185 190

gta caa cta tct cca acg cca tgt tgg ttc gca aaa ccc gat aga tac 624
Val Gln Leu Ser Pro Thr Pro Cys Trp Phe Ala Lys Pro Asp Arg Tyr

```

195	200	205	
gaa gag att cta cat gaa tgg tgt cga aat gtt aaa act att ggc ctt Glu Glu Ile Leu His Glu Trp Cys Arg Asn Val Lys Thr Ile Gly Leu 210 215 220			672
gat gga gct cgt gat tac cac tat tat tgg gta ccc tat aac cca caa Asp Gly Ala Arg Asp Tyr His Tyr Trp Val Pro Tyr Asn Pro Gln 225 230 235 240			720
cct cac cat aaa gcc gta ctc tta tat tgg tat cgg act cat ggc cga Pro His His Lys Ala Val Leu Leu Tyr Trp Tyr Arg Thr His Gly Arg 245 250 255			768
gaa ccc cca gta aga ttc caa gag gcc att cga tat gat cgt ccc gcc Glu Pro Pro Val Arg Phe Gln Glu Ala Ile Arg Tyr Asp Arg Pro Ala 260 265 270			816
ata ccg tct ggg agt gag gat tcg aaa cgg tcc aac gac tct aga gga Ile Pro Ser Gly Ser Glu Asp Ser Lys Arg Ser Asn Asp Ser Arg Gly 275 280 285			864
gaa tcg agt gga ccc aat tgg ata gac att gaa aat tac act cct aaa Glu Ser Ser Gly Pro Asn Trp Ile Asp Ile Glu Asn Tyr Thr Pro Lys 290 295 300			912
aat aat gtg cct att ata ata tct gac gat gac gtt cct aca gcc cct Asn Asn Val Pro Ile Ile Ile Ser Asp Asp Asp Val Pro Thr Ala Pro 305 310 315 320			960
ccc aag ggc atg aat aat cag tca gta gtg ata ccc gca atc gta cta Pro Lys Gly Met Asn Asn Gln Ser Val Val Ile Pro Ala Ile Val Leu 325 330 335			1008
agt tgt ctt ata ata gca ctg att cta gga gtg ata tat tat att ttg Ser Cys Leu Ile Ile Ala Leu Ile Leu Gly Val Ile Tyr Tyr Ile Leu 340 345 350			1056
agg gta aag agg tct cga tca act gca tat caa caa ctt cct ata ata Arg Val Lys Arg Ser Arg Ser Thr Ala Tyr Gln Gln Leu Pro Ile Ile 355 360 365			1104
cat aca act cac cat cct His Thr Thr His His Pro 370			1122

<210> 24
 <211> 374
 <212> PRT
 <213> Feline herpesvirus 1

<400> 24
 Met Met Thr Arg Leu His Phe Trp Trp Cys Gly Ile Phe Ala Val Leu
 1 5 10 15
 Lys Tyr Leu Val Cys Thr Ser Ser Leu Thr Thr Thr Pro Lys Thr Thr
 20 25 30
 Thr Val Tyr Val Lys Gly Phe Asn Ile Pro Pro Leu Arg Tyr Asn Tyr
 35 40 45

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

His Thr Thr His His Pro
370

<210> 25
<211> 900
<212> DNA
<213> Feline herpesvirus 1

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(900)

<400> 25
cca aaa aca act acg gtt tat gtg aag gga ttt aat ata cct cca cta 48
Pro Lys Thr Thr Val Tyr Val Lys Gly Phe Asn Ile Pro Pro Leu
1 5 10 15

cgc tac aat tat act caa gcc aga atc gtg cca aaa att ccc cag gcg 96
Arg Tyr Asn Thr Thr Gln Ala Arg Ile Val Pro Lys Ile Pro Gln Ala
20 25 30

atg gat ccg aag ata aca gct gaa gta cgt tat gta aca tca atg gat 144
Met Asp Pro Lys Ile Thr Ala Glu Val Arg Tyr Val Thr Ser Met Asp
35 40 45

tca tgt ggg atg gtg gca ttg ata tca gag ccg gat ata gac gct act 192
Ser Cys Gly Met Val Ala Leu Ile Ser Glu Pro Asp Ile Asp Ala Thr
50 55 60

att cga acc ata caa cta tct caa aaa aaa aca tat aac gcg act ata 240
Ile Arg Thr Ile Gln Leu Ser Gln Lys Lys Thr Tyr Asn Ala Thr Ile
65 70 75 80

agt tgg ttt aag gta acc cag ggt tgt gaa tac cct atg ttt ctt atg 288
Ser Trp Phe Lys Val Thr Gln Gly Cys Glu Tyr Pro Met Phe Leu Met
85 90 95

gat atg aga ctt tgt gat cct aaa cgg gaa ttt gga ata tgt gct tta 336
Asp Met Arg Leu Cys Asp Pro Lys Arg Glu Phe Gly Ile Cys Ala Leu
100 105 110

cgg tcg cct tca tat tgg ttg gaa cct tta aca aag tat atg ttc cta 384
Arg Ser Pro Ser Tyr Trp Leu Glu Pro Leu Thr Lys Tyr Met Phe Leu
115 120 125

aca gac gat gaa ctg ggt ttg att atg atg gcc ccg gcc caa ttt aat 432
Thr Asp Asp Glu Leu Gly Leu Ile Met Met Ala Pro Ala Gln Phe Asn
130 135 140

caa gga caa tat cga aga gtt ata acc atc gat ggt tcc atg ttt tat 480
Gln Gly Gln Tyr Arg Arg Val Ile Thr Ile Asp Gly Ser Met Phe Tyr
145 150 155 160

aca gat ttt atg gta caa cta tct cca acg cca tgt tgg ttc gca aaa 528
Thr Asp Phe Met Val Gln Leu Ser Pro Thr Pro Cys Trp Phe Ala Lys
165 170 175

ccc gat aga tac gaa gag att cta cat gaa tgg tgt cga aat gtt aaa 576
Pro Asp Arg Tyr Glu Glu Ile Leu His Glu Trp Cys Arg Asn Val Lys

180	185	190	
act att ggc ctt gat gga gct cgt gat tac cac tat tat tgg gta ccc			624
Thr Ile Gly Leu Asp Gly Ala Arg Asp Tyr His Tyr Tyr Trp Val Pro			
195	200	205	
tat aac cca caa cct cac cat aaa gcc gta ctc tta tat tgg tat cgg			672
Tyr Asn Pro Gln Pro His His Lys Ala Val Leu Leu Tyr Trp Tyr Arg			
210	215	220	
act cat ggc cga gaa ccc cca gta aga ttc caa gag gcc att cga tat			720
Thr His Gly Arg Glu Pro Pro Val Arg Phe Gln Glu Ala Ile Arg Tyr			
225	230	235	240
gat cgt ccc gcc ata ccg tct ggg agt gag gat tcg aaa cgg tcc aac			768
Asp Arg Pro Ala Ile Pro Ser Gly Ser Glu Asp Ser Lys Arg Ser Asn			
245	250	255	
gac tct aga gga gaa tcg agt gga ccc aat tgg ata gac att gaa aat			816
Asp Ser Arg Gly Glu Ser Ser Gly Pro Asn Trp Ile Asp Ile Glu Asn			
260	265	270	
tac act cct aaa aat aat gtg cct att ata ata tct gac gat gac gtt			864
Tyr Thr Pro Lys Asn Asn Val Pro Ile Ile Ile Ser Asp Asp Asp Val			
275	280	285	
cct aca gcc cct ccc aag ggc atg aat aat cag tca			900
Pro Thr Ala Pro Pro Lys Gly Met Asn Asn Gln Ser			
290	295	300	

<210> 26
 <211> 300
 <212> PRT
 <213> Feline herpesvirus 1

<400> 26
 Pro Lys Thr Thr Thr Val Tyr Val Lys Gly Phe Asn Ile Pro Pro Leu
 1 5 10 15
 Arg Tyr Asn Tyr Thr Gln Ala Arg Ile Val Pro Lys Ile Pro Gln Ala
 20 25 30
 Met Asp Pro Lys Ile Thr Ala Glu Val Arg Tyr Val Thr Ser Met Asp
 35 40 45
 Ser Cys Gly Met Val Ala Leu Ile Ser Glu Pro Asp Ile Asp Ala Thr
 50 55 60
 Ile Arg Thr Ile Gln Leu Ser Gln Lys Lys Thr Tyr Asn Ala Thr Ile
 65 70 75 80
 Ser Trp Phe Lys Val Thr Gln Gly Cys Glu Tyr Pro Met Phe Leu Met
 85 90 95
 Asp Met Arg Leu Cys Asp Pro Lys Arg Glu Phe Gly Ile Cys Ala Leu
 100 105 110
 Arg Ser Pro Ser Tyr Trp Leu Glu Pro Leu Thr Lys Tyr Met Phe Leu
 115 120 125

Thr Asp Asp Glu Leu Gly Leu Ile Met Met Ala Pro Ala Gln Phe Asn
 130 135 140
 Gln Gly Gln Tyr Arg Arg Val Ile Thr Ile Asp Gly Ser Met Phe Tyr
 145 150 155 160
 Thr Asp Phe Met Val Gln Leu Ser Pro Thr Pro Cys Trp Phe Ala Lys
 165 170 175
 Pro Asp Arg Tyr Glu Glu Ile Leu His Glu Trp Cys Arg Asn Val Lys
 180 185 190
 Thr Ile Gly Leu Asp Gly Ala Arg Asp Tyr His Tyr Tyr Trp Val Pro
 195 200 205
 Tyr Asn Pro Gln Pro His His Lys Ala Val Leu Leu Tyr Trp Tyr Arg
 210 215 220
 Thr His Gly Arg Glu Pro Pro Val Arg Phe Gln Glu Ala Ile Arg Tyr
 225 230 235 240
 Asp Arg Pro Ala Ile Pro Ser Gly Ser Glu Asp Ser Lys Arg Ser Asn
 245 250 255
 Asp Ser Arg Gly Glu Ser Ser Gly Pro Asn Trp Ile Asp Ile Glu Asn
 260 265 270
 Tyr Thr Pro Lys Asn Asn Val Pro Ile Ile Ile Ser Asp Asp Asp Val
 275 280 285
 Pro Thr Ala Pro Pro Lys Gly Met Asn Asn Gln Ser
 290 295 300

<210> 27
 <211> 759
 <212> DNA
 <213> Feline leukemia virus

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(759)

<400> 27
 atg ccg ctg cgt gaa ggt ccg aac aac cgt ccc cag tat tgg cca ttc 48
 Met Pro Leu Arg Glu Gly Pro Asn Asn Arg Pro Gln Tyr Trp Pro Phe
 1 5 10 15
 tca gct tca gac ctg tat aac tgg aag tcg cat aac ccc cct ttc tcc 96
 Ser Ala Ser Asp Leu Tyr Asn Trp Lys Ser His Asn Pro Pro Phe Ser
 20 25 30
 caa gac ccc gtg gcc cta act aac cta att gag tcc att tta gtg acg 144
 Gln Asp Pro Val Ala Leu Thr Asn Leu Ile Glu Ser Ile Leu Val Thr
 35 40 45
 cat caa cca acc tgg gac gac tgc cag caa ctc ttg cag gca ctc ctg 192
 His Gln Pro Thr Trp Asp Asp Cys Gln Gln Leu Leu Gln Ala Leu Leu
 50 55 60

```

aca ggc gaa gaa agg caa agg gtc ctt ctt gag gcc cga aag cag gtt 240
Thr Gly Glu Glu Arg Gln Arg Val Leu Leu Glu Ala Arg Lys Gln Val
65 70 75 80

cca ggc gag gac gga cgg cca acc cag ctg ccc aat gtc att gac gaa 288
Pro Gly Glu Asp Gly Arg Pro Thr Gln Leu Pro Asn Val Ile Asp Glu
85 90 95

gct ttc ccc ttg acc cgt ccc aac tgg gat ttt gct acg ccg gca ggt 336
Ala Phe Pro Leu Thr Arg Pro Asn Trp Asp Phe Ala Thr Pro Ala Gly
100 105 110

agg gag cac cta cgc ctt tat cgc cag ttg ctg tta gcg ggt ctc cgc 384
Arg Glu His Leu Arg Leu Tyr Arg Gln Leu Leu Leu Ala Gly Leu Arg
115 120 125

ggg gct gca aga cgc ccc act aat ttg gca cag gta aag caa gtt gta 432
Gly Ala Ala Arg Arg Pro Thr Asn Leu Ala Gln Val Lys Gln Val Val
130 135 140

caa ggg aaa gag gaa acg cca gcc tca ttc tta gaa aga tta aaa gag 480
Gln Gly Lys Glu Glu Thr Pro Ala Ser Phe Leu Glu Arg Leu Lys Glu
145 150 155 160

gct tac aga atg tat act ccc tat gac cct gag gac cca ggg cag gct 528
Ala Tyr Arg Met Tyr Thr Pro Tyr Asp Pro Glu Asp Pro Gly Gln Ala
165 170 175

gct agt gtt atc ctg tcc ttt atc tac cag tct agc ccg gac ata aga 576
Ala Ser Val Ile Leu Ser Phe Ile Tyr Gln Ser Ser Pro Asp Ile Arg
180 185 190

aat aag tta caa agg cta gaa ggc cta cag ggg ttc aca ctg tct gat 624
Asn Lys Leu Gln Arg Leu Glu Gly Leu Gln Gly Phe Thr Leu Ser Asp
195 200 205

ttg cta aaa gag gca gaa aag ata tac aac aaa agg gag acc cca gag 672
Leu Leu Lys Glu Ala Glu Lys Ile Tyr Asn Lys Arg Glu Thr Pro Glu
210 215 220

gaa agg gaa gaa aga tta tgg cag cgg cag gaa gaa aga gat aaa aag 720
Glu Arg Glu Glu Arg Leu Trp Gln Arg Gln Glu Glu Arg Asp Lys Lys
225 230 235 240

cgc cat aag gag atg act aag gtc tgt gag aat tct agc 759
Arg His Lys Glu Met Thr Lys Val Cys Glu Asn Ser Ser
245 250

```

<210> 28

<211> 253

<212> PRT

<213> Feline leukemia virus

<400> 28

```

Met Pro Leu Arg Glu Gly Pro Asn Asn Arg Pro Gln Tyr Trp Pro Phe
1 5 10 15

```

```

Ser Ala Ser Asp Leu Tyr Asn Trp Lys Ser His Asn Pro Pro Phe Ser
20 25 30

```

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

<210> 29
 <211> 1830
 <212> DNA
 <213> Feline leukemia virus

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1830)

<400> 29
 atg gcc aat cct agt cca ccc caa atg tat aat gta act tgg gta ata 48
 Met Ala Asn Pro Ser Pro Pro Gln Met Tyr Asn Val Thr Trp Val Ile
 1 5 10 15
 acc aat gta caa acc aac acc caa gct aat gcc acc tct atg tta gga 96
 Thr Asn Val Gln Thr Asn Thr Gln Ala Asn Ala Thr Ser Met Leu Gly
 20 25 30

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

gac tgt tgg ctc tgc ctg gtt tct cga cca ccc tat tac gaa ggg att	864
Asp Cys Trp Leu Cys Leu Val Ser Arg Pro Pro Tyr Tyr Glu Gly Ile	
275 280 285	
gca atc tta ggt aac tac agc aac caa aca aac cct ccc cca tcc tgc	912
Ala Ile Leu Gly Asn Tyr Ser Asn Gln Thr Asn Pro Pro Pro Ser Cys	
290 295 300	
cta tct att ccg cca cac aag ctg acc ata tct aaa gta tca ggg caa	960
Leu Ser Ile Pro Pro His Lys Leu Thr Ile Ser Lys Val Ser Gly Gln	
305 310 315 320	
gga ctg tgc ata ggg act gtt cct aag acc cac cag gct ttg tgc aat	1008
Gly Leu Cys Ile Gly Thr Val Pro Lys Thr His Gln Ala Leu Cys Asn	
325 330 335	
aag acg cac cag gga cat aca ggg gcg gac tat cga gcc gcc ccg cgg	1056
Lys Thr His Gln Gly His Thr Gly Ala Asp Tyr Arg Ala Ala Pro Arg	
340 345 350	
tat cta gcc gcc ccc aat ggc acc tat tgg gcc tgt aac act gga ctc	1104
Tyr Leu Ala Ala Pro Asn Gly Thr Tyr Trp Ala Cys Asn Thr Gly Leu	
355 360 365	
acc cca tgc att tcc atg gcg gtg ctc aat ttg acc tct gat ttt tgt	1152
Thr Pro Cys Ile Ser Met Ala Val Leu Asn Leu Thr Ser Asp Phe Cys	
370 375 380	
gtc tta atc gaa tta tgg ccc aga gtg act tac cat caa ccc gaa tat	1200
Val Leu Ile Glu Leu Trp Pro Arg Val Thr Tyr His Gln Pro Glu Tyr	
385 390 395 400	
gtg tac aca cat ttt gcc aaa gct ggc agg ttc cga aga gaa cca ata	1248
Val Tyr Thr His Phe Ala Lys Ala Gly Arg Phe Arg Arg Glu Pro Ile	
405 410 415	
tca cta act gtt gcc ctc atg ttg gga gga ctc act gta ggg ggc ata	1296
Ser Leu Thr Val Ala Leu Met Leu Gly Gly Leu Thr Val Gly Gly Ile	
420 425 430	
gcc gcg ggg gtc gga aca ggg act aaa gcc ctc ctt gaa aca gcc cag	1344
Ala Ala Gly Val Gly Thr Gly Thr Lys Ala Leu Leu Glu Thr Ala Gln	
435 440 445	
ttc aga caa cta caa atg gcc atg cac aca gac atc cag gcc cta gaa	1392
Phe Arg Gln Leu Gln Met Ala Met His Thr Asp Ile Gln Ala Leu Glu	
450 455 460	
gag tca att agt gcc tta gaa aag tcc ctg acc tcc ctt tct gaa gta	1440
Glu Ser Ile Ser Ala Leu Glu Lys Ser Leu Thr Ser Leu Ser Glu Val	
465 470 475 480	
gtc tta caa aac aga cgg ggc cta gat att cta ttc cta caa gag gga	1488
Val Leu Gln Asn Arg Arg Gly Leu Asp Ile Leu Phe Leu Gln Glu Gly	
485 490 495	
ggg ctc tgt gcc gca tta aaa gaa gaa tgt tgc ttc tat gcg gat cac	1536
Gly Leu Cys Ala Ala Leu Lys Glu Glu Cys Cys Phe Tyr Ala Asp His	
500 505 510	
acc gga ctc gtc cga gac aat atg gct aaa tta aga gaa aga cta aaa	1584

Thr Gly Leu Val Arg Asp Asn Met Ala Lys Leu Arg Glu Arg Leu Lys
 515 520 525
 cag cgg caa caa ctg ttt gac tcc caa cag gga tgg ttt gaa gga tgg 1632
 Gln Arg Gln Gln Leu Phe Asp Ser Gln Gln Gly Trp Phe Glu Gly Trp
 530 535 540
 ttc aac agg tcc ccc tgg ttt aca acc cta att tcc tcc att atg ggc 1680
 Phe Asn Arg Ser Pro Trp Phe Thr Thr Leu Ile Ser Ser Ile Met Gly
 545 550 555 560
 ccc tta cta atc cta ctc cta att ctc ctc ttc ggc cca tac atc ctt 1728
 Pro Leu Leu Ile Leu Leu Ile Leu Leu Phe Gly Pro Tyr Ile Leu
 565 570 575
 aac aga tta gta caa ttc gta aaa gac aga ata tct gtg gta caa gcc 1776
 Asn Arg Leu Val Gln Phe Val Lys Asp Arg Ile Ser Val Val Gln Ala
 580 585 590
 tta att tta acc caa cag tac caa cag ata aag caa tac gat ccg gac 1824
 Leu Ile Leu Thr Gln Gln Tyr Gln Gln Ile Lys Gln Tyr Asp Pro Asp
 595 600 605
 cga cca 1830
 Arg Pro
 610
 <210> 30
 <211> 610
 <212> PRT
 <213> Feline leukemia virus
 <400> 30
 Met Ala Asn Pro Ser Pro Pro Gln Met Tyr Asn Val Thr Trp Val Ile
 1 5 10 15
 Thr Asn Val Gln Thr Asn Thr Gln Ala Asn Ala Thr Ser Met Leu Gly
 20 25 30
 Thr Leu Thr Asp Val Tyr Pro Thr Leu His Val Asp Leu Cys Asp Leu
 35 40 45
 Val Gly Asp Thr Trp Glu Pro Met Val Leu Ser Pro Thr Gly Tyr Pro
 50 55 60
 Pro Ser Lys Tyr Gly Cys Lys Thr Thr Asp Arg Lys Lys Gln Gln Gln
 65 70 75 80
 Thr Tyr Pro Phe Tyr Val Cys Pro Gly His Arg Pro Ser Leu Gly Pro
 85 90 95
 Lys Gly Thr His Cys Gly Gly Ala Gln Asp Gly Phe Cys Ala Ala Trp
 100 105 110
 Gly Cys Glu Thr Thr Gly Glu Ala Trp Trp Lys Pro Ser Ser Ser Trp
 115 120 125
 Asp Tyr Ile Thr Val Lys Arg Gly Ser Ser Gln Asn Asn Asn Cys Glu
 130 135 140

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

```
<210> 31
<211> 1833
<212> DNA
<213> Feline leukemia virus
```

```
<220>
<221> CDS
<222> (1) .. (1833)
```

<400>	31																	
atg	gag	cac	cta	cgc	ctt	tat	cgc	cag	ttg	ctg	tta	gcg	ggt	ctc	cgc	48		
Met	Glu	His	Leu	Arg	Leu	Tyr	Arg	Gln	Leu	Leu	Leu	Ala	Gly	Leu	Arg			
1				5					10					15				
ggg	gct	gca	aga	cac	ccc	act	aat	ttg	gca	cag	gtt	aag	caa	ttt	tta	96		
Gly	Ala	Ala	Arg	His	Pro	Thr	Asn	Leu	Ala	Gln	Val	Lys	Gln	Phe	Leu			
			20				25					30						
caa	ggg	aaa	gaa	gaa	acg	cca	gcc	tca	ttc	tta	gaa	aga	tta	aaa	gag	144		
Gln	Gly	Lys	Glu	Glu	Thr	Pro	Ala	Ser	Phe	Leu	Glu	Arg	Leu	Lys	Glu			
		35				40						45						
gct	tac	cga	atg	tat	act	ccc	tat	gac	cct	gag	gac	cca	ggg	cag	gct	192		
Ala	Tyr	Arg	Met	Tyr	Thr	Pro	Tyr	Asp	Pro	Glu	Asp	Pro	Gly	Gln	Ala			
	50				55				60									
gct	agt	gtt	atc	ctg	tcc	ttt	atc	tac	cag	tct	agc	ccg	gac	ata	aga	240		
Ala	Ser	Val	Ile	Leu	Ser	Phe	Ile	Tyr	Gln	Ser	Ser	Pro	Asp	Ile	Arg			
65				70					75				80					

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

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

565										570										575										
ttg acc tct gat ttt tgt gtc tta atc gaa tta tgg ccc aga gtg act	1776																													
Leu Thr Ser Asp Phe Cys Val Leu Ile Glu Leu Trp Pro Arg Val Thr																														
580 585 590																														
tac cat caa ccc gaa tat gtg tac aca cat ttt gcc aaa gct ggc agg	1824																													
Tyr His Gln Pro Glu Tyr Val Tyr Thr His Phe Ala Lys Ala Gly Arg																														
595 600 605																														
ttc cga aga	1833																													
Phe Arg Arg																														
610																														
<210> 32																														
<211> 611																														
<212> PRT																														
<213> Feline leukemia virus																														
<400> 32																														
Met Glu His Leu Arg Leu Tyr Arg Gln Leu Leu Leu Ala Gly Leu Arg																														
1 5 10 15																														
Gly Ala Ala Arg His Pro Thr Asn Leu Ala Gln Val Lys Gln Phe Leu																														
20 25 30																														
Gln Gly Lys Glu Glu Thr Pro Ala Ser Phe Leu Glu Arg Leu Lys Glu																														
35 40 45																														
Ala Tyr Arg Met Tyr Thr Pro Tyr Asp Pro Glu Asp Pro Gly Gln Ala																														
50 55 60																														
Ala Ser Val Ile Leu Ser Phe Ile Tyr Gln Ser Ser Pro Asp Ile Arg																														
65 70 75 80																														
Asn Lys Leu Gln Arg Leu Glu Gly Leu Gln Gly Phe Thr Leu Ser Asp																														
85 90 95																														
Leu Leu Lys Glu Ala Glu Lys Ile Tyr Asn Lys Arg Glu Thr Pro Glu																														
100 105 110																														
Glu Arg Glu Glu Arg Leu Trp Gln Arg Gln Glu Glu Arg Asp Lys Lys																														
115 120 125																														
Arg His Lys Glu Met Thr Lys Val Leu Ala Thr Val Val Ala Gln Asn																														
130 135 140																														
Arg Asp Lys Asp Arg Glu Glu Ser Lys Leu Gly Asp Gln Arg Lys Ile																														
145 150 155 160																														
Pro Leu Gly Lys Asp Gln Cys Ala Tyr Cys Lys Glu Lys Gly His Trp																														
165 170 175																														
Val Arg Asp Cys Pro Asn Arg Pro Arg Lys Lys Pro Ala Asn Ser Thr																														
180 185 190																														
Leu Leu Asn Leu Glu Asp Met Ala Asn Pro Ser Pro Pro Gln Met Tyr																														
195 200 205																														
Asn Val Thr Trp Val Ile Thr Asn Val Gln Thr Asn Thr Gln Ala Asn																														

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

Tyr Arg Ala Ala Pro Arg Tyr Leu Ala Ala Pro Asn Gly Thr Tyr Trp
 545 550 555 560
 Ala Cys Asn Thr Gly Leu Thr Pro Cys Ile Ser Met Ala Val Leu Asn
 565 570 575
 Leu Thr Ser Asp Phe Cys Val Leu Ile Glu Leu Trp Pro Arg Val Thr
 580 585 590
 Tyr His Gln Pro Glu Tyr Val Tyr Thr His Phe Ala Lys Ala Gly Arg
 595 600 605
 Phe Arg Arg
 610

<210> 33
 <211> 1812
 <212> DNA
 <213> canine distemper virus

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1812)

<400> 33
 atg ctc ccc tac caa gac aag gtg ggt gcc ttc tac aag gat aat gca 48
 Met Leu Pro Tyr Gln Asp Lys Val Gly Ala Phe Tyr Lys Asp Asn Ala
 1 5 10 15
 aga gcc aat tca acc aag ctg tcc tta gtg aca gaa gga cat ggg ggc 96
 Arg Ala Asn Ser Thr Lys Leu Ser Leu Val Thr Glu Gly His Gly Gly
 20 25 30
 agg aga cca cct tat ttg ttg ttt gtc ctt ctc atc tta ttg gtt ggt 144
 Arg Arg Pro Pro Tyr Leu Leu Phe Val Leu Leu Ile Leu Leu Val Gly
 35 40 45
 atc ctg gcc ttg ctt gct atc act gga gtt cga ttt cac caa gta tca 192
 Ile Leu Ala Leu Leu Ala Ile Thr Gly Val Arg Phe His Gln Val Ser
 50 55 60
 act agt aat atg gaa ttt agc aga ttg ctg aaa gag gat atg gag aaa 240
 Thr Ser Asn Met Glu Phe Ser Arg Leu Leu Lys Glu Asp Met Glu Lys
 65 70 75 80
 tca gag gcc gta cat cac caa gtc ata gat gtc ttg aca ccg ctc ttc 288
 Ser Glu Ala Val His His Gln Val Ile Asp Val Leu Thr Pro Leu Phe
 85 90 95
 aag att att gga gat gag att ggg tta cgg ttg cca caa aag cta aac 336
 Lys Ile Ile Gly Asp Glu Ile Gly Leu Arg Leu Pro Gln Lys Leu Asn
 100 105 110
 gag atc aaa caa ttt atc ctt caa aag aca aat ttc ttc aat ccg aac 384
 Glu Ile Lys Gln Phe Ile Leu Gln Lys Thr Asn Phe Phe Asn Pro Asn
 115 120 125
 aga gaa ttc gac ttc cgc gat ctc cac tgg tgc att aac ccg cct agt 432

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

370	375	380	
aaa acc tac ccc atg tgc aac caa gcg tca tgg gaa ccc ttc gga gga			1200
Lys Thr Tyr Pro Met Cys Asn Gln Ala Ser Trp Glu Pro Phe Gly Gly			
385	390	395	400
aga cag ttg cca tct tat ggg cgg ttg aca tta cct cta gat gca agt			1248
Arg Gln Leu Pro Ser Tyr Gly Arg Leu Thr Leu Pro Leu Asp Ala Ser			
	405	410	415
gtt gac ctt caa ctt aac ata tcg ttc aca tac ggt ccg gtt ata ctg			1296
Val Asp Leu Gln Leu Asn Ile Ser Phe Thr Tyr Gly Pro Val Ile Leu			
	420	425	430
aat gga gat ggt atg gat tat tat gaa agc cca ctt ttg aac tcc gga			1344
Asn Gly Asp Gly Met Asp Tyr Tyr Glu Ser Pro Leu Leu Asn Ser Gly			
	435	440	445
tgg ctt acc att ccc ccc aaa gac gga aca atc tct gga ttg ata aac			1392
Trp Leu Thr Ile Pro Pro Lys Asp Gly Thr Ile Ser Gly Leu Ile Asn			
	450	455	460
aaa gca ggt aga gga gac cag ttc act gta ctc ccc cat gtg tta aca			1440
Lys Ala Gly Arg Gly Asp Gln Phe Thr Val Leu Pro His Val Leu Thr			
465	470	475	480
ttt gcg ccc agg gaa tca agt gga aat tgt tat tta cct att caa aca			1488
Phe Ala Pro Arg Glu Ser Ser Gly Asn Cys Tyr Leu Pro Ile Gln Thr			
	485	490	495
tct caa att aga gat aga gat gtc ctc att gag tcc aat ata gtg gtg			1536
Ser Gln Ile Arg Asp Arg Asp Val Leu Ile Glu Ser Asn Ile Val Val			
	500	505	510
ttg cct aca cag agt att aga tat gtc ata gca acg tat gac ata tca			1584
Leu Pro Thr Gln Ser Ile Arg Tyr Val Ile Ala Thr Tyr Asp Ile Ser			
	515	520	525
cga agt gat cat gct att gtt tat tat gtt tat gac cca atc cgg acg			1632
Arg Ser Asp His Ala Ile Val Tyr Tyr Val Tyr Asp Pro Ile Arg Thr			
	530	535	540
att tct tat acg cac cca ttt aga cta act acc aag ggt aga cct gat			1680
Ile Ser Tyr Thr His Pro Phe Arg Leu Thr Thr Lys Gly Arg Pro Asp			
545	550	555	560
ttc cta agg att gaa tgt ttt gtg tgg gat gac aat ttg tgg tgt cac			1728
Phe Leu Arg Ile Glu Cys Phe Val Trp Asp Asp Asn Leu Trp Cys His			
	565	570	575
caa ttt tac aga ttc gag gct gac atc gcc aac tct aca acc agt gtt			1776
Gln Phe Tyr Arg Phe Glu Ala Asp Ile Ala Asn Ser Thr Thr Ser Val			
	580	585	590
gag aat tta gtc cgt ata aga ttc tca tgt aac cgt			1812
Glu Asn Leu Val Arg Ile Arg Phe Ser Cys Asn Arg			
	595	600	

<210> 34

<211> 604

<212> PRT

<213> canine distemper virus

<400> 34

```

Met Leu Pro Tyr Gln Asp Lys Val Gly Ala Phe Tyr Lys Asp Asn Ala
 1           5           10           15

Arg Ala Asn Ser Thr Lys Leu Ser Leu Val Thr Glu Gly His Gly Gly
      20           25           30

Arg Arg Pro Pro Tyr Leu Leu Phe Val Leu Leu Ile Leu Val Gly
      35           40           45

Ile Leu Ala Leu Leu Ala Ile Thr Gly Val Arg Phe His Gln Val Ser
 50           55           60

Thr Ser Asn Met Glu Phe Ser Arg Leu Leu Lys Glu Asp Met Glu Lys
 65           70           75           80

Ser Glu Ala Val His His Gln Val Ile Asp Val Leu Thr Pro Leu Phe
      85           90           95

Lys Ile Ile Gly Asp Glu Ile Gly Leu Arg Leu Pro Gln Lys Leu Asn
      100           105           110

Glu Ile Lys Gln Phe Ile Leu Gln Lys Thr Asn Phe Phe Asn Pro Asn
      115           120           125

Arg Glu Phe Asp Phe Arg Asp Leu His Trp Cys Ile Asn Pro Pro Ser
      130           135           140

Thr Val Lys Val Asn Phe Thr Asn Tyr Cys Glu Ser Ile Gly Ile Arg
      145           150           155           160

Lys Ala Ile Ala Ser Ala Ala Asn Pro Ile Leu Leu Ser Ala Leu Ser
      165           170           175

Gly Gly Arg Gly Asp Ile Phe Pro Pro His Arg Cys Ser Gly Ala Thr
      180           185           190

Thr Ser Val Gly Lys Val Phe Pro Leu Ser Val Ser Leu Ser Met Ser
      195           200           205

Leu Ile Ser Arg Thr Ser Glu Val Ile Asn Met Leu Thr Ala Ile Ser
      210           215           220

Asp Gly Val Tyr Gly Lys Thr Tyr Leu Leu Val Pro Asp Asp Ile Glu
      225           230           235           240

Arg Glu Phe Asp Thr Arg Glu Ile Arg Val Phe Glu Ile Gly Phe Ile
      245           250           255

Lys Arg Trp Leu Asn Asp Met Pro Leu Leu Gln Thr Thr Asn Tyr Met
      260           265           270

Val Leu Pro Lys Asn Ser Lys Ala Lys Val Cys Thr Ile Ala Val Gly
      275           280           285

Glu Leu Thr Leu Ala Ser Leu Cys Val Glu Glu Ser Thr Val Leu Leu
      290           295           300

```

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

<210> 35

<211> 1986

<212> DNA

<213> canine distemper virus

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1986)

<400> 35

atg	cac	agg	gga	atc	ccc	aaa	agc	tcc	aaa	acc	caa	aca	cat	acc	caa	48
Met	His	Arg	Gly	Ile	Pro	Lys	Ser	Ser	Lys	Thr	Gln	Thr	His	Thr	Gln	
1				5					10					15		

caa	gac	cgc	ccc	cca	caa	ccc	agc	acc	gaa	ctc	gaa	gag	acc	agg	acc	96
Gln	Asp	Arg	Pro	Pro	Gln	Pro	Ser	Thr	Glu	Leu	Glu	Glu	Thr	Arg	Thr	
			20					25					30			

tcc	cga	gca	cga	cac	agc	aca	aca	tca	gct	cag	cga	tcc	acg	cac	tac	144
Ser	Arg	Ala	Arg	His	Ser	Thr	Thr	Ser	Ala	Gln	Arg	Ser	Thr	His	Tyr	
		35				40						45				

gat	cct	cga	aca	tcg	gac	aga	ccc	gtc	tcc	tac	acc	atg	aac	agg	acc	192
Asp	Pro	Arg	Thr	Ser	Asp	Arg	Pro	Val	Ser	Tyr	Thr	Met	Asn	Arg	Thr	
	50					55					60					

agg	tcc	cgc	aag	caa	acc	agc	cac	aga	ttg	aag	aac	atc	cca	gtt	cac	240
Arg	Ser	Arg	Lys	Gln	Thr	Ser	His	Arg	Leu	Lys	Asn	Ile	Pro	Val	His	
65				70						75				80		

gga	aac	cac	gag	gcc	acc	atc	cag	cac	ata	cca	gag	agt	gtc	tca	aaa	288
Gly	Asn	His	Glu	Ala	Thr	Ile	Gln	His	Ile	Pro	Glu	Ser	Val	Ser	Lys	
			85					90					95			

gga	gcg	aga	tcc	cag	atc	gaa	agg	cgg	caa	ccc	aat	gca	atc	aac	tca	336
Gly	Ala	Arg	Ser	Gln	Ile	Glu	Arg	Arg	Gln	Pro	Asn	Ala	Ile	Asn	Ser	
			100				105					110				

ggc	tct	cat	tgc	acc	tgg	tta	gtc	ctg	tgg	tgc	ctc	gga	atg	gcc	agt	384
Gly	Ser	His	Cys	Thr	Trp	Leu	Val	Leu	Trp	Cys	Leu	Gly	Met	Ala	Ser	
	115					120					125					

ctc	ttt	ctt	tgt	tcc	aag	gct	cag	ata	cat	tgg	gat	aat	ttg	tca	act	432
Leu	Phe	Leu	Cys	Ser	Lys	Ala	Gln	Ile	His	Trp	Asp	Asn	Leu	Ser	Thr	
	130					135					140					

att	ggg	att	atc	ggg	act	gat	aat	gtc	cat	tac	aag	atc	atg	act	agg	480
Ile	Gly	Ile	Ile	Gly	Thr	Asp	Asn	Val	His	Tyr	Lys	Ile	Met	Thr	Arg	
145				150					155				160			

ccc	agt	cac	cag	tac	ttg	gtc	ata	aaa	ttg	atc	cct	aat	gct	tca	ctt	528
Pro	Ser	His	Gln	Tyr	Leu	Val	Ile	Lys	Leu	Ile	Pro	Asn	Ala	Ser	Leu	
			165					170					175			

ata	gag	aat	tgt	acc	aaa	gca	gaa	tta	ggg	gag	tat	gag	aaa	tta	ttg	576
Ile	Glu	Asn	Cys	Thr	Lys	Ala	Glu	Leu	Gly	Glu	Tyr	Glu	Lys	Leu	Leu	
	180						185					190				

aat	tca	gtc	ctc	gaa	cca	atc	aac	caa	gct	ttg	act	cta	atg	acc	aag	624
Asn	Ser	Val	Leu	Glu	Pro	Ile	Asn	Gln	Ala	Leu	Thr	Leu	Met	Thr	Lys	
	195					200					205					

aat	gtg	aag	ccc	ctg	cag	tca	tta	ggg	tca	ggg	agg	aga	caa	agg	cgt	672
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

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

450	455	460	
cca ctc tta caa caa tgt att agg ggc gac act tca tct tgt gct cgg			1440
Pro Leu Leu Gln Gln Cys Ile Arg Gly Asp Thr Ser Ser Cys Ala Arg			
465	470	475	480
acc ttg gta tct ggg act atg ggc aac aaa ttt att ctg tca aaa ggt			1488
Thr Leu Val Ser Gly Thr Met Gly Asn Lys Phe Ile Leu Ser Lys Gly			
	485	490	495
aat atc gtc gca aat tgt gct tct ata cta tgt aag tgt tat agc aca			1536
Asn Ile Val Ala Asn Cys Ala Ser Ile Leu Cys Lys Cys Tyr Ser Thr			
	500	505	510
agc aca att att aat cag agt cct gat aag ttg ctg aca ttc att gcc			1584
Ser Thr Ile Ile Asn Gln Ser Pro Asp Lys Leu Leu Thr Phe Ile Ala			
	515	520	525
tcc gat acc tgc cca ctg gtt gaa ata gat ggt gct act atc caa gtt			1632
Ser Asp Thr Cys Pro Leu Val Glu Ile Asp Gly Ala Thr Ile Gln Val			
	530	535	540
gga ggc agg caa tac cct gat atg gta tac gaa ggc aaa gtt gcc tta			1680
Gly Gly Arg Gln Tyr Pro Asp Met Val Tyr Glu Gly Lys Val Ala Leu			
545	550	555	560
ggc cct gct ata tca ctt gat agg tta gat gta ggt aca aac tta ggg			1728
Gly Pro Ala Ile Ser Leu Asp Arg Leu Asp Val Gly Thr Asn Leu Gly			
	565	570	575
aac gcc ctt aag aaa ctg gat gat gct aag gta ctg ata gac tcc tct			1776
Asn Ala Leu Lys Lys Leu Asp Asp Ala Lys Val Leu Ile Asp Ser Ser			
	580	585	590
aac cag atc ctt gag acg gtt agg cgc tct tcc ttt aat ttt ggc agt			1824
Asn Gln Ile Leu Glu Thr Val Arg Arg Ser Ser Phe Asn Phe Gly Ser			
	595	600	605
ctc ctc agc gtt cct ata tta agt tgt aca gcc ctg gct ttg ttg ttg			1872
Leu Leu Ser Val Pro Ile Leu Ser Cys Thr Ala Leu Ala Leu Leu Leu			
	610	615	620
ctg att tac tgt tgt aaa aga cgc tac caa cag aca ctc aag cag cat			1920
Leu Ile Tyr Cys Cys Lys Arg Arg Tyr Gln Gln Thr Leu Lys Gln His			
625	630	635	640
act aag gtc gat ccg gca ttt aaa cct gat cta act gga act tcg aaa			1968
Thr Lys Val Asp Pro Ala Phe Lys Pro Asp Leu Thr Gly Thr Ser Lys			
	645	650	655
tcc tat gtg aga tca ctc			1986
Ser Tyr Val Arg Ser Leu			
	660		

<210> 36

<211> 662

<212> PRT

<213> canine distemper virus

<400> 36

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

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

Ser Tyr Val Arg Ser Leu
660

【国際調査報告】

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No.
PCT/US 01/07251

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER		
IPC 7	C07K14/03	C07K14/015 C07K14/13 C07K14/15 C07K14/08
G01N33/569		
According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC		
B. FIELDS SEARCHED		
Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)		
IPC 7 C07K G01N		
Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched		
Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)		
EPO-Internal, BIOSIS, MEDLINE, WPI Data, PAJ, CHEM ABS Data, SEQUENCE SEARCH		
C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	KNAPP B ET AL: "A recombinant hybrid outer membrane protein for vaccination against <i>Pseudomonas aeruginosa</i> " VACCINE, BUTTERWORTH SCIENTIFIC. GUILDFORD, GB, vol. 17, no. 13-14, January 1999 (1999-01), pages 1663-1666, XP004158302 ISSN: 0264-410X Chapter 3: Construction and testing of a hybrid antigen the whole document ----- -/-	1-3,5-8, 11-14, 17-20, 29-32
☒ Further documents are listed in the continuation of box C. ☐ Patent family members are listed in annex.		
* Special categories of cited documents: *A* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance *E* earlier document but published on or after the international filing date *L* document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified) *O* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means *P* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed *T* later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention *X* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone *Y* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art *Z* document member of the same patent family		
Date of the actual completion of the international search		Date of mailing of the international search report
16 September 2002		11/10/2002
Name and mailing address of the ISA European Patent Office, P.B. 5516 Patentlaan 2 NL - 2260 HV Rijswijk Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl, Fax: (+31-70) 340-3016		Authorized officer Döpfer, K-P

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

national Application No
PCT/US 01/07251

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	BOUCHE ET AL: "A simplified immunoassay based on measles virus recombinant hemagglutinin protein for testing the immune status of vaccinees" JOURNAL OF VIROLOGICAL METHODS, AMSTERDAM, NL, vol. 74, no. 1, 1 September 1998 (1998-09-01), pages 77-87, XP002091976 ISSN: 0166-0934	1-3, 5-8, 10-23, 29
Y	the whole document	1-23, 26-39
X	SPATZ S J ET AL: "Immunological characterization of the feline herpesvirus-1 glycoprotein B and analysis of its deduced amino acid sequence." VIROLOGY, UNITED STATES NOV 1993, vol. 197, no. 1, November 1993 (1993-11), pages 125-136, XP002213501 ISSN: 0042-6822	4, 34-37
Y	the whole document	1-23, 26-39
X	WILD T F ET AL: "VACCINATION OF MICE AGAINST CANINE DISTEMPER VIRUS-INDUCED ENCEPHALITIS WITH VACCINIA VIRUS RECOMBINANTS ENCODING MEASLES OR CANINE DISTEMPER VIRUS ANTIGENS" VACCINE, BUTTERWORTH SCIENTIFIC, GUILDFORD, GB, vol. 11, no. 4, 1993, pages 438-444, XP002905640 ISSN: 0264-410X	4, 34-37
Y	the whole document	1-23, 26-39

フロントページの続き

(51)Int.Cl. ⁷	識別記号	F I	テ-マコ-ト ⁷ (参考)
C 1 2 N 5/10		C 1 2 P 21/02	C
15/09	Z N A	G 0 1 N 33/53	N
C 1 2 P 21/02		33/536	A
G 0 1 N 33/53		C 1 2 N 15/00	Z N A A
33/536		5/00	A
(81)指定国 E P (A T , B E , C H , C Y , D E , D K , E S , F I , F R , G B , G R , I E , I T , L U , M C , N L , P T , S E , T R) , O A (B F , B J , C F , C G , C I , C M , G A , G N , G W , M L , M R , N E , S N , T D , T G) , A P (G H , G M , K E , L S , M W , M Z , S D , S L , S Z , T Z , U G , Z W) , E A (A M , A Z , B Y , K G , K Z , M D , R U , T J , T M) , A E , A G , A L , A M , A T , A U , A Z , B A , B B , B G , B R , B Y , B Z , C A , C H , C N , C R , C U , C Z , D E , D K , D M , D Z , E E , E S , F I , G B , G D , G E , G H , G M , H R , H U , I D , I L , I N , I S , J P , K E , K G , K P , K R , K Z , L C , L K , L R , L S , L T , L U , L V , M A , M D , M G , M K , M N , M W , M X , M Z , N O , N Z , P L , P T , R O , R U , S D , S E , S G , S I , S K , S L , T J , T M , T R , T T , T Z , U A , U G , U S , U Z , V N , Y U , Z A , Z W			
(72)発明者	ジェンセン , ウェイン エイ . アメリカ合衆国 コロラド 80549 , ウ ェリントン , エヌシーアール 9133 ナ ンバー 5		
(72)発明者	ラッピン , マイケル アール . アメリカ合衆国 コロラド 80524 , フ ォート コリンズ , ゲイト サークル 625		
(72)発明者	ローゼン , デイビッド ケイ . アメリカ合衆国 ミシガン 49024 , ポ ーテージ , コテージ オーク ロード 7366		
(72)発明者	アンドリュース , ジャネット エス . アメリカ合衆国 コロラド 80526 , フ ォート コリンズ , ダブリュー . プロ スペクト ロード 3308		

F ターム(参考) 4B024 AA11 BA32 CA04 DA02 DA05
DA11 EA02 EA03 EA04 FA02
GA11 HA03
4B064 AG32 CA01 CA19 CC24 DA13
4B065 AA01X AA57X AA90X AA95Y
AB01 BA01 CA24 CA46
4H045 AA11 AA20 AA30 BA10 BA41
CA01 EA50 FA72 FA74

专利名称(译)	使用重组抗原来确定动物的免疫状态		
公开(公告)号	JP2003527584A	公开(公告)日	2003-09-16
申请号	JP2001565733	申请日	2001-03-07
[标]申请(专利权)人(译)	六斯卡公司		
申请(专利权)人(译)	Hesuka公司 科罗拉多州立大学研究基金会		
[标]发明人	ジェンセンウェインエイ ラッピンマイケルアール ローゼンデイビッドケイ アンドリュースジャネットエス		
发明人	ジェンセン, ウェイン エイ. ラッピン, マイケル アール. ローゼン, デイビッド ケイ. アンドリュース, ジャネット エス.		
IPC分类号	C07K14/005 C07K14/015 C07K14/03 C07K14/08 C07K14/13 C07K14/15 C12N1/15 C12N1/19 C12N1/21 C12N5/10 C12N15/09 C12P21/02 G01N33/53 G01N33/536 G01N33/569		
CPC分类号	C07K14/005 C12N2710/16722 C12N2740/13022 C12N2750/14322 C12N2750/14343 C12N2760/18422 G01N33/56983		
FI分类号	G01N33/569.L C07K14/005 C12N1/15 C12N1/19 C12N1/21 C12P21/02.C G01N33/53.N G01N33/536.A C12N15/00.ZNA.A C12N5/00.A		
F-TERM分类号	4B024/AA11 4B024/BA32 4B024/CA04 4B024/DA02 4B024/DA05 4B024/DA11 4B024/EA02 4B024/EA03 4B024/EA04 4B024/FA02 4B024/GA11 4B024/HA03 4B064/AG32 4B064/CA01 4B064/CA19 4B064/CC24 4B064/DA13 4B065/AA01X 4B065/AA57X 4B065/AA90X 4B065/AA95Y 4B065/AB01 4B065/BA01 4B065/CA24 4B065/CA46 4H045/AA11 4H045/AA20 4H045/AA30 4H045/BA10 4H045/BA41 4H045/CA01 4H045/EA50 4H045/FA72 4H045/FA74		
优先权	09/521738 2000-03-09 US		
外部链接	Espacenet		

摘要(译)

本发明包括一种确定动物免疫状态的方法，该方法包括：(a) 在适合于在重组抗原和抗体之间形成复合物的条件下选择一种感染剂。使特定的生物传染原抗原与特定的重组传染原抗原接触以检测特定的抗体，以及(b) 检测该复合物的存在或不存在，其中复合物的存在或不存在指示动物的免疫状态。优选地，这种方法指示是否应该给动物接种疫苗。本发明还检测(a) 对检测该感染剂具有选择性的抗体具有特异性的重组感染剂抗原；和(b) 与该重组抗原选择性结合的抗体。包括包含均值的分析。本发明还包括重组抗原和编码此类抗原的核酸分子，以及制备和使用此类核酸分子和重组抗原的方法。