

(51)Int.Cl ⁷	識別記号	F I	テマコード [*] （参考）
C 1 2 N 15/09	ZNA	A 6 1 K 39/02	2 G 0 4 5
A 6 1 K 39/02		39/102	4 B 0 2 4
39/102		39/395	R 4 B 0 6 3
39/395		A 6 1 P 31/04	4 B 0 6 4
A 6 1 P 31/04		C 0 7 K 14/285	4 B 0 6 5
審査請求 未請求 予備審査請求（全341数） 最終頁に続く			

(21)出願番号	特願2000－611649(P2000－611649)	(71)出願人	ファルマシア・アンド・アップジョン・カンパニー P H A R M A C I A & U P J O H N C O M P A N Y アメリカ合衆国49001ミシガン州カラマズー、 ヘンリエッタ・ストリート301番
(86)(22)出願日	平成12年4月6日(2000.4.6)	(72)発明者	デイビッド・イー・ローワリー アメリカ合衆国49024ミシガン州ポータージ、 ウッドランド・ドライブ1207番
(85)翻訳文提出日	平成13年10月9日(2001.10.9)	(74)代理人	弁理士 青山 葆（外1名）
(86)国際出願番号	PCT/US00/09218		
(87)国際公開番号	W000/61724		
(87)国際公開日	平成12年10月19日(2000.10.19)		
(31)優先権主張番号	60/128,689		
(32)優先日	平成11年4月9日(1999.4.9)		
(33)優先権主張国	米国(US)		
(31)優先権主張番号	60/153,453		
(32)優先日	平成11年9月10日(1999.9.10)		
(33)優先権主張国	米国(US)		
最終頁に続く			

(54)【発明の名称】 抗菌ワクチン組成物

(57)【要約】

グラム陰性菌病原性遺伝子が同定され、それによって、これらの病原性遺伝子およびそれらの産物を標的とする新規な抗菌剤の同定、およびワクチンに有用な新規なグラム陰性菌突然変異体の供給を可能とする。

【特許請求の範囲】

【請求項1】 配列番号：1、3、7、9、21、25、27、29、39、41、51、53、55、57、58、60、68、72、74、76、78、80、82、84、104、108、112、116、118、120、122、124、126、128および130のうちいずれか1つに記載されたヌクレオチド配列、またはその種ホモログによって表される遺伝子中に突然変異を含み、該突然変異の結果、突然変異した遺伝子によってコードされた遺伝子産物の活性が減少することを特徴とするグラム陰性菌。

【請求項2】 該突然変異の結果、突然変異した遺伝子によってコードされた遺伝子産物の発現が減少する請求項1記載のグラム陰性菌。

【請求項3】 該突然変異の結果、突然変異した遺伝子によってコードされた不活性遺伝子産物が発現される請求項1記載のグラム陰性菌。

【請求項4】 該突然変異の結果、該遺伝子の全てまたは一部が欠失される請求項1記載のグラム陰性菌。

【請求項5】 該突然変異の結果、該遺伝子の少なくとも約10%、少なくとも約20%、少なくとも約30%、少なくとも約40%、少なくとも約50%、少なくとも約60%、少なくとも約70%、少なくとも約80%、少なくとも約90%、少なくとも約95%、少なくとも約98%、または少なくとも約99%が欠失される請求項1記載のグラム陰性菌。

【請求項6】 該突然変異の結果、当該遺伝子に挿入が起こり、該挿入が、突然変異した遺伝子によってコードされた遺伝子産物の発現の減少および／または突然変異した遺伝子によってコードされた不活性遺伝子産物の発現を引き起こす請求項1記載のグラム陰性菌。

【請求項7】 配列番号：1、3、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、29、31、33、37、39、41、51、53、55、57、58、60、68、70、72、74、76、78、80、82、84、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、135、136、138、140、142、144、146、148、150

、152、154、156、158、160、162、163および164のうちいずれか1つに記載されたヌクレオチド配列、またはその種ホモログによって表された遺伝子中に突然変異を含み、該突然変異の結果、突然変異した遺伝子によってコードされた遺伝子産物の活性が減少することを特徴とする弱毒化 *Pasteurellaceae* 菌。

【請求項8】 該突然変異の結果、突然変異した遺伝子によってコードされた遺伝子産物の発現が減少する請求項7記載の *Pasteurellaceae* 菌。

【請求項9】 該突然変異の結果、突然変異した遺伝子によってコードされた不活性遺伝子産物が発現される請求項7記載の *Pasteurellaceae* 菌。

【請求項10】 該突然変異の結果、該遺伝子の全てまたは一部が欠失される請求項7記載の *Pasteurellaceae* 菌。

【請求項11】 該突然変異の結果、該遺伝子の少なくとも約10%、少なくとも約20%、少なくとも約30%、少なくとも約40%、少なくとも約50%、少なくとも約60%、少なくとも約70%、少なくとも約80%、少なくとも約90%、少なくとも約95%、少なくとも約98%、または少なくとも約99%が欠失される請求項7記載の *Pasteurellaceae* 菌。

【請求項12】 該突然変異の結果、当該遺伝子に挿入が起こり、該挿入が、突然変異した遺伝子によってコードされた遺伝子産物の発現の減少および／または突然変異した遺伝子によってコードされた不活性遺伝子産物の発現を引き起こす請求項7記載の *Pasteurellaceae* 菌。

【請求項13】 *Pasteurella haemolytica*、*Pasteurella multocida*、*Actinobacillus pleuropneumoniae* および *Haemophilus somnus* よりなる群から選択される請求項7記載の *Pasteurellaceae* 菌。

【請求項14】 該突然変異の結果、突然変異した遺伝子によってコードされた遺伝子産物の発現が減少する請求項13記載の *Pasteurellaceae* 菌。

【請求項15】 該突然変異の結果、突然変異した遺伝子によってコードさ

れた不活性遺伝子産物が発現される請求項13記載の *Pasteurellaceae* 菌。

【請求項16】 該突然変異の結果、該遺伝子の全てまたは一部が欠失される請求項13記載の *Pasteurellaceae* 菌。

【請求項17】 該突然変異の結果、該遺伝子の少なくとも約10%、少なくとも約20%、少なくとも約30%、少なくとも約40%、少なくとも約50%、少なくとも約60%、少なくとも約70%、少なくとも約80%、少なくとも約90%、少なくとも約95%、少なくとも約98%、または少なくとも約99%が欠失される請求項13記載の *Pasteurellaceae* 菌。

【請求項18】 該突然変異の結果、当該遺伝子に挿入が起こり、該挿入が、突然変異した遺伝子によってコードされた遺伝子産物の発現の減少および／または突然変異した遺伝子によってコードされた不活性遺伝子産物の発現を引き起こす請求項13記載の *Pasteurellaceae* 菌。

【請求項19】 *P. multocida* 菌である請求項13記載の弱毒化 *Pasteurellaceae* 菌。

【請求項20】 該突然変異の結果、突然変異した遺伝子によってコードされた遺伝子産物の発現が減少する請求項19記載の *Pasteurellaceae* 菌。

【請求項21】 該突然変異の結果、突然変異した遺伝子によってコードされる不活性遺伝子産物が発現される請求項19記載の *Pasteurellaceae* 菌。

【請求項22】 該突然変異の結果、該遺伝子の全てまたは一部が欠失される請求項19記載の *Pasteurellaceae* 菌。

【請求項23】 該突然変異の結果、該遺伝子の少なくとも約10%、少なくとも約20%、少なくとも約30%、少なくとも約40%、少なくとも約50%、少なくとも約60%、少なくとも約70%、少なくとも約80%、少なくとも約90%、少なくとも約95%、少なくとも約98%、または少なくとも約99%が欠失される請求項19記載の *Pasteurellaceae* 菌。

【請求項24】 該突然変異の結果、当該遺伝子に挿入が起こり、該挿入が

、突然変異した遺伝子によってコードされた遺伝子産物の発現の減少および／または突然変異した遺伝子によってコードされた不活性遺伝子産物の発現を引き起こす請求項19記載の *Pasteurellaceae* 菌。

【請求項25】 *A. pleuropneumoniae* 菌である請求項13記載の弱毒化 *Pasteurellaceae* 菌。

【請求項26】 該突然変異の結果、突然変異した遺伝子によってコードされた遺伝子産物の発現が減少する請求項25記載の *Pasteurellaceae* 菌。

【請求項27】 該突然変異の結果、突然変異した遺伝子によってコードされた不活性遺伝子産物が発現される請求項25記載の *Pasteurellaceae* 菌。

【請求項28】 該突然変異の結果、該遺伝子の全てまたは一部が欠失される請求項25記載の *Pasteurellaceae* 菌。

【請求項29】 該突然変異の結果、該遺伝子の少なくとも約10%、少なくとも約20%、少なくとも約30%、少なくとも約40%、少なくとも約50%、少なくとも約60%、少なくとも約70%、少なくとも約80%、少なくとも約90%、少なくとも約95%、少なくとも約98%、または少なくとも約99%が欠失される請求項25記載の *Pasteurellaceae* 菌。

【請求項30】 該突然変異の結果、当該遺伝子に挿入が起こり、該挿入が、突然変異した遺伝子によってコードされた遺伝子産物の発現の減少および／または突然変異した遺伝子によってコードされた不活性遺伝子産物の発現を引き起こす請求項25記載の *Pasteurellaceae* 菌。

【請求項31】 請求項1ないし30いずれか1記載の菌を含む免疫原性組成物。

【請求項32】 請求項31記載の免疫原性組成物および医薬上許容される担体を含むワクチン組成物。

【請求項33】 さらに、アジュバントを含む請求項32記載のワクチン組成物。

【請求項34】 配列番号：1、3、7、9、11、13、15、17、1

9、21、23、25、29、31、33、37、39、41、51、53、55、57、58、60、68、70、72、74、76、78、80、82、84、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、135、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、158、160、162、163および164のうちのいずれか1つに記載されたヌクレオチド配列、またはその種ホモログによって表される遺伝子中に突然変異を導入する工程を含み、該突然変異の結果、突然変異した遺伝子によってコードされた遺伝子産物の活性が減少することを特徴とするグラム陰性菌突然変異体の生産方法。

【請求項35】 配列番号：1、3、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、29、31、33、37、39、41、51、53、55、57、58、60、68、70、72、74、76、78、80、82、84、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、135、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、158、160、162、163および164のうちのいずれか1つに記載されたヌクレオチド配列、またはその種ホモログによって表される遺伝子中に突然変異を導入する工程を含み、該突然変異の結果、突然変異した遺伝子によってコードされた遺伝子産物の活性が減少することを特徴とする弱毒化 *Pasteurellaceae* 菌の生産方法。

【請求項36】 配列番号：1、3、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、29、31、33、37、39、41、51、53、55、57、58、60、68、70、72、74、76、78、80、82、84、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、135、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、158、160、162、163および164に記載されたヌクレオチド配列よりなる群から選択されるヌクレオチド配列を含む

精製され単離された *Pasteurellaceae* ポリヌクレオチド。

【請求項37】 配列番号：1、3、7、9、21、25、27、29、39、41、51、53、55、57、58、60、68、72、74、76、78、80、82、84、104、108、112、116、118、120、122、124、126、128および130に記載されたヌクレオチド配列よりなる群から選択されるヌクレオチド配列を含む精製され単離された *Pasteurellaceae* ポリヌクレオチド。

【請求項38】 a) 請求項37記載のポリヌクレオチド、
b) (a) のポリヌクレオチドによってコードされるポリペプチドをコードするポリヌクレオチドおよび
c) 中程度のストリンジェンシー条件下で (a) または (b) のポリヌクレオチドの相補体にハイブリダイズするポリヌクレオチド
よりなる群から選択される、*Pasteurellaceae* 病原性遺伝子産物、またはその種ホモログをコードする精製され単離されたポリヌクレオチド。

【請求項39】 配列番号：2、4、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、30、32、34、38、40、42、52、54、56、59、61、69、71、73、75、77、79、81、83、85、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、151、153、155、157、159、161および165に記載されたアミノ酸配列を有するポリペプチドよりなる群から選択されるポリペプチドをコードする精製され単離された *Pasteurellaceae* ポリヌクレオチド。

【請求項40】 DNAである請求項39記載のポリヌクレオチド。

【請求項41】 請求項40記載のDNAを含むベクター。

【請求項42】 DNAが発現制御DNA配列に作動可能に連結した、発現ベクターである請求項41記載のベクター。

【請求項43】 当該宿主細胞におけるコードされたポリペプチドの発現を可能とするように請求項40記載のDNAで安定に形質転換またはトランスフェ

クトされた宿主細胞。

【請求項44】 請求項43記載の宿主細胞を栄養培地中で培養し、該宿主細胞または栄養培地からコードされたポリペプチドを単離することを特徴とする組換えポリペプチドの生産方法。

【請求項45】 請求項44記載の方法によって生産された精製ポリペプチド。

【請求項46】 配列番号：2、4、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、30、32、34、38、40、42、52、54、56、59、61、69、71、73、75、77、79、81、83、85、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、151、153、155、157、159、161および165に記載されたアミノ酸配列を有するポリペプチドよりなる群から選択されるポリペプチドを含む精製されたポリペプチド。

【請求項47】 請求項46記載のポリペプチドと特異的に反応する抗体。

【請求項48】 モノクローナル抗体である請求項47記載の抗体。

【請求項49】 菌の抽出物を請求項39記載のモノクローナル抗体と接触させ、該モノクローナル抗体の結合の不存在を検出することを特徴とする、請求項1、7、13または19記載の菌を同定するための請求項39記載のモノクローナル抗体の使用方法。

【請求項50】 配列番号：2、4、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、30、32、34、38、40、42、52、54、56、59、61、69、71、73、75、77、79、81、83、85、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、151、153、155、157、159、161および165のうちのいずれか1に記載されたアミノ酸配列によって表された遺伝子産物の発現または活性に干渉する能力につ

き、潜在的剤を検定し、次いで、該遺伝子産物の発現または活性に干渉する剤を同定する工程を含むことを特徴とする抗菌剤の同定方法。

【請求項51】 a) 配列番号：2、4、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、30、32、34、38、40、42、52、54、56、59、61、69、71、73、75、77、79、81、83、85、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、151、153、155、157、159、161および165に記載された遺伝子産物の発現または活性を測定し、

b) (a) における遺伝子産物をテスト化合物と接触させ、

c) テスト化合物の存在下で遺伝子産物の発現または活性を測定し、次いで、

d) テスト化合物の存在下における発現または活性と比較して、遺伝子産物の発現または活性がテスト化合物の存在下で減少する場合にテスト化合物を抗菌剤として同定する

工程を含むことを特徴とする抗菌剤の同定方法。

【発明の詳細な説明】

【0001】

発明の分野

本発明は、一般的には、*Pasteurella multocida*および*Actinobacillus pleuropneumoniae*菌の病原性の原因である遺伝子を同定し、それによって、ワクチンに有用な新規な弱毒化突然変異株の産生ならびに病原性遺伝子およびそれらの産物を標的とする新しい抗菌剤の同定を可能とすることに関する。

【0002】

発明の背景

*Pasteurellaceae*科は、非常に様々な動物を感染させるいくつかの著しい病原体を含む。*P. multocida*に加えて、その科の著明なメンバーには、*Pasteurella haemolytica*、*Actinobacillus pleuropneumoniae*および*Haemophilus somnus*が含まれる。*P. multocida*は、グラム陰性の非運動性の球桿菌であり、それは多くの野生動物および家畜動物の正常細菌叢で見出され、世界中の多数の動物種において疾患を引き起こすことが知られている [Biberstein, In M. Kilian, W. Frederickson, および E. L. Biberstein (編), *Haemophilus, Pasteurella, and Actinobacillus*. Academic Press, London, 61-73頁 (1981)]。感染に続く疾患発現は、敗血症、気管支肺炎、鼻炎および創傷感染症を含む [Shewenら, C. L. Gyles および C. O. Thoen (編), *Pathogenesis of Bacterial Infections in Animals*. Iowa State University Press, Ames, 216-225頁 (1993) に概説、ここに出典明示して本明細書の一部とみなす]。

【0003】

*P. multocida*による感染症は、一般的には、ストレスの期間の侵入に起因するが、伝搬は、エアロゾルまたは接触曝露、あるいはノミおよびマダニの媒介体によっても生じ得る。家禽において、*P. multocida*感染症は、急性ないし過急性の敗血症を生じさせ、特に、混雑する、産卵、換羽、または厳しい気候変動に関連したストレス条件下の国内の七面鳥および野生の水鳥において特に流行している。牛において、同様の出血性敗血症が感染に続き、高熱および抑鬱を含む疾患を示し、一般的には、続いて急速に死亡する。伝搬は最もエアロゾル接触を介しそ

うであるが、感染症はかなりの気候変動の期間にも発生し得る。ウサギにおいては、感染症は、再発性化膿性鼻炎に続いて、一般的には、結膜炎、中耳炎、副鼻腔炎、皮下膿瘍および慢性気管支肺炎を生じさせる。重篤な感染症において、ウサギの死亡率が、急性の線維索性気管支肺炎、敗血症または内毒素血症から上昇する。疾患状態は通常ストレスの期間に発生する。ブタにおいては、共通の*P. multocida*疾患状態は、萎縮性鼻炎および細菌性肺炎を含む。また、同様の肺炎疾患は、イヌ、ネコ、ヤギおよびヒツジにおいて検出される。*P. multocida*は、多くの動物の口内細菌叢において共通して検出され、したがって、噛み傷および掻き傷における汚染菌である。

【0004】

*P. multocida*株は、莢膜血清ブルーおよび菌体の血清型によって通常明示される。5種の莢膜セロブルー（A、B、D、EおよびF）および16種の菌体血清型が、特有な熱安定性抗原の発現によって識別される。大部分の株は、宿主特異的であり、1を越えるまたは2つの動物をめったに感染しない。伝統的な死滅細胞細菌全体が、通常、血清型特異的な防御だけを提供するので、異なる血清型の存在は、予防接種のための問題を示す。しかしながら、1つの血清型での自然感染症は、複数の血清型に対する免疫学的防御に導き得 [Shewenら, C. L. Gyles およびC. O. Thoen (編), Pathogenesis of Bacterial Infections in Animals. Iowa State University Press, Ames, 216-225頁 (1993)]、交差防御は、*in vivo*にて増殖した不活性化細菌を用いることによって刺激できる [Rimlerら, Am J Vet Res. 42: 2117-2121 (1981)] ことが実証されている。1つの生きている自然発生突然変異体*P. multocida*株はワクチンとして利用され、強力な免疫応答を刺激することが示されている [Davis、Poultry Digest. 20:430-434 (1987)、Schlinkら、Avian Dis. 31(1):13-21 (1987)]。しかしながら、この弱毒化株は、ワクチン受容者がストレスされれば、病原性状態に戻るかまたは死亡を引き起こすことが示されている [Davis、Poultry Digest. 20:430-434、Schlinkら、Avian Dis. 31(1):13-21 (1987)]。

【0005】

Pasteurella科のもう一つのメンバーの*A. pleuropneumoniae*は、ブタにつき厳密な宿主特異性を示し、高度に伝染性のブタの胸膜肺炎の病原体である。感染症は、通常、集中的な養育状態で発生し、伝搬の指令モードによって生じると考えられる。疾患はしばしば致命的で、その結果、ブタ生産産業において経済的損害に導く。*A. pleuropneumoniae*感染症は、慢性また急性であり得、感染症は、線維素性胸膜炎を伴う出血性の壊死性気管支肺炎によって特徴付けられる。現在まで、細菌の病原性は、セロタイプ特異的な莢膜多糖、リポ多糖を含めた構造蛋白質、および表面蛋白質、ならびに細胞外細胞融解性毒素にも起因している。精製およびある場合にはこれらの病原性因子のクローニングにもかかわらず、*A. pleuropneumoniae*感染症におけるこれらの病原性因子の正確な役割は、貧弱に理解されている。

【0006】

*A. pleuropneumoniae*の12種の血清型は、細菌外毒素の莢膜多糖および産生における抗原性の差に基づいて同定されている。血清型1、2、5、7および9はヨーロッパにおいて優勢であるが、血清型1、5および7は、米国における*A. pleuropneumoniae*感染症に最も関連している。溶血素族のメンバーであり、RTX毒素と呼ばれる*A. pleuropneumoniae*の少なくとも3つの著しい細胞外毒素がある。RTX毒素は、*E. coli*、*Proteus vulgaris*および*Pasteurella haemolytica*を含む多くのグラム陰性菌によって産生され、該蛋白質は、一般的には、構造的および機能的な特徴を共有する。しかしながら、様々な血清型からの毒素は、宿主特異性、標的細胞および生物活性において異なる。

【0007】

主要な*A. pleuropneumoniae* RTX毒素は、ApxI、ApxIIおよびApxIIIを含む。ApxIおよびApxIIは溶血活性を有し、ApxIがより強力である。ApxIIIは、溶血活性を示さないが、肺胞マクロファージおよび好中球に対して細胞毒性である。大部分の*A. pleuropneumoniae*血清型は、これらの3つの毒素のうち2つを産生する。例えば、血清型1、5、9および11は、ApxIおよびApxIIを発現し、血清型2、3、4、6および8は、ApxIIおよびApxIIIを発現する。しかしながら、血清型10はApxIだけを産生し、血清型7および12は、ApxIIだけを発現す

る。ApxIおよびApxIIを共に産生するそれらの*A. pleuropneumoniae*血清型は、細菌の最も病原性の株である。

【0008】

Apx毒素は、ランダムに突然変異した野生型細菌を用いるネズミのモデルおよびブタ感染症における病原性因子であることが実証された [Tasconら, *Mol. Microbiol.* 14:207-216 (1994)]。また、他の*A. pleuropneumoniae*突然変異体を標的とした突然変異誘発で生成して、AopA外膜病原性蛋白質をコードする遺伝子を不活性化した [MulksおよびBuysee, *Gene* 165:61-66 (1995)]。

【0009】

ワクチン組成物を生産する試みにおいて、伝統的な死滅細胞細菌全体は、血清型に特異的な防御だけを提供し [MacInnesおよびSmart、前記]、しかしながら、高度に病原性の血清型を持つ自然感染症が複数の血清型に対する強力な防御免疫を刺激できることが実証されている [Nielsen, *Nord Vet Med.* 31:407-13 (1979), Nielsen, *Nord Vet Med.* 36:221-234 (1984), Nielsen, *Can J Vet Res.* 29:580-582 (1988), Nielsen, *ACTA Vet Scand.* 15:80-89 (1994)]。ApxII毒素の不活性形態を産生する1つの規定された生きている弱毒化ワクチン株は、ブタに交差防御のための見込みを示し [Prideauxら, *Infection & Immunity* 67:1962-1966 (1999)]、一方、他の不確定の生きている弱毒化突然変異体も見込みを示した [Inzanaら, *Infect Immun.*, 61:1682-6, (1993), Paltineanuら, In *International Pig Veterinary Society*, 1992, 214頁, Utreraら, In *International Pig Veterinary Society*, 1992, 213頁]。

【0010】

不確定な自然突然変異を持つ菌株を含むワクチン製剤と関連した問題のために、同種および異種の*P. multocida*および*A. pleuropneumoniae*血清型に対する防御免疫を安全に刺激するワクチン中で用いる生きている弱毒化菌株の合理的な構築のための当該技術分野においての要求が存在する。細菌性の病原性に必要とされる弱毒化菌株および遺伝子を同定し、それによって、抗菌剤を同定する方法の

開発を促す要求がさらに存在する。

【0011】

発明の概要

一般的には、本発明は弱毒化グラム陰性菌を含むワクチン組成物の生産および使用のための材料および方法を提供する。1つの態様において、本発明のワクチン組成物は、細菌のPasteurellaceae科における弱毒化種を含み、それは、当該技術分野において知られ、Dewhirstら, J. Bacteriol. 174:2002-2013 (1992) (ここに出典明示してその全てを本明細書の一部とみなす) に部分的に記載されている。該科における種は、限定されるものではないが、*A. actinomycetemcomitans*、*A. capsulatus*、*A. equuli*、*A. lignieresii*、*A. pleuropneumoniae* (*H. pleuropneumoniae*)、*A. seminis*、*A. suis* (*H. suis*)、*A. ureae* (*p. ureae*)、*A. capsulatus*、Bisgaard分類群11、*H. aegyptius*、*H. aphrophilus*、*H. aphrophilus* (*H. parainfluenzae*)、*H. ducreyi*、*H. haemoglobinophilus*、*H. haemolyticus*、*H. influenzae*、*H. paracuniculus*、*H. paragallinarum*、*H. parahaemolyticus*、*H. parainfluenzae*、(*H. paraphrophilus*)、*H. paraphrohaemolyticus*、*H. paraphrophilus*、*H. parasuis*、*H. parasuis* タイプ5、*H. segnis*、*H. somnus*、*Haemophilus* マイナーグループ、*Haemophilus* 分類群C、*P. aerogenes*、*P. anatis*、*P. avium* (*H. avium*)、*P. canis*、*P. dagmatis*、*P. gallinarum*、*P. haemolytica*、*P. trehalosi* (*P. haemolytica* 生物型T)、*P. langaa*、*P. multocida*、*P. pneumotropica*、*P. stomatis*、*P. volantium* (*H. parainfluenzae*)、*P. volantium*、*Pasteurella* 種A、*Pasteurella* 種Bおよび*Haemophilus paraphrohaemolyticus*を含む。好ましくは、ワクチン組成物は、弱毒化*Pasteurella haemolytica*、*Actinobacillus pleuropneumoniae*、*Haemophilus somnus*または*Pasteurella multocida*菌を含む。最も好ましい具体例において、本発明のワクチン組成物は、弱毒化*Pasteurella multocida*および*A. pleuropneumoniae*菌株を含む。

【0012】

本発明の1つの態様は、配列番号：1、3、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、29、31、33、37、39、41、51、53

、55、57、58、60、68、70、72、74、76、78、80、82、84、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、135、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、158、160、162、163および164またはその種ホモログのいずれか1つによって表わされる遺伝子配列中の機能性突然変異を含むグラム陰性菌を提供し、ここに、該突然変異は、コードされた遺伝子産物（すなわち、遺伝子によってコードされたポリペプチド）の発現および／または生物学的活性を阻害または根絶し；該機能性突然変異の結果、菌株の病原性は弱毒化される。当該技術分野において理解されるごとく、種ホモログは、実質的なポリヌクレオチド配列相同性を所有し、同一または類似する生物学的な機能および／または特性を所有する、2以上の異なる種において判明した遺伝子を含む。好ましくは、種ホモログを表わすポリヌクレオチド配列は、例によって本明細書に記載されるごとき中程度のストリンジェント条件下にてハイブリダイズし、同一または類似する生物学的な機能および／または特性を所有するであろう。もう一つの態様において、種ホモログを表わすポリヌクレオチドは、約60%を超える配列相同性、約70%を超える配列相同性、約80%を超える配列相同性、約90%を超える配列相同性または約95%を超える配列相同性を共有するであろう。遺伝子産物の発現および／または生物活性を調節（すなわち、増加または減少）する機能性突然変異は、遺伝子自体の蛋白質コード領域または遺伝子発現の制御を担うあるいは関連する配列中の挿入または欠失を含む。欠失変異体は、特定の遺伝子配列のすべてまたは一部分が欠失されたものを含む。1つの態様において、該突然変異の結果、該遺伝子の少なくとも約10%、少なくとも約20%、少なくとも約30%、少なくとも約40%、少なくとも約50%、少なくとも約60%、少なくとも約70%、少なくとも約80%、少なくとも約90%、少なくとも約95%、少なくとも約98%、あるいは少なくとも約99%を欠失する。もう一つの態様において、該突然変異の結果、遺伝子中の挿入を生じ、ここに、挿入は、突然変異した遺伝子によってコードされた遺伝子産物の発現および／または突然変異した遺伝子によってコードされた不活性な遺伝子産

物の発現の減少を引き起こす。また、組成物および特にワクチン組成物が考えられ、それは突然変異し弱毒化したグラム陰性菌を含み、所望により、適当なアジュバント、および／または医薬上許容される希釈剤または担体を含む。ワクチン製剤に有効な修飾された株については、弱毒化は、病原体が重篤な臨床的症状を喚起するのを防ぐように十分にかなり大きくなければならないが、また、宿主における細菌の複製および増殖を制限するのに十分にわずかでなければならない。

【0013】

また、本発明は、グラム陰性菌における病原性につき必要となる遺伝子産物をコードするポリヌクレオチドを提供する。本発明のポリヌクレオチドは、相補的DNAのごときDNA、相補的あるいはアンチセンスDNAを含むゲノムDNA、および全合成または部分合成されたDNA；センスおよびアンチセンス鎖を含むRNA；および例えば、Corey、TIBTECH 15:224-229 (1997)に記載のごときペプチド核酸を含む。本発明の病原性遺伝子ポリヌクレオチドは、配列番号：1、3、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、29、31、33、37、39、41、51、53、55、57、58、60、68、70、72、74、76、78、80、82、84、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、135、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、158、160、162、163および164に記載のものまたはその種ホモログ、配列番号：1、3、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、29、31、33、37、39、41、51、53、55、57、58、60、68、70、72、74、76、78、80、82、84、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、135、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、158、160、162、163および164のポリヌクレオチドによってコードされた病原性遺伝子産物をコードするポリヌクレオチドまたはその種ホモログ、および中程度ないし高度のストリンジェント条件下にて

、配列番号：1、3、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、29、31、33、37、39、41、51、53、55、57、58、60、68、70、72、74、76、78、80、82、84、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、135、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、158、160、162、163および164に記載されたポリヌクレオチド、その種ホモログのいずれか1つの非コード鎖（または相補体）にハイブリダイズするポリヌクレオチドを含む。従って、本発明は、配列番号：1、3、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、29、31、33、37、39、41、51、53、55、57、58、60、68、70、72、74、76、78、80、82、84、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、135、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、158、160、162、163および164に記載されたPasteurellaceaeからの遺伝子配列ならびに自然発生する（すなわち、種ホモログ）およびその人工的に誘導された変異体を含めた他のグラム陰性菌からの関連する遺伝子配列を含む。また、本発明は、配列番号：1、3、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、29、31、33、37、39、41、51、53、55、57、58、60、68、70、72、74、76、78、80、82、84、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、135、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、158、160および164に記載されたポリヌクレオチドおよびその種ホモログのいずれか1つから導出されたポリペプチドをコードするポリヌクレオチドを含む。本発明のポリヌクレオチドの配列の知識は、そのポリヌクレオチドの全ての断片を容易に利用可能とする。従って、本発明は、本発明のポリヌクレオチドの断片を提供する。

【0014】

本発明は、本発明のポリヌクレオチドを含む発現構築体をさらに包含する。また、本発明のポリヌクレオチドで形質変換した、トランスフェクトしたまたは電気穿孔した宿主細胞が含まれる。本発明は、本発明のポリヌクレオチドによってコードされたポリペプチドを生産するための方法を提供し、それは、ポリヌクレオチドによってコードされた遺伝子産物の発現を可能とし、好ましくは促進する条件下にて本発明の宿主細胞を増殖させ、次いで宿主細胞またはその増殖培地からの遺伝子産物を単離する工程を含むことを特徴とする。

【0015】

本発明のポリヌクレオチドの同定は、コード化されたポリペプチドを利用可能とする。本発明のポリペプチドは、保存的なアミノ酸置換が野生型のポリペプチドに導入されたものを含めた、全長または断片、または切形した蛋白質；その変異体；融合またはキメラ蛋白質；およびアナログを含む。また、本発明のポリペプチドを特異的に認識する抗体が提供され、モノクローナルおよびポリクローナル抗体、単一鎖抗体、キメラ抗体、ヒト化抗体、ヒト抗体および相補性決定領域（CDR）ならびに本発明のポリペプチドを特異的に認識するCDR配列を含む化合物を含む。また、本発明は、本発明の抗体に免疫特異的な抗イディオタイプ抗体を提供する。

【0016】

本発明のもう一つの態様による方法は、グラム陰性菌病原性遺伝子または遺伝子産物の機能を調節する、新規な抗菌剤を同定するために提供される。本発明の方法は、配列番号：1、3、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、29、31、33、37、39、41、51、53、55、57、58、60、68、70、72、74、76、78、80、82、84、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、135、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、158、160、162、163および164のいずれかに記載されたDNA配列またはその種ホモログによってコード化された病原性遺伝子

産物の発現を干渉する能力につき潜在的剤をスクリーニングし、または全体的に、または部分的に配列番号：1、3、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、29、31、33、37、39、41、51、53、55、57、58、60、68、70、72、74、76、78、80、82、84、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、135、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、158、160、162、163および164のいずれかに記載されたDNA配列、その種ホモログまたはその相補鎖によってコードされた細菌性の遺伝子産物の生物学的機能を干渉する能力につき潜在的剤をスクリーニングし、続いてかかるスクリーニングアッセイにおいてポジティブな結果を供する薬剤を同定することを含む。特に、病原性遺伝子産物の発現を干渉する薬剤は、病原性遺伝子配列に相補的であるアンチセンスポリヌクレオチドおよびリボザイムを含む。本発明は、さらに、オリゴヌクレオチド指令の三重らせん形成の使用を介する本発明の遺伝子産物の転写を調節する方法を包含する。

【0017】

病原性遺伝子産物の機能を干渉する薬剤は、病原性遺伝子産物の変異体、病原性遺伝子産物の結合パートナーおよびかかる結合パートナーの変異体および（該産物は酵素である場合）酵素阻害物質を含む。

【0018】

本明細書に記載された方法によって同定された新規な抗菌剤、ならびに細菌の存在を低減するのに有効な量のかかる新規な抗菌剤の投与を含むグラム陰性菌による感染症に苦しむ対象を治療する方法が提供される。

【0019】

本発明の多数のさらなる態様および利点は、現在準備されたその具体例を記載する以下の発明の詳細な記載の考察に際して当業者に明らかとなるであろう。

【0020】

発明の詳細な記載

本明細書に用いた「病原性遺伝子」は、機能または産物が宿主動物中の細菌感

感染症の確立の成功および／または維持に必要となる遺伝子である。かくして、病原性遺伝子および／またはそれによってコードされた蛋白質は、宿主生物における病因に関係するが、成長には必要ではないかもしれない。

【0021】

本明細書に用いた「シグニチャータグド (signature-tagged) 突然変異誘発 (STM)」は、一般的には、国際特許出願WO96/17951 (ここに出典明示して本明細書の一部とみなす) に記載された方法であり、例えば、菌血症のネズミのモデルにおける病原性に必要とされる細菌性遺伝子を同定する方法を含む。この方法において、各々がゲノム中に突然変異を有する菌株が、トランスポゾン統合を用いて産生され；各挿入突然変異は、突然変異体が互いを区別することを可能とする異なるDNAシグニチャータグ (signature-tag) を運搬する。該タグは、20塩基対の不変の「アーム」によって隣接してはさまれた40塩基対の変異の中央領域を含み、それは、中央部分がポリメラーゼ鎖反応 (PCR) によって増幅されることを可能とする。タグを付された突然変異株は、マイクロタイター皿中で組立てられ、次いで感染試験のための「接種物プール」を形成するために組み合わせる。接種後の適当な時点にて、細菌は動物から単離され、プールして「回収プール」を形成する。回収プール中のタグおよび接種プール中のタグは、別々に増幅され、標識され、次いでそれを用いて、接種における突然変異体を示す異なるタグの全てで整列したフィルターを調査する。弱毒化病原性を持つ突然変異株は、感染した動物から回収できないものであり、すなわち、回収プールからのタグで調査する場合ではなく、接種プールからのタグで調査する場合のハイブリダイゼーションシグナルを与えるタグを持つ株である。この方法の変形において、化学ルミネセンスのごとき非放射性の検出法を用いることができる。

【0022】

シグニチャータグド突然変異誘発は、多数の挿入突然変異株が、病原性の欠失につき単一の動物において同時にスクリーニングされることを可能とする。突然変異体 *P. multocida* 株の19個のプールのスクリーニングの結果、低減された病原性を持つ60を超える株を同定し、その多数は、個々の突然変異体についてのおよそのLD₅₀の続いての決定によって病原性において弱毒化されることを確

認した。A. pleuropneumoniae突然変異体のスクリーニングの結果、35個の異なる遺伝子中に突然変異を有する100を超える株を同定した。これらのうち22個の遺伝子中の突然変異の結果、A. pleuropneumoniae株は著しく弱毒化した。トランスポゾン挿入によって分裂したオープン・リーディング・フレームの塩基配列は、両鎖を配列決定することによって決定され、コードされたアミノ酸配列を推定した。ポリヌクレオチドおよびアミノ酸配列の双方の新規性は、DNAおよび蛋白質のデータ・ベース配列と該配列との比較によって決定された。

【0023】

細菌および、より詳細には、P. multocidaおよびA. pleuropneumoniae病原性遺伝子の同定は、ワクチンに有用である微生物提示の低減された病原性（すなわち、弱毒化株）のために提供された。かかる微生物は、配列番号：1、3、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、29、31、33、37、39、41、51、53、55、57、58、60、68、70、72、74、76、78、80、82、84、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、135、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、158、160、162、163および164のいずれか1つによって表わされる遺伝子を不活性化する少なくとも1つの機能性突然変異を含むPasteurellaceae突然変異体を含む。当業者ならば、「機能性突然変異」が、本発明の遺伝子の蛋白質コード領域、ならびに病原性遺伝子RNAの転写を調節する調節領域において生じる得ることを認識するであろう。

【0024】

また、当業者ならば、本発明の弱毒化P. multocidaおよびA. pleuropneumoniae株が1つを超える機能性突然変異を持つものを含むことを認識するであろう。1つを超える突然変異は付加的または相乗的な程度の弱毒化を生じ得る。設計によって複数の突然変異を調製できるか、または元来単一の突然変異を導入することを意図した欠失事象から偶然に発生し得る。複数の欠失を持つ弱毒化株の例は、cyaおよびcrpの遺伝子が機能的に欠失したSalmonella typhimurium株である。

この突然変異体の*S.typhimurium*株は、生ワクチンとしての見込みを示している。

【0025】

*P. multocida*および*A. pleuropneumoniae*における病原性遺伝子の同定は、他の病原性種における同様の遺伝子、すなわち、種ホモログに関する情報を提供できる。例えば、*aroA*遺伝子の同定は、*P. haemolytica*、*Aeromonas hydrophila*、*Aeromonas salmonicida*、*Salmonella typhimurium*、*Salmonella enteritidis*、*Salmonella dublin*、*Salmonella gallinarum*、*Bordetella pertussis*、*Yersinia enterocolitica*、*Neisseria gonorrhoeae*および*Bacillus anthracis*を含めた種々の数の病原体に保存された遺伝子の同定に導く。これらの種の多くにおいて、*aroA*遺伝子中に突然変異を持つ弱毒化菌株が、ワクチン製剤に有効であると分かった。*P. multocida*中で同定された病原性遺伝子配列を用いて、同様または同族の遺伝子は、他の生物、特に、*A. pleuropneumoniae*科内、ならびに *A. pleuropneumoniae*および*Haemophilus somnus*において同定できる。同様に、*A. pleuropneumoniae*病原性遺伝子の同定は、他の生物中の関連する遺伝子の同定を可能とする。プローブとして*P. multocida*および*A. pleuropneumoniae*遺伝子を用いるサザーンハイブリダイゼーションは、他の生物に由来した染色体ライブラリーに関連する遺伝子を同定できる。あるいは、PCRは、種境界を横切って遺伝子同定に等しく有効となり得る。また、さらにもう一つの別法として、例えば、他の種からの染色体のライブラリーを持つ*P. multocida*突然変異体の相補性を用いて、同一または関連する病原性活性を有する遺伝子を同定できる。従って、関連する病原性遺伝子の同定は、依然としてもう一つのワクチン製剤として有用となり得る他の生物の弱毒化株の生産に導くことができる。他の種（例えば、*P. haemolytica*、*A. pleuropneumoniae*および*H. somnus*）に存在することが実証された*P. multocida*遺伝子の例は、遺伝子*exbB*、*atpG*、および*pnp*を含む。

【0026】

STMを用いて同定された弱毒化 *P. multocida*株は、病原性遺伝子がオープン・リーディング・フレームまたは調節DNA配列のいずれかにおけるトランスポゾン配列の挿入を介して機能性でなくなった挿入突然変異体である。従って、

1つの態様において、本発明の弱毒化*P. multocida*株ならびに他のグラム陰性の突然変異体菌株は1以上の突然変異を持ち、その結果、該遺伝子中に挿入を生じ、該挿入は、突然変異した遺伝子によってコードされる遺伝子産物の発現および／または、突然変異した遺伝子によってコードされる不活性な遺伝子産物の発現を減少させる。これらの挿入の突然変異体は、細菌の病原性に必要とされる遺伝子情報の全てを依然として含み、挿入されたトランスポゾンの欠失によって病原性状態におそらく戻り得る。従って、ワクチン製剤の調製において、弱毒化株から収集された情報を取り、病原性遺伝子配列のうちのいくらか、大部分または全てが除去され、それによって、細菌が病原性状態に戻る可能性を排除する欠損変異株を創製することが望ましい。従って、本発明の弱毒化*P. multocida*株ならびに他のグラム陰性の突然変異体は、病原性遺伝子の少なくとも約10%、少なくとも約20%、少なくとも約30%、少なくとも約40%、少なくとも約50%、少なくとも約60%、少なくとも約70%、少なくとも約80%、少なくとも約90%、少なくとも約95%、少なくとも約98%、あるいは少なくとも約99%の欠失を生じる1以上の突然変異を持つものを含む。

【0027】

STMを用いて同定された弱毒化挿入突然変異体のワクチン特性は、同一遺伝子における欠失を持つ細菌のものと同一であるかまたは類似することが期待される。しかしながら、挿入突然変異が隣接する遺伝子配列に対する「極性」効果を発揮でき、結果的に、挿入突然変異は、同一遺伝子配列中の欠失を持つ突然変異株とは区別できる特性を所有できる。欠失突然変異体は、当該技術分野においてよく知られ日常的に実施されている多数の技術のいずれを用いても構築できる。

【0028】

1つの例において、対選択可能な (counters selectable) マーカーを用いる戦略が使用でき、それを共通して用いて多数の細菌における遺伝子を欠失する。概説については、Reyratら、*Infection and Immunity* 66:4011-4017 (1998) (ここに出典明示して本明細書の一部とみなす) 参照。この技術において、二重の選択戦略がしばしば用いられ、ここに、プラスミドを構築し、選択可能および対選択可能なマーカーの双方をコードし、隣接してはさまれたDN

A配列は、所望の欠失の両側から誘導される。選択可能なマーカーを用いて、該プラスミドが適当な位置および様式でゲノム中に組み込まれた細菌を選択する。対選択可能なマーカーを用いて、統合されたプラスミドを自発的に消失される非常に低いパーセンテージの細菌について選択する。次いで、これらの細菌の画分は、他の外来性DNAが存在しない所望の欠失だけを含む。この技術の使用のための鍵は、適当な対選択可能なマーカーの有効性である。

【0029】

もう一つの技術において、cre-lox系をDNAの部位特異的な組換えに用いる。この系は、細菌性cre組換え酵素遺伝子によって認識される34塩基対のlox配列よりなる。該lox部位が、適当な配向でDNA中に存在するならば、lox部位によって隣接してはさまれたDNAは、cre組換え酵素によって切り取られ、その結果、残りの1コピーのlox配列を除き全配列を欠失する。標準的組換え技術を用いて、*P. multocida*または*A. pleuropneumoniae*ゲノム中の注目する標的とされた遺伝子を欠失し、それを該lox部位によって隣接してはさまれた選択可能な標識（例えば、カナマイシン耐性につきコードする遺伝子）と置換することが可能である。cre組換え酵素の（*P. multocida*または*A. pleuropneumoniae*において機能するプロモーターの制御下、cre遺伝子を含む自殺プラスミドの電気穿孔による）一過性発現は、loxが隣接してはさむマーカーの効果的な消失を生じさせるであろう。このプロセスの結果、突然変異体は、所望の欠失突然変異および1コピーのlox配列を含むであろう。

【0030】

もう一つのアプローチにおいて、*P. multocida*または*A. pleuropneumoniae*ゲノム中の所望の欠失配列を緑色蛍光性蛋白質（GFP）、 β -ガラクトシダーゼまたはルシフェラーゼのごとき標識遺伝子と直接的に置換することが可能である。この技術において、所望の欠失を隣接してはさむDNAセグメントはPCRによって調製され、*P. multocida*または*A. pleuropneumoniae*用の自殺（複製しない）ベクターにクローニングされる。*P. multocida*または*A. pleuropneumoniae*中で活性なプロモーター、および適当な標識遺伝子を含む発現カセットは、フランキング配列間でクローニングされる。該プラスミドは、野生型の*P. multoci*

daまたは*A. pleuropneumoniae*に導入される。標識遺伝子を組み込み、それを発現する（たぶん非常に低頻度）菌は、単離され、適当な組換え事象（すなわち、野生型遺伝子の標識遺伝子への置換）につき調査される。

【0031】

これらの生物の低減された病原性およびそれらの免疫原性は、対象動物への投与によって確認できる。本発明の無発病性の微生物が単独で投与できるが、1以上のかかる突然変異体微生物は、適当な（複数の）アジュバントおよび医薬上許容される（複数の）希釈剤および（複数の）担体を含むワクチン組成物中で好ましくは投与される。（複数の）担体は本発明の無発病性の微生物に適合し、免疫されるべき対象に有害でない意味において「許容される」にちがいない。典型的には、該担体は、無菌で発熱物質がないであろう水または生理食塩水であろう。免疫されるべき対象は、*P. multocida*、*A. pleuropneumoniae*または他の病原微生物によって引き起こされた疾患から保護する必要がある対象である。

【0032】

本発明のワクチンは、ヒト医学および獣医学の分野で有用であり得ることが認識されるであろう。かくして、免疫されるべき対象は、ヒトまたは他の動物、例えば、ウシ、ヒツジ、ブタ、ウマ、ヤギおよび家禽（例えば、鶏、七面鳥、アヒルおよびガチョウ）、イヌおよびネコのような愛玩動物；新種の動物および／または動物園動物；マウス、ラット、ウサギ、モルモットおよびハムスターを含めた実験動物を含む。

【0033】

また、本発明は、*P. multocida*または*A. pleuropneumoniae*病原性に必要とされるポリペプチドおよび対応するポリヌクレオチドを提供する。本発明は、天然に存在しないポリヌクレオチドおよびそのポリペプチド産物の双方を含む。天然に存在する病原性産物は、*P. multocida*または*A. pleuropneumoniae*以外の生物において発現された区別される遺伝子およびポリペプチド種ならびに対応する種ホモログを含む。天然に存在しない病原性産物は、共有結合修飾を含むアナログおよび病原性産物のごとき天然に存在する産物の変異体を含む。好ましい具体例において、本発明は、配列番号：1、3、7、9、11、13、15、17、1

9、21、23、25、29、31、33、37、39、41、51、53、55、57、58、60、68、70、72、74、76、78、80、82、84、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、135、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、158、160、162、163および164に記載された配列、およびその種ホモログを含む病原性ポリヌクレオチドならびに該ポリヌクレオチドによってコードされたアミノ酸配列を有するポリペプチドを提供する。

【0034】

本発明は、細菌性の病原性遺伝子産物をコードする新規に精製され、単離された*P. multocida*および*A. pleuropneumoniae*ポリヌクレオチド（例えば、DNA配列およびRNA転写体、センスおよび相補的なアンチセンス鎖の双方）を提供する。本発明のDNA配列は、ゲノムおよびcDNA配列ならびに全体または部分的に化学合成されたDNA配列を含む。本発明のゲノムDNAは、本発明のポリペプチドについての蛋白質コード領域を含み、同一種の他の菌株において見出し得る変異体を含む。本明細書に用い、また、当該技術分野において理解されている「合成された」とは、酵素的とは反対の純粋に化学的なポリヌクレオチドを製造する方法をいう。従って、「全」合成されたDNA配列は完全に化学的手段によって生産され、「部分」合成されたDNAは、得られたDNAの一部だけが化学的手段によって生産されたものを含む。*P. multocida*病原性遺伝子産物をコード化する好ましいDNAは、配列番号：1、3、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、29、31、33、37、39、41、51、53、55、57、58、60、68、70、72、74、76、78、80、82、84、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118および120、122、124、126、128、130、132、134、135、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、158、160、162、163および164ならびにその種ホモログに記載されている。病原性遺伝子産物をコ

ード化する好ましいA. pleuropneumoniae DNAは、配列番号：122、124、126、128、130、132、134、135、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、158、160、162、163および164ならびにその種ホモログに記載されている。当業者は、本発明の好ましいDNAが、DNAについてのワトソン-クリック塩基対規則による配列番号：1、3、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、29、31、33、37、39、41、51、53、55、57、58、60、68、70、72、74、76、78、80、82、84、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118および120、122、124、126、128、130、132、134、135、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、158、160、162、163および164の配列から導出される配列を有する相補的な分子（「非コード鎖」または「相補体」）と共に、二本鎖分子、例えば、配列番号：1、3、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、29、31、33、37、39、41、51、53、55、57、58、60、68、70、72、74、76、78、80、82、84、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118および120、122、124、126、128、130、132、134、135、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、158、160、162、163および164に記載された配列およびその種ホモログを有する分子を含むことを容易に認識するであろう。また、配列番号：1、3、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、29、31、33、37、39、41、51、53、55、57、58、60、68、70、72、74、76、78、80、82、84、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118および120、122、124、126、128、130、132、134、135、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、158、160、162、163および164に記載されたポリヌクレオチドおよびその種ホモログのいずれ

かによってコードされた遺伝子産物をコードするポリヌクレオチドが好ましい。
本発明は、好ましくは、*P. multocida*および*A. pleuropneumoniae* DNAの菌ホモログの種を含む。

【0035】

本発明によって提供されるポリヌクレオチド配列情報は、サザーンおよび／またはノーザンハイブリダイゼーションおよびポリメラーゼ鎖反応（PCR）を含めたよく知られた技術によって、関連する細菌の病原性分子をコードするポリヌクレオチドの同定および単離を可能とする。関連するポリヌクレオチドの例は、配列番号：1、3、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、29、31、33、37、39、41、51、53、55、57、58、60、68、70、72、74、76、78、80、82、84、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118および120、122、124、126、128、130、132、134、135、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、158、160、162、163および164に記載されたポリヌクレオチドおよびその種ホモログのいずれかによってコードされた病原性遺伝子産物に相同的なポリペプチド、ならびに本発明の病原性遺伝子産物の1以上の生物学的および／または物理的特性を共有する構造的に関連したポリペプチドをコードするポリヌクレオチドを含む。また、本発明は、中程度ないし高度のストリンジェント条件下、配列番号：1、3、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、29、31、33、37、39、41、51、53、55、57、58、60、68、70、72、74、76、78、80、82、84、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118および120、122、124、126、128、130、132、134、135、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、158、160、162、163および164に記載されたポリヌクレオチドおよびその種ホモログのいずれか1つの非コード鎖または相補体にハイブリダイズする細菌の遺伝子産物をコードするDNA配列を含む。遺伝暗号の縮重を除いてハイブリダイズする病原性ポリペプチドをコー

ドするDNA配列は本発明によって企図される。典型的な高度のストリンジェンシー条件は、65℃ないし75℃の0.2×SSC/0.1%SDSを含む緩衝液中の最終洗浄を含み、一方、典型的な中程度のストリンジェンシー条件は、35℃ないし45℃の0.2×SSC/0.1%SDSを含む緩衝液中の最終洗浄を含む。同等のストリンジェンシーの条件は、Ausubelら（編），*Protocols in Molecular Biology*, John Wiley & Sons（1994），6.0.3ないし6.4.10頁に記載された温度および緩衝液または塩濃度の変更を介して達成できることは当該技術分野において理解されている。ハイブリダイゼーション条件における修飾は、Sambrookら，（編.），*Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, Cold Spring Harbor Laboratory Press: Cold Spring Harbor, New York（1989），9.47ないし9.51頁に記載のごとく、該プローブの長さおよび／またはグアノシン／シトシン（GC）の塩基対合のパーセンテージに基いて経験的に決定でき、正確に計算できる。

【0036】

また、病原性遺伝子配列を組込むプラスミドおよびウィルスDNAベクターのごとき自主的な組み換えの発現構築が提供される。また、病原性ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドが、内因性または外因性の発現制御DNA配列および転写終了暗号に操作可能に連結される発現構築体が提供される。病原性遺伝子は、鋳型として*P. multocida*ゲノムDNAを用いて、PCRによってクローニングできる。発現ベクターに遺伝子を挿入するのを容易にするために、PCRプライマーは、PCRで増幅された遺伝子が、開始コドンATGに先行する5'端の制限酵素部位、および終止コドンTAG、TGAまたはTAAの後の3'端の制限酵素部位を有するように選択される。望ましいならば、遺伝子中のコドンは、GrosjeanおよびFiers, *Guide*, 18: 199-209（1982）、ならびにKonigsbergおよびGodson, *Proc. Natl. Acad. Sci. (USA)*, 80: 687-691（1983）によって記載された*E. coli*コドン優先に従ってアミノ酸を変更することなく変更される。*E. coli*中で産生される場合、コドン使用の最適化は、遺伝子産物の発現の増加に導き得る。遺伝子産物が*E. coli*または他の細菌の外質においてまたは細胞培養基へのいずれかで細胞外に産生されることになっているならば、遺伝子

はその開始コドンなくしてクローニングされ、シグナル配列の後の発現ベクターに入れられる。

【0037】

本発明のもう一つの態様によれば、本発明の病原性ポリペプチドの発現を可能とする方法において、本発明のポリヌクレオチド配列で安定してまたは一過性に形質変換した、トランスフェクトしたまたは電気穿孔した原核生物および真核細胞を含めた宿主細胞が提供される。本発明の発現系は、細菌、酵母、真菌、ウイルス、無脊椎動物および哺乳動物の細胞系を含む。本発明の宿主細胞は、病原性遺伝子産物で特に免疫反応性の抗体の開発のための免疫原の価値のある源である。本発明の宿主細胞は、病原性ポリペプチドの大規模製造方法に著しく有用であり、ここに、該細胞は、適当な培養基中で増殖し、所望のポリペプチド産物は細胞、または該細胞が、例えば、イムノアフィニティー精製によってまたは当該技術分野においてよく知られ日常的に実施されている多数の精製技術のいずれかによって増殖する培地から単離される。E. coli、P. multocida、BacillusおよびS. aureusを含めた他の細菌、Pichia pastorisおよびSaccharomyces cerevisiaeを含めた酵母、昆虫細胞またはCHO細胞を含む哺乳動物細胞のごときいずれの適当な宿主細胞も、当該技術分野において知られた適当なベクターを利用して、遺伝子産物の発現のために用いることができる。蛋白質は、細菌細胞の細胞周辺腔へ、または細胞培養基への分泌によって細胞内または細胞外のいずれかで直接的に産生されるか、あるいはペプチドまたはポリペプチドに融合できる。蛋白質の分泌は、シグナルペプチド（前配列としても知られている）を必要とし；原核生物および真核生物からの多数のシグナル配列は、組換え蛋白質の分泌のために機能することが知られている。蛋白質分泌プロセスの間に、シグナルペプチドをシグナルペプチダーゼによって除去して、成熟蛋白質を得る。

【0038】

蛋白質精製プロセスを単純化するために、精製タグは、遺伝子コード配列の5'または3'端のいずれかに付加できる。共通して用いられた精製タグは、6つのヒスチジン残基のストレッチ（米国特許第5,284,933号および第5,310,663号）、SchmidtおよびSkerra, Protein Engineering, 6:109-12

2 (1993) によって記載されたストレプトアビジン-親和性タグ、FLAGペプチド [Hoppら, Biotechnology, 6: 12051210 (1988)]、グルタチオンS-トランスフェラーゼ [SmithおよびJohnson, Gene, 67: 31-40 (1988)]、およびチオレドキシン [La Vallieら, BiolTechnology, 11: 187-193 (1993)]を含む。これらのペプチドまたはポリペプチドを取り除くために、蛋白質分解切断認識部位は、融合結合にて挿入できる。共通して用いられたプロテアーゼは、因子Xa、トロンビンおよびエンテロキナーゼである。

【0039】

また、本発明は、本発明のポリヌクレオチドによってコードされた精製および単離された*P. multocida*、および*A. pleuropneumoniae*病原性ポリペプチドを提供する。現在、配列番号：1、3、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、29、31、33、37、39、41、51、53、55、57、58、60、68、70、72、74、76、78、80、82、84、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118および120、122、124、126、128、130、132、134、135、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、158、160および164に記載されたポリヌクレオチドならびにその種ホモログのいずれかによってコードされたアミノ酸配列を含むポリペプチドが好ましい。本発明は、a) 配列番号：1、3、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、29、31、33、37、39、41、51、53、55、57、58、60、68、70、72、74、76、78、80、82、84、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118および120、122、124、126、128、130、132、134、135、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、158、160および164のいずれかに記載されたDNA配列ならびにその種ホモログ；b) 配列番号：1、3、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、29、31、33、37、39、41、51、53、55、57、58、60

、68、70、72、74、76、78、80、82、84、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118および120、122、124、126、128、130、132、134、135、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、158、160および164のいずれかによってコードされたP. multocidaまたはA. pleuropneumoniaeポリペプチドをコードするDNA分子ならびにその種ホモログ；およびc) 中程度のストリンジェント条件下にて、(a) または(b) のDNAにハイブリダイズする病原性遺伝子産物をコードするDNA分子よりなる群から選択されるDNAによってコードされた病原性ポリペプチドを包含する。

【0040】

本発明は、本発明の好ましいポリペプチドに対して少なくとも約99%、少なくとも約95%、少なくとも約90%、少なくとも約85%、少なくとも約80%、少なくとも約75%、少なくとも約70%、少なくとも約65%、少なくとも約60%、少なくとも約55%、および少なくとも約50%の同一性および／または相同性を有するポリペプチド、すなわち種ホモログおよびオソログも包含する。本発明の好ましいポリペプチドに関する%アミノ酸配列「同一性」は、病原性遺伝子産物配列と候補配列の両方を並べて、必要ならギャップを導入して、最大パーセント配列同一性を達成した後の病原性遺伝子産物配列中の残基と同一である候補配列中のアミノ酸残基のパーセンテージとして本明細書中では定義し、配列同一性の部分としていずれの保存的置換も考慮していない。本発明の好ましいポリペプチドに関する%配列「相同性」は、配列を並べて、必要ならギャップを導入して最大%配列同一性を達成した後の病原性ポリペプチド配列のうちの1中の残基と同一である候補配列中のアミノ酸残基のパーセンテージとして本明細書中では定義し、配列同一性の部分としていずれの保存的置換も考慮している。保存的置換は、表AおよびBに掲載するように定義し得る。

【0041】

【表1】

表A
保存的置換I

側鎖の特徴		アミノ酸
脂肪族	非極性	G A P I L V
	極性－非帯電	C S T M
	極性－帯電	N Q D E
		K R
芳香族		H F W Y
他のもの		N Q D E

【0042】

本発明のポリペプチドは、天然の細菌細胞源から単離するかまたは化学合成し得るが、好ましくは本発明の宿主細胞を含む組換え法によって生成する。本発明の病原性遺伝子産物は、完全長ポリペプチド、生物学的に活性なフラグメント、または特異的な生物学的もしくは免疫学的な活性を保持するそれらの変異型とし得る。変異型には病原性ポリペプチドアナログが含まれ、そこにおいては、（１）病原性遺伝子産物に特異的な１またはそれを超える生物学的活性または免疫学的特徴を喪失することなく；あるいは（２）病原性遺伝子産物の特定の生物学的活性の特異的な無能力を有して、１またはそれを超える特定の（すなわち、天然にコードされた）アミノ酸が欠失または置換されているか、あるいは１またはそれを超える非特定のアミノ酸が付加されている。意図される欠失変異型には、生物学的活性に必須でないポリペプチドの部分を欠いているフラグメントも含まれ、挿入変異型には野生型ポリペプチドまたはそのフラグメントがもう１のポリペプチドに融合している融合ポリペプチドが含まれる。

【0043】

変異型病原性ポリペプチドには、本発明のポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの改変によって保存的置換が導入されているものが含まれる。保存的置換は、その関連する物理学的特性に従ってアミノ酸を分類することと当該技術分野では認識されており、（1997年3月13日公開W0 97/09433号、10頁（9/6/96出願のPCT/GB96/02197）からの）表Aに掲載したごとく定義し得る。別法として、保存的アミノ酸は、表Bに掲載するごとくLehninger, [Biochemistry, 第2版；

Worth Publishers, Inc. 社 NY: NY (1975), pp71-77]で定義されるごとくグルー
 プ化することもできる。

【0044】

【表2】

表B
 保存的置換 I I

側鎖の特徴	アミノ酸
非一極性（疎水性）	
A. 脂肪族：	A L I V P
B. 芳香族：	F W
C. 含硫：	M
D. 境界：	G
非帯電一極性	
A. ヒドロキシル：	S T Y
B. アミド：	N Q
C. スルフヒドリル：	C
D. 境界	G
プラスに帯電（塩基性）：	K R H
マイナスに帯電（酸性）：	
D E	

【0045】

本発明の変異型病原性産物には成熟病原性遺伝子産物、すなわちリーダーまたはシグナル配列が除去され、さらなるアミノ酸末端残基を有するものが含まれる。ポジションー1にさらなるメチオニン残基を有する病原性遺伝子産物は、ポジションー2およびー1にさらなるメチオニンおよびリシン残基を有する病原性産物と同様に意図される。これらの型の変異型は、細菌細胞型における組換え蛋白質産生に特に有用である。本発明の変異型には、他の蛋白質に由来するアミノ末端配列が導入されている遺伝子産物、ならびに天然発生蛋白質には見出されないアミノ末端配列を含む変異型が含まれる。

【0046】

本発明は、特異的な発現系の使用から生じるさらなるアミノ酸残基を有する変異型ポリペプチドをも包含する。例えば、グルタチオンーS-トランスフェラーゼ（GST）との融合蛋白質として目的のポリペプチドを発現する市販のベクタ

一の使用は、目的のポリペプチドからGST成分を切断した後にポジション1にさらなるグリシン残基を有する目的のポリペプチドを提供する。他のベクター系を用いる発現から生じる変異型も意図される。

【0047】

また、本発明によって意図されるのは、抗体（例えば、本発明のポリペプチドを特異的に認識するCDR配列を含む複合物を含む、モノクローナルおよびポリクローナル抗体、一本鎖抗体、キメラ抗体、ヒト化、ヒトおよびCDR-グラフト抗体）ならびに病原性遺伝子産物またはそのフラグメントに特異的な他の結合蛋白質である。「に特異的」なる語は、本発明の抗体の可変領域が排他的に病原性ポリペプチドを認識し、かつ、それに結合する（すなわち、ポリペプチドのファミリーに見出される配列の同一性、相同性または類似性にかかわらず、関連する病原性ポリペプチドから単一の病原性ポリペプチドを識別できる）が、抗体の可変領域の外側の配列、特に分子の定常領域中の配列との相互作用を介して他の蛋白質（例えば、ELISA技術におけるエス・アウレウス（*S. aureus*）プロテインAまたは他の抗体）とも相互作用し得るを示す。本発明の抗体の結合特異性を決定するスクリーニング・アッセイはよく知られており、当該技術分野で日常的に実施されている。かかるアッセイの包括的な議論については、Harlowら（編）、*Antibodies A Laboratory Manual*; Cold Spring Harbor Laboratory; Cold Spring Harbor, NY (1988), 第6章を参照されたい。本発明の病原性ポリペプチドのフラグメントを認識し、かつ、それに結合する抗体も意図されるが、但し、当該抗体は、前記に定義したごとく、それからフラグメントが由来する本発明の病原性ポリペプチドに第一にかつ主要に特異的である。

【0048】

本発明により提供されるDNAおよびアミノ酸配列情報により、病原性遺伝子およびそれがコードする遺伝子産物の構造および機能の体系的な分析が可能となる。本発明の病原性遺伝子産物をコードするポリヌクレオチドの知識により、本発明の病原性ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドを認識し、かつ、それにハイブリダイズするアンチセンス・ポリヌクレオチドも利用可能となる。完全長およびフラグメントのアンチセンス・ポリヌクレオチドが提供される。当業者

であれば、本発明のフラグメントのアンチセンス分子には、(i) (他の公知分子をコードするDNAに対する本発明の病原性ポリペプチドをコードするDNAの配列比較によって決定される) 特定のRNAを特異的に認識し、かつ、それにハイブリダイズするもの、ならびに(ii) 病原性蛋白質のファミリーの変異型をコードするRNAを認識し、かつ、それにハイブリダイズするものが含まれることを認識するであろう。蛋白質の病原性ファミリーの他のメンバーをコードするRNAにハイブリダイズするアンチセンス・ポリヌクレオチドは、配列比較を介して同定可能であり、分子のファミリーに関する特徴またはシグニチャー(signature) 配列を同定する。

【0049】

さらに、本発明は、リボザイムの使用を介して遺伝子発現をモジュレートする方法も意図する。概説については、GibsonおよびShillitoe, Mol. Biotech. 7: 125-137 (1997)を参照されたい。リボザイム技術を利用して、(i) 標的mRNAへの相補的RNAのハイブリダイゼーション、および(ii) 相補鎖に固有のヌクレアーゼ活性を介するハイブリダイズしたmRNAの切断、を介する配列特異的様式でmRNAの翻訳を阻害し得る。リボザイムは経験的な方法によって同定し得るが、より好ましくは標的mRNA上のアクセス可能な部位に基づいて特異的に設計する[Bramlageら, Trends in Biotech., 16:434-438 (1998)]。標的細胞へのリボザイムのデリバリーは、当該技術分野でよく知られておりかつ日常的に実施されている外因的または内因的のいずれかのデリバリー技術を用いて行い得る。外因的デリバリー法には、標的化リボソームまたは直接局所注射の使用が含まれ得る。内因的な方法には、ウイルスベクターおよび非ウイルスプラスミドの使用が含まれる。

【0050】

リボザイムは、病原性遺伝子産物をコードするポリヌクレオチドにユニークな領域に相補的になるよう設計した場合、病原性遺伝子の発現を特異的にモジュレートし得る。したがって、「特異的にモジュレートする」とは、本発明のリボザイムが単一のポリヌクレオチドのみを認識することを意図する。同様に、リボザイムは、全てまたは幾つかのファミリーの蛋白質の発現をモジュレートするよう

に設計し得る。この型のリボザイムは、蛋白質のファミリーをコードする全てまたは幾つかのポリヌクレオチド中に保存されたポリヌクレオチド配列を認識するように設計する。

【0051】

さらに、本発明は、オリゴヌクレオチド指向化三重らせん形成の使用を介して本発明の病原性遺伝子の転写をモジュレートする方法を包含する。概説については、Lavrovskyら, Biochem. Mol. Med., 62:11-22 (1997)を参照されたい。三重らせん形成は、ワトソン・クリック・モデルで定義された主溝で二本鎖DNAにハイブリダイズする配列特異的オリゴヌクレオチドを用いて行う。その後、配列特異的オリゴヌクレオチドのハイブリダイゼーションは、例えば転写因子およびポリメラーゼを含むDNA-結合蛋白質の活性をモジュレートし得る。ハイブリダイゼーション用の好ましい標的配列には、病原性遺伝子産物の発現をモジュレートする転写調節領域が含まれる。三重らせん形成することができるオリゴヌクレオチドは、標的DNA配列の部位特異的共有的改变にも有用である。共有的改变に有用なオリゴヌクレオチドは、Lavrovskyら, [前掲]に記載されているごとき種々のDNA損傷剤にカップリングする。

【0052】

*P. multocida*および*A. pleuropneumoniae*の病原性遺伝子の同定は、抗細菌剤の同定方法において遺伝子および遺伝子産物を有用としている。かかる方法には、配列番号：1、3、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、29、31、33、37、39、41、51、53、55、57、58、60、68、70、72、74、76、78、80、82、84、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、および120、122、124、126、128、130、132、134、135、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、158、160、162、163、および164、ならびにそれらの種ホモログ（すなわち、配列番号：1、3、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、29、31、33、37、39、41、51、53、55、57、58、60、68、70、72、74、76、78、80、

82、84、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、および120、122、124、126、128、130、132、134、135、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、158、160、162、163、および164のDNA配列によって表される遺伝子)は病原性遺伝子産物をコードし、あるいは配列番号：1、3、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、29、31、33、37、39、41、51、53、55、57、58、60、68、70、72、74、76、78、80、82、84、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、および120、122、124、126、128、130、132、134、135、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、158、160、162、163、および164のDNA配列が病原性遺伝子産物をコードしている遺伝子に近接しているか、あるいは配列番号：1、3、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、29、31、33、37、39、41、51、53、55、57、58、60、68、70、72、74、76、78、80、82、84、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、および120、122、124、126、128、130、132、134、135、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、158、160、162、163、および164のいずれか1に記載のDNA配列、その種ホモログまたはその相補鎖によって全体または一部分がコードされる細菌遺伝子産物の機能を干渉する能力につき潜在的剤をアッセイし、つづいてかかるアッセイにおいてポジティブである剤を同定することが含まれる。これらのアッセイに有用なポリヌクレオチドおよびポリペプチドには、本明細書中に開示する遺伝子およびコードされるポリペプチドのみならず、野生型の遺伝子およびポリペプチドと実質的に同じ活性を有するその変異型も含まれる。

【0053】

前記した方法によって作製される病原性遺伝子産物は、高処理量アッセイで用

いてインヒビターについてスクリーニングする。スクリーニングすべき潜在的剤の起源は、化学化合物ライブラリー、ストレプトマイセテス (Streptomycetes)、他の細菌および菌類の醗酵培地、ならびに植物および他の増殖性植物の細胞抽出物である。公知の酵素活性を有する蛋白質については、活性に基づいてアッセイを確立し、多数の潜在的剤を該活性を阻害する能力についてスクリーニングする。他の蛋白質または核酸と相互作用する蛋白質については、結合アッセイを確立して、かかる相互作用を直接測定し、潜在的剤を結合相互作用を阻害する能力についてスクリーニングする。

【0054】

当該技術分野で知られている異なるアッセイの使用は、本発明のこの態様に従って意図される。病原性遺伝子産物の機能が公知の遺伝子産物に対する配列類似性によって知られているかまたは予想される場合には、遺伝子産物の機能および／または特性に合わせた酵素的または他のタイプの生物学的および／または生化学的アッセイで潜在的なインヒビターをスクリーニングし得る。病原性遺伝子産物が他の蛋白質または核酸と相互作用する公知の遺伝子産物に対する配列類似性によって知られているかまたは予想される場合には、相互作用のインヒビターを結合アッセイで直接スクリーニングし得る。本発明は、病原性遺伝子産物によって結合のインヒビターをスクリーニングおよび同定する多数のアッセイを意図する。1の例において、病原性遺伝子産物を固定化し、結合パートナーとの相互作用を推定インヒビター化合物の存在および不存在下で評価する。もう1の例において、病原性遺伝子産物とその結合パートナーとの間の相互作用は、推定インヒビター化合物の存在および不存在下の両方で、溶液アッセイにおいて評価する。両方のアッセイにおいて、インヒビターは病原性遺伝子産物とその結合パートナーとの間の結合を低下させる化合物として同定する。他のアッセイもこれらの例で意図され、そこでは病原性遺伝子産物結合パートナーは蛋白質である。例えば、ジハイブリッドアッセイの変形が意図され、そこでは蛋白質／蛋白質相互作用のインヒビターは、1995年8月3日に公開された国際公開番号W0 95/20652号に記載されているごとき形質転換またはトランスフェクトした宿主細胞におけるポジティブ・シグナルの検出によって同定する。

【0055】

本発明により意図される候補インヒビターには、潜在的なインヒビターのライブラリーから選択される化合物が含まれる。小分子モジュレーターの同定に用いる多数の異なるライブラリーが存在し、これには（１）化学ライブラリー、（２）天然物ライブラリー、および（３）ランダムなペプチド、オリゴヌクレオチドまたは有機分子からなる組合せライブラリーが含まれる。化学ライブラリーは、公知の化合物、あるいは天然物のスクリーニングを介して「ヒット（hits）」または「リード」と同定された化合物の構造アナログからなる。天然産物ライブラリーは、（１）土壌、植物または海洋微生物からのブロスの醗酵および抽出、あるいは（２）植物または海洋生物の抽出、によってスクリーニング用の混合物を生成するために用いる微生物、動物、植物または海洋生物の収集である。天然物ライブラリーには、ポリペプチド、非ーリボソームペプチドおよびそれらの変異型（非天然発生）が含まれる。概説については、Science, 282:63-68 (1998)を参照されたい。組合せライブラリーは、混合物として多数のペプチド、オリゴヌクレオチド、または有機化合物よりなる。それは、伝統的な自動化合成法、PCR、クローニングまたは特許合成方法によって比較的簡単に調製する。特に関心があるのは、ペプチドおよびオリゴヌクレオチド組合せライブラリーである。なお他の関心のあるライブラリーには、ペプチド、蛋白質、ペプチド模倣物、マルチ平行合成収集、組換え、およびポリペプチド・ライブラリーが含まれる。それから創製された組合せ化学およびライブラリーの概説については、Myers, Curr. Opin. Biotechnol., 8: 701-707 (1997)を参照されたい。本明細書中に記載する種々のライブラリーの使用を介するモジュレーターの同定により、候補「ヒット」（または「リード」）を改変して活性をモジュレートする「ヒット」の能力を最適化し得る。

【0056】

本発明によって意図されるなお他の候補インヒビターを設計し得、それには可溶性形態の結合パートナー、ならびにキメラ蛋白質または融合蛋白質としての結合パートナーが含まれる。本明細書中で用いる結合パートナーは、抗体、抗体フラグメント、ならびに同定した病原性遺伝子の発現産物に対して免疫特異的な抗

体ドメインを含む修飾化合物を広く包含する。

【0057】

病原性遺伝子産物に対する結合パートナー（すなわち、リガンド）が知られていない場合には、標的蛋白質への試験結合パートナーの直接結合を測定することを介して標的蛋白質の結合パートナーを同定するアッセイ、ならびにイオン交換質量分析／HPLC法または他の物理方法もしくは分析方法を用いたアフィニティー限外濾過を介して標的蛋白質の結合パートナーを同定するアッセイが含まれる。別法として、かかる結合相互作用は、両方とも出典明示して本明細書の一部とみなす、FieldsおよびSong, *Nature*, 340: 245-246 (1989)、ならびにFieldsおよびSternglanz, *Trends in Genetics*, 10:286-292 (1994)に記載されている酵母ツーハイブリッド系を用いて間接的に評価する。ツーハイブリッド系は、2の蛋白質またはポリペプチド間の相互作用を検出するための遺伝子アッセイである。それを用いて、関心のある公知蛋白質に結合する蛋白質を同定するか、または相互作用に重要なドメインまたは残基を詳細にすることができる。この方法に対する変形が開発されて、DNA-結合蛋白質をコードする遺伝子がクローン化され、蛋白質に結合する蛋白質が同定され、薬剤がスクリーニングされている。ツーハイブリッド系は、レポーター遺伝子上流活性配列（UAS）に結合するDNA-結合ドメインのすぐ近接して転写活性ドメインをもってゆく一対の相互作用蛋白質の能力を活用し、一般的に酵母で行う。該アッセイには、（1）第1の蛋白質に融合したDNA-結合ドメイン、および（2）第2の蛋白質に融合した活性ドメイン、をコードするツーハイブリッド遺伝子の構築が必要である。DNA-結合ドメインは第1のハイブリッド蛋白質をレポーター遺伝子のUASに標的化する；しかしながら、大部分の蛋白質は活性化ドメインを欠いているため、このDNA-結合ハイブリッド蛋白質はレポーター遺伝子の転写を活性化することができない。活性化ドメインを含有する第2のハイブリッド蛋白質は、それ自体でレポーター遺伝子の発現を活性化することができない。それはUASに結合しないからである。しかしながら、両方のハイブリッド蛋白質が存在する場合には、第1の蛋白質と第2の蛋白質の非共有的な相互作用が活性化ドメインをUASにつなぎ、レポーター遺伝子の転写を活性化する。病原性遺伝子産物（例

えば、第1の蛋白質)がもう1の蛋白質または核酸と相互作用することがすでに知られている場合には、このアッセイを用いて結合相互作用を干渉する剤を検出することができる。異なる試験剤を系に添加しながらレポーター遺伝子の発現をモニターする；インヒビター因子の存在はレポーター・シグナルの欠失を生じる。

【0058】

病原性遺伝子産物の機能が知られておらず、かつ、遺伝子産物に結合することが知られているリガンドが存在しない場合には、酵母ツーハイブリッド系を用いて遺伝子産物に結合する蛋白質を同定することもできる。第1の蛋白質(標的蛋白質)に結合する蛋白質を同定するためのアッセイにおいては、各々が異なる第2の蛋白質をコードしている多数のハイブリッド遺伝子をこのアッセイで作製およびスクリーニングする。典型的には、第2の蛋白質は、全cDNAまたはゲノミックDNAが活性化ドメインに連結しているプラスミドのプールによってコードされている。この系は広範な種々の蛋白質に適用可能であり、第2の結合蛋白質の同一性または機能を知ることすら必要でない。該系は非常に感度が高く、他の方法によって明らかにされない相互作用(一時的な相互作用が転写の引き金を引いて、繰返し翻訳することができる安定なmRNAを生成してレポーター蛋白質を得る場合でさえ)を検出することができる。

【0059】

他のアッセイを用いて標的蛋白質に結合する剤を探索し得る。標的蛋白質への試験リガンドの直接結合を同定するための1のかかるスクリーニング法は、出典明示して本明細書の一部とみなす米国特許第5,585,277号に記載されている。この方法は、蛋白質が一般的にホールドおよびアンホールド状態の混合物として存在し、2の状態の間を連続的に交代しているという原理に基づく。試験リガンドがホールド形態の標的蛋白質に結合する場合(すなわち、試験リガンドが標的蛋白質のリガンドである場合)には、リガンドによって結合された標的蛋白質分子はそのホールド状態のまま存在する。したがって、ホールド標的蛋白質は、リガンド不存在下よりも、標的蛋白質に結合する試験リガンドの存在下でより多い程度で存在する。標的蛋白質へのリガンドの結合は、標的蛋白質のホールドおよび

アンホールド状態の間を識別するいずれの方法によっても判定し得る。このアッセイを行うために、標的蛋白質の機能が知られている必要はない。試験リガンドとしてこの方法によって実質的にいずれの剤も評価し得、限定されるものではないが、金属、ポリペプチド、蛋白質、脂質、多糖、ポリヌクレオチドおよび小有機分子が含まれる。

【0060】

標的蛋白質に対するリガンドを同定するもう1の方法は、出典明示して本明細書の一部とみなす、Wieboldtら, Anal. Chem., 69:1683-1691 (1997)に記載されている。この技術は、標的蛋白質への結合について溶液相中で一時に20-30の剤の組合せライブラリーをスクリーニングする。標的蛋白質に結合する剤は、遠心限外濾過によって他のライブラリー成分から分離する。つづいて、フィルター上に保持された特異的に選択された分子を標的蛋白質から遊離させ、HPLCおよび空気圧アシスト電子スプレー（イオンスプレー）イオン化質量分析によって分析する。この手法は標的蛋白質に対して最高のアフィニティーを有するライブラリー成分を選択し、特に小分子ライブラリーに有用である。

【0061】

初期スクリーニングによって同定されたインヒビター／バインダーは、*P. multocida*感染症のイン・ビボ (in vivo) マウス・モデルにおける病原性に対するその効果について評価する。菌血症、心内膜炎、敗血性関節炎、柔組織膿瘍または肺炎のモデルを利用し得る。他の動物の使用を含むモデルも本発明によって意図される。

【0062】

例えば、ウサギを、変化する量の推定インヒビター／バインダー化合物を投与する前後に野生型*P. multocida*株で攻撃し得る。推定インヒビター／バインダー化合物の代わりに塩類溶液のみを投与した対照動物は、それによって試験動物の悪化を判定し得る基準を提供する。他の動物モデルには、Animal and Plant Health Inspection Service, USDA, 1994年1月1日 編, §§113, 69-113.70; Panciera and Corstvet, Am. J. Vet. Res. 45: 2532-2537; Amesら, Can. J. Comp. Med. 49: 395-400 (1984);ならびにMukkur, Infection and Immunity 18: 583-58

5 (1977)に記載されているものが含まれる。細菌の病原性を干渉するインヒビター／バインダーは、感染症の確立を予防し得、あるいは一旦確立した感染症の結果を逆転させ得る。

【0063】

フロイント完全アジュバントおよびフロイント不完全アジュバント、ミコール酸ベースのアジュバント（例えば、トレハロース ジミコレート）、細菌リポ多糖（LPS）、ペプチドグリカン（すなわち、ムレイン、ムコペプチド、またはN-オパカ（N-Opaca）、ムラミルジペプチド[MDP]またはMDPアナログのごとき糖蛋白質）、プロテオグリカン（例えば、クレブシエラ・ニューモニエ（*Klebsiella pneumoniae*））、連鎖球菌調製物（例えば、OK432）、ビオスチムTM（BiostimTM）（例えば、O1K2）、欧州特許第109 942号、第180 564号および第231 039号の「イスクムス（Iscoms）」、水酸化アルミニウム、サポニン、DEAE-デキストラン、（ミグリオールのごとき）中性油、（落花生油のごとき）植物油、リポソーム、プルロニック^R（Pluronic^R）ポリオール、Ribiaアジュバント系（例えば、GB-A-2 189 141号を参照されたい）、またはインターロイキンのごとき油ベースのアジュバントを含む当該技術分野で知られているいずれのアジュバントもワクチン組成物に用い得、特に細胞性免疫を刺激するものを用い得る。アミコラータ（*Amycolata*）、アクチノマイセテールス（*Actinomycetales*）目の細菌属の抽出物よりなるもう1のアジュバントは、米国特許第4,877,612号に記載されている。さらに、特許アジュバント混合物が市販されている。用いるアジュバントは、一部分、レシピエント生物に依存するであろう。投与するアジュバントの量は、動物のタイプおよびサイズに依存するであろう。最適投与量は日常的な方法によって容易に決定し得る。

【0064】

ワクチン組成物は、所望により、医薬的なビヒクル、賦形剤または媒体として作用するワクチン-和合性の医薬上許容し得る（すなわち無菌であって無毒な）液体、半固体または固体の希釈剤を含み得る。当該技術分野で知られているいずれの希釈剤も用い得る。例示的な希釈剤には、限定されるものではないが、モノラウリン酸ポリオキシエチレンソルビタン、ステアリン酸マグネシウム、メチル

ーおよびプロピルヒドロキシベンゾエート、タルク、アルギン酸塩、デンプン、ラクトース、スクロース、デキストロース、ソルビトール、マンニトール、アカシアガム、リン酸カルシウム、鉱油、カカオ脂、およびテオブロマ (theobroma) 油が含まれる。

【0065】

ワクチン組成物はデリバリーに簡便な形態で包装し得る。組成物はカプセル剤、キャプレッツ剤、サシェ剤、カシェ剤、ゼラチン、紙または他の容器内に入れることができる。レシピエント生物への免疫原性組成物の注入と和合する場合、特に、免疫原性組成物をユニット投与量形でデリバリーする場合、これらのデリバリー形態が好ましい。投与量ユニットは、例えば、錠剤、カプセル剤、坐剤またはカシェ剤に包装し得る。

ワクチン組成物は、例えば、経口、舌下、鼻腔、肛門、または腔デリバリーによって、静脈内、皮内、筋肉内、乳房内、腹膜内または皮下注射を含む方法いずれかの慣用的な方法によって免疫接種すべき対象に導入し得る。治療は、単一用量または一定期間にわたる複数用量よりなり得る。

【0066】

本発明は、細菌感染症および／またはそれと関連する病徴を予防または軽減するためのワクチン薬剤を製造するための本発明の弱毒細菌株の使用も包含する。本発明は、細菌感染症および／またはそれと関連する病徴を予防または軽減するための医薬を製造するための本発明のインヒビターの使用も提供する。

【0067】

本発明を以下の実施例によって説明する。実施例1は*P. multocida*の構築を記載する。実施例2は*P. multocida*突然変異体のスクリーニングに関する。実施例3は*P. multocida*突然変異体の病原性を判定する方法を扱う。実施例4は*P. multocida*病原性遺伝子のクローニングを記載する。実施例5は*P. multocida*病原性遺伝子に関連する他の種における遺伝子の同定を扱う。実施例6は*A. pleuropneumoniae*突然変異体の構築を記載する。実施例7は弱毒化*A. pleuropneumoniae*突然変異体のスクリーニングを扱う。実施例8は*A. pleuropneumoniae*病原性遺伝子の同定に関する。実施例9は*A. pleuropneumoniae*の突然変異体および野生型

細菌の競合的攻撃を記載する。実施例10は同定した*A. pleuropneumoniae*遺伝子の特徴付ける。実施例11は野生型細菌攻撃に対して保護する*A. pleuropneumoniae*突然変異体の効力を扱う。

【0068】

実施例1

タグドートランスポゾン・*P. multocida*突然変異体のライブラリーの構築

タグドートランスポゾン突然変異体のライブラリーは、親ベクターpLOF/Km[Herreroら, J. Bacteriol., 172: 6557-67 (1990)]中に構築し、これは*P. multocida*で機能性かつランダムであることが以前に示されている[Leeら, Vet. Microbiol., 50: 143-8(1996)]。プラスミドpLOF/Kmはスーサイド・ベクターpGP704の改変として構築し、それはT_acプロモーター制御下のトランスポザゼ遺伝子ならびにカナマイシン耐性をコードするミニ-Tn10トランスポザブル・エレメントを含んでいた。プラスミドpTEF-1は半ランダム[NK]₃₅配列を含む配列タグを受容するようにpLOF/Kmを改変することによって以下に記載するごとく構築した。

【0069】

プラスミドpLOF/Kmをまず改変してマルチプルクローニング領域中のユニークKpnI制限部位を除去し、ついでミニ-Tn10領域中に新たなKpnI部位を導入した。そのプラスミドをKpnIで消化し、生じた突出末端を製造業者が指示するプロトコールに従ってクレノウ・ポリメラーゼで埋めた。本明細書中に記載した制限消化および連結は、製造業者が指示するプロトコールに従って行った(Gibco BRL, Gaithersburg, MD and Boehringer Mannheim, Indianapolis, IN)。平滑末端生成物は自己連結して、pLOF/Km--KpnIと命名したプラスミドを生成し、これを増幅用のイー・コリ(*E. coli*)DH5 α : λ p_irに形質転換した。イー・コリDH5 α :(λ p_ir ϕ 80d_lacZ Δ M15, *recA*1, *endA*1, *gyrA*96, *thi*-1, *hsdR*17(*r*_k⁻, *m*_k⁻ *supE*44, *relA*1, *deoR*, Δ (*lacZYA-argF*)U169を、LB (Luria-Bertani) 培地中、37℃にて増殖させた。プラスミドはQIAGEN Inc. (Santa Clarita, CA) からのQIAGEN SpinPrepsを用い

て調製し、ミニ-Tn10トランスポザブル・エレメント内のユニーク部位を切断するSfiIで消化した。SfiI-KpnI-SfiIアダプターは、オリゴヌクレオチドTEF1（配列番号：86）およびTEF3（配列番号：87）をアニーリングさせ、得られた二本鎖アダプターをSfiI部位に連結させてプラスミドpTEF-1を作製することによって調製した。オリゴヌクレオチドTEF1およびTEF3（ならびに本明細書中に記載する全ての他のオリゴヌクレオチド）は、Genosys Biotechnologies (The Woodlands, TX) によって合成した。

【0070】

【化1】

TEF1 5'-AGGCCGGTACCGGCCGCCT 配列番号：86

TEF3 5'-CGGCCGGTACCGGCCTAGG 配列番号：87

【0071】

pTEF-1のKpnI部位へ挿入するためのユニーク配列タグは以下の通り調製した。250 μMの各dNTP、1.5 mMのMg(OAc)₂、テンプレートDNAとしての100ピコモルの各プライマーTEF14（配列番号：88）およびTEF15（配列番号：89）、1 ngのTEF26（配列番号：90）ならびに2.5単位の組換えTth DNAポリメラーゼXLを含む条件下で、GeneAmp XL PCRキット（PE Applied Biosystems, Foster City, CA）を用いてPCRを行って二本鎖DNAタグを作製した。

【0072】

【化2】

TEF14 5'-CATGGTACCCATTCTAAC 配列番号: 88

TEF15 5'-CTAGGTACCTACAACCTC 配列番号: 89

TEF26 配列番号: 90

5'-CTAGGTACCTACAACCTCAAGCTT-[NK]₃₅-

AAGCTTGGTTAGAATGGGTACCATG

【0073】

反応条件は、95℃にて1分間の初期インキュベートにつづく、95℃にて30秒間、45℃にて45秒間、ついで72℃にて15秒間の30サイクルにつづく、72℃にて2分間の最終インキュベートを含む。PCR産物をKpn Iで消化し、製造業者の指示するプロトコールに従ってQIAGEN Nucleotide Removal Kit (QIAGEN, Inc., Chatsworth, GA) を用いて精製した。ユニークタグ配列を、標準的な手法を用いて予めKpn Iで消化し、子ウシ腸アルカリホスファターゼ (Boehringer Mannheim) で脱リン酸化した線状pTEF-1のミニ-Tn10エレメントに連結した。得られたプラスミド・ライブラリーをイー・コリDH5α:λpirに形質転換した。ハイブリダイゼーションおよび検出を以下の通り行いつつ、DIGの使用案内書 (Boehringer-Mannheim) に従ってコロニーブロット分析を行った。

【0074】

ハイブリダイゼーションは、Genius Non-Radioactive User's Guide (Boehringer Mannheim Biochemicals)、DIG-PCR labeling kit (Boehringer Mannheim Biochemicals)用製品シート、およびCSPD (Boehringer Mannheim Biochemicals)用製品シートに従って本質的に行った。プローブの調製については、Amplitaq PCR緩衝液 (PE Applied Biosystems)、200 μMのdNTP、140ピコモルの各プライマーTEF5 (配列番号: 9) およびTEF6 (配列番号: 92)、2 mMのMgCl₂、2.5単位のAmplitaq (PE Applied Biosystems) および1 ngのプラスミドDNAを用いて、100 μlの一次PCR反応を設定した。

【0075】

【化3】

TEF5 5'-TACCTACAACCTCAAGCT 配列番号: 91

TEF6 5'-TACCCATTCTAACCAAGC 配列番号: 92

【0076】

サイクル条件は、95℃にて2分間の初期インキュベートにつづく、95℃にて30秒間、50℃にて45秒間、72℃にて15秒間の35サイクルにつづく72℃にて3分間の最終インキュベートを含んでいた。増幅産物を2%–3:1

NuSieve GTG (FMC BioProducts, Rockland, ME, USA) : アガロースゲル上の電気泳動を用いて分離し、109bpを切除して精製した。ゲル抽出はQIAGEN Gel Extractionキット (QIAGEN) を用いて行った。約15ngの一次産物をDIG PCRキット、50ピコモルの各プライマーTEF24およびTEF25およびDIG Probe Synthesis Mixと2mMのdNTP保存溶液の1:1混合物を用いる50μlのPCR反応中で標識した。

【0077】

【化4】

TEF24 5'-TACCTACAACCTCAAGCTT 配列番号: 93

TEF25 5'-TACCCATTCTAACCAAGCTT 配列番号: 94

【0078】

PCR反応は、95℃にて4分間の初期インキュベートにつづく、95℃にて30秒間、50℃にて45秒間、72℃にて15秒間の25サイクル、ならびに72℃にて3分間の最終インキュベートを含んでいた。標識したPCR産物を90μlの合計反応体積中でHindIIIで消化し、2%–3:1 NuSieve GTG (FMC BioProducts) : アガロースゲルを用いるコンスタント・プライマーアームから精製した。標識した可変タグを含有する領域を切除し、全ゲ

ルスライスを10mlのDIG EasyHyb中、95℃にて10分間溶解および変性させた。

【0079】

ドットブロットは、Hybond^R-N⁺膜 (Amersham-Pharmacia Biotech) を用いて調製した。各タグ用の標的DNAは、ほぼ30ngのPCR産物を用いて96ウェルプレート中で調製した。等容量の0.1N NaOHを添加して試料を変性させ、各試料をSchleicher and Schuell (Keene, NH, USA) からのManifold ITM Dot-Blot Apparatusを用いて最小限の真空で膜に適用した。各ウェルを150μlの中和溶液(0.5M トリス/3M NaCl、pH7.5) および150μlの2×SSCで洗浄した。膜をStratalinker (Stratagene, La Jolla, CA, USA) 中でUV-架橋し、20mlのDIG EasyHyb Buffer中、42℃にて1時間プレハイブリダイズさせた。変性したプローブを添加し、ハイブリダイゼーションを42℃にて一晩行った。膜を0.1%SDSを含有する2×SSCで各洗浄につき5分間2回洗浄した。標準Genius Detectionプロトコル (Genius Manual) を用いて進行する前に、2の高ストリンジェンシー洗浄を0.1%のSDSを含有する予め加温した50mlの0.1×SSC緩衝液中、68℃にて15分間行った。

【0080】

安全性、低コスト、使用し易さ、および危険な材料を減少させるために、非-放射性検出系を用いることが望ましい。以前に記載された同様な手法[Meiら, Mol. Microbiol. 26: 399-407 (1997)]を用いる初期実験においては、ネガティブ対照において許容できないバックグラウンド・レベルのハイブリダイゼーションが得られた。バックグラウンドを低下させるために、タグの長さを30bp増加させて合計70とし、増幅プライマーを長くして可変領域を挟む全ての配列を含め、低濃度のdig-dUTPを用い、配列タグ領域を挟む保存配列をゲル精製によって取り出した。最も重要なことは、PCRを用いて、トランスポゾンそれ自体からのバックグラウンド・ハイブリダイゼーションを検出した後にタグド・トランスポゾンを含む全プラスミドよりもむしろ、ドット・ブロットにおけ

る標的DNAとして[NK]₃₅配列タグを作製した。これらの改変を用いて、バックグラウンドを排除し、化学ルミネセンス／非放射性スクリーニングをより効果的とした。

【0081】

PCR生成配列タグとpTEF-1の連結から生じたほぼ400の異なる形質転換体をコロニーブロットによってスクリーニングし、さらなる使用のために96の最も強いハイブリダイズ・コロニーをマイクロタイター・プレートに結合させた。二重のタグの可能性は非常に低いが、マスタートグのプレートの半分を他のものに対してプローブして、タグが二重になっていないことを確認した。これらのタグを含有するプラスミドを精製して、イー・コリS17-1:λpir (pir, recA, thi, pro, hsd, (r-m+), RP4-2, (Tc::Mu), [Tm::Tn7], [TmpR], [SmR]) に形質転換し、その形質転換細菌をLB培地中、37℃にて増殖させた。各96のタグド・プラスミドpTEF-1を含有するイー・コリS17-1:λpir形質転換体を接合交配に用いて、*P. multocida*のトランスポゾン突然変異体を作製した。*P. multocida*株TF5は、ウシ臨床単離株である、UC6731由来の自然発生ナリジキン酸耐性突然変異体である。*P. multocida*は、プレート上で増殖させる場合には、5%CO₂下、ブレインハート浸出液(BHI)培地(Difco Laboratories, Detroit, MI, USA)上、37℃にて増殖させた。交配は各イー・コリS17-1:λpir/pTEF1:[NK]₃₅クローンおよびTF5株を後期対数増加期まで増殖させることによって設定した。各タグド-pTEF-1クローンにつき50μlの培養液を200μlのTF5培地と混合し、100mMのIPTGおよび10mMのMgSO₄を含有するBHIプレート上に予め置いておいた0.22TMフィルターに50μlの各交配混合物をスポットした。5%CO₂下、37℃にて一晩インキュベートした後に、各フィルターを3mlのPBSに入れて交配混合物を洗い取り、各25μlをBHIN⁵⁰K¹⁰⁰プレートに平板した。選択的一晩増殖後に、コロニーを200μlのBHIN⁵⁰K⁵⁰へのトウスピーク移植(toothpick transfer)によってマイクロタイター・プレートに合して、マイクロタイター・プレート中の各ウェルが同じ配列タグを有する

トランスポゾン突然変異体を常に含むことを確かめた。一晚増殖後に、 $50\mu\text{l}$ の75%グリセリンを各ウェルに添加し、プレートを -80°C にて凍結保存した。

【0082】

トランスポゾン突然変異体をマイクロタイター・プレートに移すことによって19のプールを合して、そのウェルに対して適当なタグを有するトランスポゾン突然変異体を各ウェルが含んでいたことを確かめた。他言すれば、これらの突然変異体内のトランスポゾンの位置は異なり得るが、各マイクロタイター・プレート中の特定のウェルは同一配列タグを有するトランスポゾン突然変異体を常に含んでいた。

【0083】

実施例2

弱毒化*P. multocida*突然変異体のげっ歯類スクリーニング

敗血症のげっ歯類モデルを用いて、*Pasteurella multocida*のトランスポゾン突然変異体の19のプールをスクリーニングした。プールした*P. multocida*・トランスポゾン突然変異体の凍結プレートを -80°C 保存から取り出し、各ウェルからの $10\mu\text{l}$ を $50\mu\text{g/ml}$ のナリジキシム酸 (Sigma) および $50\mu\text{l/ml}$ のカナマイシン (Sigma) と共に $200\mu\text{l}$ のブレインハート浸出液 (DIFCO) ($\text{BHI N}^{50}\text{K}^{50}$) を含有する新たな96ウェル丸底プレート (Corning Costar, Cambridge, MA, USA) に移すことによって二次培養した。プレートを振盪せずに5% CO_2 下、 37°C にて一晚インキュベートした。各ウェルからの $10\mu\text{l}$ をウェル当たり $100\mu\text{l}$ のBHIを含有する新たな平底96ウェルプレート (Corning Costar) に移し、ほぼ 150rpm で振盪しつつ 37°C にてインキュベートすることによって一晚プレートを二次培養した。マイクロタイター・プレートリーダーを用いて OD_{540} をモニターした。ほぼ0.2ないし0.25の OD_{540} で、各プレートをプールして、マイクロタイター・プレートの各ウェルからの $100\mu\text{l}$ を合することによって「投入プール」を形成した。その培養物をBHI中で適当に希釈してほぼ 10^4 、 10^5 、 10^6CFU/ml の用量とし、 0.2ml の各希釈物を用いて、腹膜内投与によって雌性14-16gの

BALB/cマウスに感染させた。感染後2日に、1または2の生存しているマウスを安楽死させて脾臓を採取した。全脾臓を1.0mlの無菌0.9%塩類溶液中でホモジナイズした。 10^{-2} から 10^{-5} のホモジネートの希釈物を調製し、BHIN⁵⁰K⁵⁰プレートに平板した。一晚増殖後に、少なくとも20,000コロニーを1.0mlのBHIブロスにプールして「回収プール」を形成し、以前に記載されたプロトコル[F. M. Ausubelら(編), Current Protocols in Molecular Biology, vol. 1. John Wiley and Sons, New York, p.2.4.1-2.4.5.(1997)中のWilson]に従って、0.5mlの回収プールを3,500×gにて遠心し、そのペレットを用いてゲノミックDNAを調製した。

【0084】

病原性野生型*P. multocida*を用いた初期実験は、生物を脾臓、肺、腎臓および肝臓から回収し得ることを示し、これは感染の真正な敗血症モデルを示している。「投入」および「回収」の両方のプールについてのドット・ブロットを実施例1に記載したのと同様に行い、視覚的検査および半一定量分析の両方によって評価した。ハイブリダイゼーションは、投入および回収プールからの5μgのゲノミックDNAをテンプレートとして用いる以外は、実施例1に記載したのと同様に行った。半一定量分析は、単一クローンにおける顕著な減少が起こったか否かを示している。突然変異体が宿主内で生存することができない場合には、回収シグナルは投入シグナルに比して非常に低く、高い投入／回収比を与えるにちがいない。大部分の突然変異体はイン・ビトロ (in vitro)と同様にイン・ビボ (in vivo)で増殖するであろう。したがって、それらのシグナルの比はほぼ1に等しいにちがいない。回収プールで非常に減少しているとして定量分析によって選抜したクローンを、さらなる実験用に選抜した。疑わしい投入／回収比を有するさらなるクローンは、ドット・ブロットから作成したフィルムを視覚的に評価した後にも選抜した。

【0085】

【実施例】

実施例3

*P. multocida*候補突然変異体についての毒性の決定

脾臓細胞からの低減した回復を示した各可能性のある突然変異体を原プールプレートから単離し、免疫性テスト実験 (a challenge experiment) に用いて、該トランスポゾン突然変異体により生じた弱毒化を確認し、おおざっぱに評価した。in vivoスクリーン由来の個々の候補突然変異体をヒツジ血液寒天プレート上、5%CO₂中で37℃にて一晩成長させた。各突然変異体のおよそ6つのコロニーをBHIブロス中に接種し、6時間成長させた。希釈物を調製し、5匹のマウス各々に、10²、10³、10⁴および10⁵CFUで上記したごとく感染させた。弱毒化を6日後の死亡率をその野生型と比較することによって決定した。生存しているマウスは保護されていたものと推定され、次いで、当該野生型株のLD₅₀のおよそ200倍の濃度にての野生型*P. multocida*の用量で免疫性テスト (challenge) した。次いで、免疫性テストされた各マウス群につき生存率を決定した。

【0086】

結果は、120個の可能性のあるトランスポゾン突然変異体のうち62個が弱毒化し、その野生型株よりも少なくとも10倍高いおよそのLD₅₀を有することを示した。該クローンおよびそれらのおよそのLD₅₀値を表1に列記する。該野生型株での対象実験を免疫性テストの各組と並行して行い、全ての場合において、野生型免疫性テスト群の死亡率は100%であった。

LD₅₀値に加えて、表1はワクチン化および免疫性テストからのデータも与える。簡単には、マウス群 (n=5ないし10) は、毒性のある野生型株のLD₅₀よりも約200倍高い濃度にて表1に示す個別の*P. multocida*株で腹膜組織内注射によりワクチン化した。死亡率の数字を算出した後28日間、動物を観察した。

【0087】

【表3】

表 1
P. multocida 毒性遺伝子

クローン 配列番号	代表的 単離物	可能性の ある遺伝子 機能	ワクチン化 #生存/全体	免疫性テスト #生存/全体	LD ₅₀
-	wild type	-	0/10	-	<10
23	PM1B1	guaB	10/10, 10/10, 10/10	9/10, 9/10	4.3 x 10 ⁶
11	PM1D1	dsbB	10/10, 5/10	10/10, 5/5	8.4 x 10 ⁴
3	PM1BD7	atpG	5/5, 10/10	10/10	>3 x 10 ⁵
74	PM1BE11	yhcJ (HI0145)	10/10	5/10	>2 x 10 ⁵
70	PM1BF6	yabK (HI020)	3/5, 8/10	9/9	>2 x 10 ⁵
19	PM2G8	fhaC	4/5, 9/10	9/9	>4 x 10 ⁵

クローン 配列番号	代表的 単離物	可能性の ある遺伝子 機能	ワクチン化 #生存/全体	免疫性テスト #生存/全体	LD ₅₀
76	PM3C9	yiaO (HI0146)	3/5		>6 x 10 ⁵
118	PM3G11	UnkO	4/5, 10/10	10/10	>3 x 10 ⁵
31	PM7B4	iroA (UnkB)	0/5		
17	PM4C6	fhaB (fhaB2)	2/5, 10/10, 9/10	10/10, 9/9	>3 x 10 ⁶
9	PM4G10-T9	dnaA	4/5		>5 x 10 ⁵
1	PM4D5-T5	atpB	5/5		>4 x 10 ⁵
53	PM4D5-T1	UnkC2	5/5		>4 x 10 ⁵
15	PM4F2	fhaB (fhaB1)	3/5, 6/10, 10/10	6/6, 10/10	>3 x 10 ⁵
41	PM5F7	mreB	4/5		1 x 10 ³
7	PM5E2	devB	0/5, 3/10	2/3	?
68	PM6H5-T1	xylA	5/5		>3 x 10 ⁵
78	PM6H8	yigF (HI0719)	5/5, 9/10	9/9	>3 x 10 ⁵
108	PM7D12	pnp	5/5, 9/10	9/9	
51	PM8C1R1-T2	UnkC1	5/5		~6 x 10 ⁵
37	PM8C1-T3	mglB	5/5		~6 x 10 ⁵
58	PM8C1R1-T6	UnkD1	5/5		~6 x 10 ⁵
45	PM10H7	purF (HI1207)	3/5, 8/10, 8/10	8/8, 8/8	>3 x 10 ⁵
25	PM10H10-T2	HI1501	5/5		>1 x 10 ⁴
72	PM11G8-T2	ygiK	5/5		>2.4 x 10 ³
21	PM11G8-T4	grcA	5/5		>2.4 x 10 ³
84	PM12H6	yyam (HI0687)	3/5, 0/10		~2.2 x 10 ³
33	PM15G8-T2	kdtB	5/5		>1.2 x 10 ⁵
116	PM15G8-T1	UnkK	5/5		>1.2 x 10 ⁵
104	PM16G11-T1	hmbR	3/5		>1.9 x 10 ⁵
29	PM16G11-T2	hxcC	3/5		>1.9 x 10 ⁵
35	PM16H8	lgtC	5/5, 10/10	10/10	>2.4 x 10 ⁵
80	PM16H3	yleA (HI0019)	5/5, 10/10		>2.0 x 10 ⁵
49	PM17H6-T1	sopE	4/5		~6 x 10 ⁵
120	PM17H6	UnkP	4/5		~6 x 10 ⁵
5	PM18F5-T8	cap5E	5/5		>2.4 x 10 ⁵
82	PM18F5-T10	yoyB (HI0345)	5/5		>2.4 x 10 ⁵
13	PM19A1	exbB	5/5, 10/10	10/10	>1.2 x 10 ⁵
112	PM19D4	rci	5/5, 8/10	8/8	~1.6 x 10 ⁵
39	PM20A12	mioC (HI0669)	3/5, 8/10	8/8	~2 x 10 ⁴
60	PM20C2	UnkD2	5/5, 10/10	10/10	>8.2 x 10 ⁶

【0088】

実施例 4

P. multocida 毒性について要求される遺伝子のクローニングおよび同定

弱毒化していることが確認された各トランスポゾン突然変異体を分析して、破壊されたオープン・リーディング・フレームの同一性をさらに決定した。各突然

変異体のDNAを増幅し、精製し、次いで、該トランスポゾン内を切断せず、該トランスポゾンとハイブリダイズする4～8 kbフラグメントを通常産生することが知られている制限酵素で消化した。該トランスポゾンによりコード化されるカナマイシン抵抗性についての選択を用いて、各トランスポゾン突然変異体につき少なくとも1のフラグメントをクローン化した。

【0089】

複数の制限酵素でのサザンハイブリダイゼーションは、各弱毒化突然変異体につき、クローニングに対して適当なサイズのフラグメントを同定するためのプローブとしてpLOF/Km由来の標識化1.8 kbMluIフラグメントを用いて行った。各突然変異体からのミニ-Tn10因子およびフランキングDNAをpUC19中にクローン化し、該フランキング配列を中間プライマーTEF32およびTEF40、プライマーウォーキングおよび、いくつかの場合、汎用pUC-19プライマーを用いて決定した。

【0090】

TEF32 GGCAGAGCATTACGCTGAC (配列番号：95)

TEF40 GTACCGGCCAGGCGGCCACGCGTATTC (配列番号：96)

【0091】

配列決定反応は、PE Applied Biosystems (Foster City, CA) からのBigDye™ Terminator Chemistry kitを用いて行い、ABI Prism 377 DNA配列決定機上で行った。推定中断 (interrupted) オープン・リーディング・フレームの二本鎖配列を各クローンから得た。Sequencer3.0ソフトウェア (Genecodes, Corp., Ann Arbor, MI) を用いて、配列データを集めて解析した。GCGプログラム [Devereuxら, 1997. Wisconsin Package Version 9.0, 9.0 ed. Genetics Computer Group, Inc., Madison] を用いて、現在入手可能なデータベースにおける相同な配列を調査した。

【0092】

弱毒化していると認定されたクローンの37%において、該ミニ-TN10転置因子の多重挿入が存在した。そのフランキング配列を含む各挿入は個別にpGP704中にクローン化し、該野生型株中に交配して、*P. multocida*の新たな突

然変異体を産生し、それらの各々は、単に一つの多重原挿入を包含する。個々の突然変異体は個別に再試験して、弱毒化表現型を招く挿入を決定した。該破壊された、予想オープン・リーディング・フレームのヌクレオチド配列を、両方のらせん鎖を配列決定することによって決定し、該予測したアミノ酸配列を用いて、同一の配列について現在入手可能なデータベースを調査した。配列は、知られている遺伝子、知られていない遺伝子および以前に配列決定された仮想オープン・リーディング・フレームに適合するか、または以前同定された配列のいずれにも適合しないかのであった。以前同定された配列に相同性を有するそれらの遺伝子につき、表1に示すごとく、可能性のある機能を帰属した。

【0093】

実施例5

他の種における関連する遺伝子の同定

別の実験において、*Actinobacillus pleuropneumoniae* (APP) を用いて、STMも行った。該App株の一つは、配列決定された遺伝子（配列番号：97）中に挿入を含有し、*P. multocida* atpG 遺伝子に相同な種として同定された。この結果は、突然変異してワクチン組成物に使用するための該他の菌種の弱毒化株を産生し得、以前に知られていない*P. multocida* 遺伝子のホモログの他の菌種中の存在を示唆した。他の*P. multocida* 遺伝子のホモログが他の菌種中に存在するかを決定するために、*A. pleuropneumoniae* atpG 遺伝子をプローブとして用いて、他の種由来のゲノムDNAにつきサザンハイブリダイゼーションを行った。

【0094】

Actinobacillus pleuropneumoniae、*Pasteurella haemolytica* (Ph)、*P. multocida*、および*Haemophilus somnus* (Hs) ゲノムDNAをCTAB法を用いて単離し、EcoRIおよびHindIIIで37℃にて2時間消化した。消化したDNAは、0.7%寒天ゲル上、40VにてTAEバッファー中で一晩分離した。該ゲルを連続的に、0.1M HCl中に30分間、0.5M NaOH/1.5M NaCl中に15分間2回、および2.5M NaCl/1M Tris、p

H7.5中に2回浸漬した。該DNAは、 $20\times$ SCCバッファー（ 3M NaCl ／ 0.3M クエン酸ナトリウム）を用いて、一晚、ニトロセルロース膜（Amasham Hybond N⁺）に転写した。該DNAは、自己架橋設定（ 120 ミリジュール）したUV Stratalinkerを用いて該膜に架橋した。該膜を $5\times$ SSC／ 1% ブロッキング溶液／ 0.1% ラウロイルサルコシナトリウム／ 0.02% SDS中、 50°C にて、約7時間予備ハイブリダイズさせ、PCR生成atgプローブを含有する同一の溶液中、 50°C にて一晚ハイブリダイズさせた。

該プローブは、GeneAmp PCRシステム2400中のGeneAmp XL PCRキットのプライマーDEL-1389（配列番号：98）およびTEF-46（配列番号：99）を用いて調製した。

【0095】

DEL1389 TCTCCATTCCCTTGCTGCGGCAGGG（配列番号：98）

TEF46 GGAATTACAGCCGGATCCGGG（配列番号：99）

【0096】

該PCRは、初期加熱工程を 94°C にて5分間、 94°C にて30秒間の変性を30サイクル、 50°C にて30秒間のアニーリング、および 72°C にて3分間の延長、および最終伸長工程を 72°C にて5分間行った。当該増幅産物は、QIA高速ゲル精製キット（QIAGEN）を用いて寒天ゲル上で分離し、精製し、およびDIG-High Primerキット（Boehringer Mannheim）を用いて標識した。当該ブロットを該ハイブリダイゼーション溶液から取り出し、 $2\times$ SSCでリンスし、該同一のバッファー中で各洗浄5分間で2回洗浄した。次いで、該ブロット各々を $0.5\times$ SSC中で 60°C にて15分間2回洗浄した。相同なバンドをDIG核酸検出キット（Boehringer Mannheim）を用いて可視化した。

単一バンドを*Pasteurella haemolytica*、*Haemophilus somnus*および*A. pleuropneumoniae*において、EcoRI消化DNAを用いて検出した。2つのバンドを*Pasteurella multocida*からのEcoRI消化DNAを用いて検出した。

【0097】

実施例6

タグ化トランスポゾンP. multocida突然変異体のライブラリーの構築

pLof/Kmを用いるトランスポゾン突然変異誘発は、以前より、機能的で、A. pleuropneumoniae中でランダムであると報告されていた [Tasconら, J Bacteriol. 175:5717-22 (1993)]。A. pleuropneumoniaeのタグ化トランスポゾン突然変異体を構築するため、96個のE. coli S17-1:予め選択されたタグ化プラスミド (pTEF-1:[NK]₃₅) を含有するλpirトランスフォーマントの各々を接合性交配において用いて、A. pleuropneumoniae株AP225、in vivo通過ATCC27088株から誘導された抗原型1自発的ナリジキシン酸抵抗性突然変異体を生成する。A. pleuropneumoniae株は、10 μg/ml B-ニコチンアミドアデニン=ジヌクレオチド (V¹⁰) (Sigma, St. Louis, Missouri) 入りの脳心浸出物 (BHI) (Difco Laboratories, Detroit, MI) 培地上で37℃にて成長させ、プレート上で成長させる場合は5% CO₂中で成長させた。E. coli S17-1:λpir (λpir, recA, thi, pro, hsdR (r_k-, m_k+), RP4-2, (T^C:Mu, (K^m:Tn7), [T^mp], [S^m]) をルリアーベルターニ (Luria-Bertani; LB) 培地中、37℃にて繁殖させた。必要なとき、抗菌剤を100 μm/ml アンピシリン (Sigma)、50 μm/ml ナリジキシン酸 (N⁵⁰) (Sigma)、および50 (K⁵⁰) もしくは100 (K¹⁰⁰) μm/mlのカナマイシン (Sigma) を用いた。

【0098】

交配は、各E. coli S17-1:λpir/pTEF1:[NK]₃₅クローンおよび該AP225株を後期log期に成長させることによって生じさせた。各タグ化pTEF-1クローンにつき50 μlアリコートの培養を150 μlのAPP255培養と混合し、次いで、100 μM IPTGおよび10mM MgSO₄を含有するGHIV¹⁰プレート上に予め置かれていた0.22 μM フィルター上に、各交配混合物の50 μlをスポットした。37℃にて5% CO₂での一晚インキュベーションの後、各フィルターの交配混合物を2mlのPBS中に洗い出し、各々の200 μlをBHI V¹⁰ N⁵⁰ K¹⁰⁰上に塗布した。選択的な一晚成長の後、200 μl BHI V¹⁰ N⁵⁰ K⁵⁰中への楊枝で

の移動によってコロニーをマイクロタイタープレート中に集めて、マイクロタイタープレートの各ウェルが必ず同一配列タグを持つトランスポゾン突然変異体を含有することを確認した。一晩成長後、50 μ l の75% グリセロールを各ウェルに添加し、プレートを-80°Cにて凍結保存した。

【0099】

APPは、*P. multocida*ほどの多くのバイアスを該ミニ-Tn10因子の多重挿入に対して有していないようである。該突然変異のうちたった約3%が多重挿入を含有することが決定され、それは以前報告された約4%[Tasconら, *J Bacteriol.* 175:5717-22 (1993)]と一致する。APPにおける問題は、23S RNA領域への挿入を含有する多数の突然変異体（以下で論ずる）：13個の独特な部位への挿入を含有する28個の全突然変異体を同定することからなる。これは、23S RNAが優先挿入部位を含有しすること、およびAPPの成長がこれらの挿入によって当該宿主の生存に差異をもたらすのに十分なほど影響されることを示すのであろう。APP 23S RNAプローブを用いるサザンブロット解析は、*H. influenzae*中に5つ[Fleischmannら, *Science* 269:496-512 (1995)]、*E. coli*中に7つの完全オペロンが含有されること[Blattnerら, *Science* 277:1453-1474 (1997)]と比較して、APPはたった3つのリボソームオペロンしか含有しないことを示すであろう。このサイト優先性および成長速度に対するその影響は「飽和突然変異誘発」に対する明らかな障害であろう。何故ならば、相当数のクローンがこれらrRNA中に挿入を含有し、さらなる独特の弱毒化突然変異体を得るために大量のスクリーニングが必要であろう。

【0100】

実施例7

弱毒化*A. pleuropneumoniae*突然変異体についてのブタスクリーニング

*A. pleuropneumoniae*トランスポゾン突然変異体の20のプールは、全部で約800個の突然変異体を含有し、ブタ気管内感染モデルを用いてスクリーンした。各プールは2匹の別々の動物からスクリーンした。

【0101】

プールした*A. pleuropneumoniae*トランスポゾン突然変異体の凍結プレートを

-80℃の貯蔵庫から取り出し、各ウェルから180μlのBHI V¹⁰N⁵⁰K⁵⁰を含有する新たな96ウェル丸底プレート (Corning Costar, Cambridge, MA, USA) に、20μl 移すことによって継代培養した。プレートを振盪することなく37℃にて一晩、5% CO₂中でインキュベートした。次いで、一晩おいたプレートを各ウェルからウェルあたり100μlのBHI V¹⁰を含有する新たな平底96ウェルプレート (Corning Costar) に、10μl 移すことによって継代培養し、150rpmにて振盪しつつ、37℃にてインキュベートした。マイクロタイタープレートリーダーを用いてOD₅₆₂をモニターした。約0.2ないし0.25のOD₅₆₂にて、各プレートをプールして、該マイクロタイタープレートのウェルの各々からの100μlを合わせることによって、「投入プール (input pool)」を作製した。該培養をBHI中に適切に希釈して、約2×10⁶CFU/mlにした。各希釈プールにつき、4.0mlを用いて、気管チューブを用いる気管内投与により10~20kg SPFブタ (Whiteshire-Hamroc, Albion, IN) を感染させた。感染後約20時間にて、生存している全ての動物を麻酔し、肺を取り出した。洗浄を行って該肺に150mlの殺菌PBSを灌流することによって生存する細菌を回収し、次いで、それを揉んで該流体を分散させた。該洗浄流体を回収し、このプロセスの第2回目を繰り返す。該洗浄流体を450×gにて10分間遠心して、大量のデブリを分離した。次いで、上清を2,800×gにて遠心して、該細菌をペレット化した。ペレットを5ml BHIに再懸濁し、10⁻²ないし10⁻⁵の範囲の希釈物中、BHI V¹⁰N⁵⁰K⁵⁰プレート上に塗布した。一晩の成長後、少なくとも100,000個のコロニーを10μlのBHIブロス中にプールして、「回収プール」を作製した。各回収プールの0.7ml部分を用いて、CTAB法[Wilson, In Ausubelら, (eds.), Current Protocols in Molecular Biology, vol. 1. John Wiley and Sons, New York, p.2.4.1-2.4.5 (1997)]によりゲノムDNAを調製した。

規定的な動物からの回収は、肺洗浄物から10⁸CFU範囲である。

【0102】

ドットプロットを行い、前に記載したごとく、目視検査および半定量的分析の両方によって評価した。全てのハイブリダイゼーションおよび検出は記載したご

とく行った。簡単には、プローブは、第1のPCR増幅、引続いて、所望する産物の寒天ゲル精製およびdig-dUTPを含む (incorporating) 第2のPCR増幅によって調製した。TEF5、TEF6、TEF24、TEF25、TEF48およびTEF62を含むオリゴヌクレオチドは、Genosys Biotechnologies (The Woodlands, TX) により合成した。プライマーTEF69、TEF65およびTEF66も逆方向PCRおよび配列決定に用いた。

【0103】

TEF69 GACGTTTCCCGTTGAATATGGCTC (配列番号: 166)

TEF65 GCCGGATCCGGGATCATATGACAAGA (配列番号: 167)

TEF66 GACAAGATGTGTATCCACCTTAAC (配列番号: 168)

【0104】

次いで、標識PCR産物をHindIIIで消化して、当該独特なタグ領域から当該一定プライマーアームを分離した。該不定標識タグを含有する領域を切出し、次いで、全ゲルスライスを溶解し、DIG EasyHyb中で変性した。ドットブロットを標準CSPD検出プロトコルを用いて、調製し、検出した。フィルム露光 (film exposure) を目視評価のために行い、秒あたりルミネッセンスカウント (LCPS) を各ドットブロット試料につき決定した。各突然変異体に対する $LCPS_{投入} / LCPS_{回収}$ 比を用いて、弱毒化しそうな突然変異体を決定した。

該投入プール中には存在するが、該回収プール中では高度に低下しているとして選択されたコロニーをさらなる研究のため選択した。疑問のある投入／回収比を持つさらなるコロニーも該ドットブロットから作製されたフィルムを目視評価した後に選択した。全部で110個のコロニーを選択した。

【0105】

実施例8

A. pleuropneumoniae毒性遺伝子の同定

部分的フランキング配列を逆方向PCRおよび直接産物配列決定により該110個のコロニー各々について決定した。逆方向PCRを用いて、上記した直接配

列決定のためのランキングDNA産物を生成した。配列決定反応は、PE Applied Biosystems (Foster City, CA) からのBigDye™ Terminator Chemistry kitを用いて行い、ABI Prism 377 DNA配列決定機上で行った。Sequencer3.0ソフトウェア (Genecodes, Corp., Ann Arbor, MI) を用いて、配列データを集めて解析した。GCGプログラム [Devereuxら, 1997. Wisconsin Package Version 9.0, 9.0 ed. Genetics Computer Group, Inc., Madison] を用いて、現在入手可能なデータベースにおける相同な配列を調査した。

表2は、同定された*A. pleuropneumoniae*遺伝子およびオープン・リーディング・フレームが決定可能であった範囲を示す。配列番号は、ヌクレオチド配列および位置する推定されるアミノ酸配列に付される。

【0106】

【表4】

表 2
A. pleuropneumoniae オープンリーディングフレーム

完全オープンリーディングフレーム		NO 開始コドンー停止コドン	
atpH	配列番号 : 134	dksA	配列番号 : 136
aptG	配列番号 : 132	dnaK	配列番号 : 138
exbB	配列番号 : 140	HI0379	配列番号 : 144
OmpP5	配列番号 : 152		
OmpP5-2	配列番号 : 150	NO 開始コドンー停止コドン	
tig	配列番号 : 160	pnp	配列番号 : 154
fkpA	配列番号 : 142	apvA-or 1	配列番号 : 122
hupA	配列番号 : 146	apvA-or 2	配列番号 : 124
rpmF	配列番号 : 158	apvB	配列番号 : 126
		apvD	配列番号 : 130
開始コドンーNO停止コドン		RNAまたは非コーディング配列	
lpdA	配列番号 : 148	tRNA-leu	配列番号 : 162
potD	配列番号 : 156	tRNA-glu	配列番号 : 163
yaeE	配列番号 : 164		
apvC	配列番号 : 128		

【0107】

表3 (下記、実施例9) に列記された推定同定物を細菌データベースと比較することにより帰属した。該110個の突然変異体は35群の独特トランスポゾン挿入を表した。遺伝子座あたりの異なる突然変異体の個数は変化し、いくつかのコロニーは、常に、同一ORFの異なる部位内に挿入を含有するクローンに対す

るORF内の単一部位に挿入を含有した。3つの多重挿入が、多重PCRバンドの産出および多重配列電気泳動図の生成による決定でスクリーンされた該110個のコロニー中に検出された。

【0108】

実施例9

A. pleuropneumoniae突然変異体と野生型APP225との競争免疫性テスト

該回収された母集団中には存在しないか、あるいは高度に減少している上記同定された独特の弱毒化突然変異体群の各々からの代表的なクローンは、原プールプレートから単離され、該野生型株（APP225）との競争免疫性テスト実験に用いられて、該トランスポゾン突然変異体により生じた相対的弱毒化を確認した。突然変異体および野生型株はBHV¹⁰中で0.6ないし0.9のOD₅₉₀にまで成長させた。約 5.0×10^6 CFUの野生型および突然変異体株の各々を4mlのBHIに添加した。全4ml用量を用いて気管チューブでの気管内投与により10～20kgブタに感染させた。感染後約20時間にて、全ての生存している動物を麻酔し、肺を取り出した。肺洗浄を上記したごとく行った。プレートカウントをBHI V¹⁰ N⁵⁰およびBHI V¹⁰ N⁵⁰ K¹⁰⁰上で行って、投入培養中および肺洗浄試料中両方において、突然変異に対する野生型の相対数を決定した。競争指数（Competitive Index; CI）は、[突然変異CFU／野生型CFU]_{投入}／[突然変異CFU／野生型CFU]_{回収}として算出した。

【0109】

35個の可能性のあるトランスポゾン突然変異体のうち、22個が著しく弱毒化し、0.2未満の競争指数（CI）を有している。STMスクリーニング結果に基づくと弱毒化していないようにみえたトランスポゾン突然変異体が陽性対象として該プールの一つから選ばれた。この突然変異体は約0.6の*in vivo* CIを有していた。この突然変異体につき、*in vitro*競争も行い、0.8のCIを得た。その後、該突然変異体は、2つのフェニルアラニンtRNAの間に挿入を含有することが決定された。

独特の弱毒化単一挿入突然変異体の競争指数を表3に列記する。atpG、p

np、およびexbB App突然変異体は、該突然変異体は野生型株と効果的に競争できず、そのため弱毒化したことを示している。

【0110】

【表5】

表 3

A. pleuropneumoniae 突然変異体の毒性および提案された機能

突然変異体	類似性	推定または既知機能	C.I.
AP20A6	<i>atpH</i>	ATP シンターゼ	.009
AP7F10	<i>atpG</i>	ATP シンターゼ	.013
AP17C6	<i>lpdA</i>	ジヒドロリポアミド デヒドロゲナーゼ	.039
AP11E7	<i>exbB</i>	鉄化合物の輸送	.003,.003,.006
AP3H7	<i>potD</i>	スペルミジン／プトレシン輸送	.308
AP8H6	<i>OmpP5</i>	アドヒジン／Omp Aホモログ	.184
AP18H8	<i>OmpP5-2</i>	アドヒジン／Omp Aホモログ	.552
AP13E9	<i>tig</i>	ペプチジル－プロリルイソメラーゼ	.050
AP13C2	<i>fkpA</i>	ペプチジル－プロリルイソメラーゼ	<.001
AP15C11	<i>pnp</i>	ポリヌクレオチドホスホラーゼ	.032
AP18F12	<i>hupA</i>	ヒストン様タンパク質	.001
AP20F8	<i>dkkA</i>	dna K突然変異体の用量依存性サプレッサー	.075
AP5G4	<i>dnaK</i>	ヒートショックタンパク質－分子シャペロン	.376
AP17C9	<i>tRNA-leu</i>	タンパク質合成 (遺伝子調節)	.059
AP5D6	<i>tRNA-glu</i>	タンパク質合成	.055
AP18B2	<i>rpmF</i>	タンパク質合成	.112
AP10E7	<i>vaeA</i>	未知	.001
AP19A5	HI0379	未知	.061
AP10C10	<i>apvA</i>	未知	.157
AP18F5	<i>apvB</i>	未知	.103
AP2A6	<i>apvC</i>	未知	.091
AP2C11	<i>apvD</i>	未知	.014

【0111】

該C Iの精度は非常に良好である。それは、該exbB突然変異体を3つの異なる動物内で競争させて、0.003、0.003および0.006のC Iを得たからである。大きな動物実験における1の競争に基づき弱毒化を帰属する競争指

数は、さらに、以下の実施例11において記載される7つの突然変異体（ $n=8$ ）でのブタにおける予備的ワクチン化結果に基づいて確認された。

【0112】

実施例10

弱毒化*A. pleuropneumoniae* 毒性遺伝子

同定された*A. pleuropneumoniae* 遺伝子は4つの広い機能的分類を表す：生合成酵素、細胞内輸送成分、細胞内調節成分および未知物質。

$F_0F_1H^+-ATPase$ 複合体の $F_1-\gamma$ サブユニットをコード化する *atpG* 遺伝子は、ATPの産生において、または、ATPを加水分解することによるプロトン輸送において機能し得る。関連する *atpG* 弱毒化突然変異体も、*P. multocida* において同定された。 $F_1\delta$ サブユニットをコード化するもう一つの *atp* 遺伝子、*atpH* も同定された。*atp* 突然変異体の表現型は、非適合性酸—感受性表現型 [Foster, J Bacteriol. 173:6896-6902 (1991)]、*Salmonella typhimurium* [Garacia del Portilloら, Infect Immun. 61:4489-4492 (1993)] および *P. multocida* [前掲] における毒性の損失、および *Haemophilus influenzae Rd* 中の形質転換頻度と反応能調節遺伝子の誘発との両方における減少 [Gwinnら, J Bacteriol. 179:7351-20 (1997)] を含む。

【0113】

LpdA は、2つの酵素複合体：ピルビン酸エステルデヒドロゲナーゼおよび2-オキソグルタル酸デヒドロゲナーゼの成分であるジヒドロリポアミドデヒドロゲナーゼである。毒性への関連性は知られていないが、*LpdA* の産生は *Salmonella typhimurium* 中、ヒト由来の殺菌性蛋白質にさらされたときに誘発され、これは、この誘発は外膜修復の目的に関わるであろうことを示唆するかもしれない [Qiら, Mol Microbiol. 17:523-31 (1993)]。

成長および生存に必要な欠乏性化合物の輸送は *in vivo* で重要である。

ExbB は、*TonB* 輸送複合体の部分であり [Hantke, and Zimmerman, Microbiology Letters. 49:31-35 (1981)]、少なくとも2つの別々の方法で *TonB* と相互作用する [Karlssonら, Mol Microbiol. 8:389-96 (1993); Karlssonら,

Mol Microbiol. 8:79-8 (1993)]。鉄補足は病気素因に必須である。この研究において、A P Pおよび*P. multocida*の両方において、弱毒化 *exbB* 突然変異体が同定された。いくつかの *TonB* 依存性鉄受容体が他の細菌中で同定された [Biswasら, Mol. Microbiol. 24:169-179 (1997); Braun, FEMS Microbiol Rev. 16:295-307 (1995); Elkinsら, Infect Immun. 66:151-160 (1998); Occhinoら, Mol Microbiol. 29:1493-507 (1998); Stojiljkovic and Srinivasan, J Bacteriol. 179:805-12 (1997)]。 *A. pleuropneumoniae* は2つのトランスフェリン結合蛋白質を産生し、それらは鉄補足について、 *ExbB* / *ExbD* / *TonB* 系に依存するようである。 *PotD* は、細胞周辺結合蛋白質であって、それはスペルミジン（ポリアミン）輸送に要求される [Kashiwagiら, J Biol Chem. 268:19358-63 (1993)]。 *Pasteurellaceae* ファミリーのもう一つのメンバー、 *Pasteurella haemolytica* は、回復期における主要な免疫原または外膜蛋白質－ワクチン化子ウシである *potD* (L p p 3 8) のホモログを含有する [Pandher and Murphy, Vet Microbiol. 51:331-41 (1996)]。 *P. haemolytica* において、 *PotD* は内外膜の両方に関連するようである。以前の研究が、 *Streptococcus pneumoniae* の *potD* 突然変異体は弱毒化すること [Polissiら, Infect. Immun. 66:5620-9 (1998)] が示されているにもかかわらず、保護抗体の毒性およびそれとの関連性における *PotD* の役割は知られていない。

【0114】

アドヒジンまたはトキシンのごとき比較的わずかな「典型的毒性因子」が、 *Haemophilus influenzae* のOMP P5に対する相同性を除いて、同定された。 *H. influenzae* OMP P5は主たる外膜であり、それは蛋白質のOmpAポリンファミリーに関連する [Munsonら, M Infect Immun. 61:4017-20 (1993)]。非分類 *Haemophilus influenzae* 中のOMP P5は、繊維状構造として発現されたフィンブリンのサブユニット蛋白質をコード化することが示されており [Sirakovaら, Infect Immun. 62:2002-20 (1994)]、それは毒性および、粘膜と上皮細胞との両方への結合に貢献する [Miyamoto and Bakaletz, Microb Pathog. 21:343-56 (1996); Reddyら,

Infect Immun, 64:1477-9 (1996); Sirakavaら, Infect Immun. 62:2002-20 (1994)]。重要な発見はOMP P5ホモログをコード化するのである2つの別々のORFの同定である。これは、*Haemophilus ducreyi*由来の2つの非常に似通った蛋白質、MOMPおよびOmpA2の場合も事実である。両方ともフィンブリエの産生に機能的に関わっているのかどうか、および、2つのそのようなORFの存在は重複するまたは相補的な機能を持つ分岐複製を表すのかどうかを決定することが残っている。興味深いことに、該2つのOMP P5突然変異体は全く異なるCI値を有するようであり、単に一つのコピーについての必須性または機能性の差異を示唆している。OMP P5は染色体感染の間分子変異を受けていることが示されているが [Duimら, Infect Immun. 65:1351-1356 (1997)]、これは点突然変異を受けている単一遺伝子に限定されているようであり、多重遺伝子の分別発現 (differential expression) のための「型スイッチング」よりもアミノ酸変化をもたらす。

【0115】

蛋白質折畳み酵素は、細胞周辺および細胞外蛋白質の十分な折畳みのための重要な補助物 (accessories) であり、2つの遺伝子が同定され、それらの産物はペプチジルプロピルイソメラーゼ活性を有する：fkpAおよびtig (トリガー因子)。FkpAはFK506-結合蛋白質ファミリーのメンバーである細胞周辺蛋白質である [Horne and Young, Arch Microbiol. 163:357-65 (1995); Missiakasら, Mol Microbiol. 21:871-84 (1996)]。FkpAは、*Salmonella typhimurium* [Hornら, Infect Immun. 65:806-10 (1997)] および*Legionella pneumophila* ホモログ、mip [Englebergら, Infect Immun. 57:1263-1270 (1989)] の細胞外生存に貢献することが示されており、マクロファージの毒性および感染を招く [Cianciottoら, J. Infect. Dis. 162:1216 (1990); Cianciottoら, Infect Immun. 57:1255-1262 (1989)]。Tig、すなわちトリガー因子 [Croke and Wickner, Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 84:5261-2 (1987); Guthrie, and wickner, J Bacteriol 172:5555-62 (1990); reviewed in Hesterkamp; and Bukau., FEBS Lett. 389:32-4 (1996)] は典型的なFKBP領域を含有するペプチジルプロピルイソメラーゼである

が [Callebaut and Mornon, FEBS Lett. 374:211-215 (1995)]、FK506によって影響されない [Stollerら, EMBO J. 14:4939-48 (1995)]。Tigは、リボソームおよび発生期ポリペプチド鎖に関連することが示されている [Hesterkampら, Proc Natl. Acad Sci USA 93:4437-41 (1996); Stollerら, EMBO J. 14:4939-48 (1995)]。可能性のある役割は、E. coli中の細胞分裂 [Guthrie, and Wickner, J Bacteriol. 172:5555-62 (1990)]、Streptococcus pyogenes システインプロテナーゼの分泌および活性化における役割 [Lyonら, EMBO J. 1:6263-75 (1998)]、および Bacillus subtilis 中の飢餓条件下での生存 [Gothelら, Biochemistry 37:13392-9 (1998)]への知られていない影響を含む。

【0116】

細菌性病気素因は、当該宿主内の広く様々な環境条件下で生存するために、多くのメカニズムを用いて、遺伝子発現を配位的に調節する。mRNA安定性における差異は、原核生物中の遺伝子発現を調整し得る [Belasco and Higgins, Gene, 72:15-23 (1988)]。例えば、rnr (vacB) が Shigella flexneri 中のプラスミド運搬毒性遺伝子の発現に要求され [Tobeら, J Bacteriol. 174:6359-67 (1992)]、Rnase R リボヌクレアーゼをコード化する [Chengら, J. Biol. Chem. 273:14077-14080 (1998)]。PNPはmRNAの分解に関わるポリヌクレオチドホスホリラーゼである。致死の pnp/rnr 突然変異はなく、機能のありそうな重複を示唆する。したがって、rnr および pnp の両方が毒性遺伝子発現に関わる可能性がある。P. multocida の pnp 突然変異体は、マウス敗血症モデルにおいて無毒である (実施例2)。他の pnp 関連表現型は Bacillus subtilis における反応能欠乏および低温感受性を含む [Wang and Bechhofer, J Bacteriol. 178:2357-82 (1996)]。

【0117】

HupAは細菌性ヒストン様蛋白質であり、それはHupBと組み合わせ、E. coli中にHU蛋白質を構築する。報告は、hupAおよびhupBは、いかなる観察可能な表現型をも示さないことを示しているが [Huismanら, J B

acteriol. 171:3704-12 (1989); Wadaら, J Mol. Biol. 204:581-91 (1988)]。hupA-hupB二重突然変異体は、低温感受性でありヒートショックに感受性であって、部位特異的DNA組換えの多くの形態においてブロックされことが示されている[Wadaら, J Mol. Biol. 204:581-91 (1988); Wadaら, Gene. 76:345-52 (1989)]。一つの限定的データは、以前、hupAは毒性に直接関わることを示した[Turnerら, Infect Immun. 66:2099-106 (1998)]。hupA弱毒化のメカニズムが知られないまま残っている。

【0118】

DnaKは、よく知られ、高度に保存されたヒートショック蛋白質であり、様々なストレスの多い環境変化に対する調節的反応に関わる（[Lindquist and Craig, Annu Rev Genet. 22:631-77 (1988)] に論評されている）。DnaKは、マクロファージに食された後に著しく誘発されたストレス蛋白質であり[Yamamotoら, Microbiol Immunol. 38:295-300 (1994)]、Brucella suis dnaK突然変異体は、ヒトマクロファージ様細胞内で繁殖はできなかった[Kohlerら, Mol Microbiol. 20:701-12 (1996)]。対症的に、もう一つの細胞内病気素因、Listeria monocytogenesは食作用後dnaKの誘発を示さなかった[Hanawaら, Infect Immun. 63:4595-9 (1995)]。Vibrio choleraのdnaK突然変異体はToxRの産生およびin vitroでその調節された毒性因子に影響したが、同様の結果は、in vivo成長細胞からは得られなかった[Chakarabartiら, Infect Immun. 67:1025-1033 (1999)]。A. pleuropneumonia dnaK突然変異体のCIはほとんどの病因性減弱した突然変異体より高かったが、依然として、陽性対象株のおよそ半分であった。

【0119】

DksAは、E. coliのdnaK突然変異体におけるフィラメンタス(filamentous)および温度感受性成長の用量依存性サプレッサーである[Kang and Craig, J Bacteriol. 172:205-64 (1990)]。現在、DksAについて明らかな分子機能はないが、該遺伝子はニワトリおよび孵化したばかりのヒヨコにおけるSalmonella typhimuriumの毒性に重要であることが確認さ

れた [Turnerら, Infect Immun. 66:2099-106 (1998)]。その研究において、該 D k s A突然変異体はグルコースまたはヒスチジンと一緒にではよく成長しなかったが、単に炭素源としてグルタミンまたはグルタミン酸エステルと一緒にだとよく成長したことが記されている。この観察は、該 d k s A突然変異体は、グルタミン酸エステルの生合成において、幾分、力が減じられることを示すのであろう [Turnerら, Infect Immun. 66:2099-106 (1998)]。

【0120】

3つの遺伝子が蛋白質合成において役割を有することが確認された：tRNA-l e u、tRNA-g l u、およびr p m F。蛋白質合成を除いて、tRNAは、ペプチドグリカン合成 [Stewartら, Nature 230:36-38 (1971)]、ポルフィリン環合成 [Jahnら, Trends Biochem Sci. 17:215-8 (1992)]、分解のための蛋白質の標的 [Tobiasら, Science 254:1374-7 (1991)]、蛋白質への翻訳後アミノ酸付加 [Leibowitz and Soffer, B.B.R.C. 36:47-53 (1969)]、および細菌-真核細胞相互作用 [Grayら, J Bacteriol. 174:1086-98 (1992); Hromokyjら, Mol Microbiol. 6:2113-24 (1992)]においても、広汎な機能的な役割を有する。より詳しくは、tRNA-l e uは、転写減衰 [Carterら, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 83:8127-8131 (1986)]、P s e u d o m o n a s s y r i n g a eによる病変形成 [Rich and Willis, J Bacteriol. 179:2247-58 (1997)] およびウロパソゲン E. c o l i の毒性 [Dorbrindtら, FEMS Microbiol Lett. 162:135-141 (1998); Ritterら, Mol Microbiol. 17:109-21 1995)]に関連する。本発明者らが同定したtRNAがA. pleuropneumoniaeにおけるtRNA-l e uのマイナー種を代表するかどうかは分らない。それにもかかわらず、tRNA-l e uは広汎な機能のいずれか1を有する可能性がある。R p m Fはリボ染色体蛋白質であり、その遺伝子もE. c o l i中の脂肪酸生合成酵素を含有するオペロンの部分である。f a b遺伝子およびr p m Fの同一のクラスター形成がH a e m o p h i l u s i n f l u e n z a eにおいても発生するが [Fleischmannら, Science 269:496-512 (1995)]、これはA. pleuropneumoniaeにおいて事実であるかどうかを示すためのさらなる研究が必要である。該f a b遺伝子の発現は、必ずしも、r p m F n o上流を開始する転写物に依存するとは限らない。そ

れは、rpmF中に同定された第2のプロモータが存在しているからである [Zhang and Cronan, Jr., J Bacteriol. 180:3295-303 (1998)]。

【0121】

病因性減弱した突然変異体の最終クラスは、未知の機能を持つ遺伝子、すなわち、以前に同定されていない遺伝子内の突然変異を含む。yaeAおよびHI0379のホモログは、それぞれ、Escherichia coli [Blattnerら, Science 277:1453-1474 (1997)] およびHaemophilus influenzae [Fleischmannら, Science 269:496-512 (1995)] において、以前同定された。残る未知物はActinobacillus pleuropneumoniae virulence遺伝子(apv)と名付けられている。apvC遺伝子は、HI0893に著しい類似性を示すが、脂肪酸反応調節Bm3R1に類似する転写レプレッサーとしてのHI0839の提案された類似性 [Palmer, J Biol Chem. 273:18109-16 (1998)] は疑わしい。apvD遺伝子もE. coli由来の未知の機能を持つ推定膜蛋白質(b0878)に最も類似している [Blattnerら, Science 277:1453-1474 (1997)]。2つの他の未知物、apvAおよびapvBは公開データベースには明らかに適合するものはなかった。

【0122】

実施例11

A. pleuropneumoniae突然変異体の安全性および効能

9つの群(n=8)のSPFブタ(4~5週齢、3~10kg)を用いて、生きた弱毒化したワクチン株として7つのA. pleuropneumoniaeの安全性および効能を決定した。7つの群は、1日目に 10^{10} CFUの各突然変異体で鼻腔内感染させた。1つの群は、1日目および15日目に市販のワクチンPleuromune (Bayer)でワクチン化し、1つのナীব群(naive group)はワクチン化しなかった。29日目に、全群は、ブタあたり $1\sim5\times10^5$ CFUの野生型APP225で、鼻腔内免疫性テストした。この研究の42日目に、全ての生存している動物を麻酔し、剖検した。結果を表4に示す。

【0123】

【表6】

表 4
A. *Pleuropneumoniae* 突然変異体の効能

鼻腔内免疫性テスト後%死亡率

<u>ワクチン</u>	<u>ワクチン化</u>	<u>免疫性テスト</u>
Pleuromune	0	37.5
exbB	0	0
tig	12.5	0
fkpA	12.5	0
HI0385	50.0	0
pnP	0	0
yaeE	0	0
atpG	0	0
None	N/A	50.0

【0124】

該exbB、atpG、pnP、およびyaeA突然変異体は、 10^{10} CFUの用量を鼻腔内投与したときに死亡を引き起こさなかった。該fkpAおよびtig突然変異体群は、各々1匹の死亡があり、該HI0379群（最高2000年4月6日、試験した7つの突然変異体のCIは実施例9に示す）は4匹の死亡があった。このモデルに用いた野生型LD₅₀は、通常、 1×10^7 CFUであり、これらの突然変異体の各々は少なくとも100倍弱毒化され、CIと弱毒化との間にもっともな相関性があることを示している。

【0125】

上記の例示的实施例に記載された本発明の数多くの修飾および変形が当業者にとって生じるものと予測される。したがって、添付した特許請求の範囲に表されるごとき単にそのような限定を本発明におくべきである。

【配列表】

<110> Lowery E., David
Fuller E., Troy
Kennedy J., Michael

<130> 28341/6227.1

<150> 60/153,453
<151> 1999-09-10

<160> 165

```
<210> 1
<211> 1112
<212> DNA
<213> Pasteurella multocida
```

<220>
<223> atpB

[illegible]

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

taatttttta taaacaaaac cagaccttgg gtctaaattt caatcttatg gagaacatta 1061

tggaacactg taattactac aacaatcatc gcactctgnaa ttnttcttgc t 1112

<210> 2

<211> 264

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 2

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

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

<210> 3
 <211> 1972
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (364)..(1230)

<220>
 <223> atpG

<400> 3

```

agcggggccat ttggtcagc tcgggttcgg attcttatga tgcacacgta agcaattatc 60
acatgggtcaa aaagtaactg aattattgaa acaaaaccaa tactctccgt tatctgtagc 120
acaacaagca ttagtggttat ttgcagtaga gtttggttac ttagaagaag tggacttaga 180
tcgtatttggc tcatttgaat cagcactttt agagtatgct aaccataact atgctgattt 240
tatgcgtgag ttaacccaat ctggcaatta caatgatgaa attaaagagt cattaaaagg 300
cattttggat agcttcaaag caaacagtgc gtggtaagtt aacactttta atggagagac 360

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

```

195	200	205	
tat att tac gaa cct gat gcg aaa gta tta tta gat aat tta ttg gtt			1032
Tyr Ile Tyr Glu Pro Asp Ala Lys Val Leu Leu Asp Asn Leu Leu Val			
210	215	220	
cgt tat tta gaa tct cag gtt tat caa gca gca gtt gaa aac ctt gct			1080
Arg Tyr Leu Glu Ser Gln Val Tyr Gln Ala Ala Val Glu Asn Leu Ala			
225	230	235	
tct gag caa gcc gct cga atg gtc gcc atg aaa gca gca aca gat aac			1128
Ser Glu Gln Ala Ala Arg Met Val Ala Met Lys Ala Ala Thr Asp Asn			
240	245	250	255
gca ggt aac tta att aat gag tta cag tta gtc tat aac aaa gct cgt			1176
Ala Gly Asn Leu Ile Asn Glu Leu Gln Leu Val Tyr Asn Lys Ala Arg			
260	265	270	
caa gca agt att aca aat gaa tta aat gaa att gtt gcc ggt gca gca			1224
Gln Ala Ser Ile Thr Asn Glu Leu Asn Glu Ile Val Ala Gly Ala Ala			
275	280	285	
gca att taacaaatag aggatcggta atggcaactg gaaaaattgt acaaatcatc			1280
Ala Ile			
ggtgcgggtta ttgacgttga attcccacaa gatgcagtac caaaagtata tgatgcctta			1340
aatgttga aa caggtttagt acttgaagtt caacaacaat taggtggtgg tgtagttcgc			1400
tgtatcgcaa tgggatcatc tgatggatta aaacgcgggt taagcgtaac aaatacgaat			1460
aacccaattt ctgttcacgt gggaacgaaa acattgggtc gtatcatgaa cgtattgggt			1520
gaaccaatcg atgagcaagg tgaatcgggt gcagaagaga attggtctat tcaccgtgcg			1580
ccaccaagtt atgaagaaca atctaacagt actgaacttt tagaaacggg aattaaagtt			1640
atcgacttag tttgtccggt tgcgaaaggg ggtaaagtag gtttattcgg tgggtcgggt			1700
gtcggtaaaa ccgtaaatat gatggaatta atccgtaaca tcgcaattga gcaactcaggt			1760
tactctgtct ttgcgggggt aggtgagcgt acgcgtgaag gtaacgactt ctatcatgag			1820
atgaaagact ctaacgtatt agataaagtg tctcttgttt atgggtcaaat gaacgagcca			1880
ccaggtaacc gtttacgtgt ggcattaaca ggcttaacta tggcggaaaa attccgtgat			1940
gaaggtcgtg atgtcttatt cttcgttgat aa			1972
<210> 4			
<211> 289			
<212> PRT			
<213> Pasteurella multocida			
<400> 4			
Met Ala Gly Ala Lys Glu Ile Arg Thr Lys Ile Ala Ser Val Lys Ser			
1	5	10	15
Thr Gln Lys Ile Thr Lys Ala Met Glu Met Val Ala Ala Ser Lys Met			
20	25	30	

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

<210> 5
 <211> 1357
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(813)

 <220>

<223> cap5E

<400> 5

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

gag cgt ttg act gtc aag gaa atg aag cag tta ctg ctt aaa ctt gaa 768
 Glu Arg Leu Thr Val Lys Glu Met Lys Gln Leu Leu Leu Lys Leu Glu
 245 250 255
 ttc ata cag aaa atg att gag ggt gaa tac atc tca ccg gag gta 813
 Phe Ile Gln Lys Met Ile Glu Gly Glu Tyr Ile Ser Pro Glu Val
 260 265 270
 taaaaatgaa agtccttagta actgggttcaa atgggttttat tgcgaaaaat ctgattcagt 873
 ctttatctga ggaacaagat attgagatttt tatgttatca ccgtcaatcc tctgagaaaa 933
 cgcttattca tcatgtattg agtgcgtgatt ggattattca tcttgccgggt gcgaatcgtc 993
 cacctgaaga acaagaattt atgacatcaa atacacaatt gacggaaaaa atttgccgta 1053
 ttttacagcg tcctcagaaa aaaacgcctt tggttatattc ctctagcatt caagtagaaa 1113
 gtcccaaaat aagtacttat tcgcaaacca aattagaaag tgaatatcat gttcatcaat 1173
 tacataaaga aaatggtaat ccgatttata tctgccgttt agctaattgtc tttggcaaat 1233
 ggtcacgacc tcactataac tcggtagtcg ccacattttg ccataactta attcatgatt 1293
 taccatcgga aattcatgat catactgcag aaataaggct catttatatt gatgatgtcg 1353
 ttga 1357

<210> 6
 <211> 271
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

<400> 6
 Val Asp Tyr Ile Tyr His Ala Ala Ala Leu Lys Gln Val Pro Ser Cys
 1 5 10 15
 Glu Phe Tyr Pro Leu Glu Ala Val Lys Thr Asn Ile Leu Gly Thr Ala
 20 25 30
 Asn Val Leu Glu Ala Ala Ile Gln Asn Gln Ile Lys Arg Val Val Cys
 35 40 45
 Leu Ser Thr Asp Lys Ala Val Tyr Pro Ile Asn Ala Met Gly Ile Ser
 50 55 60
 Lys Ala Met Met Glu Lys Val Ile Ile Ala Lys Ser Arg Asn Leu Glu
 65 70 75 80
 Gly Thr Pro Thr Thr Ile Cys Cys Thr Arg Tyr Gly Asn Val Met Ala
 85 90 95
 Ser Arg Gly Ser Val Ile Pro Leu Phe Val Asp Gln Ile Arg Gln Gly
 100 105 110
 Lys Pro Phe Thr Ile Thr Asp Pro Glu Met Thr Arg Phe Met Met Thr
 115 120 125
 Leu Glu Asp Ala Val Asp Leu Val Leu Tyr Ala Phe Lys Asn Gly Gln
 130 135 140

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

<210> 7
 <211> 6132
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (4032)..(4727)

<220>
 <223> devB

<400> 7
 gtcaacaatt accgcacttt agtggagtaa ataacaatgg cgaaaaagaa taacggggcat 60
 gaaaaagagg atgatgttcg cctagataaa tggctttggg ctgcccgttt ttataaaaca 120
 cgtacttttag caaaagacat gattgatggc ggtaaagtgc attataatgg gcagcgcacg 180
 aaacccaata aaacgggtga aattgggtggt gtgatcaaac ttcgtcaagg taatgacgaa 240
 aaagaagtgg aagtgcctgc gctttctacg caacgtcgtg gggcgccaga agcacaattg 300
 ttgtatcaag aaacagaaaa aagccttgaa caacgtgcga aaatggcgat tgcacgtaag 360
 attaatgcat taacgatgcc gcacctgat cgtcgcccga ataaaaaaga gcggcgatgat 420
 ttattgaaat ttaaacaatca agatagcttt tcatcttgat gatgtgatatt acctactttt 480
 cttattaaag aaaggaatat ggggaagctg tgtgcttgcc cttaacctga ataaaggctt 540
 tttatgacag acaacacaga caatgacaaa ctgtatcgct accttttcca agatcgcgcg 600
 gtgcgcggtg aatgggtacg gttaaaccac acgttiactg atacgttaaa tacacatcaa 660
 tatccgaaag tcatccaaaa cttgctcggt gaaatgatgg tggcgaccag ttatttgacg 720

gcgacgttaa aatttgaagg ggatattact gttcaagtac aaggtgatgg accattaaaa 780
 ttagcattag ttaattggcaa tcatcagcag caaatcgcg cattagcgcg ttacaagcg 840
 gatgtcagtg atgatatgag ttggcgcaa ttagtcggga aaggggtatt agtgattacg 900
 attgcaccga cagaaggcga gcgttaccaa ggctgattg cgtagataa gccaacatt 960
 actgcctgtc ttgaagatta tttgtgctg tcagaacaat tgcaaaccca gcttattatt 1020
 cgtgctggcg aatttgaagg acaacctgtg gcagccggta tgttggtaca aattatgccg 1080
 gacggttcag gttctccaga ggattttgaa cacttagcaa cattggcagc gacggtgaaa 1140
 gaggaagaac tatttggttt aacagcagaa gaattattgt accgtttata tcatgaagag 1200
 cgtgttgaaa tttcccttc acagccgato tcatttttct gtggctgtc acaagaacgt 1260
 tctggtgccg cattgttgtt gatttctgat gaagaattgg atgaagtctt ggcagagcat 1320
 aacggtacca ttgatatgca gtgtgaatgt tgtgggacgc attatttctt caataaagca 1380
 gcgattatgc aattgaaagt agaaaaataa gtcttggtat tatggatttt gttgcaggct 1440
 atcaagatat ttgatagcct gtttttcctt tgcagcaaac gattttatga gaaaaacgcc 1500
 gtcttctcac acagtagttt aggtattgca tagcatgaag cgggaaacta tgtttgccgc 1560
 ttgtctgttt aaaaaggtta tctatgttag cactttcacc atcattactt gaaaaaacac 1620
 ttgaaatcgc ggatcaagca ggagattttt taacgcgatt ttataccgac tcagggcaaa 1680
 atgcgttagc aattcaaacc aaacaagata acacgccagt gactgccgtg gatttatttt 1740
 tgagtcaatt ttaattgaa aaattgaccg cactgacacc tgaggtcccg attctttccg 1800
 aagagagttg taaaatcccc ttacaagatc gtgcacattg ggcagaatat tgggttaattg 1860
 acccactcga tggaacccaa caatttatta atcgaccga tcaattttcc attttgatta 1920
 cacttgtcca acacaatcaa ccgctcttaa gcattacca tgcctctatt ttacaaacga 1980
 cctattatgc tatgcagggc ttggtgctt acagaaggca gggcaatcaa caagaaaagc 2040
 taaacaacca agcgcgacct gagcagcga aaatcaaat tgctgtggga gtcggggcg 2100
 ttgaacggaa aattcagccc ttgttaaate cagcttatca atatgaattt ttggtttatg 2160
 gttcaagtgg cttaaaaggc ggcttagtgg ccgatggcac ttgtgattgc tatattcgag 2220
 taggaaaaac ggggtgaatgg gatacggggg cggctgaaat cctcttacgt gaaatgggag 2280
 gtgtgtgtt tgactttgtt tttcaaccgc ttagctataa tcagagagaa agttttatta 2340
 atcccaattt tgtgatggta gcgaatacag aatttgattg gcagaaaatt tttcaatttc 2400
 attcgacta ggcattattt attataagat gcgatatctt atgacctcta tttttaacaa 2460
 acggatttca ggaaaaaat gaaaattgaa gcagacaaca attgtattgt aatttttggg 2520
 gcatcagggtg atttaactta tcgtaaattg attcctgcac tgtataactt atataaaatc 2580

```

ggtcgtttga ctgagcattt ctccgtgtta ggtgtggcaa gaacggaatt aagtgatgag 2640
ggtttccgtg aaaaaatgcg ccaagcgttg atcaaaagtg aaaaagcgaa tggcgaaaca 2700
ctcgatcaat tttgtagcca cctttattat caggcatiaa ataccgcgga tgctgccgat 2760
tatggcaagt taattcctcg tcttgatgac ttacatgata aatatcaaac ttgtggtaac 2820
acactttact atttatctac gccgccaagc ctttatggcg tgattccaga atgccttgcg 2880
gcacatgggt taaatactga agagtttggc tggaaagcgt taattgtgga aaaaccgttt 2940
ggttatgata tacgcacggc aaaagaactc gatattcaaa ttcaccgttt ctttgatgaa 3000
caccaaaatt atcgtattga ccactatctt ggtaaagaaa cggttcaaaa tctgcttggtg 3060
ttgcgttttt ctaatggatg gtttgaacca ctctggaacc gtaatttcat tgattatatt 3120
gaaatcacgg ggcgagaatc tatcggtgta gaagagcgtg gtggttatta cgatgattct 3180
ggcgcaatgc gtgatatgtt ccaaaaccat ttgttgcaag tgttagccat ggttgcgatg 3240
gagccaccag caattattaa tgccgactca atgcgtgatg aagtggcaaa agtcttgtat 3300
tgtttacatc catlaagtga ggatgactta gaaaatcatt tagtcttagg gcaatatacg 3360
gcaggcacag ttgaagggtg agcgggttaag ggctacttac aggaaaaagg tgtgccggca 3420
gagtctaata cggaaactta catggcatta cgttgtgaaa ttgacaactg gcgttgggcg 3480
ggtgtgccat tttatgtgcg tactgggaaa cggttaccaa gtcgagtgac cgaaattgtg 3540
attcatttca aaaccacacc acatccggtt tttagccaaa aagcaccaga aaacaaatta 3600
attatccgta ttcaaccoga tgaagcgatt tcgatgcgtt ttggtttgaa aaaaccggga 3660
gcagggtttg aagcaaaaga agtgtcgatg gatttccgtt atgcggatct tgccacacca 3720
agcttactga ccgcttatga gcgtttatta ttggattcta tgaaaggcga tgccactttg 3780
tttgccgcta ctgatcggtt acatgcctgt tggcagtttg tggagccgat ttacaatat 3840
aaagcacaaa atgggcgtgt ttatgagtat gaagccggtt cttggggacc gacagaagcc 3900
gacaaactga tcgcgaaaac gggtcgtgtt tggcgtaaac caagtggatt aatgaaaaag 3960
aaagtgtaat gtcgcctctt ttcgtaagaa atgcgagggg ctaatgtgag cagattgagt 4020
aaggaaagat c atg aat aca atc att ttt gac agt gca cag cat gcc gta 4070
          Met Asn Thr Ile Ile Phe Asp Ser Ala Gln His Ala Val
              1              5              10

gag aaa att gca caa gaa ttg tta gcg tat agc tta gaa ggt cgc cct 4118
Glu Lys Ile Ala Gln Glu Leu Leu Ala Tyr Ser Leu Glu Gly Arg Pro
    15              20              25

gtg cat att tcc tta tcc gga ggc tca acg ccg aaa ttg tta ttt aaa 4166
Val His Ile Ser Leu Ser Gly Gly Ser Thr Pro Lys Leu Leu Phe Lys
    30              35              40              45

act tta gct caa gca ccg tat aac acc gag att caa tgg aaa aat ttg 4214
Thr Leu Ala Gln Ala Pro Tyr Asn Thr Glu Ile Gln Trp Lys Asn Leu

```

50	55	60	
cat ttt tgg tgg ggc gat gat cgt atg gtg cca cca acc gat cca gaa			4262
His Phe Trp Trp Gly Asp Asp Arg Met Val Pro Pro Thr Asp Pro Glu			
65	70	75	
agt aat tac ggc gag gtg caa aaa ttg tta ttc gat cat att cag atc			4310
Ser Asn Tyr Gly Glu Val Gln Lys Leu Leu Phe Asp His Ile Gln Ile			
80	85	90	
cct gca gaa aat att cac cgc att cgt ggt gaa gcc ccc gtt gag agt			4358
Pro Ala Glu Asn Ile His Arg Ile Arg Gly Glu Ala Pro Val Glu Ser			
95	100	105	
gaa ctt cac cgt ttt gaa caa gcg cta agt gcg gtc att cct ggg caa			4406
Glu Leu His Arg Phe Glu Gln Ala Leu Ser Ala Val Ile Pro Gly Gln			
110	115	120	125
gtt ttt gat tgg att att ttg ggc atg gga acg gac ggg cac acg gcc			4454
Val Phe Asp Trp Ile Ile Leu Gly Met Gly Thr Asp Gly His Thr Ala			
130	135	140	
tca tta ttc ccg cat caa acc gat ttt gac gat cct cat ttc gcc gtg			4502
Ser Leu Phe Pro His Gln Thr Asp Phe Asp Asp Pro His Phe Ala Val			
145	150	155	
atc gcg aaa cac cct gaa aca ggg caa att cgt att tca aaa aca gcg			4550
Ile Ala Lys His Pro Glu Thr Gly Gln Ile Arg Ile Ser Lys Thr Ala			
160	165	170	
aaa ttg att gaa caa gca aag cgg gtg acc tat ttg gtg aca ggt agc			4598
Lys Leu Ile Glu Gln Ala Lys Arg Val Thr Tyr Leu Val Thr Gly Ser			
175	180	185	
agt aaa gcc gag atc tta aaa gaa att caa act act ccg gca gaa caa			4646
Ser Lys Ala Glu Ile Leu Lys Glu Ile Gln Thr Thr Pro Ala Glu Gln			
190	195	200	205
ctg cct tat cct gct gcg aaa atc aaa gcg aag cat ggg gtg acg gaa			4694
Leu Pro Tyr Pro Ala Ala Lys Ile Lys Ala Lys His Gly Val Thr Glu			
210	215	220	
tggtat ttg gat aag gat gcg gca aaa tta ctg taatgcgtcg tgagattttt			4747
Trp Tyr Leu Asp Lys Asp Ala Ala Lys Leu Leu			
225	230		
caacattttt gcaaagagac ttgaaacaaa atagaccata gcgttcgttt tcaacgagtg			4807
ctgaaaatga aggctctcgt tgaaaatggc gccatttagt gggtaagctt aaggttcgc			4867
cagacagcgc tatcaaaagg gtaaaagaat gtatcaactc tattttaato caccaaaatc			4927
ttcatgggtca ttacgcgttt gggtgttatt gaaagaactg gcaattcctt ttgagcctaa			4987
aattgtacgt tatttggtatg atttaagtga acaacgccaa caatttaagg cgttttcgcc			5047
gacttcaaaa atcccagtat tgcattgctga tgggtgtgtc atttgggaca gtttagcgat			5107
tatcgagttt ttggcagaaa gttatccgca cgtgtggggc caagataagg cgacaagagc			5167
gtggtcacgt tctgcttgtg ctgaaatgca ctctggcttt gaaaatttgc gtgaaatgtg			5227

tgatttcgcc ccttttagctc gcaaacccgtt acaagaaatg cccgctgtgt taagccaaga 5287
 gctaacaagg cttaatcaat tattagaaga aggggttaaca aatcacactg ggcgatttaa 5347
 tgcaaacctc cagtgcctttt ggtcgagtac aatcctcggt gtcttttttc cgtaatcctt 5407
 atgatgactt tgccgcttat cgtgcggtgt taaatcggtt aactggcttt catagcgcca 5467
 ttaaagcggc taatcgccca agcaaattag tgctcacaga aagtcgtcat gatattggtt 5527
 ttcgatgatc caacgtagag accccgcaag gaaaaacctt aattgacaag ctcaacctac 5587
 aatttcctct cggtagatgg ttattaattc aaggacattc tgggtgtaggg aaaacaacct 5647
 tgttaagaac cattgcggga ctatggcctt atgctagtgg gacaattcaa cgtccacaac 5707
 aagatactct gtttctttct caaaaacctt atttgccaca aggtcgcta cttgatgcc 5767
 tattttatcc tgaactggcg cctgaagacg tgaatgagca acaagttata gacatactcg 5827
 cgaaagtaca actcgggcat ttaagcgata aactagaaca agaaaatgat tggacacggg 5887
 tactctcttt aggtgaacaa caacgtctgt cgtttgctcg cattttattg cataaaccta 5947
 ctgttggttt cttagatgaa gccactgcca gcatggatga aggactggaa gatgcgatgt 6007
 accgcttact gaaagatgaa ctgcctcaga ttactgtgat cagtgttga caccgttcga 6067
 cgttaattcc gcaccattca cagcaattac acattcaata acaagacagg gcgttggtga 6127
 gtcga 6132

<210> 8
 <211> 232
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

<400> 8
 Met Asn Thr Ile Ile Phe Asp Ser Ala Gln His Ala Val Glu Lys Ile
 1 5 10 15
 Ala Gln Glu Leu Leu Ala Tyr Ser Leu Glu Gly Arg Pro Val His Ile
 20 25 30
 Ser Leu Ser Gly Gly Ser Thr Pro Lys Leu Leu Phe Lys Thr Leu Ala
 35 40 45
 Gln Ala Pro Tyr Asn Thr Glu Ile Gln Trp Lys Asn Leu His Phe Trp
 50 55 60
 Trp Gly Asp Asp Arg Met Val Pro Pro Thr Asp Pro Glu Ser Asn Tyr
 65 70 75 80
 Gly Glu Val Gln Lys Leu Leu Phe Asp His Ile Gln Ile Pro Ala Glu
 85 90 95
 Asn Ile His Arg Ile Arg Gly Glu Ala Pro Val Glu Ser Glu Leu His
 100 105 110
 Arg Phe Glu Gln Ala Leu Ser Ala Val Ile Pro Gly Gln Val Phe Asp
 115 120 125

Trp Ile Ile Leu Gly Met Gly Thr Asp Gly His Thr Ala Ser Leu Phe
 130 135 140
 Pro His Gln Thr Asp Phe Asp Asp Pro His Phe Ala Val Ile Ala Lys
 145 150 155 160
 His Pro Glu Thr Gly Gln Ile Arg Ile Ser Lys Thr Ala Lys Leu Ile
 165 170 175
 Glu Gln Ala Lys Arg Val Thr Tyr Leu Val Thr Gly Ser Ser Lys Ala
 180 185 190
 Glu Ile Leu Lys Glu Ile Gln Thr Thr Pro Ala Glu Gln Leu Pro Tyr
 195 200 205
 Pro Ala Ala Lys Ile Lys Ala Lys His Gly Val Thr Glu Trp Tyr Leu
 210 215 220
 Asp Lys Asp Ala Ala Lys Leu Leu
 225 230

<210> 9
 <211> 2438
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (1635)..(2396)

<220>
 <223> dnaA

<400> 9
 gaccacaatgc ttgccaccgg cggctctatg attgcgacaa tcgatcttct aaaagcgaaa 60
 ggctgtaaac acattaaagt gctcgtgtta gtcgccgcgc ctgaaggcat taaagcatta 120
 gaagctgcgc accctgatat cgaattatat accgcatcag ttgatagtca cttaaataaa 180
 caaggctata ttattccagg tcttggtgat gccggtgata aaatttttgg cactaaataa 240
 tcccaacaca agcggcatct tatgcgcgtt tttccggtc aatttatagc gcttacaatc 300
 ttaacagctt gaacactata aaatgaaaag ttaattcaga cagagagttg aaacttaaca 360
 tgacaaatca aaatccccct gttcttctag aacaaaatca cgcaaaaaca gccttcgttg 420
 ggctacaaat gctttttgtt gccttcggtg ctttagtctt tgttccctg attacgggtt 480
 taaatgccaa tactgcctta ttgaccgcag ggattgggac actcttatcc caactttgta 540
 ctggacgcc agtcccaatt ttcttagcct ctccctttgc ttttattgca ccaattcaat 600
 atggcggtggc aacatggggc attgctacta ctatgggggg gctggtgttt actggactgg 660
 tttattttgc cctcagtaag ttagtcaaaa ttaaagggtg tgggtgctta caaaaagtct 720
 ttccgccagt agttgttggc cccgttatta tcatcatcgg tatgggactt gccctgttg 780
 ccgtggacat ggcattaggt aaaaacagca cttatcaata taacgatgcc gtattcggtt 840

cgatggcaac attattgaca acgttaggtg ttgcggtggt tgctaaaggc atgatgaaat 900
 taattcctat catgtttggt attgtcgctg gctatatcct ctgcttattc ttaggcttaa 960
 ttaatttcca acctgtcatt gatgcacctt gggttagtgt gccagaaatt actacccttg 1020
 aatttaaaatt agaagctatt cttttattat taccgattgc tatcgcccca gcagttgagc 1080
 atgtcgggtgg gatcatggca atcagttcgg tgacagggaa agacttccta caaaaaccag 1140
 gattacatcg cactttatta ggggatggta ttgcaacgag tgcgcctca ttcttaggag 1200
 gaccaccta tacaacttat gctgaagtca ctggtgctgt catgcttacg cgcaacttta 1260
 accctaaaat catgacatgg gcagccgttt gggcaattgc gatttccttc tgtggtaaag 1320
 tcggggcttt cctctctacc attccaacta ttgtcatggg tggcattatg atgttagtgt 1380
 ttggctctat cgccgtagtc ggtatgagta cactgatccg tggtaaagtg gatgtaacag 1440
 aagcgcgtaa tctgtgtatt atttcggtg tgatgacgtt tggcatcggg ggtatgtttg 1500
 tgaactttgg agaagtctcc ttaaaaggga ttagtttatg cgcggttgc gcgattttac 1560
 tcaacttaat cttaccctaaa gccaaaaaca cccaataga agaaaatcga taagagaaaa 1620
 ttaagggtta agtc ttg ctt aac cct tca ttt ttc gtt tat cct tat tct 1670
 Leu Leu Asn Pro Ser Phe Phe Val Tyr Pro Tyr Ser
 1 5 10
 cct ttt ttc gat ttt gta ggt tgc ttt ttg tta gaa aat ttc caa tta 1718
 Pro Phe Phe Asp Phe Val Gly Cys Phe Leu Leu Glu Asn Phe Gln Leu
 15 20 25
 cct ttg cct att cat caa ctc gat gat gaa acg ctg gat aat ttc tat 1766
 Pro Leu Pro Ile His Gln Leu Asp Asp Glu Thr Leu Asp Asn Phe Tyr
 30 35 40
 ccc gac aat aat tta ttg ttg ctc aat tgc cta cgc aaa aat ttt act 1814
 Pro Asp Asn Asn Leu Leu Leu Asn Ser Leu Arg Lys Asn Phe Thr
 45 50 55 60
 tgt cta aca caa caa ttt ttt tat att tgg ggc gag caa agc agt ggt 1862
 Cys Leu Thr Gln Gln Phe Phe Tyr Ile Trp Gly Glu Gln Ser Ser Gly
 65 70 75
 aaa agt cac ctc tta aaa ggc att act cat cat ttt ttc ctt tta cag 1910
 Lys Ser His Leu Leu Lys Gly Ile Thr His His Phe Phe Leu Leu Gln
 80 85 90
 cgc ccc gct atc tat gtg ccc tta gaa aaa tcc caa tat ttc tca ccg 1958
 Arg Pro Ala Ile Tyr Val Pro Leu Glu Lys Ser Gln Tyr Phe Ser Pro
 95 100 105
 gcg gta ctc gaa aac tta gaa caa caa caa ttg gtt tgt tta gat aat 2006
 Ala Val Leu Glu Asn Leu Glu Gln Gln Gln Leu Val Cys Leu Asp Asn
 110 115 120
 tta cag gca att ata ggc aat act gaa tgg gaa tta gcg att ttt gat 2054
 Leu Gln Ala Ile Ile Gly Asn Thr Glu Trp Glu Leu Ala Ile Phe Asp
 125 130 135 140


```

tta ttt aat cgc ata aaa tct gtt gaa aat aca ctg ctt gtg atc agt 2102
Leu Phe Asn Arg Ile Lys Ser Val Glu Asn Thr Leu Leu Val Ile Ser
145 150 155

gca aat caa tcc cca act gca tta cct gta agt tta cct gac tta gct 2150
Ala Asn Gln Ser Pro Thr Ala Leu Pro Val Ser Leu Pro Asp Leu Ala
160 165 170

tca cgt tta cgc tgg gga gaa agc tat cag ctg gtc ccc tta aat gat 2198
Ser Arg Leu Arg Trp Gly Glu Ser Tyr Gln Leu Val Pro Leu Asn Asp
175 180 185

caa caa aaa atc cat gta ttg caa aaa aat gca cat caa cgt ggt atc 2246
Gln Gln Lys Ile His Val Leu Gln Lys Asn Ala His Gln Arg Gly Ile
190 195 200

gaa ctc ccc gat gaa gta gct aat ttt ctt ttg aaa cgc tta gag cgc 2294
Glu Leu Pro Asp Glu Val Ala Asn Phe Leu Lys Arg Leu Glu Arg
205 210 215 220

gat atg aaa acg tta ttt gaa gca cta agt aaa tta gat aaa gca tca 2342
Asp Met Lys Thr Leu Phe Glu Ala Leu Ser Lys Leu Asp Lys Ala Ser
225 230 235

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

aag cta taaaaaaga ccacctcttt atcaggtgat cttctctgtc ga 2438
Lys Leu

```

```

<210> 10
<211> 254
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida

```

```

<400> 10
Leu Leu Asn Pro Ser Phe Phe Val Tyr Pro Tyr Ser Pro Phe Phe Asp
1 5 10 15

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

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

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

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

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

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

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

```

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

<210> 11
 <211> 2060
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (856)..(1389)

<220>
 <223> dsbB

<400> 11
 gaattcttct tacgtatgct ccagtcacg ttgccagttc tcatttgtgg tttagtgacc 60
 tgcttcttag tggaaaaatt tgggtgtattt ggctatggcg ccaaattgcc acgtaaagta 120
 tggggcatct tggcaaagtt tgatcgcaat aatcaacaaa aaatgtcacg acaagatcgt 180
 ttgaaacttt ttgtgcaagc tttaattggt atttggttgg ttggttgact cgcattccat 240
 ctgcgcgcgc tcggtatcat tggtttaacg gtgattattt tggctacttc attttgtggt 300
 gtcaccagcg agcatgctat tggtaaagcc ttccaggaat ccttaccctt cacagcattg 360
 ttagtggtgt tcttctcggt tgttgccgtc atcattgacc aacatctggt tgcgccaatt 420
 attcagtttg tgctggctgc cagtgaacat actcagcttg ctcttttcta tatttttaac 480
 ggtttgttat ccgccatttc agataatgtg tttgtggcca cagtttatat caatgaaacc 540
 aaagcggcat tagaggctgg cttaattgct caaccacaat atgaattact ggcagtagca 600
 attaataccg gtaccaatct tccttctggt gcaaccccaa atgggtcaagc cgcattctta 660
 tttttattga cctcatcact ggcaccatta attcgtcttt cttatggtag aatgggttat 720

atggcattgc cttataccat cgtattatcc tgtattgggt tattgactgt ggaatatatt 780

ttgcctggcg caaccaatgt gctcattcaa attggtttat taaaaccaat gtaatgacaa 840

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

catttttcat ttctcgttcg gtatagatta aatttcttgc acgacaaact gcagggaatg 1479

tcttgctaataat aatcttgctt tacgctgctt taagcgtttt aaacgtaatg cgcgtccttg 1539

tgataaacga tataattttt ttgtcggtt caaaaagctt ttacgtctcg ccatactctt 1599

cctcttattg tgtcggttacg gttgtcgcta acgtatccgt ttctttcttg atttctgtga 1659

tgttttctat ttcggcggct tgtgtatcta atgtttcttc aatttgtgct tgctgtaccc 1719

gataataatg cacaatgctg ttcatataac gacggatatt ttccacatag tgatatgctt 1779
 catagcctcg cgcatacccg tatTTtaacc ccgtgtaata gcgtTTTTct gctaataagt 1839
 gcaaatctct cttcacatct aaccaattat cgggatcacc acctaggctc ttggTTaaac 1899
 ggcgcgcatc taacaaatgc cctaattccca tattatacgc cgctaaggca aaccaaatac 1959
 gctcatcttc tTTaatcgta tcaggcattt gcgtaataag ccaatgtaaa tattctgaac 2019
 cggctTTaat actttgttcc ggatccgttc tgtcttgaat t 2060

<210> 12
 <211> 178
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

<400> 12
 Met Leu Ser Phe Phe Lys Thr Leu Ser Thr Lys Arg Ser Ala Trp Phe
 1 5 10 15
 Leu Leu Phe Ser Ser Ala Leu Leu Leu Glu Ala Ile Ala Leu Tyr Phe
 20 25 30
 Gln His Gly Met Gly Leu Ala Pro Cys Val Met Cys Ile Tyr Glu Arg
 35 40 45
 Val Ala Ile Leu Gly Ile Ala Phe Ser Gly Leu Leu Gly Leu Leu Tyr
 50 55 60
 Pro Ser Ser Met Leu Leu Arg Leu Val Ala Leu Leu Ile Gly Leu Ser
 65 70 75 80
 Ser Ala Ile Lys Gly Leu Met Ile Ser Ile Thr His Leu Asp Leu Gln
 85 90 95
 Leu Tyr Pro Ala Pro Trp Lys Gln Cys Ser Ala Val Ala Glu Phe Pro
 100 105 110
 Glu Thr Leu Pro Leu Asp Gln Trp Phe Pro Ala Leu Phe Leu Pro Ser
 115 120 125
 Gly Ser Cys Ser Glu Val Thr Trp Gln Phe Leu Gly Phe Ser Met Val
 130 135 140
 Gln Trp Ile Val Val Ile Phe Ala Leu Tyr Thr Leu Leu Leu Ala Leu
 145 150 155 160
 Ile Phe Ile Ser Gln Val Lys Arg Leu Lys Pro Lys Gln Arg Arg Leu
 165 170 175
 Phe His

<210> 13
 <211> 4426
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida
 <220>

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

<220>
 <223> exbB

<400> 13
 gaattcctga cctgggtgtga ggcttttatt gacttcacac ccaattgcgc gttctttcac 60
 tttattaata aagtcacgta ccactggtaa cgcacatcc gtttctaata atgccatgcg 120
 gacttcacgt agcgtttcct taatattgtc atcagttaaa cgtccacgtc cactaatgtt 180
 acgtagcggt tttgacaagc gatccgacaa attctcaaac atgcaatctt cctattttaat 240
 ctcgaaaaaa ttgccctaata tatactgaaa tcccatagat tttcatcctt tgtaataaat 300
 ttatagcgat ttcacagtga gaaagttaga atggacggag aacaaagggt aggggaatttc 360
 aatgtggcct tcaatttttt ccgtgttttt ttatctattg agtgtcttac tcattacccc 420
 tatgttggtt aaaattcaag cgggcgaacc cgcacgggtt cccaatagga tgcctttttt 480
 aacggcagca ttactcgcca ttctctgca ctttatcaat cttattcctc tttttaccga 540
 ttttaaccagc ggtcaaaatt tctcggttat cgaaatcagt tccttaataca gtgttatgac 600
 agcaacgac gccacattag cgtttttatt tcgcatacac actttatggg ttttattacc 660
 gattatttat tctttcgcca tcattaatct ggtcctcagt accttaatgc cggcgcat 720
 tttatatcat cttaatacaag atatgggctt atttattcat gtaggcttat cactgttgac 780
 ttattcgggc tgttcgattg tcgcgttata ttccattcag ttagtttgga tcgatcgcc 840
 cttaaaaaat aaaaaactgc ctttttcacc aatgattcca ccgttaatga ccgtagagcg 900
 ccattttttt cgtttaatgc tgatagggtga aatattactc acgattgtcc tcatttcagg 960
 gagctacat ttatcgaaaa cctttgcccc acaagacatc cagaaagctg ttttttcttt 1020
 cttggccttg atagtccttg ggagtgcact ggttggctat tggaagctcc attggcgtgg 1080
 aaaaaaagt gtgtattatg cgcttttagg tatcattctc ctgactatcg cctatttttg 1140
 tagtcgtgta atgcttgaaa tataaacaag atttatttat gctacgccat agtaaaagt 1200
 cggttcaaaa aacgaaaaaa tgaccgcact tttcgatttt tgattaactc gcaaaaggat 1260
 gcattttgga cagtattccc cttagtaccc tctttattac actcatcatc ttattgatca 1320
 tctctgctta tttttcaggc tctgaaacg gtttgtgtc tgccaatcgt tatcgactac 1380
 gccatttagc cgaaaaagg catagagggt cgaaaaaagc ggaaaaatta ctgaaaaaaa 1440
 cagatgtttt gcttagcctg attttaattt gtaataactt agtcaatatt actgcttctg 1500
 ccattaccac gattatcggc atgcgcttat atggcgatgc gggagtcgcc attgcaactg 1560
 gggcattaac ctttgtgatg cttatttttg ccgaaatttt gccgaaaact atcgccgcc 1620
 gttatccaga aaaagtggca ttcacgtcca gtcatttggt gtccgttttt ctgcgacttt 1680

```

ttaccccgct ggtctattta atgaatttaa ttattcaggg gattttggca ctattacgtc 1740
taaaatcaga taataaatca acctcattaa gccagagga attacgttcc atcgtaaatg 1800
aatcaggtaa atttattcct tccgcccacc aagaaatgct gttatctatt ttggatttag 1860
aaggggtcac cgtagatgac attatgggac cacgtaatga cattgggggt attgatattg 1920
acgatgattg gaaagccatt atgctgaac ttaaccatgc agcgacggg cgtggtgtac 1980
tgtataaagg aaatatggat gaaaatattt tggggatggt acgtgtacgt gaagcctatc 2040
gcttaatgct cgataaaaaat gaatttaaca aagaaacttt aatccgtgcc gccgatgaag 2100
tgtattttat tcttgaaggc acgccactga atagccaatt attaaatttc cgcaacaata 2160
aagaaaggat tgggttaggt gtagatgaat atgggtgatat taaaggctta gtcaccttag 2220
aagatatctt agaagagatt gtcggatgaat ttaccacttc aacagcccca tcaattaacg 2280
atgaagttat ccacaaatca gacgggttcgc ttatcattga gggatccgcc aatttacgtg 2340
atttgaataa attatttgac tggaatctcg ataccgaaga tgcacgtacc ttcaacggct 2400
taattttaga gcatttagaa gaaattccag aagaaggaaac ggtatgtgaa attaatgggc 2460
tacaaatcac gattotagaa gtgaatgaca acatgattaa acaagccaaa gtcattaaac 2520
tttaattcaa catctggcta agcgatgtca tcaagacatc gcttttttat tccgtacatg 2580
aatgtttgat ccaacacaaac atttattcaa cattggataa ataatcatcc taaatcgcac 2640
gaattttcta ttaccccgct ttttggcttt tgctagaatc ttgcaattga aattaattct 2700
caataccgta taatgttcaa cattattttg cgatacaaat taaaggatta ttaaa atg 2758
                                         Met
                                         1

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

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

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

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

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

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

```

```

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

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

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

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

atcaacatta tcccttttat tgacatcatg ttggtactat tggctatcgt tctgattaca 3301

gcctctttta tttcacaagg taaaatccaa gtgaatgtac caaaagcaag ttcaacagtt 3361

gcgtttcgtt cagatgattt agccaaattg ctgactatta cggaaagcgg tgaaattttt 3421

tatcacgata aaccgattac gatagaggca ttggaacaag aaatcagtaa ttgggaaaaa 3481

gatcaaaaaa tcaccttgaa ggtagatgca aaatccagtt tccaagattt cgtttctatc 3541

actgatatta tggctaaaaa tgaaattaaa aatgtcgcta tcgtgacggt taaagaaaag 3601

gcatctcaat gatagataaa agtcgttctt gcacgcgggt tgcaatttca ttgctttttc 3661

acgcaagttt tgtctctttc ctgtattgga ttgtacaaaa agacgatgac agcgcgaatg 3721

gatttgctgc cgatatcatc tcaactcata tttccatgga aatgctggcg gctaccgttt 3781

tagaagaacc agagccggaa ccagagccgg cgcctccggt agtagaacct gaactgccaa 3841

aagaagtagt cgcagatccg acggtaaaac ctgagccacc aaaagaaccc gaaaaaccaa 3901

aagagcctga aaagccaaaa gagaaaccga aagaaaaacc aaaagaaaag ccgaaaaaac 3961

cgaagaaaaga acaacgtgat ttaccaaagt cagatcgcca aattgattct aattcatcga 4021

tcaatcaaca agcgaccaca acaggcaaca tcacaaccaa taatccgaat ctggtcggta 4081

aaggtaatag cacagatgaa gtcaatgctt atcgctcggc tttacgcaga gaaattgaaa 4141

aacataaacg ctatccaaac cgtgcacgca tgatgcgcaa acaagggtgtg gtaacaatca 4201

cgttccatct taataatgcc ggcgtaatta gtaatgcgcg aatcagcaaa tcttccggct 4261

cagaagaatt agataacgct gcactggtag ctgtcaataa tgcccgtcca attggtccac 4321

tgctctgttg tatgccaaat gaagtgcgcg ttcctgtcag tttcagaatc acaaattaaa 4381

aaagtgcggt aaaatttacc gcactttttt ctctctatta gaatt 4426

<210> 14
<211> 152
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida

```

<400> 14
 Met Pro Gln Leu Phe Gln Phe Leu Gln Gln Tyr Ile Asp Tyr Ile Ile
 1 5 10 15
 Leu Gly Leu Leu Ala Phe Met Ser Phe Ile Met Val Trp Leu Val Ile
 20 25 30
 Glu Arg Phe Leu Phe Leu Ser Arg Val Asn Val Ala Ser Tyr Glu Ser
 35 40 45
 Ile His Glu Leu Asp Ile Asp Leu Gln Arg His Leu Thr Ala Ile Ser
 50 55 60
 Thr Ile Gly Ser Asn Ala Pro Tyr Val Gly Leu Leu Gly Thr Val Ile
 65 70 75 80
 Gly Ile Leu Leu Thr Phe Tyr Glu Leu Gly His Ser Gly Gly Asp Ile
 85 90 95
 Asp Ala Ala Ala Ile Met Val His Leu Ser Leu Ala Leu Lys Ala Thr
 100 105 110
 Ala Val Gly Ile Leu Val Ala Ile Pro Ala Met Val Cys Tyr Asn Gly
 115 120 125
 Leu Gly Arg Lys Val Glu Val Asn Arg Leu Lys Trp Phe Ala Leu Asn
 130 135 140
 Glu Lys Lys Ala Lys Gln Gln Ala
 145 150

<210> 15
 <211> 6876
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (534)..(6863)

<220>
 <223> fhaB1

<400> 15
 agatgcgtga tctgatacctt caactcagca aaagttcgat ttattcaaca aagccgcctg 60
 cccgtcaagt cagcgtaatg tctgccagtg ttacaccaat taaccaattc tgattagaaa 120
 aactcatcga gcatcaaatg aaactgcaat ttattcatat caggattatc aataccatat 180
 ttttgaaaaa gccgtttctg taatgaagga gaaaactcac cgaggcagtt ccataggatg 240
 gcaagatcct ggtatcggtc tgcgattccg actcgtccaa catcaatata acctattaat 300
 ttccctcgtt caaaaataag gttatcaagt gagaaatcac catgagtgac gactgaatcc 360
 ggtgagaatg gcaaaagctt atgcatttct ttccagactt gttcaacagg ccagccatta 420
 cgctcgtcat caaaatcact cgcatcaacc aaaccgttat tcattcgtga ttgcgcctga 480
 gcgagacgaa atacgcgata gctgttaaaa ggacaattac aaacaggaat cga atg 536

																Met 1	
caa	ccg	gcg	cag	gaa	cac	tgc	cag	cgc	atc	aac	aat	att	gtt	aac	caa	584	
Gln	Pro	Ala	Gln	Glu	His	Cys	Gln	Arg	Ile	Asn	Asn	Ile	Val	Asn	Gln		
			5					10					15				
gaa	aac	ggt	tta	ttc	cat	aca	ctc	ggt	aat	atg	atg	tta	gaa	gca	gag	632	
Glu	Asn	Gly	Leu	Phe	His	Thr	Leu	Gly	Asn	Met	Met	Leu	Glu	Ala	Glu		
		20					25					30					
cgt	tct	gtt	tat	aat	att	ggc	gat	att	tat	gcg	agt	aaa	aaa	tta	aca	680	
Arg	Ser	Val	Tyr	Asn	Ile	Gly	Asp	Ile	Tyr	Ala	Ser	Lys	Lys	Leu	Thr		
		35				40					45						
gtt	cat	act	cat	aat	ttg	att	aat	gat	gtg	cgt	tta	tct	ggc	aat	gtg	728	
Val	His	Thr	His	Asn	Leu	Ile	Asn	Asp	Val	Arg	Leu	Ser	Gly	Asn	Val		
		50			55				60						65		
agt	tat	aag	cct	atc	ggt	tca	agt	cgt	gat	tat	gat	atc	agt	cgt	gtt	776	
Ser	Tyr	Lys	Pro	Ile	Gly	Ser	Ser	Arg	Asp	Tyr	Asp	Ile	Ser	Arg	Val		
				70					75					80			
gcg	gta	cat	ggt	tgg	cac	aat	aat	gtt	tat	aag	ctc	aac	tta	aat	ctg	824	
Ala	Val	His	Gly	Trp	His	Asn	Asn	Val	Tyr	Lys	Leu	Asn	Leu	Asn	Leu		
			85					90					95				
caa	gaa	caa	gat	aaa	acc	gat	att	aaa	gtt	gtg	aaa	atg	ggg	gct	atc	872	
Gln	Glu	Gln	Asp	Lys	Thr	Asp	Ile	Lys	Val	Val	Lys	Met	Gly	Ala	Ile		
		100					105					110					
cgt	tct	gat	ggt	gat	ttt	gac	ttt	aag	gga	ata	aag	gcg	aca	tca	tca	920	
Arg	Ser	Asp	Gly	Asp	Phe	Asp	Phe	Lys	Gly	Ile	Lys	Ala	Thr	Ser	Ser		
		115			120						125						
gaa	tca	aaa	ccg	cag	tta	att	aat	cat	gga	tta	att	aat	gtc	aaa	gga	968	
Glu	Ser	Lys	Pro	Gln	Leu	Ile	Asn	His	Gly	Leu	Ile	Asn	Val	Lys	Gly		
	130				135				140						145		
aca	ttt	aat	gcg	gaa	gct	gat	caa	gtg	gtg	aac	caa	atg	aaa	gcg	ttt	1016	
Thr	Phe	Asn	Ala	Glu	Ala	Asp	Gln	Val	Val	Asn	Gln	Met	Lys	Ala	Phe		
			150					155					160				
aac	caa	aat	gca	tta	gca	agc	gtg	ttt	aag	aat	cca	gcg	aaa	atc	acg	1064	
Asn	Gln	Asn	Ala	Leu	Ala	Ser	Val	Phe	Lys	Asn	Pro	Ala	Lys	Ile	Thr		
			165				170						175				
atg	tac	tat	caa	cca	ctt	act	cgt	tat	att	tgg	aca	cca	tta	tcg	ggt	1112	
Met	Tyr	Tyr	Gln	Pro	Leu	Thr	Arg	Tyr	Ile	Trp	Thr	Pro	Leu	Ser	Gly		
		180					185					190					
aat	gca	tcg	cgt	gaa	ttt	aac	aat	tta	gag	tct	ttc	ctc	gat	gcc	ttg	1160	
Asn	Ala	Ser	Arg	Glu	Phe	Asn	Asn	Leu	Glu	Ser	Phe	Leu	Asp	Ala	Leu		
	195				200						205						
ttt	ggc	tca	aca	aca	atc	tta	aaa	tca	agt	ttc	tat	agt	acg	gaa	aat	1208	
Phe	Gly	Ser	Thr	Thr	Ile	Leu	Lys	Ser	Ser	Phe	Tyr	Ser	Thr	Glu	Asn		
	210				215					220					225		
ttt	agt	gct	tat	cag	ctt	cta	tct	cat	att	cag	cat	tca	cca	atg	tac	1256	
Phe	Ser	Ala	Tyr	Gln	Leu	Leu	Ser	His	Ile	Gln	His	Ser	Pro	Met	Tyr		

230										235					240					
caa	aaa	gcg	atg	gca	caa	gtg	ttt	ggg	gca	gag	tgg	cat	agt	aaa	tcc	1304				
Gln	Lys	Ala	Met	Ala	Gln	Val	Phe	Gly	Ala	Glu	Trp	His	Ser	Lys	Ser					
245										250					255					
tat	gat	gag	atg	cga	aac	aaa	tgg	aaa	agc	ttt	aaa	gaa	aat	cca	aca	1352				
Tyr	Asp	Glu	Met	Arg	Asn	Lys	Trp	Lys	Ser	Phe	Lys	Glu	Asn	Pro	Thr					
260										265					270					
gat	ttc	att	tat	tac	cca	tca	gaa	aaa	gca	aaa	atc	cta	gcg	gga	aaa	1400				
Asp	Phe	Ile	Tyr	Tyr	Pro	Ser	Glu	Lys	Ala	Lys	Ile	Leu	Ala	Gly	Lys					
275										280					285					
cta	gaa	ggg	aag	ctt	aca	acg	cta	caa	aat	ggg	gaa	tat	gcc	gaa	cgt	1448				
Leu	Glu	Gly	Lys	Leu	Thr	Thr	Leu	Gln	Asn	Gly	Glu	Tyr	Ala	Glu	Arg					
290										300					305					
ggg	aag	ttt	gat	gag	agt	atc	caa	att	ggg	aaa	cac	caa	tta	tcg	cta	1496				
Gly	Lys	Phe	Asp	Glu	Ser	Ile	Gln	Ile	Gly	Lys	His	Gln	Leu	Ser	Leu					
310										315					320					
cca	tca	gta	gag	ctt	aaa	gcg	gag	ttt	agt	gat	aaa	gaa	cgt	ttg	gaa	1544				
Pro	Ser	Val	Glu	Leu	Lys	Ala	Glu	Phe	Ser	Asp	Lys	Glu	Arg	Leu	Glu					
325										330					335					
gag	gac	ggg	gta	gat	tta	tcc	tcg	atc	gcc	gaa	ctc	tta	gaa	atg	cca	1592				
Glu	Asp	Gly	Val	Asp	Leu	Ser	Ser	Ile	Ala	Glu	Leu	Leu	Glu	Met	Pro					
340										345					350					
aac	tta	ttt	att	gat	aat	agt	atc	caa	tta	gaa	aag	aaa	aag	ttg	tct	1640				
Asn	Leu	Phe	Ile	Asp	Asn	Ser	Ile	Gln	Leu	Glu	Lys	Lys	Lys	Leu	Ser					
355										360					365					
cct	att	gag	gat	cta	gat	gaa	gaa	cca	cgt	aaa	aat	ctg	gat	ata	gaa	1688				
Pro	Ile	Glu	Asp	Leu	Asp	Glu	Glu	Pro	Arg	Lys	Asn	Leu	Asp	Ile	Glu					
370										375					380					
gaa	agc	cat	tct	aat	tca	tcg	gat	gac	gtg	ctt	agc	atg	aat	gat	gat	1736				
Glu	Ser	His	Ser	Asn	Ser	Ser	Asp	Asp	Val	Leu	Ser	Met	Asn	Asp	Asp					
390										395					400					
gag	tct	gat	aca	gac	gat	agc	aag	tgg	agt	atg	ggc	aat	gat	gag	aaa	1784				
Glu	Ser	Asp	Thr	Asp	Asp	Ser	Lys	Trp	Ser	Met	Gly	Asn	Asp	Glu	Lys					
405										410					415					
gag	atg	ccc	gat	gat	aag	ctg	ggg	ata	agt	cgt	gat	gat	cgt	gga	aat	1832				
Glu	Met	Pro	Asp	Asp	Lys	Leu	Gly	Ile	Ser	Arg	Asp	Asp	Arg	Gly	Asn					
420										425					430					
aaa	cca	cct	cgt	act	gat	cct	aca	gtt	gat	tat	ctt	aac	cct	gat	gaa	1880				
Lys	Pro	Pro	Arg	Thr	Asp	Pro	Thr	Val	Asp	Tyr	Leu	Asn	Pro	Asp	Glu					
435										440					445					
ttc	ttt	gaa	aat	ggg	tat	ctc	ttg	aat	gag	cta	cta	cag	gag	ctt	gga	1928				
Phe	Phe	Glu	Asn	Gly	Tyr	Leu	Leu	Asn	Glu	Leu	Leu	Gln	Glu	Leu	Gly					
450										455					460					
gaa	gag	ccg	tta	cta	aaa	gaa	ggg	gaa	gat	cat	ttt	aaa	cgt	tct	acc	1976				
Glu	Glu	Pro	Leu	Leu	Lys	Glu	Gly	Glu	Asp	His	Phe	Lys	Arg	Ser	Thr					
470										475					480					

aat cta gtc cgt cta ggc gag aga gat agg caa aat aga gaa aag aga Asn Leu Val Arg Leu Gly Glu Arg Asp Arg Gln Asn Arg Glu Lys Arg 485 490 495	2024
gaa aaa gag ggg tat ttt gat ctg cct ggt aca tta gat atg aaa ctg Glu Lys Glu Gly Tyr Phe Asp Leu Pro Gly Thr Leu Asp Met Lys Leu 500 505 510	2072
cag gag tta ttc gaa aaa aga aaa caa aaa cac gaa gca gaa cag aaa Gln Glu Leu Phe Glu Lys Arg Lys Gln Lys His Glu Ala Glu Gln Lys 515 520 525	2120
gca aga ata gaa aaa gca ctt cta caa aaa tca gaa caa caa gaa aaa Ala Arg Ile Glu Lys Ala Leu Leu Gln Lys Ser Glu Gln Gln Glu Lys 530 535 540 545	2168
cgt gtt gaa gaa cgt aag caa gag gaa aaa cgt caa gcg caa gat aaa Arg Val Glu Glu Arg Lys Gln Glu Glu Lys Arg Gln Ala Gln Asp Lys 550 555 560	2216
att gct aag caa gta gaa att gca aaa gaa atg caa cgg gta gaa gaa Ile Ala Lys Gln Val Glu Ile Ala Lys Glu Met Gln Arg Val Glu Glu 565 570 575	2264
att cgc cag aga gaa aaa caa ctt gcg atc caa ctg caa gaa gaa gag Ile Arg Gln Arg Glu Lys Gln Leu Ala Ile Gln Leu Gln Glu Glu Glu 580 585 590	2312
aag aaa caa caa gaa gaa aaa cat tta tcc gag gag aaa aaa caa gct Lys Lys Gln Gln Glu Glu Lys His Leu Ser Glu Glu Lys Lys Gln Ala 595 600 605	2360
gaa cag aaa caa aaa gct gag gag aaa gtt gca caa gaa aga tta gac Glu Gln Lys Gln Lys Ala Glu Glu Lys Val Ala Gln Glu Arg Leu Asp 610 615 620 625	2408
att gaa caa cag aaa gcg tat gaa gaa atg gcg aag cga gag gca gag Ile Glu Gln Gln Lys Ala Tyr Glu Glu Met Ala Lys Arg Glu Ala Glu 630 635 640	2456
gca tca aaa aat gtt tta ttg aaa gcg att gat gaa gaa cgt cca aaa Ala Ser Lys Asn Val Leu Leu Lys Ala Ile Asp Glu Glu Arg Pro Lys 645 650 655	2504
gtg gaa act gat cca ctt ttc cgt aca aaa ttg aaa tat atc aat caa Val Glu Thr Asp Pro Leu Phe Arg Thr Lys Leu Lys Tyr Ile Asn Gln 660 665 670	2552
gat gac tat gct ggt gca aat tat ttc ttc aat aaa gtt ggt tta aat Asp Asp Tyr Ala Gly Ala Asn Tyr Phe Phe Asn Lys Val Gly Leu Asn 675 680 685	2600
aca aaa ggt cat caa aaa gta aat gtg tta ggg gat aac tat ttt gat Thr Lys Gly His Gln Lys Val Asn Val Leu Gly Asp Asn Tyr Phe Asp 690 695 700 705	2648
cat caa gtg att act cgc tcg att gag aaa aaa gta gat aac cac ctt His Gln Val Ile Thr Arg Ser Ile Glu Lys Lys Val Asp Asn His Leu 710 715 720	2696
aac caa aaa tac aat ctc agc gat gtg gaa tta gtt aaa cag ctg atg Asn Gln Lys Tyr Asn Leu Ser Asp Val Glu Leu Val Lys Gln Leu Met	2744

725						730						735						
gac	aat	tcc	aca	aca	caa	gcg	cag	gag	ttg	gat	ttg	aaa	cta	ggg	gcg	2792		
Asp	Asn	Ser	Thr	Thr	Gln	Ala	Gln	Glu	Leu	Asp	Leu	Lys	Leu	Gly	Ala			
		740					745					750						
gca	tta	act	aaa	gaa	caa	caa	gct	aac	ttg	acc	caa	gat	atc	gtt	tgg	2840		
Ala	Leu	Thr	Lys	Glu	Gln	Gln	Ala	Asn	Leu	Thr	Gln	Asp	Ile	Val	Trp			
		755				760					765							
tat	gtc	aaa	acg	aag	gta	aag	ggc	aaa	gat	gtg	ttt	gtt	cca	aag	gtt	2888		
Tyr	Val	Lys	Thr	Lys	Val	Lys	Gly	Lys	Asp	Val	Phe	Val	Pro	Lys	Val			
		770			775					780					785			
tat	ttc	gct	tct	gaa	acg	ctc	gta	gaa	gcc	caa	aaa	tta	caa	ggg	tta	2936		
Tyr	Phe	Ala	Ser	Glu	Thr	Leu	Val	Glu	Ala	Gln	Lys	Leu	Gln	Gly	Leu			
				790					795					800				
ggc	act	ggg	act	atc	aga	gtt	ggg	gaa	gct	aag	att	aaa	gcc	aaa	gat	2984		
Gly	Thr	Gly	Thr	Ile	Arg	Val	Gly	Glu	Ala	Lys	Ile	Lys	Ala	Lys	Asp			
			805					810					815					
gtg	gtg	aat	acc	ggg	aca	tta	gct	ggg	aga	aaa	ctc	aat	gtt	gaa	gcg	3032		
Val	Val	Asn	Thr	Gly	Thr	Leu	Ala	Gly	Arg	Lys	Leu	Asn	Val	Glu	Ala			
		820					825					830						
agt	aat	aaa	atc	aaa	aat	caa	ggg	agt	atc	tta	agt	act	caa	gaa	aca	3080		
Ser	Asn	Lys	Ile	Lys	Asn	Gln	Gly	Ser	Ile	Leu	Ser	Thr	Gln	Glu	Thr			
		835				840					845							
cgt	tta	gtc	ggg	cgt	aaa	ggg	att	gaa	aac	gta	tct	cgt	tca	ttt	gca	3128		
Arg	Leu	Val	Gly	Arg	Lys	Gly	Ile	Glu	Asn	Val	Ser	Arg	Ser	Phe	Ala			
		850			855					860					865			
aat	gat	gaa	tta	gga	gtc	act	gca	caa	cgc	tca	gaa	atc	aaa	acg	gaa	3176		
Asn	Asp	Glu	Leu	Gly	Val	Thr	Ala	Gln	Arg	Ser	Glu	Ile	Lys	Thr	Glu			
				870					875					880				
ggg	cat	tta	cat	ctt	gaa	aca	gat	aag	gat	tca	act	att	gat	gta	caa	3224		
Gly	His	Leu	His	Leu	Glu	Thr	Asp	Lys	Asp	Ser	Thr	Ile	Asp	Val	Gln			
			885					890					895					
gca	tcg	gat	att	aaa	gca	aaa	aca	agc	ttt	gtg	aag	act	ggg	gat	gtg	3272		
Ala	Ser	Asp	Ile	Lys	Ala	Lys	Thr	Ser	Phe	Val	Lys	Thr	Gly	Asp	Val			
		900					905					910						
aat	ctc	aaa	aat	aca	tac	aat	act	aaa	cat	gcc	tac	cgt	gag	aaa	ttc	3320		
Asn	Leu	Lys	Asn	Thr	Tyr	Asn	Thr	Lys	His	Ala	Tyr	Arg	Glu	Lys	Phe			
		915				920					925							
tcg	ccg	agt	gca	cta	caa	gtt	gca	gaa	ctt	gat	gtg	gca	ggg	ctt	aaa	3368		
Ser	Pro	Ser	Ala	Leu	Gln	Val	Ala	Glu	Leu	Asp	Val	Ala	Gly	Leu	Lys			
		930			935					940				945				
gtc	cca	ctt	tta	ggc	gtg	tcg	tct	cca	tcc	agt	tat	tca	gag	cat	act	3416		
Val	Pro	Leu	Leu	Gly	Val	Ser	Ser	Pro	Ser	Ser	Tyr	Ser	Glu	His	Thr			
				950					955					960				
agt	gag	gca	act	tca	gag	gga	tca	atc	ttc	gaa	gta	ggg	cac	tta	cat	3464		
Ser	Glu	Ala	Thr	Ser	Glu	Gly	Ser	Ile	Phe	Glu	Val	Gly	His	Leu	His			
			965					970					975					

ctt gcg gta gac aga gat gtg aac caa gcg ggg agt aaa att aag gct	3512
Leu Ala Val Asp Arg Asp Val Asn Gln Ala Gly Ser Lys Ile Lys Ala	
980 985 990	
aag tat acc act ggt gtt gtg aaa ggg aac ttt aat act gaa gcg ggc	3560
Lys Tyr Thr Thr Gly Val Val Lys Gly Asn Phe Asn Thr Glu Ala Gly	
995 1000 1005	
aag aat att aaa cat gtc gaa aaa gaa gaa tat agt tca cag cta ttt	3608
Lys Asn Ile Lys His Val Glu Lys Glu Glu Tyr Ser Ser Gln Leu Phe	
1010 1015 1020 1025	
gct tca gca cac gcg agt ggt ggt ggc acc tca gtt cgt tat gac tat	3656
Ala Ser Ala His Ala Ser Gly Gly Gly Thr Ser Val Arg Tyr Asp Tyr	
1030 1035 1040	
aac agc caa gat ggt ggc aat gcc tct gtt ggt gtt ccg aca aac cat	3704
Asn Ser Gln Asp Gly Gly Asn Ala Ser Val Gly Val Pro Thr Asn His	
1045 1050 1055	
act gga gtt ggg gca gag gca gga atg tca ttc acc cat acc aaa gac	3752
Thr Gly Val Gly Ala Glu Ala Gly Met Ser Phe Thr His Thr Lys Asp	
1060 1065 1070	
aaa gaa aca ctg ctc act cac acc aat agt gaa tta caa gtc aaa cat	3800
Lys Glu Thr Leu Leu Thr His Thr Asn Ser Glu Leu Gln Val Lys His	
1075 1080 1085	
ggg aaa tta cat gtg ctt ggt tat gcc gat att ggt gga gta gat att	3848
Gly Lys Leu His Val Leu Gly Tyr Ala Asp Ile Gly Gly Val Asp Ile	
1090 1095 1100 1105	
aat act aaa cta cca gaa gat gca caa agc aaa gca cag aaa gag ata	3896
Asn Thr Lys Leu Pro Glu Asp Ala Gln Ser Lys Ala Gln Lys Glu Ile	
1110 1115 1120	
gcg gct agc aag cca gag aag acc gag caa tct gca cag gat gtg gct	3944
Ala Ala Ser Lys Pro Glu Lys Thr Glu Gln Ser Ala Gln Asp Val Ala	
1125 1130 1135	
caa gct caa tca aat gcc aat aag gat aag gaa aat aaa gcc cca gaa	3992
Gln Ala Gln Ser Asn Ala Asn Lys Asp Lys Glu Asn Lys Ala Pro Glu	
1140 1145 1150	
ata aaa gaa tta tca gag gct gaa atc gcg gat ctc atg tca gaa aaa	4040
Ile Lys Glu Leu Ser Glu Ala Glu Ile Ala Asp Leu Met Ser Glu Lys	
1155 1160 1165	
tca aaa gcg tat ttt gat gat ttt gca gag caa gcg aaa aaa gca cct	4088
Ser Lys Ala Tyr Phe Asp Asp Phe Ala Glu Gln Ala Lys Lys Ala Pro	
1170 1175 1180 1185	
gaa aac aat cga ttt gaa ttg tct gcg aaa gaa att aag tcg agc aaa	4136
Glu Asn Asn Arg Phe Glu Leu Ser Ala Lys Glu Ile Lys Ser Ser Lys	
1190 1195 1200	
caa aaa gac caa tat gat cat gag tct gaa cgg acg act ttt aaa gtt	4184
Gln Lys Asp Gln Tyr Asp His Glu Ser Glu Arg Thr Thr Phe Lys Val	
1205 1210 1215	
gga cct gaa gcg gag gct cat tct gcg gtt gcc gat atg gtg agc cat	4232
Gly Pro Glu Ala Glu Ala His Ser Ala Val Ala Asp Met Val Ser His	

1220	1225	1230	
tta gtg aaa gaa tat aga gat gca caa aat ggg act aaa caa gac ggt Leu Val Lys Glu Tyr Arg Asp Ala Gln Asn Gly Thr Lys Gln Asp Gly 1235 1240 1245			4280
aca gta gca tta caa cat gct agt gat gtc tta aat att gtg acg ggg Thr Val Ala Leu Gln His Ala Ser Asp Val Leu Asn Ile Val Thr Gly 1250 1255 1260 1265			4328
gat tta gcg ggg agt tca gct aaa ttg tct gtt gaa aga aca cat gag Asp Leu Ala Gly Ser Ser Ala Lys Leu Ser Val Glu Arg Thr His Glu 1270 1275 1280			4376
aca aaa cga acg'aca gaa acg ggg gat att gtt act aag att ggt ggc Thr Lys Arg Thr Thr Glu Thr Gly Asp Ile Val Thr Lys Ile Gly Gly 1285 1290 1295			4424
aat gtc aca ctg tca gca cgc agt ggt agt gtg aac ctt aaa aat gta Asn Val Thr Leu Ser Ala Arg Ser Gly Ser Val Asn Leu Lys Asn Val 1300 1305 1310			4472
caa agt gat gaa caa gct aat ttg acc tta aga gca aaa gaa gat gtg Gln Ser Asp Glu Gln Ala Asn Leu Thr Leu Arg Ala Lys Glu Asp Val 1315 1320 1325			4520
aat gtg ctg tct ggt gaa aaa aca cga gaa acc aca gaa aca gta tca Asn Val Leu Ser Gly Glu Lys Thr Arg Glu Thr Thr Glu Thr Val Ser 1330 1335 1340 1345			4568
aga cag aaa ctt tct cat ggt gtg aac gca ggt tgc agt atg atg agt Arg Gln Lys Leu Ser His Gly Val Asn Ala Gly Cys Ser Met Met Ser 1350 1355 1360			4616
ggc gcc tgt act gcc ggt gtt agc aca tca ctt gaa gga aat gaa agc Gly Ala Cys Thr Ala Gly Val Ser Thr Ser Leu Glu Gly Asn Glu Ser 1365 1370 1375			4664
tat acg tca gaa cgt gaa acg gct caa aat aac agt ttc tta aaa gca Tyr Thr Ser Glu Arg Glu Thr Ala Gln Asn Asn Ser Phe Leu Lys Ala 1380 1385 1390			4712
cgc aac atg aaa gtt gaa gca ggt cgc gat ttt aat gtt gtc agt tcg Arg Asn Met Lys Val Glu Ala Gly Arg Asp Phe Asn Val Val Ser Ser 1395 1400 1405			4760
aat att gat gca gat aag ctc gat ctc cac gtt aaa gga aaa acg aat Asn Ile Asp Ala Asp Lys Leu Asp Leu His Val Lys Gly Lys Thr Asn 1410 1415 1420 1425			4808
gtg gta tcc aaa caa gat acg tta caa aaa gtg acg cat gga gtt gac Val Val Ser Lys Gln Asp Thr Leu Gln Lys Val Thr His Gly Val Asp 1430 1435 1440			4856
tat aat ctt tcc gct ggc gtt gca ctt tct agt gca aca att gct acc Tyr Asn Leu Ser Ala Gly Val Ala Leu Ser Ser Ala Thr Ile Ala Thr 1445 1450 1455			4904
cca acc ggt aat gtt ggt ttc ggt tat acc aat gag acc gaa agc aag Pro Thr Gly Asn Val Gly Phe Gly Tyr Thr Asn Glu Thr Glu Ser Lys 1460 1465 1470			4952

cgg acg gtt aat caa caa gca ggg att aaa gcg aat aaa att aca ggg Arg Thr Val Asn Gln Gln Ala Gly Ile Lys Ala Asn Lys Ile Thr Gly 1475 1480 1485	5000
caa acg cat gac tta aat ctt gag ggg gga tat ctt gtc agc aac gat Gln Thr His Asp Leu Asn Leu Glu Gly Tyr Leu Val Ser Asn Asp 1490 1495 1500 1505	5048
aag gat aat cag ctg aaa gtt acc ggc gat gtc aca act aaa gcc ctt Lys Asp Asn Gln Leu Lys Val Thr Gly Asp Val Thr Thr Lys Ala Leu 1510 1515 1520	5096
cac gat caa cat gat aaa gat ggt gga aca ttt ggt tta tct gtg ggt His Asp Gln His Asp Lys Asp Gly Gly Thr Phe Gly Leu Ser Val Gly 1525 1530 1535	5144
atc agt gaa cgt ggt act acc gcc ttt aat gta cga ggt ggg cga gct Ile Ser Glu Arg Gly Thr Thr Ala Phe Asn Val Arg Gly Gly Arg Ala 1540 1545 1550	5192
gaa cag aaa cac tat aat gca acg cag aaa tcc act ctt tct ggc gtg Glu Gln Lys His Tyr Asn Ala Thr Gln Lys Ser Thr Leu Ser Gly Val 1555 1560 1565	5240
gat acc tct caa gcg aat gta tca ggt caa gtg aat aca gat tta acc Asp Thr Ser Gln Ala Asn Val Ser Gly Gln Val Asn Thr Asp Leu Thr 1570 1575 1580 1585	5288
aag gca aaa gct gtc aca cgt gat gat act tac gca agt acg caa ttt Lys Ala Lys Ala Val Thr Arg Asp Asp Thr Tyr Ala Ser Thr Gln Phe 1590 1595 1600	5336
agt ttt gaa gtg gca gat att gtg gaa tta gga cag aga gcg aaa aac Ser Phe Glu Val Ala Asp Ile Val Glu Leu Gly Gln Arg Ala Lys Asn 1605 1610 1615	5384
aag ctg tca gca cca aac aat gac acc gat atg gcg tca ggc tcc aca Lys Leu Ser Ala Pro Asn Asn Asp Thr Asp Met Ala Ser Gly Ser Thr 1620 1625 1630	5432
tta cgc tcg cgt tct act aca gaa gaa gca gat gta cca aca aca aga Leu Arg Ser Arg Ser Thr Thr Glu Glu Ala Asp Val Pro Thr Thr Arg 1635 1640 1645	5480
tcg cgt gta acg gat gag gcg gat tct gta tcc gtg aaa aat ccg att Ser Arg Val Thr Asp Glu Ala Asp Ser Val Ser Val Lys Asn Pro Ile 1650 1655 1660 1665	5528
tat gaa agt gca gat gct gtt gta cca aca cca cgt agt aga aat gtg Tyr Glu Ser Ala Asp Ala Val Val Pro Thr Pro Arg Ser Arg Asn Val 1670 1675 1680	5576
gac agt acc gat ctt gtg gac aat cca ctg tat gct agt gcc act aca Asp Ser Thr Asp Leu Val Asp Asn Pro Leu Tyr Ala Ser Ala Thr Thr 1685 1690 1695	5624
aaa gca aac atc cat gat tat gaa gaa att cca gcc gtt tat agc aaa Lys Ala Asn Ile His Asp Tyr Glu Glu Ile Pro Ala Val Tyr Ser Lys 1700 1705 1710	5672
gtc ggt gat aac aat gct gat ctt gtt cgt cat aaa acg gca act agt Val Gly Asp Asn Asn Ala Asp Leu Val Arg His Lys Thr Ala Thr Ser 1715 1720	5720

1715	1720	1725	
gat gag cat ctt tat gca gag att aat gaa cca aca tat agc cgt gtt Asp Glu His Leu Tyr Ala Glu Ile Asn Glu Pro Thr Tyr Ser Arg Val 1730	1735	1740	5768 1745
ggt gat aaa aat gca gat atg aga cgt cat aac gcg gca ggt aca aca Gly Asp Lys Asn Ala Asp Met Arg Arg His Asn Ala Ala Gly Thr Thr 1750	1755	1760	5816 1765
gac tat gcc gat gtc gtg caa gca cat aca aga aag gca gat gat cca Asp Tyr Ala Asp Val Val Gln Ala His Thr Arg Lys Ala Asp Asp Pro 1765	1770	1775	5864 1775
cta cca gca tta ccg aat cag ggt aaa gca aga acg gta aac gac ggt Leu Pro Ala Leu Pro Asn Gln Gly Lys Ala Arg Thr Val Asn Asp Gly 1780	1785	1790	5912 1790
tca gag cat att tat act gat att agc gac gtg ggc act caa act aaa Ser Glu His Ile Tyr Thr Asp Ile Ser Asp Val Gly Thr Gln Thr Lys 1795	1800	1805	5960 1805
gct att gat agt act tat gca aca gta ggc atg ccg aaa gcg aat gcc Ala Ile Asp Ser Thr Tyr Ala Thr Val Gly Met Pro Lys Ala Asn Ala 1810	1815	1820	6008 1825
gtt aac ttg ata ggg caa aat ggc tta ggc agc att tat cac agc cca Val Asn Leu Ile Gly Gln Asn Gly Leu Gly Ser Ile Tyr His Ser Pro 1830	1835	1840	6056 1840
gac agt gct tat aaa aca tgg caa ttg ctt gat caa ttt gcc aac aaa Asp Ser Ala Tyr Lys Thr Trp Gln Leu Leu Asp Gln Phe Ala Asn Lys 1845	1850	1855	6104 1855
ggc gga gat gcg gtc ttc tta cgc cct gca aca gaa atg aaa tgt gca Gly Gly Asp Ala Val Phe Leu Arg Pro Ala Thr Glu Met Lys Cys Ala 1860	1865	1870	6152 1870
ggt gca cct tta aaa tat acc ttt atc gtg cgt gat tat ttg ctc aga Gly Ala Pro Leu Lys Tyr Thr Phe Ile Val Arg Asp Tyr Leu Leu Arg 1875	1880	1885	6200 1885
cgc cat acc tta gat aaa tca aga tta ttt tat aac gca cat aat aaa Arg His Thr Leu Asp Lys Ser Arg Leu Phe Tyr Asn Ala His Asn Lys 1890	1895	1900	6248 1905
acc tta ttt agc gtg cct atc gtt gat gca aaa gtc aaa atg ctg ttt Thr Leu Phe Ser Val Pro Ile Val Asp Ala Lys Val Lys Met Leu Phe 1910	1915	1920	6296 1920
gct gaa aaa aat atc caa gtc aat tac gat cgt agc ctt aca gcc att Ala Glu Lys Asn Ile Gln Val Asn Tyr Asp Arg Ser Leu Thr Ala Ile 1925	1930	1935	6344 1935
gat ctg agt aaa cgt att gcg acc ttt aat agc cca gaa gga gtt gta Asp Leu Ser Lys Arg Ile Ala Thr Phe Asn Ser Pro Glu Gly Val Val 1940	1945	1950	6392 1950
gaa gtc cct tat gat ttt att aat gtg gta cct cca atg cga gca cct Glu Val Pro Tyr Asp Phe Ile Asn Val Val Pro Pro Met Arg Ala Pro 1955	1960	1965	6440 1965

gat gcc gtt cgt caa tca gca ctc gcg tgg caa gaa gga aaa tgg gct Asp Ala Val Arg Gln Ser Ala Leu Ala Trp Gln Glu Gly Lys Trp Ala 1970 1975 1980 1985	6488
aac gat ggt tgg gtt gaa gta gaa aaa cat acc ttg cgt cac cgt cgt Asn Asp Gly Trp Val Glu Val Glu Lys His Thr Leu Arg His Arg Arg 1990 1995 2000	6536
tat gcc aat gtg ttt gct gtg ggt gat gtg gca ggg gtc cca aaa ggc Tyr Ala Asn Val Phe Ala Val Gly Asp Val Ala Gly Val Pro Lys Gly 2005 2010 2015	6584
aaa acg gct gcc agt gtc aaa tgg caa gtt cct gtt gca gtg gca cat Lys Thr Ala Ala Ser Val Lys Trp Gln Val Pro Val Ala Val Ala His 2020 2025 2030	6632
tta ctc gca gaa tta gag ggc aaa cct tgt gat gaa att tac aac ggt Leu Leu Ala Glu Leu Glu Gly Lys Pro Cys Asp Glu Ile Tyr Asn Gly 2035 2040 2045	6680
tat aca tct tgt cca tta att act caa tta gga aag ggg atg cta gta Tyr Thr Ser Cys Pro Leu Ile Thr Gln Leu Gly Lys Gly Met Leu Val 2050 2055 2060 2065	6728
gaa ttt gat tat aac aac cac tta aca cct tct ttc ccc ggt gta ata Glu Phe Asp Tyr Asn Asn His Leu Thr Pro Ser Phe Pro Gly Val Ile 2070 2075 2080	6776
gcg cca tta gaa gaa ctg tgg gca aca tgg gca att aaa aca tta ggt Ala Pro Leu Glu Glu Leu Trp Ala Thr Trp Ala Ile Lys Thr Leu Gly 2085 2090 2095	6824
tta aaa ccc act tat tta ggt atg tta cgt gga tta gct taaggagcgt Leu Lys Pro Thr Tyr Leu Gly Met Leu Arg Gly Leu Ala 2100 2105 2110	6873
tga	6876
<210> 16 <211> 2110 <212> PRT <213> Pasteurella multocida	
<400> 16 Met Gln Pro Ala Gln Glu His Cys Gln Arg Ile Asn Asn Ile Val Asn 1 5 10 15 Gln Glu Asn Gly Leu Phe His Thr Leu Gly Asn Met Met Leu Glu Ala 20 25 30 Glu Arg Ser Val Tyr Asn Ile Gly Asp Ile Tyr Ala Ser Lys Lys Leu 35 40 45 Thr Val His Thr His Asn Leu Ile Asn Asp Val Arg Leu Ser Gly Asn 50 55 60 Val Ser Tyr Lys Pro Ile Gly Ser Ser Arg Asp Tyr Asp Ile Ser Arg 65 70 75 80 Val Ala Val His Gly Trp His Asn Asn Val Tyr Lys Leu Asn Leu Asn 85 90 95	

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

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

Trp Tyr Val Lys Thr Lys Val Lys Gly Lys Asp Val Phe Val Pro Lys
 770 775 780
 Val Tyr Phe Ala Ser Glu Thr Leu Val Glu Ala Gln Lys Leu Gln Gly
 785 790 795 800
 Leu Gly Thr Gly Thr Ile Arg Val Gly Glu Ala Lys Ile Lys Ala Lys
 805 810 815
 Asp Val Val Asn Thr Gly Thr Leu Ala Gly Arg Lys Leu Asn Val Glu
 820 825 830
 Ala Ser Asn Lys Ile Lys Asn Gln Gly Ser Ile Leu Ser Thr Gln Glu
 835 840 845
 Thr Arg Leu Val Gly Arg Lys Gly Ile Glu Asn Val Ser Arg Ser Phe
 850 855 860
 Ala Asn Asp Glu Leu Gly Val Thr Ala Gln Arg Ser Glu Ile Lys Thr
 865 870 875 880
 Glu Gly His Leu His Leu Glu Thr Asp Lys Asp Ser Thr Ile Asp Val
 885 890 895
 Gln Ala Ser Asp Ile Lys Ala Lys Thr Ser Phe Val Lys Thr Gly Asp
 900 905 910
 Val Asn Leu Lys Asn Thr Tyr Asn Thr Lys His Ala Tyr Arg Glu Lys
 915 920 925
 Phe Ser Pro Ser Ala Leu Gln Val Ala Glu Leu Asp Val Ala Gly Leu
 930 935 940
 Lys Val Pro Leu Leu Gly Val Ser Ser Pro Ser Ser Tyr Ser Glu His
 945 950 955 960
 Thr Ser Glu Ala Thr Ser Glu Gly Ser Ile Phe Glu Val Gly His Leu
 965 970 975
 His Leu Ala Val Asp Arg Asp Val Asn Gln Ala Gly Ser Lys Ile Lys
 980 985 990
 Ala Lys Tyr Thr Thr Gly Val Val Lys Gly Asn Phe Asn Thr Glu Ala
 995 1000 1005
 Gly Lys Asn Ile Lys His Val Glu Lys Glu Glu Tyr Ser Ser Gln Leu
 1010 1015 1020
 Phe Ala Ser Ala His Ala Ser Gly Gly Gly Thr Ser Val Arg Tyr Asp
 025 1030 1035 1040
 Tyr Asn Ser Gln Asp Gly Gly Asn Ala Ser Val Gly Val Pro Thr Asn
 1045 1050 1055
 His Thr Gly Val Gly Ala Glu Ala Gly Met Ser Phe Thr His Thr Lys
 1060 1065 1070
 Asp Lys Glu Thr Leu Leu Thr His Thr Asn Ser Glu Leu Gln Val Lys
 1075 1080 1085
 His Gly Lys Leu His Val Leu Gly Tyr Ala Asp Ile Gly Gly Val Asp
 1090 1095 1100

Ile Asn Thr Lys Leu Pro Glu Asp Ala Gln Ser Lys Ala Gln Lys Glu
 105 1110 1115 1120
 Ile Ala Ala Ser Lys Pro Glu Lys Thr Glu Gln Ser Ala Gln Asp Val
 1125 1130 1135
 Ala Gln Ala Gln Ser Asn Ala Asn Lys Asp Lys Glu Asn Lys Ala Pro
 1140 1145 1150
 Glu Ile Lys Glu Leu Ser Glu Ala Glu Ile Ala Asp Leu Met Ser Glu
 1155 1160 1165
 Lys Ser Lys Ala Tyr Phe Asp Asp Phe Ala Glu Gln Ala Lys Lys Ala
 1170 1175 1180
 Pro Glu Asn Asn Arg Phe Glu Leu Ser Ala Lys Glu Ile Lys Ser Ser
 185 1190 1195 1200
 Lys Gln Lys Asp Gln Tyr Asp His Glu Ser Glu Arg Thr Thr Phe Lys
 1205 1210 1215
 Val Gly Pro Glu Ala Glu Ala His Ser Ala Val Ala Asp Met Val Ser
 1220 1225 1230
 His Leu Val Lys Glu Tyr Arg Asp Ala Gln Asn Gly Thr Lys Gln Asp
 1235 1240 1245
 Gly Thr Val Ala Leu Gln His Ala Ser Asp Val Leu Asn Ile Val Thr
 1250 1255 1260
 Gly Asp Leu Ala Gly Ser Ser Ala Lys Leu Ser Val Glu Arg Thr His
 265 1270 1275 1280
 Glu Thr Lys Arg Thr Thr Glu Thr Gly Asp Ile Val Thr Lys Ile Gly
 1285 1290 1295
 Gly Asn Val Thr Leu Ser Ala Arg Ser Gly Ser Val Asn Leu Lys Asn
 1300 1305 1310
 Val Gln Ser Asp Glu Gln Ala Asn Leu Thr Leu Arg Ala Lys Glu Asp
 1315 1320 1325
 Val Asn Val Leu Ser Gly Glu Lys Thr Arg Glu Thr Thr Glu Thr Val
 1330 1335 1340
 Ser Arg Gln Lys Leu Ser His Gly Val Asn Ala Gly Cys Ser Met Met
 345 1350 1355 1360
 Ser Gly Ala Cys Thr Ala Gly Val Ser Thr Ser Leu Glu Gly Asn Glu
 1365 1370 1375
 Ser Tyr Thr Ser Glu Arg Glu Thr Ala Gln Asn Asn Ser Phe Leu Lys
 1380 1385 1390
 Ala Arg Asn Met Lys Val Glu Ala Gly Arg Asp Phe Asn Val Val Ser
 1395 1400 1405
 Ser Asn Ile Asp Ala Asp Lys Leu Asp Leu His Val Lys Gly Lys Thr
 1410 1415 1420
 Asn Val Val Ser Lys Gln Asp Thr Leu Gln Lys Val Thr His Gly Val
 425 1430 1435 1440

Asp Tyr Asn Leu Ser Ala Gly Val Ala Leu Ser Ser Ala Thr Ile Ala
 1445 1450 1455
 Thr Pro Thr Gly Asn Val Gly Phe Gly Tyr Thr Asn Glu Thr Glu Ser
 1460 1465 1470
 Lys Arg Thr Val Asn Gln Gln Ala Gly Ile Lys Ala Asn Lys Ile Thr
 1475 1480 1485
 Gly Gln Thr His Asp Leu Asn Leu Glu Gly Gly Tyr Leu Val Ser Asn
 1490 1495 1500
 Asp Lys Asp Asn Gln Leu Lys Val Thr Gly Asp Val Thr Thr Lys Ala
 505 1510 1515 1520
 Leu His Asp Gln His Asp Lys Asp Gly Gly Thr Phe Gly Leu Ser Val
 1525 1530 1535
 Gly Ile Ser Glu Arg Gly Thr Thr Ala Phe Asn Val Arg Gly Gly Arg
 1540 1545 1550
 Ala Glu Gln Lys His Tyr Asn Ala Thr Gln Lys Ser Thr Leu Ser Gly
 1555 1560 1565
 Val Asp Thr Ser Gln Ala Asn Val Ser Gly Gln Val Asn Thr Asp Leu
 1570 1575 1580
 Thr Lys Ala Lys Ala Val Thr Arg Asp Asp Thr Tyr Ala Ser Thr Gln
 585 1590 1595 1600
 Phe Ser Phe Glu Val Ala Asp Ile Val Glu Leu Gly Gln Arg Ala Lys
 1605 1610 1615
 Asn Lys Leu Ser Ala Pro Asn Asn Asp Thr Asp Met Ala Ser Gly Ser
 1620 1625 1630
 Thr Leu Arg Ser Arg Ser Thr Thr Glu Glu Ala Asp Val Pro Thr Thr
 1635 1640 1645
 Arg Ser Arg Val Thr Asp Glu Ala Asp Ser Val Ser Val Lys Asn Pro
 1650 1655 1660
 Ile Tyr Glu Ser Ala Asp Ala Val Val Pro Thr Pro Arg Ser Arg Asn
 665 1670 1675 1680
 Val Asp Ser Thr Asp Leu Val Asp Asn Pro Leu Tyr Ala Ser Ala Thr
 1685 1690 1695
 Thr Lys Ala Asn Ile His Asp Tyr Glu Glu Ile Pro Ala Val Tyr Ser
 1700 1705 1710
 Lys Val Gly Asp Asn Asn Ala Asp Leu Val Arg His Lys Thr Ala Thr
 1715 1720 1725
 Ser Asp Glu His Leu Tyr Ala Glu Ile Asn Glu Pro Thr Tyr Ser Arg
 1730 1735 1740
 Val Gly Asp Lys Asn Ala Asp Met Arg Arg His Asn Ala Ala Gly Thr
 745 1750 1755 1760
 Thr Asp Tyr Ala Asp Val Val Gln Ala His Thr Arg Lys Ala Asp Asp
 1765 1770 1775

Pro Leu Pro Ala Leu Pro Asn Gln Gly Lys Ala Arg Thr Val Asn Asp
 1780 1785 1790
 Gly Ser Glu His Ile Tyr Thr Asp Ile Ser Asp Val Gly Thr Gln Thr
 1795 1800 1805
 Lys Ala Ile Asp Ser Thr Tyr Ala Thr Val Gly Met Pro Lys Ala Asn
 1810 1815 1820
 Ala Val Asn Leu Ile Gly Gln Asn Gly Leu Gly Ser Ile Tyr His Ser
 825 1830 1835 1840
 Pro Asp Ser Ala Tyr Lys Thr Trp Gln Leu Leu Asp Gln Phe Ala Asn
 1845 1850 1855
 Lys Gly Gly Asp Ala Val Phe Leu Arg Pro Ala Thr Glu Met Lys Cys
 1860 1865 1870
 Ala Gly Ala Pro Leu Lys Tyr Thr Phe Ile Val Arg Asp Tyr Leu Leu
 1875 1880 1885
 Arg Arg His Thr Leu Asp Lys Ser Arg Leu Phe Tyr Asn Ala His Asn
 1890 1895 1900
 Lys Thr Leu Phe Ser Val Pro Ile Val Asp Ala Lys Val Lys Met Leu
 905 1910 1915 1920
 Phe Ala Glu Lys Asn Ile Gln Val Asn Tyr Asp Arg Ser Leu Thr Ala
 1925 1930 1935
 Ile Asp Leu Ser Lys Arg Ile Ala Thr Phe Asn Ser Pro Glu Gly Val
 1940 1945 1950
 Val Glu Val Pro Tyr Asp Phe Ile Asn Val Val Pro Pro Met Arg Ala
 1955 1960 1965
 Pro Asp Ala Val Arg Gln Ser Ala Leu Ala Trp Gln Glu Gly Lys Trp
 1970 1975 1980
 Ala Asn Asp Gly Trp Val Glu Val Glu Lys His Thr Leu Arg His Arg
 985 1990 1995 2000
 Arg Tyr Ala Asn Val Phe Ala Val Gly Asp Val Ala Gly Val Pro Lys
 2005 2010 2015
 Gly Lys Thr Ala Ala Ser Val Lys Trp Gln Val Pro Val Ala Val Ala
 2020 2025 2030
 His Leu Leu Ala Glu Leu Glu Gly Lys Pro Cys Asp Glu Ile Tyr Asn
 2035 2040 2045
 Gly Tyr Thr Ser Cys Pro Leu Ile Thr Gln Leu Gly Lys Gly Met Leu
 2050 2055 2060
 Val Glu Phe Asp Tyr Asn Asn His Leu Thr Pro Ser Phe Pro Gly Val
 065 2070 2075 2080
 Ile Ala Pro Leu Glu Glu Leu Trp Ala Thr Trp Ala Ile Lys Thr Leu
 2085 2090 2095
 Gly Leu Lys Pro Thr Tyr Leu Gly Met Leu Arg Gly Leu Ala
 2100 2105 2110

<210> 17
 <211> 3247
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (1479)..(3245)

<220>
 <223> fhaB2

<400> 17
 gtgcacottg cggttgaaaa ggtatctcta aattttggcg atatcattca tgcttaccaa 60
 aaccagcccc tatcaacaaa agttgttttt caattagtga aagatttgac ggaagtttta 120
 taccgttctg gctacgtgac aagtgcattt ggtttaaaaa attcaaaaat cagcaatggc 180
 gatcttgaat ttattgtact gtggggaaga actcgcgac tgtttgtgaa tggggagaaa 240
 ccaaccggtt ttagagataa aacaatgtta tcagtcctac ccaatttaat cggaaatcgc 300
 ttaagtattc acgacattga ccagttgacg gaaatcttaa atactacgaa taaaaaagcc 360
 acagtgaatg tgggtgcaag tgaagaaaaa ggcagctcaa atctaaatat tgaaagacaa 420
 tatgatgttt ttccgcaagt gagtgtcggg ttcaataatt caggtgctgg caataatgcc 480
 aatgggcgta atcaagctac attgaatatt gcttggagtg atctattagg cacgaatgat 540
 cgttggagtt tctcgagtag ttaccgttta tataaaaatc atcatgctaa ccagcaacgc 600
 aattatactt tgtcttacag tcagcctata ggcttttcta cagtagaaat taaagcatcg 660
 gaatctacgt atgaaaaaga acttcgcggt ataaatactc attcttctca tgggaaaacc 720
 caaagcttag ctgtcaagct gatgcatgtg ttattgcgta ataaggagag tatttttatct 780
 acatataccg agttcgagtt taaaaaacgg attagttatt tttctgatat ttgattggg 840
 aaatatcaca ataataaagt gagcgtaggg ttatcttaca tgactaattt tgcttacggg 900
 aagctttaca gcgacattgc ttacgcgaat ggggtgagat ggtttggggc gaattattca 960
 gcatatgatg caaatcgtga aaaaacctta aaattattgt caggaagtat taattggcag 1020
 cgtccaatat ccctgtttga acgtgcgatg aattatcaat tacgtattgg tgcccaatat 1080
 ggttttgata gtttgtattc tgaaaatcaa ttttcaattg gtgatgaata tacagtaaga 1140
 ggatttaaag gtggtgcggt ttctgggtgat agtgggtcgt atttatcaca aacactgacg 1200
 gttccttttt atccacaaaa agcatattta tctcaggtat ccccttttat tggatttgat 1260
 atgggtaaag tacatattaa atcaaagcat aaaacaacca ctttagtcgg ttttgcctta 1320
 ggcttgaaaa cgcaataaaa gttattttca ttatcattaa cctatgcaca accaatgaat 1380
 ggtgtgagtg gtgttacgca acatcgtcaa aaaccgattt attatttctc aggatcactt 1440

tctttttaat ctcttttaag ttttaaggatt aacttaat atg aac aaa aat cgt tac	1496
	Met Asn Lys Asn Arg Tyr
	1 5
aaa ctc att ttt agt caa gtc aaa ggt tgt ctc gtt cct gtg gca gaa	1544
Lys Leu Ile Phe Ser Gln Val Lys Gly Cys Leu Val Pro Val Ala Glu	
	10 15 20
tgt att aac tca gct att agc aat ggt tca tct gat tca aca tcc aca	1592
Cys Ile Asn Ser Ala Ile Ser Asn Gly Ser Ser Asp Ser Thr Ser Thr	
	25 30 35
tca gaa caa gtt gaa gag gaa cct ttc ctt cta gaa caa tat tca ctt	1640
Ser Glu Gln Val Glu Glu Glu Pro Phe Leu Leu Glu Gln Tyr Ser Leu	
	40 45 50
tcc tcc gtg tct tta tta gta aaa agc acg ttc aat cct gtt tgc tat	1688
Ser Ser Val Ser Leu Leu Val Lys Ser Thr Phe Asn Pro Val Ser Tyr	
	55 60 65 70
gca atg caa ttg act tgg aaa cag ctt tct att tta ttt tta act gtg	1736
Ala Met Gln Leu Thr Trp Lys Gln Leu Ser Ile Leu Phe Leu Thr Val	
	75 80 85
att tct gtt cct gtt ttg gct gag gga aaa ggg gat gaa aga aat caa	1784
Ile Ser Val Pro Val Leu Ala Glu Gly Lys Gly Asp Glu Arg Asn Gln	
	90 95 100
tta aca gtg att gat aat agc gat cat att aaa tta gat gca tct aat	1832
Leu Thr Val Ile Asp Asn Ser Asp His Ile Lys Leu Asp Ala Ser Asn	
	105 110 115
ctt gct ggt aat gat aaa aca aaa atc tat caa gca gaa aat aaa gtt	1880
Leu Ala Gly Asn Asp Lys Thr Lys Ile Tyr Gln Ala Glu Asn Lys Val	
	120 125 130
ctg gtt att gat att gct aaa cca aat ggg aaa ggg att tca gat aac	1928
Leu Val Ile Asp Ile Ala Lys Pro Asn Gly Lys Gly Ile Ser Asp Asn	
	135 140 145 150
cgt ttt gaa aaa ttt aat att cca aat agc gcg gtg ttt aat aat aat	1976
Arg Phe Glu Lys Phe Asn Ile Pro Asn Ser Ala Val Phe Asn Asn Asn	
	155 160 165
ggg act gaa gcg cag gca aga tca aca tta att ggt tac att ccg caa	2024
Gly Thr Glu Ala Gln Ala Arg Ser Thr Leu Ile Gly Tyr Ile Pro Gln	
	170 175 180
aat caa aat tta agg gga ggg aaa gaa gct gat gtt ata tta aat caa	2072
Asn Gln Asn Leu Arg Gly Gly Lys Glu Ala Asp Val Ile Leu Asn Gln	
	185 190 195
gtg aca ggt cct caa gaa agt aaa att gtt ggc gcg ctt gaa gta tta	2120
Val Thr Gly Pro Gln Glu Ser Lys Ile Val Gly Ala Leu Glu Val Leu	
	200 205 210
ggt aaa aaa gct gat atc gtc att gca aac caa aat ggt att acc tta	2168
Gly Lys Lys Ala Asp Ile Val Ile Ala Asn Gln Asn Gly Ile Thr Leu	
	215 220 225 230
aat ggt gta aga aca ata aat tca gat cgt ttt gtt gcc act acg agt	2216

Asn	Gly	Val	Arg	Thr	Ile	Asn	Ser	Asp	Arg	Phe	Val	Ala	Thr	Thr	Ser	
				235					240					245		
gag	ctt	ata	gat	ccg	aat	cag	atg	atg	tta	aag	gtt	aca	aaa	gga	aat	2264
Glu	Leu	Ile	Asp	Pro	Asn	Gln	Met	Met	Leu	Lys	Val	Thr	Lys	Gly	Asn	
			250					255					260			
gtg	atc	att	gat	att	gat	ggg	ttt	tgc	aca	gat	gga	tta	aag	tat	tta	2312
Val	Ile		Ile	Asp	Ile	Asp	Gly	Phe	Ser	Thr	Asp	Gly	Leu	Lys	Tyr	Leu
			265				270					275				
gat	att	att	gct	aaa	aaa	att	gaa	caa	aag	caa	tca	att	aca	tca	ggg	2360
Asp	Ile		Ile	Ala	Lys	Lys	Glu	Gln	Lys	Gln	Ser	Ile	Thr	Ser	Gly	
			280				285				290					
gat	aat	tca	gaa	gca	aaa	aca	gat	gtc	act	ctt	att	gcg	ggg	tcc	agt	2408
Asp	Asn	Ser	Glu	Ala	Lys	Thr	Asp	Val	Thr	Lys	Ile	Ala	Gly	Ser	Ser	
			295			300				305				310		
gaa	tat	gat	tta	agc	aaa	cat	gag	ctg	aaa	aaa	acg	agc	ggg	gaa	aat	2456
Glu	Tyr	Asp	Leu	Ser	Lys	His	Glu	Leu	Lys	Lys	Thr	Ser	Gly	Glu	Asn	
			315					320					325			
gta	tct	aat	gat	gtt	att	gct	atc	acg	gga	tct	agt	aca	ggc	gca	atg	2504
Val	Ser	Asn	Asp	Val	Ile	Ala	Ile	Thr	Gly	Ser	Ser	Thr	Gly	Ala	Met	
			330					335					340			
cat	ggg	aaa	aat	att	aag	ttg	att	gtg	aca	gat	aaa	ggg	gca	ggc	gta	2552
His	Gly	Lys	Asn	Ile	Lys	Leu	Ile	Val	Thr	Asp	Lys	Gly	Ala	Gly	Val	
			345				350					355				
aaa	cat	gat	gga	att	att	ttg	tct	gaa	aat	gat	att	cag	att	gaa	atg	2600
Lys	His	Asp	Gly	Ile	Ile	Leu	Ser	Glu	Asn	Asp	Ile	Gln	Ile	Glu	Met	
			360			365					370					
aat	gaa	ggg	gac	tta	gaa	ctt	ggc	aat	acg	att	cag	caa	aca	gtg	gta	2648
Asn	Glu	Gly	Asp	Leu	Glu	Leu	Gly	Asn	Thr	Ile	Gln	Gln	Thr	Val	Val	
			375			380				385				390		
aaa	aaa	gac	cga	aat	att	cga	gcc	aag	aaa	aaa	att	gaa	gtg	aaa	aac	2696
Lys	Lys	Asp	Arg	Asn	Ile	Arg	Ala	Lys	Lys	Lys	Ile	Glu	Val	Lys	Asn	
			395					400					405			
gct	aat	cgt	gtt	ttt	gtt	ggg	agt	caa	acg	aaa	tca	gat	gaa	att	tgc	2744
Ala	Asn	Arg	Val	Phe	Val	Gly	Ser	Gln	Thr	Lys	Ser	Asp	Glu	Ile	Ser	
			410					415					420			
tta	gag	gcg	aaa	caa	gtt	aaa	atc	aga	aaa	aac	gca	gag	att	agg	agt	2792
Leu	Glu	Ala	Lys	Gln	Val	Lys	Ile	Arg	Lys	Asn	Ala	Glu	Ile	Arg	Ser	
			425				430					435				
acg	aca	caa	gcc	aaa	atc	gta	gca	aag	ggg	gcc	ctg	tct	att	gag	caa	2840
Thr	Thr	Gln	Ala	Lys	Ile	Val	Ala	Lys	Gly	Ala	Leu	Ser	Ile	Glu	Gln	
			440			445					450					
aat	gcg	aag	ctc	gtc	gct	aaa	aag	ata	gat	gtg	gca	aca	gaa	act	cta	2888
Asn	Ala	Lys	Leu	Val	Ala	Lys	Lys	Ile	Asp	Val	Ala	Thr	Glu	Thr	Leu	
			455			460				465				470		
act	aat	gct	ggg	cgt	att	tat	ggg	cga	gag	gtt	aag	ctt	gac	act	aat	2936
Thr	Asn	Ala	Gly	Arg	Ile	Tyr	Gly	Arg	Glu	Val	Lys	Leu	Asp	Thr	Asn	
				475				480						485		

```

aat ttg att aat gat aaa gaa att tat gct gaa cgg aaa ttg agt att 2984
Asn Leu Ile Asn Asp Lys Glu Ile Tyr Ala Glu Arg Lys Leu Ser Ile
      490                      495                      500

ttg acg aaa gga aaa gat ctt gaa att att caa gat aga tat ttg tct 3032
Leu Thr Lys Gly Lys Asp Leu Glu Ile Ile Gln Asp Arg Tyr Leu Ser
      505                      510                      515

cca ctg atg cgc gta aaa agt agt gtc cgc ttt tta ggc tct ccg ttt 3080
Pro Leu Met Arg Val Lys Ser Ser Val Arg Phe Leu Gly Ser Pro Phe
      520                      525                      530

ttc tca ata tct ccg tcg atg ctc gca agc ctt agt gca cag ttt aag 3128
Phe Ser Ile Ser Pro Ser Met Leu Ala Ser Leu Ser Ala Gln Phe Lys
535                      540                      545                      550

cct ggt ttt gtg aat aag gga ctc att gaa agt gcg ggg agt gca gaa 3176
Pro Gly Phe Val Asn Lys Gly Leu Ile Glu Ser Ala Gly Ser Ala Glu
      555                      560                      565

tta act ttt aaa gaa aaa acc agt ttt tta aca gag ggc aat aat ttt 3224
Leu Thr Phe Lys Glu Lys Thr Ser Phe Leu Thr Glu Gly Asn Asn Phe
      570                      575                      580

att aga gct aaa gat gcg tta ac 3247
Ile Arg Ala Lys Asp Ala Leu
      585

<210> 18
<211> 589
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida

<400> 18
Met Asn Lys Asn Arg Tyr Lys Leu Ile Phe Ser Gln Val Lys Gly Cys
 1          5          10          15

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

Ser Asp Ser Thr Ser Thr Ser Glu Gln Val Glu Glu Glu Pro Phe Leu
      35          40          45

Leu Glu Gln Tyr Ser Leu Ser Ser Val Ser Leu Leu Val Lys Ser Thr
      50          55          60

Phe Asn Pro Val Ser Tyr Ala Met Gln Leu Thr Trp Lys Gln Leu Ser
      65          70          75          80

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

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

Lys Leu Asp Ala Ser Asn Leu Ala Gly Asn Asp Lys Thr Lys Ile Tyr
      115         120         125

Gln Ala Glu Asn Lys Val Leu Val Ile Asp Ile Ala Lys Pro Asn Gly
      130         135         140

```

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

<220>
<223> fhaC

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

cat gct tac caa aac cag ccc cta tca aca aaa gtt gtt ttt caa tta 96
His Ala Tyr Gln Asn Gln Pro Leu Ser Thr Lys Val Val Phe Gln Leu
20 25 30

gtg aaa gat ttg acg gaa gtt tta tac cgt tct ggc tac gtg aca agt 144
Val Lys Asp Leu Thr Glu Val Leu Tyr Arg Ser Gly Tyr Val Thr Ser
35 40 45

gca att ggt tta aaa aat tca aaa atc agc aat ggc gat ctt gaa ttt 192
Ala Ile Gly Leu Lys Asn Ser Lys Ile Ser Asn Gly Asp Leu Glu Phe
50 55 60

att gta ctg tgg gga aga act cgc gat ctg ttt gtg aat ggg gag aaa 240
Ile Val Leu Trp Gly Arg Thr Arg Asp Leu Phe Val Asn Gly Glu Lys
65 70 75 80

cca acc cgt ttt aga gat aaa aca atg tta tca gtc cta ccc aat tta 288
Pro Thr Arg Phe Arg Asp Lys Thr Met Leu Ser Val Leu Pro Asn Leu
85 90 95

atc gga aat cgc tta agt att cac gac att gac cag ttg atc gaa atc 336
Ile Gly Asn Arg Leu Ser Ile His Asp Ile Asp Gln Leu Ile Glu Ile
100 105 110

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

355	360	365	
aat caa ttt tca att ggt gat gaa tat aca gta aga gga ttt aaa ggt Asn Gln Phe Ser Ile Gly Asp Glu Tyr Thr Val Arg Gly Phe Lys Gly 370 375 380			1152
ggt gcg gtt tct ggt gat agt ggt gcg tat tta tca caa aca ctg acg Gly Ala Val Ser Gly Asp Ser Gly Ala Tyr Leu Ser Gln Thr Leu Thr 385 390 395 400			1200
gtt cct ttt tat cca caa aaa gca tat tta tct cag gta tcc cct ttt Val Pro Phe Tyr Pro Gln Lys Ala Tyr Leu Ser Gln Val Ser Pro Phe 405 410 415			1248
att gga ttt gat atg ggt aaa gta cat att aaa tca aag cat aaa aca Ile Gly Phe Asp Met Gly Lys Val His Ile Lys Ser Lys His Lys Thr 420 425 430			1296
acc act tta gtc ggt ttt gcc cta ggc ttg aaa acg caa ata aag tta Thr Thr Leu Val Gly Phe Ala Leu Gly Leu Lys Thr Gln Ile Lys Leu 435 440 445			1344
ttt tca tta tca tta acc tat gca caa cca atg aat ggt gtg agt ggt Phe Ser Leu Ser Leu Thr Tyr Ala Gln Pro Met Asn Gly Val Ser Gly 450 455 460			1392
gtt acg caa cat cgt caa aaa ccg att tat tat ttc tca gga tca ctt Val Thr Gln His Arg Gln Lys Pro Ile Tyr Tyr Phe Ser Gly Ser Leu 465 470 475 480			1440
tct ttt taatctcttt taagttaaag gattaactta atatgaacaa aaatcggtac Ser Phe			1496
aaactcattt ttagtcaagt caaagggtgt ctcgttcctg tggcagaatg tattaactca			1556
gctattagca atgggttcac tgattcaaca tccacatcag aacaagttga agaggaaacct			1616
ttccttctag aacaatattc actttcctcc gtgtctttat tagtaaaaag cacgttcaat			1676
cctgtttcgt atgcaatgca attgacttgg aaacagcttt ctattttatt tttaactgtg			1736
atttctgttc ctgttttggc tgagggaataa ggggatgaaa gaaatcaatt aacagtgatt			1796
gataatagcg atcatattaa attagatgca tctaactctg ctggtaatga taaaacaaaa			1856
atctatcaag cagaaaataa agttctgggt attgatattg ctaaaccaaa tgggaaaggg			1916
atttcagata accgttttga aaaatttaaat attccaaata gcgcgggtgt taataataat			1976
gggactgaag cgcaggcaag atcaacatta attgggttaca ttccgcaaaa tcaaaattta			2036
aggggaggga aagaagctga tggtatatta aatcaagtga caggctctca agaaagtaaa			2096
attgttggcg cgcttgaagt attaggtaaa aaagctgata tcgtcattgc aaacccaaat			2156
ggtattacct taaatgggtg aagaacaata aattcagatc gttttgttgc cactacgagt			2216
gagcttatag atccgaatca gatgatgtta aagggttaca aaggaaatgt gatcattgat			2276
attgatgggt ttccgacaga tggattaaag tatttagata ttattgctaa aaaaattgaa			2336
caaaagcaat caattacatc aggggataat tcagaagcaa aaacagatgt cactcttatt			2396

gcgggttcca gtgaatatga ttttaagcaaa catgagctga aaaaaacgag cgggtgaaaat 2456
 gtatctaata atgttattgc tatcacggga tctagtagag gcgcaatgca tggtaaaaat 2516
 attaagttga ttgtgacaga taaagggtgca ggcgtaaaac atgatggaat tattttgtct 2576
 gaaaatgata ttcagattga aatgaatgaa ggtgacttag aacttggcaa tacgattcag 2636
 caaacagtgg taaaaaaga ccgaaatatt cgagccaaga aaaaaattga agtgaaaaac 2696
 gctaatacgtg tttttgttgg tagtcaaacg aaatcagatg aaatttcggt agaggcgaaa 2756
 caagttaaaa tcagaaaaaa cgcagagatt aggagtacga cacaagccaa aatcgtagca 2816
 aagggtgccc tgtctattga gcaaaatgag aagctcgtcg ctaaaaagat agatgtggca 2876
 acagaaactc taactaatgc tgggcgtatt tatggctcag aggttaagct tgacactaat 2936
 aatttgatta atgataaaga aatttatgct gaacgggaaat tgagtatttt gacgaaagga 2996
 aaagatcttg aaattattca agatagatat ttgtctccac tgatgcgcgt aaaaagtagt 3056
 gtccgctttt taggctctcc gtttttctca atatctccgt cgatgctcgc aagccttagt 3116
 gcacagttaa agcctgggtt tgtgaataag ggactcattg aaagtgcggg gagtgcagaa 3176
 ttaactttta aagaaaaaac cagtttttta acagagggca ataattttat tagagctaaa 3236
 gatgcgttaa c 3247

<210> 20

<211> 482

<212> PRT

<213> *Pasteurella multocida*

<400> 20

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Ser Phe

<210> 21
 <211> 1170
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (639) .. (1022)

<220>
 <223> greA

<400> 21
 gtcaacaaac ggcaaccact tcggcaaaaa gcgattgcgc ttgtgttctg ctctaagctc 60
 aagcgttggg atcgcgcgaa ttgcgttgac cactggtgag atcggggtca cctgtaaaac 120
 gtacgataag atcgccatgc atttcattgt tttttatattt tccattgggt aatagactgg 180
 tttcaaattg aaattgggtca cttagtacga gtttggcggg taaggcgggt agcacttttt 240
 gtgtactggc gggtaacata aaggtactgg cttggtgcgc tacaattttt tcattacgat 300
 ttaagttttt agccacaaaa cctaggctgg tcccttcggg taaatgagcg ttgatttcag 360
 caagatcaat ctacgcataa ctgaaatgac tgacgagtaa actacatata agtatcggtc 420
 gtttgaaaag gcgtaaaagc gtggcagtaa aaaaaagaaga tattttatac ataattggct 480
 cgagcagttg ctattttttt attgtcgaac aataatagta tttgaacct cgagagtaaa 540
 tccctttctc gttaaactact tattttttta ttcaactacg gcattgtttt tacaatgttg 600

tggttttggt tttatctaaa aaggaagaaa aaacgatt atg aaa cag att cca atg 656
 Met Lys Gln Ile Pro Met
 1 5

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

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

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

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

```

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

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

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

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

gcccaagatc ttggcgtcaa acaaacgtta attgacactt ccgtcattaa agcgattacg 1102

caaaatgcct taatggacga acaggcaaga attgagcaac atggcagttac accgaatact 1162

ttcgttga 1170

```

```

<210> 22
<211> 128
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida

```

```

<400> 22
Met Lys Gln Ile Pro Met Thr Ile Arg Gly Ala Glu Gln Leu Arg Gln
 1              5              10              15

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

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

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

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

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

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

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

```

```

<210> 23
<211> 4666
<212> DNA
<213> Pasteurella multocida

```

```

<220>
<221> CDS
<222> (980)..(2440)

```

<220>

<223> guaB

<400> 23

```

aacacatgaa cctcttcccc aaaatacgca tccatatctc gccaatcttg gcgaaatgct 60
tcacaaatc ctgcttggtc aaaatgttgt aaacgtgcaa tcaacttttt acctaattct 120
gcgatcaatt tattccgac aatcggttgt aatacttcaa tcagctctgc ccaagggtga 180
tcaatttgct gtgtttgttt tgggaaagac aaattaatgc caaagccaat cacgagatta 240
tgttgattat tctgacgatt ggcgatttcg accaaaatcc ctgctaattt gcgcccattg 300
aatagcacat cathttggca ttttaatcca atgttcaaag cacctgcttg ctttagcggt 360
tctgcgattg ccataccac tactaaactc aagccttcta aattgacctt ttggtcacat 420
gccccatata aactcataat cacttggtcc gcaaaaaggag aaagccattg acgaccacgt 480
cgtccacgtc ccgcagtttg atattctgct aagcaaatac cgcttttttc caaatgtgca 540
atattgtcaa gcaagaattg attggtcgag ttaataatcg gcttaataata aagtgggtaa 600
ggtgctaacg cttgcgtcaa ataagattca ttttaagcac ttaattgagg tatgagacga 660
aaatgttgga cttgctgttc tatttgtatc ccttggttgt tcaatttttc gatattgtgt 720
aagatatctt gttctgaata acctaaaagt gcagtcattt ctgctaaaga aagttgttga 780
tagctagcga gtaatgcaag tacgttttgc ataaaaatcc ttatttatat aaccaaagag 840
aggcaactta ttatagacaa tgattttctc gaaaaatgat aaaaaaatcc attttcaaac 900
agcaacgaaa tctgtataat gcgaccgcaa tattttttac ccttttatatt tccatatcaa 960
cctaagagag aatattgca atg tta cga gta ata aaa gaa gca tta acc ttc 1012
          Met Leu Arg Val Ile Lys Glu Ala Leu Thr Phe
              1              5              10

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

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

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

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

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

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

```

95						100						105						
gaa Glu	tta Leu	agt Ser 110	gaa Glu	tta Leu	gtg Val	aag Lys	aaa Lys 115	aat Asn	ggg Gly	ttt Phe	gcg Ala	agt Ser 120	ttc Phe	cct Pro	gtt Val	1348		
gtt Val	gat Asp 125	gat Asp	gaa Glu	aaa Lys	aat Asn 130	ctt Leu	gtc Val	ggg Gly	atc Ile	att Ile	act Thr 135	ggg Gly	cgt Arg	gat Asp	aca Thr	1396		
gcg Arg 140	ttt Phe	gtc Val	acg Thr	gat Asp 145	tta Leu	aat Asn	aaa Lys	aca Thr	gtg Val	gcg Ala 150	gac Asp	ttt Phe	atg Met	acc Thr	cct Pro 155	1444		
aaa Lys	gct Ala	cgt Arg	ctt Leu 160	gtc Val	acg Thr	gtg Val	aaa Lys	gcg Arg 165	aat Asn	gca Ala	agt Ser	gcg Arg	gat Asp	gaa Glu 170	att Ile	1492		
ttt Phe	ggg Gly	cta Leu 175	atg Met	cat His	aca Thr	cac His	cgt Arg 180	gta Val	gaa Glu	aaa Lys	gtc Val	ctt Leu 185	gtt Val	gtc Val	agc Ser	1540		
gac Asp	gat Asp 190	ttc Phe	aaa Lys	tta Leu	aaa Lys	ggc Gly 195	atg Met	atc Ile	acc Thr	tta Leu	aaa Lys 200	gac Asp	tac Tyr	caa Gln	aaa Lys	1588		
tcc Ser 205	gag Glu	caa Gln	aaa Lys	cca Pro	caa Gln 210	gcc Ala	tgt Cys	aaa Lys	gat Asp	gaa Glu	ttt Phe 215	ggg Gly	cgt Arg	tta Leu	cgt Arg	1636		
gtc Val 220	ggg Gly	gct Ala	gca Ala	gta Val 225	gga Gly	gca Ala	gga Gly	cct Pro	ggg Gly	aat Asn 230	gaa Glu	gaa Glu	cgt Arg	att Ile	gat Asp 235	1684		
gca Ala	tta Leu	gtg Val	aaa Lys 240	gca Ala	ggg Gly	gtc Val	gat Asp	gtg Val 245	tta Leu	ttg Leu	att Ile	gac Asp	tca Ser 250	tca Ser	cac His	1732		
ggg Gly	cat His	tca Ser 255	gaa Glu	ggg Gly	gtg Val	tta Leu	caa Gln 260	cgt Arg	gtg Val	cgt Arg	gaa Glu	act Thr 265	cgt Arg	gcg Ala	aaa Lys	1780		
tac Tyr	cca Pro 270	gat Leu	ttg Leu	cca Pro	att Ile	gtt Val	gca Ala 275	ggg Gly	aat Asn	gtg Val	gca Ala	acc Thr 280	gct Ala	gaa Glu	ggc Gly	1828		
gca Ala	att Ile 285	gcg Ala	ttg Leu	gct Ala	gat Asp 290	gca Ala	ggg Gly	gca Ala	agt Ser	gca Ala	gtg Val 295	aaa Lys	gtg Val	ggg Gly	att Ile	1876		
ggg Gly 300	cct Pro	ggg Gly	tca Ser	att Ile	tgt Cys 305	aca Thr	aca Thr	cgt Arg	att Ile	gtc Val 310	aca Thr	ggc Gly	gtg Val	ggc Gly	gtt Val 315	1924		
cca Pro	caa Gln	att Ile	aca Thr 320	gcg Ala	att Ile	gcc Ala	gat Asp	gcg Ala	gca Ala 325	gaa Glu	gca Ala	cta Leu	aaa Lys	gat Asp 330	cgg Arg	1972		
ggg Gly	att Ile	cct Pro 335	gtg Val	att Ile	gca Ala 340	gat Asp	ggc Gly	ggg Gly 340	atc Ile	cgt Arg	ttc Phe	tct Ser 345	ggg Gly	gat Asp	att Ile	2020		

tgc aaa gcc att gcg gcg ggc gcc tct tgt gtt atg gtg ggt tcc atg Ser Lys Ala Ile Ala Ala Gly Ala Ser Cys Val Met Val Gly Ser Met 350 355 360	2068
ttt gca ggt aca gaa gaa gca cca ggt gaa atc gaa ctt tat caa ggt Phe Ala Gly Thr Glu Glu Ala Pro Gly Glu Ile Glu Leu Tyr Gln Gly 365 370 375	2116
cgt gcc ttt aaa tct tat cga ggt atg gga tgc tta ggt gcg atg agc Arg Ala Phe Lys Ser Tyr Arg Gly Met Gly Ser Leu Gly Ala Met Ser 380 385 390 395	2164
aaa ggc tca agc gac cgc tat ttc cag tcc gat aat gca gct gac aaa Lys Gly Ser Ser Asp Arg Tyr Phe Gln Ser Asp Asn Ala Ala Asp Lys 400 405 410	2212
tta gta cca gaa ggt att gaa gga cgt att cca tat aaa gga ttc tta Leu Val Pro Glu Gly Ile Glu Gly Arg Ile Pro Tyr Lys Gly Phe Leu 415 420 425	2260
aaa gaa att atc cat caa caa atg ggt gga ttg cgt tct tgt atg ggc Lys Glu Ile Ile His Gln Gln Met Gly Gly Leu Arg Ser Cys Met Gly 430 435 440	2308
tta acg ggt tgt gca acc att gat gaa ctc cgt acc aaa gcg cag ttt Leu Thr Gly Cys Ala Thr Ile Asp Glu Leu Arg Thr Lys Ala Gln Phe 445 450 455	2356
gtg cgc att agt ggt gca ggg atc caa gaa agc cat gtg cat gat gtg Val Arg Ile Ser Gly Ala Gly Ile Gln Glu Ser His Val His Asp Val 460 465 470 475	2404
act atc aca aaa gaa gcc cct aat tat cgt atg ggt taaacattgc Thr Ile Thr Lys Glu Ala Pro Asn Tyr Arg Met Gly 480 485	2450
ttaggtgggg attatcccca cctaagttaa ttttaaataa caacgttaat agagaagctt	2510
atttttatgt atggcattaa aattaaaaat gttattaaac tttttctatt aaagttttta	2570
agaaataaat atcgatataa aatcaatatt caacatcatc tcattagtat tgaaggaaaa	2630
tgcggtgagt ttgatttaag ccagctaaac tatgtttatt tggtgaaaga tcctgagata	2690
agaaataatc gactgacact gtacttgaat gattttttca aaattggggg aaattatcat	2750
ggatttactc aaatgtatca gacactatca tccaagtatg gttttgatga cgcaacgttt	2810
tttgaatatc tttgtaagaa agggcctttt tctattcaaa tttggcgtaa aaaacaaact	2870
caaaattatg tgattcttga tgaagcctat actgactata cacaaggttt tgaaattcaa	2930
tctcctgaaa aaatatttat tccttggggg actacttatg aagccttatt tcagcagaca	2990
caatttaaag aaaaaggaat ctcttatgac tttatcttcc ctattcggat agggcggtta	3050
ttactcaagg atgtgtggat cacaccaagt gtccgaaaag atgtaccgat tttagcgtaa	3110
tacactgagt gctatcatga atccgcgaca gaaaaaagtt atcaggaatt aaccgcgcga	3170
ttacgtgaga accaacagtt aatcagatca tgtgttgaag aacgagccga tccgaaatta	3230

tataagtctg ttttacgcct taacgcgaca gaatttgaat tgcgttatta tcgacatata 3290
 cgagacgatt ttgatagggg atacactaaa ttcagcatta gagatacgac agactatttta 3350
 gattatgtga tcaacgagcc ttatgaaaat caattagtga taacggatta tttagtgtt 3410
 gaggcgcaaa atttaataaa aatggattat accgataatt ccattattaa acgccgacca 3470
 ccaaaaataa aagaaaagtt tcgtgatgca caaagcctga tttggacaga tgatctcaat 3530
 cataaaatcg gttttaccag tgatgaccgc gctatcgtct ttgataaagc ggacattgaa 3590
 tcctttactc tggcaaatat agagacaacc cgaagacata atcgcagttc actcagcatc 3650
 tgttttgtgg ataaaaataa ggaagccatc actgtatttc tagctgaaca tcattttctg 3710
 ataccctatg tggataaaat aaaaacactg acacaaaaag aggtgttgtt tcttgaagaa 3770
 tatatagagg atgtttaaaa aaccgataac atcttgatgt catcgcaaat tcaaactcct 3830
 tttacacaat atattttaaac tttaaccga tttaatattt acgtaaaaaac aactaagaga 3890
 acttaaatga acaacattca caaccataaa attttaattt tggacttcgg ttcacaatat 3950
 acccagttga ttgccgcgcg tgtacgtgaa attggcgtgt actgcgaact ttgggcatgg 4010
 gatgtatccg aagccgatat tcgtgagttt aatccaactg ggattattct ttctggtggt 4070
 cctgaaagta ccactgaaga aaacagccca cgagctcccg aatacgtatt caacgccggt 4130
 gtacccgat tagggatctg ttatggtatg caaaccatgg cgatgcaact aggtgggttta 4190
 actgaaactt ctactcaccg agaatttggt tatgcatcag tgaatctaaa agccgcggac 4250
 gcgttatttg ctcaattaaa tgatgatgtc gcaagttcac agcccaaatt agacgttttg 4310
 atgagccatg gcgataaagt gacgcgtttg ccagatcatt tccaagtcac cgcaatgacc 4370
 tcaacctgtc caatcgagc tatgtcggat gaacgtcgtc gtttttatgg tgtccaattc 4430
 caccagaag tgactcatat aaaaagcggg cttgaattat taacgaattt tgtggtgaag 4490
 atctgtggtt gtgaacgtaa ctggacacca gaaaatatca ttgaagatgc cgttgctcgt 4550
 cttaaagcac aagtgggcga tgatgaagtg attttaggct tatctggtgg cgtaaactgc 4610
 cgtataggca gcttagaaaa agtgtccgcg ctcacgttaa tccccgtaag cgttga 4666

<210> 24

<211> 487

<212> PRT

<213> *Pasteurella multocida*

<400> 24

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

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

Gln Leu Thr Lys Thr Ile Arg Leu Asn Ile Pro Met Leu Ser Ala Ala

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

Glu Ala Pro Gly Glu Ile Glu Leu Tyr Gln Gly Arg Ala Phe Lys Ser
 370 375 380
 Tyr Arg Gly Met Gly Ser Leu Gly Ala Met Ser Lys Gly Ser Ser Asp
 385 390 395 400
 Arg Tyr Phe Gln Ser Asp Asn Ala Ala Asp Lys Leu Val Pro Glu Gly
 405 410 415
 Ile Glu Gly Arg Ile Pro Tyr Lys Gly Phe Leu Lys Glu Ile Ile His
 420 425 430
 Gln Gln Met Gly Gly Leu Arg Ser Cys Met Gly Leu Thr Gly Cys Ala
 435 440 445
 Thr Ile Asp Glu Leu Arg Thr Lys Ala Gln Phe Val Arg Ile Ser Gly
 450 455 460
 Ala Gly Ile Gln Glu Ser His Val His Asp Val Thr Ile Thr Lys Glu
 465 470 475 480
 Ala Pro Asn Tyr Arg Met Gly
 485

<210> 25
 <211> 2364
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (191)..(1828)

<220>
 <223> H11501

<400> 25
 gtcaacactc atcgcacagc tgaggcattt cccgaaagct gatcatgatg atggacctga 60
 tgcgctagag atgctgtgga aaaatgcggt aagcagctct gccccgattg agttcatgac 120
 aattgacggc gatttagggc gtgatgaatt tgatgacggc gatttataca gtatttggcg 180
 gagataaaaa atg gcg aag aaa aag aaa aaa tta caa caa gcg aaa aaa 229
 Met Ala Lys Lys Lys Lys Lys Leu Gln Gln Ala Lys Lys
 1 5 10
 gta caa gtt ggc tta gat aca caa aca aat gag gcg cgt gtc acg gag 277
 Val Gln Val Gly Leu Asp Thr Gln Thr Asn Glu Ala Arg Val Thr Glu
 15 20 25
 aca gga aga att att tct gat cac cca agc aat aaa att acc ccc gca 325
 Thr Gly Arg Ile Ile Ser Asp His Pro Ser Asn Lys Ile Thr Pro Ala
 30 35 40 45
 aag tta aaa ggg att tta gaa gat gct gaa ggt ggt gat att acc gcg 373
 Lys Leu Lys Gly Ile Leu Glu Asp Ala Glu Gly Gly Asp Ile Thr Ala
 50 55 60
 caa cat gag ctt ttc atg gat att gaa gaa cgc gac agt tgc atc ggg 421
 Gln His Glu Leu Phe Met Asp Ile Glu Glu Arg Asp Ser Cys Ile Gly

65	70	75	
gca aat att caa acc cgt aag cgt gcg att tta acc ctt gac tgg cgc Ala Asn Ile Gln Thr Arg Lys Arg Ala Ile Leu Thr Leu Asp Trp Arg 80 85 90			469
att gca gag cca cgt aat gcc aca ccg caa gaa gaa aaa ctg caa gtc Ile Ala Glu Pro Arg Asn Ala Thr Pro Gln Glu Glu Lys Leu Gln Val 95 100 105			517
gaa att gac gag ctt ttc tat caa ttc cca atg cta gaa gat tta atg Glu Ile Asp Glu Leu Phe Tyr Gln Phe Pro Met Leu Glu Asp Leu Met 110 115 120 125			565
gtg gat atg atg gat gcg gta gga cat ggt ttt tcg gcg tta gaa att Val Asp Met Met Ala Val Gly His Gly Phe Ser Ala Leu Glu Ile 130 135 140			613
gaa tgg aag caa gct gaa agt aaa tgg att cca gtt aat ttt atc gca Glu Trp Lys Gln Ala Glu Ser Lys Trp Ile Pro Val Asn Phe Ile Ala 145 150 155			661
cgt ccg cag tcg tgg ttt aaa cta gac aag gat gat aat tta ctg ctt Arg Pro Gln Ser Trp Phe Lys Leu Asp Lys Asp Asp Asn Leu Leu Leu 160 165 170			709
aaa acg cca gat aat caa gac ggt gag ccg ttg aga caa tat ggc tgg Lys Thr Pro Asp Asn Gln Asp Gly Glu Pro Leu Arg Gln Tyr Gly Trp 175 180 185			757
gta gtg cat acc cac aaa tca aga aca gta cag ctt gct cgt atg ggt Val Val His Thr His Lys Ser Arg Thr Val Gln Leu Ala Arg Met Gly 190 195 200 205			805
tta ttt aga acg ctc gca tgg ctt tat atg ttt aaa cac tac tcg gtg Leu Phe Arg Thr Leu Ala Trp Leu Tyr Met Phe Lys His Tyr Ser Val 210 215 220			853
cat gat ttt gcc gaa ttt cta gag ctt tat ggt atg ccg att cgt att His Asp Phe Glu Phe Leu Glu Tyr Gly Met Pro Ile Arg Ile 225 230 235			901
ggt aaa tac cca ttt ggg gca acg aat gac gaa aag cgc aca tta ttg Gly Lys Tyr Pro Phe Gly Ala Thr Asn Asp Glu Lys Arg Thr Leu Leu 240 245 250			949
cgt gca ctt gct caa atc gga cat aac gca gca ggg att atg cca gaa Arg Ala Leu Ala Gln Ile Gly His Asn Ala Ala Gly Ile Met Pro Glu 255 260 265			997
gga atg aat gtt gag ttg cat aat gtg aca aac act act ggc tcg gct Gly Met Asn Val Glu Leu His Asn Val Thr Asn Thr Thr Gly Ser Ala 270 275 280 285			1045
gga agc aac ccg ttt ttg caa atg gtg gac tgg tgt gaa aag tcc gcc Gly Ser Asn Pro Phe Leu Gln Met Val Asp Trp Cys Glu Lys Ser Ala 290 295 300			1093
gca cgt ttg att cta ggg caa aca tta aca agc ggt gca gat ggt aaa Ala Arg Leu Ile Leu Gly Gln Thr Leu Thr Ser Gly Ala Asp Gly Lys 305 310 315			1141

act tca act aat gcc ctt gga caa gtg cat aat gaa gtc aga cgt gac	1189
Thr Ser Thr Asn Ala Leu Gly Gln Val His Asn Glu Val Arg Arg Asp	
320 325 330	
ttg ctt gtg tct gat gct aaa cag att gca caa act att aca caa cag	1237
Leu Leu Val Ser Asp Ala Lys Gln Ile Ala Gln Thr Ile Thr Gln Gln	
335 340 345	
att att ctg cca tat ctt caa att aac att gat ccg aat att ttg cct	1285
Ile Ile Leu Pro Tyr Leu Gln Ile Asn Ile Asp Pro Asn Ile Leu Pro	
350 355 360 365	
tct cgt gtg ccg tat ttc gag ttt gac acg aaa gaa tat gct gat tta	1333
Ser Arg Val Pro Tyr Phe Glu Phe Asp Thr Lys Glu Tyr Ala Asp Leu	
370 375 380	
agt gtc cta gcg gat gct att cct aag ctt gtg agc gta gga gtg cgc	1381
Ser Val Leu Ala Asp Ala Ile Pro Lys Leu Val Ser Val Gly Val Arg	
385 390 395	
att cct gaa aat tgg gtg cgt gat aaa gcg ggc att cca gaa ccg cag	1429
Ile Pro Glu Asn Trp Val Arg Asp Lys Ala Gly Ile Pro Glu Pro Gln	
400 405 410	
gaa aat gaa acg att tta agt gcg gtt caa cat gat ttt aaa aca gat	1477
Glu Asn Glu Thr Ile Leu Ser Ala Val Gln His Asp Phe Lys Thr Asp	
415 420 425	
tta aac gat gtt gaa aat ccg aaa aaa cag acc gca ctt tct gta caa	1525
Leu Asn Asp Val Glu Asn Pro Lys Lys Gln Thr Ala Leu Ser Val Gln	
430 435 440 445	
aat cac gtg aca ggt tgt cag tgt gat ggc tgt cgt ggt gtt gca tta	1573
Asn His Val Thr Gly Cys Gln Cys Asp Gly Cys Arg Gly Val Ala Leu	
450 455 460	
tct gcg aat aat aac agt tct act gcg cag ggc gtg cta gat ggt gga	1621
Ser Ala Asn Asn Asn Ser Ser Thr Ala Gln Gly Val Leu Asp Gly Gly	
465 470 475	
ctt gcg caa gca ttt aat gag cct gat ttt aat aaa caa tta aat cca	1669
Leu Ala Gln Ala Phe Asn Glu Pro Asp Phe Asn Lys Gln Leu Asn Pro	
480 485 490	
atg gta aag aaa gct gtt gcg gta ctc atg gca tgt gac tct tac gat	1717
Met Val Lys Lys Ala Val Ala Val Leu Met Ala Cys Asp Ser Tyr Asp	
495 500 505	
gag gcg gca gaa aaa ctc gct gaa gca tac cca gaa att tca agt cac	1765
Glu Ala Ala Glu Lys Leu Ala Glu Ala Tyr Pro Glu Ile Ser Ser His	
510 515 520 525	
gaa cac gaa cag tat ctc tca aat gcg ctg ttt tta gct gat tta ctt	1813
Glu His Glu Gln Tyr Leu Ser Asn Ala Leu Phe Leu Ala Asp Leu Leu	
530 535 540	
gga gga act aat gtc taaaccgctt agttttctat tcggacttga accaacgcaa	1868
Gly Gly Thr Asn Val	
545	
gccattgagt ttttacataa taataaatta cttgcaacga aagtgtttta aaaatcactg	1928

catgatatgtg ccatcgcaag agctacaaca atcgcgagat tatctagtct tgagatgacg 1988
aatgatattt ataaatcaat ggaagttgcc aaaaaagagg gtaagagctt tacacaatgg 2048
aaaaaagact tggtaagtga gtttgagaaa aaaggctggg tattcgggca tgataaatct 2108
atcagtcgcg gtatcgacgg aaaactgttg gctgatccga aaacaggcga atattttggt 2168
acaccgcgtc ggctgaatac aatttatcgt acaaactgtc aagccgcata ttctgcggcg 2228
cgctatcagc gcatgatgga taatattgat catcgccctt attggcaata ttccgctgtc 2288
agcgatgagc gtacacgacc ctctcatctt gcactaaacg gtcgaattta tgcgtatgat 2348
gacccgtttt ggtcga 2364

<210> 26

<211> 546

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 26

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

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

Asn Val
545

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

<220>
<223> hmbR

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

```

<400> 27
g tca acg aaa gtc ggt tac gat att aat aac act cat cgt ttt aca ctg 49
  Ser Thr Lys Val Gly Tyr Asp Ile Asn Asn Thr His Arg Phe Thr Leu
    1           5           10          15

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

gac gac att aag att ggc gaa ttg cta cat ctc gga ttg ggc ggt cgg 577

```

Asp	Asp	Ile	Lys	Ile	Gly	Glu	Leu	Leu	His	Leu	Gly	Leu	Gly	Gly	Arg	
			180					185					190			
tgg	gat	cac	tat	aac	tat	aag	cca	tta	tta	aat	tct	cag	cat	aat	atc	625
Trp	Asp	His	Tyr	Asn	Tyr	Lys	Pro	Leu	Leu	Asn	Ser	Gln	His	Asn	Ile	
		195					200					205				
aac	agg	aca	cag	aga	tta	cct	tat	cca	aaa	aca	tca	tcc	aaa	ttt	tcg	673
Asn	Arg	Thr	Gln	Arg	Leu	Pro	Tyr	Pro	Lys	Thr	Ser	Ser	Lys	Phe	Ser	
		210				215					220					
tat	caa	ttg	agt	tta	gag	tat	caa	tta	cat	cca	tca	cat	caa	att	gca	721
Tyr	Gln	Leu	Ser	Leu	Glu	Tyr	Gln	Leu	His	Pro	Ser	His	Gln	Ile	Ala	
		225			230					235					240	
tac	cgt	tta	agt	acc	ggg	ttt	agg	gtt	ccc	cgt	gtt	gaa	gat	ctt	tat	769
Tyr	Arg	Leu	Ser	Thr	Gly	Phe	Arg	Val	Pro	Arg	Val	Glu	Asp	Leu	Tyr	
				245					250					255		
ttt	gaa	gac	cga	gga	aaa	agt	tct	tca	caa	ttt	ctt	cct	aac	ccc	gat	817
Phe	Glu	Asp	Arg	Gly	Lys	Ser	Ser	Ser	Gln	Phe	Leu	Pro	Asn	Pro	Asp	
			260					265					270			
cta	caa	ccg	gaa	act	gca	ctg	aat	cat	gaa	ata	agt	tac	cgt	ttc	caa	865
Leu	Gln	Pro	Glu	Thr	Ala	Leu	Asn	His	Glu	Ile	Ser	Tyr	Arg	Phe	Gln	
		275					280						285			
aat	caa	tat	gcc	cat	ttc	agc	gtc	ggg	ctt	ttc	cgt	aca	cgt	tat	cat	913
Asn	Gln	Tyr	Ala	His	Phe	Ser	Val	Gly	Leu	Phe	Arg	Thr	Arg	Tyr	His	
		290				295					300					
aac	ttt	att	caa	gaa	cgt	gag	atg	acc	tgt	gat	aaa	att	cca	tat	gag	961
Asn	Phe	Ile	Gln	Glu	Arg	Glu	Met	Thr	Cys	Asp	Lys	Ile	Pro	Tyr	Glu	
					310					315					320	
tat	aat	agg	act	tat	gga	tat	tgc	acg	cat	aat	act	tat	gta	atg	ttt	1009
Tyr	Asn	Arg	Thr	Tyr	Gly	Tyr	Cys	Thr	His	Asn	Thr	Tyr	Val	Met	Phe	
				325					330					335		
gtt	aat	gaa	cct	gaa	gcc	gtg	att	aaa	ggg	gtt	gaa	gta	agc	ggg	gct	1057
Val	Asn	Glu	Pro	Glu	Ala	Val	Ile	Lys	Gly	Val	Glu	Val	Ser	Gly	Ala	
			340					345					350			
tta	aat	ggg	tcg	gca	ttc	gga	ctt	tcc	gac	ggg	tta	act	ttc	cgt	ctc	1105
Leu	Asn	Gly	Ser	Ala	Phe	Gly	Leu	Ser	Asp	Gly	Leu	Thr	Phe	Arg	Leu	
		355					360					365				
aaa	ggg	agc	tac	agc	aaa	ggg	caa	aat	cat	gac	ggc	gat	ccg	tta	aaa	1153
Lys	Gly	Ser	Tyr	Ser	Lys	Gly	Gln	Asn	His	Asp	Gly	Asp	Pro	Leu	Lys	
		370				375					380					
tct	att	caa	cca	tgg	aca	gtg	gta	acc	ggg	att	gat	tac	gaa	act	gaa	1201
Ser	Ile	Gln	Pro	Trp	Thr	Val	Val	Thr	Gly	Ile	Asp	Tyr	Glu	Thr	Glu	
					390				395						400	
ggg	tgg	agc	gtg	agt	ttg	agc	ggg	cgt	tat	agt	gcg	gct	aaa	aaa	gcc	1249
Gly	Trp	Ser	Val	Ser	Leu	Ser	Gly	Arg	Tyr	Ser	Ala	Ala	Lys	Lys	Ala	
				405				410						415		
aaa	gat	gcg	ata	gaa	acg	gaa	tac	aca	cat	gat	aaa	aag	gtt	gtc	aaa	1297
Lys	Asp	Ala	Ile	Glu	Thr	Glu	Tyr	Thr	His	Asp	Lys	Lys	Val	Val	Lys	
			420					425					430			

caa tgg ccg cat tta agt cca tcc tac ttt gtt gtt gat ttt acg ggg 1345
 Gln Trp Pro His Leu Ser Pro Ser Tyr Phe Val Val Asp Phe Thr Gly
 435 440 445

caa gtt ga 1353
 Gln Val
 450

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

<400> 28
 Ser Thr Lys Val Gly Tyr Asp Ile Asn Asn Thr His Arg Phe Thr Leu
 1 5 10 15
 Phe Leu Glu Asp Arg Arg Glu Lys Lys Leu Thr Glu Glu Lys Thr Leu
 20 25 30
 Gly Leu Ser Asp Ala Val Arg Phe Ala Asn Asp Gln Thr Pro Tyr Leu
 35 40 45
 Arg Tyr Gly Ile Glu Tyr Arg Tyr Asn Gly Leu Ser Trp Leu Glu Thr
 50 55 60
 Val Lys Leu Phe Leu Ala Lys Gln Lys Ile Glu Gln Arg Ser Ala Leu
 65 70 75 80
 Gln Glu Phe Asp Ile Asn Asn Arg Asn Lys Leu Asp Ser Thr Met Ser
 85 90 95
 Phe Val Tyr Leu Gln Arg Gln Asn Ile Ala Arg Gly Glu Phe Ser Thr
 100 105 110
 Ser Pro Leu Tyr Trp Gly Pro Ser Arg His Arg Leu Xaa Ala Lys Phe
 115 120 125
 Glu Phe Arg Asp Xaa Phe Leu Glu Asn Met Asn Lys Xaa Phe Thr Phe
 130 135 140
 Arg Pro Trp Gln Ile Asn Xaa Phe Arg Gln Gln Gly Arg Asn Asn Tyr
 145 150 155 160
 Thr Glu Val Phe Pro Val Lys Ser Arg Glu Phe Ser Phe Ser Leu Met
 165 170 175
 Asp Asp Ile Lys Ile Gly Glu Leu Leu His Leu Gly Leu Gly Gly Arg
 180 185 190
 Trp Asp His Tyr Asn Tyr Lys Pro Leu Leu Asn Ser Gln His Asn Ile
 195 200 205
 Asn Arg Thr Gln Arg Leu Pro Tyr Pro Lys Thr Ser Ser Lys Phe Ser
 210 215 220
 Tyr Gln Leu Ser Leu Glu Tyr Gln Leu His Pro Ser His Gln Ile Ala
 225 230 235 240
 Tyr Arg Leu Ser Thr Gly Phe Arg Val Pro Arg Val Glu Asp Leu Tyr
 245 250 255


```
<210> 29
<211> 4936
<212> DNA
<213> Pasteurella multocida
```

<220>
<223> hXuC

```
<400> 29
gtcaacaaca aagcgcacag gcattacttc atgccacaca catcatacag aaagtacgta 60
ccgatttaac gcaaattaat gccgtcaaca ttcattcttt cctatcataa agcggttcat 120
catggctagc attctagcaa aaattagttg agggaaatag cgggtcttgt ttgcttaaaa 180
aacaacccac ccgtagggc acggctgttt ctttttgaga aattacgctt cttcatcttg 240
atcttttttc aagatctcat ctccattgag ttttaaaaga cgggcaatcg cattgcggta 300
```

```

ggagatttca aggcctttctc gactagtagc aatgacacct tgatcgatta agaaaccgtc 360
attgacatca taaacccaac catgtaatga gagttttttc ccattttttc acgcggattt 420
aatgattgac gagcgaccta agttataaac ttgctctgcg acgttaattt tcgtcagcat 480
atcagcccggt ttttcaggcg gtaaattgcc aagtaaatga ctatgcttat accaaatatc 540
gcgtaagtgg agtaaccagt tattaattaa acctaaatct tgatccgccca ttgcggcttt 600
aattccacca cagtttgtat gtccacaaat aataatgtgt tcaatattta agacctcaac 660
ggcatattgc acaacagata aacagtttaa atcggtgtga atgacttgat ttgcaacatt 720
acgatgcaca aacagctcac ccggtcctaa atttgttaat ttttctgcag gaacacggct 780
atccgagcaa ccaatccaaa gatagctcgg ggtttgatga tcagccaatt ctttaaagta 840
agaggagttt tcctctttca tccgtaacgc ccagctataa ttattggcaa aaagttgttc 900
aatttttttc attagagtga ttctataacc gcaaaaaataa gggggctagt atagcttaga 960
aatagacagt gggtaaagaa aggcaaaaaa ttgtatagga taacttgttt tttattgcc 1020
tttatttaga attagaatct ttaataataa aaataattat cattaagggt aatagtt 1077

atg gat aaa aat tta atg aag gga tgt gta ttc tta tca ata gtc ggt 1125
Met Asp Lys Asn Leu Met Lys Gly Cys Val Phe Leu Ser Ile Val Gly
1 5 10 15

tgc ggt atc caa ata ggg cta gca tca aat cca aat cct cca gat gtg 1173
Cys Gly Ile Gln Ile Gly Leu Ala Ser Asn Pro Asn Pro Pro Asp Val
20 25 30

gat gag tta tta cct att att gtg aat gct gat gaa gat aat aaa tta 1221
Asp Glu Leu Leu Pro Ile Ile Val Asn Ala Asp Glu Asp Asn Lys Leu
35 40 45

cca ggt cgt tct gta tta aaa cag aaa aat atc gat caa caa caa gca 1269
Pro Gly Arg Ser Val Leu Lys Gln Lys Asn Ile Asp Gln Gln Gln Ala
50 55 60

gat aat gcc gct gac tta ata aat att tta cct ggg gta aat atg gcg 1317
Asp Asn Ala Ala Asp Leu Ile Asn Ile Leu Pro Gly Val Asn Met Ala
65 70 75 80

gga gga ttt cgc cct ggt ggt caa aca tta aat att aat gga atg ggt 1365
Gly Gly Phe Arg Pro Gly Gly Gln Thr Leu Asn Ile Asn Gly Met Gly
85 90 95

gat gct gaa gat gtt aga gtt caa cta gac ggc gca aca aaa agt ttc 1413
Asp Ala Glu Asp Val Arg Val Gln Leu Asp Gly Ala Thr Lys Ser Phe
100 105 110

gaa aaa tat caa caa ggc tct att ttt att gaa cct gag tta tta aga 1461
Glu Lys Tyr Gln Gln Gly Ser Ile Phe Ile Glu Pro Glu Leu Leu Arg
115 120 125

aag gtg aca gta gac aaa gga aat tat tct cct caa tat ggc aat ggt 1509
Lys Val Thr Val Asp Lys Gly Asn Tyr Ser Pro Gln Tyr Gly Asn Gly
130 135 140

```

ggc ttt gct ggt act gta aaa ttt gaa aca aaa gat gca act gat ttt Gly Phe Ala Gly Thr Val Lys Phe Glu Thr Lys Asp Ala Thr Asp Phe 145 150 155 160	1557
ttg aaa gaa aat cag aaa ata ggt gga tta ttt aaa tat gga aat aat Leu Lys Glu Asn Gln Lys Ile Gly Gly Leu Phe Lys Tyr Gly Asn Asn 165 170 175	1605
agc aat aat aac caa aaa act tat agt aca gcc cta gtt tta cag aat Ser Asn Asn Asn Gln Lys Thr Tyr Ser Thr Ala Leu Val Leu Gln Asn 180 185 190	1653
gaa caa aaa aat att gat ttg tta tta ttt ggt tct gta aga aat gca Glu Gln Lys Asn Ile Asp Leu Leu Leu Phe Gly Ser Val Arg Asn Ala 195 200 205	1701
agc aat tat aca aga cct gat aaa agt aaa att ctt ttt tca aaa aac Ser Asn Tyr Thr Arg Pro Asp Lys Ser Lys Ile Leu Phe Ser Lys Asn 210 215 220	1749
aat caa aaa agt gga tta ata aaa gta aat tgg caa att act cct gaa Asn Gln Lys Ser Gly Leu Ile Lys Val Asn Trp Gln Ile Thr Pro Glu 225 230 235 240	1797
cat tta tta act tta tcc agt gtt tat ggc att cat aaa ggg tgg gaa His Leu Leu Thr Leu Ser Ser Val Tyr Gly Ile His Lys Gly Trp Glu 245 250 255	1845
cct tgg gca gca aaa aga gat gtg atg tcg aga cca aca gaa aca gaa Pro Trp Ala Ala Lys Arg Asp Val Met Ser Arg Pro Thr Glu Thr Glu 260 265 270	1893
ata aaa cac tat ggg att gat gtt gcg tgg aaa cgt aaa ctt gtt tat Ile Lys His Tyr Gly Ile Asp Val Ala Trp Lys Arg Lys Leu Val Tyr 275 280 285	1941
cga gat caa aaa gat gaa agt tat tca ttg aaa tat cgc tat tta cct Arg Asp Gln Lys Asp Glu Ser Tyr Ser Leu Lys Tyr Arg Tyr Leu Pro 290 295 300	1989
gaa aat aat aag tgg att aat ttg tct gtt cag ctg agt tat agt aaa Glu Asn Asn Lys Trp Ile Asn Leu Ser Val Gln Leu Ser Tyr Ser Lys 305 310 315 320	2037
aca gag cag aat gat act cgc cat gag aaa gtc act tct tca ttc cta Thr Glu Gln Asn Asp Thr Arg His Glu Lys Val Thr Ser Ser Phe Leu 325 330 335	2085
ggt aca tta gga aat aaa agt tgg ata act tat tca gat ctt act ttt Gly Thr Leu Gly Asn Lys Ser Trp Ile Thr Tyr Ser Asp Leu Thr Phe 340 345 350	2133
gat ata agt aac aca agt act cta aat att ggg cgt gct gag cat gaa Asp Ile Ser Asn Thr Ser Thr Leu Asn Ile Gly Arg Ala Glu His Glu 355 360 365	2181
cta cta ttt ggt tta cag tgg tta aaa aat aaa aga aat acc ctt atg Leu Leu Phe Gly Leu Gln Trp Leu Lys Asn Lys Arg Asn Thr Leu Met 370 375 380	2229
tat cat aaa ggg gga gtc aag aag gca gac tat aat tat ggc tat ttt Tyr His Lys Gly Gly Val Lys Lys Ala Asp Tyr Asn Tyr Gly Tyr Phe	2277

385	390	395	400	
cag cct tat tat atg cct tct gga cgc	cag tat aca caa gca ttt tat	2325		
Gln Pro Tyr Tyr Met Pro Ser Gly Arg	Gln Tyr Thr Gln Ala Phe Tyr			
405	410	415		
tta caa gat caa ata aaa tgg cag aat ttc ctc ttt aca gga ggg ata	2373			
Leu Gln Asp Gln Ile Lys Trp Gln Asn Phe Leu Phe Thr Gly Gly Ile				
420	425	430		
aga tat gac cat atc aat aat ata ggg cag aaa aat tta gcg cca cga	2421			
Arg Tyr Asp His Ile Asn Asn Ile Gly Gln Lys Asn Leu Ala Pro Arg				
435	440	445		
tat aat gat atc tct gca gga cat gat tat agc cag aaa aat tat aat	2469			
Tyr Asn Asp Ile Ser Ala Gly His Asp Tyr Ser Gln Lys Asn Tyr Asn				
450	455	460		
ggg tgg tct tat tat tta ggt ctt aag tat gat gta aat cat tat tta	2517			
Gly Trp Ser Tyr Tyr Leu Gly Leu Lys Tyr Asp Val Asn His Tyr Leu				
465	470	475	480	
agt tta ttt acg aat ttt agt aaa act tgg cga gcc cct gtt att gat	2565			
Ser Leu Phe Thr Asn Phe Ser Lys Thr Trp Arg Ala Pro Val Ile Asp				
485	490	495		
gaa cag tat gag aca caa tat agt caa gct tct gta tct gcg act tct	2613			
Glu Gln Tyr Glu Thr Gln Tyr Ser Gln Ala Ser Val Ser Ala Thr Ser				
500	505	510		
tta aat tta gaa aaa gaa atg att aat caa acc aga gtg ggt gga att	2661			
Leu Asn Leu Glu Lys Glu Met Ile Asn Gln Thr Arg Val Gly Gly Ile				
515	520	525		
att act ctc aat cat cta ttt cag gaa aat gat gct ttt caa ttt aga	2709			
Ile Thr Leu Asn His Leu Phe Gln Glu Asn Asp Ala Phe Gln Phe Arg				
530	535	540		
act act tat ttt tac aat cgc ggc aag aat gaa atc ttc aaa acg aga	2757			
Thr Thr Tyr Phe Tyr Asn Arg Gly Lys Asn Glu Ile Phe Lys Thr Arg				
545	550	555	560	
ggg gtt aac cgt tagagttggt tgaaatgact gaaaaattag acctatacgt	2809			
Gly Val Asn Arg				
tactgttaaa ggtggcggta tttctgggta agcgggtgca atccgtcacg gtatcactcg	2869			
tgcatataac gaatatgatg agagtttacg ctctgtatta cgcgcagctg gtttcgttac	2929			
tcgcgatgca cgtcaagttg aacgtaaaaa agtgggttta cgcaaagcgc gtcgtcgtcc	2989			
acaatttctca aaacgttaat ttttctttta cgttttatat tcagattgca agcccaaaag	3049			
gcttgcaatt tttttatctc aataaaattt acgataatct ttggaaatca gtgggcgatt	3109			
tgtggtagaa taaacgcca ttttttatat aaaatcatgc cagaatcagg caaagttaa	3169			
taaattttta ttcatttttag agctgtcgga ggaatagatg acaagcgctg caaataaacg	3229			
ttcaataatg acactttttt cagataaaac agatatttat tgccaccaag taaggattgt	3289			
tttggctgaa aagggtgttg cttatgaaac ggaagttgta gatcctcaag tcgtatcaga	3349			

agattttaatg gaattaaatc cgtatggcac gttgccgaca ttagttgacg gtgatttagt 3409
 gttattttaat tcacgtatta ttatggaata tcttgatgag cgtttccctc atccaccttt 3469
 gatgcctggt tatccagtgg cagctgggaa aagccgttta ttaatgttac gtattgagca 3529
 agattggtac ccagtattag caaaagctga aaaaggcacg gacgcagaac gtgctgtcgc 3589
 attaaaacaa ttaagagaag agatttttagc gattgcccct attttcacgc agatgcctta 3649
 ttttatgagc gaagagttta gtttagtaga ttgttatatc gcccattat tatggcgat 3709
 gcaagaactg ggtgtggatt tcagtggggc gggtagcaaa gcaattaaag cttacatggc 3769
 acgtgttttt gaacgcgatt cttttatgca atcttttagc gtgtcggctc cgaaaaactt 3829
 aatggatgag aaataatcag tatgtacatc aaatcatcac caaagcgtcc ttacttgta 3889
 agagcgtatt atgattgggt agtggataat gatttcaccc cttatttagt ggtggacgcg 3949
 acttatgttg gtgtgaaagt cctgtggaa tatgtcaaag atgggcaaat tgtcctcaat 4009
 ttatctgcga atgcgacagg taatctggta ctaagcaatg aaagtattca gtttagcgcg 4069
 cgttttcgtg gtatttcaca agatattttt attcctatgg gggctgcgtt agccatttat 4129
 gctcgtgaaa atgggtgatg tgtactgttt gaacctgaag cgatttatga tgagctcgca 4189
 acacaaaata ttggtattga gcagccactg agctttgttg aggctgtcga taaacaaaa 4249
 accagtgaga atactcaaaa aagcacaac aaagacaaaa cgacggaaaa aaaagcgact 4309
 tctcatttaa gaattattaa ataaaagagg ttttctttct tcataaaaaa acacgctttt 4369
 acgcgtgttt tttgttgcg gacagtttat tgtgccattt tttttgcggc ttttaagaag 4429
 ctttgcgcac tcgtgtagat gtcactttta ttctgtgccg ctaaaatcat atccgacatt 4489
 tcacgaaagg ccccttgctc acctttcagg cttagtacgt gatcagcgtg cattttgata 4549
 taagcggcgc atctgtact gcaaaggcaa caccacagcg gcaaaagcag gcagatcaac 4609
 gctgtcatca ccaatataag ccgtttcttg cgcacagaca ttggcttggt gtatcaattc 4669
 aagacaggcg ctttcttttt ccaatttgcc gaggaaaaag tgttggatgc ctagatctgc 4729
 aatacgtttg cgtagaatcg gggaatctcg ccccgagagt accgcgactt gaatgccaga 4789
 ttocattaac attctgatcc ccaagccatc acgaacatga aaggttttga aagcttcacc 4849
 atgggcatcg taatgcaaag agccgtcggc cagtacaccg tcgatatctg taatcacaaa 4909
 ttttaattttt ttgagttttt ccgttga 4936

<210> 30

<211> 564

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 30

Met Asp Lys Asn Leu Met Lys Gly Cys Val Phe Leu Ser Ile Val Gly

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

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

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

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

<220>
 <223> iroA

<400> 31
 gtcgacctgc agcagacaat gtccactgtg taatagtcca acgactgtta taaaaatctt 60
 ccgctgcttt ttctaattgtt tgtacacggt gtttttcaaa ttcttccaaa ttcttggttg 120

gttggactaa aagttgttca gcgcgcgctt taaaattggc gacaaaatcc gattgtttga 180
 ttaaaccata ggattttgct tggatttgtg cgccggctgc ttcacccaat ttatcgaaaa 240
 attcaggcgt ataagtcacg tttgggatcg taggcgcgat gatctgatta acaccagcct 300
 gttgtaatgc tccccattgc tgtgccatcg tttgtgccat ggttttaata ctggctaaca 360
 cgtaggcttg tttctcttca ggtgttgtct tcgttactgc tgttgctaata actgtcgcca 420
 aatcattacc acctgcccac agaatatgta aagcttcttt tttgactggc gcatgtaaat 480
 actcgttgat ctgcttttct agtgctaaat gaggttgttc tgcgtgtcta gtattatgtg 540
 caccaacaat caccacaccg ctgtacgcgt agttcaaacc acctgtgtga gaaggattta 600
 attttttccc aaatgcttga gctaaatatt catcataaag gtgatgatag tttccatcag 660
 cctttaaata agaggctttc ttattccaac ctgtttgcc catatcactt aaactatcac 720
 caaacacgac aacatcttgt gccagagcag ccgaacttag tgaacaaaat aatgcgaatg 780
 aaagtgtatt aattttcaca ataatgtcct tcaattatc atcgtcagtc aaaaatttgc 840
 gtcacatac gttgattata ggaagatacc tagccagacc actactggta tgaacagaag 900
 tcaatgttta atcacataaa aaagcctctg tgctttcaca cagaggcttt tatgtccatt 960
 cacctactca aattacatcg cttgagtaaa ggtacgcgta atcacgtctt gttgttgttc 1020
 tttggttaac gagttaaacg gtactgcata acccgaaaca cgaatggta attgtggata 1080
 tttctccgga ttttccattg catctaaca catttcacgg ttcatgacgt tcacgtttaa 1140
 gtgtgtccg ccttcaatcg ttgcttcacg gtggaagtaa ccgtccatta gacctgcaag 1200
 gttacgtttt tgtgcttcgt aatctttacc taaggcattt ggtacgattg agaaggata 1260
 agaaatacca tctttcgcat aagcaaatgg caatttcgca acagaagtta acgatgctac 1320
 tgcacctttt tggtcacgac cgtgcattgg gttcgcaccc ggtccaaatg gtgcaccaga 1380
 acgacgacca tctggggtgt tacctgtttt cttaccataa accacgtag atgtaatagt 1440
 aagtacagat tgtgtcggtg tcgcattacg ataagtaccc aatttttgga ttttcttcat 1500
 aaagcgttca actaaatcac aagcgatttc atcaacacgg ttatcgttgt taccgaattg 1560
 tggatattcg ccttcaattt caaagtcgat tgccacatct tttgcaatac caaccacttc 1620
 acccgcttta tttttgattt cgatatcacc acgaactggg ttacttttcg catatttaat 1680
 ggcagataaa gagtcgcgtg cgacagaaag ccctgcgata ccacaagcca tagtacggaa 1740
 tacatcacga tcatgaagtg ccattagtgc ggcttcatac gcgtatttat cgtgcataaa 1800
 gtgaatgatg ttcaatgcag taacatattg tttcgctaac caatccataa agctgtctaa 1860
 gcgcgtcatg acatcatcat aatctaagta ttgcgtggta attggatcgg ttttcggtec 1920
 tacttggcca cctgatttct catccacacc gccattgatt gcgtataaca aggttttcgc 1980

taagttggca cgtgcaccga agaattgcat cattttaccc acgatcattg gcgatacaca 2040
 gcatgcaatc gcatagtcac cgttttggaa gtcaggacgc attaagtcac cgttttcata 2100
 ctgaacagaa gacgtatcga tagacacttt tgccgcataa cgtttgaaac cttctggtaa 2160
 tttttcagac caaagaatcg ttaagtttgg ctctggtgac ggtcccatcg tataaagggt 2220
 gtgtaagata cggaagctgt ttttggttac taaagtacga ccatctaagc ccataccgc 2280
 taaggtttcc gttgcccaca ttgggtcgcc cgagaataat tgatcgtact ctgggggtacg 2340
 taagaaacgc accatacgta atttcacgac taagtgggca attaatctct gtgcttcttg 2400
 ttctgtaatt ttgcctgctt ttaaatacag ctcaatataa atatctaaga aagtcgatac 2460
 acgaccaaat gacatggcag caccgttttg tgatttctact gcagcggtag gactttgcac 2520
 agttatcgga agataattga aatcataacc agcaacaaat gtcagccgtt ctatttcttc 2580
 tgaagaatat cggcgattgc gttctggcgg aatggctggg tttttcacat tcttgagatg 2640
 attttcttcc aagtatttcc attctgtgat tgctgtcgta ataatgtgcg aaagagtatt 2700
 ccattctcta agcacacttg ccgcactaac ttgtgaaagt cgttcatcac gccactgcac 2760
 aaagtgatgt tcttgtaaat cgattaatct caggttagaa atcggcatac ttagcaagcg 2820
 aagtaaacgc aacttttcag cagcatagcc ctttttattt atgctcactt ctttgatata 2880
 tttatcgaca agttgtgcaa aagtgatgtc gggaatatca gtgaatacac cgtttatgat 2940
 tttttgttct atgtctaacy ccacgcttg cgcacagct ttagtcgaa atgttgctga 3000
 tttatagaca ccttttttgc gaatttgaac tcgccaacct gatttttgtt tgtaaaaagt 3060
 cgccacgcct aactaccatt aattttgcac aattcgttgt gcaattttgt gcaattttat 3120
 ttcttaaatg atgttttagcg gatcataaat gaagaaaaaa cagaagtaaa aactatata 3180
 aaaaaacagt atattttttg ttgaagtgt taatgtagtt tgtaacttat tgatttttaa 3240
 atattaaaga taaagaaaaa gccgacaaaa gtcggctttc tttttttatg ctgtttatca 3300
 atgggtgcctt gggccggact cgaaccggca caccgaagg cggttgattt tgaatcaact 3360
 gcgtctacca atttcgccac ccaggctaatt attgataaag agcatcaaatt taggtctgta 3420
 ttataccttt tcattgatag gttacaagca aaaaatgatt ttagatattc aattgtcttt 3480
 attttcatca gtgtggctgt tctctcttac tttattcagg tgcagtgaag taacottata 3540
 aaaataaagg ttttttgttt aaatttttaa taactttttt gtaaaaagat cgcagtttct 3600
 tttgaaaaaa agaccgatta caaatataat taaaaactat tatcaatatt gataataatg 3660
 ggatttttaac catgacattt ataaggataa agtcaagatg atgctaaaag cacaaattgc 3720
 agattatatt acacaaaatc cactggcaat tactttggat atggcttcgc actttggcaa 3780
 acctgaaggt gaaattttat gtgctttacc tgatgagttt gttcgagtgt ttctcgcgga 3840

```

acgtgctggag gaagtgcctt ctgagatcag tagttggggg attttcacga ccattattga 3900
aaaagaagga tcgatttttg aaattaaaga ccgttttccg accgggatgg ttgggcgtgg 3960
ttattataat ttgaatatga aagatgaaga aggcacgctt catggtcacc ttaaattaga 4020
taacatcagc aaaattgcct ttgtgagttt accgtttcgc ggtaaagaaa gttataacat 4080
cgcattttatt gcgaataatg ggcaaaactat ttttaaagtt tatttggggc gcgatgctga 4140
gcgtcaatta tttccagaac aagttcaaaa atttaaagca tttatttaga aggttaaaaa 4200
agtaatgaca acaaatcgtc aagaagtatt acaaaatcgt ttaggtccag aaattcaaga 4260
gttaaaggca caatgtaaaa cagtcatgct cgctactgtc ggtgaagatg gtaatccaa 4320
tgtgagttat gcgccatttg caattaataa tggggaatac caagtcttta tttctactat 4380
tgcacgtcat gcacgtaatc tacaagaagt accaaaagtt tctttaatgt tgatcgaaga 4440
tgaaagttaa agtcgtcaga tttttgctcg tcgtcgttta tcttttgatg cggttgcgcg 4500
tgttgcgag agagaaagtg aagaatggca ttctggtgtt gaggcactca aagcaagaca 4560
tggtgcatta atggatgaat tgtctcgat gaaagatttt catttgttta gttttaagcc 4620
ctcacaaggg ttatttgtaa aaggttttgg tcaagctttc caagtgagta atgatgattt 4680
agtgcgtttt gttcacttgg ttgaaggaca ccaagaataa attttgcata ctttttaggg 4740
tatttacttg aggttaggaa a atg cgt aca aca aca ata aaa ttt tct gca 4791
Met Arg Thr Thr Thr Ile Lys Phe Ser Ala
1 5 10
att aca ttg gca tta ttg agt tat tgt ggg acc att ttg gcg gat agt 4839
Ile Thr Leu Ala Leu Leu Ser Tyr Cys Gly Thr Ile Leu Ala Asp Ser
15 20 25
cat caa gag gcg act gaa ctt gat acg att acc gtt tct tct caa caa 4887
His Gln Glu Ala Thr Glu Leu Asp Thr Ile Thr Val Ser Ser Gln Gln
30 35 40
gat gag atg aat att aaa gag aaa aaa atc ggt gaa act gtg aaa acg 4935
Asp Glu Met Asn Ile Lys Glu Lys Lys Ile Gly Glu Thr Val Lys Thr
45 50 55
gcg agt caa ttg aaa cgc cag caa gta cag gat agt cgt gat ctt gtg 4983
Ala Ser Gln Leu Lys Arg Gln Gln Val Gln Asp Ser Arg Asp Leu Val
60 65 70
cgc tat gaa acc ggt gtg act gtg gta gaa gct gga cgt ttt ggt tcg 5031
Arg Tyr Glu Thr Gly Val Thr Val Val Glu Ala Gly Arg Phe Gly Ser
75 80 85 90
agc ggt tat gcc att cgt ggt gtg gat gag aac cga gta gca att aca 5079
Ser Gly Tyr Ala Ile Arg Gly Val Asp Glu Asn Arg Val Ala Ile Thr
95 100 105
gta gat ggc tta cat caa gca gaa acc ctt tct tct caa ggc ttt aaa 5127
Val Asp Gly Leu His Gln Ala Glu Thr Leu Ser Ser Gln Gly Phe Lys
110 115 120

```

gaa tta ttc gaa ggt tac ggc aat ttt aac aat acc cga aat agt gtg Glu Leu Phe Glu Gly Tyr Gly Asn Phe Asn Asn Thr Arg Asn Ser Val 125 130 135	5175
gaa att gag acg ttg aaa gtc gct aaa atc gcg aaa ggt gct gat tct Glu Ile Glu Thr Leu Lys Val Ala Lys Ile Ala Lys Gly Ala Asp Ser 140 145 150	5223
gta aaa gtg ggt agt ggt tct ttg gga ggc gct gta ctt ttt gaa aca Val Lys Val Gly Ser Gly Ser Leu Gly Gly Ala Val Leu Phe Glu Thr 155 160 165 170	5271
aaa gat gcc aga gat ttc ctg act gaa aaa gat tgg cat atc ggc tat Lys Asp Ala Arg Asp Phe Leu Thr Glu Lys Asp Trp His Ile Gly Tyr 175 180 185	5319
aaa gcg ggc tac tca acg gca gat aat cag gga tta aat gca gtg act Lys Ala Gly Tyr Ser Thr Ala Asp Asn Gln Gly Leu Asn Ala Val Thr 190 195 200	5367
ctt gca ggt cgc tat caa atg ttt gat gca ttg att atg cat tct aag Leu Ala Gly Arg Tyr Gln Met Phe Asp Ala Leu Ile Met His Ser Lys 205 210 215	5415
cga cat gga cat gaa tta gaa aat tat gac tat aaa aat ggc aga gat Arg His Gly His Glu Leu Glu Asn Tyr Asp Tyr Lys Asn Gly Arg Asp 220 225 230	5463
att caa ggg aaa gaa aga gag aaa gcg gat cct tat acg att acg aaa Ile Gln Gly Lys Glu Arg Glu Lys Ala Asp Pro Tyr Thr Ile Thr Lys 235 240 245 250	5511
gaa agt aca tta gtg aaa ttc tct ttt tcg cca aca gaa aat cat cgt Glu Ser Thr Leu Val Lys Phe Ser Phe Ser Pro Thr Glu Asn His Arg 255 260 265	5559
ttt aca gtc gct tct gat act tat ctt cag cat tcc cgc gga cat gat Phe Thr Val Ala Ser Asp Thr Tyr Leu Gln His Ser Arg Gly His Asp 270 275 280	5607
ctt tca tat aat ctt gtt gca aca aca cat att cag tta gat gag aaa Leu Ser Tyr Asn Leu Val Ala Thr Thr His Ile Gln Leu Asp Glu Lys 285 290 295	5655
gaa tct cgt cat gca aat gat ttg aca aaa cgt aaa aat gtt tcc ttt Glu Ser Arg His Ala Asn Asp Leu Thr Lys Arg Lys Asn Val Ser Phe 300 305 310	5703
act tat gaa aat tat act gtt acg cca ttt tgg gat acg ctc aag tta Thr Tyr Glu Asn Tyr Thr Val Thr Pro Phe Trp Asp Thr Leu Lys Leu 315 320 325 330	5751
agc tat tca caa caa aga att aca aca aga gca aga aca gaa gat tat Ser Tyr Ser Gln Gln Arg Ile Thr Thr Arg Ala Arg Thr Glu Asp Tyr 335 340 345	5799
tgt gat gga aat gag tta tgt gat tct tat aaa aat cca tta ggt ctc Cys Asp Gly Asn Glu Leu Cys Asp Ser Tyr Lys Asn Pro Leu Gly Leu 350 355 360	5847
caa ttt aaa gat ggt cag att ctt gat cct gca ggg aat aaa att aaa Gln Phe Lys Asp Gly Gln Ile Leu Asp Pro Ala Gly Asn Lys Ile Lys	5895

365	370	375	
cta cag ggg tct gga ttg agc act cag att gta gat gaa aat gga aaa Leu Gln Gly Ser Gly Leu Ser Thr Gln Ile Val Asp Glu Asn Gly Lys 380 385 390			5943
cca ttt cct aca aca aca ggt act aat aat gct gct ttt agt aat aat Pro Phe Pro Thr Thr Thr Gly Thr Asn Asn Ala Ala Phe Ser Asn Asn 395 400 405 410			5991
tta cga ctc agg cct aca ggt ttt tgg tta gat tgc tgc gtt ttt gac Leu Arg Leu Arg Thr Thr Gly Phe Trp Leu Asp Cys Ser Val Phe Asp 415 420 425			6039
tgt aat aaa cca ttc act gtt tat aat att agt aat gga aca tat caa Cys Asn Lys Pro Phe Thr Val Tyr Asn Ile Ser Asn Gly Thr Tyr Gln 430 435 440			6087
gca aga gag gtt cta ctg tct gaa gag ata act gtg gat ggt aaa tta Ala Arg Glu Val Leu Leu Ser Glu Glu Ile Thr Val Asp Gly Lys Leu 445 450 455			6135
tac aaa aca gct aag gaa gaa gga ggg ctt cca aat tat ttg att tta Tyr Lys Thr Ala Lys Glu Glu Gly Leu Pro Asn Tyr Leu Ile Leu 460 465 470			6183
cct aat tct aaa ggt tat ctt cct tat gat tat aaa gaa agg gat ctt Pro Asn Ser Lys Gly Tyr Leu Pro Tyr Asp Tyr Lys Glu Arg Asp Leu 475 480 485 490			6231
aat acg aat aca aaa caa att aat tta gat tta act aaa aca ttt tta Asn Thr Asn Thr Lys Gln Ile Asn Leu Asp Leu Thr Lys Thr Phe Leu 495 500 505			6279
act ttc aac atc gaa aat aat ctg tca tat ggt gga gtt tat tct cgg Thr Phe Asn Ile Glu Asn Asn Leu Ser Tyr Gly Gly Val Tyr Ser Arg 510 515 520			6327
ata gag aaa gaa atg att aat aaa gct ggt tat gag ggg aga aat cct Ile Glu Lys Glu Met Ile Asn Lys Ala Gly Tyr Glu Gly Arg Asn Pro 525 530 535			6375
act tgg tgg gct gat aga att tta ggg caa agt agt tac tgt ggt tat Thr Trp Trp Ala Asp Arg Ile Leu Gly Gln Ser Ser Tyr Cys Gly Tyr 540 545 550			6423
aat gca ttg aag tgt ccg aaa cat gag cca tta acg tca ttt tta att Asn Ala Leu Lys Cys Pro Lys His Glu Pro Leu Thr Ser Phe Leu Ile 555 560 565 570			6471
cca gtt gaa gca acg aca cag tca tta tat ttt gca aat att ctt aag Pro Val Glu Ala Thr Thr Gln Ser Leu Tyr Phe Ala Asn Ile Leu Lys 575 580 585			6519
gta cat aat atg att agc ata gat tta gga tat cgt tat gat cat att Val His Asn Met Ile Ser Ile Asp Leu Gly Tyr Arg Tyr Asp His Ile 590 595 600			6567
aaa tat aac cct gaa tac act cca gga gta act cca aaa att cca gat Lys Tyr Asn Pro Glu Tyr Thr Pro Gly Val Thr Pro Lys Ile Pro Asp 605 610 615			6615

gat atg gta aaa ggt ttg ttt att cct atg cca aaa gag cca cag cta Asp Met Val Lys Gly Leu Phe Ile Pro Met Pro Lys Glu Pro Gln Leu 620 625 630	6663
aag gat ttt gat tat aac tat gct aaa ttt ggt gag gcc tat aaa aaa Lys Asp Phe Asp Tyr Asn Tyr Ala Lys Phe Gly Glu Ala Tyr Lys Lys 635 640 645 650	6711
tgg aaa gaa tat ctg cca aaa aat gcg gaa gaa aat att gct tac att Trp Lys Glu Tyr Leu Pro Lys Asn Ala Glu Glu Asn Ile Ala Tyr Ile 655 660 665	6759
gct caa gat aag aca ttt aaa aaa cat tct tat tct ctt ggt gca act Ala Gln Asp Lys Thr Phe Lys Lys His Ser Tyr Ser Leu Gly Ala Thr 670 675 680	6807
ttc gat cct ctg aat ttt tta cga gta caa gta aaa tat tca aaa ggg Phe Asp Pro Leu Asn Phe Leu Arg Val Gln Val Lys Tyr Ser Lys Gly 685 690 695	6855
ttt aga gcc ccg act tcg gat gaa ctt tat ttt acc ttt aag cat cca Phe Arg Ala Pro Thr Ser Asp Glu Leu Tyr Phe Thr Phe Lys His Pro 700 705 710	6903
gat ttt acg att tta ccg aac ccc gtg ttg aaa cca gag gaa gca aaa Asp Phe Thr Ile Leu Pro Asn Pro Val Leu Lys Pro Glu Glu Ala Lys 715 720 725 730	6951
aat caa gag att gca tta aca gtg cac gat aat tgg gga ttt gtt agc Asn Gln Glu Ile Ala Leu Thr Val His Asp Asn Trp Gly Phe Val Ser 735 740 745	6999
aca agt gtt ttc caa aca aag tat cgt cat ttt att gat tta gcg tat Thr Ser Val Phe Gln Thr Lys Tyr Arg His Phe Ile Asp Leu Ala Tyr 750 755 760	7047
tta ggt tca aga aat tta tcg aat tcc gtg gga ggg cag gca caa gca Leu Gly Ser Arg Asn Leu Ser Asn Ser Val Gly Gly Gln Ala Gln Ala 765 770 775	7095
aga gat ttc caa gtt tat caa aat gtc aat gtc gat aat gcc aaa gtt Arg Asp Phe Gln Val Tyr Gln Asn Val Asn Val Asp Asn Ala Lys Val 780 785 790	7143
aaa gga ctt gaa att aat gca cgt ttg aat ttg gga tat ttt tgg cat Lys Gly Leu Glu Ile Asn Ala Arg Leu Asn Leu Gly Tyr Phe Trp His 795 800 805 810	7191
gtg ttg gat gga ttt aat acg agc tat aaa ttc act tac caa cgt ggt Val Leu Asp Gly Phe Asn Thr Ser Tyr Lys Phe Thr Tyr Gln Arg Gly 815 820 825	7239
cgt ttg gat ggc gat cgt cca atg aat gcg att cag cct aaa gct tct Arg Leu Asp Gly Asp Arg Pro Met Asn Ala Ile Gln Pro Lys Ala Ser 830 835 840	7287
gtt ttt ggt ttg ggc tac gat cat aaa gaa aat aaa ttt ggc gct gat Val Phe Gly Leu Gly Tyr Asp His Lys Glu Asn Lys Phe Gly Ala Asp 845 850 855	7335
tta tat att aca cgt gtg agt gag aaa aaa gcg aaa gac act tat aat Leu Tyr Ile Thr Arg Val Ser Glu Lys Lys Ala Lys Asp Thr Tyr Asn	7383

860	865	870	
atg ttc tat aaa gaa cag gga tat aaa gat agt gct gtt cgt tgg aga			7431
Met Phe Tyr Lys Glu Gln Gly Tyr Lys Asp Ser Ala Val Arg Trp Arg			
875	880	885	890
agt gat gac tat acg cta gtt gat gcg gtt ggt tat att aaa ccg att			7479
Ser Asp Asp Tyr Thr Leu Val Asp Ala Val Gly Tyr Ile Lys Pro Ile			
	895	900	905
aag aat tta acg tta cag ttt ggc gtt tat aat ttg aca gac cgt aaa			7527
Lys Asn Leu Thr Leu Gln Phe Gly Val Tyr Asn Leu Thr Asp Arg Lys			
	910	915	920
tac ttg aca tgg gaa tct gct cgt tcg att aaa cca ttt ggt aca agt			7575
Tyr Leu Thr Trp Glu Ser Ala Arg Ser Ile Lys Pro Phe Gly Thr Ser			
	925	930	935
aat tta att aat caa aaa aca ggc gca gga att aat cgt ttt tac tca			7623
Asn Leu Ile Asn Gln Lys Thr Gly Ala Gly Ile Asn Arg Phe Tyr Ser			
	940	945	950
cca ggt cgt aac ttt aaa ctc agt gcc gaa atc acc ttc taatcctaag			7672
Pro Gly Arg Asn Phe Lys Leu Ser Ala Glu Ile Thr Phe			
955	960	965	
cctgcgtatg caggctttct ttttagggaa agtgcggtgg atttgacaaa gatttattgc			7732
ttttctgtaa atcaatgcta aaattcacac tcctttgtcg tagctggatt agagatcggc			7792
tagcgatgta tttttaactt aacttttagg agttatcaaa tgtctctaag tacagaaaaa			7852
aaagcagcaa ttgttgctga atttggtcgt gatgcaaaag ataccgggttc ttcagaagtg			7912
caaatcgcat tattaactgc acaaatcaac cacttacaat ctcaacttgc aacgcacaaa			7972
aaagaccacc acggctcgctg tggtttattg cgtatggttt ctcgctcgctg taaactttta			8032
gattacttaa aacgtactaa tottgagctt tacacttcaa ctatcgctcg tttaggttta			8092
cgctcgctaatt ttgtattagg atttattcca aacaaaaaac ccttgataat tttatcaagg			8152
gttttctttt ttctgcatac taggcatggt taaattatcg caaaacacac cgcacatttc			8212
gtggaaaagt gcggtcattt ttttaattta ttttacttct ttaaactatga tctcacttgg			8272
gattactgaa ccttgccagt aaagctcagt agcgactttt tcagctaatt gcataaacga			8332
ttggggcaatg tcgctttcag gtgcggcgac aacgggttggg atacctttgt ctaaatcttc			8392
acgtaagcga atatgtaatg cctgttgtcc taaaactttg acattatatt tttgtgcaat			8452
gcgctcagca ccgcctgttc cgaaaatcgt ttcttgatga ccacaattgc tacaaatatg			8512
catcgacata ttttcgataa tgcctaaaac gggtagagaa acacgctcaa acatcgccac			8572
acctttaatc gcatccagta aagcaatato ttgtgggtgt gtcaccacga ccgccccgt			8632
cactggaatt tgttgagaaa gggtcagctg gatatcccct gtaaccgggtg gcatatcaat			8692
gactaaataa tctaaatcag gccataaggt ttcttgcaaa agctgactta aggcactgct			8752

tgccattgga ccgcgcctaaa tcgtagcatt gtccgggtcc attaagaaac caatggaatt 8812
 ggcaaaaata tgatgtgctt gaattgggggt aatgtgctgg ttatctggcg aagttgggcy 8872
 ttgatcagca acccctaaca tgtgtggaat agatggacca taaatatcgg catctaaaat 8932
 tccaacacga gcacctgtc tttgtaaggc aagagcaaga ttgacggaaa tagtagattt 8992
 teetacacca cctttaccgg atgtcacggc aataatattt ttaccocctt ttacggctgg 9052
 gtggctatta gcgcgtttta atgtcgcgat ttgataattt aattgccatt tgatgtcttt 9112
 gcattctgct aatgtgagaa gttctgtgga gagagcgctc ttgagttgtt cgaatgcagt 9172
 attccaagca aacggcatgc tgatttcaat acgtaacgct tcaccgcctt tttcaatttt 9232
 tttgatagca tttaggctga cgagatcttt ttgtaagcta ggatgttgaa attgttgaaa 9292
 tgtgttttgg atagcttgtt tttgactgtc cgttaaactg tcagaaaata aaattcccat 9352
 tgattttatc ccgttatattt tgggtggctaa ttaaagccct agttaatcac tcaactatat 9412
 ttaaccacga agctgtagaa ctgttaagca gaaatgtgga aaagcgcggt taaagtagaa 9472
 aaaatactgc gaataaggta acataagcgc caattttttg atgaaaaata ggaatgataa 9532
 catggcaaat tcggcacgcy atatttttgg cacttgcgcc ttaccttatg caaatgggtc 9592
 aattcattta gggcatttat tagaacatat tcaagcagat atttgggtgc gttccaacgt 9652
 atgcgtgggc ataaagtgc ttttatttgt gcagatgatg cccatggcac accaatcatg 9712
 ttaaatgcga taaattaggt attacaccaa agcattaatt gctcctcgaa agcagaacat 9772
 gtggcggtt tgaaggotta atattagcta tgataatatc at 9814

<210> 32

<211> 967

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 32

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

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

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

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

<210> 33
 <211> 2990
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (1106)..(1564)

<220>
 <223> kdtB

<400> 33
 gtcaaccctt ttggtttga gttgtgctaa taaagcatcg tcaaaatgca agccggcagt 60
 tgggtgcgca accgcgccag ggactttggt ataaacgggt tgataacggt ctttatccgc 120
 ttcttcgtca gggcgatcaa tataaggggg caatggcata tgcccaattt gctgtaacac 180
 gtctaaaagt gcggtctggt ttctgcgat ttctaattca aataagggtat catggcgcgc 240
 aaccatgatc attttgacac catgatgttc acctaaacta tcttcgccta accacagttc 300

```

tgcccccttct ttcggtgctt ttgaggagcg cacatgggct aaaaagcgtg tgcggataa 360
aatccgctcg accaacactt ccacettacc gccactggct ttacgtccaa acatccttgc 420
aggaatcacg cgcgtgttat taaaaattaa taagtgcctt tcatgaattt gatcaaggat 480
atcagcaaaa gtgcggtggg taatctcacc attttcgcg ttaagttgta ataagcgact 540
agcgggtcga tccggttttg ggtaacgagc aatcagctca tggggtaaat caaaataaaa 600
gtcagaaaaca cgcataaata gggttataaa aagttatcta aaaaatcgtg ggcgtaagtc 660
tagtgtgaat tccgctcttg cacaaggaaa aatccagatt ttgttgttta gtatogaatt 720
gagatgattt tggacaaaaa aaaagccctt tcaagaaaga cgaaagggcg aaaatatatt 780
tggagtcata ctttttaggg tatgtgtcgg attatacaca caaaaataac aaatgcaaca 840
tttttttaac aatcatatgt aagcgtattg tgtgagaacg agcgtaaaaa tgaacgcatt 900
ctaaaggatg atttatttag cctattaaaa aaacacatga gatgagagtt tgcgagagcg 960
gtaataaaaag tgcggtgggt tttagaaaag ttttgaatag gatcacaaat taaacaaagt 1020
ttgtgaaata ccaagtagta gtttttaagt atatgatgaa tcatatgcta aagtttaaac 1080
ccgttaaata accaagaggt ggaag atg aca gaa gaa aat aaa gga aag aga 1132
                        Met Thr Glu Glu Asn Lys Gly Lys Arg
                        1                               5

tat ttt tta tgg ttc ata ttg ttt atc ctt tca atc tat tta ttt att 1180
Tyr Phe Leu Trp Phe Ile Leu Phe Ile Leu Ser Ile Tyr Leu Phe Ile
10                               15                               20                               25

acc ata caa gaa aga cga ggt tat tgt ttt gac aaa cgt gca tat att 1228
Thr Ile Gln Glu Arg Arg Gly Tyr Cys Phe Asp Lys Arg Ala Tyr Ile
30                               35                               40

cat gag ctt tat act gag caa gag tta att gat cgg ggg att gaa tat 1276
His Glu Leu Tyr Thr Glu Gln Glu Leu Ile Asp Arg Gly Ile Glu Tyr
45                               50                               55

gtg gta tcc acc atg ccg tca ggt gtt att aaa cca gat ggc aca ata 1324
Val Val Ser Thr Met Pro Ser Gly Val Ile Lys Pro Asp Gly Thr Ile
60                               65                               70

aaa gaa gta aag cgt tac acg agt gtc gag gag ttt aaa cag atg aac 1372
Lys Glu Val Lys Arg Tyr Thr Ser Val Glu Glu Phe Lys Gln Met Asn
75                               80                               85

cca gct tgt tgt aca tta acc acc ttt att gat gaa gga ggc gat ggc 1420
Pro Ala Cys Cys Thr Leu Thr Thr Phe Ile Asp Glu Gly Gly Asp Gly
90                               95                               100                               105

tat cca gat gat gat gga tat ggt tat gtc aga att gaa tat tta aga 1468
Tyr Pro Asp Asp Asp Gly Tyr Gly Tyr Val Arg Ile Glu Tyr Leu Arg
110                               115                               120

cat tat gtt gag aat cta aaa cct tat cat aga gtg att tat ctt gaa 1516
His Tyr Val Glu Asn Leu Lys Pro Tyr His Arg Val Ile Tyr Leu Glu
125                               130                               135

```

```

tat acg ccc tgt gga gag tta agg gaa gag gcg gct ttt tca aaa aat 1564
Tyr Thr Pro Cys Gly Glu Leu Arg Glu Glu Ala Ala Phe Ser Lys Asn
      140                      145                      150

taagagtgag gtgaagaaat ggcattacca acagcaacaa taatgaggaa tttatcttta 1624
tctaaaaatc aattcactct gaaagggatg gaatgcgtag attccctatt tcaagcatgc 1684
agtaatatgg atcatgggta ctgaggtgga agatggcaga agaaaataaa ggaaagagat 1744
atTTTTtAtg gttcatattg tttatccttt caatctatTTt atttattacc atacaagaaa 1804
gacgaggtta ttgttttgac aaatgggaat atatccataa cctttataacc gagcaagagt 1864
tgatcगतag aggggttgaa tatgtggtat ccaccatgcc gtcaggtggt tttgaaccag 1924
atggcacaac aaccgaaata aaacgttatg ctagtgttga ggagtTTtaa cagatgaacc 1984
ctgattgttg taaattaaca agatttatta atgaaggaat agatggctat ccagatgatg 2044
atggatatgg ttatataaga attgaatatt taagacatta tgttggaat tttaaacctg 2104
atcatagagt gctttatctc gaatatacgc ctgttgггаgа attaagggaa gaggtttctt 2164
tttaaaaaat aaataatagt gaggtgaaga aatggcatta ccaacagcaa cagaaatcac 2224
aaatgcatat ttatataaaa ataaattaac tctaaagcg gaggaagag tagattcaat 2284
acaaattctt gaaaaaggag atgaacattt cgaagtaaat ttttaattgat caaagtactc 2344
tattgattga aggaaaaaca gtggaattaa tggcaggtat ggcagtttct gcggaaatta 2404
aaacaggtaa acgcagtgta ttagattact tatttagccc attaaaaacc acaaaataat 2464
attaaggaga ataatatgtc gtataataaa tatactgttg ctttgattac gttctcaaca 2524
gggatctgta ttccggcaat atgctacgct ctaaattcgc tgggatacag atcctgtttg 2584
agactatgta gaaaagacta aactttgtgt ggtaactgg gcttcggtaa aattctggaa 2644
acaaatgggc ttaaccgcg tgatcttato ccgtgagctt tcgcttgatg aaattgccga 2704
aattcgtcag caagtgccag aaatggaaat tgaagtgttc gtgcatgggg cattatgcat 2764
ggcgtattct ggacgttggt tattatcagg ctatattaat aaacgtgac caaatcaagg 2824
cacctgtacc aatgcgtgcc gttgggaata cagtgtacc gaagccaaag aagatgagat 2884
cggcaacatt gtgaatgtgg gtgaagaaat tccagtгaaа aatgtagcac cgacacttgg 2944
cgaaggcgac accaccagta aagtattttt attagcagaa agtcga 2990

```

<210> 34
 <211> 153
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

<400> 34
 Met Thr Glu Glu Asn Lys Gly Lys Arg Tyr Phe Leu Trp Phe Ile Leu
 1 5 10 15

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

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

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

<220>
 <223> lgtC

<400> 35
 atatcaaagt ctcattggcaa gaaaattaga aaagagcgat caattattat ttgcaagatt 60
 tgggtattat tcataggcta ggtgaaagat atatttttcc atgatattaa aacgattcag 120
 gcagaactgg ctagcttattc acttttagat aattgtatta ttaaaagaag ctgtatgatt 180
 gttattctat cattagtga taataaatat tctttatttt ttgagagata aaaacaattc 240
 atatttcaat agaaaacaga aaataaagat tatcaaaaga attatccgtc cttataaata 300
 tgagtctgta ttgtgagatg atat atg aat att tta ttt gtt tct gat gat 351
 Met Asn Ile Leu Phe Val Ser Asp Asp
 1 5
 gtt tat gct aaa cat ctg gtg gtt gcg att aaa agc att ata aat cat 399
 Val Tyr Ala Lys His Leu Val Val Ala Ile Lys Ser Ile Ile Asn His
 10 15 20 25
 aat gaa aaa ggt att tca ttt tat att ttt gat ttg ggt ata aag gat 447
 Asn Glu Lys Gly Ile Ser Phe Tyr Ile Phe Asp Leu Gly Ile Lys Asp
 30 35 40

gaa aat aag aga aat att aat gat att gtt tct tct tat gga agt gaa	495
Glu Asn Lys Arg Asn Ile Asn Asp Ile Val Ser Ser Tyr Gly Ser Glu	
45 50 55	
gtc aac ttt att gct gtg aat gag aaa gaa ttt gag agt ttt cct gtt	543
Val Asn Phe Ile Ala Val Asn Glu Lys Glu Phe Glu Ser Phe Pro Val	
60 65 70	
caa att agt tat att tct tta gca aca tat gca agg cta aaa gcg gca	591
Gln Ile Ser Tyr Ile Ser Leu Ala Thr Tyr Ala Arg Leu Lys Ala Ala	
75 80 85	
gag tat ttg ccg gat aat tta aat aaa att att tat tta gat gtt gat	639
Glu Tyr Leu Pro Asp Asn Leu Asn Lys Ile Ile Tyr Leu Asp Val Asp	
90 95 100 105	
gtt ttg gtt ttt aac tca tta gaa atg tta tgg aat gtt gat gtt aat	687
Val Leu Val Phe Asn Ser Leu Glu Met Leu Trp Asn Val Asp Val Asn	
110 115 120	
aat ttt ctt acc gca gcc tgt tat gat tct ttc atc gaa aat gaa aag	735
Asn Phe Leu Thr Ala Ala Cys Tyr Asp Ser Phe Ile Glu Asn Glu Lys	
125 130 135	
tct gag cat aaa aaa tcg att tca atg tca gat aag gaa tat tat ttt	783
Ser Glu His Lys Lys Ser Ile Ser Met Ser Asp Lys Glu Tyr Tyr Phe	
140 145 150	
aat gca gga gta atg cta ttt aat tta gat gaa tgg cgg aag atg gat	831
Asn Ala Gly Val Met Leu Phe Asn Leu Asp Glu Trp Arg Lys Met Asp	
155 160 165	
gta ttc tca aga gct tta gac ctg tta gct atg tat cct aat caa atg	879
Val Phe Ser Arg Ala Leu Asp Leu Leu Ala Met Tyr Pro Asn Gln Met	
170 175 180 185	
att tat cag gat caa gat ata ttg aat atc ctt ttt agg aat aaa gtc	927
Ile Tyr Gln Asp Gln Asp Ile Leu Asn Ile Leu Phe Arg Asn Lys Val	
190 195 200	
tgt tat tta gat tgc aga ttt aat ttc atg cca aat caa ctt gaa aga	975
Cys Tyr Leu Asp Cys Arg Phe Asn Phe Met Pro Asn Gln Leu Glu Arg	
205 210 215	
ata aan caa tac cat aaa gga aaa ntg agc aac tta cat tct tta gaa	1023
Ile Xaa Gln Tyr His Lys Gly Lys Xaa Ser Asn Leu His Ser Leu Glu	
220 225 230	
aaa aca acg atg cct gtc gtt att tca cat tat tgt ggt cca gaa aaa	1071
Lys Thr Thr Met Pro Val Val Ile Ser His Tyr Cys Gly Pro Glu Lys	
235 240 245	
gcg tgg cat gcg gat tgt aaa cat ttt aat gta tat ttc tat cag aaa	1119
Ala Trp His Ala Asp Cys Lys His Phe Asn Val Tyr Phe Tyr Gln Lys	
250 255 260 265	
ata tta gca naa atn tcg aga ggc ncg gat aaa gaa cgc gta tta tct	1167
Ile Leu Ala Xaa Xaa Ser Arg Gly Xaa Asp Lys Glu Arg Val Leu Ser	
270 275 280	
ata aaa act tat ctc aag gcc ttg att aga agg att aga tat aaa ttc	1215
Ile Lys Thr Tyr Leu Lys Ala Leu Ile Arg Arg Ile Arg Tyr Lys Phe	

```

285                290                295
aaa tat caa gtc tat taactattga atttttgcaa atgagataag agtatagtgc 1270
Lys Tyr Gln Val Tyr
300

tgattttcttc aaagcgaaaa ggaggaaata gcttgttcta atttattaca ataatgggttg 1330
tattcatcttt gattttgaag gaaagagagt gttttttgta taaaagcatt ttcgtcacct 1390
aaatttacta atcttccaaa ttctctctct cgnagaattt ctttcggacc ggtagggcag 1450
tccatggata ttacaggtgt accgcaagcc atgcttttcta ggataactgt cggtaacccc 1510
tctttcaaag aggtgtgtaa aaatagctta gcatttttta ttaatggata cggattatct 1570
ttattttcta aaagaaaaca atcttcttgt agattgagtg attctatttg tttctctaata 1630
ttttctcgac actcaccatc ccaaacaata tatancnttt cttggatacc tcc 1683

<210> 36
<211> 302
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida

<400> 36
Met Asn Ile Leu Phe Val Ser Asp Asp Val Tyr Ala Lys His Leu Val
  1                5                10                15
Val Ala Ile Lys Ser Ile Ile Asn His Asn Glu Lys Gly Ile Ser Phe
      20                25                30
Tyr Ile Phe Asp Leu Gly Ile Lys Asp Glu Asn Lys Arg Asn Ile Asn
      35                40                45
Asp Ile Val Ser Ser Tyr Gly Ser Glu Val Asn Phe Ile Ala Val Asn
      50                55                60
Glu Lys Glu Phe Glu Ser Phe Pro Val Gln Ile Ser Tyr Ile Ser Leu
      65                70                75                80
Ala Thr Tyr Ala Arg Leu Lys Ala Ala Glu Tyr Leu Pro Asp Asn Leu
      85                90                95
Asn Lys Ile Ile Tyr Leu Asp Val Asp Val Leu Val Phe Asn Ser Leu
      100                105                110
Glu Met Leu Trp Asn Val Asp Val Asn Asn Phe Leu Thr Ala Ala Cys
      115                120                125
Tyr Asp Ser Phe Ile Glu Asn Glu Lys Ser Glu His Lys Lys Ser Ile
      130                135                140
Ser Met Ser Asp Lys Glu Tyr Tyr Phe Asn Ala Gly Val Met Leu Phe
      145                150                155                160
Asn Leu Asp Glu Trp Arg Lys Met Asp Val Phe Ser Arg Ala Leu Asp
      165                170                175
Leu Leu Ala Met Tyr Pro Asn Gln Met Ile Tyr Gln Asp Gln Asp Ile
      180                185                190

```

Leu Asn Ile Leu Phe Arg Asn Lys Val Cys Tyr Leu Asp Cys Arg Phe
 195 200 205
 Asn Phe Met Pro Asn Gln Leu Glu Arg Ile Xaa Gln Tyr His Lys Gly
 210 215 220
 Lys Xaa Ser Asn Leu His Ser Leu Glu Lys Thr Thr Met Pro Val Val
 225 230 235 240
 Ile Ser His Tyr Cys Gly Pro Glu Lys Ala Trp His Ala Asp Cys Lys
 245 250 255
 His Phe Asn Val Tyr Phe Tyr Gln Lys Ile Leu Ala Xaa Xaa Ser Arg
 260 265 270
 Gly Xaa Asp Lys Glu Arg Val Leu Ser Ile Lys Thr Tyr Leu Lys Ala
 275 280 285
 Leu Ile Arg Arg Ile Arg Tyr Lys Phe Lys Tyr Gln Val Tyr
 290 295 300

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

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

<220>
 <223> mgIB

<400> 37
 c tta aat aaa gcc ggt aaa att caa tac gtt tta tta aaa ggt aac caa 49
 Leu Asn Lys Ala Gly Lys Ile Gln Tyr Val Leu Leu Lys Gly Asn Gln
 1 5 10 15
 gga cac cca gat gca gaa gct cgt aca aaa ttc gtc att aaa gaa tta 97
 Gly His Pro Asp Ala Glu Ala Arg Thr Lys Phe Val Ile Lys Glu Leu
 20 25 30
 nat aat aaa ggc att caa gat gag caa tta ttc atc gac acg ggg atg 145
 Xaa Asn Lys Gly Ile Gln Asp Glu Gln Leu Phe Ile Asp Thr Gly Met
 35 40 45
 tgg gat gcc gct tta gcg aaa gat aaa atg gat gca tgg tta tct agc 193
 Trp Asp Ala Ala Leu Ala Lys Asp Lys Met Asp Ala Trp Leu Ser Ser
 50 55 60
 tct aaa gca aat caa att gaa gtg atc atc gct aac aac gat ggt atg 241
 Ser Lys Ala Asn Gln Ile Glu Val Ile Ile Ala Asn Asn Asp Gly Met
 65 70 75 80
 gcg atg ggg gca ttg gaa gcc acg aaa gca cat ggt aaa aaa tta cca 289
 Ala Met Gly Ala Leu Glu Ala Thr Lys Ala His Gly Lys Lys Leu Pro
 85 90 95
 atc ttc ngf gta nat gcg tta cca gaa gtc ctc caa tta atc aaa aaa 337
 Ile Phe Xaa Val Xaa Ala Leu Pro Glu Val Leu Gln Leu Ile Lys Lys
 100 105 110

ggt gaa att gca ggt acg gtg tta aat gac ggt gtg aac caa ggt aaa 385
 Gly Glu Ile Ala Gly Thr Val Leu Asn Asp Gly Val Asn Gln Gly Lys
 115 120 125

gcc gtt gtt caa tta agt aat aat ctt gca aaa gga aaa cct gcc act 433
 Ala Val Val Gln Leu Ser Asn Asn Leu Ala Lys Gly Lys Pro Ala Thr
 130 135 140

gaa ggc aca aaa tgg cag tta aaa cga tgg tgt cct acg tat ccc tta 481
 Glu Gly Thr Lys Trp Gln Leu Lys Arg Ser Cys Pro Thr Tyr Pro Leu
 145 150 155 160

tgt tgg tgt gga tgc gga taacttaaac gagttcctaa aataataaac 529
 Cys Trp Cys Gly Cys Gly
 165

tataacaaaa caagamgttg taattctcgg ggaggtatac cctccccctt tttatgtgag 589
 gttggatatg acaactcaaa ttccaaatca agacagtga atactgctca caatgaccaa 649
 cgtctgtaaa tcttttcccg gtgttaaagc gttagacaat gcaaacctaa ctgtgcgctc 709
 gcattctgtc catgccttaa tgggcgaaaa tggggcgggc aaatcgacct tattaaaatg 769
 cttatttgggt atttacagta aagatgaagg tgacatcctt ttcttaggca agccagtcaa 829
 ctttaaaacg tcgaaagaag ccttagagaa cgggattttc atggtgcacc aagaacttaa 889
 cttggttaaa caatgtactg taatggataa tcttttggnt aggacgttat ccattaaaag 949
 caggctttgt cgatcacggc aaaatgtatc gtgataccaa agcagatttt tgaagaanta 1009
 gatatcgata tcgatccaaa agaaaaagtg gccaaattgt cagtgtcaca aatgcaaatg 1069
 atcgagatcg caaaggcctt ttcatacaat gccaaaatcg taatcatgga cgaaccgact 1129
 tcttcgcttt cagaaaaaga agttgaacac ctatttaaaa ttatcgcgaa gctaaaaaca 1189
 cgtggctgtg gcattattta tatttcgcac aaaatggacg aaatcttcaa aatttgtgac 1249
 gaaattacga ttttacgga tggtaaatgg atcaatacgg tcgctgttaa aggcaccaca 1309
 atggatcaga ttgtatccat gatggttggg cgtgaactca cgcaacgttt cccacccaaa 1369
 accaatatcc caaaagaaac catcttaacg gtggaaaatc tgaccgcact taatcagcca 1429
 tctattcaag atgttagttt tgaattacgc aaaggcgaag tgctcggcat tgcgggactg 1489
 gttggggcaa aacggtaccg atattgtgga aacgatcttc ggggtgcgtg aacgtaaatc 1549
 tgggtgtgatt aaactacacg ataaggaaat gaaaaaccgg aatgcgttcg aagccattaa 1609
 caatggtttt gccttgggtc cggaagaacg tcgctctaca gggatttatg cgaatctcag 1669
 tattgagttt aactcattaa tttctaacat gaagaaatcc tatatcagca agttaggttt 1729
 attgagtaac ncaaaaatga aaagcgacac gcaatggggc cattgattcc atgaatgtga 1789
 aaacgccatc acaaaaacna tattggntca ntatctgggg tggtaaccaa caaaaagtgg 1849
 tcattggctg ttggttatta acccaccctg aaatcttgat gttagacgaa ccaacacgtg 1909

gtatcgacat tggtagcgaaa tatgaaattt atcagctgat tatggagtta gccaaaaaag 1969
ataaagggtat catcatgatt tcactctaaag gccagagtta ttaggggtac tgaccgaatt 2029

<210> 38
<211> 166
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida

<400> 38
Leu Asn Lys Ala Gly Lys Ile Gln Tyr Val Leu Leu Lys Gly Asn Gln
1 5 10 15
Gly His Pro Asp Ala Glu Ala Arg Thr Lys Phe Val Ile Lys Glu Leu
20 25 30
Xaa Asn Lys Gly Ile Gln Asp Glu Gln Leu Phe Ile Asp Thr Gly Met
35 40 45
Trp Asp Ala Ala Leu Ala Lys Asp Lys Met Asp Ala Trp Leu Ser Ser
50 55 60
Ser Lys Ala Asn Gln Ile Glu Val Ile Ile Ala Asn Asn Asp Gly Met
65 70 75 80
Ala Met Gly Ala Leu Glu Ala Thr Lys Ala His Gly Lys Lys Leu Pro
85 90 95
Ile Phe Xaa Val Xaa Ala Leu Pro Glu Val Leu Gln Leu Ile Lys Lys
100 105 110
Gly Glu Ile Ala Gly Thr Val Leu Asn Asp Gly Val Asn Gln Gly Lys
115 120 125
Ala Val Val Gln Leu Ser Asn Asn Leu Ala Lys Gly Lys Pro Ala Thr
130 135 140
Glu Gly Thr Lys Trp Gln Leu Lys Arg Ser Cys Pro Thr Tyr Pro Leu
145 150 155 160
Cys Trp Cys Gly Cys Gly
165

<210> 39
<211> 2628
<212> DNA
<213> Pasteurella multocida

<220>
<221> CDS
<222> (326)..(766)

<220>
<223> mioC

<400> 39
gtcaactaga gtaaaataga cacaactaat tacattgtag aggaatcctt ttatgtcttt 60
agaaatttta gatcagtttag aagaaaaaat taaacaagcg gttgaaacta tccaattact 120

tcaattggaa	attgatgaat	taaaagaaaa	aaataaccaa	tctcaacaag	caaatgacgc	180										
attacgcagt	gaaaatgaac	aactaaagag	tgagcaccaa	aactggcaag	aacgttttacg	240										
ctcattatta	ggcaaaattg	ataacgtata	attcacttct	tattaaggct	tagtttttct	300										
aagccttatt	ttttaggaga	aatta	atg	Met	1	352										
			Lys	Thr	Lys	5										
ggc	agt	acg	ctt	ggg	ggg	gca	gaa	tat	gtt	gca	gaa	cat	att	gct	gaa	400
Gly	Ser	Thr	Leu	Gly	Gly	Ala	Glu	Tyr	Val	Ala	Glu	His	Ile	Ala	Glu	25
10				15				20								
ata	tta	gaa	caa	caa	gat	tat	cct	gta	cgt	tta	gaa	cat	gga	cca	aat	448
Ile	Leu	Glu	Gln	Asp	Tyr	Pro	Val	Arg	Leu	Glu	His	Gly	Pro	Asn		
			30				35						40			
ttt	gaa	gaa	gtg	atc	gat	gaa	aaa	tgt	tgg	ctt	gtt	gtc	acc	tct	acc	496
Phe	Glu	Glu	Val	Ile	Asp	Glu	Lys	Cys	Trp	Leu	Val	Val	Thr	Ser	Thr	
			45				50					55				
cat	ggg	gca	ggg	gaa	tta	ccg	gat	aat	att	aaa	cct	ctg	ttt	gaa	aaa	544
His	Gly	Ala	Gly	Glu	Leu	Pro	Asp	Asn	Ile	Lys	Pro	Leu	Phe	Glu	Lys	
		60				65					70					
tta	gca	ttt	cac	cca	aaa	cag	tta	gct	gac	tta	cgc	ttt	gcg	gtg	atc	592
Leu	Ala	Phe	His	Pro	Lys	Gln	Leu	Ala	Asp	Leu	Arg	Phe	Ala	Val	Ile	
		75				80					85					
ggg	tta	ggg	aat	tcg	gat	tat	gat	acc	ttc	tgt	cac	gca	gtg	gat	cat	640
Gly	Leu	Gly	Asn	Ser	Asp	Tyr	Asp	Thr	Phe	Cys	His	Ala	Val	Asp	His	
		90			95					100				105		
gtg	gaa	caa	tta	ctg	cta	agc	aaa	gat	gct	tta	caa	ctg	tgt	gaa	tcg	688
Val	Glu	Gln	Leu	Leu	Leu	Ser	Lys	Asp	Ala	Leu	Gln	Leu	Cys	Glu	Ser	
			110					115						120		
cta	aga	atg	gat	atg	cta	acc	att	act	gat	cct	gaa	cac	acg	gcc	gaa	736
Leu	Arg	Met	Asp	Met	Leu	Thr	Ile	Thr	Asp	Pro	Glu	His	Thr	Ala	Glu	
			125					130					135			
caa	tgg	ctc	cca	caa	ttt	ctc	agt	caa	tta	taatatttat	tcctataca					786
Gln	Trp	Leu	Pro	Gln	Phe	Leu	Ser	Gln	Leu							
		140				145										
atggcatatg	taaatacaat	atgccatttt	tcctctcgat	caagcataat	atttaaccaa	846										
tcaaatcaat	attttctctg	tggataacta	agatcaaaac	tgtataaaag	ctgtttttat	906										
tccttgaata	agattgaatg	ttttttattc	tgtggataac	taaagaagtt	attcacagtt	966										
ttttctgggtg	ccaaattgag	atcttaacaa	cttaaaaaat	gatctaagtt	attcatttaa	1026										
aaaaagaaaa	ggatcttaat	cacagcacta	taggatccta	ataatcataa	taataagatc	1086										
tctttatata	aaaagatcct	atctttatta	actcacgac	tttttcacga	tcatogtaca	1146										
gtcttgatca	aaaatgtttc	tttcatggat	ccataaattt	cagtagaata	gcccaaccgc	1206										
aaaaaggatc	aaaagatcca	taaaatccga	gataaaattaa	caagggttact	atgtttttata	1266										

ctgaaaatta tgatgttatt gtgatcggtg gtggacacgc aggtactgaa gctgcacttg 1326
 caccggcacg catgggactc aagaccctat tattaaccca taatgttgat acactagggc 1386
 aaatgtcttg taatcctgcg attggtggga ttggtaaagg ccatttagtc cgagaaattg 1446
 atgcgatggg cgggtttaatg gcaactgctg cggaccaagc aggaatccaa ttcgtacct 1506
 taaacagcag caaaggaccg gcggtacgtg ctacacgtgc gcaagctgac cgcgttttat 1566
 atcgccaagc agtacgtatt gcattagaaa atcaagaaaa tttagatatt tttcaacaag 1626
 aagtgcaga tattatttta gatcaggatc gtgtctgagg tggtgttact aaaatgggtt 1686
 taaaatttca cgcaaaagca gtgattttta cagccggtac tttcctttct ggtaagatcc 1746
 acattgggtt agaaaattat acagggtggc gcgcgggtga tctgtcttca gtgatgttag 1806
 cggatcggtt aagagaactg aatttacgtg tanatcggtt aaaaacgggt acaccgcccc 1866
 gtattgatgc acgtactatt gatttctcaa tactggctaa acaacatggc gatgaaaaat 1926
 tacctgtctt ttccttcacg ggatctgttg atcaacaccc acgtcaaat ccattgttta 1986
 ttaccatac aaatgaacaa acgcatgaag tgatccgtaa taacttacat cgcagcccaa 2046
 tgtatgctgg gatcattgaa gggatcggtc cacgttattg cccttctatt gaagataaag 2106
 taatgcgttt ttctgagcgt aattctcacc aaatctacct tgaacctgaa gggttgacaa 2166
 aaaaaacaaa gaaattgcgg atttacaaaa acaagtgcag gcaactgcaag cagatttaag 2226
 cgaaatggca aagaaaaacc gcaatcaagc gttgattgca ggtgggtattg gcggtggcat 2286
 tggtgcagtc ggtattgagc tcattcgctt gcaatttggg ggctaactga tggcatttga 2346
 tgaaaaaaca cgtgcgctgg ttctgcgcta ctatgtattt gagtttttat cgcttgagca 2406
 atcagcaagt aaagctaaag tctcatttta caccgcgcga cgctggaaga aagaggcggc 2466
 aagcaagggc gatgactggg ataaagtgcg tgatgtacaa gtaatggcgg gcaatgagct 2526
 gactgatatc acaaaaggat tgttatcggg ctttattatt caatatcgcg caaccatgga 2586
 tgagattcaa aactcggatt taaaagcaca agataaagtc ga 2628

<210> 40

<211> 147

<212> PRT

<213> *Pasteurella multocida*

<400> 40

Met Lys Thr Lys Ile Cys Ile Ile Thr Gly Ser Thr Leu Gly Gly Ala
 1 5 10 15

Glu Tyr Val Ala Glu His Ile Ala Glu Ile Leu Glu Gln Gln Asp Tyr
 20 25 30

Pro Val Arg Leu Glu His Gly Pro Asn Phe Glu Glu Val Ile Asp Glu
 35 40 45

```

<400> 41
ctgcagtaacc aaccacccaa atgttggtgct tctgctgtaa ttcaocgaaa gtgcgcgcga 60

ggttgggttac acggattaat ggcacgactt cagcggcacc acaagctact ttacgtgcga 120

tagcgggttaa ttgggcagat ttatcttttg gtactatcac agcacacacg cccgctgcat 180

ccgcagtacg caaacaagca cctaagttat gtggatcagt cacaccatct aacactaata 240

gcaacggatt ggactgattt tgtaaaagcg tatctaaatc tgcttcattc aattcttttcg 300

ctggctgaac acgtgccatg atgccttggg gtacttcgcc ctctgctttt ttatcaaggg 360

tttggcgatt aacaaattgg atagtaatac ccaaccgatg aagttcattg agcaaagggt 420

gtaaacgttt atcgtcgcgc ctttgagtg cataaacttc aattaaacgc tctggcgcgt 480

tgtttaaaaa ggcacttact gcatgaatgc cataaatatt ttcactcacc tactttctct 540

ttttagctga tttcttactg gcttttttcg tggttggtga tggtttaaca acgcttgttt 600

ttcttacgcg acttttactg gtgcttggtt tacgtttatg gcgttgttt tcgagacttt 660

cagcgtagcg tgcatttttc ttgagcttgt ctttggctgt tttgccttct cgtaatgggt 720

tacgctcact cgacactaaa gaaaaatcca cttggcggtt ttcaaggcta actgcttcca 780

cacggatttt taccttatcg ccaatgcggg agatcatacc actattttca ccgattaaac 840

```

gttgtcgagc gagatcaaat tggtagtagt cgttatctaa ggtagaaatg tggactaagc 900
 catcaataaa gaggtcatct aagcggacaa ataagccaaa acctgtcaca gatgaaatca 960
 cacctgtaaa ttcttcgcct acatgatctt gcataatatt gcatttttagc cagtctgcaa 1020
 catcacgagt ggcatcatcg gcccgctggt ctgtcatgga gcagtgggtcg cctaatacat 1080
 ccatgtcatc aagtgtatag tgataccctc ccgtatcagt gggtctccgt ttcgagcctt 1140
 ttagtttggc taacaagtat ttaatccac gatgcaaagt caaatcagga taacggcgaa 1200
 ttggcgaagt aaaatgcgca tattcttcga gtgcaagccc aaagtgccca atattgtcag 1260
 gatgataaac ggcttgactt aacgaacgta atacatgggt tgcaataact catgatctgg 1320
 acgttcgca atttgtcca ataatttagc gtagtctgca gtacttgggt tactgccacc 1380
 ttcaaggctt aaaccacatt cactgaggaa ttggcggaag ccggtcactt tttcttcgct 1440
 tggaccgcga tgaatacgga aaagggctgg ctcttgatgt tttccataa agtttgcgcg 1500
 cgcaatattg gcgaggatca tacattcttc aatgatttta tgcgcatcat tacgaataac 1560
 aggtcactc cgttcgattc gccccatttc attaaacaca aacttacttt caatggtttc 1620
 aaagtcaatg gcgccacgtt gatgacgggc ttccactaag gcttgggtaca ttacatggag 1680
 ttcttttaaa tggggaacca gtgcttgata acgagtacaa agttcttcat cgtcctctaa 1740
 aatacgagca actttggtat aggttaagcg agcatgagag ttcatgaccg cttcataaaa 1800
 ttcatagcct gtgattttac cttttgctga aacattcagc tcacagacca tacataagcg 1860
 atcgacttgt gggtttaatg aacaaagtcc attggagagg atttccggtg gcataggaac 1920
 aacgcgattt gggaaatata ccgagtttcc acgcgcgatgt gcttcggtat caagggcagt 1980
 acgtaaacga acatagtagc tgacatcggc aatggcaacc cacagtttcc aaccgcctcc 2040
 acgttttttc tggcaaaaaa ccgcatcgtc aaaatcgca gcattctcac catcaatggt 2100
 gactaacgga agatggcgta aatcaatacg tcttgatttg gcttcttcg gtacttcttc 2160
 actcagttta gaaacttggt tgaggaccgc gtctggaaaa acatggggaa tatcatgatt 2220
 acggatagca atttccacct ccatcccttt tgccatattt tcaccgagaa tttcgctaatt 2280
 cattccaaca ggttggttaa atgttgcggt acgtgggttt aattcaacta caaccacttg 2340
 tcccatacga gcgccttggc ggtgttcatt cgggaattaaa atgtcgcgat taattcgact 2400
 atcgtcaggt actacataac caataccatc ttctaagaaa aaacgaccaa caatctgttt 2460
 tttacgctgt tgtaagacgc ggacaatccg cacttcttgg cgaccacgac ggtcaaaacc 2520
 gctagggttg gcgaggacat agtcaccgtg cattactcgc tgcatttggc tgttgggtat 2580
 aaaccaatcg ctgtctttac cttcgacttg taaaaacca taaccatcac gatgacctaa 2640
 tacggtccct ttaataaat ccagtttttc cggtaaagcg tagcgtttac gtttagtgaa 2700

```

aaccaattgt cgcgcatttt ccacgcctct taagcgacgg cgcacggctt cttgttgctc 2760
ttcattttga atagcaaattg tggtcagtaa ttctcttttt gagatagggtg cattatgttg 2820
acgaattgta tcaagaataa attcgcgact tgggatcggg ttctcatatt ttgcgagttc 2880
ttcttgatag ttgggatctt gcaaatgtgg attgtttttg atttttgccca taatgactcc 2940
ctttgagaat ggaaatacgc attcgtttta tgacctcaag tttgacactc tgatttggtg 3000
aaagcaagta aaaaacctgt tcgtgactga aacaatctgt actcgcggga tttgtcgtgc 3060
atgaaagcgt aaagacaaag caaatttcga caatttacag aaaattctct gttataaagg 3120
tacatttttt gatacattta gcacaatttt tcaataactca aatcagagtg tccattattt 3180
aatttagttc agcgggaattc tt atg tta ttt aaa aaa att cga ggc tta ttt 3232
Met Leu Phe Lys Lys Ile Arg Gly Leu Phe
1 5 10

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

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

cgc caa gaa cgt tca ggt gca tta aaa agc att gct gcg gtt ggt cgt 3376
Arg Gln Glu Arg Ser Gly Ala Leu Lys Ser Ile Ala Ala Val Gly Arg
45 50 55

gat gcc aaa tta atg tta ggc cgt aca ccg aaa agc att gca gcg att 3424
Asp Ala Lys Leu Met Leu Gly Arg Thr Pro Lys Ser Ile Ala Ala Ile
60 65 70

cgt cct atg aaa gat ggg gtg atc gca gat ttc ttt gtg aca gaa aaa 3472
Arg Pro Met Lys Asp Gly Val Ile Ala Asp Phe Phe Val Thr Glu Lys
75 80 85 90

atg ttg caa tat ttt att aaa caa gtg cac agc agc aat ttt atg cgt 3520
Met Leu Gln Tyr Phe Ile Lys Gln Val His Ser Ser Asn Phe Met Arg
95 100 105

cca agt cca cgt gtc tta gtt tgt gta cct gcg gga gct acg caa gtc 3568
Pro Ser Pro Arg Val Leu Val Cys Val Pro Ala Gly Ala Thr Gln Val
110 115 120

gaa cga cgt gca atc aaa gaa tct gcc att ggt gct ggg gca cgc gag 3616
Glu Arg Arg Ala Ile Lys Glu Ser Ala Ile Gly Ala Gly Ala Arg Glu
125 130 135

gtg tac ttg att gag gaa ccg atg gcg gca gcg att ggt gct aaa tta 3664
Val Tyr Leu Ile Glu Glu Pro Met Ala Ala Ala Ile Gly Ala Lys Leu
140 145 150

cct gtt tcg act gcc aca ggt tcg atg gtg atc gat atc ggt ggt ggt 3712
Pro Val Ser Thr Ala Thr Gly Ser Met Val Ile Asp Ile Gly Gly Gly
155 160 165 170

acg acg gaa gtt gcg gtg att tct tta aat ggc att gtg tat tcc tct 3760
Thr Thr Glu Val Ala Val Ile Ser Leu Asn Gly Ile Val Tyr Ser Ser

```

175	180	185	
tca gtc cgc att ggt ggt gat cgt ttt gat gag gcg att att tct tat			3808
Ser Val Arg Ile Gly Gly Asp Arg Phe Asp Glu Ala Ile Ile Ser Tyr			
190	195	200	
gta cgc aag acg ttc ggt tca att att ggg gaa ccg aca gca gag cgt			3856
Val Arg Lys Thr Phe Gly Ser Ile Ile Gly Glu Pro Thr Ala Glu Arg			
205	210	215	
atc aaa caa gag att ggt agt gcg ttt att caa gaa ggc gat gaa gtc			3904
Ile Lys Gln Glu Ile Gly Ser Ala Phe Ile Gln Glu Gly Asp Glu Val			
220	225	230	
cgt gaa att gaa gtg cat ggt cat aac tta gca gaa ggt gcg ccg cgt			3952
Arg Glu Ile Glu Val His Gly His Asn Leu Ala Glu Gly Ala Pro Arg			
235	240	245	250
tct ttc aaa ctc acc tca cgt gat gtg tta gaa gct att caa gcc ccg			4000
Ser Phe Lys Leu Thr Ser Arg Asp Val Leu Glu Ala Ile Gln Ala Pro			
255	260	265	
tta aat ggc att gtt gcg gca gtg cgc acg gcc ttg gaa gag tgt caa			4048
Leu Asn Gly Ile Val Ala Ala Val Arg Thr Ala Leu Glu Glu Cys Gln			
270	275	280	
cca gaa cat gct gcg gat att ttt gaa cgt ggc atg gtc tta act ggt			4096
Pro Glu His Ala Ala Asp Ile Phe Glu Arg Gly Met Val Leu Thr Gly			
285	290	295	
ggc ggt gcc ctt att cgt aat att gat gtt tta ctg tca aaa gaa acc			4144
Gly Gly Ala Leu Ile Arg Asn Ile Asp Val Leu Leu Ser Lys Glu Thr			
300	305	310	
ggg gtg ccg gtt atc atc gcc gat gat cct tta acc tgt gtt gcc cgt			4192
Gly Val Pro Val Ile Ile Ala Asp Asp Pro Leu Thr Cys Val Ala Arg			
315	320	325	330
ggg ggt ggc gag gca tta gag atg atc gat atg cac ggt ggt gat att			4240
Gly Gly Gly Glu Ala Leu Glu Met Ile Asp Met His Gly Gly Asp Ile			
335	340	345	
ttt agt gac gat atc taatatgatt taaaagtgcg gtgatattag accgcacttt			4295
Phe Ser Asp Asp Ile			
350			
tacttctctt ttattgctga caaggctagc ctaattcgta tatgaaacct atttttggaa			4355
aagcactctc tttaggtctt cgcttaattc tggcgatttt agcatccatt gcattgattg			4415
tttcggacgg tcaatccaat gcgatgatta aagcacgcag tattatggaa accgcagtag			4475
gcgggctgta ttatcttgcc aatacaccga gaacgggtatt ggatgggggt tcagataatt			4535
tggttgatac caataaattg caaattgaaa accgagtttt gcgtgatcaa ctgcgtgaaa			4595
aaaatgcaga ttattgttg ttagatcaac tcaaagtaga aaatcaacgc ctgcgcttat			4655
tgcttaattc cctctacgt acagatgagt ataaaaaat tgctgaagtt ttaacggcag			4715
aaactgatgt gtatcgtaag caagtcgtga ttaaccaagg acaacgtgac ggtgcttatg			4775

tcgggcagcc gattattgat gaaaagggtta ttgttgggca acttatctcc gttggtgaaa 4835
 atacgagtcg cgttcttcta ttgacagatg tgactcattc tattccagta caagtactac 4895
 gtaatgatgt ccgtttgatt gctagtggaa caggacggaa tgatgaactg agtttagatc 4955
 atgtgccgcg ttccggtcgat attgtcaaag gggattttatt agtcacttct ggattagggtg 5015
 ggcgtttttt agaaggttat cctgttgcca ttgtggaatc cgtatcacgt gatgggcaaa 5075
 attattttgc tactgtaaca gcaaagccat tagcttcgat tgaacgttta cgctatgttt 5135
 tgcttttatg gccgacgaat gaagagatgc gcaaagtcca gtctatttca cctgca 5191

<210> 42
 <211> 351
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

<400> 42
 Met Leu Phe Lys Lys Ile Arg Gly Leu Phe Ser Asn Asp Leu Ser Ile
 1 5 10 15
 Asp Leu Gly Thr Ala Asn Thr Leu Ile Tyr Val Lys Gly Gln Gly Ile
 20 25 30
 Val Leu Asp Glu Pro Ser Val Val Ala Ile Arg Gln Glu Arg Ser Gly
 35 40 45
 Ala Leu Lys Ser Ile Ala Ala Val Gly Arg Asp Ala Lys Leu Met Leu
 50 55 60
 Gly Arg Thr Pro Lys Ser Ile Ala Ala Ile Arg Pro Met Lys Asp Gly
 65 70 75 80
 Val Ile Ala Asp Phe Phe Val Thr Glu Lys Met Leu Gln Tyr Phe Ile
 85 90 95
 Lys Gln Val His Ser Ser Asn Phe Met Arg Pro Ser Pro Arg Val Leu
 100 105 110
 Val Cys Val Pro Ala Gly Ala Thr Gln Val Glu Arg Arg Ala Ile Lys
 115 120 125
 Glu Ser Ala Ile Gly Ala Gly Ala Arg Glu Val Tyr Leu Ile Glu Glu
 130 135 140
 Pro Met Ala Ala Ala Ile Gly Ala Lys Leu Pro Val Ser Thr Ala Thr
 145 150 155 160
 Gly Ser Met Val Ile Asp Ile Gly Gly Gly Thr Thr Glu Val Ala Val
 165 170 175
 Ile Ser Leu Asn Gly Ile Val Tyr Ser Ser Ser Val Arg Ile Gly Gly
 180 185 190
 Asp Arg Phe Asp Glu Ala Ile Ile Ser Tyr Val Arg Lys Thr Phe Gly
 195 200 205
 Ser Ile Ile Gly Glu Pro Thr Ala Glu Arg Ile Lys Gln Glu Ile Gly
 210 215 220

Ser Ala Phe Ile Gln Glu Gly Asp Glu Val Arg Glu Ile Glu Val His
 225 230 235 240
 Gly His Asn Leu Ala Glu Gly Ala Pro Arg Ser Phe Lys Leu Thr Ser
 245 250 255
 Arg Asp Val Leu Glu Ala Ile Gln Ala Pro Leu Asn Gly Ile Val Ala
 260 265 270
 Ala Val Arg Thr Ala Leu Glu Glu Cys Gln Pro Glu His Ala Ala Asp
 275 280 285
 Ile Phe Glu Arg Gly Met Val Leu Thr Gly Gly Gly Ala Leu Ile Arg
 290 295 300
 Asn Ile Asp Val Leu Leu Ser Lys Glu Thr Gly Val Pro Val Ile Ile
 305 310 315 320
 Ala Asp Asp Pro Leu Thr Cys Val Ala Arg Gly Gly Gly Glu Ala Leu
 325 330 335
 Glu Met Ile Asp Met His Gly Gly Asp Ile Phe Ser Asp Asp Ile
 340 345 350

<210> 43
 <211> 2172
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1464)

<220>
 <223> pnp

<400> 43
 acc cgc gtt ggg att ggg tgg cac ctg aac cca aat acc gcg tta att 48
 Thr Arg Val Gly Ile Gly Trp His Leu Asn Pro Asn Thr Ala Leu Ile
 1 5 10 15
 gaa aaa gtg aaa gcg att gca gaa gcg cgt tta ggc gaa gca tac cgt 96
 Glu Lys Val Lys Ala Ile Ala Glu Ala Arg Leu Gly Glu Ala Tyr Arg
 20 25 30
 atc act gaa aac aag cac gtt atg aac aaa att gat gcg att aaa gct 144
 Ile Thr Glu Asn Lys His Val Met Asn Lys Ile Asp Ala Ile Lys Ala
 35 40 45
 gat gtg att gca caa atc aca gct gaa gta gca gaa ggc gaa gac atc 192
 Asp Val Ile Ala Gln Ile Thr Ala Glu Val Ala Glu Gly Glu Asp Ile
 50 55 60
 agt gaa ggg aaa att gtc gat att ttc acc gca ctt gaa agc caa atc 240
 Ser Glu Gly Lys Ile Val Asp Ile Phe Thr Ala Leu Glu Ser Gln Ile
 65 70 75 80
 gta cgt agc cgt atc att gct ggt gaa cca cgt att gat ggt cgt aca 288
 Val Arg Ser Arg Ile Ile Ala Gly Glu Pro Arg Ile Asp Gly Arg Thr
 85 90 95

gtg gat act gtt cgt gca tta gat att tgt act ggt gtt tta cca cgt	336
Val Asp Thr Val Arg Ala Leu Asp Ile Cys Thr Gly Val Leu Pro Arg	
100 105 110	
aca cac ggt tct gcg att ttc acc cgt ggt gaa aca cag gcg tta gct	384
Thr His Gly Ser Ala Ile Phe Thr Arg Gly Glu Thr Gln Ala Leu Ala	
115 120 125	
gtc gcg aca tta ggt aca gaa cgt gat gca caa att att gat gaa tta	432
Val Ala Thr Leu Gly Thr Glu Arg Asp Ala Gln Ile Ile Asp Glu Leu	
130 135 140	
aca ggt gag cgt tca gat cac ttc tta ttc cac tac aac ttc ccg cca	480
Thr Gly Glu Arg Ser Asp His Phe Leu Phe His Tyr Asn Phe Pro Pro	
145 150 155 160	
tat tct gtg ggt gaa acc ggt atg att ggt tca cca aaa cgt cgt gaa	528
Tyr Ser Val Gly Glu Thr Gly Met Ile Gly Ser Pro Lys Arg Arg Glu	
165 170 175	
att ggt cat ggt cgt tta gcg aaa cgc ggt gta gct gca gtg atg cca	576
Ile Gly His Gly Arg Leu Ala Lys Arg Gly Val Ala Ala Val Met Pro	
180 185 190	
aca ctt gcc gag ttc ccg tat gtg gta cgt gtt gtc tct gaa atc aca	624
Thr Leu Ala Glu Phe Pro Tyr Val Val Arg Val Val Ser Glu Ile Thr	
195 200 205	
gaa tca aat ggt tct tct tct atg gca tgc gtt tgt ggt gcg tct tta	672
Glu Ser Asn Gly Ser Ser Ser Met Ala Ser Val Cys Gly Ala Ser Leu	
210 215 220	
gca tta atg gat gcg ggt gta cca att aaa gcg gcg gtt gca ggt att	720
Ala Leu Met Asp Ala Gly Val Pro Ile Lys Ala Ala Val Ala Gly Ile	
225 230 235 240	
gca atg ggc tta gtc aaa gaa gac gaa aaa ttt gtg gtg ctt tca gac	768
Ala Met Gly Leu Val Lys Glu Asp Glu Lys Phe Val Val Leu Ser Asp	
245 250 255	
atc tta ggt gat gaa gat cac tta ggt gac atg gac ttc aaa gtc gcg	816
Ile Leu Gly Asp Glu Asp His Leu Gly Asp Met Asp Phe Lys Val Ala	
260 265 270	
ggt aca cgt acg ggt gtg acg gca tta caa atg gat atc aaa atc gaa	864
Gly Thr Arg Thr Gly Val Thr Ala Leu Gln Met Asp Ile Lys Ile Glu	
275 280 285	
ggt atc aca gca gaa atc atg caa att gcg tta aac caa gcg aaa agc	912
Gly Ile Thr Ala Glu Ile Met Gln Ile Ala Leu Asn Gln Ala Lys Ser	
290 295 300	
gca cgt tta cac att tta ggt gtg atg gag caa gcg atc cca gcg cca	960
Ala Arg Leu His Ile Leu Gly Val Met Glu Gln Ala Ile Pro Ala Pro	
305 310 315 320	
cgt gcg gat att tct gat ttt gca ccg cgt att tac act atg aaa att	1008
Arg Ala Asp Ile Ser Asp Phe Ala Pro Arg Ile Tyr Thr Met Lys Ile	
325 330 335	
gat ccg aag aaa atc aaa gat gtg atc ggt aaa ggt ggt gca acc att	1056
Asp Pro Lys Lys Ile Lys Asp Val Ile Gly Lys Gly Gly Ala Thr Ile	

340	345	350	
cgt gcc tta aca gaa gaa aca ggt acc tca att gat atc gat gat gat			1104
Arg Ala Leu Thr Glu Glu Thr Gly Thr Ser Ile Asp Ile Asp Asp Asp			
355	360	365	
ggt acg gtg aag att gct gcg gtt gat ggc aat tca gca aaa gag gtg			1152
Gly Thr Val Lys Ile Ala Ala Val Asp Gly Asn Ser Ala Lys Glu Val			
370	375	380	
atg gcg cgt att gaa gat att act gca gaa gtt gaa gcg ggt gca gtg			1200
Met Ala Arg Ile Glu Asp Ile Thr Ala Glu Val Glu Ala Gly Ala Val			
385	390	395	400
tat aaa ggt aaa gtt act cgt tta gct gat ttt ggt gcc ttc gtt tct			1248
Tyr Lys Gly Lys Val Thr Arg Leu Ala Asp Phe Gly Ala Phe Val Ser			
405	410	415	
atc gta ggt aac aaa gaa ggc tta gtg cat att tct caa atc gcg gaa			1296
Ile Val Gly Asn Lys Glu Gly Leu Val His Ile Ser Gln Ile Ala Glu			
420	425	430	
gag cgt gtt gag aaa gtg agt gat tat ctt gca gtg ggg caa gaa gtg			1344
Glu Arg Val Glu Lys Val Ser Asp Tyr Leu Ala Val Gly Gln Glu Val			
435	440	445	
act gtt aaa gtg gtt gag att gat cgt caa ggt cgt att cgt tta acc			1392
Thr Val Lys Val Val Glu Ile Asp Arg Gln Gly Arg Ile Arg Leu Thr			
450	455	460	
atg aaa gaa gtt gca cca aag caa gaa cac gtt gat tct gtt gtc gca			1440
Met Lys Glu Val Ala Pro Lys Gln Glu His Val Asp Ser Val Val Ala			
465	470	475	480
gac gtt gcc gca gaa gaa aac gca taagcaataa acaccaacgc ccttcgtgat			1494
Asp Val Ala Ala Glu Asn Ala			
485			
aaaggcggtt ggtgtgcatg ttgataagta caatttgtgc ttttaaggcga agcgaaatga			
1554			
agcaatttca tccgtgggta aagtgcctgc taattttccc attttgggta tgttgtttaa			
1614			
cagcttgtgt taatcatgaa caagttttcc tttcaaaaga gaaattaatg ttagcagagc			
1674			
aacatccgaa tgatcatctt gagcatgagg tgatgggtgc gcaaattagc gaattgttac			
1734			
ttgttaaagg gttaaaaaaa gaagaacgtg cgattttaca ttttgagcga ggcggtgctgt			
1794			
acgatagctt aggattgtgg gcattggcgc gttatgattt tgaccaaaca ttagcggtgt			
1854			
atccaaagtt ggcagcagcg ttttaattatt taggtttata tttattgtta gaggaagatt			
1914			
acagcgcac tctagatata tttaatgtgt tgtttgaact tgatcctcaa tatgagtatg			
1974			
cattcctaaa tagagggcta aatttttatt acgtcggacg ttatgaatta gctcagcggg			
2034			
attttcttca attttatcaa gccgataaat cagatccata ccgcacttta tggctttatt			
2094			
taaataaatt aaagcataat cctcaggatg cttctaaaaa tcttgctcaa cgagcaatgg			
2154			
ggctttctga tgaatatt			
2172			

```

<210> 44
<211> 488
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida

<400> 44
Thr Arg Val Gly Ile Gly Trp His Leu Asn Pro Asn Thr Ala Leu Ile
  1           5           10           15
Glu Lys Val Lys Ala Ile Ala Glu Ala Arg Leu Gly Glu Ala Tyr Arg
          20           25           30
Ile Thr Glu Asn Lys His Val Met Asn Lys Ile Asp Ala Ile Lys Ala
          35           40           45
Asp Val Ile Ala Gln Ile Thr Ala Glu Val Ala Glu Gly Glu Asp Ile
          50           55           60
Ser Glu Gly Lys Ile Val Asp Ile Phe Thr Ala Leu Glu Ser Gln Ile
          65           70           75           80
Val Arg Ser Arg Ile Ile Ala Gly Glu Pro Arg Ile Asp Gly Arg Thr
          85           90           95
Val Asp Thr Val Arg Ala Leu Asp Ile Cys Thr Gly Val Leu Pro Arg
          100          105          110
Thr His Gly Ser Ala Ile Phe Thr Arg Gly Glu Thr Gln Ala Leu Ala
          115          120          125
Val Ala Thr Leu Gly Thr Glu Arg Asp Ala Gln Ile Ile Asp Glu Leu
          130          135          140
Thr Gly Glu Arg Ser Asp His Phe Leu Phe His Tyr Asn Phe Pro Pro
          145          150          155          160
Tyr Ser Val Gly Glu Thr Gly Met Ile Gly Ser Pro Lys Arg Arg Glu
          165          170          175
Ile Gly His Gly Arg Leu Ala Lys Arg Gly Val Ala Ala Val Met Pro
          180          185          190
Thr Leu Ala Glu Phe Pro Tyr Val Val Arg Val Val Ser Glu Ile Thr
          195          200          205
Glu Ser Asn Gly Ser Ser Ser Met Ala Ser Val Cys Gly Ala Ser Leu
          210          215          220
Ala Leu Met Asp Ala Gly Val Pro Ile Lys Ala Ala Val Ala Gly Ile
          225          230          235          240
Ala Met Gly Leu Val Lys Glu Asp Glu Lys Phe Val Val Leu Ser Asp
          245          250          255
Ile Leu Gly Asp Glu Asp His Leu Gly Asp Met Asp Phe Lys Val Ala
          260          265          270
Gly Thr Arg Thr Gly Val Thr Ala Leu Gln Met Asp Ile Lys Ile Glu
          275          280          285
Gly Ile Thr Ala Glu Ile Met Gln Ile Ala Leu Asn Gln Ala Lys Ser
          290          295          300

```

Ala Arg Leu His Ile Leu Gly Val Met Glu Gln Ala Ile Pro Ala Pro
 305 310 315 320

Arg Ala Asp Ile Ser Asp Phe Ala Pro Arg Ile Tyr Thr Met Lys Ile
 325 330 335

Asp Pro Lys Lys Ile Lys Asp Val Ile Gly Lys Gly Gly Ala Thr Ile
 340 345 350

Arg Ala Leu Thr Glu Glu Thr Gly Thr Ser Ile Asp Ile Asp Asp Asp
 355 360 365

Gly Thr Val Lys Ile Ala Ala Val Asp Gly Asn Ser Ala Lys Glu Val
 370 375 380

Met Ala Arg Ile Glu Asp Ile Thr Ala Glu Val Glu Ala Gly Ala Val
 385 390 395 400

Tyr Lys Gly Lys Val Thr Arg Leu Ala Asp Phe Gly Ala Phe Val Ser
 405 410 415

Ile Val Gly Asn Lys Glu Gly Leu Val His Ile Ser Gln Ile Ala Glu
 420 425 430

Glu Arg Val Glu Lys Val Ser Asp Tyr Leu Ala Val Gly Gln Glu Val
 435 440 445

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

Met Lys Glu Val Ala Pro Lys Gln Glu His Val Asp Ser Val Val Ala
 465 470 475 480

Asp Val Ala Ala Glu Glu Asn Ala
 485

<210> 45
 <211> 633
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (2)..(631)

<220>
 <223> purF

<400> 45
 c gat ggg gtt tct gtt tat gct gcc cgt gtt cat atg gga caa cgt tta 49
 Asp Gly Val Ser Val Tyr Ala Ala Arg Val His Met Gly Gln Arg Leu
 1 5 10 15

ggt gaa aaa att gca cgg gaa tgg gcg gat gtg gat gat att gat gtg 97
 Gly Glu Lys Ile Ala Arg Glu Trp Ala Asp Val Asp Asp Ile Asp Val
 20 25 30

gtc att cct gtg cct gaa acc tct aac gat att gct tta cgt att gcg 145
 Val Ile Pro Val Pro Glu Thr Ser Asn Asp Ile Ala Leu Arg Ile Ala
 35 40 45

cgc gtg tta aat aaa ccg tat cgt caa ggt ttt gtg aaa aat cgc tat	193
Arg Val Leu Asn Lys Pro Tyr Arg Gln Gly Phe Val Lys Asn Arg Tyr	
50 55 60	
gta gga cgt acg ttt att atg ccg ggg cag gca ttg cga gtc agt tct	241
Val Gly Arg Thr Phe Ile Met Pro Gly Gln Ala Leu Arg Val Ser Ser	
65 70 75 80	
gtt aga cgt aaa ctg aat acc att gct tca gaa ttt aaa gat aag aat	289
Val Arg Arg Lys Leu Asn Thr Ile Ala Ser Glu Phe Lys Asp Lys Asn	
85 90 95	
gtg tta tta gtt gac gac tcg att gta cgt ggt acc acg tct gaa caa	337
Val Leu Leu Val Asp Asp Ser Ile Val Arg Gly Thr Thr Ser Glu Gln	
100 105 110	
att gtc gaa atg gcg aga gcg gca ggt gcg aag aaa att tat ttt gcc	385
Ile Val Glu Met Ala Arg Ala Ala Gly Ala Lys Lys Ile Tyr Phe Ala	
115 120 125	
tct gct gca cca gaa att cgt tat cca aat gtg tat ggt att gat atg	433
Ser Ala Ala Pro Glu Ile Arg Tyr Pro Asn Val Tyr Gly Ile Asp Met	
130 135 140	
cca acc aaa aat gaa ttg atc gct tat ggt cgt gat gta gat gaa att	481
Pro Thr Lys Asn Glu Leu Ile Ala Tyr Gly Arg Asp Val Asp Glu Ile	
145 150 155 160	
gct aac tta att ggt gtg gat aaa ttg att ttc caa gat ttg gat gcg	529
Ala Asn Leu Ile Gly Val Asp Lys Leu Ile Phe Gln Asp Leu Asp Ala	
165 170 175	
tta act ggt tct gtg caa caa gaa aat cca agt att caa gac ttt gat	577
Leu Thr Gly Ser Val Gln Gln Glu Asn Pro Ser Ile Gln Asp Phe Asp	
180 185 190	
tgt tcg gtg ttt aca ggg gtt tat gtg acg ggc gat att aca cct gaa	625
Cys Ser Val Phe Thr Gly Val Tyr Val Thr Gly Asp Ile Thr Pro Glu	
195 200 205	
tat ctg ga	633
Tyr Leu	
210	
<210> 46	
<211> 210	
<212> PRT	
<213> Pasteurella multocida	
<400> 46	
Asp Gly Val Ser Val Tyr Ala Ala Arg Val His Met Gly Gln Arg Leu	
1 5 10 15	
Gly Glu Lys Ile Ala Arg Glu Trp Ala Asp Val Asp Asp Ile Asp Val	
20 25 30	
Val Ile Pro Val Pro Glu Thr Ser Asn Asp Ile Ala Leu Arg Ile Ala	
35 40 45	
Arg Val Leu Asn Lys Pro Tyr Arg Gln Gly Phe Val Lys Asn Arg Tyr	
50 55 60	

Val Gly Arg Thr Phe Ile Met Pro Gly Gln Ala Leu Arg Val Ser Ser
 65 70 75 80
 Val Arg Arg Lys Leu Asn Thr Ile Ala Ser Glu Phe Lys Asp Lys Asn
 85 90 95
 Val Leu Leu Val Asp Asp Ser Ile Val Arg Gly Thr Thr Ser Glu Gln
 100 105 110
 Ile Val Glu Met Ala Arg Ala Ala Gly Ala Lys Lys Ile Tyr Phe Ala
 115 120 125
 Ser Ala Ala Pro Glu Ile Arg Tyr Pro Asn Val Tyr Gly Ile Asp Met
 130 135 140
 Pro Thr Lys Asn Glu Leu Ile Ala Tyr Gly Arg Asp Val Asp Glu Ile
 145 150 155 160
 Ala Asn Leu Ile Gly Val Asp Lys Leu Ile Phe Gln Asp Leu Asp Ala
 165 170 175
 Leu Thr Gly Ser Val Gln Gln Glu Asn Pro Ser Ile Gln Asp Phe Asp
 180 185 190
 Cys Ser Val Phe Thr Gly Val Tyr Val Thr Gly Asp Ile Thr Pro Glu
 195 200 205
 Tyr Leu
 210

<210> 47
 <211> 4788
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(876)

<220>
 <223> rci

<400> 47
 gac gag gag aga aaa tta gct gat ttg gca aaa ggt atc gct cca gat 48
 Asp Glu Glu Arg Lys Leu Ala Asp Leu Ala Lys Gly Ile Ala Pro Asp
 1 5 10 15
 att att ttt aga gat gta ata gaa cgc tat caa aat gaa gtg tct ata 96
 Ile Ile Phe Arg Asp Val Ile Glu Arg Tyr Gln Asn Glu Val Ser Ile
 20 25 30
 act aaa aaa ggc gcg cga aat gaa att ata aga tta aac cgc ttt tta 144
 Thr Lys Lys Gly Ala Arg Asn Glu Ile Ile Arg Leu Asn Arg Phe Leu
 35 40 45
 aga tat gat att tct aat ctg tat att cgt gat tta aga aaa gaa gat 192
 Arg Tyr Asp Ile Ser Asn Leu Tyr Ile Arg Asp Leu Arg Lys Glu Asp
 50 55 60
 ttt gag gag tgg atc aga att cgc cta acc gaa gta tcg gat gct agc 240
 Phe Glu Glu Trp Ile Arg Ile Arg Leu Thr Glu Val Ser Asp Ala Ser

65	70	75	80	
ggt aga cgt gag ctt gtt act ata tct tca gtg ctg aca aca gca ata				288
Val Arg Arg Glu Leu Val Thr Ile Ser Ser Val Leu Thr Thr Ala Ile				
	85	90	95	
aat aag tgg gga tat att tca agg cat cca atg act ggt att gaa aaa				336
Asn Lys Trp Gly Tyr Ile Ser Arg His Pro Met Thr Gly Ile Glu Lys				
	100	105	110	
cca aaa aac tct gca gaa aga aaa gaa cga tat tca gaa cag gac att				384
Pro Lys Asn Ser Ala Glu Arg Lys Glu Arg Tyr Ser Glu Gln Asp Ile				
	115	120	125	
aaa aca ata tta gaa aca gct aga tat tgt gaa gat aaa cta ccc ata				432
Lys Thr Ile Leu Glu Thr Ala Arg Tyr Cys Glu Asp Lys Leu Pro Ile				
	130	135	140	
aca ctc aaa caa aga gta gca att gca atg tta ttt gct att gaa acc				480
Thr Leu Lys Gln Arg Val Ala Ile Ala Met Leu Phe Ala Ile Glu Thr				
	145	150	155	160
gct atg cgt gct ggt gag att gct agt ata aaa tgg gat aat gtt ttt				528
Ala Met Arg Ala Gly Glu Ile Ala Ser Ile Lys Trp Asp Asn Val Phe				
	165	170	175	
ctt gaa aag aga ata gta cat tta ccg aca act aaa aac ggg cac tct				576
Leu Glu Lys Arg Ile Val His Leu Pro Thr Thr Lys Asn Gly His Ser				
	180	185	190	
aga gat gtg ccg ctt tct caa aga gct gtt gcg cta att tta aaa atg				624
Arg Asp Val Pro Leu Ser Gln Arg Ala Val Ala Leu Ile Leu Lys Met				
	195	200	205	
aaa gag gta gaa aat gga gat ctt gtg ttt cag acc acg cct gaa tca				672
Lys Glu Val Glu Asn Gly Asp Leu Val Phe Gln Thr Thr Pro Glu Ser				
	210	215	220	
tta agc acc acg ttt aga gtg tta aag aaa gag tgt gga ctt gaa cat				720
Leu Ser Thr Thr Phe Arg Val Leu Lys Lys Glu Cys Gly Leu Glu His				
	225	230	235	240
ctc cat ttt cat gat acg aga agg gaa gcg ttg acg aga tta tct aag				768
Leu His Phe His Asp Thr Arg Arg Glu Ala Leu Thr Arg Leu Ser Lys				
	245	250	255	
aaa gta gat gta atg act cta gcc aaa att agc gga cat aga gat tta				816
Lys Val Asp Val Met Thr Leu Ala Lys Ile Ser Gly His Arg Asp Leu				
	260	265	270	
aga att tta caa aac aca tat tac gca ccg aat atg agt gaa gtg gca				864
Arg Ile Leu Gln Asn Thr Tyr Tyr Ala Pro Asn Met Ser Glu Val Ala				
	275	280	285	
aac ttg ttg gat taattcactc ttcttaaata cgccttttgc cacttgatta				916
Asn Leu Leu Asp				
	290			
catcgccagc cttatatctt ttactttcat tacttcttt ttctaatagaa actggggatg				976
gaaagtcttg gcgggtaata atatgacgag atgtgtaatt gtaagaacga ttaatcatga				1036

tagaaatgtc ttcaatacta agaagaactg gactatcttc ttttaagttga gctaaggctc 1096
 caaacctcac agagcgtagc acttcatctt gtgtgttctt tgtagagaa atattttcca 1156
 tttttacctc acttaaataa aaaagccgtc atggacggct taataaagca tttcgctata 1216
 cagttctttt gaggtgtacc caatatacga cttgatttga ttgttttggt ttgcgatttc 1276
 cagtgtcttc tttcgatcaa caaatcttcc gaagttggta ataacaccct gtttcttacc 1336
 aattagcgga tattgtgtac cgttctcaat agatttaatt tgtttacgca taaacatgtc 1396
 atagtgtctc gcgccagtc ctaaatagaag ttcttttggt gtgtaatctt caagctcgca 1456
 cgcagcgcag acgattaatt ctggacgacg tcccatcttc ctatctccga gcatttttca 1516
 tagcctcaaa ccaagcttgt gcgtctcctt cactgtaaaa taatgaaccg ctttctagca 1576
 tttttctgtg cttatctcta ttagcatcaa aatagaatct aataattgtt gagttacctc 1636
 ttttaaagac ctcttgattg tgggtgtgtg ttttgattgg agcgggcaaa gtaagcgta 1696
 ctgttggcg tggttcttcc cacattccga ctatatcaaa tggattttct aaatgcggat 1756
 atttgttatg ttcaaaaaa gaagatccat caatcgtcca agaatttctc tcaaattgtg 1816
 tcttgctctt gccaatgtga aatacacctt gatataagaa agtggtgaac ggaaagaact 1876
 ttgaataatc agcagttaca tatcctttac ttccatttct aagcacaact ggctcaccgg 1936
 ttaatgcttt ttctaagtca aatgctttca ttttttactc tccagcttgc tcatcaataa 1996
 gctcatcaat ccattctcga atttcagatt ggaaattttc taacgaatta ttttcattaa 2056
 aataatctgc ttcttttaac ttactcaccg ctgttttact aaagcattta taaaaagac 2116
 gcttttcttc aaacaaatca tcttttgaga ttgcgcatac ttttctacg cctctatatac 2176
 ttttgtcttg aataaaacta ttaaaaagaa cctcttcttg ctgcttggtt tctactaaaa 2236
 tagaaatcgt atattttttt ggatattcca tttttaatcc tttcttttag ataacaaaaa 2296
 accgcatttc tgcggttatt ctgtgtattt atttaaaata ttacttatag tttcagcacc 2356
 ttctaattgt aatttagaat agcttgaggt catttttctt ttaacggcaa tctcaattc 2416
 ttccagcttt aagctataca agtagctttt tttatcttta taaatacgac cgtacaccat 2476
 tccggataat ttaccttctt cataccatt agataaattg atctttctat ctgcaccgcg 2536
 cactctaatt gttaaatatt ttcttccaat ttttaagact tcagcctcat gttcaatgtt 2596
 tgagcgcacg agtggtttct aaaaatatac ggtatcgcca actttaagat ttttaatcca 2656
 atctttatc ataaataccc ttatacttcc ggtggcagtg gaagtgggtg ccaatgagtt 2716
 actgaagata gatggtaagt acgaagagac ataaagaaaa catcatctcg ccacgcgatt 2776
 tttatttccc ctctatctgt ataaatcaga atatctctc tctcactggg caatctatct 2836
 tttacactaa tccagccatc atcttgcgaa aattccacaa tttctgggtt ttcaagcacc 2896

aaatcagagc cgtaatcttc tttttcctct tcgtccaact gcttttcctt gcagtcagcc 2956
 ttgccaaagg cgacaccgta cacggcataa ggtaaatcat tcaacgcaaa atcctcatga 3016
 tcacacatat catctgcgaa ctcatgagct tctactgcac catctaaaca actttgctta 3076
 gcttgatnta atgtttcgtg taagttaacg atatgtatgt cattagatac atctactgag 3136
 aaaaatTTTT tttctgtttc tatcatagtt aaattcctta ttcttttatt aatgggagag 3196
 gaatcggttg ccagtgtgta acgttaatag ctgatcataa aattggacca ttctgattta 3256
 tagctaccca aaaatattca ccatacagca tttctcttga tgcaattgcg taatgctcgc 3316
 catattcacc ttcacaaaaa gcaatgactg gtgtttcaac ttctggtaac ttgtcatcaa 3376
 cactaatcca gttgctatat tcccaatgaa aattaagctt ctcatagcca ttgatgactt 3436
 gatctaacgc aggtcttaat tgggtttctc caacaataat atgtgttgtt atcttaatct 3496
 ctgggattcc atctattact tcacaccagt ttttttcaat aaagtccaat ctttttttat 3556
 ctgctaaaag actttcatat tctgcttttg tgattgttac tgtttctgtc atagttaaat 3616
 tctcatgat aaattccatg ttattttacc tttttctgg cacaaaaaa cacgctattg 3676
 cgtgctgtct tgattgatat aatcaattaa tctaagccca atccatttca taactggaac 3736
 agccatactg tttccaattg ctttgtatcg tggagaatca gggcattcat ctattgattt 3796
 gttgcgatat gggattttag tgtaatcgtc tggaaatccc tgtaatcttt cacactcacg 3856
 cggcgtagt tttctaaca ctgattctac tgataaagca acgcaaggaa cattattacc 3916
 accagttccc attcttgctt ttaagggttg tgaaatatca tcgtgaatac gacaagcttc 3976
 ttcacctta acctcaata gaatatttc caatctcca tttcttcca tgcaatgcgc 4036
 tgtattttta gaaatgattg gatcttgta accgtgaaca acaaaagttt cactaccgcc 4096
 agcaagaact ccaccgctg ctcttaatgt tcccgcaaca tcggatttgc gatattgagc 4156
 aaagcttgc tcaataaagg cggcaatctc ttttgcctgc gttccgctct gttcaatatt 4216
 cctcgcacg cttttggact caatgagtat ttgtgcaaca cttcgttttc tagcaattgc 4276
 cacaagaaac actcttttac gacgttgggc aactccgaag tattgagcat cgagaactcg 4336
 ccagcagatt gtccggattg aatgcacata accagcgttc gtccatcttc tccctgtgtg 4396
 ctgcaatggc tcacactctt gaaccagtc agccagaagg tgtccgaatg cgttgtccga 4456
 ggtggatagc acaccggaa cgttttccca cacgagaatg cacggtggtt tgttgtcatt 4516
 gaatctaaca tagtcgatcg ctctaaaaat ttaattaaa actaacgtga gatttctcgc 4576
 ctcatcgtct aaactttgac gattgccagc aactgaaaaa gattgacaag gattaccacc 4636
 aactaaaacg tctggtgccg gaatttcacg atctaataat ttctgttgca attcagtcac 4696
 atcaccaaga ttgggaacgt tagggtaatg gtaagctaact actgcgcttg ggaattgctc 4756

aatttcagaa aaccagagtg gctctgcgaa tt

4788

<210> 48

<211> 292

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 48

Asp	Glu	Glu	Arg	Lys	Leu	Ala	Asp	Leu	Ala	Lys	Gly	Ile	Ala	Pro	Asp
1				5					10					15	

Ile	Ile	Phe	Arg	Asp	Val	Ile	Glu	Arg	Tyr	Gln	Asn	Glu	Val	Ser	Ile
			20					25					30		

Thr	Lys	Lys	Gly	Ala	Arg	Asn	Glu	Ile	Ile	Arg	Leu	Asn	Arg	Phe	Leu
	35						40					45			

Arg	Tyr	Asp	Ile	Ser	Asn	Leu	Tyr	Ile	Arg	Asp	Leu	Arg	Lys	Glu	Asp
	50					55					60				

Phe	Glu	Glu	Trp	Ile	Arg	Ile	Arg	Leu	Thr	Glu	Val	Ser	Asp	Ala	Ser
65					70					75					80

Val	Arg	Arg	Glu	Leu	Val	Thr	Ile	Ser	Ser	Val	Leu	Thr	Thr	Ala	Ile
				85						90				95	

Asn	Lys	Trp	Gly	Tyr	Ile	Ser	Arg	His	Pro	Met	Thr	Gly	Ile	Glu	Lys
		100						105					110		

Pro	Lys	Asn	Ser	Ala	Glu	Arg	Lys	Glu	Arg	Tyr	Ser	Glu	Gln	Asp	Ile
		115					120					125			

Lys	Thr	Ile	Leu	Glu	Thr	Ala	Arg	Tyr	Cys	Glu	Asp	Lys	Leu	Pro	Ile
	130					135					140				

Thr	Leu	Lys	Gln	Arg	Val	Ala	Ile	Ala	Met	Leu	Phe	Ala	Ile	Glu	Thr
145					150					155				160	

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

Leu	Glu	Lys	Arg	Ile	Val	His	Leu	Pro	Thr	Thr	Lys	Asn	Gly	His	Ser
		180						185					190		

Arg	Asp	Val	Pro	Leu	Ser	Gln	Arg	Ala	Val	Ala	Leu	Ile	Leu	Lys	Met
	195						200					205			

Lys	Glu	Val	Glu	Asn	Gly	Asp	Leu	Val	Phe	Gln	Thr	Thr	Pro	Glu	Ser
	210					215					220				

Leu	Ser	Thr	Thr	Phe	Arg	Val	Leu	Lys	Lys	Glu	Cys	Gly	Leu	Glu	His
225					230					235				240	

Leu	His	Phe	His	Asp	Thr	Arg	Arg	Glu	Ala	Leu	Thr	Arg	Leu	Ser	Lys
			245						250					255	

Lys	Val	Asp	Val	Met	Thr	Leu	Ala	Lys	Ile	Ser	Gly	His	Arg	Asp	Leu
		260						265					270		

Arg	Ile	Leu	Gln	Asn	Thr	Tyr	Tyr	Ala	Pro	Asn	Met	Ser	Glu	Val	Ala
	275						280						285		

Asn Leu Leu Asp
290

<210> 49
<211> 1618
<212> DNA
<213> Pasteurella multocida

<220>
<221> CDS
<222> (2)..(1195)

<220>
<223> sopE

<400> 49
g ggc gat cta tgt ctg aaa ata tct aca tgg tgt caa agt cac aga atc 49
Gly Asp Leu Cys Leu Lys Ile Ser Thr Trp Cys Gln Ser His Arg Ile
1 5 10 15
aat caa gca att cgc aca att caa agt cta tca acc gca gtc atc ggt 97
Asn Gln Ala Ile Arg Thr Ile Gln Ser Leu Ser Thr Ala Val Ile Gly
20 25 30
att gtc tgt act gca aat gac gca gac aat gaa aca ttc cca ctc aat 145
Ile Val Cys Thr Ala Asn Asp Ala Asp Asn Glu Thr Phe Pro Leu Asn
35 40 45
gaa ccc gtt ctc atc aca aac gtg gca gcg gca att ggc aag gct gga 193
Glu Pro Val Leu Ile Thr Asn Val Ala Ala Ile Gly Lys Ala Gly
50 55 60
aaa caa ggc acg ctt tca cgt gcg ctt gac ggg att tct gat gta gtc 241
Lys Gln Gly Thr Leu Ser Arg Ala Leu Asp Gly Ile Ser Asp Val Val
65 70 75 80
aat tgc aaa gtg att gtt gtg cga gtg caa gaa agt gcg caa gaa gac 289
Asn Cys Lys Val Ile Val Val Arg Val Gln Glu Ser Ala Gln Glu Asp
85 90 95
gaa gaa aca aaa gca agt gaa atg aac acg gca att att ggc aca atc 337
Glu Glu Thr Lys Ala Ser Glu Met Asn Thr Ala Ile Ile Gly Thr Ile
100 105 110
aca gaa gaa ggg cag tac aca ggc ttg aag gcg tta ttg att gcg aaa 385
Thr Glu Glu Gly Gln Tyr Thr Gly Leu Lys Ala Leu Leu Ile Ala Lys
115 120 125
aac aaa ttc ggt atc aaa cca cgt att tta tgt gtg cca aaa ttc gac 433
Asn Lys Phe Gly Ile Lys Pro Arg Ile Leu Cys Val Pro Lys Phe Asp
130 135 140
aca aaa gaa gtc gcc aca gag ctt gca agt atc gcc gcc aaa ctc aac 481
Thr Lys Glu Val Ala Thr Glu Leu Ala Ser Ile Ala Ala Lys Leu Asn
145 150 155 160
gca ttt gct tac att tca tgt caa ggg tgt aaa acg aaa gaa caa gcg 529
Ala Phe Ala Tyr Ile Ser Cys Gln Gly Cys Lys Thr Lys Glu Gln Ala
165 170 175
gtg caa tat aaa cgc aac ttc tca caa cgt gaa gtc atg ctg atc atg 577

Val	Gln	Tyr	Lys	Arg	Asn	Phe	Ser	Gln	Arg	Glu	Val	Met	Leu	Ile	Met	
			180						185			190				
ggc Gly	gat Asp	ttt Phe	ctg Leu	tca Ser	ttt Phe	aat Asn	gtc Val	aac Asn	aca Thr	tca Ser	aaa Lys	gtt Val	gag Glu	att Ile	gac Asp	625
			195			200			205							
tat Tyr	gcc Ala	gtc Val	act Thr	cgt Arg	gcg Ala	gcg Ala	gca Ala	atg Met	cgt Arg	gca Ala	tat Tyr	ctt Leu	gat Asp	aaa Lys	gaa Glu	673
			210			215			220							
cag Gln	ggc Gly	tgg Trp	cat His	acg Thr	tct Ser	att Ile	tca Ser	aat Asn	aaa Lys	ggc Gly	att Ile	aat Asn	ggc Gly	gtg Val	agc Ser	721
			225			230			235			240				
ggt Gly	gtc Val	aca Thr	caa Gln	cca Pro	ctc Leu	tat Tyr	ttt Phe	gac Asp	att Ile	aac Asn	gac Asp	agc Ser	tgc Ser	act Thr	gat Asp	769
			245			250			255							
gtg Val	aac Asn	tat Tyr	ctc Leu	aat Asn	gaa Glu	caa Gln	ggc Gly	atc Ile	acg Thr	tgt Cys	tgc Cys	gtg Val	aat Asn	cat His	aat Asn	817
			260			265			270							
ggc Gly	ttt Phe	cgt Arg	ttt Phe	tgg Trp	ggc Gly	tta Leu	cgc Arg	acg Thr	act Thr	gca Ala	gaa Glu	gat Asp	cca Pro	tta Leu	ttc Phe	865
			275			280			285							
aag Lys	ttt Phe	gaa Glu	gtg Val	tac Tyr	acc Thr	cgc Arg	act Thr	gca Ala	caa Gln	atc Ile	tta Leu	aaa Lys	gat Asp	acg Thr	att Ile	913
			290			295			300							
gca Ala	ggg Gly	gcg Ala	ttt Phe	gat Asp	tgg Trp	gca Ala	gtg Val	gat Asp	aaa Lys	gat Asp	att Ile	tct Ser	gtc Val	acg Thr	cta Leu	961
			305			310			315			320				
gtg Val	aaa Lys	gat Asp	att Ile	att Ile	gaa Glu	gca Ala	atc Ile	aat Asn	gcg Ala	aag Lys	tgg Trp	cgt Arg	gat Asp	tac Tyr	acc Thr	1009
			325			330			335							
aca Thr	aaa Lys	ggc Gly	tac Tyr	tta Leu	att Ile	ggc Gly	ggt Gly	aaa Lys	gcg Ala	tgg Trp	ctt Leu	aat Asn	aaa Lys	gag Glu	ctt Leu	1057
			340			345			350							
aac Asn	agt Ser	gca Ala	acg Thr	aat Asn	tta Leu	aaa Lys	gat Asp	gcg Ala	aag Lys	tgg Leu	tgg Leu	atc Ile	tct Ser	tat Tyr	gat Asp	1105
			355			360			365							
tat Tyr	cac His	cca Pro	gta Val	cca Pro	ccg Pro	ctc Leu	gaa Glu	cag Gln	cta Leu	ggc Gly	ttt Phe	aat Asn	cag Gln	tac Tyr	att Ile	1153
			370			375			380							
tct Ser	gat Asp	gaa Glu	tac Tyr	ctt Leu	gtt Val	gat Asp	ttt Phe	tca Ser	aat Asn	cgt Arg	tta Leu	gca Ala	tgc Ser			1195
			385			390			395							
taaggggtag aaaatggctt taccacgcaa acttaaaattg atgaatttaa tcatcgacgg 1255																
taacaaatat ctccggcgaag tcacggaagt gactcaacca aaattagcaa tgaaaatcga 1315																
agaatttcgc gcgggcggta tgattgggttc ggtggatgtc aatctcgggc ttgaaaagct 1375																
cgaagcggaa tttaaagccg gtggctacat ggtcgaatta attaaaaaat tcggcqqgtc 1435																

aatcaacggc attccattgc gttttcttgg ctcatatcag cgtgatgaca cagaagaagt 1495
 cacatctgtt gagcttgtga tgcaaggctg atttactgaa attgacagcg gaaacagcaa 1555
 agtgggcgat gacactgaac aaacattcaa agtgccttta acgtattaca aaatcattgt 1615
 tga 1618

<210> 50
 <211> 398
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

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

Val Asn Tyr Leu Asn Glu Gln Gly Ile Thr Cys Cys Val Asn His Asn
 260 265 270

Gly Phe Arg Phe Trp Gly Leu Arg Thr Thr Ala Glu Asp Pro Leu Phe
 275 280 285

Lys Phe Glu Val Tyr Thr Arg Thr Ala Gln Ile Leu Lys Asp Thr Ile
 290 295 300

Ala Gly Ala Phe Asp Trp Ala Val Asp Lys Asp Ile Ser Val Thr Leu
 305 310 315 320

Val Lys Asp Ile Ile Glu Ala Ile Asn Ala Lys Trp Arg Asp Tyr Thr
 325 330 335

Thr Lys Gly Tyr Leu Ile Gly Gly Lys Ala Trp Leu Asn Lys Glu Leu
 340 345 350

Asn Ser Ala Thr Asn Leu Lys Asp Ala Lys Leu Leu Ile Ser Tyr Asp
 355 360 365

Tyr His Pro Val Pro Pro Leu Glu Gln Leu Gly Phe Asn Gln Tyr Ile
 370 375 380

Ser Asp Glu Tyr Leu Val Asp Phe Ser Asn Arg Leu Ala Ser
 385 390 395

<210> 51
 <211> 353
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(351)

<220>
 <223> unknown C1

<400> 51
 atg aca tta ttt gat gaa tgt aaa tta gct ctt aga gac gat ttt aat 48
 Met Thr Leu Phe Asp Glu Cys Lys Leu Ala Leu Arg Asp Asp Phe Asn
 1 5 10 15

cta att tgt gat gaa gag aag gat tgt gta atg gat aag ttt tat ttc 96
 Leu Ile Cys Asp Glu Glu Lys Asp Cys Val Met Asp Lys Phe Tyr Phe
 20 25 30

tat ttc ttg gaa aag aaa gag gaa ttt aat ttt caa gat tat tca ttt 144
 Tyr Phe Leu Glu Lys Lys Glu Glu Phe Asn Phe Gln Asp Tyr Ser Phe
 35 40 45

gaa gaa atg tat ata ttt tca aaa atg gaa cct gtg tat gtt tta tgt 192
 Glu Glu Met Tyr Ile Phe Ser Lys Met Glu Pro Val Tyr Val Leu Cys
 50 55 60

gat agc tct aat ata cct ttg ttt agg agt aat tgg gaa ttg att atc 240
 Asp Ser Ser Asn Ile Pro Leu Phe Arg Ser Asn Trp Glu Leu Ile Ile
 65 70 75 80

aat aat ata tat gat gtt gtc tgt tta tct aca aaa gta ttt ttt cta 288

Asn Asn Ile Tyr Asp Val Val Cys Leu Ser Thr Lys Val Phe Phe Leu
 85 90 95
 gat gat gaa aag tta atg atg gaa tta ttt cct gaa gat aaa gta aga 336
 Asp Asp Glu Lys Leu Met Met Glu Leu Phe Pro Glu Asp Lys Val Arg
 100 105 110
 gtc atc tat aaa aga ta 353
 Val Ile Tyr Lys Arg
 115

<210> 52
 <211> 117
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

<400> 52
 Met Thr Leu Phe Asp Glu Cys Lys Leu Ala Leu Arg Asp Asp Phe Asn
 1 5 10 15
 Leu Ile Cys Asp Glu Glu Lys Asp Cys Val Met Asp Lys Phe Tyr Phe
 20 25 30
 Tyr Phe Leu Glu Lys Lys Glu Glu Phe Asn Phe Gln Asp Tyr Ser Phe
 35 40 45
 Glu Glu Met Tyr Ile Phe Ser Lys Met Glu Pro Val Tyr Val Leu Cys
 50 55 60
 Asp Ser Ser Asn Ile Pro Leu Phe Arg Ser Asn Trp Glu Leu Ile Ile
 65 70 75 80
 Asn Asn Ile Tyr Asp Val Val Cys Leu Ser Thr Lys Val Phe Phe Leu
 85 90 95
 Asp Asp Glu Lys Leu Met Met Glu Leu Phe Pro Glu Asp Lys Val Arg
 100 105 110
 Val Ile Tyr Lys Arg
 115

<210> 53
 <211> 509
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(507)

<220>
 <223> unknown C2

<400> 53
 atg aaa aat ttt agg aat ata aat att tat agt gat tat gga aag gtt 48
 Met Lys Asn Phe Arg Asn Ile Asn Ile Tyr Ser Asp Tyr Gly Lys Val
 1 5 10 15
 gat aag gaa att ata tta gaa ttc gaa aat gaa ttt aat ata aag ctt 96
 Asp Lys Glu Ile Ile Leu Glu Phe Glu Asn Glu Phe Asn Ile Lys Leu

20										25										30										
cct	tct	tta	tac	ata	gat	tta	att	acg	gcg	cat	aat	gct	ccg	aag	agt	144														
Pro	Ser	Leu	Tyr	Ile	Asp	Leu	Ile	Thr	Ala	His	Asn	Ala	Pro	Lys	Ser															
35					40					45																				
gaa	gag	aat	tgc	ttt	gaa	tat	tac	aat	gag	cgt	aat	gag	ccc	acg	ttt	192														
Glu	Glu	Asn	Cys	Phe	Glu	Tyr	Tyr	Asn	Glu	Arg	Asn	Glu	Pro	Thr	Phe															
50					55					60																				
tct	tcc	ttt	gga	ttt	gaa	ggg	ttt	gag	aca	gag	cgg	tct	agc	gcc	tct	240														
Ser	Ser	Phe	Gly	Phe	Glu	Gly	Phe	Glu	Thr	Glu	Arg	Ser	Ser	Ala	Ser															
65					70					75					80															
ctt	gaa	aat	ata	tat	gct	cag	tat	att	tat	gat	gat	cca	atc	tat	ggg	288														
Leu	Glu	Asn	Ile	Tyr	Ala	Gln	Tyr	Ile	Tyr	Asp	Asp	Pro	Ile	Tyr	Gly															
85					90					95																				
tat	gaa	cat	gtg	tat	tct	ttt	ggg	agt	act	ggc	gag	gga	cat	ttt	atc	336														
Tyr	Glu	His	Val	Tyr	Ser	Phe	Gly	Ser	Thr	Gly	Glu	Gly	His	Phe	Ile															
100					105					110																				
tgt	ttt	gat	tat	cgt	gat	gat	cca	aaa	ggg	gat	gaa	ccc	aaa	atc	tgt	384														
Cys	Phe	Asp	Tyr	Arg	Asp	Asp	Pro	Lys	Gly	Asp	Glu	Pro	Lys	Ile	Cys															
115					120					125																				
atc	gtg	att	cac	gat	gaa	tat	gat	gaa	aaa	aca	ggg	aaa	atg	cga	ctg	432														
Ile	Val	Ile	His	Asp	Glu	Tyr	Asp	Glu	Lys	Thr	Gly	Lys	Met	Arg	Leu															
130					135					140																				
ttt	cct	ata	gca	gag	aat	ttt	gaa	gcg	ttt	tta	gat	agt	ttg	aaa	tca	480														
Phe	Pro	Ile	Ala	Glu	Asn	Phe	Glu	Ala	Phe	Leu	Asp	Ser	Leu	Lys	Ser															
145					150					155					160															
ttt	gat	gaa	atg	ata	gag	aag	tat	tcg	ta							509														
Phe	Asp	Glu	Met	Ile	Glu	Lys	Tyr	Ser																						
165																														

<210> 54

<211> 169

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 54

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

Tyr Glu His Val Tyr Ser Phe Gly Ser Thr Gly Glu Gly His Phe Ile
 100 105 110
 Cys Phe Asp Tyr Arg Asp Asp Pro Lys Gly Asp Glu Pro Lys Ile Cys
 115 120 125
 Ile Val Ile His Asp Glu Tyr Asp Glu Lys Thr Gly Lys Met Arg Leu
 130 135 140
 Phe Pro Ile Ala Glu Asn Phe Glu Ala Phe Leu Asp Ser Leu Lys Ser
 145 150 155 160
 Phe Asp Glu Met Ile Glu Lys Tyr Ser
 165

<210> 55
 <211> 443
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (1) .. (441)

<220>
 <223> unknown C3

<400> 55
 atg ata aaa tat tta gag gga aat att aac tcg ttt ata tcg gca tta 48
 Met Ile Lys Tyr Leu Glu Gly Asn Ile Asn Ser Phe Ile Ser Ala Leu
 1 5 10 15
 ggt aaa aac gaa agt aat aaa gat att tta aaa tta gta gaa ata gtt 96
 Gly Lys Asn Glu Ser Asn Lys Asp Ile Leu Lys Leu Val Glu Ile Val
 20 25 30
 tct tca gat ttt gaa gtg gat gaa cta agt cat aaa gat gaa cac gag 144
 Ser Ser Asp Phe Glu Val Asp Glu Leu Ser His Lys Asp Glu His Glu
 35 40 45
 ata tat tat ttg ttt tat aag agg ggt gtt gaa ttt tgt ttt aaa aga 192
 Ile Tyr Tyr Leu Phe Tyr Lys Arg Gly Val Glu Phe Cys Phe Lys Arg
 50 55 60
 ata gat gaa gag tat gtc tta tat tcg gtt ttc ttt ttc ttg gta gag 240
 Ile Asp Glu Glu Tyr Val Leu Tyr Ser Val Phe Phe Phe Leu Val Glu
 65 70 75 80
 gtt gat aat tat ttt tca tgc cca ttt att cat gaa tta ata tgt gat 288
 Val Asp Asn Tyr Phe Ser Cys Pro Phe Ile His Glu Leu Ile Cys Asp
 85 90 95
 ctt aaa cac gga ttc tca ata gag gat att ata agg ttt tta ggg gag 336
 Leu Lys His Gly Phe Ser Ile Glu Asp Ile Ile Arg Phe Leu Gly Glu
 100 105 110
 cca aat ttt aaa ggt agt ggc tgg gta aga tat tct tat aat gga aga 384
 Pro Asn Phe Lys Gly Ser Gly Trp Val Arg Tyr Ser Tyr Asn Gly Arg
 115 120 125
 aat att cat ttc gaa ttt aat gaa tct aat gaa tta tcc cag att agc 432

Asn Ile His Phe Glu Phe Asn Glu Ser Asn Glu Leu Ser Gln Ile Ser
 130 135 140

att ttt att ta
 ile phe ile
 145

443

<210> 56
 <211> 147
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

<400> 56
 Met Ile Lys Tyr Leu Glu Gly Asn Ile Asn Ser Phe Ile Ser Ala Leu
 1 5 10 15
 Gly Lys Asn Glu Ser Asn Lys Asp Ile Leu Lys Leu Val Glu Ile Val
 20 25 30
 Ser Ser Asp Phe Glu Val Asp Glu Leu Ser His Lys Asp Glu His Glu
 35 40 45
 Ile Tyr Tyr Leu Phe Tyr Lys Arg Gly Val Glu Phe Cys Phe Lys Arg
 50 55 60
 Ile Asp Glu Glu Tyr Val Leu Tyr Ser Val Phe Phe Phe Leu Val Glu
 65 70 75 80
 Val Asp Asn Tyr Phe Ser Cys Pro Phe Ile His Glu Leu Ile Cys Asp
 85 90 95
 Leu Lys His Gly Phe Ser Ile Glu Asp Ile Ile Arg Phe Leu Gly Glu
 100 105 110
 Pro Asn Phe Lys Gly Ser Gly Trp Val Arg Tyr Ser Tyr Asn Gly Arg
 115 120 125
 Asn Ile His Phe Glu Phe Asn Glu Ser Asn Glu Leu Ser Gln Ile Ser
 130 135 140
 Ile Phe Ile
 145

<210> 57
 <211> 8498
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <223> unknown C

<400> 57
 gaattcgaat taagcgagaa aattgctgaa acactagaac aaagtcaatt aaatattagt 60
 caattatcaa ttgttgaaat ttatcctttc aatgaagaac aagggatacg ttttcataat 120
 aaaagtgtgg tacaacttaa accagaagag gtggaatggt catcaatcca ttatcctttc 180
 ttgtctggcg atattcagca agtcgctcat ctgcgaaaag ccgcagaaat gggttgcgtg 240

gtgattgata tgaaagggat ttgtgccagc ttgcaagacg tccctgtggt gataccggga 300
 gtaaattcagg aaaaattggt agatttacgt cagcgtaata ttgtgtcctt agccgatcca 360
 caagtgcac aacttgcat agtcacgcc tcgttgatgt caaatcacga aatcaaagac 420
 attgccgtaa cctcggtatt acctgcacat tatactaacg gagaaacggt aggtaaatta 480
 gcgggacaaa cagcgcgatt gttaaatggc attccacttg atgaaggcga acaacgttta 540
 gcttttgatg ttttccctac gcctgcacgc catttaaata tgcaaattca caagatcttt 600
 ccacaattag ataatgtcgt atttcattct atccaagtgc ctgttttcta cgggatgggg 660
 caaatggtga gcgtattatc ggattatgca ttagatcttc aatcttgctt agcgagctgg 720
 actgacaatc cgttgatgac ttatcatgca gaaaaatatt gcaccccgat gacgaatggc 780
 gaacaggaaa tggcagaaga gcaagcagca aaattacata taagtgggtt aagtgcgggtg 840
 gaaaatggtc tacaattttg gtcgggttga gatgaacagc gctttaatct tgctttattg 900
 agtggttacgc ttgcagagtt aatttactcg caaggttatt aatttaaattg tgtttttgca 960
 cgatatTTTT atcttgaact ttgagagcgc actcgttttt gacgagtgcg tttttgttaa 1020
 aacattcggt tgaaagacag tgaatgaata gcggagttat tgataagaat caatttatac 1080
 aaaagcaact gaatgttatt aatcgaggca ataaacctat tgatagtttt agttggcgcc 1140
 ataatacata aactgtactt aataatatgc aatcaatacc tagaaatatt catgacgtaa 1200
 tccaacatat cggggagggg attttaagtg atggtagaaa aaacatttag aaatctaaaa 1260
 atatatgatg attatggttc tgtctctcag gaaattatTT ttaattttga aaaagagttt 1320
 gatataaaac tccctttatc ctatatctca cttgtgaaaa agtataatgg cgtttggttt 1380
 aaggaaagtg attttgaata tttatctcaa aatgggaaaa gaataataag ctcatagagt 1440
 tttgatagtt ttgagacaaa agataatata gaaccaatga ataatatatt aagacaatat 1500
 atttatgatg atgaaattta tggatataag aatgtttatt cctttggtta cactggaaat 1560
 ggtgactttg tctgttttga ttatcgtgat gacccaaaag gtgatgagcc caaaatctgt 1620
 atcgtgattc atgatgaata tgatgaaaaa acaggcaagc gtttgttatt gcctgtggca 1680
 gaaaattttg aggcattttt agatatgctt tacgattttg atgaacgcta tccgaatggt 1740
 tatgaatagg tatttgttta aataatgtgt tgtatttttt aagcattatt tacaactaac 1800
 attttaagtg cggtcatttt tgaaaaagt ttgggctttg agaattgggc gcattttttt 1860
 tgaaatattc ttcaatgatg agcactaatt atggattaga taatgggaat tatcgagata 1920
 tggatggtaa taaaggatgg aggctagatt ttgatcctga gaaagtgtt catgtaaata 1980
 tttttgactt tactaaagg aaaggactag gtaaagcagt taaaaagtca ttctttttga 2040
 tagtactgaa caagagtttg aaaaatttta aagcaattaa ataaggaaga taaaatgaca 2100

ttattttgatg aatgttaaatt agctctttaga gacgattttaa atctaatttg tgatgaagag 2160
 aaggattgtg taatggataa gttttatttc tatttcttgg aaaagaaaga ggaatttaatt 2220
 tttcaagatt attcatttga agaaatgtat atattttcaa aaatggaacc tgtgtatggt 2280
 ttatgtgata gctctaatat acctttgttt aggagtaatt ggaattgat tatcaataat 2340
 atatatgatg ttgtctgttt atctacaaaa gtatttttcc tagatgatga aaagttaatg 2400
 atggaattat ttctgaaga taaagtaaga gtcactata aaagataatt accccttgat 2460
 cgcgctcgtg tcagcacgag ttctgtttca ttaaagctct cgttaaagac tagcactagc 2520
 agtgagggtg atcgtaatca atttactgaa gaacagttaa ttaaaattaa taagaggctt 2580
 gataaaatag agggattttac atggcatcat aactcacaaa gtagtcccc aatatgttag 2640
 ttaataccta caccaattca taaggctgtt cagcatatag gtgaaggcgc ttttaagtga 2700
 ggaaagtgt aaaaataaa attttaggaa tataaatatt tatagtgtt atggaagggt 2760
 tgataaggaa attatattag aattcgaaaa tgaatttaatt ataaagcttc cttctttata 2820
 catagattta attacggcgc ataagtctcc gaagagtga gagaattgct ttgaatatta 2880
 caatgagcgt aatgagccca cgttttcttc ctttggattt gaagggtttg agacagagcg 2940
 gtctagcgcc tctcttgaat atatatatgc tcagtatatt tatgatgatc caatctatgg 3000
 ttatgaacat gtgtattctt ttggtagtac tggcgaggga cattttatct gttttgatta 3060
 tcgtgatgat ccaaaagggt atgaacccaa aatctgtatc gtgattcacg atgaatatga 3120
 tgaaaaaaca gggaaaatgc gactgtttcc tatagcagag aattttgaag cgtttttaga 3180
 tagtttgaaa tcatttgatg aaatgataga gaagtattcg taatgtctcc gttcatatct 3240
 catagcgatg ctctctcccc tgattttatg gaaattttgt ttaaattagg agggcactaa 3300
 aatgaaaaaa ttttatttaa tttttttatt attcctaagt ggatgttttt atcatgatgg 3360
 atgtatctat actcctcaga tggtaaattg ttttggtgat aaaggagata tatttccatc 3420
 aatatctcgg tatcaaaagc cttatagtct aggaaaaacc aattcagaac agcgttgga 3480
 ggatgttatg ttttggtgag gtaaatatgg tgattataaa ttagagaata taaaaacagt 3540
 ggaacaatcg gataaattac atcattgtat gacccaaaaa ggttatatcc atttaactcc 3600
 cgcagaatgt ggataccaaa atcctaaatg ggataaaggc gtttgaatt tataagtgtt 3660
 ttggatttta ctttacgaat tttttttgaa aaaagttacc gcaggtagt ttttaatcaa 3720
 agcccagggt gcgcttggtg gatgtgttat tcgcatagta gttattatgc ggaagtgc 3780
 aatgaattca ttattaaaaa tggaattaaa gagcgtaatt agcaccgttt gcggtgagtg 3840
 atttaatttc tcctgatgtt atggaaatat tatttaagtt aggaggatg taggatgaaa 3900
 aagttgttat tgctcagttt attattactt ttaaattggat gcctatattc ttttgaagag 3960

gagtgtttta gaccgttaat tcaggtgggg tcctctgctt gtcataagaa taaaggagat 4020
 atatttccat caatagcacg ttccaaaaa gtagagaaca tcggaaaaac tgatgccaaag 4080
 caacgttgga aagatgoggt tgattgtgga agtaagtatg gcgatgaaga tttaatataat 4140
 ataaatgata ataatttata tagcattttt cactcctgta tggttaaaaa aggatataaa 4200
 aagtttcac cgcagaaatg tggataccaa aatcctaaat gggataaggg tatttgtaat 4260
 ttataagtgt ttgaatttt actttacaaa ctttttttga aaaatgttac cgtcgggatg 4320
 tctgttttta gggataaaga ttctgtcatt ttctttaaat ttaggcacgg tataaaagag 4380
 cttgattatc aaataataat atcgtgttcg tgtccacacg agtagggttt gattaaagta 4440
 ctctcaaaa gcgagtgcta gctgtgggg aaacgggtgg aaagaaagta aagagtatat 4500
 aaaccaattg accgcataac gtgcggtcaa tttctaagat ttatgagttc cagaaaaata 4560
 gaccgaaaag tgcggtaaag gggtaacgaa acacaaaaaa taaaaatatg acagcaagct 4620
 gtgtcattaa accccagaaa aaaacttgac cgattgttgc actgctgaaa atggcaaaaa 4680
 gtaagccgat ttcatagggt agcattgcaa taaaccagat taatccactt ggatgatcac 4740
 ttttcattac ggactcetta tttatggctg ataacttaac acttgattg aaaattaaag 4800
 cagatttaaa caatgcgttg agcgatttta aagcgcttaa aacggaattg caacgcgcag 4860
 gcgtggagtc tatcagtaag taactcgcca gtttttgcaa tcatttatca tattcacaaa 4920
 gccgtaatgc atattggaga aggttaagt taagtgaagg aagataaaat gaaatttaga 4980
 cattttggca ttattatga ttatggcgta gtttcccaag agattatttt agattttgag 5040
 gaaacgtttg gtattaaatt accaaaattg tatattgagt tgatcacaaa acataattcc 5100
 ccaagattga atagagatca tttcaattat tatgatttct ctacgagtga ggaagaagga 5160
 acggaattta tattcaaagg atttgaaaca gaaagtaata ggcattgcgc gccagaaaat 5220
 atttatgcac aatatcttta tgatgatgaa atatatggtt atgaacatgt gtattctttt 5280
 ggcagtaccg ctagtgtgta ctttgtctgt tttgattacc gagataatcc gaaaggcagt 5340
 gaacctaaaa ttgtcttgt gattcatgat gaatatgat aagaaacagg caagcattta 5400
 ttgtttcctg tggcagaaaa ttttgaggta tttttagata tgctttacga ttttgatgaa 5460
 cgctatccga atggttatga ataggatttt aaataatgta ttgtattttt taagcgttat 5520
 ttaataacgt ttaagtgcg gtcaatttca aaaaagtttt gctttgagga attgaccgtt 5580
 tttgtatcat ggatatgatg tgagcaattg atatcctgtt tgtgttaact ggcattgtgt 5640
 aaagcattcg tcaaagacga gctctagtgg tgagggacta atcatgaatg aactattgga 5700
 cttttataga aatataactt tttttgaaga atatgatgaa aactcattca taggaagatg 5760
 gcttgattac tcggaatgga atgataaaga atattggaaa ttagagaaag atttactgaa 5820

aattgctcaa atgtatagaa ctactaatga agtttttcca gatatttttaa taggggttat 5880
gcgtatcatt gaattattaa tgatacctaa ctggaatagt tttataatat ctaattcaga 5940
aagtgttgat atttatgata gatatgaacg atttaaatat ataattttcaa tacttttcaa 6000
taataaagat gttagactag atggcttttc atatacagaa aagaatgatg atgtatttta 6060
taatgaatag aaaaattaaa agtaagctaa tttgtagaaa taataaaagt ctgcgttgta 6120
ttttttcttt gagatcgtgc ttgagtcac acgagtgcta gctgtaggca gagtgtcttg 6180
gtgattataa aaagttaagg atagtattgt tgatatgaaa gaaaagacta aatattcaat 6240
ggggaatcaa agtgataaaa aataaatttt atatttcttg gttaggattt tcaatatcat 6300
tatatgtttt gcttttatgt agagatttgt tttattctct ttatatgttt tttattatga 6360
tgtatttgtc ttaaaatttt cttttaagga ggcgtttttt actatcttta tttttattgt 6420
gctatgtttc attattcatt attcattatt cattattcat tattcattat tcattatttt 6480
atatataaat atggtaaaag gtctgaatgc ccaaaaaaga aaccattaag tgaaaatgta 6540
acatacaata aaaggtagta ggaataaata aaatattagg aataacagaa tgataaaata 6600
tttagagggga aatattaact cgtttatatt ggcattagggt aaaaacgaaa gtaataaaga 6660
tatttttaaaa ttagtagaaa tagtttcttc agattttgaa gtggatgaac taagtcataa 6720
agatgaacac gagatatatt atttgtttta taagaggggt gttgaatttt gttttaaaag 6780
aatagatgaa gagtatgtct tatattcgggt tttctttttc ttggtagagg ttgataatta 6840
tttttcatgc ccatttattc atgaattaat atgtgatctt aaacacggat tctcaataga 6900
ggatattata aggttttttag gggagccaaa ttttaaagggt agtggctggg taagatatcc 6960
ttataatgga agaaatattc atttcgaatt taatgaatct aatgaattat cccagattag 7020
cattttttatt taataattta ggattgggaa cgctctcgtg ttcacacaag tgcggtttga 7080
ttaaagcact tgtcaaaggc gagatccagc tgtgggagat ttgatagaga aatggctctc 7140
aggattgacg ttagtagagg gagcataaat caagaaaaaa catttaaaat aggaacatta 7200
ggtggtgagt aatggaaatc actcgtttta aaatcctact tattgccttg attatattag 7260
gtaatgggta tgtgtttctt ggtggaccag ctaaaaaaca attcgctata gaagcagaaa 7320
caaggcggat ttatcgtact ttaacgaaag aaattatttt tatgaatgga gaatataaac 7380
aatttgagg gcgagtatt caaggattta ctttagtcat ttctttttct cattcaagta 7440
cagaaaaccg cattaagatt ttagaaaaaa ttaaagagat gggatttgat tcaaaaaata 7500
aaacatcaaa accgagtcct catctttttt gtcaaggaga aagtggtttt ttgatcgag 7560
aaaaacctga atttagaata gattatgaga aaaagatgac ttattgtttg gagtagcaaa 7620
ggaaggcaat gataagtga ttttctaact agatttaatt taagtattaa agtgcggtca 7680


```

at tt tt g a a a a   c g t t t t a c t t   t g a a a a a t t g   a c c g t t t t t t   t a c a t g a g a g   a g t g a a a g t a   7740
c a c c a c c t t a   g g c a a t g t g g   t t g t g g a t a a   g g t g a t t a a g   g a a t a c c c a a   a t g g g g g t t a   7800
t g a a g c g a g g   g t g c t g a t c c   c t a a c c c g a a   a g c g a a a a c c   g a t c c t g a t g   c g c c g a a a t t   7860
t t t g g a g a a a   a g g g g a a a t g   a a g g t g t a t c   c a c a a t g t t t   c c a a g a a c a t   g g a c a g a g g a   7920
t a g g t t g a a a   g t g g a g t t a g   a g c a t g c g t t   t a a t a a t a g a   g t a c c a a t g g   a a a a g t t t g a   7980
a a a t a a a t g g   g a a g g t a t a a   c a a a a t c a g g   c g t g a a a g t a   g a a t g g g t t c   t g g a t a g a a a   8040
t g g t a a a g t g   t t g a c t c t a t   t t t g t t a a t t   t t c t g t g t c t   t t t t g t a a a a   a a t a a g t t g t   8100
t g a a a t a a c a   t t t t t c t c t a   t a a t c a a a t c   t t a a t g a t a a   t t a a t a t c a t   t a a a t a a g a a   8160
t g g a t a c t t a   g a t g a g g a t t   a t a t g a a a g a   t t t a t c a a a a   a t g a c c t g c c   t t g a a g a c t t   8220
a c g c c g t g t t   g c g c a a c g t a   a a g t g c c a a a   a a t g t t t t a t   g a c t a t g t a g   t t t c a g g a t c   8280
t t g g a g c g a a   a g c a c a t t g c   a t g c c a a c c g   t a a t g a t t t t   c a a g c a a t t a   a g c t a c g t c g   8340
a c c t g t g g c g   a t t t t g c c c a   t t t c t g c a t t   c a g c t c t g c a   a t t c g t c g c t   t g t g c t g t t c   8400
t g t t g c g c g c   g c a a g c t c t c   t t g t c g a c t t   g c c t t t t t c t a   a t t g g g c t t g   t t g c t c c c a a   8460
t a a c g t g a g g   t c g c c a c a t c   c a c t t t a c g t   a g t g t t g a   8498

```

<210> 58

<211> 5798

<212> DNA

<213> *Pasteurella multocida*

<220>

<221> CDS

<222> (2686) .. (4446)

<220>

<223> unknown D1

<400> 58

```

g t c g a c a a g a   a t a a a a c g a a   a c a g c a a a t a   g a a t t a g a a t   t a c t a c t t a t   t a a c a a t a a t   60
c c t t t t t t a a   a g a t t c t a g c   t g t t t t a g a t   a a a a a t a t a c   g t g t g a a g c t   t t t g g t c a c a   120
t t a t t a t t a t   c a g g c c t a t a   t t a t t t a t a t   g c a g t a a a a a   a c g a t t c a a a   t t t t g t c a t a   180
g g t t t a t c t a   t t a t t t t a g t   t t t t a t t a t t   g t c a t t c c a g   g g a t t t t g a c   a a a t g c t a t t   240
t t g a a a g c t a   a g g t g a a a a a   a a t c a t g g t a   g a t t t a c c a g   g t t t t a t t g a   c t t a g t t g c a   300
g t a a a t g t t c   a a a c a g g g a t   t a g t a t t g a t   g c g g c t t t a a   a a c a a g t g g c   a a t c g a t t t t   360
a a g a a a c t t a   a t c c a g a t c t   t a c t t a t g t g   a t g t t a a g g a   t t a t t a g a a a   a t c t g a a c t t   420
a c g g g a t t a t   c a c a a g c g t t   a c a g g a t c t t   t c g a t c t c a t   t g c c a a c a a c   a g a a a t a a g a   480
a t g t t t t g t a   c t g t t t t a c a   a c a g a g t t t a   a a t t t t g g t t   c t t c a a t t t a   t t c t c a c t t a   540
a t t c a g t t g t   c t g c a g a t a t   c a g g g a g a t a   c a a t t a t t a a   t c a t t g a g g a   a a a g t t a g g t   600

```

acattatcag ctaaaatgag tatcccatg attttggtta ttatgttccc aataatcatt 660
 ttaattctag caccaggtat aatgagggtta ttccaaatg ttttttaaatt ttaccaagaa 720
 aatcggtttt gttagtttag ctttatctgt cgttggttgt tctacccatt ctacagcaagg 780
 catgacacag aaaagtatgt catctgaaac aataacggca aaagagactt tatatgaaag 840
 tacgcaaaat tattcggcac tcatttcact gtatcgcgat gtgttgaaag ccaaagaaga 900
 tccttcaata cgctataaat tagcgaagac atactatcag cgaggtgaca gcaaactctc 960
 tttactttat ttaacgccat tactgaatga taatacgaag cttgctacac aagcgaaaat 1020
 attacagata aaaaatctaa ttcaattaaa taatttccaa gaagcaattt ctgtcgcaaa 1080
 tgaactctta ttaaaatcac ctaatgaagg agaagtatat aatttaagag gtatcgctta 1140
 tgcgcaaaat gggaatttgg tgaatgcccg aaatgatatc aataaagcaa gagagtcttt 1200
 tattaatgat aatgttgcta ttaataattt agccatgcta aatattatta atggcgattt 1260
 taataatgct gtttctttac tgttgccaca atatttaaat ggcgttaaga attctcgatt 1320
 gattcataat cttgtttttg ctttagttta aaatggtgat cttgattatg caaaagatat 1380
 cattgttaaa gagcgtttaa atacttcacc agatgattta attaatgcat tgaaaaaac 1440
 tacacatgta tcaaaagggt taactcggta acactaagga ttgatatga aaaagtttct 1500
 atcaaatata aaaggaaact cgtcaattga atttgctttg acgatagcgt tctatttatt 1560
 tgttgtgatg tttatttttg aattttgtcg attagcgggt gcgacagctt attgggattt 1620
 agctataacg gaaagtgtca gaattgcgaa gaatgaacaa gcaatttctg gaaattatga 1680
 agaagcattt aggaaagctc ttacaaagca aaaaaattc catgatgaat cgacaatttg 1740
 atatttggcg ttgttagaag ataataaatt tgatgtaaaa gtccaatatg tggattgtga 1800
 taaagaaacg gaatgtatta aaaatcttct gcttaataaa tttcgccaac cacaaaaaaa 1860
 tcataaagga gagttaatct ctctacggg gagtcgcgcg actttagcac aatattcttt 1920
 aacttataaa tataagttta tgggtgccgtt agtatttatt cctgagtcctt ggtctcaagt 1980
 agtgcgtaac cgtgaatttg ttgtgtgaca ggaatttgag cgttctcaat ttatgttagg 2040
 agcaaaacca agttctcttg ggacgaatcc atagaaaatt tactcattat ttcgagctat 2100
 atatgaaaga gtcaggttta gttaaattca agcatttttg gaaaaataaa aaggcgcgag 2160
 tgacgataga gttccttttt atgtcaatgt ttctgattgt gctatttgca tttctcttcg 2220
 atttagtaat gttacgttct acattaggca agttagataa tgcctcatat acattagtta 2280
 gtattctccg tgaacgtaca cagttgtacg atagagttgc acaaattaat attgatgatc 2340
 ataagcaatt tgaaaagctt gctaagaaac tgatttatgg tgatcagaat agtaataaaa 2400
 ggatcgatgt tgttttagaa tattgggcac aagacggttc tggacggagg attccaaata 2460

tcattggcga ttgtacgcct tacaaaaaac tttctgattt atcctattta tctcctcgct 2520
 cagaactcaa taatgaaaga aaaataccgc tttatcaaat tactctttgt gttgaaactc 2580
 agggcttggt tgaacaata ttactggata agtctgagcg ttcaacgggg ctgattagat 2640
 catcgtaaat gtcagtatca cgataaatta tcgttaggga acttt atg aaa aaa ctt 2697
 Met Lys Lys Leu
 1

tat tta att cgt tct tgc tat gat tca gtc aga aaa ttt tat gag aat 2745
 Tyr Leu Ile Arg Ser Cys Tyr Asp Ser Val Arg Lys Phe Tyr Glu Asn
 5 10 15 20

gag cta ggt gtt tat aca gta atg act gca tta cta gca ttt cca tta 2793
 Glu Leu Gly Val Thr Val Met Thr Ala Leu Leu Ala Phe Pro Leu
 25 30 35

tta gtt ttg att gga ttt acg gtt gat gga act ggg gtt gtg ctt gat 2841
 Leu Val Leu Ile Gly Phe Thr Val Asp Gly Thr Gly Val Val Leu Asp
 40 45 50

aaa gca cgt tta gct caa gga atg gat caa gct gct tta gct ttg gtt 2889
 Lys Ala Arg Leu Ala Gln Gly Met Asp Gln Ala Ala Leu Ala Leu Val
 55 60 65

gct gaa aac aat gac tac cga gaa aat aaa aaa cat ggt gat gtt aat 2937
 Ala Glu Asn Asn Asp Tyr Arg Glu Asn Lys Lys His Gly Asp Val Asn
 70 75 80

cgg caa gta gta tcg cct caa gac aaa gca aaa ttt ggt ggt aat gaa 2985
 Arg Gln Val Val Ser Pro Gln Asp Lys Ala Lys Phe Gly Gly Asn Glu
 85 90 95 100

ttt atg gcg aaa caa gaa aag cgt aat caa gag ctt atc cag ggt att 3033
 Phe Met Ala Lys Gln Glu Lys Arg Asn Gln Glu Leu Ile Gln Gly Ile
 105 110 115

gcc aaa ctt tat tta cgt tca gaa aat gcg aat gct tca tct gat gca 3081
 Ala Lys Leu Tyr Leu Arg Ser Glu Asn Ala Asn Ala Ser Ser Asp Ala
 120 125 130

cca atc act att gat aaa cct ttt cat tat tca tgt gag gag tta gat 3129
 Pro Ile Thr Ile Asp Lys Pro Phe His Tyr Ser Cys Glu Glu Leu Asp
 135 140 145

tta cct aca gct aat gag tat gca cgt cgt aaa cct att gtt tgt gaa 3177
 Leu Pro Thr Ala Asn Glu Tyr Ala Arg Arg Lys Pro Ile Val Cys Glu
 150 155 160

gtg caa ggt ggc gtc aat cgt aaa ttt tgg ctt cct gtc agt gaa tcg 3225
 Val Gln Gly Gly Val Asn Arg Lys Phe Trp Leu Pro Val Ser Glu Ser
 165 170 175 180

tta gtt agt gaa gat aaa ctg aaa aaa gat cga gtt aga ctg gaa tcc 3273
 Leu Val Ser Glu Asp Lys Leu Lys Lys Asp Arg Val Arg Leu Glu Ser
 185 190 195

gat acc agt tat gcg att aaa gaa aaa ggc atc gtg att cct gtg gag 3321
 Asp Thr Ser Tyr Ala Ile Lys Glu Lys Gly Ile Val Ile Pro Val Glu
 200 205 210

cta atg ctt gtt tct gat tat tct ggt tct atg aat agt cat tta cag	3369
Leu Met Leu Val Ser Asp Tyr Ser Gly Ser Met Asn Ser His Leu Gln	
215 220 225	
gat aaa aac ggt aga tct cta gga aaa gct aaa att act att tta aga	3417
Asp Lys Asn Gly Arg Ser Leu Gly Lys Ala Lys Ile Thr Ile Leu Arg	
230 235 240	
gaa gtg gtt agt gaa att tct gaa att tta ttg cca gaa gat gtt agc	3465
Glu Val Val Ser Glu Ile Ser Lys Ile Leu Leu Pro Glu Asp Val Ser	
245 250 255 260	
gaa ggt gtg agc cct ttc aac cgt att ggc ttt acg act ttt tct ggc	3513
Glu Gly Val Ser Pro Phe Asn Arg Ile Gly Phe Thr Thr Phe Ser Gly	
265 270 275	
ggt gtt aga caa cgg gat gtc act gaa ggc tgt gtg ctt cca tat gaa	3561
Gly Val Arg Gln Arg Asp Val Thr Glu Gly Cys Val Leu Pro Tyr Glu	
280 285 290	
gga aaa ata tca caa act tct cga aaa tta act att cgt tat tgg att	3609
Gly Lys Ile Ser Gln Thr Ser Arg Lys Leu Thr Ile Arg Tyr Trp Ile	
295 300 305	
acg ggt aat aat aca cct tgg aaa ttt aat gct ggg aga tgg gag aga	3657
Thr Gly Asn Asn Thr Pro Trp Lys Phe Asn Ala Gly Arg Trp Glu Arg	
310 315 320	
agt aca gtg tct ttc cag gag cat tat aaa ggc tat tat gac aaa ttc	3705
Ser Thr Val Ser Phe Gln Glu His Tyr Lys Gly Tyr Tyr Asp Lys Phe	
325 330 335 340	
cat tct tca act tgt aga ggc tca ggg agc tct aga act tgt caa att	3753
His Ser Ser Thr Cys Arg Gly Ser Gly Ser Ser Arg Thr Cys Gln Ile	
345 350 355	
gat gca aat cct aag aaa att atg gat tat gca cta aaa att aat gac	3801
Asp Ala Asn Pro Lys Lys Ile Met Asp Tyr Ala Leu Lys Ile Asn Asp	
360 365 370	
tgg acg aca att aga gaa tta ttt aat act tat ata gat gta agt ggg	3849
Trp Thr Thr Ile Arg Glu Leu Phe Asn Thr Tyr Ile Asp Val Ser Gly	
375 380 385	
acg att gac caa att tcc cag ttt gat ggt tca aac aga cgt tat gat	3897
Thr Ile Asp Gln Ile Ser Gln Phe Asp Gly Ser Asn Arg Arg Tyr Asp	
390 395 400	
atg gtg ttt act gat gaa gaa cgg tgt ctt ggc gga aat att ggt aga	3945
Met Val Phe Thr Asp Glu Glu Arg Cys Leu Gly Gly Asn Ile Gly Arg	
405 410 415 420	
aga aca act cga gct tgg ttt gat caa aaa aat aaa gat att aca aga	3993
Arg Thr Thr Arg Ala Trp Phe Asp Gln Lys Asn Lys Asp Ile Thr Arg	
425 430 435	
gag ttg aat att gtt cgt cct tct ggt tgg act tct gca tct tct ggg	4041
Glu Leu Asn Ile Val Arg Pro Ser Gly Trp Thr Ser Ala Ser Ser Gly	
440 445 450	
ctt ctt gtt gga gct aat atc atg atg gac gag aat aag aat cct gat	4089
Leu Leu Val Gly Ala Asn Ile Met Met Asp Glu Asn Lys Asn Pro Asp	

455	460	465	
gcg caa cct tcg aaa ctc ggg aca aat att caa cgt gtt atc tta gta Ala Gln Pro Ser Lys Leu Gly Thr Asn Ile Gln Arg Val Ile Leu Val 470 475 480			4137
tta tct gat ggt gaa gat aac tgg cca act tat agt aca tta acg act Leu Ser Asp Gly Glu Asp Asn Trp Pro Thr Tyr Ser Thr Leu Thr Thr 485 490 495 500			4185
ctt tta aac aat ggt atg tgt gac aaa att cga gaa caa ttg ggc aag Leu Leu Asn Asn Gly Met Cys Asp Lys Ile Arg Glu Gln Leu Gly Lys 505 510 515			4233
tta caa gat cca aat tta cga gag tta cca gga aga att gcg ttt gtt Leu Gln Asp Pro Asn Leu Arg Glu Leu Pro Gly Arg Ile Ala Phe Val 520 525 530			4281
gcg ttt ggc tat agt cca cca gca aac caa gtt gcc gct tgg aaa aaa Ala Phe Gly Tyr Ser Pro Pro Ala Asn Gln Val Ala Ala Trp Lys Lys 535 540 545			4329
tgt gta ggt gat caa tat tat acg gct tat tgc aaa gaa gag ttg tta Cys Val Gly Asp Gln Tyr Tyr Thr Ala Tyr Ser Lys Glu Glu Leu Leu 550 555 560			4377
gat agt ttc aaa caa att att gga ttt gaa gaa gag gtg ggc cgt tct Asp Ser Phe Lys Gln Ile Ile Gly Phe Glu Glu Glu Val Gly Arg Ser 565 570 575 580			4425
tca tct cat aaa ccg aaa ttt taagattgtc caaggataac gctaaaaaat Ser Ser His Lys Pro Lys Phe 585			4476
ctcttagcac aggctaagag atttttttat gtgtttttca aattttatct actggtgatt			4536
ttaattcatt acataacata acttttttcgt gaataatata gaatagacaa caataagaat			4596
taaaacgctc aaggcataga ggcttagtgc aacaaactaa gctattttgc gcgattgatt			4656
gggatataga tgttatttca aataagcaat aaccatggta ctgagaaaga agatgagtgc			4716
cgtaataaaag tagaagcgat ttttcttttg gctgaaagggt ggtgttagcc tttttcggct			4776
aaagaaaata gtagcaacgg caatataaag ggcgataaag agcattttgt aaatgaacca			4836
tggtgttaca ttttgctgaa aaagaagaaa tagcccaatt cccgaacaga acaacagcgt			4896
atcacttaag tgcggtaaga tttttaatac ttttctgtct cgccaatttt tgcctgttaa			4956
ttgcatcatg ccacggataa taaatagact gaggtgaga aaggcacagg caatgtgtag			5016
ataaataaga taatatgcca tcgatttttt tcttaagata aagaaagcag tagcgaggct			5076
actgctttaa aataatatcg tatttagtga atgaatttaa ctttctgcgc tttcgaccgc			5136
actttcgtc gcacactct caatgtcttc ttcacgaca tcacaaacga gttgtaatcc			5196
aaccagtgtt tcactttcac ttgttcggat gagacgtact ccttgtgtat ttcgaccgat			5256
aatattgatt tcgtttacgc gactacgtac tagcgtaccg gcacagtaa tgagcataat			5316

ttgatcgctt tccccaactt gtgttgctgc aacgacttta cggttacgct cactcacttt 5376
 aatcgagatc acgcctttgg tgttacgtga tttagttggg tattccgcta attcagtacg 5436
 tttaccataa ccggtttgtg tggcggttaa aatggcgctt tcattttttg gaataacaag 5496
 tgacacgact ttatcaatat tgagatccaa ggcacattta gtattctcat cagagatctc 5556
 ttccatateg accgcacttt catcatccga caaatcattc gttaacgcca gtttaataacc 5616
 gcgtacacct gttgctgcac gcccacatggc acgcacagca ttttactaa agcgaactac 5676
 acgtccttgt gcggagaaga gcatgatttc attttgacca tcggtgatat ccacaccgat 5736
 aagttcgtct tcatcacgca agttgagtgc aataatgcct gttgaacgag gacgactgaa 5796
 tt 5798

<210> 59
 <211> 587
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

<400> 59
 Met Lys Lys Leu Tyr Leu Ile Arg Ser Cys Tyr Asp Ser Val Arg Lys
 1 5 10 15
 Phe Tyr Glu Asn Glu Leu Gly Val Tyr Thr Val Met Thr Ala Leu Leu
 20 25 30
 Ala Phe Pro Leu Leu Val Leu Ile Gly Phe Thr Val Asp Gly Thr Gly
 35 40 45
 Val Val Leu Asp Lys Ala Arg Leu Ala Gln Gly Met Asp Gln Ala Ala
 50 55 60
 Leu Ala Leu Val Ala Glu Asn Asn Asp Tyr Arg Glu Asn Lys Lys His
 65 70 75 80
 Gly Asp Val Asn Arg Gln Val Val Ser Pro Gln Asp Lys Ala Lys Phe
 85 90 95
 Gly Gly Asn Glu Phe Met Ala Lys Gln Glu Lys Arg Asn Gln Glu Leu
 100 105 110
 Ile Gln Gly Ile Ala Lys Leu Tyr Leu Arg Ser Glu Asn Ala Asn Ala
 115 120 125
 Ser Ser Asp Ala Pro Ile Thr Ile Asp Lys Pro Phe His Tyr Ser Cys
 130 135 140
 Glu Glu Leu Asp Leu Pro Thr Ala Asn Glu Tyr Ala Arg Arg Lys Pro
 145 150 155 160
 Ile Val Cys Glu Val Gln Gly Gly Val Asn Arg Lys Phe Trp Leu Pro
 165 170 175
 Val Ser Glu Ser Leu Val Ser Glu Asp Lys Leu Lys Lys Asp Arg Val
 180 185 190
 Arg Leu Glu Ser Asp Thr Ser Tyr Ala Ile Lys Glu Lys Gly Ile Val

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

Ile Ala Phe Val Ala Phe Gly Tyr Ser Pro Pro Ala Asn Gln Val Ala
530 535 540

Ala Trp Lys Lys Cys Val Gly Asp Gln Tyr Tyr Thr Ala Tyr Ser Lys
545 550 555 560

Glu Glu Leu Leu Asp Ser Phe Lys Gln Ile Ile Gly Phe Glu Glu Glu
565 570 575

Val Gly Arg Ser Ser Ser His Lys Pro Lys Phe
580 585

<210> 60
<211> 5798
<212> DNA
<213> Pasteurella multocida

<220>
<221> CDS
<222> (698)..(1468)

<220>
<223> unknown D2

<400> 60
gtcgacaaga ataaaacgaa acagcaaata gaattagaat tactacttat taacaataat 60
ccttttttaa agattctagc tgttttagat aaaaatatac gtgtgaagct tttggtcaca 120
ttattattat caggcctata ttatttatat gcagtaaaaa acgattcaaa ttttgtcata 180
ggtttatcta ttattttagt ttttattatt gtcattccag ggattttgac aaatgctatt 240
ttgaaagcta aggtgaaaaa aatcatggta gatttaccag gttttattga cttagttgca 300
gtaaaagtgc aaacagggat tagtattgat gcggctttta aacaagtggc aatcgatttt 360
aagaaactta atccagatct tacttatgtg atgttaagga ttattagaaa atctgaactt 420
acgggattat cacaagcgtt acaggatctt tcgatctcat tgccaacaac agaaataaga 480
atgttttgta ctgttttaca acagagttaa aattttgggt cttcaattta ttctcactta 540
attcagttgt ctgcagatat caggagata caattattaa tcattgagga aaagttaggt 600
acattatcag ctaaaatgag tatcccattg attttgttta ttatgttccc aataatcatt 660
ttaattctag caccaggtat aatgagggta tttccaa atg ttt ttt aaa ttt acc 715
Met Phe Phe Lys Phe Thr
1 5
aag aaa atc gtt ttt gtt agt tta gct tta tct gtc gtt ggt tgt tct 763
Lys Lys Ile Val Phe Val Ser Leu Ala Leu Ser Val Val Gly Cys Ser
10 15 20
acc cat tct cag caa ggc atg aca cag aaa agt atg tca tct gaa aca 811
Thr His Ser Gln Gln Gly Met Thr Gln Lys Ser Met Ser Ser Glu Thr
25 30 35
ata acg gca aaa gag act tta tat gaa agt acg caa aat tat tcg gca 859
Ile Thr Ala Lys Glu Thr Leu Tyr Glu Ser Thr Gln Asn Tyr Ser Ala

40	45	50	
ctc att tca ctg tat cgc gat gtg ttg aaa gcc aaa gaa gat cct tca Leu Ile Ser Leu Tyr Arg Asp Val Leu Lys Ala Lys Glu Asp Pro Ser 55 60 65 70			907
ata cgc tat aaa tta gcg aag aca tac tat cag cga ggt gac agc aaa Ile Arg Tyr Lys Leu Ala Lys Thr Tyr Tyr Gln Arg Gly Asp Ser Lys 75 80 85			955
tct tct tta ctt tat tta acg cca tta ctg aat gat aat acg aag ctt Ser Ser Leu Leu Tyr Leu Thr Pro Leu Leu Asn Asp Asn Thr Lys Leu 90 95 100			1003
gct aca caa gcg aaa ata tta cag ata aaa aat cta att caa tta aat Ala Thr Gln Ala Lys Ile Leu Gln Ile Lys Asn Leu Ile Gln Leu Asn 105 110 115			1051
aat ttc caa gaa gca att tct gtc gca aat gaa ctc tta tta aaa tca Asn Phe Gln Glu Ala Ile Ser Val Ala Asn Glu Leu Leu Leu Lys Ser 120 125 130			1099
cct aat gaa gga gaa gta tat aat tta aga ggt atc gct tat gcg caa Pro Asn Glu Gly Glu Val Tyr Asn Leu Arg Gly Ile Ala Tyr Ala Gln 135 140 145 150			1147
aat ggg aat ttg gtg aat gcc cga aat gat atc aat aaa gca aga gag Asn Gly Asn Leu Val Asn Ala Arg Asn Asp Ile Asn Lys Ala Arg Glu 155 160 165			1195
ttc ttt att aat gat aat gtt gct att aat aat tta gcc atg cta aat Phe Phe Ile Asn Asp Asn Val Ala Ile Asn Asn Leu Ala Met Leu Asn 170 175 180			1243
att att aat ggc gat ttt aat aat gct gtt tct tta ctg ttg cca caa Ile Ile Asn Gly Asp Phe Asn Asn Ala Val Ser Leu Leu Leu Pro Gln 185 190 195			1291
tat tta aat ggc gtt aag aat tct cga ttg att cat aat ctt gtt ttt Tyr Leu Asn Gly Val Lys Asn Ser Arg Leu Ile His Asn Leu Val Phe 200 205 210			1339
gct tta gtt aaa aat ggt gat ctt gat tat gca aaa gat atc att gtt Ala Leu Val Lys Asn Gly Asp Leu Asp Tyr Ala Lys Asp Ile Ile Val 215 220 225 230			1387
aaa gag cgt tta aat act tca cca gat gat tta att aat gca ttg aaa Lys Glu Arg Leu Asn Thr Ser Pro Asp Asp Leu Ile Asn Ala Leu Lys 235 240 245			1435
aaa act aca cat gta tca aaa ggt gta act cgg taacactaag gatttgatat Lys Thr Thr His Val Ser Lys Gly Val Thr Arg 250 255			1488
gaaaaagttt ctatcaaata taaaaggaac ctcgtaaat gaatttgctt tgacgatagc			1548
gttctatttta tttgttgtga tgtttatttt tgaattttgt cgattagcgg ttgcgacagc			1608
ttattgggat ttagctataa cggaaagtgt cagaattgag aagaatgaac aagcaatttc			1668
tggaatttat gaagaagcat ttaggaaagc tcttacaag caaaaaaat tccatgatga			1728

atcgacaatt ggataatttgg cgttggttaga agataataaa tttgatgtaa aagtcacaata 1788
 tgtggattgt gataaagaaa cggaatgtat taaaaatctt ctgcttaata aatttcgccca 1848
 accacaaaaa aatcataaag gagagttaat ctctcctacg gggagtcgag cgacttttagc 1908
 acaatattct ttaacttata aatataagtt tatgggtgccc ttagtattta ttccctgagtc 1968
 ttggtctcaa gtagtgctga accgtgaatt tgttggttga caggaatttg agcgttctca 2028
 atttatgtta ggagcaaaaac caagttctct tgggacgaat ccatagaaaa ttacttcatt 2088
 atttcgagct atatatgaaa gagtcaggtt tagttaaatt caagcatttt tggaaaaata 2148
 aaaagggcgc agtgacgata gagttccttt ttatgtcaat gtttctgatt gtgctatttg 2208
 catttctctt cgatttagta atgttacggt ctacattagg caagttagat aatgcctcat 2268
 atacattagt tagtattctc cgtgaacgta cacagttgta cgatagagtt gcacaaatta 2328
 atattgatga tcataagcaa ttgaaaagc ttgctaagaa actgatttat ggtgatcaga 2388
 atagtaataa aaggatcgat gttgttttag aatattgggc acaagacggt tctggacgga 2448
 ggattccaaa tatcattggc gattgtacgc cttacaaaaa actttctgat ttatcctatt 2508
 tatctcctcg ctgagaactc aataatgaaa gaaaaatacc gctttatcaa attactcttt 2568
 gtgttgaaac tcagggttg tttgaaacaa tattactgga taagtctgag cgttcaacgg 2628
 ggctgattag atcatcgtca atgtcagtat cacgataaat tatcgttagg gaactttatg 2688
 aaaaaacttt atttaattcg ttcttgctat gattcagtc gaaaatttta tgagaatgag 2748
 ctaggtgttt atacagtaat gactgcatta ctagcatttc cattattagt tttagattgga 2808
 ttacggttg atggaactgg ggttggtgctt gataaagcac gtttagctca aggaatggat 2868
 caagctgctt tagctttggt tgctgaaaac aatgactacc gagaaaataa aaaacatggt 2928
 gatgttaatc ggcaagtagt atcgccctcaa gacaaagcaa aatttggttg taatgaattt 2988
 atggcgaaac aagaaaagcg taatcaagag cttatccagg gtattgccaa actttattta 3048
 cgttcagaaa atgcgaatgc ttcatctgat gcaccaatca ctattgataa accttttcat 3108
 tattcatgtg aggagttaga ttacctaca gctaagtgt atgcacgtcg taaacctatt 3168
 gtttggtgaag tgcaagggtg cgtcaatcgt aaattttggc ttctgtcag tgaatcgtta 3228
 gttagtgaag ataaactgaa aaaagatcga gttagactgg aatccgatac cagttatgag 3288
 attaaagaaa aaggcatcgt gattcctgtg gagctaatgc ttgtttcgga ttattctggt 3348
 tcgatgaata gtcatttaca ggataaaaac ggtagatctc taggaaaagc taaaattact 3408
 attttaagag aagtgggttag tgaaatttcg aaaattttat tgccagaaga tgtagcgaa 3468
 ggtgtgagcc ctttcaaccg tattggcttt acgacttttt ctggcgggtg tagacaacgg 3528
 gatgtcactg aaggctgtgt gcttccatat gaaggaaaaa taccacaaac ttctcgaaaa 3588

ttaactattc gttattggat tacgggtaat aatacacctt ggaaatttaa tgctgggaga 3648
 tgggagagaa gtacagtgtc tttccaggag cattataaag gctattatga caaattccat 3708
 tcttcaactt gtagaggctc agggagctct agaacttgtc aaattgatgc aaatcctaag 3768
 aaaattatgg attatgcact aaaaattaat gactggacga caattagaga attatttaat 3828
 acttatatag atgtaagtgg gacgattgac caaatttccc agtttgatgg ttcaaacaga 3888
 cgttatgata tgggtgttac tgatgaagaa cgggtgtcttg gcggaaatat tggtagaaga 3948
 acaactcgag ctggtgttga tcaaaaaaat aaagatatta caagagagtt gaatattgtt 4008
 cgctcttctg gttggacttc tgcattctcg gggcttcttg ttggagctaa tatcatgatg 4068
 gacgagaata agaactctga tgcgcaacct tcgaaactcg ggacaaatat tcaacgtgtt 4128
 atcttagtat tatctgatgg tgaagataac tggccaaact atagtacatt aacgactctt 4188
 ttaaacaatg gtatgtgtga caaaattcga gaacaattgg gcaagttaca agatccaaat 4248
 ttacgagagt taccaggaag aattgcgttt gttgcgtttg gctatagtcc accagcaaac 4308
 caagttgccg ctgggaaaaa atgtgttaggt gatcaatatt atacggctta ttcgaaagaa 4368
 gagttgttag atagtttcaa acaaattatt ggatttgaag aagagggtgg gcgttcttca 4428
 tctcataaac cgaaatttta agattgtcca aggataacgc taaaaaatct cttagcacag 4488
 gctaagagat ttttttatgt gtttttcaaa ttttatctac tggtgatttt aattcattac 4548
 ataacataac tttttctgta ataatacaga atagacaaca ataagaatta aaacgctcaa 4608
 ggcatagagg cttagtcgaa caaactaagc tattttgcgc gattgattgg gatatagatg 4668
 ttatttcaaa taagcaataa ccatgggtact gagaaagaag atgagtgccg taataaagta 4728
 gaagcgattt ttcttttggc tgaaagggtg tgtttagcct tttcggctaa agaaaatagt 4788
 agcaacggca atataaaggg cgataaagag ctttttgtaa atgaaccatg ttgttacatt 4848
 ttgctgaaaa agaagaaata gcccatttcc cgaacagaaac aacagcgtat cacttaagtg 4908
 cggtaagatt ttttaactt ttctgtctcg ccaatttttg cctgttaatt gcatcatgcc 4968
 acggataata aatagactga ggctgagaaa ggcacaggca atgtgtagat aaataagata 5028
 atatgccatc gatTTTTTTC ctaagataaa gaaagcagta gcgaggctac tgctttaaaa 5088
 taatatcgta tttagtgaat gaatttaact ttctgcgctt tcgaccgcac ttctgcctgc 5148
 atcactctca atgtcttctt catcgacatc acaaacgagt tgtaatccaa ccagtgtttc 5208
 actttcactt gttcggatga gacgtactcc ttgtgtattt cgaccgataa tattgatttc 5268
 gtttacgcga gtacgtacta gcgtaccggc atcagtaatg agcataatct gatcgctttc 5328
 ctcaacttgt gttgctgcaa cgactttacc gttacgctca ctcactttaa tcgagatcac 5388
 gcctttgggtg ttacgtgatt tagttgggta ttccgctaatt tcagtagctt taccataacc 5448

gttttgtgtg gcgggttaaaa tggcgcccttc attttttgga ataacaagtg acacgacttt 5508
 atcaatattg agatccaagg catcattagt attctcatca gagatctctt ccatatcgac 5568
 cgcactttta tcatccgaca aatcattcgt taacgccagt ttaataccgc gtacacctgt 5628
 tgctgcacgc cccatggcac gcacagcatt ttcactaaag cgaactacac gtccttgtgc 5688
 ggagaagagc atgatttcat ttgaccatc ggtgatatcc acaccgataa gttcgtcttc 5748
 atcacgcaag ttgagtgcaa taatgcctgt tgaacgagga cgactgaatt 5798

<210> 61
 <211> 257
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

<400> 61
 Met Phe Phe Lys Phe Thr Lys Lys Ile Val Phe Val Ser Leu Ala Leu
 1 5 10 15
 Ser Val Val Gly Cys Ser Thr His Ser Gln Gln Gly Met Thr Gln Lys
 20 25 30
 Ser Met Ser Ser Glu Thr Ile Thr Ala Lys Glu Thr Leu Tyr Glu Ser
 35 40 45
 Thr Gln Asn Tyr Ser Ala Leu Ile Ser Leu Tyr Arg Asp Val Leu Lys
 50 55 60
 Ala Lys Glu Asp Pro Ser Ile Arg Tyr Lys Leu Ala Lys Thr Tyr Tyr
 65 70 75 80
 Gln Arg Gly Asp Ser Lys Ser Ser Leu Leu Tyr Leu Thr Pro Leu Leu
 85 90 95
 Asn Asp Asn Thr Lys Leu Ala Thr Gln Ala Lys Ile Leu Gln Ile Lys
 100 105 110
 Asn Leu Ile Gln Leu Asn Asn Phe Gln Glu Ala Ile Ser Val Ala Asn
 115 120 125
 Glu Leu Leu Leu Lys Ser Pro Asn Glu Gly Glu Val Tyr Asn Leu Arg
 130 135 140
 Gly Ile Ala Tyr Ala Gln Asn Gly Asn Leu Val Asn Ala Arg Asn Asp
 145 150 155 160
 Ile Asn Lys Ala Arg Glu Phe Phe Ile Asn Asp Asn Val Ala Ile Asn
 165 170 175
 Asn Leu Ala Met Leu Asn Ile Ile Asn Gly Asp Phe Asn Asn Ala Val
 180 185 190
 Ser Leu Leu Leu Pro Gln Tyr Leu Asn Gly Val Lys Asn Ser Arg Leu
 195 200 205
 Ile His Asn Leu Val Phe Ala Leu Val Lys Asn Gly Asp Leu Asp Tyr
 210 215 220
 Ala Lys Asp Ile Ile Val Lys Glu Arg Leu Asn Thr Ser Pro Asp Asp

<400>	62																	
gtc aac act ggg cta att cac agt aac ggt aat gcc aag ctc act ttt	48																	
Val Asn Thr Gly Leu Ile His Ser Asn Gly Asn Ala Lys Leu Thr Phe																		
1 5 10 15																		
aaa gat gac acc agt ttt gtg act gaa gga aat aac ttt atc aca gca	96																	
Lys Asp Asp Thr Ser Phe Val Thr Glu Gly Asn Asn Phe Ile Thr Ala																		
20 25 30																		
aaa gac aac tta gaa atc acg gca aaa aat gtt caa att gat caa gcg	144																	
Lys Asp Asn Leu Glu Ile Thr Ala Lys Asn Val Gln Ile Asp Gln Ala																		
35 40 45																		
aaa aat att caa tta aac gcg aat atc acg atc aat acc aag tct ggt	192																	
Lys Asn Ile Gln Leu Asn Ala Asn Ile Thr Ile Asn Thr Lys Ser Gly																		
50 55 60																		
ttt gtg aat tac ggt acc tta gca agt gct caa aat tta acg att aat	240																	
Phe Val Asn Tyr Gly Thr Leu Ala Ser Ala Gln Asn Leu Thr Ile Asn																		
65 70 75 80																		
acc gaa caa ggc agc att tat aac ata ggc ggt atc ttg ggg gcg ggt	288																	
Thr Glu Gln Gly Ser Ile Tyr Asn Ile Gly Gly Ile Leu Gly Ala Gly																		
85 90 95																		
aaa agt ttg aat ctg agc gcg aaa aga gga gaa aac caa gga gga tat	336																	
Lys Ser Leu Asn Leu Ser Ala Lys Arg Gly Glu Asn Gln Gly Gly Tyr																		
100 105 110																		
ctt att aat caa ggt aag agt cta ctc cat tct gaa ggc gcc atg aac	384																	
Leu Ile Asn Gln Gly Lys Ser Leu Leu His Ser Glu Gly Ala Met Asn																		
115 120 125																		
ctc aca gcg gat cgc acg gtg tac aat tta ggg aat att ttt gct aaa	432																	
Leu Thr Ala Asp Arg Thr Val Tyr Asn Leu Gly Asn Ile Phe Ala Lys																		
130 135 140																		
ggt gac gcg acg atc aat gca aac gcg tta att aat gat gtt act ctc	480																	
Gly Asp Ala Thr Ile Asn Ala Asn Ala Leu Ile Asn Asp Val Thr Leu																		
145 150 155 160																		

```

aca ggt cgt ctt gag tat caa gat ctg aaa aaa gat tat acg cgt tat 528
Thr Gly Arg Leu Glu Tyr Gln Asp Leu Lys Lys Asp Tyr Thr Arg Tyr
165 170 175

tat cgt atc aat gaa acg gca aaa cat ggt tgg cat aat aac ttc tat 576
Tyr Arg Ile Asn Glu Thr Ala Lys His Gly Trp His Asn Asn Phe Tyr
180 185 190

gaa tta aac gtc gac aga gtt tct tgatttgtgc atcaattttg taaccaccgg 630
Glu Leu Asn Val Asp Arg Val Ser
195 200

ttaataaaaac accagcaatt tcaacgccat tcatggcaga taatgccgct gcgacgatca 690
catcaggacg atccgcggaa gtgacaagta aacttccaac gcggaaatgt tccaccatat 750
tggtcaaat acgtgcacag aaagtgatgc cacgaatgcg acgttcattg atcgcgctt 810
catgaataat ggcagcacct aaatgtttgg ctaaatacaat ggcacgagtc gcaattaatt 870
ctgcgctcca aggaatacat gccaaagattt taattgggct tttctcaaataaatgataaa 930
tctcagatac ttgattttgt gtgtgttggg aagaatcaaa aatttctgcc aagtcagggc 990
gagtacgacc agattcatca atcggcgcat taaatttatt gatcacaaca ccaagtaaat 1050
tagggttatt tttgtgcc aataatgagg ctgcggcttt gatgcgttct ttgagttctg 1110
ccggtgtttc cgtcgccggt gctgcaacaa gaatgatttc cgcacaaagt gcttgagcaa 1170
tttcatagtt aatgctattg gcataagaat gcttacgctg agggattaaa ccttccacca 1230
cgacaatttc attgtttttg gcgagttgtt gatgattttc aacaattttt tctagtacca 1290
catcagattg attttgaccg atgagtgatt cagctacact taacataaat ggttccactg 1350
tttcaatggg ggtactgggt cgaataattg atgttgtgct atcaatcata tcttcacctg 1410
agttcggtg agaaattggg ttcataaagc cgactttcgc ccctttttgc tccagtgc at 1470
gtgttaaacc taagctgaca ctggttaagc ctacaccagc actaatcggg ataaggataa 1530
ttgtacgtga cataataaac cctaatttgt tgataattta tacaaaaaga aactgccgat 1590
gaatcggcag ttaattgac tttacgcgat gcaaaggcgc gcggtatctt gtgcaataac 1650
aagttcttca ttcggtggga tcacatggc aacaggcgta ttgtctgctg taatcacccc 1710
ttcatgacca aagcgagccg ctttgttttt atctgaatcc acttgataac cgaacagttt 1770
taaattggttt aaggttga 1788

```

<210> 63

<211> 200

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 63

```

Val Asn Thr Gly Leu Ile His Ser Asn Gly Asn Ala Lys Leu Thr Phe
1 5 10 15

```

```

<210> 64
<211> 278
<212> DNA
<213> Pasteurella multocida

<220>
<221> CDS
<222> (108)..(278)

<220>
<223> unknown O

<400> 64
gaattccaac caaatctcac accagagcaa gaacgctaca tagtggaatg gttggcagaa 60
cattacccaa atggaaataa accttaacca tagcaagaga gaagaaa atg aaa att 116
                                         Met Lys Ile
                                         1

act att aca cga aat cat cca gaa gta ttt caa gaa tcc gct cgt tta 164
Thr Ile Thr Arg Asn His Pro Glu Val Phe Gln Glu Ala Ser Ala Arg Leu
      5              10              15

gta gcc gaa aag ttc att aaa gcc caa tgt gta gaa gca tta aca ttg 212
Val Ala Glu Lys Phe Ile Lys Ala Gln Cys Val Glu Ala Leu Thr Leu

```

```

20          25          30          35
gct ttg att gag ggt gtc gag cac ttt gtg ctg gaa ggt gag gag gaa 260
Ala Leu Ile Glu Gly Val Glu His Phe Val Leu Glu Gly Glu Glu Glu
          40          45          50

agc aaa agg gga cat agt 278
Ser Lys Arg Gly His Ser
          55

<210> 65
<211> 57
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida

<400> 65
Met Lys Ile Thr Ile Thr Arg Asn His Pro Glu Val Phe Gln Glu Ser
 1          5          10          15
Ala Arg Leu Val Ala Glu Lys Phe Ile Lys Ala Gln Cys Val Glu Ala
          20          25          30
Leu Thr Leu Ala Leu Ile Glu Gly Val Glu His Phe Val Leu Glu Gly
          35          40          45
Glu Glu Glu Ser Lys Arg Gly His Ser
          50          55

<210> 66
<211> 1020
<212> DNA
<213> Pasteurella multocida

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(597)

<220>
<223> unknown P

<400> 66
gtc aac aca tca aaa gtt gag att gac tat gcc gtc act cgt gcg gcg 48
Val Asn Thr Ser Lys Val Glu Ile Asp Tyr Ala Val Thr Arg Ala Ala
 1          5          10          15
gca atg cgt gca tat ctt gat aaa gaa cag ggc tgg cat acg tct att 96
Ala Met Arg Ala Tyr Leu Asp Lys Glu Gln Gly Trp His Thr Ser Ile
          20          25          30
tca aat aaa ggc att aat ggc gtg agc ggt gtc aca caa cca ctc tat 144
Ser Asn Lys Gly Ile Asn Gly Val Ser Gly Val Thr Gln Pro Leu Tyr
          35          40          45
ttt gac att aac gac agc tcg act gat gtg aac tat ctc aat gaa caa 192
Phe Asp Ile Asn Asp Ser Ser Thr Asp Val Asn Tyr Leu Asn Glu Gln
          50          55          60
ggc atc acg tgt tgc gtg aat cat aat ggc ttt cgt ttt tgg ggc tta 240
Gly Ile Thr Cys Cys Val Asn His Asn Gly Phe Arg Phe Trp Gly Leu
          65          70          75          80

```


cgc acg act gca gaa gat cca tta ttc aag ttt gaa gtg tac acc cgc 288
 Arg Thr Thr Ala Glu Asp Pro Leu Phe Lys Phe Glu Val Tyr Thr Arg
 85 90 95

act gca caa atc tta aaa gat acg att gca ggg gcg ttt gat tgg gca 336
 Thr Ala Gln Ile Leu Lys Asp Thr Ile Ala Gly Ala Phe Asp Trp Ala
 100 105 110

gtg gat aaa gat att tct gtc acg cta gtg aaa gat att att gaa gca 384
 Val Asp Lys Asp Ile Ser Val Thr Leu Val Lys Asp Ile Ile Glu Ala
 115 120 125

atc aat gcg aag tgg cgt gat tac acc aca aaa ggc tac tta att ggc 432
 Ile Asn Ala Lys Trp Arg Asp Tyr Thr Thr Lys Gly Tyr Leu Ile Gly
 130 135 140

ggt aaa gcg tgg ctt aat aaa gag ctt aac agt gca acg aat tta aaa 480
 Gly Lys Ala Trp Leu Asn Lys Glu Leu Asn Ser Ala Thr Asn Leu Lys
 145 150 155 160

gat gcg aag ttg ttg atc tct tat gat tat cac cca gta cca ccg ctc 528
 Asp Ala Lys Leu Leu Ile Ser Tyr Asp Tyr His Pro Val Pro Pro Leu
 165 170 175

gaa cag cta ggc ttt aat cag tac att tct gat gaa tac ctt gtt gat 576
 Glu Gln Leu Gly Phe Asn Gln Tyr Ile Ser Asp Glu Tyr Leu Val Asp
 180 185 190

ttt tca aat cgt tta gca tcg taaggggtag aaaatggctt taccacgcaa 627
 Phe Ser Arg Leu Ala Ser
 195

acttaaattg atgaatttaa tcatcgacgg taacaaatat ctggcggaag tcacggaagt 687

gactcaacca aaattagcaa tgaaaatcga agaatttcgc gcgggcggta tgattgggtc 747

ggtggatgtc aatctcgggc ttgaaaagct cgaagcggaa tttaaagccg gtggctacat 807

ggtcgaatta attaaaaaat tcggcgggtc aatcaacggc attocattgc gttttcttgg 867

ctcatatcag cgtgatgaca cagaagaagt cacatctgtt gagcttgtga tgcaaggctc 927

atttactgaa attgacagcg gaaacagcaa agtgggcgat gacactgaac aaacattcaa 987

agtgccttta acgtattaca aaatcattgt tga 1020

<210> 67
 <211> 199
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

<400> 67
 Val Asn Thr Ser Lys Val Glu Ile Asp Tyr Ala Val Thr Arg Ala Ala
 1 5 10 15
 Ala Met Arg Ala Tyr Leu Asp Lys Glu Gln Gly Trp His Thr Ser Ile
 20 25 30
 Ser Asn Lys Gly Ile Asn Gly Val Ser Gly Val Thr Gln Pro Leu Tyr
 35 40 45

Phe Asp Ile Asn Asp Ser Ser Thr Asp Val Asn Tyr Leu Asn Glu Gln
 50 55 60
 Gly Ile Thr Cys Cys Val Asn His Asn Gly Phe Arg Phe Trp Gly Leu
 65 70 75 80
 Arg Thr Thr Ala Glu Asp Pro Leu Phe Lys Phe Glu Val Tyr Thr Arg
 85 90 95
 Thr Ala Gln Ile Leu Lys Asp Thr Ile Ala Gly Ala Phe Asp Trp Ala
 100 105 110
 Val Asp Lys Asp Ile Ser Val Thr Leu Val Lys Asp Ile Ile Glu Ala
 115 120 125
 Ile Asn Ala Lys Trp Arg Asp Tyr Thr Thr Lys Gly Tyr Leu Ile Gly
 130 135 140
 Gly Lys Ala Trp Leu Asn Lys Glu Leu Asn Ser Ala Thr Asn Leu Lys
 145 150 155 160
 Asp Ala Lys Leu Leu Ile Ser Tyr Asp Tyr His Pro Val Pro Pro Leu
 165 170 175
 Glu Gln Leu Gly Phe Asn Gln Tyr Ile Ser Asp Glu Tyr Leu Val Asp
 180 185 190
 Phe Ser Asn Arg Leu Ala Ser
 195

<210> 68
 <211> 2584
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (1042)..(2286)

<220>
 <223> xylA

<400> 68
 gtcgaccagc ttagattttg cgacgggggtt aatttcttct atcgtttcaa tcattgcggt 60
 taccattatt ttatggaatc tctctggacc gatgaccatt gccaatattg aaattcctca 120
 cgcgatggtc tttttggtct ttatttacgt gctgttttagc agtattgtgg catttaaaat 180
 cggtcgcccg ttaattcagc tcaattttgc caatgaacgc ttaaacgcca actaccgtta 240
 ttcactttatc cgtctgaaag aatatgctga aagcattgct ttttatcgtg gtgaaaaaat 300
 ggaaaaacgt ctattgacca cacaatttaa tcaggtgatt gataacggtt ggcaagtaat 360
 ctaccgcacc ttgaaattat cgggttttaa cttaatcatt acgcagattt cgggtggttt 420
 tccgctgggtg attcaagtga cacgttatct tcgtcgacaa taggtgcata tgagggtggt 480
 agaatagcga tactttctgt tggaaaagta aactctttta tataaataga aatcgcttga 540

```

atgattctcg ggcaaaaaat aatgtactca tttgcgatct catactgata atggcgaagt 600
aaatatcttc ttacaatatt atggtaatta tcaggaata ccgtatagcc atagattcca 660
gttctatttt gttttgctaa ataattgatg agcatttgag gcgcaggtaa atccatatct 720
gcaacagaca ttgaaatcat atccttgccg tatttacgag taattgcccc tttagcacta 780
tgacaatctg atctatcagt aaaaacatca aacaaattat ccgtcataca tgttctccaa 840
tattggattt atataaactt tagaacttga ggtagattgt tggaattgtt aaatctggta 900
ttctatttac gttttttctt ttttgtgata taagccacaa taaccaataa tcttaattgt 960
taagtgaat aacgtaattg atcctcccat tgttttacta aattatgtct ctgaaactta 1020

tttgttcagg agaaatcatt t atg tcc act tac ttc gac aaa att gaa aaa 1071
                        Met Ser Thr Tyr Phe Asp Lys Ile Glu Lys
                        1                      5                      10

gta aat tat gaa ggt gta act tca tct aat ccg ttt gca tat aag cat 1119
Val Asn Tyr Glu Gly Val Thr Ser Ser Asn Pro Phe Ala Tyr Lys His
                        15                      20                      25

tat gat gct aat caa gtt att tta ggt aag acg atg gct gaa cac tta 1167
Tyr Asp Ala Asn Gln Val Ile Leu Gly Lys Thr Met Ala Glu His Leu
                        30                      35                      40

cgt tta gcc gtc tgt tat tgg cac act ttc tgt tgg aca ggg aat gat 1215
Arg Leu Ala Val Cys Tyr Trp His Thr Phe Cys Trp Thr Gly Asn Asp
                        45                      50                      55

atg ttc ggt gtc ggt tct ttc gat cgt tgt tgg cag aag gcg agt gat 1263
Met Phe Gly Val Gly Ser Phe Asp Arg Cys Trp Gln Lys Ala Ser Asp
                        60                      65                      70

tca tta gca ggt gca aaa caa aaa gca gat atc gct ttt gaa ttt ttc 1311
Ser Leu Ala Gly Ala Lys Gln Lys Ala Asp Ile Ala Phe Glu Phe Phe
                        75                      80                      85                      90

agt aaa tta ggc ata cct tat tat tgt ttt cat gat gtt gat gtt gcg 1359
Ser Lys Leu Gly Ile Pro Tyr Tyr Cys Phe His Asp Val Asp Val Ala
                        95                      100                      105

cca gaa ggt cat tca ttt aaa gaa tat ttg tgc aac ttt aat aca atg 1407
Pro Glu Gly His Ser Phe Lys Glu Tyr Leu Ser Asn Phe Asn Thr Met
                        110                      115                      120

atc gat gtt tta gcg cag aaa caa gaa gaa aca ggc gtc aaa ttg ttg 1455
Ile Asp Val Leu Ala Gln Lys Gln Glu Glu Thr Gly Val Lys Leu Leu
                        125                      130                      135

tgg ggg act gca aat tgt ttt aca cac cct cgt tat atg tct ggt gct 1503
Trp Gly Thr Ala Asn Cys Phe Thr His Pro Arg Tyr Met Ser Gly Ala
                        140                      145                      150

gca aca aat ccg aat cca gaa att ttt gct tgg gct gct gca caa gta 1551
Ala Thr Asn Pro Asn Pro Glu Ile Phe Ala Trp Ala Ala Ala Gln Val
155                      160                      165                      170

ttt act gcc atg ggg gca act cag cgt tta ggt ggt gaa aat tat gtt 1599
Phe Thr Ala Met Gly Ala Thr Gln Arg Leu Gly Gly Glu Asn Tyr Val

```

175										180					185					
ttg	tg	gga	gga	cgt	gaa	gga	tat	gaa	acg	tta	tta	aat	acc	aat	tta	1647				
Leu	Trp	Gly	Gly	Arg	Glu	Gly	Tyr	Glu	Thr	Leu	Leu	Asn	Thr	Asn	Leu					
			190					195					200							
aaa	cag	gag	cga	gag	caa	att	gga	cgt	ttc	atg	caa	atg	gtg	gtt	gag	1695				
Lys	Gln	Glu	Arg	Glu	Gln	Ile	Gly	Arg	Phe	Met	Gln	Met	Val	Val	Glu					
		205					210					215								
cat	aaa	tat	aaa	atc	ggc	ttt	aac	ggg	act	ttg	ctg	att	gaa	cca	aag	1743				
His	Lys	Tyr	Lys	Ile	Gly	Phe	Asn	Gly	Thr	Leu	Leu	Ile	Glu	Pro	Lys					
		220				225					230									
cca	caa	gag	cca	acg	aaa	cat	caa	tat	gac	tat	gat	gtg	gcg	acc	gtt	1791				
Pro	Gln	Glu	Pro	Thr	Lys	His	Gln	Tyr	Asp	Tyr	Asp	Val	Ala	Thr	Val					
					240					245					250					
tat	ggc	ttt	tta	aag	cag	ttt	ggc	tta	gaa	aaa	gaa	att	aaa	gtg	aat	1839				
Tyr	Gly	Phe	Leu	Lys	Gln	Phe	Gly	Leu	Glu	Lys	Glu	Ile	Lys	Val	Asn					
				255					260					265						
att	gaa	gct	aat	cac	gca	aca	tta	gct	gga	cac	act	ttc	cag	cat	gaa	1887				
Ile	Glu	Ala	Asn	His	Ala	Thr	Leu	Ala	Gly	His	Thr	Phe	Gln	His	Glu					
			270					275					280							
gtc	gcc	atg	gct	aca	gcg	tta	gat	att	ttt	ggc	tct	att	gat	gca	aat	1935				
Val	Ala	Met	Ala	Thr	Ala	Leu	Asp	Ile	Phe	Gly	Ser	Ile	Asp	Ala	Asn					
		285					290					295								
cgt	ggc	gat	cca	caa	tta	ggc	tg	gat	acc	gat	caa	ttc	cct	aat	agc	1983				
Arg	Gly	Asp	Pro	Gln	Leu	Gly	Trp	Asp	Thr	Asp	Gln	Phe	Pro	Asn	Ser					
		300				305					310									
gta	gaa	gaa	aat	act	ttg	gtc	ata	tat	gaa	att	ctc	aaa	gca	ggg	ggc	2031				
Val	Glu	Glu	Asn	Thr	Leu	Val	Ile	Tyr	Glu	Ile	Leu	Lys	Ala	Gly	Gly					
		315			320					325					330					
ttt	aca	acc	ggc	ggc	ttt	aat	ttt	gat	gct	aaa	atc	cgt	cgg	cag	agt	2079				
Phe	Thr	Thr	Gly	Gly	Phe	Asn	Phe	Asp	Ala	Lys	Ile	Arg	Arg	Gln	Ser					
			335					340						345						
acg	gat	cct	tac	gat	tta	ttt	cat	gga	cat	att	ggc	gcg	att	gat	gta	2127				
Thr	Asp	Pro	Tyr	Asp	Leu	Phe	His	Gly	His	Ile	Gly	Ala	Ile	Asp	Val					
			350					355					360							
ctt	gcc	tta	tca	cta	aaa	tgt	gcg	gcg	aaa	atg	ctt	gaa	gag	caa	gct	2175				
Leu	Ala	Leu	Ser	Leu	Lys	Cys	Ala	Ala	Lys	Met	Leu	Glu	Glu	Gln	Ala					
		365					370					375								
tta	caa	aaa	gtc	gtc	aat	caa	cgt	tat	gct	ggc	tg	aca	tca	tca	ctt	2223				
Leu	Gln	Lys	Val	Val	Asn	Gln	Arg	Tyr	Ala	Gly	Trp	Thr	Ser	Ser	Leu					
		380				385					390									
ggc	caa	ctt	gtt	caa	atc	cgg	tcc	tac	cac	gcg	tgt	ctg	caa	tac	aga	2271				
Gly	Gln	Leu	Val	Gln	Ile	Arg	Ser	Tyr	His	Ala	Cys	Leu	Gln	Tyr	Arg					
					400					405					410					
cta	aca	aaa	gtg	ctt	taaaacggttc cggttacgc cagacatcta gacgattgaa											2326				
Leu	Thr	Lys	Val	Leu																
				415																

taatttcaat attgtctccg cacgtaattc aaaggctttg tgtatgtgcg aatgatattc 2386
 acaacaaaagt tctgcaaaat cttgaattgc gtgaggtaat ttaaagcgct gacataagcg 2446
 tcttgtcggc atgacaccag ctttttcatg tccataatga tgtggcaata tttcttttgg 2506
 tgtaaggct tttcctaaat catgacaaat tgcagcaaaa cgtaccgcac tttgtcact 2566
 gtccgtgttt tctgtcga 2584

<210> 69
 <211> 415
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

<400> 69
 Met Ser Thr Tyr Phe Asp Lys Ile Glu Lys Val Asn Tyr Glu Gly Val
 1 5 10 15
 Thr Ser Ser Asn Pro Phe Ala Tyr Lys His Tyr Asp Ala Asn Gln Val
 20 25 30
 Ile Leu Gly Lys Thr Met Ala Glu His Leu Arg Leu Ala Val Cys Tyr
 35 40 45
 Trp His Thr Phe Cys Trp Thr Gly Asn Asp Met Phe Gly Val Gly Ser
 50 55 60
 Phe Asp Arg Cys Trp Gln Lys Ala Ser Asp Ser Leu Ala Gly Ala Lys
 65 70 75 80
 Gln Lys Ala Asp Ile Ala Phe Glu Phe Phe Ser Lys Leu Gly Ile Pro
 85 90 95
 Tyr Tyr Cys Phe His Asp Val Asp Val Ala Pro Glu Gly His Ser Phe
 100 105 110
 Lys Glu Tyr Leu Ser Asn Phe Asn Thr Met Ile Asp Val Leu Ala Gln
 115 120 125
 Lys Gln Glu Glu Thr Gly Val Lys Leu Leu Trp Gly Thr Ala Asn Cys
 130 135 140
 Phe Thr His Pro Arg Tyr Met Ser Gly Ala Ala Thr Asn Pro Asn Pro
 145 150 155 160
 Glu Ile Phe Ala Trp Ala Ala Ala Gln Val Phe Thr Ala Met Gly Ala
 165 170 175
 Thr Gln Arg Leu Gly Gly Glu Asn Tyr Val Leu Trp Gly Gly Arg Glu
 180 185 190
 Gly Tyr Glu Thr Leu Leu Asn Thr Asn Leu Lys Gln Glu Arg Glu Gln
 195 200 205
 Ile Gly Arg Phe Met Gln Met Val Val Glu His Lys Tyr Lys Ile Gly
 210 215 220
 Phe Asn Gly Thr Leu Leu Ile Glu Pro Lys Pro Gln Glu Pro Thr Lys
 225 230 235 240

His Gln Tyr Asp Tyr Asp Val Ala Thr Val Tyr Gly Phe Leu Lys Gln
 245 250 255
 Phe Gly Leu Glu Lys Glu Ile Lys Val Asn Ile Glu Ala Asn His Ala
 260 265 270
 Thr Leu Ala Gly His Thr Phe Gln His Glu Val Ala Met Ala Thr Ala
 275 280 285
 Leu Asp Ile Phe Gly Ser Ile Asp Ala Asn Arg Gly Asp Pro Gln Leu
 290 295 300
 Gly Trp Asp Thr Asp Gln Phe Pro Asn Ser Val Glu Glu Asn Thr Leu
 305 310 315 320
 Val Ile Tyr Glu Ile Leu Lys Ala Gly Gly Phe Thr Thr Gly Gly Phe
 325 330 335
 Asn Phe Asp Ala Lys Ile Arg Arg Gln Ser Thr Asp Pro Tyr Asp Leu
 340 345 350
 Phe His Gly His Ile Gly Ala Ile Asp Val Leu Ala Leu Ser Leu Lys
 355 360 365
 Cys Ala Ala Lys Met Leu Glu Glu Gln Ala Leu Gln Lys Val Val Asn
 370 375 380
 Gln Arg Tyr Ala Gly Trp Thr Ser Ser Leu Gly Gln Leu Val Gln Ile
 385 390 395 400
 Arg Ser Tyr His Ala Cys Leu Gln Tyr Arg Leu Thr Lys Val Leu
 405 410 415

<210> 70
 <211> 3501
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (298) .. (1905)

<220>
 <223> yabk

<400> 70
 gaattcgagg aagggggcgt attacaaatt gaaacggctg cacgtgtagc acaacatgat 60
 aatgcctgtg cggatcattt ccttgccttt ttacttcac cagaagcaca agggcattta 120
 gtcaagaata atgtgatgtt accgggtgatt aataccaata ttgaaccgca ctttgatgcc 180
 cttagagcca cccaaatgaa cagcaaagtg ctcgatacct caaaagtgaa tgcogaacaa 240
 gtcaaaaaat ggattgctgt ttggcaaacg accctaacc c aataattggt tgtcttg 297
 atg ttt aag cga ttt cgt gca ttc aca tac cgt ccc gcc agt tat ctt 345
 Met Phe Lys Arg Phe Arg Ala Phe Thr Tyr Arg Pro Ala Ser Tyr Leu
 1 5 10 15
 ggc ggg atg ttg gtg att gtt ttt ctg agc gct ttt tat gcg ttc gcc 393

Gly	Gly	Met	Leu	Val	Ile	Val	Phe	Leu	Ser	Ala	Phe	Tyr	Ala	Phe	Ala	
			20					25					30			
tta	ggg	gcg	gtt	ttt	tcg	ctc	cct	ttt	gcg	cgc	agt	tgg	aca	gcg	ttg	441
Leu	Gly	Ala	Val	Phe	Ser	Leu	Pro	Phe	Ala	Arg	Ser	Trp	Thr	Ala	Leu	
		35					40					45				
ttg	agt	gat	cag	tat	tta	caa	cac	gtg	atc	atc	ttt	agc	ttt	tgg	caa	489
Leu	Ser	Asp	Gln	Tyr	Leu	Gln	His	Val	Ile	Ile	Phe	Ser	Phe	Trp	Gln	
	50					55					60					
gcc	ttt	ctg	tcg	gcg	gta	ctt	gcg	gtc	ctc	ttt	ggg	ggc	att	gta	gca	537
Ala	Phe	Leu	Ser	Ala	Val	Leu	Ala	Val	Leu	Phe	Gly	Gly	Ile	Val	Ala	
	65				70				75					80		
cga	gcc	ttt	ttt	tat	caa	ccg	ttt	gtg	ggc	aag	aaa	ctg	atc	ctc	aaa	585
Arg	Ala	Phe	Phe	Tyr	Gln	Pro	Phe	Val	Gly	Lys	Lys	Leu	Ile	Leu	Lys	
			85					90						95		
tta	ttt	tca	ctg	act	ttt	gtg	tta	cct	gcc	tta	gtg	gcg	att	ttt	ggg	633
Leu	Phe	Ser	Leu	Thr	Phe	Val	Leu	Pro	Ala	Leu	Val	Ala	Ile	Phe	Gly	
		100					105						110			
tta	tta	ggc	gtg	tat	ggc	gct	tct	ggc	tgg	tta	gcg	atg	tta	agc	cag	681
Leu	Leu	Gly	Val	Tyr	Gly	Ala	Ser	Gly	Trp	Leu	Ala	Met	Leu	Ser	Gln	
		115				120						125				
ttt	ttc	gct	tgg	gat	tgg	act	cct	aat	att	tac	ggc	tta	aca	ggg	att	729
Phe	Phe	Ala	Trp	Asp	Trp	Thr	Pro	Asn	Ile	Tyr	Gly	Leu	Thr	Gly	Ile	
	130					135					140					
tta	ctg	gcg	cat	ctt	ttt	ttt	aat	gtc	cca	tta	gct	tgt	cgc	ctg	ttt	777
Leu	Leu	Ala	His	Leu	Phe	Phe	Asn	Val	Pro	Leu	Ala	Cys	Arg	Leu	Phe	
	145				150				155					160		
tta	caa	ggg	ttg	caa	gca	att	ccg	gtg	caa	caa	cgt	cag	ctc	gcg	gca	825
Leu	Gln	Gly	Leu	Gln	Ala	Ile	Pro	Val	Gln	Gln	Arg	Gln	Leu	Ala	Ala	
			165					170						175		
caa	ctc	aat	tta	cgt	ggg	tgg	cat	ttt	ata	cgt	ctg	att	gag	tgg	ccc	873
Gln	Leu	Asn	Leu	Arg	Gly	Trp	His	Phe	Ile	Arg	Leu	Ile	Glu	Trp	Pro	
		180						185					190			
tat	tta	cgc	cag	caa	ttg	tta	cct	gca	ttt	act	ttg	att	ttc	atg	ctg	921
Tyr	Leu	Arg	Gln	Gln	Leu	Leu	Pro	Ala	Phe	Thr	Leu	Ile	Phe	Met	Leu	
		195					200					205				
tgt	ttt	acc	agt	ttt	gcg	att	gtg	ctc	act	tta	ggg	ggc	gga	ccg	aaa	969
Cys	Phe	Thr	Ser	Phe	Ala	Ile	Val	Leu	Thr	Leu	Gly	Gly	Gly	Pro	Lys	
	210					215					220					
tat	acc	acg	ttg	gaa	gtg	gct	atc	tat	caa	gcg	att	tta	ttt	gag	ttt	1017
Tyr	Thr	Thr	Leu	Glu	Val	Ala	Ile	Tyr	Gln	Ala	Ile	Leu	Phe	Glu	Phe	
	225				230				235					240		
gat	gta	ccg	aaa	gcc	ggc	tta	ttt	gcg	tta	tta	caa	ttt	gtt	ttt	tgt	1065
Asp	Val	Pro	Lys	Ala	Gly	Leu	Phe	Ala	Leu	Leu	Gln	Phe	Val	Phe	Cys	
			245					250						255		
ttt	ctg	tta	ttc	acg	ctg	agt	agc	ttt	ttt	tct	cca	gcc	ccc	gcc	acg	1113
Phe	Leu	Leu	Phe	Thr	Leu	Ser	Ser	Phe	Phe	Ser	Pro	Ala	Pro	Ala	Thr	
		260						265					270			

aca tta cac agt caa cct act tgg ttt gcg ccc caa tcg tat tgg gtt	1161
Thr Leu His Ser Gln Pro Thr Trp Phe Ala Pro Gln Ser Tyr Trp Val	
275 280 285	
aaa tta tgg caa cgt atg atc att gtg tgt gcg aca gta ttt atc tta	1209
Lys Leu Trp Gln Arg Met Ile Ile Val Cys Ala Thr Val Phe Ile Leu	
290 295 300	
tta ccg cta ctc aat acg cta gtt tct gct ttg ctt tcg tct cag ttt	1257
Leu Pro Leu Leu Asn Thr Leu Val Ser Ala Leu Leu Ser Ser Gln Phe	
305 310 315 320	
ttt acc ttg tgg tta caa cct caa tta tgg aaa gca tta ggt tac tcg	1305
Phe Thr Leu Trp Leu Gln Pro Gln Leu Trp Lys Ala Leu Gly Tyr Ser	
325 330 335	
ctc acc atc gcc ccc act tct gca ttg ctc gct tta gta ctg tct ttt	1353
Leu Thr Ile Ala Pro Thr Ser Ala Leu Leu Ala Leu Val Leu Ser Phe	
340 345 350	
gcc tta tta ttg ctt gcc aga gaa tta cat tgg cga cat tat cgc agc	1401
Ala Leu Leu Leu Leu Ala Arg Glu Leu His Trp Arg His Tyr Arg Ser	
355 360 365	
tta tcc cat gtg att tta aat atc ggt gcg acc att tta gcc att cca	1449
Leu Ser His Val Ile Leu Asn Ile Gly Ala Thr Ile Leu Ala Ile Pro	
370 375 380	
acg tta gtg tta gct att ggt tta ttc att tta tta cgt gag atc gat	1497
Thr Leu Val Leu Ala Ile Gly Leu Phe Ile Leu Leu Arg Glu Ile Asp	
385 390 395 400	
ttt tct cca tac cat ctt ttt ggg gtt gtg gta tgc tgt aac gcg tta	1545
Phe Ser Pro Tyr His Leu Phe Gly Val Val Val Cys Cys Asn Ala Leu	
405 410 415	
gct gct atg cct ttt gtg ttg cgt att ttg gct tta ccg atg cat aac	1593
Ala Ala Met Pro Phe Val Leu Arg Ile Leu Ala Leu Pro Met His Asn	
420 425 430	
aat atg att tat tat gaa aaa tta tgc caa tca ctt aac ctg cgt ggt	1641
Asn Met Ile Tyr Tyr Glu Lys Leu Cys Gln Ser Leu Asn Leu Arg Gly	
435 440 445	
tgg caa cgt ttt cga ttg att gaa tgg cac aag ctt cgt gcg cca atg	1689
Trp Gln Arg Phe Arg Leu Ile Glu Trp His Lys Leu Arg Ala Pro Met	
450 455 460	
aaa tac gcc ttt gca ctg gct tgt gcg tta tca tta ggc gat ttc acc	1737
Lys Tyr Ala Phe Ala Leu Ala Cys Ala Leu Ser Leu Gly Asp Phe Thr	
465 470 475 480	
gca atc gcg tta ttt ggt cag gct gac ttc aca tcg tta ccg cat ttg	1785
Ala Ile Ala Leu Phe Gly Gln Ala Asp Phe Thr Ser Leu Pro His Leu	
485 490 495	
ttg tat caa caa ttg ggg cat tat cgt agt cag gaa gcg gca gta aca	1833
Leu Tyr Gln Gln Leu Gly His Tyr Arg Ser Gln Glu Ala Ala Val Thr	
500 505 510	
gcg ttt att tta ttg gtt ttt tgt ttg agt gtt ttt atg att att gaa	1881
Ala Phe Ile Leu Leu Val Phe Cys Leu Ser Val Phe Met Ile Ile Glu	

515	520	525	
cga cat cag gaa ccg cgt gat gat	taattttaa	ac ggtgttcagt	tttcctataa 1935
Arg His Gln Glu Pro Arg Asp			
530	535		
tacctttact	tttgagctgg	atttgcagat	tcttgcctcaa caaaaagttg ctattattgg 1995
cgccagtggc	gcagggaaga	gtaccttatt	aaatttgatt gcgggttttg cattgccaca 2055
gcaaggggaa	atttgggtga	atggtgaaaa	tcatagccaa actcaacctt atgaacgtcc 2115
ggtatctatt	ttgtttcaag	aaaacaactt	gtttacgcat ttgactgtgg cagagaatat 2175
ggcattaggg	ctgaaaccaa	gcctaaaaact	gaccgcactt gaacaacaac gcgtacaaca 2235
agtggcaagt	gcagtgggtt	tgcagggttt	tcttaatcaa ttaccacccc agttatcggg 2295
tgggcaaaaa	cagcgtgtgg	cggtggcgcg	ttgtttatta cgcgataagc caattttgtt 2355
attggatgaa	cctttttctg	ccttagatcc	cgatttacgg gcagaaatgt tgcattttatt 2415
gttacagttg	tgtgatgaaa	aaaaattaac	actcctgac gtgacacatc aagtgaacga 2475
attacagcag	aaaatggatc	gtatgattcg	ttttgaacat ggtaggatga gtgagtccac 2535
cattttgaag	gataatttta	acgaaaaaca	gaccgcactt taggcggcctt attaattaga 2595
taaggaaaga	gaaaaatatg	acaacggcaa	cggcatttga gattcgtaca cttactctc 2655
acccgacctt	agaatattgg	tctgtgtgta	aaattgaagc cctgtttgag accccttttt 2715
tagatttgg	ttatcgggct	gcgcaagtgc	accgagaaaa ctttaatcct aaagccattc 2775
aattatccac	tttaattgtc	attaaaacgg	ggggatgtcc agaggattgt ggctactgtc 2835
cgcagtcagc	acgttatcat	actggagtag	aaaagcagca attactcgat gtggaagaaa 2895
ttgttgaaaa	agccaaaatt	gccaaagcac	gtggtgcagg gcgcttttgt atgggggctg 2955
catggcgtgg	accgaaaccg	aaagacattg	aaaaagttac cgcaatcatt aaagcgggtga 3015
aagaactggg	cttagaaacc	tgtggtacct	ttggtttatt gcaagatggg atggcagaag 3075
atttaaaaga	agcgggtttg	gattattata	accataatct cgatacagcc ccagaacact 3135
acggtaatgt	gattgggtacc	cgtcaatttg	atgatcgtat taatacgtta ggtaaagtgc 3195
gtaaagctgg	cttaaaagtg	tgtgtgtggc	ggattatttg catgaatgaa acccgtaaag 3255
aaagagcagg	attaattgct	agcttagcta	atttagaccc gcaaccggaa tcggtgccga 3315
ttaatcaatt	agtgaagtgt	gaaggtaccc	ctttagccga tgcggcagaa ttagactgga 3375
cagaatttgt	gcgcactatt	gcggtggcgc	gtattaccat gccgaaaagc tatgtacgtt 3435
tatcagcagg	gcgtcaaggc	atgtcggaag	aaatgcaagc catgtgcttt atggctggcg 3495
cgaatt			3501

<211> 536
 <212> PRT
 <213> *Pasteurella multocida*

 <400> 71
 Met Phe Lys Arg Phe Arg Ala Phe Thr Tyr Arg Pro Ala Ser Tyr Leu
 1 5 10 15
 Gly Gly Met Leu Val Ile Val Phe Leu Ser Ala Phe Tyr Ala Phe Ala
 20 25 30
 Leu Gly Ala Val Phe Ser Leu Pro Phe Ala Arg Ser Trp Thr Ala Leu
 35 40 45
 Leu Ser Asp Gln Tyr Leu Gln His Val Ile Ile Phe Ser Phe Trp Gln
 50 55 60
 Ala Phe Leu Ser Ala Val Leu Ala Val Leu Phe Gly Gly Ile Val Ala
 65 70 75 80
 Arg Ala Phe Phe Tyr Gln Pro Phe Val Gly Lys Lys Leu Ile Leu Lys
 85 90 95
 Leu Phe Ser Leu Thr Phe Val Leu Pro Ala Leu Val Ala Ile Phe Gly
 100 105 110
 Leu Leu Gly Val Tyr Gly Ala Ser Gly Trp Leu Ala Met Leu Ser Gln
 115 120 125
 Phe Phe Ala Trp Asp Trp Thr Pro Asn Ile Tyr Gly Leu Thr Gly Ile
 130 135 140
 Leu Leu Ala His Leu Phe Phe Asn Val Pro Leu Ala Cys Arg Leu Phe
 145 150 155 160
 Leu Gln Gly Leu Gln Ala Ile Pro Val Gln Gln Arg Gln Leu Ala Ala
 165 170 175
 Gln Leu Asn Leu Arg Gly Trp His Phe Ile Arg Leu Ile Glu Trp Pro
 180 185 190
 Tyr Leu Arg Gln Gln Leu Leu Pro Ala Phe Thr Leu Ile Phe Met Leu
 195 200 205
 Cys Phe Thr Ser Phe Ala Ile Val Leu Thr Leu Gly Gly Gly Pro Lys
 210 215 220
 Tyr Thr Thr Leu Glu Val Ala Ile Tyr Gln Ala Ile Leu Phe Glu Phe
 225 230 235 240
 Asp Val Pro Lys Ala Gly Leu Phe Ala Leu Leu Gln Phe Val Phe Cys
 245 250 255
 Phe Leu Leu Phe Thr Leu Ser Ser Phe Phe Ser Pro Ala Pro Ala Thr
 260 265 270
 Thr Leu His Ser Gln Pro Thr Trp Phe Ala Pro Gln Ser Tyr Trp Val
 275 280 285
 Lys Leu Trp Gln Arg Met Ile Ile Val Cys Ala Thr Val Phe Ile Leu
 290 295 300

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

<210> 72

<211> 3182

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (1544)..(2809)

<220>

<223> ygiK

<400> 72

aactactaag gagttatgta tgaatattag aaaatcatta ctattaatat ccctagcaag 60

cttcatgtca ctttcagttt cagctgcaga aattaatttg aaatttgaaa gttcgaattt 120

```

tgcaggagaa aaagtttatg aaatccaaaa agaatggact gacaatattg aaaaagcttc 180
caatggggaga ataagtatag agttattacc tctcgactca gtcttaaaat ctagtgacat 240
gctttctggt gttcgaaata aaattattga tggagcgggt gcaacagcgg caatgtatgc 300
aggcactgac cctggattcg gattaattgg tgatactatt tctgcttgga accatgacga 360
agatatttta aatttttact ataatggagg tggttttgaa gttgttgata atattttcca 420
acaatatgggt gccaaactca ttggtgtatc anttacggga gcagaatcat taccatcgaa 480
agtaaaaaata gctaatactg aagattttta aggtataaaa attcgggctc cctctgggtcc 540
tatccaaaaa ttgtttgcaa gattaggagc cgctcctggt ggtcttcctg gttcagaaat 600
ctatactagt ttagaaaaag gtattattga tgctgccgat ttctcaacgt ttgcaaataa 660
tcaagcacia ggagtcctat atattgcaaa atatccaatc tatccgggaa ttcattcttc 720
accagccgtt catatgatta tgaatcataa aacttggagt agcttaactc catcggatca 780
agcattctta attgcttact ttaaagggat ggctctcgat actctgactc gtgctcatta 840
tgaagataaa ctagcatata aagaagcact tgagaaagga gtacaaccag tttcttgga 900
tcaacaagaa attacaaaag ttcgttctat cgctaaagaa atttggcaag agatagctca 960
acaatctgaa ataggtaatc aagtattatc aagtattaat gaaattccta gaatctcaag 1020
gaatgctgca ataatcgta agatggataa gacgatatcg tottatccat taaggagtaa 1080
aacatgctta tttctaaata tttattatgg ctctgtaata agctagatca aatattcatt 1140
aaagtagggt attacgttcc ttatattttt ctattagttg ttatcattgg ttttacgagg 1200
ttgttgctcg gtatttatcc tctagcccaa cactttgggt tcatgaagta acaacatttt 1260
taataagtct atcattactt tatggtggag tagcttggtta cgccagtaat aaacatattg 1320
ccatgacatt tattagacaa aaattaccta ataagatcaa atggttacta gaactcttag 1380
ttgaaatact tatttttacc ttctttatct tgcttagtta cggagcatat ttatcagcta 1440
gagaagcatt atttactcca tcaggaaaat tcaaaatgca aacttctgga agtgtattag 1500
acatgccatt tccagcaatt gaaaaaagtt tcttctttat ttc atg cct cat cat 1555
                                     Met Pro His His
                                     1

tgt tgt tct ttc agt act aca tat att ccg tca cat cta tac aaa ata 1603
Cys Cys Ser Phe Ser Thr Thr Tyr Ile Pro Ser His Leu Tyr Lys Ile
  5          10          15          20

tca gga gga att atc atg ata agt gca ttt ggg ata ggt att gga act 1651
Ser Gly Gly Ile Ile Met Ile Ser Ala Phe Gly Ile Gly Ile Gly Thr
          25          30          35

ctt att atc ttt tta atg atg att tcc ctt tta ttt att gga atg cca 1699
Leu Ile Ile Phe Leu Met Met Ile Ser Leu Leu Phe Ile Gly Met Pro
          40          45          50

```

tta ggt ttt ctc act ggg tta atc gct tta gtt att tca tat ctt tgg	1747
Leu Gly Phe Leu Thr Gly Leu Ile Ala Leu Val Ile Ser Tyr Leu Trp	
55 60 65	
ttt gat act acc gca ata atg caa atg ata gct tca cgt gtc act gat	1795
Phe Asp Thr Thr Ala Ile Met Gln Met Ile Ala Ser Arg Val Thr Asp	
70 75 80	
ttc aca tca tct tac act ttt gta gct gtg cct atg ttt gtt ctt atg	1843
Phe Thr Ser Ser Tyr Thr Phe Val Ala Val Pro Met Phe Val Leu Met	
85 90 95 100	
gca aca tta ctt gat aag act gga att gct aga gat ctc tac aac gca	1891
Ala Thr Leu Leu Asp Lys Thr Gly Ile Ala Arg Asp Leu Tyr Asn Ala	
105 110 115	
atg cga gtc att ggc ggt cga tta cga ggt gga att gca att caa tcg	1939
Met Arg Val Ile Gly Gly Arg Leu Arg Gly Gly Ile Ala Ile Gln Ser	
120 125 130	
atg ttt gtt gca gtt cta ctt gct acg atg tca ggt att atc ggt gga	1987
Met Phe Val Ala Val Leu Leu Ala Thr Met Ser Gly Ile Ile Gly Gly	
135 140 145	
gaa act gtt tta tta ggc atg ttg gca tta cca caa atg tta cgc tta	2035
Glu Thr Val Leu Leu Gly Met Leu Ala Leu Pro Gln Met Leu Arg Leu	
150 155 160	
ggc tat aat aaa aac tta gct ata gga act gtt gta gca gga gga gca	2083
Gly Tyr Asn Lys Asn Leu Ala Ile Gly Thr Val Val Ala Gly Gly Ala	
165 170 175 180	
ttg ggt aca atg gtt cct cca agt atc gtg ttg att att tac gga atg	2131
Leu Gly Thr Met Val Pro Pro Ser Ile Val Leu Ile Ile Tyr Gly Met	
185 190 195	
acc gca aat gtt tct att gga gaa cta ttt ctt gca gca att cca gcc	2179
Thr Ala Asn Val Ser Ile Gly Glu Leu Phe Leu Ala Ala Ile Pro Ala	
200 205 210	
tcc tta cta ctt tct aca ttc tat att tta tat att cta gta ctt tgc	2227
Ser Leu Leu Leu Ser Thr Phe Tyr Ile Leu Tyr Ile Leu Val Leu Cys	
215 220 225	
tac ttc aaa cct agc tat ggc cct gca atg cct agc tca gaa aat cat	2275
Tyr Phe Lys Pro Ser Tyr Gly Pro Ala Met Pro Ser Ser Glu Asn His	
230 235 240	
aca tta acg aaa gaa gat att aaa aaa att att cat gat att gca att	2323
Thr Leu Thr Lys Glu Asp Ile Lys Lys Ile Ile His Asp Ile Ala Ile	
245 250 255 260	
cca gta gct atc gcc aca tgg att tta gga agt att tat ggc ggg ata	2371
Pro Val Ala Ile Ala Thr Trp Ile Leu Gly Ser Ile Tyr Gly Gly Ile	
265 270 275	
gca tca atc act gaa tct gcc tgt gtt ggt gta gtt ggg gta ata tta	2419
Ala Ser Ile Thr Glu Ser Ala Cys Val Gly Val Val Gly Val Ile Leu	
280 285 290	
gca gca ttc tat cga aaa gaa tta aat ttc aaa ata gta caa gaa tca	2467
Ala Ala Phe Tyr Arg Lys Glu Leu Asn Phe Lys Ile Val Gln Glu Ser	

295	300	305	
cta aaa cat aca atc aat act gtt ggt atg ata atc tgg gtc ggc att			2515
Leu Lys His Thr Ile Asn Thr Val Gly Met Ile Ile Trp Val Gly Ile			
310	315	320	
ggc gca aca atg att ata ggt att tat aat cta atg ggt ggg gac cga			2563
Gly Ala Thr Met Ile Ile Gly Ile Tyr Asn Leu Met Gly Gly Asp Arg			
325	330	335	340
ttt ata gct aac tta ttc gct agc tta gat gcc tct cca att tat act			2611
Phe Ile Ala Asn Leu Phe Ala Ser Leu Asp Ala Ser Pro Ile Tyr Thr			
345	350	355	
atc att att atg atg gtt att tta tta ata ctt ggt atg ttc tta gat			2659
Ile Ile Ile Met Met Val Ile Leu Ile Leu Gly Met Phe Leu Asp			
360	365	370	
tgg att ggt gtt gcc atg ttg act ttc ctc aag aca agt aaa gcg aca			2707
Trp Ile Gly Val Ala Met Leu Thr Phe Leu Lys Thr Ser Lys Ala Thr			
375	380	385	
atc aat ttg tgt ttt gac ata gtc agg tac agt att tgg cgt ggt ccc			2755
Ile Asn Leu Cys Phe Asp Ile Val Arg Tyr Ser Ile Trp Arg Gly Pro			
390	395	400	
tcc ttc cac agt acc aat gtt cat cgt ggt acc ttt gtc ggg cgc ggt			2803
Ser Phe His Ser Thr Asn Val His Arg Gly Thr Phe Val Gly Arg Gly			
405	410	415	420
act ttt tagtaaatct tgccgcatatc gaataaacgc attgatggca tttgctccgt			2859
Thr Phe			
tttgtggatc gactgccgca tgagcagatt tgccaaaaaa ttcaattaca tacttcccaa			2919
tcccttttct ttcgttaaagc tttccactta gattgcccag aagccgatct gtctgaatgg			2979
gaacaagtgt tataccaaga agcgaatcca acaggtgaag tgggtgatcgg tatggtgggt			3039
aaatacactg aattaccgga tgcctacaaa tcggttaatg aagccttgaa acacgcaggc			3099
ttaaaaaacc gtcttagcgt gcaaatcaaa tatattgatt cacaagatgt ggaaacccaa			3159
ggcacagaag tgtagaagg cgt			3182
<210> 73			
<211> 422			
<212> PRT			
<213> Pasteurella multocida			
<400> 73			
Met Pro His His Cys Cys Ser Phe Ser Thr Thr Tyr Ile Pro Ser His			
1	5	10	15
Leu Tyr Lys Ile Ser Gly Gly Ile Ile Met Ile Ser Ala Phe Gly Ile			
20	25	30	
Gly Ile Gly Thr Leu Ile Ile Phe Leu Met Met Ile Ser Leu Leu Phe			
35	40	45	
Ile Gly Met Pro Leu Gly Phe Leu Thr Gly Leu Ile Ala Leu Val Ile			

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

Ser Lys Ala Thr Ile Asn Leu Cys Phe Asp Ile Val Arg Tyr Ser Ile
 385 390 395 400
 Trp Arg Gly Pro Ser Phe His Ser Thr Asn Val His Arg Gly Thr Phe
 405 410 415
 Val Gly Arg Gly Thr Phe
 420

<210> 74
 <211> 2787
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (463)..(936)

<220>
 <223> yhcJ

<400> 74
 gttaacacac catgattaat gatgccggtt gaagccactg caacgtaatc gaattgtccg 60
 gcatacaaaag caagaatggtt ggccagtgtg tcatgcatcg cattggcagc atcagcttgt 120
 ggcggttgcaa tctgttggcg ttgttctatt ttgccgtctg ttacaatagc cgaggcaatt 180
 tttgttccac caatatctaa tgctaaacag cgcataggct ctcttctgt gatgacttat 240
 tttgccgatt tgacggcatc ggcaaaccag cttacgatat gttcgaggcg agtcagcgca 300
 gatcctacgg tgacagagta agcaccaatc tcaattgcgg ttttcgcca ttctggggtg 360
 ttatagcgcc cttctgccat cactcggcag ccagcagcat tcaaactctt gactaactga 420
 taatccggtt cagctggaat ttcaccgcca gtataaccag ac atg gtg cta cca 474
 Met Val Leu Pro
 1
 ata att tct acc cct aag ttg tgg caa tac atc cct tct tca aaa tta 522
 Ile Ile Ser Thr Pro Lys Leu Trp Gln Tyr Ile Pro Ser Ser Lys Leu
 5 10 15 20
 gaa caa tcc gcc atg gct aaa caa cct aat tct ttg att cgt tta ata 570
 Glu Gln Ser Ala Met Ala Lys Gln Pro Asn Ser Leu Ile Arg Leu Ile
 25 30 35
 atg gct tca cgt gta gtt gga cgg acg cga tcg gta cca tca aaa gca 618
 Met Ala Ser Arg Val Val Gly Arg Thr Arg Ser Val Pro Ser Lys Ala
 40 45 50
 ata ata tcg gcg cct gct gcg gct aac tct tca atg tct tgt aaa aat 666
 Ile Ile Ser Ala Pro Ala Ala Ala Asn Ser Ser Met Ser Cys Lys Asn
 55 60 65
 ggg cta ata cga acg gga ctg tca ggt aaa tcg cgt tta acg ata cca 714
 Gly Leu Ile Arg Thr Gly Leu Ser Gly Lys Ser Arg Leu Thr Ile Pro
 70 75 80
 ata atc ggt aca ttg acg acg tta cgc gtg gct ttt aaa ttt tcg atc 762

Ile Ile Gly Thr Leu Thr Thr Leu Arg Val Ala Phe Lys Phe Ser Ile
 85 90 95 100
 cct tca ata cgt aac ccg gca gca cca ccg ata acg gat gct tgc gcc 810
 Pro Ser Ile Arg Asn Pro Ala Ala Pro Pro Ile Thr Asp Ala Cys Ala
 105 110 115
 atg gcg gca aca att tct ggc gag tcc att ggc cca tta tct acg ggc 858
 Met Ala Ala Thr Ile Ser Gly Glu Ser Ile Gly Pro Leu Ser Thr Gly
 120 125 130
 tgg caa gat gcg att aag cca tat tta att tgt tct aaa act tgc gga 906
 Trp Gln Asp Ala Ile Lys Pro Tyr Leu Ile Cys Ser Lys Thr Cys Gly
 135 140 145
 tgt gat agt ttt gac ata tta act cca gtc taaatttatc aaaagaagat 956
 Cys Asp Ser Phe Asp Ile Leu Thr Pro Val
 150 155
 tgactccaat ttgcataggt taatottaga attaaaaaat aacaacccaaa ataataaaaa 1016
 tttgagatct ttgtgcata tttattcata gggaatagac agcttaattt tagttatgat 1076
 ttgtcaatcc ttgctatttt ttgtgtttgc tggtttgcca tacactgttc taatattgct 1136
 ttgagcactt gataaccttg ctcatataaa tgtaatccgt cggtaacaaag gcgtaaatcc 1196
 agttcacccgt tagaatcaca aaagtatttt tgtgtttcaa cgtaagtcac gtctgacgga 1256
 caatgttggt ttaaataaggt attgagcctg tgaattttgtg cgttagtgc cgtattaatc 1316
 tgattgaccg gtgtggcttc taataaaaaag tagtgggacg taggagaaat ggtgtgtagg 1376
 tgagtcagaa tgtcatttaa ctatcgcatg acttgccgcg gtgaatacgt ttcttctta 1436
 caaatatcat tgacgcctaa aaaaagaaaa acagattgtc caagttgttg aatccgttta 1496
 ggtttaacga taacatccaa atattgtgc gtactgacgc cagaaagtcc taaattggcg 1556
 acggtttgtc ccgctaattg aggtgtgcct gctacctgtt cgccccacat gtcaaaaagt 1616
 gaatgaccaa ttaagctgat attggcaggt ttggaaaatt ccgccatttt gctctgatag 1676
 cgttgataaa tatcctgatc acttagcatg tgtggacctc tattttgaaa taaaacgcta 1736
 agtattatat aaaacctgat atgccggtaa acagtaaaact tatcttccgt aggggtaaat 1796
 attcaatttt gtgacgaacc tatcatttat gaaataaaac ttcattttct atataaaaaa 1856
 tagttttttc actttagaat gccaaacgtg tgaaatttat ttcacatca ttttaacgta 1916
 atcccaacgt aaccaataga ggagaactca taatgaaatt taaaaaacta ctacttgcat 1976
 ctttatgttt aggtgtttca gctctgtat ttgcagcaga ttacgatctt aaattcggta 2036
 tggttgcggg tccaagctca aacgaatata aagcagtaga attctttgcg aaagaagtga 2096
 aagaaaaatc caatggcaaa attgatgtgg ctattttccc tagctcacag ttaggtgatg 2156
 accgtgtgat gattaaacaa ttaaaagacg gtgcattaga ctttacgtta ggtgaatcag 2216
 cacgtttcca aatttacttc ccagaagcag aagtatttgc gttgccttat atgattccta 2276

attttgaaac ctctaaaaaa gcgttgctcg acacaaaatt tggtaaggt ttattgaaaa 2336
 aaattgataa agagttaaac gtacaagtgt tatctgtggc gtataacggt acacgtcaaa 2396
 caacttctaa ccgtgcaatc aacagcattg aagacatgaa aggggttaaaa ttacgtgtac 2456
 ctaacgcggc aaccaacott gcttatgcaa aatacgtggg tgcagcgcca acaccaatgg 2516
 cattctctga agtttacott gcgcttcaaa caaactctgt ggatgggtcaa gaaaacccat 2576
 taccgacaat ccaagcacia aaattctatg aagtacaaaa atacttagcg ttaactaacc 2636
 acatcttaaa tgaccaactt tacttaatca gtaacgatac gttggcagat ttaccagaag 2696
 atttacaaaa agtgggttaa gatgcagcag cgaaagccgc tgaatatcac actaaactct 2756
 tcgttgacgg tgagaacagc ttagttgaat t 2787

<210> 75
 <211> 158
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

<400> 75
 Met Val Leu Pro Ile Ile Ser Thr Pro Lys Leu Trp Gln Tyr Ile Pro
 1 5 10 15
 Ser Ser Lys Leu Glu Gln Ser Ala Met Ala Lys Gln Pro Asn Ser Leu
 20 25 30
 Ile Arg Leu Ile Met Ala Ser Arg Val Val Gly Arg Thr Arg Ser Val
 35 40 45
 Pro Ser Lys Ala Ile Ile Ser Ala Pro Ala Ala Ala Asn Ser Ser Met
 50 55 60
 Ser Cys Lys Asn Gly Leu Ile Arg Thr Gly Leu Ser Gly Lys Ser Arg
 65 70 75 80
 Leu Thr Ile Pro Ile Ile Gly Thr Leu Thr Thr Leu Arg Val Ala Phe
 85 90 95
 Lys Phe Ser Ile Pro Ser Ile Arg Asn Pro Ala Ala Pro Pro Ile Thr
 100 105 110
 Asp Ala Cys Ala Met Ala Ala Thr Ile Ser Gly Glu Ser Ile Gly Pro
 115 120 125
 Leu Ser Thr Gly Trp Gln Asp Ala Ile Lys Pro Tyr Leu Ile Cys Ser
 130 135 140
 Lys Thr Cys Gly Cys Asp Ser Phe Asp Ile Leu Thr Pro Val
 145 150 155

<210> 76
 <211> 2787
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida
 <220>

<221> CDS
 <222> (1949)..(2785)

<220>
 <223> yiaO

<400> 76
 gttaacacac catgattaat gatgccgggt gaagccactg caacgtaatc gaattgtccg 60
 gcatacaaaag caagaatggt ggccagtgtg tcatgcatcg cattggcagc atcagcttgt 120
 ggcggtgcaa tctgttggcg ttgttctatt ttgccgtctg ttacaatagc cgaggcaatt 180
 tttgttccac caatatctaa tgctaaacag cgcataggct ctcttctgt gatgacttat 240
 tttgccgatt tgacggcatc ggcaaaccag cttacgatat gttcgaggcg agtcagcgca 300
 gatcctacgg tgacagagta agcaccaatc tcaattgogg ttttcgccaa ttctgggggtg 360
 ttatagcgcc cttctgccat cactcggcag ccagcagcat tcaaatcttt gactaactga 420
 taatccgggt cagctggaat ttcaccgcca gtataaccag acatggtgct accaataatt 480
 tctaccccta agttgtggca atacatccct tcttcaaaat tagaacaatc cgccatggct 540
 aaacaacctt attctttgat tcgtttaata atggcttcac gtgtagtgtg acggacgcga 600
 tcggtaccat caaaagcaat aatataggcg cctgctgcgg ctaactcttc aatgtcttgt 660
 aaaaatgggc taatacgaac gggactgtca ggtaaatcgc gtttaacgat accaataatc 720
 ggtacattga cgacgttacg cgtggctttt aaattttcga tcccttcaat acgtaaccog 780
 gcagcaccac cgataacgga tgcttgcgcc atggcggcaa caatttctgg cgagtccatt 840
 ggccatttat ctacgggctg gcaagatgag attaaagcat atttaatttg ttctaaaact 900
 tgcggatgtg atagttttga catattaact ccagtctaaa tttatcaaaa gaagattgac 960
 tccaatttgc ataggttaat cttagaatta aaaaaataca accaaaataa taaaaatttg 1020
 agatctttgt cgcataattt ttcataaggga atagacagct taattttagt tatgatttgt 1080
 caatccttgc tattttttgt gtttgctggt ttgcgataca ctgttctaatt attgctttga 1140
 gcacttgata accttgctca ttaaaatgta atccgtcggg acaaaggcgt aaatccagtt 1200
 caccgttaga atcacaaaag tattttttgtg tttcaacgta agtcacgtct gacggacaat 1260
 gttgttttaa ataggtattg agcctgtgaa tttgtgcgtt agtgaccgta ttaatctgat 1320
 tgaccgggtg ggcttctaatt aaaaagtagt gggacgtagg agaaatgggt tgtagggtgag 1380
 tcagaatgtc atttaactat cgcatactt gcgcgggtga atacgtttct tccttacaaa 1440
 tatcattgac gcctaaaaaa agaaaaacag attgtccaag ttgttgaatc cgtttaggtt 1500
 taacgataac atccaaatat tgtcgcgtac tgacgccaga aagtcctaaa ttggcgacgg 1560
 tttgtccgcg taattgaggt gtgcctgcta cctgttcgtc ccacatgtca aaaagtgaat 1620
 gaccaattaa gctgatattg gcaggtttgg aaaattccgc cattttgctc tgatagcgtt 1680

gataaatatc ctgatcactt agcatgtgtg gacctctatt ttgaaataaa acgctaagta	1740
ttatataaaa cctgatatgc cggtaaacag taaacttatc ttccgtaggg gtaaatattc	1800
aattttgtga cgaacctatc atttatgaaa taaaacttca ttttctatat aaaaaatagt	1860
tttttcactt tagaatgcc aacgtgtgaa atttatttca tcatcatttt aacgtaatcc	1920
caacgtaacc aatagaggag aactcata atg aaa ttt aaa aaa cta cta ctt	1972
Met Lys Phe Lys Lys Leu Leu Leu	
1 5	
gca tct tta tgt tta ggt gtt tca gct tct gta ttt gca gca gat tac	2020
Ala Ser Leu Cys Leu Gly Val Ser Ala Ser Val Phe Ala Ala Asp Tyr	
10 15 20	
gat ctt aaa ttc ggt atg gtt gcg ggt cca agc tca aac gaa tat aaa	2068
Asp Leu Lys Phe Gly Met Val Ala Gly Pro Ser Ser Asn Glu Tyr Lys	
25 30 35 40	
gca gta gaa ttc ttt gcg aaa gaa gtg aaa gaa aaa tcc aat ggc aaa	2116
Ala Val Glu Phe Phe Ala Lys Glu Val Lys Glu Lys Ser Asn Gly Lys	
45 50 55	
att gat gtg gct att ttc cct agc tca cag tta ggt gat gac cgt gtg	2164
Ile Asp Val Ala Ile Phe Pro Ser Ser Gln Leu Gly Asp Asp Arg Val	
60 65 70	
atg att aaa caa tta aaa gac ggt gca tta gac ttt acg tta ggt gaa	2212
Met Ile Lys Gln Leu Lys Asp Gly Ala Leu Asp Phe Thr Leu Gly Glu	
75 80 85	
tca gca cgt ttc caa att tac ttc cca gaa gca gaa gta ttt gcg ttg	2260
Ser Ala Arg Phe Gln Ile Tyr Phe Pro Glu Ala Glu Val Phe Ala Leu	
90 95 100	
cct tat atg att cct aat ttt gaa acc tct aaa aaa gcg ttg ctc gac	2308
Pro Tyr Met Ile Pro Asn Phe Glu Thr Ser Lys Lys Ala Leu Leu Asp	
105 110 115 120	
aca aaa ttt ggt caa ggt tta ttg aaa aaa att gat aaa gag tta aac	2356
Thr Lys Phe Gly Gln Gly Leu Leu Lys Lys Ile Asp Lys Glu Leu Asn	
125 130 135	
gta caa gtg tta tct gtg gcg tat aac ggt aca cgt caa aca act tct	2404
Val Gln Val Leu Ser Val Ala Tyr Asn Gly Thr Arg Gln Thr Thr Ser	
140 145 150	
aac cgt gca atc aac agc att gaa gac atg aaa ggg tta aaa tta cgt	2452
Asn Arg Ala Ile Asn Ser Ile Glu Asp Met Lys Gly Leu Lys Leu Arg	
155 160 165	
gta cct aac gcg gca acc aac ctt gct tat gca aaa tac gtg ggt gca	2500
Val Pro Asn Ala Ala Thr Asn Leu Ala Tyr Ala Lys Tyr Val Gly Ala	
170 175 180	
gcg cca aca cca atg gca ttc tct gaa gtt tac ctt gcg ctt caa aca	2548
Ala Pro Thr Pro Met Ala Phe Ser Glu Val Tyr Leu Ala Leu Gln Thr	
185 190 195 200	
aac tct gtg gat ggt caa gaa aac cca tta ccg aca atc caa gca caa	2596
Asn Ser Val Asp Gly Gln Glu Asn Pro Leu Pro Thr Ile Gln Ala Gln	

	205	210	215	
aaa ttc tat gaa gta caa aaa tac tta gcg tta act aac cac atc tta				2644
Lys Phe Tyr Glu Val Gln Lys Tyr Leu Ala Leu Thr Asn His Ile Leu	220	225	230	
aat gac caa ctt tac tta atc agt aac gat acg ttg gca gat tta cca				2692
Asn Asp Gln Leu Tyr Leu Ile Ser Asn Asp Thr Leu Ala Asp Leu Pro	235	240	245	
gaa gat tta caa aaa gtg gtt aaa gat gca gca gcg aaa gcc gct gaa				2740
Glu Asp Leu Gln Lys Val Val Lys Asp Ala Ala Ala Lys Ala Ala Glu	250	255	260	
tat cac act aaa ctc ttc gtt gac ggt gag aac agc tta gtt gaa tt				2787
Tyr His Thr Lys Leu Phe Val Asp Gly Glu Asn Ser Leu Val Glu	265	270	275	
<210> 77				
<211> 279				
<212> PRT				
<213> Pasteurella multocida				
<400> 77				
Met Lys Phe Lys Lys Leu Leu Leu Ala Ser Leu Cys Leu Gly Val Ser	1	5	10	15
Ala Ser Val Phe Ala Ala Asp Tyr Asp Leu Lys Phe Gly Met Val Ala	20	25	30	
Gly Pro Ser Ser Asn Glu Tyr Lys Ala Val Glu Phe Phe Ala Lys Glu	35	40	45	
Val Lys Glu Lys Ser Asn Gly Lys Ile Asp Val Ala Ile Phe Pro Ser	50	55	60	
Ser Gln Leu Gly Asp Asp Arg Val Met Ile Lys Gln Leu Lys Asp Gly	65	70	75	80
Ala Leu Asp Phe Thr Leu Gly Glu Ser Ala Arg Phe Gln Ile Tyr Phe	85	90	95	
Pro Glu Ala Glu Val Phe Ala Leu Pro Tyr Met Ile Pro Asn Phe Glu	100	105	110	
Thr Ser Lys Lys Ala Leu Leu Asp Thr Lys Phe Gly Gln Gly Leu Leu	115	120	125	
Lys Lys Ile Asp Lys Glu Leu Asn Val Gln Val Leu Ser Val Ala Tyr	130	135	140	
Asn Gly Thr Arg Gln Thr Thr Ser Asn Arg Ala Ile Asn Ser Ile Glu	145	150	155	160
Asp Met Lys Gly Leu Lys Leu Arg Val Pro Asn Ala Ala Thr Asn Leu	165	170	175	
Ala Tyr Ala Lys Tyr Val Gly Ala Ala Pro Thr Pro Met Ala Phe Ser	180	185	190	
Glu Val Tyr Leu Ala Leu Gln Thr Asn Ser Val Asp Gly Gln Glu Asn				

195	200	205
Pro Leu Pro Thr Ile Gln Ala Gln Lys Phe Tyr Glu Val Gln Lys Tyr		
210	215	220
Leu Ala Leu Thr Asn His Ile Leu Asn Asp Gln Leu Tyr Leu Ile Ser		
225	230	235
Asn Asp Thr Leu Ala Asp Leu Pro Glu Asp Leu Gln Lys Val Val Lys		
245	250	255
Asp Ala Ala Ala Lys Ala Ala Glu Tyr His Thr Lys Leu Phe Val Asp		
260	265	270
Gly Glu Asn Ser Leu Val Glu		
275		

<210> 78
 <211> 2590
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (908)..(1294)

<220>
 <223> yigF

<400> 78
 ctgcaggctc gattagtggg gcaccgaaag aaaaaaccgt gcaaattatt caccgccgag 60
 aacagcagcc acgcgggttat tacacgggga tttttggtct gttcgatggg gagtcgttac 120
 aaagtgcggg ggcaattcgt tttattgagc aagtggacga gaaattgatt ttccgcagcg 180
 gtggcgggat tacgatctta agcgagctag aagacgagta ccaagaattg atccaaaaag 240
 tgtatgtacc agtaggataa gcgatgacat ttcctttatt tgagacgac gctattgtga 300
 acggtgaaat tcagcacctt gccctgcac aacaacgtta tgcggcaagt ttggcgacct 360
 ttacggcga gaaaggagcg aaagtacagg atcttgcgaa aattattcag attccgaccg 420
 cacttgaaca cactcaacat gcgccgataa tccgttgtcg gattgattac aatcagcaag 480
 actgtgacgt gcattatctt ccctatcaac gcaaaattta ccgcactttt cagcctgtca 540
 ttgcgatga aattaactat gatctgaaat atgctgatcg ggcattatta aatcagttat 600
 ttgctcagcg tagggattgt gatgagatta tgattatcaa acacggcaag gtgacggatt 660
 gcagtattgg taatctgggt tttcgccaag gtgagcaatg gttcacgcca gatagcccgt 720
 tattttacgg cacacaacga gcctgggttat tacaacaagg caaaattcaa gcccgttcca 780
 tcttattgca agagatcgca caatttgaag aaattcgggt aattaatgca cttaatccgc 840
 tgtaaatctt ccttgaacag cgtaaaataa aacaactttt tcagtcagat aaaaggagat 900
 aaacgac atg acg aaa gta att cat act gac aat gca cca gcc gcc att 949

[illegible]

tatcatgcc a gtattctgca aatttgtagc gcatattacg ggtcaacaga cggcgtaaaa 2234
 taggggtgatt tcttagtcgc atttttaagt tcaaataatt actacgatta tcaaaataac 2294
 cagaaataat cccagaaaag aataaccaga aaccgcgaat ggcggaac cataaggacc 2354
 ctttcatcgg atcaagggat ttttgttggg aggcaatctc cgcgtcactc aataaagggtg 2414
 taccaacata atgttgatag cctagcgcaa gcaaacaagc cacagaaatc gctaaagtga 2474
 cattacccaa gactgccact gtttgcgagc gaaacacatc gatcagcagt tgagctaatt 2534
 gcagattaac ggatttgcct tgtccattat ccaccgttcc tgcaaaacgt gctgca 2590

<210> 79
 <211> 129
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

<400> 79
 Met Thr Lys Val Ile His Thr Asp Asn Ala Pro Ala Ala Ile Gly Pro
 1 5 10 15
 Tyr Val Gln Ala Val Asp Leu Gly Asn Met Leu Leu Thr Ser Gly Gln
 20 25 30
 Ile Pro Val Asn Pro Lys Thr Gly Glu Val Pro Ala Asp Ile Val Ala
 35 40 45
 Gln Ala Arg Gln Ser Leu Glu Asn Val Lys Ala Ile Val Glu Gln Ala
 50 55 60
 Gly Leu Gln Val Ala Asn Ile Val Lys Thr Thr Val Phe Val Lys Asp
 65 70 75 80
 Leu Asn Asp Phe Ala Ala Val Asn Ala Glu Tyr Glu Arg Phe Phe Lys
 85 90 95
 Glu Asn Asn His Pro Ser Phe Pro Ala Arg Ser Cys Val Glu Val Ala
 100 105 110
 Arg Leu Pro Lys Asp Val Gly Ile Glu Ile Glu Ala Ile Ala Val Lys
 115 120 125
 Ala

<210> 80
 <211> 6642
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (463)..(1884)

<220>
 <223> yleA

<400> 80


```

aaccagctc agataagttt aattctggct atggaaagtg gaccaaattcc ttcgatctcc 60
cagggtttcta aggcgcgata cgggcaataa cgagtatttt cgatatactg ccaagcacct 120
agttgtttta agagattaac ggaagcaaca ctgatcgagc aaatgogaag atcgtaaggc 180
gaattaggtt gaaactgtgg gagtggggcg tgttcgataa gctggacttg atgtccttgt 240
ttacgtaagc caagcgcaca ggctgcacca accatgccac cgccaaccac gatcatgtct 300
ttttgtatga cgtccatagg attttctttt tctttttgtt acgtattcta ccgtcaatga 360
gggaatttca aaagaaatct ctttttttagc tagccagcat aggttcaaga ctgtaaaata 420
gtcagtcaca tttttatagg ttaactgaat tttttaaacg at atg acg caa aaa 474
                                         Met Thr Gln Lys
                                         1

tta cat att aaa acg tgg ggt tgt cag atg aat gaa tat gat tca tct 522
Leu His Ile Lys Thr Trp Gly Cys Gln Met Asn Glu Tyr Asp Ser Ser
 5          10          15          20

aaa atg gca gat ctc tta aac agt act cac ggc tta gag tta aca gaa 570
Lys Met Ala Asp Leu Leu Asn Ser Thr His Gly Leu Glu Leu Thr Glu
          25          30          35

att ccg gaa gaa gcg gat gtg tta ttg tta aac act tgc tca att cgt 618
Ile Pro Glu Ala Asp Val Leu Leu Asn Thr Cys Ser Ile Arg
          40          45          50

gaa aaa gca caa gaa aaa gtt ttc cat caa tta gga cgt tgg aaa gaa 666
Glu Lys Ala Glu Lys Val Phe His Gln Leu Gly Arg Trp Lys Glu
          55          60          65

tta aag aaa cat aag ccg gga ctc gtt atc ggt gtt ggg ggc tgt gtt 714
Leu Lys Lys His Lys Pro Gly Leu Val Ile Gly Val Gly Gly Cys Val
          70          75          80

gcc tca caa gaa gga gaa cac att cgt act cgt gct cct tat gtc gat 762
Ala Ser Gln Glu Gly His Ile Arg Thr Arg Ala Pro Tyr Val Asp
          85          90          95          100

att att ttt gga cca caa acc tta cat cgt tta cct gaa atg atc aat 810
Ile Ile Phe Gly Pro Gln Thr Leu His Arg Leu Pro Glu Met Ile Asn
          105          110          115

cag atc aga ggt ggt aaa agc tca gta gtc gat gtc agt ttt cca gaa 858
Gln Ile Arg Gly Gly Lys Ser Ser Val Val Asp Val Ser Phe Pro Glu
          120          125          130

att gaa aaa ttc gac cgt tta cca gaa ccg cgt gca gaa ggt cca act 906
Ile Glu Lys Phe Asp Arg Leu Pro Glu Pro Arg Ala Glu Gly Pro Thr
          135          140          145

gct ttc gta tcc att atg gaa ggc tgt aat aaa tat tgc tca ttc tgt 954
Ala Phe Val Ser Ile Met Glu Gly Cys Asn Lys Tyr Cys Ser Phe Cys
          150          155          160

gtc gtg cct tat acg cgt ggt gaa gaa gtc agt cgt cca gtg gat gat 1002
Val Val Pro Tyr Thr Arg Gly Glu Glu Val Ser Arg Pro Val Asp Asp
          165          170          175          180

```

gta tta ttt gaa att gca cag ttg gca gag caa ggc gtg cgt gaa gtg	1050
Val Leu Phe Glu Ile Ala Gln Leu Ala Glu Gln Gly Val Arg Glu Val	
185 190 195	
aat tta tta gga caa aac gtg aac gct tat cgt ggt gca act cat gat	1098
Asn Leu Leu Gly Gln Asn Val Asn Ala Tyr Arg Gly Ala Thr His Asp	
200 205 210	
gac ggt att tgt act ttt gcg gaa ttg tta cgt tta gta gcc gct att	1146
Asp Gly Ile Cys Thr Phe Ala Glu Leu Leu Arg Leu Val Ala Ala Ile	
215 220 225	
gat ggt att gac cgt tta cgt ttt acc acc agt cac cca att gag ttc	1194
Asp Gly Ile Asp Arg Leu Arg Phe Thr Thr Ser His Pro Ile Glu Phe	
230 235 240	
act gat gac att att gat gtg tac cgt gat acg cca gag ttg gtg agt	1242
Thr Asp Asp Ile Ile Asp Val Tyr Arg Asp Thr Pro Glu Leu Val Ser	
245 250 255 260	
ttc tta cac tta cct gta caa agt ggt tct gat cgt gtg tta tct atg	1290
Phe Leu His Leu Pro Val Gln Ser Gly Ser Asp Arg Val Leu Ser Met	
265 270 275	
atg aaa cgc aat cat acg gca tta gaa tat aaa tcg att att cgg aag	1338
Met Lys Arg Asn His Thr Ala Leu Glu Tyr Lys Ser Ile Ile Arg Lys	
280 285 290	
tta aga gcg gtg cgt cca gag att caa att agc tca gat ttt att gtc	1386
Leu Arg Ala Val Arg Pro Glu Ile Gln Ile Ser Ser Asp Phe Ile Val	
295 300 305	
ggt ttc ccg ggc gaa aca gca gaa gat ttc gag caa acc atg aat tta	1434
Gly Phe Pro Gly Glu Thr Ala Glu Asp Phe Glu Gln Thr Met Asn Leu	
310 315 320	
att gca caa gta aat ttt gat atg agt ttc agc ttc att tat tca gca	1482
Ile Ala Gln Val Asn Phe Asp Met Ser Phe Ser Phe Ile Tyr Ser Ala	
325 330 335 340	
cgt cca ggc acg cca gca gca gat atg cct gat gat gtg aca gaa gaa	1530
Arg Pro Gly Thr Pro Ala Ala Asp Met Pro Asp Asp Val Thr Glu Glu	
345 350 355	
gag aag aaa caa cgt tta tat gtg ttg caa caa cgc att aac aat caa	1578
Glu Lys Lys Gln Arg Leu Tyr Val Leu Gln Gln Arg Ile Asn Asn Gln	
360 365 370	
gcc gcg caa ttt agt cga gca atg tta ggc aca gaa cag cgc gtg tta	1626
Ala Ala Gln Phe Ser Arg Ala Met Leu Gly Thr Glu Gln Arg Val Leu	
375 380 385	
gtg gaa gga ccc tcg aaa aaa gat tta atg gaa ctc aca ggg cgt aca	1674
Val Glu Gly Pro Ser Lys Lys Asp Leu Met Glu Leu Thr Gly Arg Thr	
390 395 400	
gaa act aat cgt atc gtc aat ttt gtg ggc acg cct gat atg att ggg	1722
Glu Thr Asn Arg Ile Val Asn Phe Val Gly Thr Pro Asp Met Ile Gly	
405 410 415 420	
aag ttt gtt gat atc aag atc acg gat gtg ttt act aac tca ctg cgt	1770
Lys Phe Val Asp Ile Lys Ile Thr Asp Val Phe Thr Asn Ser Leu Arg	

425	430	435	
ggt gaa gtc gtt aga act gaa gaa caa atg gga ctt cgc gtt gtt caa			1818
Gly Glu Val Val Arg Thr Glu Glu Gln Met Gly Leu Arg Val Val Gln			
440	445	450	
tcg cca caa atg gtg att aat cgt act cgt aaa gaa gat gaa ctc ggc			1866
Ser Pro Gln Met Val Ile Asn Arg Thr Arg Lys Glu Asp Glu Leu Gly			
455	460	465	
gtg gga cgt tat cac gcg tagtcgtgct atcccttcaa atatttaacc			1914
Val Gly Arg Tyr His Ala			
470			
gctctcgagt ttctcaagag cggttatttt ttatgaaaaa tttttgataa attgaccgct			1974
ctttttattg cttcatttta tgatagacag cgtgttttct gttattcacc gtattttcttt			2034
ttatttcact tcattaataa attattaaat ttcaattgct tatcaaaaatt gttgtttttt			2094
gctttttttc tatttatagc atggttattt ttatacaca catggcgtat ttctccatat			2154
ttttacaaaa aactgtgact tcactctaac tattgttctc tcgtgcttta ctccatttta			2214
taaggcggtt agtttagatc atgttgtttt tacaacatat tttgaggttg tttgaaggtt			2274
gagcttattt tatagttgag gtgatgatga aaaaatttaa tcctagtata ttggcgttgt			2334
ccatatcaag tctgctactc acatccacat tgacctttgg tcaaatccag caacaagata			2394
aagcactctt tgggtgtgaaa gaacatcaag aaagcctact ctttcatcag agcttagtag			2454
aacaaggtag tgataatgtg ccaatttggc gcattccgtc tttattaaga aaaaagacg			2514
gtgtattaat tgccgcgcga gataagcgtt ggcaacaccg tggtgactgg ggcgarattg			2574
ataccgcaat ccgaattagt catgatgatg ggaaaacatg gggaaatatt acaacgattt			2634
tggatttgcc atcaaagaat ggggaaaaat ccccatcagc accagatcct gtaacattca			2694
acgcgtgggg agatagacaa aattgtacaa cttactgtaa ttctgctttt ttgatcgatg			2754
ctcagatggt acaagataaa cgtaatggta gaattttttt agcagttgat atgtttgccg			2814
atggagcagg tttttttggt gtaaaagaca gtggtaatgg gcgcattaat attgatggtg			2874
aacagtatcc tatttttaaat gaaaagcaat cgggtcgaca ttgaacctg tgttcttaac			2934
tctttcactt gctcaacggt caccggaatc acgcggtcaa taaaagtcgg tttccagttt			2994
aaacccggtt gaacaatagc gtgtaattca ccaaaaacga tcaccacgcc acgttctgct			3054
tctttgacag tataaaaaac gctaacgccc cagacaattg caccaatcac cgtgcaatt			3114
ggcaataatt taccaagatt taacgatcca ccagaatgcg agttattgcg tttaccgcca			3174
ttccctgaac cgcctaattt ttccagcaga ttattaaaaa tctcttcaat atcaggtggt			3234
gattgctctt gattgttttg cttacgaact gactggttat cattccaatt cggctgaccg			3294
ccttcattat caggacgctg actctcaggt tttttctgtc cgggtttgcc ccaaggatct			3354

tgatctgaac cgttcaatga cattaacgttc tccatttgtc aaaaaattgt tacttggtta 3414
 aacaaattcc cacagtctaa acaaaatggt ggattaagtc taacgaaact cgttactaaa 3474
 tggggatatt ttttatgatt taaagtgcg ccaataaaaa cgcacaatgg tctcattttt 3534
 acggcttact acctgacttt tgtcctatcg ctttgtcggt catgtttttt cattcacctt 3594
 ataataaatg gcgtcgtgta aggtgggttc cgctaataatt cccctctgcc aagtaaaata 3654
 gtgcacatct aagcactgtg tttgggttaat aaaaaaagcc aagtaaaacg gcaagcgggtg 3714
 actaaagagg agttaactaa gtttctgtat gctagcgtac tattgactct tcttgactg 3774
 tgtttgggtt ttattgcggt gaatgaaacc ctacgcgtgta tttcttttgt attgttggtt 3834
 tatttaagcg ttagccgagt attatttgcg ctgcggtgt tgggcgtgat catgaatttg 3894
 agctattact attatctctt gagtatccct ttattacata aatctttctt actcatggga 3954
 gtaggcacgt tcttggcact agttacgttt gttttatcac gttataacaa ggcaccgcag 4014
 gcaacattac aagctgaatc gcacaatacg tttcaaccac aaacaatgtt acgtaaaaaa 4074
 ctaggattca ctttggtggc gacatgtttg attgcctttg ccacgaatta tactattcat 4134
 aaatatgaag atattttaac gaatgggtgag tcaattatct taaaaacggc acccgttgat 4194
 ccgcgttcct tgatgcaagg ggattatatg acggttgaact atgaaatctt ggcagacatt 4254
 agtgaggaat ggggaaaaaa tttagaagag gaaaaaacac agtattttgt ttatgcgttg 4314
 ttaaaacgag acagcctagg gattgctacc ttgtgtcgtc ttgaaaccaa agcacctaca 4374
 acatttgacg ggtgtacacc aaatatttac ttaccgggtga atgtcgcgat gtggtggccg 4434
 cgtttaccaa gtcaagacta cttttttgcc gagggaaaag gtgaatatta tgcacaagct 4494
 gaatatgccg aatatcgctt taaaggggga aaagcgttgt tgttcgctt actagataaa 4554
 aatttaaaag cattataaaa caaaaggcgg tagtgaaccg cttttatggt gtatgccact 4614
 tacttcaccg caatcattga gccaaaatta aagcattgaa accataattc cacttggtga 4674
 aaaccgactt cagctaaacg cattttatgg gcttgaatgc tgtctgtacg catcacattt 4734
 tcaagtgcgg tgcgtttttg gctgacttca agttcactgt atccattcgc gcgtttaaat 4794
 tgatgatgta aatcaatcaa caaggcattc atgttttgat cttcaaaatg aaattttctg 4854
 gatagtacca agatcccatt cggttgtaag ccttggtaaa tottacttaa taaggctcga 4914
 cgatcttcag gtggcagaaa ttgcaaagt aaatttaaaa ttaccatgaa ggcattttctg 4974
 atttcgatat ggcgtatata atcaciaata atgtccacag gtattgtact ttgataggca 5034
 ctaacatgct ggcgacaacg atcgaccatg ggttggtgagt tatcaacacc aatgatottg 5094
 acgccgggtt gattaatatg acgacgtgca gataatgttg ccgcaccgcg cgagcaccct 5154
 agatcataga cgttgctatt cgccgtaaca aagcgtgatg ccaacatccc aatagcggta 5214

atgatgttgg catagccggg aatagagcgt tggatcatgt cgggaaagac ttcagctacg 5274
 ctttcatcaa aagtaaaatc ccccaattta gcaatgggga gtcgaaaata gagtatcttt 5334
 tgtcataatg tattaaagac cgagaaaaag tgcggtcatt ttagaagaag ttctgacctt 5394
 tcacaaataa attatgattt cgggaataaa tgcgccatgg cactttcttc ttgtttaata 5454
 cgcacgccta ggataagcaa ataaatgggt aatccaatca atgcggtata ttttgotttg 5514
 cagaaaagcg ataaaccaat taactcggga ataatgttta agaaataatt cgggtgacgt 5574
 acgtatttaa acaagaaaga gcggttaatg tgatgttccg gtaaaatgta aagttttact 5634
 gtccaaatct ctttcagttc ataaatcacg taaaatagca tggcgatcgc aaagactaaa 5694
 atcgccagcc ctatttgtga ggtgctatta aatgctgtgt tttggttatt agcttcaatg 5754
 atcgccgcca gataaaatc aacatgggca atggataaca gcgtagaatt gcgtttacca 5814
 tattgtattg caccttttgc aatcaatgct ttttcattggc ggattgaaat agacagacta 5874
 taaaaacgga tcgctaaaat acaggcaaaa gtgatattga taaataacat gtggttatcc 5934
 ttaacataat tttattccaa taaagtggcg taatataaca aaaaatccga tgatatggca 5994
 tggaaatacg cctttatttt gaacgttcat cgcttttctt tttctttatt ggttgatttg 6054
 taagcataaa taaccttttt atctctcttg gttttccgct ataattgagt gaatttttga 6114
 gcataattaa gagtacaaag gattttgaaa tgatgcgtac acattattgc ggtgcattaa 6174
 accgtgacaa tatcgacaaa gaagtaacat tgagtgggtg ggtgcacgtc cgccgtgatt 6234
 taggtgggtt aatttttatt gatatgcgtg atcgtgaagg gattgtacaa gtgtgtttcg 6294
 atccaatata tcaagaagca ctcaccacag cagcaagttt acgtaatgag ttttgtattc 6354
 aaattaaagg cgaagtgatt gcccgcccg ataatcaa atcaaaaaat atggcaacag 6414
 gcgaagtgga agtggttagca aaatccctgt ctatttataa cagcgcagag ccattacctc 6474
 tcgactttta ccaaaataat acggaagaac agcgttttaa ataccgttat ttagacttac 6534
 gtgcgccaga aatggcgcaa cgttttaaaa cagagcccaa aattaccagc tttgtgcgtc 6594
 gctttatgga cgaacatggt ttcttagata ttgaaacacc gatgttga 6642

<210> 81

<211> 474

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 81

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

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

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

<210> 82
 <211> 4835
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (407)..(1156)

<220>
 <223> yojB

<400> 82
 gtcaacgaag gggcggtgtc tagaacattg gcatacgggt acgatgacac gccgtgtccc 60
 agagctccat cgctccttcc caaataactt gggttggtatg caccatttag atgcgaaaaa 120
 acgtgggtta cgctcatggcg ataaagtga gatcagctca cgctcgtggcg aaatgatttc 180
 tcacttagat acccgtggac gtaataaagt ccacaaaggc ttagtttaca ccactttctt 240
 tgatgcaggt cagtttagcaa actatctcac tttagatgcg acagacccaa tttcaaaaga 300
 aacggacttc aaaaaatgtg cggtcaaagt ggaaaaagcg taacacgtta aatttaatga 360
 ggaacgaccg cactttgctt tcagtaaagt gcggttgga agtcga atg aaa aaa 415
 Met Lys Lys
 1
 aca gtt gtg aat cct gaa cgt cgt cga ttt ttt aaa gag gct acg cgc 463
 Thr Val Val Asn Pro Glu Arg Arg Arg Phe Phe Lys Glu Ala Thr Arg
 5 10 15
 act gca ggc ggg ttg gca ggg gtg act ttg ctc ctt ggt ttg caa caa 511
 Thr Ala Gly Gly Leu Ala Gly Val Thr Leu Leu Leu Gly Leu Gln Gln
 20 25 30 35
 aag cag agt ctt gcg cgc gaa ggc gtg gcg tta cgc cca cct ttt gcc 559
 Lys Gln Ser Leu Ala Arg Glu Gly Val Ala Leu Arg Pro Pro Phe Ala
 40 45 50

ctt gag aat gag aaa gcg ttt tct gct gcg tgc att cgt tgt ggt cag	607
Leu Glu Asn Glu Lys Ala Phe Ser Ala Ala Cys Ile Arg Cys Gly Gln	
55 60 65	
tgt gta caa gcc tgt cca cat gag atg ttg cat ctt gcc tca ctg att	655
Cys Val Gln Ala Cys Pro His Glu Met Leu His Leu Ala Ser Leu Ile	
70 75 80	
tca ccg atg gaa gca ggt aca ccg tat ttc att gcg cgc gat aag ccc	703
Ser Pro Met Glu Ala Gly Thr Pro Tyr Phe Ile Ala Arg Asp Lys Pro	
85 90 95	
tgt gaa atg tgt gtg gat att cct tgt gca aaa gcc tgc cca acc ggt	751
Cys Glu Met Cys Val Asp Ile Pro Cys Ala Lys Ala Cys Pro Thr Gly	
100 105 110 115	
gca ttg gat aat caa gca aca gaa atc gat gat gcg cgt atg ggg tta	799
Ala Leu Asp Asn Gln Ala Thr Glu Ile Asp Asp Ala Arg Met Gly Leu	
120 125 130	
gct gtc ctg cta gat cat gaa act tgt ctg aac tgg caa ggt tta cgc	847
Ala Val Leu Leu Asp His Glu Thr Cys Leu Asn Trp Gln Gly Leu Arg	
135 140 145	
tgt gat gtg tgt tat cgc gtc tgt ccg ctg att aat aaa gcg att acg	895
Cys Asp Val Cys Tyr Arg Val Cys Pro Leu Ile Asn Lys Ala Ile Thr	
150 155 160	
tta gtg atg cat cgt aat gag cgt acg ggt aag cac gcc gtc ttt atc	943
Leu Val Met His Arg Asn Glu Arg Thr Gly Lys His Ala Val Phe Ile	
165 170 175	
cca aca gtg cat tcc gaa gcc tgt aca gga tgt ggc aaa tgt gaa gaa	991
Pro Thr Val His Ser Glu Ala Cys Thr Gly Cys Gly Lys Cys Glu Glu	
180 185 190 195	
gct tgc gtt cta gaa gaa gcg gca atc aaa gtg tta ccg atg gca tta	1039
Ala Cys Val Leu Glu Glu Ala Ala Ile Lys Val Leu Pro Met Ala Leu	
200 205 210	
gcg aaa ggc atg tta ggt aaa cat tac cgt tta ggt tgg gaa gag aaa	1087
Ala Lys Gly Met Leu Gly Lys His Tyr Arg Leu Gly Trp Glu Glu Lys	
215 220 225	
gaa aaa gcc ggg cat tcc ctt gcg cca gaa ggc att att tct ctc ccg	1135
Glu Lys Ala Gly His Ser Leu Ala Pro Glu Gly Ile Ile Ser Leu Pro	
230 235 240	
act ccg tta ccg gag agc ttg taatggcaaa ttcacacaaa tatgcgggta	1186
Thr Arg Leu Pro Glu Ser Leu	
245 250	
aagaagcacg agaaaagtta ggctgggtggt acgccaatcg ctttttgttc tggcgacgtt	1246
taaccacagct gagtattctt gccatgtttt taagcgggacc ttattttggg gtgtggatct	1306
tgaaaggcaa ttacagtagt agtctttttgc ttgatttgat cccgatgact gatcctttga	1366
ttatggcaga aagtctcgcg accggtttta tgcctaccat gaccgcgttg ttgggtgccc	1426
tgattgtggt ggtgctttat gccattttag ggagtgcgct tttctgtgct tgggtttgtc	1486

cgtaaacaat cgtgacagat gcgtccgctt ggctcagacg taaattagaa attcgtcaat 1546
 cggcaaaact cccacgaagt ttacgctatg cgatcttagt gatgattttg ttaggcagtg 1606
 cgctaagcgg gttattactt tgggaatggc tcaatccggt tgcagcacta ggctcgtcgt 1666
 taatttacgg tttcggtgcg acagtttggc ttgttcttgc ggtgttttta tttgatttat 1726
 ttattgtcga gcatggtttg tgtgggcatt tatgcccaat aggtgcagcc tatggtgtga 1786
 ttggtgcgaa aggacttttt cgtatcaaag ttgagcatcg ccaacaatgt gataattgca 1846
 tggattgcta taacgtctgt ccagaaccac aagtgttacg cgatccatta catgcaaaaa 1906
 agagtgaag cccacttttg ctttcaaaag attgtatcag ctgtggacgt tgtatcgacg 1966
 tttgcctga aaaagtattt atttttacaa cagcatttaa tcattcagtt aatcattcgg 2026
 gggagtgatc aaaatgaaaa aaacaatgct aattttgacc gcaacttttt ccttcacggg 2086
 caatgccaat gaagtcaaag tgggcaaaag tttacaagat tcacctgaaa atatcgcgcc 2146
 agccttccac aatacaccaa aagaaagtgg ctgtggcgccg ttaaaactatg tgaaccaacc 2206
 accgatgggt ccacacgca cgaaaaacta tcaggtgacg aaaaatatca accaatgttt 2266
 aacttgtcat agcccagaag cctcacgtgt tactggtgca acacgcacat gtccaaccca 2326
 ctttatggat cgtgatggta acattgtcgg aggcaccta cctcgccgtt acttctgttt 2386
 acaatgccat gtctctcaat ctgatgttga gccgattatt caaaatgaat ttaaaccgat 2446
 ggctggtttt ggtaataaag ttaaggacgg aactatgttg aacttaatta aacgcttttg 2506
 gaaatggttt cgctcgcca gtcgtattgc cgttggtaac ttgattacc ttgcttttat 2566
 tgcaggtatt gtctcttggg ttgggtttaa ttatggctta gagcaaacca atacagagga 2626
 attctgtgtt agttgtcaca gtaatgatgt gtatccagaa tatttacata cggcgatta 2686
 tttaaatcgc agtggagtaa aagccacttg tcttgattgc catgtaccgc acgaatttat 2746
 tccaaaaatg atccgtaaag tccaagccag tcgagaagtg tatgcgcac ttatgggtta 2806
 tacggatacc attgataaat ttaactcccg tcgtttgcat atggcagaac gtgaatgggc 2866
 acgattaaaa gccataaact cgcaggaatg ccgtaactgc cataactttg agaatatgga 2926
 ttttagtcag caaaaaacgg tggcgaaaaa aatgcatgca cttgctataa aagaagaaaa 2986
 aacctgtatt gactgtcaca aagggttgc gcaccaatta ccggatatga gcggtgttga 3046
 gtcgggtttt agtacggaac aaaaataaca cttttcttgt tctcccacag gaaatctgca 3106
 tcgtattcag gtgcagattt ttttattttt acgatcatcc tcacaacctt ttcgctgata 3166
 aataggatac aacgctagct acacgctatc ttgctgcttt ttgtgttgtt gtgagggtt 3226
 atgtcatctt atctgcctct tttattacgt ttgttacaaa ttccgcgttt gggttcgtg 3286
 gcgatccagc gtttattgga gcacatcagt ccagcggaat taatggaata tgatacaaaa 3346

gcctttcaac agataggctg gacggcacag cagattcagc gttggtttac gcctgagaac 3406
 cgttatattg atcccgcggt agcctgggta aacgaacaac aacatattgt ggattgggtt 3466
 gatcctcatt atcctccctt gttaaagcaa acagaagagg caccacttgt cttgtttgtg 3526
 aaaggggaag tggctacgct atctgcacag caagtggcga tcgtgggcag tcgtcattgt 3586
 tcacgttatg gggaatactg ggcaaattat ttcgccactc aactggctta tgccgatatt 3646
 gtggtagacca gtggtttagc gttaggattt gatggtttct cacatcaagc ggtagtggat 3706
 atccacggga agacgattgc agtattaggc agtgggttag aggtcattta tccgaaaaaa 3766
 caccgaggtt tagccgaaaa aattattgaa catcaagggt cgttagtgtc tgaattttta 3826
 cctttccaac cccctgtggc agaaaatttt ccacgtcgta atcgcattat tagtgggtta 3886
 tctttgggga cattagtcat tgaagcctca gaaaacagt gttctttaat tactgcccgc 3946
 tatgcttttag agcaaaatcg agatgttttt gcgttaccgg ggcagattca gcattggattt 4006
 agccaagggt gtcataaact gattaaacag ggggcaatat tagtcgaaag tattcaggat 4066
 attttagaac atctctcgcc ttattcgcat tgtgccatgc cagcgttgcc tcgtacggag 4126
 aacgcctttt ctcaacaagt aacagacaca tcaaccatca atactgocgc gataacgcca 4186
 gaacatccgg aatttatatg caaaattggc tatatgcccg tcagtattga tgtattagcc 4246
 caacaagtca atctacctat tgatacctta ttagtacagc ttttaacctt ggaattgcaa 4306
 gacttgattg ttgctgaaaa tggattatat cagcgcaaat aacggaaaga gtaaccacaa 4366
 atgagaaagg actgtgttga aacggctatc aacatcagtc cttgcagtat attatctcat 4426
 atgacacgag acggcagttt catgagatta atagagacta aacgcttgta aatacggtag 4486
 tttgcctcgt tgtagcattt tctcaatatt gcctttgtga tcatcacgac ctaagcctcg 4546
 tagctcaata ttgataccaa tacttttgtc ataaaaaatt tgattcgccg tttggttttc 4606
 tttgctggtc aactacgtc gggcaccaac attaatcgcc caacagcaag tgctgtattc 4666
 tagtcccaaa tattgtcaa caggctttct caacgcaaga tcttgataat gacgtgctac 4726
 caccgcccac tgatccgtga gtgccatgc cacagttaga ccaagctgtt ttatgtcttg 4786
 tccgtagcgg ttcgccgctg aggtgaggtt ttggtcaata tattgttga 4835

<210> 83

<211> 250

<212> PRT

<213> *Pasteurella multocida*

<400> 83

Met Lys Lys Thr Val Val Asn Pro Glu Arg Arg Arg Phe Phe Lys Glu
 1 5 10 15

Ala Thr Arg Thr Ala Gly Gly Leu Ala Gly Val Thr Leu Leu Leu Gly
 20 25 30

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

<210> 84
 <211> 3494
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (2411)..(2719)

<220>
 <223> yyaM

<400> 84
 gtcaacgac cgaatacgac ggaagaaaac tatatgcaag tcatttatgg caagactgcg 60
 cgtctattcg aagctgcgac gcattgcgcc gcgatacttg ctcatgcgac ggaagcccaa 120
 gaaaatgctt tacgcgaata tggttgttat ctaggcacag cttttcaatt agtcgatgat 180

atttttagatt atagtgcaga tgcaaaagca ctccggcaaaa atatttggtga tgatttagcg 240
 gaaggtaaac caacattacc gttattacac gccatgcac acggcaatcc agcacaagca 300
 aaattgatcc gcgaagcgat tgagcaaggg ggtaagcgtg atattttaga ggatgtactg 360
 acaattatga cagaacataa atccctcgac tatgcgatga tgcgcgctaa acaagaagca 420
 caaaaagcgg ttgatgcgat tgcattattg cctgaaaatg aatataaaca agcgttaatt 480
 tcattagctt acttatccgt cgatcgcgct tattaaccac ttaataaggc gagacatggt 540
 agcgtaacga ccgcctaaag tgcggtcatt tatttagtaa ttttaaacc gacaatgaca 600
 gaacaaaaca tcctacgaa aaaaacacgc aaaggcaaag atcctcacgc gccttttgta 660
 cgcgaaaaat tatccctacc aaatgggcat aacaaattgt tattgcattc ttgttgtgcg 720
 ccttgctcgg gagaagtaat ggaggcaatt catgcttcag gtattgaatt tactatttac 780
 ttctacaacc caaacattca ccatttaaaa gaatatctca ttcgtaaaga agaaaatatt 840
 cgttttgcgg aaaaatgggg cattccgttt attgatgccg attatgatcg tcaagaatgg 900
 tttgaccgtg ccaaaggcat ggaagatgag ccagagcgtg gtattcgttg cactatgtgc 960
 tttgatatgc gttttgaaaa agccgcagaa tatgcacaca acaatggttt ccccgatatt 1020
 actagctgct taggtatttc acgttggaag gacatgaacc aaatcaacgg ttgtggacac 1080
 cgtgccgccg aaaaatatga tgatgtagtg tattgggatt ataactggcg taaagggtgt 1140
 ggctcacaac gtatgattga aatcagtaag cgtgaacgtt tttaccagca agaattatgc 1200
 ggttgtgtgt attctttgcg tgacacgaat aaatggcgtg aagcaaacgg acgcaaaaa 1260
 attgaaattg gcaaattgta ttattccgcc gattaaaaca accaagtaaa ccacgtgcc 1320
 gtcataatac atggcggcac ttttttaggc tttatatatg caacgttttc gccaatcttt 1380
 cgaaacctaa tgctaaccgc tcttcactaa tatttaatgc tggggcaaaa cgcaatacat 1440
 taggaccgcg cactaaaatc attaagccat tatctgctgc ttttttgaca aattcgctcg 1500
 ctcttcctg atattgctcg ataagttctg caccaattaa caaaccttcg ccacggattt 1560
 ctttaaataa gccacattgc tgattaattt cttgcagctt ttgcataaat ttttcagaag 1620
 tgcgctgaat tttttgcaag aatgggtggt ctgaaatgat atcaatcact ttttctgcca 1680
 cggcacaagc gagaggattg ccaccaaaag tgggtgccatg cagccaggt gcaaaaacttt 1740
 tggcgatctc atgcgttgtc aacgaatgag aaaattgtga cagattgggc tccaacggga 1800
 cgtgcggatg agattgggga tacgcaagta cgttatgaaa ttgagcaggt gagttctagc 1860
 aattatagtg cactgtttgt ctccatttta cagatgaaac gtaatgaggt ggtatttagt 1920
 ccacatttag cggataaaca acgttatagt tctgatcgct tgaaccaact tgttggtgaa 1980
 ttagatgcgt cttatcgtaa acaagtccgt gatttgaata acagcggatt gatgccaaatt 2040

cagtcctgtat tcggtacgga cagtaatggg cgtactgctc tcgtgttagg cgcacccttt 2100
 aatcatgcgt ggacaaaact aggacaagtt ttaccgcagc ttgaatttga tattaagat 2160
 gaaattattg gtcgtggggg aagggagtta aaataccgtc cagctggagc aaaaagttgg 2220
 tgggtggccat ttggtcgtgc tgaaggcagt agcggactga aaacaggtag ctattttatg 2280
 cagttaagcg ccttagggaa gcaaagtgcg gtgggtgatga ccgatgatga tggcaatgcg 2340
 ttatctgggg agcaagctca ggcgctttat caagcattac aaaatctctt agcgaaataa 2400
 tacagtcaag atg act aaa ctg agt atc cag cga gat aac ttg att tgt 2449
 Met Thr Lys Leu Ser Ile Gln Arg Asp Asn Leu Ile Cys
 1 5 10
 ttg agt tat gtc gca tta atg gga ttc ggc ttt ccc att atg cgt tat 2497
 Leu Ser Tyr Val Ala Leu Met Gly Phe Gly Phe Pro Ile Met Arg Tyr
 15 20 25
 atg agt att cat ttt gat aca tta aat aat aac gct gtt cgc ttt ctg 2545
 Met Ser Ile His Phe Asp Thr Leu Asn Asn Asn Ala Val Arg Phe Leu
 30 35 40 45
 tca ggg ggc agc gtt ttt att tta gcc tgt ttt ttt tat tat cgc gct 2593
 Ser Gly Gly Ser Val Phe Ile Leu Ala Cys Phe Phe Tyr Tyr Arg Ala
 50 55 60
 gag tta aca tct tcg ggg gct ggc gtc cag tcc gtt gcg atg ttg ccg 2641
 Glu Leu Thr Ser Ser Gly Ala Gly Val Gln Ser Val Ala Met Leu Pro
 65 70 75
 agt tca agt tta ggt ttc tta ata ttg aaa act gta cca tct ttt tca 2689
 Ser Ser Ser Leu Gly Phe Leu Ile Leu Lys Thr Val Pro Ser Phe Ser
 80 85 90
 tac gtt aca atc tca aca ctt aat cgc gtt tgaccttcg atttttgata 2739
 Tyr Val Thr Ile Ser Thr Leu Asn Arg Val
 95 100
 gtcaaagact actgagtaac gcttgtagtc gcgtgaatcg actgttacat aagccgatat 2799
 gtcagaataa gtactgccgg tatatogtct taatctaaga ttaagcttgc cacttttggt 2859
 cgataaagcg tcaaacgaaa gcacgacttt accgtccttg acttccacct gatettcaat 2919
 gagcacttga cttagtgcga ccaatcgacc gttggcagtc agtgtcgcaa tgccgtgac 2979
 cgtatcaagc gttacaccgc tattttttcc ccagttttta ttgagctttt cactatgttt 3039
 cagtaagttt ctgccaccaa tctgcaactg attaaactta gcttcaagcg tttcactctt 3099
 gactgcaagc gacttgtttt cattgctaac cgtctgctca agtgcgtgta ttttggatgt 3159
 taaatctaac ttagttgcat tgacttcac agtccattct gactttaact cttttctcgc 3219
 aagtgaagcc acttcatctt tgctagcttt cgtttctttt aagtcagaaa tgccactagt 3279
 attttgcgcc actttagaat cgagcgtttc tagttttgta gagaaagatt tgtctttttc 3339
 gctagccggt ttttgaatta gctgtatttc actttcgtc aatccaactc tagcagttag 3399

actgtctagc ttgtcagcag tagatttatt cacagtcgct tgtgattgct tgtgttgaat 3459
aatatccgcg cttacttccg agatagccac gtcga 3494

<210> 85
<211> 103
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida

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

<210> 86
<211> 19
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: PRIMER

<400> 86
aggccggtac cggccgcct 19

<210> 87
<211> 19
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: PRIMER

<400> 87
cggccggtac cggcctagg 19

<210> 88
<211> 18
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 88
catggtaccc attctaac 18

<210> 89
<211> 18
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 89
ctaggtacct acaacctc 18

<210> 90
<211> 119
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: transposon
insert

<400> 90
ctaggtacct acaacctcaa gcttnknknk nknknknknk nknknknknk nknknknknk 60
nknknknknk nknknknknk nknknknknk nknkaagctt ggtagaatg ggtaccatg 119

<210> 91
<211> 18
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 91
tacctacaac ctcaagct 18

<210> 92
<211> 18
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 92
taccattctt aaccaagc 18

<210> 93
<211> 19
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Description of Artificial Sequence: primer

 <400> 93
 tacctacaac ctcaagctt 19

 <210> 94
 <211> 20
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> Description of Artificial Sequence: primer

 <400> 94
 taccattctt aaccaagctt 20

 <210> 95
 <211> 19
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> Description of Artificial Sequence: primer

 <400> 95
 ggcagagcat tacgctgac 19

 <210> 96
 <211> 27
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> Description of Artificial Sequence: primer

 <400> 96
 gtaccggcca ggcggccacg cgtattc 27

 <210> 97
 <211> 531
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

 <220>
 <223> atpG

 <400> 97
 tggtgagctt ggtttagtag ggtcgaaagg cgtaagcttt taccaaaatc taggcttaaa 60
 cgtgagatct caagtaacgg gattaggcga taatccggaa atggaacgta tcgtggggcg 120
 agttaatgaa atgattaatg cgttcggaaa cggagaagtg gatgcgggtt acgtcgctta 180
 caaccgtttt gaaaatacga tgtcacaaaa acctgttatc gcacagttac ttccgttacc 240
 taaactagat gacgatgaat tagatacgaa aggttcattg gattatattt atgaaccgaa 300

tccacaagtt ttattggata gtttacttgt tcgttattta gaaactcagg tataccaagc 360
 agttgtagat aacctagctt ctgaacaagc cgctcgaatg gtagcgatga aagccgcaac 420
 agataatgcg ggtacattaa tcgatgaatt acaattagtg tataacaaaag ctcgccaagc 480
 aagcattaca aatgaattaa acgaaattgt tgcgggtgcc gcagcaattt a 531

<210> 98
 <211> 25
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 98
 tctccattcc cttgctgagg cacc 25

<210> 99
 <211> 20
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 99
 ggattacagc cggatccggg 20

<210> 100
 <211> 1034
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <223> cap5E

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1032)

<400> 100
 atg ttt aaa aat aaa aca ctt tta att aca ggt gga acg ggt tct ttt 48
 Met Phe Lys Asn Lys Thr Leu Leu Ile Thr Gly Gly Thr Gly Ser Phe
 1 5 10 15
 ggt aat gct gta ctc aaa cgt ttc tta gaa aca gat att cga gaa att 96
 Gly Asn Ala Val Leu Lys Arg Phe Leu Glu Thr Asp Ile Arg Glu Ile
 20 25 30
 cgt gtt ttt tcg cgt gat gag aag aaa caa gat gac atg cgg aaa aaa 144
 Arg Val Phe Ser Arg Asp Glu Lys Lys Gln Asp Asp Met Arg Lys Lys
 35 40 45
 tat aat gat gca aaa tta aaa ttt tat att ggc gat gtt cgt gac tac 192
 Tyr Asn Asp Ala Lys Leu Lys Phe Tyr Ile Gly Asp Val Arg Asp Tyr
 50 55 60

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

305 310 315 320
 atg aag cag tta ctg ctt aaa ctt gaa ttc ata cag aaa atg att gag 1008
 Met Lys Gln Leu Leu Leu Lys Leu Glu Phe Ile Gln Lys Met Ile Glu
 325 330 335
 ggt gaa tac atc tca ccg gag gta ta 1034
 Gly Glu Tyr Ile Ser Pro Glu Val
 340

 <210> 101
 <211> 344
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

 <400> 101
 Met Phe Lys Asn Lys Thr Leu Leu Ile Thr Gly Gly Thr Gly Ser Phe
 1 5 10 15
 Gly Asn Ala Val Leu Lys Arg Phe Leu Glu Thr Asp Ile Arg Glu Ile
 20 25 30
 Arg Val Phe Ser Arg Asp Glu Lys Lys Gln Asp Asp Met Arg Lys Lys
 35 40 45
 Tyr Asn Asp Ala Lys Leu Lys Phe Tyr Ile Gly Asp Val Arg Asp Tyr
 50 55 60
 Asp Ser Ile Leu Asn Ala Ser Arg Gly Val Asp Tyr Ile Tyr His Ala
 65 70 75 80
 Ala Ala Leu Lys Gln Val Pro Ser Cys Glu Phe Tyr Pro Leu Glu Ala
 85 90 95
 Val Lys Thr Asn Ile Leu Gly Thr Ala Asn Val Leu Glu Ala Ala Ile
 100 105 110
 Gln Asn Gln Ile Lys Arg Val Val Cys Leu Ser Thr Asp Lys Ala Val
 115 120 125
 Tyr Pro Ile Asn Ala Met Gly Ile Ser Lys Ala Met Met Glu Lys Val
 130 135 140
 Ile Ile Ala Lys Ser Arg Asn Leu Glu Gly Thr Pro Thr Thr Ile Cys
 145 150 155 160
 Cys Thr Arg Tyr Gly Asn Val Met Ala Ser Arg Gly Ser Val Ile Pro
 165 170 175
 Leu Phe Val Asp Gln Ile Arg Gln Gly Lys Pro Phe Thr Ile Thr Asp
 180 185 190
 Pro Glu Met Thr Arg Phe Met Met Thr Leu Glu Asp Ala Val Asp Leu
 195 200 205
 Val Leu Tyr Ala Phe Lys Asn Gly Gln Asn Gly Asp Val Phe Val Gln
 210 215 220
 Lys Ala Pro Ala Ala Thr Ile Gly Thr Leu Ala Lys Ala Ile Thr Glu
 225 230 235 240

Leu Leu Ser Val Pro Asn His Pro Ile Ser Ile Ile Gly Thr Arg His
 245 250 255
 Gly Glu Lys Ala Phe Glu Ala Leu Leu Ser Arg Glu Glu Met Val His
 260 265 270
 Ala Ile Asn Glu Gly Asn Tyr Tyr Arg Ile Pro Ala Asp Gln Arg Ser
 275 280 285
 Leu Asn Tyr Ser Lys Tyr Val Glu Lys Gly Glu Pro Lys Ile Thr Glu
 290 295 300
 Val Thr Asp Tyr Asn Ser His Asn Thr Glu Arg Leu Thr Val Lys Glu
 305 310 315 320
 Met Lys Gln Leu Leu Leu Lys Leu Glu Phe Ile Gln Lys Met Ile Glu
 325 330 335
 Gly Glu Tyr Ile Ser Pro Glu Val
 340

<210> 102
 <211> 4931
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <223> fhaB2

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(4929)

<400> 102
 atg aac aaa aat cgt tac aaa ctc att ttt agt caa gtc aaa ggt tgt 48
 Met Asn Lys Asn Arg Tyr Lys Leu Ile Phe Ser Gln Val Lys Gly Cys
 1 5 10 15
 ctc gtt cct gtg gca gaa tgt att aac tca gct att agc aat ggt tca 96
 Leu Val Pro Val Ala Glu Cys Ile Asn Ser Ala Ile Ser Asn Gly Ser
 20 25 30
 tct gat tca aca tcc aca tca gaa caa gtt gaa gag gaa cct ttc ctt 144
 Ser Asp Ser Thr Ser Thr Ser Glu Gln Val Glu Glu Glu Pro Phe Leu
 35 40 45
 cta gaa caa tat tca ctt tcc tcc gtg tct tta tta gta aaa agc acg 192
 Leu Glu Gln Tyr Ser Leu Ser Ser Val Ser Leu Leu Val Lys Ser Thr
 50 55 60
 ttc aat cct gtt tct tat gca atg caa ttg act tgg aaa cag ctt tot 240
 Phe Asn Pro Val Ser Tyr Ala Met Gln Leu Thr Trp Lys Gln Leu Ser
 65 70 75 80
 att tta ttt tta act gtg att tct gtt cct gtt ttg gct gag gga aaa 288
 Ile Leu Phe Leu Thr Val Ile Ser Val Pro Val Leu Ala Glu Gly Lys
 85 90 95
 ggg gat gaa aga aat caa tta aca gtg att gat aat agc gat cat att 336
 Gly Asp Glu Arg Asn Gln Leu Thr Val Ile Asp Asn Ser Asp His Ile
 100 105 110

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

355	360	365	
gat att cag att gaa atg aat gaa ggt gac tta gaa ctt ggc aat acg Asp Ile Gln Ile Glu Met Asn Glu Gly Asp Leu Glu Leu Gly Asn Thr 370 375 380			1152
att cag caa aca gtg gta aaa aaa gac cga aat att cga gcc aag aaa Ile Gln Gln Thr Val Val Lys Lys Asp Arg Asn Ile Arg Ala Lys Lys 385 390 395 400			1200
aaa att gaa gtg aaa aac gct aat cgt gtt ttt gtt ggt agt caa acg Lys Ile Glu Val Lys Asn Ala Asn Arg Val Phe Val Gly Ser Gln Thr 405 410 415			1248
aaa tca gat gaa att tcg tta gag gcg aaa caa gtt aaa atc aga aaa Lys Ser Asp Glu Ile Ser Leu Glu Ala Lys Gln Val Lys Ile Arg Lys 420 425 430			1296
aac gca gag att agg agt acg aca caa gcc aaa atc gta gca aag ggt Asn Ala Glu Ile Arg Ser Thr Thr Gln Ala Lys Ile Val Ala Lys Gly 435 440 445			1344
gcc ctg tct att gag caa aat gcg aag ctg gtc gct aaa aag ata gat Ala Leu Ser Ile Glu Gln Asn Ala Lys Leu Val Ala Lys Lys Ile Asp 450 455 460			1392
gtg gca aca gaa act cta act aat gct ggg cgt att tat ggt cga gag Val Ala Thr Glu Thr Leu Thr Asn Ala Gly Arg Ile Tyr Gly Arg Glu 465 470 475 480			1440
gtt aag ctt gac act aat aat ttg att aat gat aaa gaa att tat gct Val Lys Leu Asp Thr Asn Asn Leu Ile Asn Asp Lys Glu Ile Tyr Ala 485 490 495			1488
gaa cgg aaa ttg agt att ttg acg aaa gga aaa gat ctt gaa att att Glu Arg Lys Leu Ser Ile Leu Thr Lys Gly Lys Asp Leu Glu Ile Ile 500 505 510			1536
caa gat aga tat ttg tct cca ctg atg cgc gta aaa agt agt gtc cgc Gln Asp Arg Tyr Leu Ser Pro Leu Met Arg Val Lys Ser Ser Val Arg 515 520 525			1584
ttt tta ggc tct cgg ttt ttc tca ata tct cgg tcg atg ctg gca agc Phe Leu Gly Ser Pro Phe Phe Ser Ile Ser Pro Ser Met Leu Ala Ser 530 535 540			1632
ctt agt gca cag ttt aag cct ggt ttt gtg aat aag gga ctg att gaa Leu Ser Ala Gln Phe Lys Pro Gly Phe Val Asn Lys Gly Leu Ile Glu 545 550 555 560			1680
agt gcg ggg agt gca gaa tta act ttt aaa gaa aaa acc agt ttt tta Ser Ala Gly Ser Ala Glu Leu Thr Phe Lys Glu Lys Thr Ser Phe Leu 565 570 575			1728
aca gag ggc aat aat ttt att aga gct aaa gat gcg tta act att aac Thr Glu Gly Asn Asn Phe Ile Arg Ala Lys Asp Ala Leu Thr Ile Asn 580 585 590			1776
gcc caa aat att gaa att gat aaa aat caa gat att caa ttg ggt gct Ala Gln Asn Ile Glu Ile Asp Lys Asn Gln Asp Ile Gln Leu Gly Ala 595 600 605			1824

aat ata acg ttg aat gtg gaa gaa aac ttt gtt aat cgt gca gga aca Asn Ile Thr Leu Asn Val Glu Glu Asn Phe Val Asn Arg Ala Gly Thr 610 615 620	1872
ctg gca act ggt aaa aca ctg aca att aat acc gaa agt ggc agt att Leu Ala Thr Gly Lys Thr Leu Thr Ile Asn Thr Glu Ser Gly Ser Ile 625 630 635 640	1920
tac aat ctt ggt ggg aca tta ggt gct gga aaa tca tta aaa ctg act Tyr Asn Leu Gly Gly Thr Leu Gly Ala Gly Lys Ser Leu Lys Leu Thr 645 650 655	1968
gct aaa tca acg gaa gaa ggt atg gga aat att gtt aac caa gaa aac Ala Lys Ser Thr Glu Glu Gly Met Gly Asn Ile Val Asn Gln Glu Asn 660 665 670	2016
ggt tta ttc cat aca ctc ggt aat atg atg tta gaa gca gag cgt tct Gly Leu Phe His Thr Leu Gly Asn Met Met Leu Glu Ala Glu Arg Ser 675 680 685	2064
gtt tat aat att ggc gat att tat gcg agt aaa aaa tta aca gtt cat Val Tyr Asn Ile Gly Asp Ile Tyr Ala Ser Lys Lys Leu Thr Val His 690 695 700	2112
act cat aat ttg att aat gat gtg cgt tta tct ggc aat gtg agt tat Thr His Asn Leu Ile Asn Asp Val Arg Leu Ser Gly Asn Val Ser Tyr 705 710 715 720	2160
aag cct atc ggt tca agt cgt gat tat gat atc agt cgt gtt gcg gta Lys Pro Ile Gly Ser Ser Arg Asp Tyr Asp Ile Ser Arg Val Ala Val 725 730 735	2208
cat ggt tgg cac aat aat gtt tat aag ctc aac tta aat ctg caa gaa His Gly Trp His Asn Asn Val Tyr Lys Leu Asn Leu Asn Leu Gln Glu 740 745 750	2256
caa gat aaa acc gat att aaa gtt gtg aaa atg ggg gct atc cgt tct Gln Asp Lys Thr Asp Ile Lys Val Val Lys Met Gly Ala Ile Arg Ser 755 760 765	2304
gat ggt gat ttt gac ttt aag gga ata aag gcg aca tca tca gaa tca Asp Gly Asp Phe Asp Phe Lys Gly Ile Lys Ala Thr Ser Ser Glu Ser 770 775 780	2352
aaa ccg cag tta att aat cat gga tta att aat gtc aaa gga aca ttt Lys Pro Gln Leu Ile Asn His Gly Leu Ile Asn Val Lys Gly Thr Phe 785 790 795 800	2400
aat gcg gaa gct gat caa gtg gtg aac caa atg aaa gcg ttt aac caa Asn Ala Glu Ala Asp Gln Val Val Asn Gln Met Lys Ala Phe Asn Gln 805 810 815	2448
aat gca tta gca agc gtg ttt aag aat cca gcg aaa atc acg atg tac Asn Ala Leu Ala Ser Val Phe Lys Asn Pro Ala Lys Ile Thr Met Tyr 820 825 830	2496
tat caa cca ctt act cgt tat att tgg aca cca tta tcg ggt aat gca Tyr Gln Pro Leu Thr Arg Tyr Ile Trp Thr Pro Leu Ser Gly Asn Ala 835 840 845	2544
tcg cgt gaa ttt aac aat tta gag tct ttc ctc gat gcc ttg ttt ggc Ser Arg Glu Phe Asn Asn Leu Glu Ser Phe Leu Asp Ala Leu Phe Gly 850 855 860	2592

850	855	860	
tca aca aca atc tta aaa tca agt ttc tat agt acg gaa aat ttt agt Ser Thr Thr Ile Leu Lys Ser Ser Phe Tyr Ser Thr Glu Asn Phe Ser 865 870 875 880			2640
gct tat cag ctt cta tct cat att cag cat tca cca atg tac caa aaa Ala Tyr Gln Leu Ser His Ile Gln His Ser Pro Met Tyr Gln Lys 885 890 895			2688
gcg atg gca caa gtg ttt ggt gca gag tgg cat agt aaa tcc tat gat Ala Met Ala Val Phe Gly Ala Glu Trp His Ser Lys Ser Tyr Asp 900 905 910			2736
gag atg cga aac aaa tgg aaa agc ttt aaa gaa aat cca aca gat ttc Glu Met Arg Asn Lys Trp Lys Ser Phe Lys Glu Asn Pro Thr Asp Phe 915 920 925			2784
att tat tac cca tca gaa aaa gca aaa atc cta gcg gga aaa cta gaa Ile Tyr Tyr Pro Ser Glu Lys Ala Lys Ile Leu Ala Gly Lys Leu Glu 930 935 940			2832
ggt aag ctt aca acg cta caa aat ggt gaa tat gcc gaa cgt ggt aag Gly Lys Leu Thr Thr Leu Gln Asn Gly Glu Tyr Ala Glu Arg Gly Lys 945 950 955 960			2880
ttt gat gag agt atc caa att ggt aaa cac caa tta tcg cta cca tca Phe Asp Glu Ser Ile Gln Ile Gly Lys His Gln Leu Ser Leu Pro Ser 965 970 975			2928
gta gag ctt aaa gcg gag ttt agt gat aaa gaa cgt ttg gaa gag gac Val Glu Leu Lys Ala Glu Phe Ser Asp Lys Glu Arg Leu Glu Glu Asp 980 985 990			2976
ggg gta gat tta tcc tcg atc gcc gaa ctc tta gaa atg cca aac tta Gly Val Asp Leu Ser Ser Ile Ala Glu Leu Leu Glu Met Pro Asn Leu 995 1000 1005			3024
ttt att gat aat agt atc caa tta gaa aag aaa aag ttg tct cct att Phe Ile Asp Asn Ser Ile Gln Leu Glu Lys Lys Lys Leu Ser Pro Ile 1010 1015 1020			3072
gag gat cta gat gaa gaa cca cgt aaa aat ctg gat ata gaa gaa agc Glu Asp Leu Asp Glu Glu Pro Arg Lys Asn Leu Asp Ile Glu Glu Ser 1025 1030 1035 1040			3120
cat tct aat tca tcg gat gac gtg ctt agc atg aat gat gat gag tct His Ser Asn Ser Ser Asp Asp Val Leu Ser Met Asn Asp Asp Glu Ser 1045 1050 1055			3168
gat aca gac gat agc aag tgg agt atg ggc aat gat gag aaa gag atg Asp Thr Asp Asp Ser Lys Trp Ser Met Gly Asn Asp Glu Lys Glu Met 1060 1065 1070			3216
ccc gat gat aag ctg ggt ata agt cgt gat gat cgt gga aat aaa cca Pro Asp Asp Lys Leu Gly Ile Ser Arg Asp Asp Arg Gly Asn Lys Pro 1075 1080 1085			3264
cct cgt act gat cct aca gtt gat tat ctt aac cct gat gaa ttc ttt Pro Arg Thr Asp Pro Thr Val Asp Tyr Leu Asn Pro Asp Glu Phe Phe 1090 1095 1100			3312

gaa aat ggt tat ctc ttg aat gag cta cta cag gag ctt gga gaa gag Glu Asn Gly Tyr Leu Leu Asn Glu Leu Leu Gln Glu Leu Gly Glu Glu 1105 1110 1115 1120	3360
cgc tta cta aaa gaa ggg gaa gat cat ttt aaa cgt tot acc aat cta Pro Leu Leu Lys Glu Gly Glu Asp His Phe Lys Arg Ser Thr Asn Leu 1125 1130 1135	3408
gtc cgt cta ggc gag aga gat agg caa aat aga gaa aag aga gaa aaa Val Arg Leu Gly Glu Arg Asp Arg Gln Asn Arg Glu Lys Arg Glu Lys 1140 1145 1150	3456
gag ggg tat ttt gat ctg cct ggt aca tta gat atg aaa ctg cag gag Glu Gly Tyr Phe Asp Leu Pro Gly Thr Leu Asp Met Lys Leu Gln Glu 1155 1160 1165	3504
tta ttc gaa aaa aga aaa caa aaa cac gaa gca gaa cag aaa gca aga Leu Phe Glu Lys Arg Lys Gln Lys His Glu Ala Glu Gln Lys Ala Arg 1170 1175 1180	3552
ata gaa aaa gca ctt cta caa aaa tca gaa caa caa gaa aaa cgt gtt Ile Glu Lys Ala Leu Leu Gln Lys Ser Glu Gln Gln Glu Lys Arg Val 1185 1190 1195 1200	3600
gaa gaa cgt aag caa gag gaa aaa cgt caa gcg caa gat aaa att gct Glu Glu Arg Lys Gln Glu Glu Lys Arg Gln Ala Gln Asp Lys Ile Ala 1205 1210 1215	3648
aag caa gta gaa att gca aaa gaa atg caa cgg gta gaa gaa att cgc Lys Gln Val Glu Ile Ala Lys Glu Met Gln Arg Val Glu Glu Ile Arg 1220 1225 1230	3696
cag aga gaa aaa caa ctt gcg atc caa ctg caa gaa gaa gag aag aaa Gln Arg Glu Lys Gln Leu Ala Ile Gln Leu Gln Glu Glu Glu Lys Lys 1235 1240 1245	3744
caa caa gaa gaa aaa cat tta tcc gag gag aaa aaa caa gct gaa cag Gln Gln Glu Glu Lys His Leu Ser Glu Glu Lys Lys Gln Ala Glu Gln 1250 1255 1260	3792
aaa caa aaa gct gag gag aaa gtt gca caa gaa aga tta gac att gaa Lys Gln Lys Ala Glu Glu Lys Val Ala Gln Glu Arg Leu Asp Ile Glu 1265 1270 1275 1280	3840
caa cag aaa gcg tat gaa gaa atg gcg aag cga gag gca gag gca tca Gln Gln Lys Ala Tyr Glu Glu Met Ala Lys Arg Glu Ala Glu Ala Ser 1285 1290 1295	3888
aaa aat gtt tta ttg aaa gcg att gat gaa gaa cgt cca aaa gtg gaa Lys Asn Val Leu Leu Lys Ala Ile Asp Glu Glu Arg Pro Lys Val Glu 1300 1305 1310	3936
act gat cca ctt ttc cgt aca aaa ttg aaa tat atc aat caa gat gac Thr Asp Pro Leu Phe Arg Thr Lys Leu Lys Tyr Ile Asn Gln Asp Asp 1315 1320 1325	3984
tat gct ggt gca aat tat ttc ttc aat aaa gtt ggt tta aat aca aaa Tyr Ala Gly Ala Asn Tyr Phe Phe Asn Lys Val Gly Leu Asn Thr Lys 1330 1335 1340	4032
ggt cat caa aaa gta aat gtg tta ggg gat aac tat ttt gat cat caa Gly His Gln Lys Val Asn Val Leu Gly Asp Asn Tyr Phe Asp His Gln	4080

1345	1350	1355	1360	
gtg att act cgc tcg att gag aaa aaa gta gat aac cac ctt aac caa				4128
Val Ile Thr Arg Ser Ile Glu Lys Lys Val Asp Asn His Leu Asn Gln				
	1365	1370	1375	
aaa tac aat ctc agc gat gtg gaa tta gtt aaa cag ctg atg gac aat				4176
Lys Tyr Asn Leu Ser Asp Val Glu Leu Val Lys Gln Leu Met Asp Asn				
	1380	1385	1390	
tcc aca aca caa gcg cag gag ttg gat ttg aaa cta ggt gcg gca tta				4224
Ser Thr Thr Gln Ala Gln Glu Leu Asp Leu Lys Leu Gly Ala Ala Leu				
	1395	1400	1405	
act aaa gaa caa caa gct aac ttg acc caa gat atc gtt tgg tat gtc				4272
Thr Lys Glu Gln Gln Ala Asn Leu Thr Gln Asp Ile Val Trp Tyr Val				
	1410	1415	1420	
aaa acg aag gta aag ggc aaa gat gtg ttt gtt cca aag gtt tat ttc				4320
Lys Thr Lys Val Lys Gly Lys Asp Val Phe Val Pro Lys Val Tyr Phe				
	1425	1430	1435	1440
gct tct gaa acg ctc gta gaa gcc caa aaa tta caa ggt tta gcc act				4368
Ala Ser Glu Thr Leu Val Glu Ala Gln Lys Leu Gln Gly Leu Gly Thr				
	1445	1450	1455	
ggg act atc aga gtt ggt gaa gct aag att aaa gcc aaa gat gtg gtg				4416
Gly Thr Ile Arg Val Gly Glu Ala Lys Ile Lys Ala Lys Asp Val Val				
	1460	1465	1470	
aat acc ggg aca tta gct ggg aga aaa ctc aat gtt gaa gcg agt aat				4464
Asn Thr Gly Thr Leu Ala Gly Arg Lys Leu Asn Val Glu Ala Ser Asn				
	1475	1480	1485	
aaa atc aaa aat caa ggg agt atc tta agt act caa gaa aca cgt tta				4512
Lys Ile Lys Asn Gln Gly Ser Ile Leu Ser Thr Gln Glu Thr Arg Leu				
	1490	1495	1500	
gtc ggg cgt aaa ggt att gaa aac gta tct cgt tca ttt gca aat gat				4560
Val Gly Arg Lys Gly Ile Glu Asn Val Ser Arg Ser Phe Ala Asn Asp				
	1505	1510	1515	1520
gaa tta gga gtc act gca caa cgc tca gaa atc aaa acg gaa ggt cat				4608
Glu Leu Gly Val Thr Ala Gln Arg Ser Glu Ile Lys Thr Glu Gly His				
	1525	1530	1535	
tta cat ctt gaa aca gat aag gat tca act att gat gta caa gca tcg				4656
Leu His Leu Glu Thr Asp Lys Asp Ser Thr Ile Asp Val Gln Ala Ser				
	1540	1545	1550	
gat att aaa gca aaa aca agc ttt gtg aag act ggt gat gtg aat ctc				4704
Asp Ile Lys Ala Lys Thr Ser Phe Val Lys Thr Gly Asp Val Asn Leu				
	1555	1560	1565	
aaa aat aca tac aat act aaa cat gcc tac cgt gag aaa ttc tcg ccg				4752
Lys Asn Thr Tyr Asn Thr Lys His Ala Tyr Arg Glu Lys Phe Ser Pro				
	1570	1575	1580	
agt gca cta caa gtt gca gaa ctt gat gtg gca ggg ctt aaa gtc cca				4800
Ser Ala Leu Gln Val Ala Glu Leu Asp Val Ala Gly Leu Lys Val Pro				
	1585	1590	1595	1600

ctt tta ggc gtg tcc gtc tcc atc cag ttt att cag agc ata cta gtg 4848
 Leu Leu Gly Val Ser Val Ser Ile Gln Phe Ile Gln Ser Ile Leu Val
 1605 1610 1615

agg caa ctt caa gag gga tca atc ttc gaa gta ggg cac tta cat ntt 4896
 Arg Gln Leu Gln Glu Gly Ser Ile Phe Glu Val Gly His Leu His Xaa
 1620 1625 1630

gcg gta gac aga aga tgt gaa cca agc ggg gag ta 4931
 Ala Val Asp Arg Arg Cys Glu Pro Ser Gly Glu
 1635 1640

<210> 103
 <211> 1643
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

<400> 103
 Met Asn Lys Asn Arg Tyr Lys Leu Ile Phe Ser Gln Val Lys Gly Cys
 1 5 10 15
 Leu Val Pro Val Ala Glu Cys Ile Asn Ser Ala Ile Ser Asn Gly Ser
 20 25 30
 Ser Asp Ser Thr Ser Thr Ser Glu Gln Val Glu Glu Glu Pro Phe Leu
 35 40 45
 Leu Glu Gln Tyr Ser Leu Ser Ser Val Ser Leu Leu Val Lys Ser Thr
 50 55 60
 Phe Asn Pro Val Ser Tyr Ala Met Gln Leu Thr Trp Lys Gln Leu Ser
 65 70 75 80
 Ile Leu Phe Leu Thr Val Ile Ser Val Pro Val Leu Ala Glu Gly Lys
 85 90 95
 Gly Asp Glu Arg Asn Gln Leu Thr Val Ile Asp Asn Ser Asp His Ile
 100 105 110
 Lys Leu Asp Ala Ser Asn Leu Ala Gly Asn Asp Lys Thr Lys Ile Tyr
 115 120 125
 Gln Ala Glu Asn Lys Val Leu Val Ile Asp Ile Ala Lys Pro Asn Gly
 130 135 140
 Lys Gly Ile Ser Asp Asn Arg Phe Glu Lys Phe Asn Ile Pro Asn Ser
 145 150 155 160
 Ala Val Phe Asn Asn Asn Gly Thr Glu Ala Gln Ala Arg Ser Thr Leu
 165 170 175
 Ile Gly Tyr Ile Pro Gln Asn Gln Asn Leu Arg Gly Gly Lys Glu Ala
 180 185 190
 Asp Val Ile Leu Asn Gln Val Thr Gly Pro Gln Glu Ser Lys Ile Val
 195 200 205
 Gly Ala Leu Glu Val Leu Gly Lys Lys Ala Asp Ile Val Ile Ala Asn
 210 215 220
 Gln Asn Gly Ile Thr Leu Asn Gly Val Arg Thr Ile Asn Ser Asp Arg

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

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

Ala Met Ala Gln Val Phe Gly Ala Glu Trp His Ser Lys Ser Tyr Asp	900	905	910
Glu Met Arg Asn Lys Trp Lys Ser Phe Lys Glu Asn Pro Thr Asp Phe	915	920	925
Ile Tyr Tyr Pro Ser Glu Lys Ala Lys Ile Leu Ala Gly Lys Leu Glu	930	935	940
Gly Lys Leu Thr Thr Leu Gln Asn Gly Glu Tyr Ala Glu Arg Gly Lys	945	950	955
Phe Asp Glu Ser Ile Gln Ile Gly Lys His Gln Leu Ser Leu Pro Ser	965	970	975
Val Glu Leu Lys Ala Glu Phe Ser Asp Lys Glu Arg Leu Glu Glu Asp	980	985	990
Gly Val Asp Leu Ser Ser Ile Ala Glu Leu Leu Glu Met Pro Asn Leu	995	1000	1005
Phe Ile Asp Asn Ser Ile Gln Leu Glu Lys Lys Lys Leu Ser Pro Ile	1010	1015	1020
Glu Asp Leu Asp Glu Glu Pro Arg Lys Asn Leu Asp Ile Glu Glu Ser	1025	1030	1035
His Ser Asn Ser Ser Asp Asp Val Leu Ser Met Asn Asp Asp Glu Ser	1045	1050	1055
Asp Thr Asp Asp Ser Lys Trp Ser Met Gly Asn Asp Glu Lys Glu Met	1060	1065	1070
Pro Asp Asp Lys Leu Gly Ile Ser Arg Asp Asp Arg Gly Asn Lys Pro	1075	1080	1085
Pro Arg Thr Asp Pro Thr Val Asp Tyr Leu Asn Pro Asp Glu Phe Phe	1090	1095	1100
Glu Asn Gly Tyr Leu Leu Asn Glu Leu Leu Gln Glu Leu Gly Glu Glu	1105	1110	1115
Pro Leu Leu Lys Glu Gly Glu Asp His Phe Lys Arg Ser Thr Asn Leu	1125	1130	1135
Val Arg Leu Gly Glu Arg Asp Arg Gln Asn Arg Glu Lys Arg Glu Lys	1140	1145	1150
Glu Gly Tyr Phe Asp Leu Pro Gly Thr Leu Asp Met Lys Leu Gln Glu	1155	1160	1165
Leu Phe Glu Lys Arg Lys Gln Lys His Glu Ala Glu Gln Lys Ala Arg	1170	1175	1180
Ile Glu Lys Ala Leu Leu Gln Lys Ser Glu Gln Gln Glu Lys Arg Val	1185	1190	1195
Glu Glu Arg Lys Gln Glu Glu Lys Arg Gln Ala Gln Asp Lys Ile Ala	1205	1210	1215
Lys Gln Val Glu Ile Ala Lys Glu Met Gln Arg Val Glu Glu Ile Arg	1220	1225	1230

Gln Arg Glu Lys Gln Leu Ala Ile Gln Leu Gln Glu Glu Glu Lys Lys
 1235 1240 1245
 Gln Gln Glu Glu Lys His Leu Ser Glu Glu Lys Lys Gln Ala Glu Gln
 1250 1255 1260
 Lys Gln Lys Ala Glu Glu Lys Val Ala Gln Glu Arg Leu Asp Ile Glu
 1265 1270 1275 1280
 Gln Gln Lys Ala Tyr Glu Glu Met Ala Lys Arg Glu Ala Glu Ala Ser
 1285 1290 1295
 Lys Asn Val Leu Leu Lys Ala Ile Asp Glu Glu Arg Pro Lys Val Glu
 1300 1305 1310
 Thr Asp Pro Leu Phe Arg Thr Lys Leu Lys Tyr Ile Asn Gln Asp Asp
 1315 1320 1325
 Tyr Ala Gly Ala Asn Tyr Phe Phe Asn Lys Val Gly Leu Asn Thr Lys
 1330 1335 1340
 Gly His Gln Lys Val Asn Val Leu Gly Asp Asn Tyr Phe Asp His Gln
 1345 1350 1355 1360
 Val Ile Thr Arg Ser Ile Glu Lys Lys Val Asp Asn His Leu Asn Gln
 1365 1370 1375
 Lys Tyr Asn Leu Ser Asp Val Glu Leu Val Lys Gln Leu Met Asp Asn
 1380 1385 1390
 Ser Thr Thr Gln Ala Gln Glu Leu Asp Leu Lys Leu Gly Ala Ala Leu
 1395 1400 1405
 Thr Lys Glu Gln Gln Ala Asn Leu Thr Gln Asp Ile Val Trp Tyr Val
 1410 1415 1420
 Lys Thr Lys Val Lys Gly Lys Asp Val Phe Val Pro Lys Val Tyr Phe
 1425 1430 1435 1440
 Ala Ser Glu Thr Leu Val Glu Ala Gln Lys Leu Gln Gly Leu Gly Thr
 1445 1450 1455
 Gly Thr Ile Arg Val Gly Glu Ala Lys Ile Lys Ala Lys Asp Val Val
 1460 1465 1470
 Asn Thr Gly Thr Leu Ala Gly Arg Lys Leu Asn Val Glu Ala Ser Asn
 1475 1480 1485
 Lys Ile Lys Asn Gln Gly Ser Ile Leu Ser Thr Gln Glu Thr Arg Leu
 1490 1495 1500
 Val Gly Arg Lys Gly Ile Glu Asn Val Ser Arg Ser Phe Ala Asn Asp
 1505 1510 1515 1520
 Glu Leu Gly Val Thr Ala Gln Arg Ser Glu Ile Lys Thr Glu Gly His
 1525 1530 1535
 Leu His Leu Glu Thr Asp Lys Asp Ser Thr Ile Asp Val Gln Ala Ser
 1540 1545 1550
 Asp Ile Lys Ala Lys Thr Ser Phe Val Lys Thr Gly Asp Val Asn Leu
 1555 1560 1565

Lys Asn Thr Tyr Asn Thr Lys His Ala Tyr Arg Glu Lys Phe Ser Pro
 1570 1575 1580
 Ser Ala Leu Gln Val Ala Glu Leu Asp Val Ala Gly Leu Lys Val Pro
 1585 1590 1595 1600
 Leu Leu Gly Val Ser Val Ser Ile Gln Phe Ile Gln Ser Ile Leu Val
 1605 1610 1615
 Arg Gln Leu Gln Glu Gly Ser Ile Phe Glu Val Gly His Leu His Xaa
 1620 1625 1630
 Ala Val Asp Arg Arg Cys Glu Pro Ser Gly Glu
 1635 1640

<210> 104
 <211> 2009
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <223> hmbR

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(2007)

<400> 104
 atc cgt ggc gtt gat aaa gat cgt gtc gct gtt att gtt gat gga ata 48
 Ile Arg Gly Val Asp Lys Asp Arg Val Ala Val Ile Val Asp Gly Ile
 1 5 10 15
 ccg cag gct gaa tcg act ata tct act tcc gca cgt tat tcg act gaa 96
 Pro Gln Ala Glu Ser Thr Ile Ser Thr Ser Ala Arg Tyr Ser Thr Glu
 20 25 30
 cgt cat aat ggt aat att aat aat att gaa tac gaa aat gtt agt tcg 144
 Arg His Asn Gly Asn Ile Asn Asn Ile Glu Tyr Glu Asn Val Ser Ser
 35 40 45
 ttg aaa gtt caa aaa ggg gca gct tct gta atg tat ggt agc ggt gcg 192
 Leu Lys Val Gln Lys Gly Ala Ala Ser Val Met Tyr Gly Ser Gly Ala
 50 55 60
 tta ggt gga acc gtg gag ttt acc aca aaa gat att gag gac ttt gtc 240
 Leu Gly Gly Thr Val Glu Phe Thr Thr Lys Asp Ile Glu Asp Phe Val
 65 70 75 80
 gaa cct ggt cgc cat ttg ggc ttt ttg tct aaa acc ggc tat act tca 288
 Glu Pro Gly Arg His Leu Gly Phe Leu Ser Lys Thr Gly Tyr Thr Ser
 85 90 95
 aaa aac aga gaa tat cgt caa gtc atc gga gtt gga ggg aaa ggg gaa 336
 Lys Asn Arg Glu Tyr Arg Gln Val Ile Gly Val Gly Gly Lys Gly Glu
 100 105 110
 cac ttt ttt ggt ttt gta caa tta acc aaa cgt tgg ggg cat gaa aca 384
 His Phe Phe Gly Phe Val Gln Leu Thr Lys Arg Trp Gly His Glu Thr
 115 120 125
 atc aac aac ggc aaa ggt aca gac att ctc ggc gaa cat cga ggt aaa 432

Ile	Asn	Asn	Gly	Lys	Gly	Thr	Asp	Ile	Leu	Gly	Glu	His	Arg	Gly	Lys	
130						135					140					
ccc	aat	ccg	ctc	aac	tac	tat	act	aca	tca	tgg	tta	acg	aaa	gtc	ggc	480
Pro	Asn	Pro	Leu	Asn	Tyr	Tyr	Thr	Thr	Ser	Trp	Leu	Thr	Lys	Val	Gly	
145					150					155					160	
tac	gat	att	aat	aac	act	cat	cgt	ttt	aca	ctg	ttt	tta	gaa	gat	cgc	528
Tyr	Asp	Ile	Asn	Asn	Thr	His	Arg	Phe	Thr	Leu	Phe	Leu	Glu	Asp	Arg	
				165					170						175	
cgt	gaa	aag	aag	ctt	acc	gaa	gaa	aaa	aca	tta	ggg	ctt	agt	gat	gca	576
Arg	Glu	Lys	Lys	Leu	Thr	Glu	Glu	Lys	Thr	Leu	Gly	Leu	Ser	Asp	Ala	
				180				185							190	
gtg	cgt	ttt	gct	aat	gat	caa	acc	cct	tat	ctc	cgt	tat	ggc	att	gaa	624
Val	Arg	Phe	Ala	Asn	Asp	Gln	Thr	Pro	Tyr	Leu	Arg	Tyr	Gly	Ile	Glu	
			195				200					205				
tat	cga	tat	aac	ggc	ttg	tct	tgg	ttg	gaa	acg	gta	aag	ctt	ttt	ttg	672
Tyr	Arg	Tyr	Asn	Gly	Leu	Ser	Trp	Leu	Glu	Thr	Val	Lys	Leu	Phe	Leu	
	210					215					220					
gca	aag	cag	aaa	atc	gaa	caa	cgt	tct	gct	ctc	caa	gag	ttt	gat	att	720
Ala	Lys	Gln	Lys	Ile	Glu	Gln	Arg	Ser	Ala	Leu	Gln	Glu	Phe	Asp	Ile	
	225				230					235					240	
aat	aat	agg	aat	aaa	ttg	gat	tgc	act	atg	tgc	ttt	gta	tat	tta	caa	768
Asn	Asn	Arg	Asn	Lys	Leu	Asp	Ser	Thr	Met	Ser	Phe	Val	Tyr	Leu	Gln	
				245					250						255	
aga	cag	aat	ata	gct	cgg	gga	gaa	ttt	tca	acg	agt	cct	tta	tat	tgg	816
Arg	Gln	Asn	Ile	Ala	Arg	Gly	Glu	Phe	Ser	Thr	Ser	Pro	Leu	Tyr	Trp	
			260					265					270			
ggg	ccg	agt	cgc	cat	cgt	tta	tct	gcg	aaa	ttc	gaa	ttt	cgt	gat	aag	864
Gly	Pro	Ser	Arg	His	Arg	Leu	Ser	Ala	Lys	Phe	Glu	Phe	Arg	Asp	Lys	
		275					280					285				
ttt	tta	gaa	aat	atg	aat	aag	cat	ttt	acg	ttt	cgg	ccg	tgg	caa	atc	912
Phe	Leu	Glu	Asn	Met	Asn	Lys	His	Phe	Thr	Phe	Arg	Pro	Trp	Gln	Ile	
	290					295					300					
aat	aga	ttc	aga	caa	caa	ggt	cga	aat	aac	tat	aca	gaa	gtg	ttt	ccc	960
Asn	Arg	Phe	Arg	Gln	Gln	Gly	Arg	Asn	Asn	Tyr	Thr	Glu	Val	Phe	Pro	
	305				310					315					320	
gtt	aaa	tcc	cga	gag	ttt	tct	ttt	tct	ctt	atg	gac	gac	att	aag	att	1008
Val	Lys	Ser	Arg	Glu	Phe	Ser	Phe	Ser	Leu	Met	Asp	Asp	Ile	Lys	Ile	
				325					330					335		
ggc	gaa	ttg	cta	cat	ctc	gga	ttg	ggc	ggt	cgg	tgg	gat	cac	tat	aac	1056
Gly	Glu	Leu	Leu	His	Leu	Gly	Leu	Gly	Gly	Arg	Trp	Asp	His	Tyr	Asn	
			340					345					350			
tat	aag	cca	tta	tta	aat	tct	cag	cat	aat	atc	aac	agg	aca	cag	aga	1104
Tyr	Lys	Pro	Leu	Leu	Asn	Ser	Gln	His	Asn	Ile	Asn	Arg	Thr	Gln	Arg	
		355					360					365				
tta	cct	tat	cca	aaa	aca	tca	tcc	aaa	ttt	tgc	tat	caa	ttg	agt	tta	1152
Leu	Pro	Tyr	Pro	Lys	Thr	Ser	Ser	Lys	Phe	Ser	Tyr	Gln	Leu	Ser	Leu	
	370					375					380					

gag tat caa tta cat cca tca cat caa att gca tac cgt tta agt acc	1200
Glu Tyr Gln Leu His Pro Ser His Gln Ile Ala Tyr Arg Leu Ser Thr	
385 390 395 400	
ggt ttt agg gtt ccc cgt gtt gaa gat ctt tat ttt gaa gac cga gga	1248
Gly Phe Arg Val Pro Arg Val Glu Asp Leu Tyr Phe Glu Asp Arg Gly	
405 410 415	
aaa agt tct tca caa ttt ctt cct aac ccc gat cta caa ccg gaa act	1296
Lys Ser Ser Ser Gln Phe Leu Pro Asn Pro Asp Leu Gln Pro Glu Thr	
420 425 430	
gca ctg aat cat gaa ata agt tac cgt ttc caa aat caa tat gcc cat	1344
Ala Leu Asn His Glu Ile Ser Tyr Arg Phe Gln Asn Gln Tyr Ala His	
435 440 445	
ttc agc gtc ggg ctt ttc cgt aca cgt tat cat aac ttt att caa gaa	1392
Phe Ser Val Gly Leu Phe Arg Thr Arg Tyr His Asn Phe Ile Gln Glu	
450 455 460	
cgt gag atg acc tgt gat aaa att cca tat gag tat aat agg act tat	1440
Arg Glu Met Thr Cys Asp Lys Ile Pro Tyr Glu Tyr Asn Arg Thr Tyr	
465 470 475 480	
gga tat tgc acg cat aat act tat gta atg ttt gtt aat gaa cct gaa	1488
Gly Tyr Cys Thr His Asn Thr Tyr Val Met Phe Val Asn Glu Pro Glu	
485 490 495	
gcc gtg att aaa ggg gtt gaa gta agc ggt gct tta aat ggg tcg gca	1536
Ala Val Ile Lys Gly Val Glu Val Ser Gly Ala Leu Asn Gly Ser Ala	
500 505 510	
ttc gga ctt tcc gac ggt tta act ttc cgt ctc aaa ggg agc tac agc	1584
Phe Gly Leu Ser Asp Gly Leu Thr Phe Arg Leu Lys Gly Ser Tyr Ser	
515 520 525	
aaa ggt caa aat cat gac ggc gat ccg tta aaa tct att caa cca tgg	1632
Lys Gly Gln Asn His Asp Gly Asp Pro Leu Lys Ser Ile Gln Pro Trp	
530 535 540	
aca gtg gta acc ggt att gat tac gaa act gaa ggg tgg agc gtg agt	1680
Thr Val Val Thr Gly Ile Asp Tyr Glu Thr Glu Gly Trp Ser Val Ser	
545 550 555 560	
ttg agc ggg cgt tat agt gcg gct aaa aaa gcc aaa gat gcg ata gaa	1728
Leu Ser Gly Arg Tyr Ser Ala Ala Lys Lys Ala Lys Asp Ala Ile Glu	
565 570 575	
acg gaa tac aca cat gat aaa aag gtt gtc aaa caa tgg ccg cat tta	1776
Thr Glu Tyr Thr His Asp Lys Lys Val Val Lys Gln Trp Pro His Leu	
580 585 590	
agt cca tcc tac ttt gtt gtt gat ttt acg ggg caa gtt aac ctc agt	1824
Ser Pro Ser Tyr Phe Val Val Asp Phe Thr Gly Gln Val Asn Leu Ser	
595 600 605	
aaa aat gtc att ttg aat atg ggg gta ttt aac ttg ttc aat cgt gat	1872
Lys Asn Val Ile Leu Asn Met Gly Val Phe Asn Leu Phe Asn Arg Asp	
610 615 620	
tat atg acg tgg gac agt gca tat aac ttg ttt act agg ggg tat act	1920
Tyr Met Thr Trp Asp Ser Ala Tyr Asn Leu Phe Thr Arg Gly Tyr Thr	

```

625          630          635          640
tcc cgt tct gtc cgt gct aac agc cca ggc att aat cgg ttt acc gca 1968
Ser Arg Ser Val Arg Ala Asn Ser Pro Gly Ile Asn Arg Phe Thr Ala
          645          650          655

cca aaa cgt aat ttt gct gcc tcg gtg gaa att cgt ttt ta 2009
Pro Lys Arg Asn Phe Ala Ala Ser Val Glu Ile Arg Phe
          660          665

<210> 105
<211> 669
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida

<400> 105
Ile Arg Gly Val Asp Lys Asp Arg Val Ala Val Ile Val Asp Gly Ile
 1          5          10          15

Pro Gln Ala Glu Ser Thr Ile Ser Thr Ser Ala Arg Tyr Ser Thr Glu
          20          25          30

Arg His Asn Gly Asn Ile Asn Asn Ile Glu Tyr Glu Asn Val Ser Ser
          35          40          45

Leu Lys Val Gln Lys Gly Ala Ala Ser Val Met Tyr Gly Ser Gly Ala
 50          55          60

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

Glu Pro Gly Arg His Leu Gly Phe Leu Ser Lys Thr Gly Tyr Thr Ser
          85          90          95

Lys Asn Arg Glu Tyr Arg Gln Val Ile Gly Val Gly Gly Lys Gly Glu
100          105          110

His Phe Phe Gly Phe Val Gln Leu Thr Lys Arg Trp Gly His Glu Thr
115          120          125

Ile Asn Asn Gly Lys Gly Thr Asp Ile Leu Gly Glu His Arg Gly Lys
130          135          140

Pro Asn Pro Leu Asn Tyr Tyr Thr Thr Ser Trp Leu Thr Lys Val Gly
145          150          155          160

Tyr Asp Ile Asn Asn Thr His Arg Phe Thr Leu Phe Leu Glu Asp Arg
          165          170          175

Arg Glu Lys Lys Leu Thr Glu Glu Lys Thr Leu Gly Leu Ser Asp Ala
          180          185          190

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

Tyr Arg Tyr Asn Gly Leu Ser Trp Leu Glu Thr Val Lys Leu Phe Leu
210          215          220

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

```

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

Thr Glu Tyr Thr His Asp Lys Lys Val Val Lys Gln Trp Pro His Leu
 580 585 590

Ser Pro Ser Tyr Phe Val Val Asp Phe Thr Gly Gln Val Asn Leu Ser
 595 600 605

Lys Asn Val Ile Leu Asn Met Gly Val Phe Asn Leu Phe Asn Arg Asp
 610 615 620

Tyr Met Thr Trp Asp Ser Ala Tyr Asn Leu Phe Thr Arg Gly Tyr Thr
 625 630 635 640

Ser Arg Ser Val Arg Ala Asn Ser Pro Gly Ile Asn Arg Phe Thr Ala
 645 650 655

Pro Lys Arg Asn Phe Ala Ala Ser Val Glu Ile Arg Phe
 660 665

<210> 106
 <211> 908
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <223> lgtC

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(906)

<400> 106
 atg aat att tta ttt gtt tct gat gat gtt tat gct aaa cat ctg gtg 48
 Met Asn Ile Leu Phe Val Ser Asp Asp Val Tyr Ala Lys His Leu Val
 1 5 10 15

gtt gcg att aaa agc att ata aat cat aat gaa aaa ggt att tca ttt 96
 Val Ala Ile Lys Ser Ile Ile Asn His Asn Glu Lys Gly Ile Ser Phe
 20 25 30

tat att ttt gat ttg ggt ata aag gat gaa aat aag aga aat att aat 144
 Tyr Ile Phe Asp Leu Gly Ile Lys Asp Glu Asn Lys Arg Asn Ile Asn
 35 40 45

gat att gtt tct tct tat gga agt gaa gtc aac ttt att gct gtg aat 192
 Asp Ile Val Ser Ser Tyr Gly Ser Glu Val Asn Phe Ile Ala Val Asn
 50 55 60

gag aaa gaa ttt gag agt ttt cct gtt caa att agt tat att tct tta 240
 Glu Lys Glu Phe Glu Ser Phe Pro Val Gln Ile Ser Tyr Ile Ser Leu
 65 70 75 80

gca aca tat gca agg cta aaa gcg gca gag tat ttg ccg gat aat tta 288
 Ala Thr Tyr Ala Arg Leu Lys Ala Ala Glu Tyr Leu Pro Asp Asn Leu
 85 90 95

aat aaa att att tat tta gat gtt gat gtt ttg gtt ttt aac tca tta 336
 Asn Lys Ile Ile Tyr Leu Asp Val Asp Val Leu Val Phe Asn Ser Leu
 100 105 110

gaa atg tta tgg aat gtt gat gtt aat aat ttt ctt acc gca gcc tgt 384
 Glu Met Leu Trp Asn Val Asp Val Asn Asn Phe Leu Thr Ala Ala Cys

115	120	125	
tat gat tct ttc atc gaa aat gaa aag tct gag cat aaa aaa tcg att			432
Tyr Asp Ser Phe Ile Glu Asn Glu Lys Ser Glu His Lys Lys Ser Ile			
130	135	140	
tca atg tca gat aag gaa tat tat ttt aat gca gga gta atg cta ttt			480
Ser Met Ser Asp Lys Trp Arg Tyr Tyr Phe Asn Ala Gly Val Met Leu Phe			
145	150	155	160
aat tta gat gaa tgg cgg aag atg gat gta ttc tca aga gct tta gac			528
Asn Leu Asp Glu Trp Arg Lys Met Asp Val Phe Ser Arg Ala Leu Asp			
165	170	175	
ctg tta gct atg tat cct aat caa atg att tat cag gat caa gat ata			576
Leu Leu Ala Met Tyr Pro Asn Gln Met Ile Tyr Gln Asp Gln Asp Ile			
180	185	190	
ttg aat atc ctt ttt agg aat aaa gtc tgt tat tta gat tgc aga ttt			624
Leu Asn Ile Leu Phe Arg Asn Lys Val Cys Tyr Leu Asp Cys Arg Phe			
195	200	205	
aat ttc atg cca aat caa ctt gaa aga ata aaa caa tac cat aaa gga			672
Asn Phe Met Pro Asn Gln Leu Glu Arg Ile Lys Gln Tyr His Lys Gly			
210	215	220	
aaa ttg agc aac tta cat tct tta gaa aaa aca acg atg cct gtc gtt			720
Lys Leu Ser Asn Leu His Ser Leu Glu Lys Thr Thr Met Pro Val Val			
225	230	235	240
att tca cat tat tgt ggt cca gaa aaa gcg tgg cat gcg gat tgt aaa			768
Ile Ser His Tyr Cys Gly Pro Glu Lys Ala Trp His Ala Asp Cys Lys			
245	250	255	
cat ttt aat gta tat ttc tat cag aaa ata tta gca gaa ata acg aga			816
His Phe Asn Val Tyr Phe Tyr Gln Lys Ile Leu Ala Glu Ile Thr Arg			
260	265	270	
ggc acg gat aaa gaa cgc gta tta tct ata aaa act tat ctc aag gcc			864
Gly Thr Asp Lys Glu Arg Val Leu Ser Ile Lys Thr Tyr Leu Lys Ala			
275	280	285	
ttg att aga agg att aga tat aaa ttc aaa tat caa gtc tat ta			908
Leu Ile Arg Arg Ile Arg Tyr Lys Phe Lys Tyr Gln Val Tyr			
290	295	300	
<210> 107			
<211> 302			
<212> PRT			
<213> Pasteurella multocida			
<400> 107			
Met Asn Ile Leu Phe Val Ser Asp Asp Val Tyr Ala Lys His Leu Val			
1	5	10	15
Val Ala Ile Lys Ser Ile Ile Asn His Asn Glu Lys Gly Ile Ser Phe			
20	25	30	
Tyr Ile Phe Asp Leu Gly Ile Lys Asp Glu Asn Lys Arg Asn Ile Asn			
35	40	45	

```

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

```

```

<210> 108
<211> 2054
<212> DNA
<213> Pasteurella multocida

```

```

<220>
<223> pnp

```

```

<220>
<221> CDS
<222> (1) .. (2052)

```

```

<400> 108

```

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

245										250					255					
ggc Gly	gaa Glu	gac Asp	atc Ile 260	agt Ser	gaa Glu	ggg Gly	aaa Lys	att Ile 265	gtc Val	gat Asp	att Ile	ttc Phe	acc Thr 270	gca Ala	ctt Leu	816				
gaa Glu	agc Ser	caa Gln 275	atc Ile	gta Val	cgt Arg	agc Ser	cgt Arg 280	atc Ile	att Ile	gct Ala	ggc Gly	gaa Glu 285	cca Pro	cgt Arg	att Ile	864				
gat Asp	ggc Gly 290	cgt Arg	aca Thr	gtg Val	gat Asp	act Thr 295	gtt Val	cgt Arg	gca Ala	tta Leu	gat Asp 300	att Ile	tgt Cys	act Thr	ggc Gly	912				
gtt Val 305	tta Leu	cca Pro	cgt Arg	aca Thr	cac His 310	ggc Gly	tct Ser	gcg Ala	att Ile	ttc Phe 315	acc Thr	cgt Arg	ggc Gly	gaa Glu	aca Thr 320	960				
cag Gln	gcg Ala	tta Leu	gct Ala 325	gtc Val	gcg Ala	aca Thr	tta Leu	ggc Gly 330	aca Thr	gaa Glu	cgt Arg	gat Asp	gca Ala	caa Gln 335	att Ile	1008				
att Ile	gat Asp	gaa Glu 340	tta Leu	aca Thr	ggc Gly	gag Glu	cgt Arg	tca Ser 345	gat Asp	cac His	ttc Phe	tta Leu 350	ttc Phe	cac His	tac Tyr	1056				
aac Asn	ttc Phe 355	ccg Pro	cca Pro	tat Tyr	tct Ser	gtg Val	ggc Gly 360	gaa Glu	acc Thr	ggc Gly	atg Met	att Ile 365	ggc Gly	tca Ser	cca Pro	1104				
aaa Lys 370	cgt Arg	cgt Arg	gaa Glu	att Ile	ggc Gly	cat His 375	ggc Gly	cgt Arg	tta Leu	gcg Ala	aaa Lys 380	cgc Arg	ggc Gly	gta Val	gct Ala	1152				
gca Ala 385	gtg Val	atg Met	cca Pro	aca Thr	ctt Leu 390	gcc Ala	gag Glu	ttc Phe	ccg Pro	tat Tyr 395	gtg Val	gta Val	cgt Arg	gtt Val	gtc Val 400	1200				
tct Ser	gaa Glu	atc Ile	aca Thr 405	gaa Glu	tca Ser	aat Asn	ggc Gly	tct Ser 410	tct Ser	atg Met	gca Ala	tcg Ser	gtt Val	tgt Cys		1248				
ggc Gly	gcg Ala	tct Ser 420	tta Leu	gca Ala	tta Leu	atg Met	gat Asp	gcg Ala 425	ggc Gly	gta Val	cca Pro	att Ile	aaa Lys 430	gcg Ala	gcg Ala	1296				
gtt Val	gca Ala 435	ggc Gly	att Ile	gca Ala	atg Met	ggc Gly 440	tta Leu	gtc Val	aaa Lys	gaa Glu	gac Asp	gaa Glu 445	aaa Lys	ttt Phe	gtg Val	1344				
gtg Val 450	ctt Leu	tca Ser	gac Asp	atc Ile	tta Leu 455	ggc Gly	gat Asp	gaa Glu	gat Asp	cac His	tta Leu 460	ggc Gly	gac Asp	atg Met	gac Asp	1392				
ttc Phe 465	aaa Lys	gtc Val	gcg Ala	ggc Gly	aca Thr 470	cgt Arg	acg Thr	ggc Gly	gtg Val	acg Thr 475	gca Ala	tta Leu	caa Gln	atg Met	gat Asp 480	1440				
atc Ile	aaa Lys	atc Ile	gaa Glu 485	ggc Gly	atc Ile	aca Thr	gca Ala	gaa Glu 490	atc Ile	atg Met	caa Gln	att Ile	gcg Ala 495	tta Leu	aac Asn	1488				

caa gcg aaa agc gca cgt tta cac att tta ggt gtg atg gag caa gcg 1536
 Gln Ala Lys Ser Ala Arg Leu His Ile Leu Gly Val Met Glu Gln Ala
 500 505 510
 atc cca gcg cca cgt gcg gat att tct gat ttt gca ccg cgt att tac 1584
 Ile Pro Ala Pro Arg Ala Asp Ile Ser Asp Phe Ala Pro Arg Ile Tyr
 515 520 525
 act atg aaa att gat ccg aag aaa atc aaa gat gtg atc ggt aaa ggt 1632
 Thr Met Lys Ile Asp Pro Lys Lys Ile Lys Asp Val Ile Gly Lys Gly
 530 535 540
 ggt gca acc att cgt gcc tta aca gaa gaa aca ggt acc tca att gat 1680
 Gly Ala Thr Ile Arg Ala Leu Thr Glu Glu Thr Gly Thr Ser Ile Asp
 545 550 555 560
 atc gat gat gat ggt acg gtg aag att gct gcg gtt gat ggc aat tca 1728
 Ile Asp Asp Asp Gly Thr Val Lys Ile Ala Ala Val Asp Gly Asn Ser
 565 570 575
 gca aaa gag gtg atg gcg cgt att gaa gat att act gca gaa gtt gaa 1776
 Ala Lys Glu Val Met Ala Arg Ile Glu Asp Ile Thr Ala Glu Val Glu
 580 585 590
 gcg ggt gca gtg tat aaa ggt aaa gtt act cgt tta gct gat ttt ggt 1824
 Ala Gly Ala Val Tyr Lys Gly Lys Val Thr Arg Leu Ala Asp Phe Gly
 595 600 605
 gcc ttc gtt tct atc gta ggt aac aaa gaa ggc tta gtg cat att tct 1872
 Ala Phe Val Ser Ile Val Gly Asn Lys Glu Gly Leu Val His Ile Ser
 610 615 620
 caa atc gcg gaa gag cgt gtt gag aaa gtg agt gat tat ctt gca gtg 1920
 Gln Ile Ala Glu Glu Arg Val Glu Lys Val Ser Asp Tyr Leu Ala Val
 625 630 635 640
 ggg caa gaa gtg act gtt aaa gtg gtt gag att gat cgt caa ggt cgt 1968
 Gly Gln Glu Val Thr Val Lys Val Val Glu Ile Asp Arg Gln Gly Arg
 645 650 655
 att cgt tta acc atg aaa gaa gtt gca cca aag caa gaa cac gtt gat 2016
 Ile Arg Leu Thr Met Lys Glu Val Ala Pro Lys Gln Glu His Val Asp
 660 665 670
 tct gtt gtc gca gac gtt gcc gca gaa gaa aac gca ta 2054
 Ser Val Val Ala Asp Val Ala Ala Glu Glu Asn Ala
 675 680

<210> 109

<211> 684

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 109

Met Ala Ser Met Asp Asp Thr Thr Val Phe Val Thr Val Val Ala Lys
 1 5 10 15

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

Gln Glu Arg Thr Tyr Ala Ala Gly Arg Ile Pro Gly Gly Phe Phe Lys

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

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

<211> 1514
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <223> purF

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1512)

<400> 110
 atg tgt ggt att gtt ggt att gtt agc caa agc ccc gtt aac caa tca 48
 Met Cys Gly Ile Val Gly Ile Val Ser Gln Ser Pro Val Asn Gln Ser
 1 5 10 15
 att tat gat gcg tta acc tta ttg caa cac cgc ggg caa gac gcc gcc 96
 Ile Tyr Asp Ala Leu Thr Leu Leu Gln His Arg Gly Gln Asp Ala Ala
 20 25 30
 ggg att gta acc gta gat gat gaa aac cga ttc cgc ttg cgt aaa gcg 144
 Gly Ile Val Thr Val Asp Asp Glu Asn Arg Phe Arg Leu Arg Lys Ala
 35 40 45
 aac ggg tta gtc agc gat gta ttt gaa caa gtt cat atg tta cgt tta 192
 Asn Gly Leu Val Ser Asp Val Phe Glu Gln Val His Met Leu Arg Leu
 50 55 60
 caa ggc aat gct ggc att gga cat gtt cgt tat cct acg gct ggg agc 240
 Gln Gly Asn Ala Gly Ile Gly His Val Arg Tyr Pro Thr Ala Gly Ser
 65 70 75 80
 tca agt gtc tct gaa gcg caa cct ttt tat gta aat tcg cct tat ggc 288
 Ser Ser Val Ser Glu Ala Gln Pro Phe Tyr Val Asn Ser Pro Tyr Gly
 85 90 95
 tta acc tta gtg cat aat ggt aac ttg acc aat tca agt gaa tta aaa 336
 Leu Thr Leu Val His Asn Gly Asn Leu Thr Asn Ser Ser Glu Leu Lys
 100 105 110
 gaa aag tta ttt cgt ctc gca cgt cgc cat gta aat acc aat tca gat 384
 Glu Lys Leu Phe Arg Leu Ala Arg Arg His Val Asn Thr Asn Ser Asp
 115 120 125
 tct gaa tta tta ctc aat atc tta gcc aat cac ctt gat cac ttc gaa 432
 Ser Glu Leu Leu Leu Asn Ile Leu Ala Asn His Leu Asp His Phe Glu
 130 135 140
 aaa tac caa tta gat ccg caa gat gta ttc agt gct gtc aaa caa acg 480
 Lys Tyr Gln Leu Asp Pro Gln Asp Val Phe Ser Ala Val Lys Gln Thr
 145 150 155 160
 cat cag gat att cgt ggt gct tat gct tgt atc gcc atg att att ggt 528
 His Gln Asp Ile Arg Gly Ala Tyr Ala Cys Ile Ala Met Ile Ile Gly
 165 170 175
 cat ggt atg gtc gcg ttt cgt gat ccg aac ggt atc cgt ccg tta gtg 576
 His Gly Met Val Ala Phe Arg Asp Pro Asn Gly Ile Arg Pro Leu Val
 180 185 190
 tta ggg aaa cgc gag gaa aat ggc aaa aca gag tat atg ttt gcc tcc 624
 Leu Gly Lys Arg Glu Glu Asn Gly Lys Thr Glu Tyr Met Phe Ala Ser

195	200	205	
gaa agt atc gca tta gat Glu Ser Ile Ala Leu Asp 210	aca gtg ggt ttt Thr Val Gly Phe 215	gag ttt gta cga gat gta Glu Phe Val Arg Asp Val 220	672
caa ccc ggc gaa gcg att tat Gln Pro Gly Glu Ala Ile Tyr 225	gtc acg ttt Val Thr Phe 230	gaa ggg gaa atg tat gct Glu Gly Glu Met Tyr Ala 235	720
cag caa tgc gca gac aaa cca Gln Gln Cys Ala Asp Lys Pro 245	aca tta aca cct tgt att ttt Thr Leu Thr Pro Cys Ile Phe 250	gaa tac Glu Tyr 255	768
gtc tat ttt gca cgt cca gac tct Val Tyr Phe Ala Arg Pro Asp 260	tgc atc gat ggg gtt tct gtt tat Cys Ile Asp Gly Val Ser Val Tyr 265		816
gct gcc cgt gtt cat atg gga Ala Ala Arg Val His Met Gly 275	caa cgt tta ggt gaa aaa att gca cgg Gln Arg Leu Gly Glu Lys Ile Ala Arg 280		864
gaa tgg gcg gat gtg gat gat Glu Trp Ala Asp Val Asp Asp 290	att gat gtg gtc att cct gtg cct gaa Ile Asp Val Val Ile Pro Val Pro Glu 295		912
acc tct aac gat att gct tta cgt Thr Ser Asn Asp Ile Ala Leu Arg 305	att gcg cgc gtg tta aat aaa ccg Ile Ala Arg Val Leu Asn Lys Pro 310		960
tat cgt caa ggt ttt gtg aaa aat Tyr Arg Gln Gly Phe Val Lys Asn 325	cgc tat gta gga cgt acg ttt att Arg Tyr Val Gly Arg Thr Phe Ile 330		1008
atg ccg ggg cag gca ttg cga gtc Met Pro Gly Gln Ala Leu Arg Val 340	agt tct gtt aga cgt aaa ctc aat Ser Ser Val Arg Arg Lys Leu Asn 345		1056
acc att gct tca gaa ttt aaa gat Thr Ile Ala Ser Glu Phe Lys Asp 355	aag aat gtg tta tta gtt gac gac Lys Asn Val Leu Leu Val Asp Asp 360		1104
tcg att gta cgt ggt acc acg tct Ser Ile Val Arg Gly Thr Thr Ser 370	gaa caa att gtc gaa atg gcg aga Glu Gln Ile Val Glu Met Ala Arg 375		1152
gcg gca ggt gcg aag aaa att tat Ala Ala Gly Ala Lys Lys Ile Tyr 385	ttt gcc tct gct gca cca gaa att Phe Ala Ser Ala Ala Pro Glu Ile 390		1200
cgt tat cca aat gtg tat ggt att Arg Tyr Pro Asn Val Tyr Gly Ile 405	gat atg cca acc aaa aat gaa ttg Asp Met Pro Thr Lys Asn Glu Leu 410		1248
atc gct tat ggt cgt gat gta gat Ile Ala Tyr Gly Arg Asp Val Asp 420	gaa att gct aac tta att ggt gtg Glu Ile Ala Asn Leu Ile Gly Val 425		1296
gat aaa ttg att ttc caa gat ttg Asp Lys Leu Ile Phe Gln Asp Leu 435	gat gcg tta act ggt tct gtg caa Asp Ala Leu Thr Gly Ser Val Gln 440		1344

caa gaa aat cca agt att caa gac ttt gat tgt tgg gtg ttt aca ggg 1392
 Gln Glu Asn Pro Ser Ile Gln Asp Phe Asp Cys Ser Val Phe Thr Gly
 450 455 460

 gtt tat gtg acg ggc gat att aca cct gaa tat ctg gat aat att gca 1440
 Val Tyr Val Thr Gly Asp Ile Thr Pro Glu Tyr Leu Asp Asn Ile Ala
 465 470 475 480

 gaa cag cgt aat gat atc gcc aag aaa aag cgt gaa aaa gat gct acc 1488
 Glu Gln Arg Asn Asp Ile Ala Lys Lys Lys Arg Glu Lys Asp Ala Thr
 485 490 495

 aat ctt gaa atg cac aat gaa aaa ta 1514
 Asn Leu Glu Met His Asn Glu Lys
 500

<210> 111
 <211> 504
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

<400> 111
 Met Cys Gly Ile Val Gly Ile Val Ser Gln Ser Pro Val Asn Gln Ser
 1 5 10 15

 Ile Tyr Asp Ala Leu Thr Leu Leu Gln His Arg Gly Gln Asp Ala Ala
 20 25 30

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

 Asn Gly Leu Val Ser Asp Val Phe Glu Gln Val His Met Leu Arg Leu
 50 55 60

 Gln Gly Asn Ala Gly Ile Gly His Val Arg Tyr Pro Thr Ala Gly Ser
 65 70 75 80

 Ser Ser Val Ser Glu Ala Gln Pro Phe Tyr Val Asn Ser Pro Tyr Gly
 85 90 95

 Leu Thr Leu Val His Asn Gly Asn Leu Thr Asn Ser Ser Glu Leu Lys
 100 105 110

 Glu Lys Leu Phe Arg Leu Ala Arg Arg His Val Asn Thr Asn Ser Asp
 115 120 125

 Ser Glu Leu Leu Leu Asn Ile Leu Ala Asn His Leu Asp His Phe Glu
 130 135 140

 Lys Tyr Gln Leu Asp Pro Gln Asp Val Phe Ser Ala Val Lys Gln Thr
 145 150 155 160

 His Gln Asp Ile Arg Gly Ala Tyr Ala Cys Ile Ala Met Ile Ile Gly
 165 170 175

 His Gly Met Val Ala Phe Arg Asp Pro Asn Gly Ile Arg Pro Leu Val
 180 185 190

 Leu Gly Lys Arg Glu Glu Asn Gly Lys Thr Glu Tyr Met Phe Ala Ser
 195 200 205

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

<210> 112

<211> 989

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<223> rci

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(987)

<400> 112

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

210	215	220	
aaa aac ggg cac tct aga gat gtg ccg ctt tcg caa aga gct gtt gcg Lys Asn Gly His Ser Arg Asp Val Pro Leu Ser Gln Arg Ala Val Ala 225 230 235 240			720
cta att tta aaa atg aaa gag gta gaa aat gga gat ctt gtg ttt cag Leu Ile Leu Lys Met Lys Glu Val Glu Asn Gly Asp Leu Val Phe Gln 245 250 255			768
acc acg cct gaa tca tta agc acc acg ttt aga gtg tta aag aaa gag Thr Thr Pro Glu Ser Leu Ser Thr Thr Phe Arg Val Leu Lys Lys Glu 260 265 270			816
tgt gga ctt gaa cat ctc cat ttt cat gat acg aga agg gaa gcg ttg Cys Gly Leu Glu His Leu His Phe His Asp Thr Arg Arg Glu Ala Leu 275 280 285			864
acg aga tta tct aag aaa gta gat gta atg act cta gcc aaa att agc Thr Arg Leu Ser Lys Lys Val Asp Val Met Thr Leu Ala Lys Ile Ser 290 295 300			912
gga cat aga gat tta aga att tta caa aac aca tat tac gca ccg aat Gly His Arg Asp Leu Arg Ile Leu Gln Asn Thr Tyr Tyr Ala Pro Asn 305 310 315 320			960
atg agt gaa gtg gca aac ttg ttg gat ta Met Ser Glu Val Ala Asn Leu Leu Asp 325			989
<210> 113			
<211> 329			
<212> PRT			
<213> Pasteurella multocida			
<400> 113			
Met Ala Thr Ile Arg Lys Arg Gly Asn Ser Tyr Arg Ala Glu Ile Ser 1 5 10 15			
Lys Asn Gly Val Arg Lys Ser Ala Thr Phe Lys Thr Lys Ser Glu Ala 20 25 30			
Asn Ala Trp Ala Val Asp Glu Glu Arg Lys Leu Ala Asp Leu Ala Lys 35 40 45			
Gly Ile Ala Pro Asp Ile Ile Phe Arg Asp Val Ile Glu Arg Tyr Gln 50 55 60			
Asn Glu Val Ser Ile Thr Lys Lys Gly Ala Arg Asn Glu Ile Ile Arg 65 70 75 80			
Leu Asn Arg Phe Leu Arg Tyr Asp Ile Ser Asn Leu Tyr Ile Arg Asp 85 90 95			
Leu Arg Lys Glu Asp Phe Glu Glu Trp Ile Arg Ile Arg Leu Thr Glu 100 105 110			
Val Ser Asp Ala Ser Val Arg Arg Glu Leu Val Thr Ile Ser Ser Val 115 120 125			
Leu Thr Thr Ala Ile Asn Lys Trp Gly Tyr Ile Ser Arg His Pro Met			

130	135	140
Thr Gly Ile Glu Lys Pro Lys Asn Ser Ala Glu Arg Lys Glu Arg Tyr		
145	150	155 160
Ser Glu Gln Asp Ile Lys Thr Ile Leu Glu Thr Ala Arg Tyr Cys Glu		
	165	170 175
Asp Lys Leu Pro Ile Thr Leu Lys Gln Arg Val Ala Ile Ala Met Leu		
	180	185 190
Phe Ala Ile Glu Thr Ala Met Arg Ala Gly Glu Ile Ala Ser Ile Lys		
	195	200 205
Trp Asp Asn Val Phe Leu Glu Lys Arg Ile Val His Leu Pro Thr Thr		
	210	215 220
Lys Asn Gly His Ser Arg Asp Val Pro Leu Ser Gln Arg Ala Val Ala		
	225	230 235 240
Leu Ile Leu Lys Met Lys Glu Val Glu Asn Gly Asp Leu Val Phe Gln		
	245	250 255
Thr Thr Pro Glu Ser Leu Ser Thr Thr Phe Arg Val Leu Lys Lys Glu		
	260	265 270
Cys Gly Leu Glu His Leu His Phe His Asp Thr Arg Arg Glu Ala Leu		
	275	280 285
Thr Arg Leu Ser Lys Lys Val Asp Val Met Thr Leu Ala Lys Ile Ser		
	290	295 300
Gly His Arg Asp Leu Arg Ile Leu Gln Asn Thr Tyr Tyr Ala Pro Asn		
	305	310 315 320
Met Ser Glu Val Ala Asn Leu Leu Asp		
	325	

<210> 114
 <211> 1190
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <223> sopE

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1188)

<400> 114	
atg tct gaa gaa tat cta cat ggt gtc aaa gtc aca gaa atc aat caa	48
Met Ser Glu Glu Tyr Leu His Gly Val Lys Val Thr Glu Ile Asn Gln	
1 5 10 15	
gca att cgc aca att caa agt cta tca acc gca gtc atc ggt att gtc	96
Ala Ile Arg Thr Ile Gln Ser Leu Ser Thr Ala Val Ile Gly Ile Val	
20 25 30	
tgt act gca aat gac gca gac aat gaa aca ttc cca ctc aat gaa ccc	144
Cys Thr Ala Asn Asp Ala Asp Asn Glu Thr Phe Pro Leu Asn Glu Pro	

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

gaa gtg tac acc cgc act gca caa atc tta aaa gat acg att gca ggg 912
 Glu Val Tyr Thr Arg Thr Ala Gln Ile Leu Lys Asp Thr Ile Ala Gly
 290 295 300
 gcg ttt gat tgg gca gtg gat aaa gat att tct gtc acg cta gtg aaa 960
 Ala Phe Asp Trp Ala Val Asp Lys Asp Ile Ser Val Thr Leu Val Lys
 305 310 315 320
 gat att att gaa gca atc aat gcg aag tgg cgt gat tac acc aca aaa 1008
 Asp Ile Ile Glu Ala Ile Asn Ala Lys Trp Arg Asp Tyr Thr Thr Lys
 325 330 335
 ggc tac tta att ggc ggt aaa gcg tgg ctt aat aaa gag ctt aac agt 1056
 Gly Tyr Leu Ile Gly Gly Lys Ala Trp Leu Asn Lys Glu Leu Asn Ser
 340 345 350
 gca acg aat tta aaa gat gcg aag ttg ttg atc tct tat gat tat cac 1104
 Ala Thr Asn Leu Lys Asp Ala Lys Leu Leu Ile Ser Tyr Asp Tyr His
 355 360 365
 cca gta cca ccg ctc gaa cag cta ggc ttt aat cag tac att tct gat 1152
 Pro Val Pro Pro Leu Glu Gln Leu Gly Phe Asn Gln Tyr Ile Ser Asp
 370 375 380
 gaa tac ctt gtt gat ttt tca aat cgt tta gca tcg ta 1190
 Glu Tyr Leu Val Asp Phe Ser Asn Arg Leu Ala Ser
 385 390 395

<210> 115

<211> 396

<212> PRT

<213> Pasteurella multocida

<400> 115

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

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

<210> 116
 <211> 2204
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <223> unkK

<220>
 <221> CDS
 <222> (1) .. (2202)

<400> 116

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

245								250				255				
atg	cag	tta	aat	gtc	acg	caa	ggt	aca	gtg	aca	att	ggg	gtg	gat	gga	816
Met	Gln	Leu	Asn	Val	Thr	Gln	Gly	Thr	Val	Thr	Ile	Gly	Val	Asp	Gly	
			260					265					270			
ttt	gcc	aca	gat	ggc	tta	cct	tat	ttg	gat	atc	att	gcc	aaa	aag	att	864
Phe	Ala	Thr	Asp	Gly	Leu	Pro	Tyr	Leu	Asp	Ile	Ile	Ala	Lys	Lys	Ile	
			275				280					285				
gaa	caa	aaa	caa	gcg	att	aca	aaa	gaa	aga	aca	gga	aat	tcc	gaa	acc	912
Glu	Gln	Lys	Gln	Ala	Ile	Thr	Lys	Glu	Arg	Thr	Gly	Asn	Ser	Glu	Thr	
			290				295				300					
gat	atc	act	ttt	gtc	gca	ggt	aac	agt	aaa	tat	gat	tta	aag	aca	cat	960
Asp	Ile	Thr	Phe	Val	Ala	Gly	Asn	Ser	Lys	Tyr	Asp	Leu	Lys	Thr	His	
305					310					315					320	
caa	gtg	aca	gaa	aag	cat	acc	gct	gag	gca	caa	ggt	gaa	att	gcg	att	1008
Gln	Val	Thr	Glu	Lys	His	Thr	Ala	Glu	Ala	Gln	Gly	Glu	Ile	Ala	Ile	
				325				330						335		
agc	ggt	gcg	agt	acc	ggt	gca	atg	tac	ggt	aaa	aat	atc	aaa	tta	atc	1056
Ser	Gly	Ala	Ser	Thr	Gly	Ala	Met	Tyr	Gly	Lys	Asn	Ile	Lys	Leu	Ile	
			340					345					350			
gta	acg	gat	aaa	ggc	gct	ggg	gta	aaa	cat	gat	ggc	att	att	tta	tct	1104
Val	Thr	Asp	Lys	Gly	Ala	Gly	Val	Lys	His	Asp	Gly	Ile	Ile	Leu	Ser	
			355				360					365				
gag	gcg	gat	att	caa	att	gaa	acc	cat	gag	ggc	gat	gtt	gaa	tta	ggc	1152
Glu	Ala	Asp	Ile	Gln	Ile	Glu	Thr	His	Glu	Gly	Asp	Val	Glu	Leu	Gly	
			370				375				380					
aat	aca	aaa	aat	aat	cag	aat	gag	aat	tat	gcc	aaa	gct	cat	gcg	gaa	1200
Asn	Thr	Lys	Asn	Asn	Gln	Asn	Glu	Asn	Tyr	Ala	Lys	Ala	His	Ala	Glu	
385					390					395				400		
ggg	aat	ttt	acg	gtt	aaa	ggc	ggt	aag	cac	gtt	att	att	ggg	aag	gaa	1248
Gly	Asn	Phe	Thr	Val	Lys	Gly	Gly	Lys	His	Val	Ile	Ile	Gly	Lys	Glu	
				405					410					415		
gtt	aaa	gcc	aac	aaa	gcg	gtc	gat	att	caa	gca	caa	gaa	aca	aca	gta	1296
Val	Lys	Ala	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Ile	Gln	Ala	Gln	Glu	Thr	Thr	Val	
			420					425					430			
aga	caa	aat	gcg	aaa	tta	act	gcc	aaa	acg	agt	gcc	aaa	att	aca	gca	1344
Arg	Gln	Asn	Ala	Lys	Leu	Thr	Ala	Lys	Thr	Ser	Ala	Lys	Ile	Thr	Ala	
			435				440					445				
agt	aag	agt	gtg	aat	ctt	gaa	gat	aac	gcg	aaa	ctt	att	gct	aat	gag	1392
Ser	Lys	Ser	Val	Asn	Leu	Glu	Asp	Asn	Ala	Lys	Leu	Ile	Ala	Asn	Glu	
			450				455					460				
ctg	agc	aca	aca	acc	aat	aaa	tta	acc	aat	aaa	ggg	agc	att	tac	ggc	1440
Leu	Ser	Thr	Thr	Thr	Asn	Lys	Leu	Thr	Asn	Lys	Gly	Ser	Ile	Tyr	Gly	
465					470					475				480		
aag	aaa	gtg	acg	cta	gat	gct	gat	aat	tta	gtc	aat	agt	aaa	gaa	atc	1488
Lys	Lys	Val	Thr	Leu	Asp	Ala	Asp	Asn	Leu	Val	Asn	Ser	Lys	Glu	Ile	
				485					490					495		

tat gcg tct agc gaa ctt gat att caa acc aaa ggt cgt gat ctt tta	1536
Tyr Ala Ser Ser Glu Leu Asp Ile Gln Thr Lys Gly Arg Asp Leu Leu	
500 505 510	
ctt gag gat ggg gtt aat caa cca ctg agt ttc tta aaa ggc gct tca	1584
Leu Glu Asp Gly Val Asn Gln Pro Leu Ser Phe Leu Lys Gly Ala Ser	
515 520 525	
ttg tta gcg ccg ggg ttt gtc aac act ggg cta att cac agt aac ggt	1632
Leu Leu Ala Pro Gly Phe Val Asn Thr Gly Leu Ile His Ser Asn Gly	
530 535 540	
aat gcc aag ctc act ttt aaa gat gac acc agt ttt gtg act gaa gga	1680
Asn Ala Lys Leu Thr Phe Lys Asp Asp Thr Ser Phe Val Thr Glu Gly	
545 550 555 560	
aat aac ttt atc aca gca aaa gac aac tta gaa atc acg gca aaa aat	1728
Asn Asn Phe Ile Thr Ala Lys Asp Asn Leu Glu Ile Thr Ala Lys Asn	
565 570 575	
gtt caa att gat caa gcg aaa aat att caa tta aac gcg aat atc acg	1776
Val Gln Ile Asp Gln Ala Lys Asn Ile Gln Leu Asn Ala Asn Ile Thr	
580 585 590	
atc aat acc aag tct ggt ttt gtg aat tac ggt acc tta gca agt gct	1824
Ile Asn Thr Lys Ser Gly Phe Val Asn Tyr Gly Thr Leu Ala Ser Ala	
595 600 605	
caa aat tta acg att aat acc gaa caa ggc agc att tat aac ata ggc	1872
Gln Asn Leu Thr Ile Asn Thr Glu Gln Gly Ser Ile Tyr Asn Ile Gly	
610 615 620	
ggg atc ttg ggg gcg ggt aaa agt ttg aat ctg agc gcg aaa aga gga	1920
Gly Ile Leu Gly Ala Gly Lys Ser Leu Asn Leu Ser Ala Lys Arg Gly	
625 630 635 640	
gaa aac caa gga gga tat ctt att aat caa ggt aag agt cta ctc cat	1968
Glu Asn Gln Gly Gly Tyr Leu Ile Asn Gln Gly Lys Ser Leu Leu His	
645 650 655	
tct gaa ggc gcc atg aac ctc aca gcg gat cgc acg gtg tac aat tta	2016
Ser Glu Gly Ala Met Asn Leu Thr Ala Asp Arg Thr Val Tyr Asn Leu	
660 665 670	
ggg aat att ttt gct aaa ggt gac gcg acg atc aat gca aac gcg tta	2064
Gly Asn Ile Phe Ala Lys Gly Asp Ala Thr Ile Asn Ala Asn Ala Leu	
675 680 685	
att aat gat gtt act ctc aca ggt cgt ctt gag tat caa gat ctg aaa	2112
Ile Asn Asp Val Thr Leu Thr Gly Arg Leu Glu Tyr Gln Asp Leu Lys	
690 695 700	
aaa gat tat acg cgt tat tat cgt atc aat gaa acg gca aaa cat ggt	2160
Lys Asp Tyr Thr Arg Tyr Tyr Arg Ile Asn Glu Thr Ala Lys His Gly	
705 710 715 720	
tggt cat aat aac ttc tat gaa tta aac gtc gac aga gtt tct tg	2204
Trp His Asn Asn Phe Tyr Glu Leu Asn Val Asp Arg Val Ser	
725 730	

<211> 734
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

<400> 117
 Met Asn Lys Asn Arg Tyr Lys Leu Ile Phe Ser Lys Thr Lys Gly Cys
 1 5 10 15
 Leu Val Pro Val Ala Glu Thr Ile Asn Ser Ala Val Gly Asn Ala Ser
 20 25 30
 Ser Lys Asp Val Ser Asp Thr Glu Ile Ser Ala Ser Gln Pro Ala Leu
 35 40 45
 Asn Ser Pro Leu Ser Thr Leu Ser Val Leu Val Lys Thr Ala Phe Asn
 50 55 60
 Pro Val Ser Thr Leu Met Ser Leu Thr Trp Lys Glu Tyr Ala Val Leu
 65 70 75 80
 Leu Leu Ser Val Val Ser Phe Pro Leu Met Ala Gln Ala Ser Asp Thr
 85 90 95
 Asp Ser Val Val Gln Arg Lys Pro Glu Leu Thr Asp Val Thr Asn Ser
 100 105 110
 Asn Ser Tyr His Val Glu Leu Asp Arg Glu His His Lys Gly Glu His
 115 120 125
 Gln Thr Lys Ile Lys His Thr Glu Asn Asn Val Ile Ile Val Asp Ile
 130 135 140
 Ala Lys Pro Asn Gln Lys Gly Ile Ser Asp Asn Arg Phe Lys His Phe
 145 150 155 160
 Asn Ile Pro Asn Gly Ala Val Phe Asn Asn Ser Ala Lys Glu Lys Arg
 165 170 175
 Ser Gln Leu Val Gly Tyr Leu Pro Gly Asn Gln Asn Leu Thr Glu Gly
 180 185 190
 Ser Glu Ala Lys Ala Ile Leu Asn Gln Val Thr Gly Pro Asp Ala Ser
 195 200 205
 Lys Ile Glu Gly Ala Leu Glu Ile Leu Gly Gln Lys Ala Asp Leu Val
 210 215 220
 Ile Ala Asn Gln Asn Gly Ile Val Leu Asn Gly Val Lys Thr Ile Asn
 225 230 235 240
 Ala Asn Arg Phe Val Ala Thr Thr Ser Ser Thr Ile Asp Pro Glu Gln
 245 250 255
 Met Gln Leu Asn Val Thr Gln Gly Thr Val Thr Ile Gly Val Asp Gly
 260 265 270
 Phe Ala Thr Asp Gly Leu Pro Tyr Leu Asp Ile Ile Ala Lys Lys Ile
 275 280 285
 Glu Gln Lys Gln Ala Ile Thr Lys Glu Arg Thr Gly Asn Ser Glu Thr
 290 295 300

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

Glu Asn Gln Gly Gly Tyr Leu Ile Asn Gln Gly Lys Ser Leu Leu His
 645 650 655
 Ser Glu Gly Ala Met Asn Leu Thr Ala Asp Arg Thr Val Tyr Asn Leu
 660 665 670
 Gly Asn Ile Phe Ala Lys Gly Asp Ala Thr Ile Asn Ala Asn Ala Leu
 675 680 685
 Ile Asn Asp Val Thr Leu Thr Gly Arg Leu Glu Tyr Gln Asp Leu Lys
 690 695 700
 Lys Asp Tyr Thr Arg Tyr Tyr Arg Ile Asn Glu Thr Ala Lys His Gly
 705 710 715 720
 Trp His Asn Asn Phe Tyr Glu Leu Asn Val Asp Arg Val Ser
 725 730

<210> 118
 <211> 251
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <223> unkO

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(249)

<400> 118
 atg aaa att act att aca cga aat cat cca gaa gta ttt caa gaa tcc 48
 Met Lys Ile Thr Ile Thr Arg Asn His Pro Glu Val Phe Gln Glu Ser
 1 5 10 15
 gct cgt tta gta gcc gaa aag ttc att aaa gcc caa tgt gta gaa gca 96
 Ala Arg Leu Val Ala Glu Lys Phe Ile Lys Ala Gln Cys Val Glu Ala
 20 25 30
 tta aca ttg gct ttg att gag ggt gtc gag cac ttt gtg ctg gaa ggt 144
 Leu Thr Leu Ala Leu Ile Glu Gly Val Glu His Phe Val Leu Glu Gly
 35 40 45
 gag gag gaa agc aaa agg gga cat agt att aag gtt gta tta aaa gga 192
 Glu Glu Glu Ser Lys Arg Gly His Ser Ile Lys Val Val Leu Lys Gly
 50 55 60
 agt cac gaa gtt att aag tca gag gtg aat aca aat gaa aaa aat cat 240
 Ser His Glu Val Ile Lys Ser Glu Val Asn Thr Asn Glu Lys Asn His
 65 70 75 80
 tgt aat cat ta 251
 Cys Asn His

<210> 119
 <211> 83
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

<400> 119

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

<210> 120
 <211> 548
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <223> unkP

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(546)

<400> 120
 atg cgt gca tat ctt gat aaa gaa cag ggc tgg cat acg tct att tca 48
 Met Arg Ala Tyr Leu Asp Lys Glu Gln Gly Trp His Thr Ser Ile Ser
 1 5 10 15
 aat aaa ggc att aat ggc gtg agc ggt gtc aca caa cca ctc tat ttt 96
 Asn Lys Gly Ile Asn Gly Val Ser Gly Val Thr Gln Pro Leu Tyr Phe
 20 25 30
 gac att aac gac agc tgg act gat gtg aac tat ctc aat gaa caa ggc 144
 Asp Ile Asn Asp Ser Ser Thr Asp Val Asn Tyr Leu Asn Glu Gln Gly
 35 40 45
 atc acg tgt tgc gtg aat cat aat ggc ttt cgt ttt tgg ggc tta cgc 192
 Ile Thr Cys Cys Val Asn His Asn Gly Phe Arg Phe Trp Gly Leu Arg
 50 55 60
 acg act gca gaa gat cca tta ttc aag ttt gaa gtg tac acc cgc act 240
 Thr Thr Ala Glu Asp Pro Leu Phe Lys Phe Glu Val Tyr Thr Arg Thr
 65 70 75 80
 gca caa atc tta aaa gat acg att gca ggg gcg ttt gat tgg gca gtg 288
 Ala Gln Ile Leu Lys Asp Thr Ile Ala Gly Ala Phe Asp Trp Ala Val
 85 90 95
 gat aaa gat att tct gtc acg cta gtg aaa gat att att gaa gca atc 336
 Asp Lys Asp Ile Ser Val Thr Leu Val Lys Asp Ile Ile Glu Ala Ile
 100 105 110
 aat gcg aag tgg cgt gat tac acc aca aaa ggc tac tta att ggc ggt 384
 Asn Ala Lys Trp Arg Asp Tyr Thr Thr Lys Gly Tyr Leu Ile Gly Gly

```

      115              120              125
aaa gcg tgg ctt aat aaa gag ctt aac agt gca acg aat tta aaa gat 432
Lys Ala Trp Leu Asn Lys Glu Leu Asn Ser Ala Thr Asn Leu Lys Asp
      130              135              140

gcg aag ttg ttg atc tct tat gat tat cac cca gta cca ccg ctc gaa 480
Ala Lys Leu Leu Ile Ser Tyr Asp Tyr His Pro Val Pro Pro Leu Glu
      145              150              155              160

cag cta ggc ttt aat cag tac att tct gat gaa tac ctt gtt gat ttt 528
Gln Leu Gly Phe Asn Gln Tyr Ile Ser Asp Glu Tyr Leu Val Asp Phe
      165              170              175

tca aat cgt tta gca tcg ta 548
Ser Asn Arg Leu Ala Ser
      180

<210> 121
<211> 182
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida

<400> 121
Met Arg Ala Tyr Leu Asp Lys Glu Gln Gly Trp His Thr Ser Ile Ser
  1              5              10              15

Asn Lys Gly Ile Asn Gly Val Ser Gly Val Thr Gln Pro Leu Tyr Phe
      20              25              30

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

Ile Thr Cys Cys Val Asn His Asn Gly Phe Arg Phe Trp Gly Leu Arg
      50              55              60

Thr Thr Ala Glu Asp Pro Leu Phe Lys Phe Glu Val Tyr Thr Arg Thr
      65              70              75              80

Ala Gln Ile Leu Lys Asp Thr Ile Ala Gly Ala Phe Asp Trp Ala Val
      85              90              95

Asp Lys Asp Ile Ser Val Thr Leu Val Lys Asp Ile Ile Glu Ala Ile
      100              105              110

Asn Ala Lys Trp Arg Asp Tyr Thr Thr Lys Gly Tyr Leu Ile Gly Gly
      115              120              125

Lys Ala Trp Leu Asn Lys Glu Leu Asn Ser Ala Thr Asn Leu Lys Asp
      130              135              140

Ala Lys Leu Leu Ile Ser Tyr Asp Tyr His Pro Val Pro Pro Leu Glu
      145              150              155              160

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

Ser Asn Arg Leu Ala Ser
      180

```

```

<210> 122
<211> 69
<212> DNA
<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
<223> apvA-or1

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(69)

<400> 122
atg ttt tat gtc atg ctt gcc aat agg acg tct ata att tca tca atc   48
Met Phe Tyr Val Met Leu Ala Asn Arg Thr Ser Ile Ile Ser Ser Ile
   1             5             10             15

gat aag ttt aag ata ctt agc   69
Asp Lys Phe Lys Ile Leu Ser
           20

<210> 123
<211> 23
<212> PRT
<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 123
Met Phe Tyr Val Met Leu Ala Asn Arg Thr Ser Ile Ile Ser Ser Ile
   1             5             10             15

Asp Lys Phe Lys Ile Leu Ser
           20

<210> 124
<211> 64
<212> DNA
<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
<223> apvA-or2

<220>
<221> CDS
<222> (3)..(62)

<400> 124
ag cta agt atc tta aac tta tcg att gat gaa att ata gac gtc cta   47
Leu Ser Ile Leu Asn Leu Ser Ile Asp Glu Ile Ile Asp Val Leu
   1             5             10             15

ttg gca agc atg aca ta   64
Leu Ala Ser Met Thr
           20

<210> 125
<211> 20
<212> PRT
<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

```

<400> 125

Leu Ser Ile Leu Asn Leu Ser Ile Asp Glu Ile Ile Asp Val Leu Leu
 1 5 10 15

Ala Ser Met Thr
 20

<210> 126

<211> 653

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> apvB

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (651)

<400> 126

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

Ser Tyr Tyr Ser Ser Lys Tyr Thr Asp Tyr Tyr Phe Gly Ile Lys Gln
 165 170 175
 tcc gaa tta ggt aat aaa att aca tcc gta tat aaa cct aaa gca gct 576
 Ser Glu Leu Gly Asn Lys Ile Thr Ser Val Tyr Lys Pro Lys Ala Ala
 180 185 190
 tat gca aca cac ata ggt att aat act gat tat gct ttc acg aac aat 624
 Tyr Ala Thr His Ile Gly Ile Asn Thr Asp Tyr Ala Phe Thr Asn Asn
 195 200 205
 ctt ggc atg ggt tta tct gtc ggt tgg at 653
 Leu Gly Met Gly Leu Ser Val Gly Trp
 210 215
 <210> 127
 <211> 217
 <212> PRT
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae
 <400> 127
 Leu Ile Ser Phe Pro Phe Ile Thr Phe Ala Ser Asn Val Asn Gly Ala
 1 5 10 15
 Glu Ile Gly Leu Gly Gly Ala Arg Glu Ser Ser Ile Tyr Tyr Ser Lys
 20 25 30
 His Lys Val Ala Thr Asn Pro Phe Leu Ala Leu Asp Leu Ser Leu Gly
 35 40 45
 Asn Phe Tyr Met Arg Gly Thr Ala Gly Ile Ser Glu Ile Gly Tyr Glu
 50 55 60
 Gln Ser Phe Thr Asp Asn Phe Ser Val Ser Leu Phe Val Asn Pro Phe
 65 70 75 80
 Asp Gly Phe Ser Ile Lys Gly Lys Asp Leu Leu Pro Gly Tyr Gln Ser
 85 90 95
 Ile Gln Thr Arg Lys Thr Gln Phe Ala Phe Gly Trp Gly Leu Asn Tyr
 100 105 110
 Asn Leu Gly Gly Leu Phe Gly Leu Asn Asp Thr Phe Ile Ser Leu Glu
 115 120 125
 Gly Lys Ser Gly Lys Arg Gly Ala Ser Ser Asn Val Ser Leu Leu Lys
 130 135 140
 Ser Phe Asn Met Thr Lys Asn Trp Lys Val Ser Pro Tyr Ile Gly Ser
 145 150 155 160
 Ser Tyr Tyr Ser Ser Lys Tyr Thr Asp Tyr Tyr Phe Gly Ile Lys Gln
 165 170 175
 Ser Glu Leu Gly Asn Lys Ile Thr Ser Val Tyr Lys Pro Lys Ala Ala
 180 185 190
 Tyr Ala Thr His Ile Gly Ile Asn Thr Asp Tyr Ala Phe Thr Asn Asn
 195 200 205
 Leu Gly Met Gly Leu Ser Val Gly Trp

210

215

<210> 128
 <211> 242
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <223> apvC

<220>
 <221> CDS
 <222> (1) .. (240)

<400> 128
 atg tgg cgg atg gga gat ttt atg tct aaa aaa gag agg ctg aat gat 48
 Met Trp Arg Met Gly Asp Phe Met Ser Lys Lys Glu Arg Leu Asn Asp
 1 5 10 15
 atg gct cgc cag att tta tca gcg gcg gag ttg ctc att gca aag gaa 96
 Met Ala Arg Gln Ile Leu Ser Ala Ala Glu Leu Leu Ile Ala Lys Glu
 20 25 30
 ggt ttg caa aat tta tcg atg agg aaa atc gca agt gaa gcc ggt atc 144
 Gly Leu Gln Asn Leu Ser Met Arg Lys Ile Ala Ser Glu Ala Gly Ile
 35 40 45
 gca aca gcc acg ctt tat ctc tat ttc aaa acg aaa gac gag tta ctg 192
 Ala Thr Gly Thr Leu Tyr Leu Tyr Phe Lys Thr Lys Asp Glu Leu Leu
 50 55 60
 gat tgt ttg gcg gaa caa tta cat gaa cga tat tat cgt tat ctg aat 240
 Asp Cys Leu Ala Glu Gln Leu His Glu Arg Tyr Tyr Arg Tyr Leu Asn
 65 70 75 80
 at 242

<210> 129
 <211> 80
 <212> PRT
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 129
 Met Trp Arg Met Gly Asp Phe Met Ser Lys Lys Glu Arg Leu Asn Asp
 1 5 10 15
 Met Ala Arg Gln Ile Leu Ser Ala Ala Glu Leu Leu Ile Ala Lys Glu
 20 25 30
 Gly Leu Gln Asn Leu Ser Met Arg Lys Ile Ala Ser Glu Ala Gly Ile
 35 40 45
 Ala Thr Gly Thr Leu Tyr Leu Tyr Phe Lys Thr Lys Asp Glu Leu Leu
 50 55 60
 Asp Cys Leu Ala Glu Gln Leu His Glu Arg Tyr Tyr Arg Tyr Leu Asn
 65 70 75 80

<210> 130

<211> 527
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <223> apvD

<220>
 <221> CDS
 <222> (1) .. (525)

<400> 130
 aat att caa aaa aca gtt att gct agc ggc aca ttg caa gcg act gaa 48
 Asn Ile Gln Lys Thr Val Ile Ala Ser Gly Thr Leu Gln Ala Thr Glu
 1 5 10 15
 caa gta gat att ggt gca caa gta tct ggg cag att aag cat att tta 96
 Gln Val Asp Ile Gly Ala Gln Val Ser Gly Gln Ile Lys His Ile Leu
 20 25 30
 gta caa gaa gga cag aag gtt aaa aaa ggt gag cta tta gct gta att 144
 Val Gln Glu Gly Gln Lys Val Lys Lys Gly Glu Leu Leu Ala Val Ile
 35 40 45
 gat cca cgt ctg gct gaa acg gaa tta aaa cta gca aaa gct gag cta 192
 Asp Pro Arg Leu Ala Glu Thr Glu Leu Lys Leu Ala Lys Ala Glu Leu
 50 55 60
 gca aat gct tct gct aat ttg gat aca aaa aaa att aat ctt aag caa 240
 Ala Asn Ala Ser Ala Asn Leu Asp Thr Lys Lys Ile Asn Leu Lys Gln
 65 70 75 80
 ctg caa tca gat tgg gaa cgt cat caa cgt ttg ata cga acc aat gcg 288
 Leu Gln Ser Asp Trp Glu Arg His Gln Arg Leu Ile Arg Thr Asn Ala
 85 90 95
 aca agc caa aag gaa aca gaa gaa gca aaa agt aga tta aat acg gcc 336
 Thr Ser Gln Lys Glu Thr Glu Glu Ala Lys Ser Arg Leu Asn Thr Ala
 100 105 110
 aaa gca gaa ctt caa att gcg caa aat aat cta gat atc gct aaa atc 384
 Lys Ala Glu Leu Gln Ile Ala Gln Asn Asn Leu Asp Ile Ala Lys Ile
 115 120 125
 aga gtg gaa aaa gct gaa acc gaa cta gga tat aca gaa att cgt tct 432
 Arg Val Glu Lys Ala Glu Thr Glu Leu Gly Tyr Thr Glu Ile Arg Ser
 130 135 140
 cca ctt gat gca aca gta att tca gta ttt gcg caa aat ggt caa act 480
 Pro Leu Asp Ala Thr Val Ile Ser Val Phe Ala Gln Asn Gly Gln Thr
 145 150 155 160
 tta gtc acc acc caa caa gta cca gtg ctg atg aaa tta gct aat at 527
 Leu Val Thr Thr Gln Gln Val Pro Val Leu Met Lys Leu Ala Asn
 165 170 175

<210> 131
 <211> 175
 <212> PRT
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 131

```

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

```

<210> 132

<211> 867

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> atpG

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(864)

<400> 132

```

atg gca ggt gcg aaa gag ata aga acc aaa att gca agt gtg aaa aat   48
Met Ala Gly Ala Lys Glu Ile Arg Thr Lys Ile Ala Ser Val Lys Asn
 1           5           10           15
act caa aaa atc acc aaa gca atg gaa atg gtt gct acc tct aaa atg   96
Thr Gln Lys Ile Thr Lys Ala Met Glu Met Val Ala Thr Ser Lys Met
          20           25           30
cgt aaa acg caa gag cgt atg gct gcc agt cgt cct tat tgg gaa aca   144
Arg Lys Thr Gln Glu Arg Met Ala Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Glu Thr
          35           40           45
atc cgt aag gtg att agc cat att gcg aaa gga agc att ggt tat aag   192
Ile Arg Lys Val Ile Ser His Ile Ala Lys Gly Ser Ile Gly Tyr Lys

```

50	55	60	
cac ccg ttt tta act gaa cgt gat att aaa aaa gta ggc tat ctt gtc His Pro Phe Leu Thr Glu Arg Asp Ile Lys Lys Val Gly Tyr Leu Val 65 70 75 80			240
ggt tgc acc gat cgc ggt tta tgc ggt ggc ctt aat atc aat tta ttc Val Ser Thr Asp Arg Gly Leu Cys Gly Thr Lys Leu Asn Ile Asn Leu Phe 85 90 95			288
aaa gcg act ttg aat gaa ttt aaa acg tgg aaa gat aaa gac gtt agt Lys Ala Thr Asn Glu Phe Lys Thr Trp Lys Asp Lys Asp Val Ser 100 105 110			336
ggt gag ctt ggt tta gta ggg tgc aaa ggc gta agc ttt tac caa aat Val Glu Leu Gly Leu Val Gly Ser Lys Gly Val Ser Phe Tyr Gln Asn 115 120 125			384
cta ggc tta aac gtg aga tct caa gta acg gga tta ggc gat aat ccg Leu Gly Leu Asn Val Arg Ser Gln Val Thr Gly Leu Gly Asp Asn Pro 130 135 140			432
gaa atg gaa cgt atc gtg ggc gca gtt aat gaa atg att aat gcg ttc Glu Met Glu Arg Ile Val Gly Ala Val Asn Glu Met Ile Asn Ala Phe 145 150 155 160			480
cga aac gga gaa gtg gat gcg gtt tac gtc gct tac aac cgt ttt gaa Arg Asn Gly Glu Val Asp Ala Val Tyr Val Ala Tyr Asn Arg Phe Glu 165 170 175			528
aat acg atg tca caa aaa cct gtt atc gca cag tta ctt ccg tta cct Asn Thr Met Ser Gln Lys Pro Val Ile Ala Gln Leu Leu Pro Leu Pro 180 185 190			576
aaa cta gat gac gat gaa tta gat acg aaa ggt tca tgg gat tat att Lys Leu Asp Asp Asp Glu Leu Asp Thr Lys Gly Ser Trp Asp Tyr Ile 195 200 205			624
tat gaa ccg aat cca caa gtt tta ttg gat agt tta ctt gtt cgt tat Tyr Glu Pro Asn Pro Gln Val Leu Leu Asp Ser Leu Leu Val Arg Tyr 210 215 220			672
tta gaa act cag gta tac caa gca gtt gta gat aac cta gct tct gaa Leu Glu Thr Gln Val Tyr Gln Ala Val Val Asp Asn Leu Ala Ser Glu 225 230 235 240			720
caa gcc gct cga atg gta gcg atg aaa gcc gca aca gat aat gcg ggt Gln Ala Ala Arg Met Val Ala Met Lys Ala Ala Thr Asp Asn Ala Gly 245 250 255			768
aca tta atc gat gaa tta caa tta gtg tat aac aaa gct cgc caa gca Thr Leu Ile Asp Glu Leu Gln Leu Val Tyr Asn Lys Ala Arg Gln Ala 260 265 270			816
agc att aca aat gaa tta aac gaa att gtt gcg ggt gcc gca gca att Ser Ile Thr Asn Glu Leu Asn Glu Ile Val Ala Gly Ala Ala Ala Ile 275 280 285			864
taa			867

<210> 133

<211> 288
 <212> PRT
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae
 <400> 133
 Met Ala Gly Ala Lys Glu Ile Arg Thr Lys Ile Ala Ser Val Lys Asn
 1 5 10 15
 Thr Gln Lys Ile Thr Lys Ala Met Glu Met Val Ala Thr Ser Lys Met
 20 25 30
 Arg Lys Thr Gln Glu Arg Met Ala Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Glu Thr
 35 40 45
 Ile Arg Lys Val Ile Ser His Ile Ala Lys Gly Ser Ile Gly Tyr Lys
 50 55 60
 His Pro Phe Leu Thr Glu Arg Asp Ile Lys Lys Val Gly Tyr Leu Val
 65 70 75 80
 Val Ser Thr Asp Arg Gly Leu Cys Gly Gly Leu Asn Ile Asn Leu Phe
 85 90 95
 Lys Ala Thr Leu Asn Glu Phe Lys Thr Trp Lys Asp Lys Asp Val Ser
 100 105 110
 Val Glu Leu Gly Leu Val Gly Ser Lys Gly Val Ser Phe Tyr Gln Asn
 115 120 125
 Leu Gly Leu Asn Val Arg Ser Gln Val Thr Gly Leu Gly Asp Asn Pro
 130 135 140
 Glu Met Glu Arg Ile Val Gly Ala Val Asn Glu Met Ile Asn Ala Phe
 145 150 155 160
 Arg Asn Gly Glu Val Asp Ala Val Tyr Val Ala Tyr Asn Arg Phe Glu
 165 170 175
 Asn Thr Met Ser Gln Lys Pro Val Ile Ala Gln Leu Leu Pro Leu Pro
 180 185 190
 Lys Leu Asp Asp Asp Glu Leu Asp Thr Lys Gly Ser Trp Asp Tyr Ile
 195 200 205
 Tyr Glu Pro Asn Pro Gln Val Leu Leu Asp Ser Leu Leu Val Arg Tyr
 210 215 220
 Leu Glu Thr Gln Val Tyr Gln Ala Val Val Asp Asn Leu Ala Ser Glu
 225 230 235 240
 Gln Ala Ala Arg Met Val Ala Met Lys Ala Ala Thr Asp Asn Ala Gly
 245 250 255
 Thr Leu Ile Asp Glu Leu Gln Leu Val Tyr Asn Lys Ala Arg Gln Ala
 260 265 270
 Ser Ile Thr Asn Glu Leu Asn Glu Ile Val Ala Gly Ala Ala Ala Ile
 275 280 285
 <210> 134
 <211> 534

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> atpH

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(531)

<400> 134

```

atg tca gaa tta agt aca gta gct cgc ccc tac gct aaa gca gct ttt 48
Met Ser Glu Leu Ser Thr Val Ala Arg Pro Tyr Ala Lys Ala Ala Phe
1 5 10 15

gat ttt gct tta gaa caa ggt cag ttg gac aaa tgg caa gaa atg tta 96
Asp Phe Ala Leu Glu Gln Gly Gln Asp Lys Trp Gln Glu Met Leu
20 25 30

cag ttt tcg gca ttc gtt gct gaa aac gaa caa gtg gcg gaa tat att 144
Gln Phe Ser Ala Phe Val Ala Asn Glu Gln Val Ala Glu Tyr Ile
35 40 45

aat tct tcc ctt gca agc ggt cag att tct gaa act ttt atc aaa atc 192
Asn Ser Ser Leu Ala Ser Gln Ile Ser Glu Thr Phe Ile Lys Ile
50 55 60

tgc ggc gac caa ctt gat caa tat ggg caa aat ttt att cgt gta atg 240
Cys Gly Asp Gln Leu Asp Gln Tyr Gly Gln Asn Phe Ile Arg Val Met
65 70 75 80

gct gaa aat aaa cgt ctg gct gtg ttg cct atg gtt ttt gat act ttc 288
Ala Glu Asn Lys Arg Leu Ala Val Leu Pro Met Val Phe Asp Thr Phe
85 90 95

gta tca tta cga gcg gaa cat gaa gcg gta aaa gat gta aca att gtt 336
Val Ser Leu Arg Ala Glu His Glu Ala Val Lys Asp Val Thr Ile Val
100 105 110

tcg gca aac gaa tta agt caa gca caa gaa gat aaa atc gca aaa gcg 384
Ser Ala Asn Glu Leu Ser Gln Ala Gln Glu Asp Lys Ile Ala Lys Ala
115 120 125

atg gaa aaa cgc tta ggt caa aaa gtt cgt tta acc aac caa atc gat 432
Met Glu Lys Arg Leu Gly Gln Lys Val Arg Leu Thr Asn Gln Ile Asp
130 135 140

aac agc ctg att gca ggc gta att att aaa tac gat gat gtt gtt att 480
Asn Ser Leu Ile Ala Gly Val Ile Ile Lys Tyr Asp Asp Val Val Ile
145 150 155 160

gat ggt agt agc cgc ggt cag tta aat cgc tta gcg tca gcg ttg agc 528
Asp Gly Ser Ser Arg Gly Gln Leu Asn Arg Leu Ala Ser Ala Leu Ser
165 170 175

ttg taa 534
Leu

```

<210> 135

<211> 177

<212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 135

```

Met Ser Glu Leu Ser Thr Val Ala Arg Pro Tyr Ala Lys Ala Ala Phe
 1             5             10             15

Asp Phe Ala Leu Glu Gln Gly Gln Leu Asp Lys Trp Gln Glu Met Leu
          20             25             30

Gln Phe Ser Ala Phe Val Ala Glu Asn Glu Gln Val Ala Glu Tyr Ile
          35             40             45

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

Cys Gly Asp Gln Leu Asp Gln Tyr Gly Gln Asn Phe Ile Arg Val Met
          65             70             75             80

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

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

Ser Ala Asn Glu Leu Ser Gln Ala Gln Glu Asp Lys Ile Ala Lys Ala
          115            120            125

Met Glu Lys Arg Leu Gly Gln Lys Val Arg Leu Thr Asn Gln Ile Asp
          130            135            140

Asn Ser Leu Ile Ala Gly Val Ile Ile Lys Tyr Asp Asp Val Val Ile
          145            150            155            160

Asp Gly Ser Ser Arg Gly Gln Leu Asn Arg Leu Ala Ser Ala Leu Ser
          165            170            175

Leu

```

<210> 136

<211> 321

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> dksA

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(318)

<400> 136

```

gca tgg cat gtg caa att atg gac gaa gct gag cgt aca aaa aac caa   48
Ala Trp His Val Gln Ile Met Asp Glu Ala Glu Arg Thr Lys Asn Gln
 1             5             10             15

atg cag gaa gaa gtc gct aat ttc gcc gat cct gcg gac cgc gcc act   96
Met Gln Glu Glu Val Ala Asn Phe Ala Asp Pro Ala Asp Arg Ala Thr
          20             25             30

cag gaa gaa gaa ttc agt ctt gaa tta aga aac cgt gac cgt gag cgt  144

```


Gln Glu Glu Glu Phe Ser Leu Glu Leu Arg Asn Arg Asp Arg Glu Arg
 35 40 45
 aaa ttg ctt aag aag att gag caa acg tta aat agc att gcc gaa gac 192
 Lys Leu Leu Lys Lys Ile Glu Gln Thr Leu Asn Ser Ile Ala Glu Asp
 50 55 60
 gaa tac ggc tat tgc gaa act tgc ggt gtt gaa atc ggt tta cgt cgt 240
 Glu Tyr Gly Tyr Cys Glu Thr Cys Gly Val Glu Ile Gly Leu Arg Arg
 65 70 75 80
 tta gaa gcg cgc ccg acc gcg gat atg tgt atc gat tgc aaa aca ctt 288
 Leu Glu Ala Arg Pro Thr Ala Asp Met Cys Ile Asp Cys Lys Thr Leu
 85 90 95
 gcg gaa atc cgt gaa aag caa atg ggc tta taa 321
 Ala Glu Ile Arg Glu Lys Gln Met Gly Leu
 100 105

<210> 137
 <211> 106
 <212> PRT
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 137
 Ala Trp His Val Gln Ile Met Asp Glu Ala Glu Arg Thr Lys Asn Gln
 1 5 10 15
 Met Gln Glu Glu Val Ala Asn Phe Ala Asp Pro Ala Asp Arg Ala Thr
 20 25 30
 Gln Glu Glu Glu Phe Ser Leu Glu Leu Arg Asn Arg Asp Arg Glu Arg
 35 40 45
 Lys Leu Leu Lys Lys Ile Glu Gln Thr Leu Asn Ser Ile Ala Glu Asp
 50 55 60
 Glu Tyr Gly Tyr Cys Glu Thr Cys Gly Val Glu Ile Gly Leu Arg Arg
 65 70 75 80
 Leu Glu Ala Arg Pro Thr Ala Asp Met Cys Ile Asp Cys Lys Thr Leu
 85 90 95
 Ala Glu Ile Arg Glu Lys Gln Met Gly Leu
 100 105

<210> 138
 <211> 33
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <223> dnaK

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(30)

<400> 138
 gct gag ttt gaa gaa gtg aaa gat aat aaa taa 33

Ala Glu Phe Glu Glu Val Lys Asp Asn Lys
1 5 10

<210> 139

<211> 10

<212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 139

Ala Glu Phe Glu Glu Val Lys Asp Asn Lys
1 5 10

<210> 140

<211> 453

<212> DNA

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>

<223> exbB

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(450)

<400> 140

atg gaa caa atg ctt gaa ctt tta caa ggt cat gtt gat tat att att	48
Met Glu Gln Met Leu Glu Leu Gln Gly His Val Asp Tyr Ile Ile	
1 5 10 15	
tta ggc tta tta cta tta atg agt gtt gtg ttg gta tgg aaa att att	96
Leu Gly Leu Leu Leu Met Ser Val Val Leu Val Trp Lys Ile Ile	
20 25 30	
gaa cgc gta ctt ttc tac aaa caa ttg gat gtg acc aaa tat gac acg	144
Glu Arg Val Leu Phe Tyr Lys Gln Leu Asp Val Thr Lys Tyr Asp Thr	
35 40 45	
cta caa gat ttg gaa att gat acc act cgc aat tta acc acc att tcc	192
Leu Gln Asp Leu Glu Ile Asp Thr Thr Arg Asn Leu Thr Thr Ile Ser	
50 55 60	
act atc ggt gcc aac gcc cct tat atc ggt tta tta gga acc gta tta	240
Thr Ile Gly Ala Asn Ala Pro Tyr Ile Gly Leu Leu Gly Thr Val Leu	
65 70 75 80	
ggg atc tta ctt acc ttc tat cat tta ggg cat tcc ggc ggt gat att	288
Gly Ile Leu Leu Thr Phe Tyr His Leu Gly His Ser Gly Gly Asp Ile	
85 90 95	
gac gcc gca tcc att atg gtt cac ctt tcg ctt gca tta aaa gca acc	336
Asp Ala Ala Ser Ile Met Val His Leu Ser Leu Ala Leu Lys Ala Thr	
100 105 110	
gca gcc ggt atc tta gtc gct att ccg gca atg atg ttc tac agc ggt	384
Ala Ala Gly Ile Leu Val Ala Ile Pro Ala Met Met Phe Tyr Ser Gly	
115 120 125	
ttt aac cgt aaa gtg gat gaa agc aaa ctt aaa tgg caa gcg att caa	432
Phe Asn Arg Lys Val Asp Glu Ser Lys Leu Lys Trp Gln Ala Ile Gln	
130 135 140	

gct cgt aaa gcc aat caa taa
 Ala Arg Lys Ala Asn Gln
 145 150

453

<210> 141
 <211> 150
 <212> PRT
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 141
 Met Glu Gln Met Leu Glu Leu Leu Gln Gly His Val Asp Tyr Ile Ile
 1 5 10 15
 Leu Gly Leu Leu Leu Met Ser Val Val Leu Val Trp Lys Ile Ile
 20 25 30
 Glu Arg Val Leu Phe Tyr Lys Gln Leu Asp Val Thr Lys Tyr Asp Thr
 35 40 45
 Leu Gln Asp Leu Glu Ile Asp Thr Thr Arg Asn Leu Thr Thr Ile Ser
 50 55 60
 Thr Ile Gly Ala Asn Ala Pro Tyr Ile Gly Leu Leu Gly Thr Val Leu
 65 70 75 80
 Gly Ile Leu Leu Thr Phe Tyr His Leu Gly His Ser Gly Gly Asp Ile
 85 90 95
 Asp Ala Ala Ser Ile Met Val His Leu Ser Leu Ala Leu Lys Ala Thr
 100 105 110
 Ala Ala Gly Ile Leu Val Ala Ile Pro Ala Met Met Phe Tyr Ser Gly
 115 120 125
 Phe Asn Arg Lys Val Asp Glu Ser Lys Leu Lys Trp Gln Ala Ile Gln
 130 135 140
 Ala Arg Lys Ala Asn Gln
 145 150

<210> 142
 <211> 720
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <223> fkpA

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(717)

<400> 142
 atg tta aaa aat aaa ctt tct gtt ctt gca atc gta gcc ggt acg ttc 48
 Met Leu Lys Asn Lys Leu Ser Val Leu Ala Ile Val Ala Gly Thr Phe
 1 5 10 15
 gtt tca gct caa act gca ttt gca gcg gat caa aaa ttc att gac gat 96
 Val Ser Ala Gln Thr Ala Phe Ala Ala Asp Gln Lys Phe Ile Asp Asp
 20 25 30

```

tca tca tat gca gtc ggc gta ttg atg ggt aaa aat atc gaa ggc gtc 144
Ser Ser Tyr Ala Val Gly Val Leu Met Gly Lys Asn Ile Glu Gly Val
      35              40              45

ggt gaa tca caa aaa gaa att ttt tct tat aac caa gat aaa atc ttg 192
Val Glu Ser Gln Lys Glu Ile Phe Ser Tyr Asn Gln Asp Lys Ile Leu
      50              55              60

gcg ggt gtc caa gat acc atc aaa aaa acc ggt aaa tta acc gat gaa 240
Ala Gly Val Gln Asp Thr Ile Lys Lys Thr Gly Lys Leu Thr Asp Glu
      65              70              75              80

gat cta caa aaa caa tta aaa tcg ctt gat act tat ctt gca agt caa 288
Asp Leu Gln Lys Gln Leu Lys Ser Leu Asp Thr Tyr Leu Ala Ser Gln
      85              90              95

gaa agc aaa att gcg gcg gag aaa agc aaa gca acc gta gaa gcc ggt 336
Glu Ser Lys Ile Ala Ala Glu Lys Ser Lys Ala Thr Val Glu Ala Gly
      100              105              110

aat aaa ttt cgt acc gac tac gaa aaa caa agc ggc gtg aaa aaa acc 384
Asn Lys Phe Arg Thr Asp Tyr Glu Lys Gln Ser Gly Val Lys Lys Thr
      115              120              125

gct tcc ggt tta ctt tat aaa att gaa aaa gcc ggc acg ggc gaa tcg 432
Ala Ser Gly Leu Leu Tyr Lys Ile Glu Lys Ala Gly Thr Gly Glu Ser
      130              135              140

cct aaa gcg gaa gat acc gtt aaa gtt cac tat aaa ggg aca tta acc 480
Pro Lys Ala Glu Asp Thr Val Lys Val His Tyr Lys Gly Thr Leu Thr
      145              150              155              160

gat ggt acg gta ttc gat agc tca tac gat cgc ggt gag ccg att gaa 528
Asp Gly Thr Val Phe Asp Ser Ser Tyr Asp Arg Gly Glu Pro Ile Glu
      165              170              175

ttc caa tta aac caa tta att ccg ggt tgg att gaa gcg att cca atg 576
Phe Gln Leu Asn Gln Leu Ile Pro Gly Trp Ile Glu Ala Ile Pro Met
      180              185              190

ttg aaa aaa ggc gga aaa atg gaa atc gtc gtt ccg cct gaa ctt ggt 624
Leu Lys Lys Gly Gly Lys Met Glu Ile Val Val Pro Pro Glu Leu Gly
      195              200              205

tac ggc gaa cgc caa gca ggt aag att ccg gca agt tca acc tta aaa 672
Tyr Gly Glu Arg Gln Ala Gly Lys Ile Pro Ala Ser Ser Thr Leu Lys
      210              215              220

ttc gag att gaa ttg tta gat ttc aaa gcg gcc gaa gcg aaa aaa taa 720
Phe Glu Ile Glu Leu Leu Asp Phe Lys Ala Ala Glu Ala Lys Lys
      225              230              235

```

<210> 143

<211> 239

<212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 143

```

Met Leu Lys Asn Lys Leu Ser Val Leu Ala Ile Val Ala Gly Thr Phe
  1              5              10              15

```

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

<210> 144
 <211> 290
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <223> HI0379

<220>
 <221> CDS
 <222> (3)..(287)

<400> 144
 tg cat agc gtg aga ggt ccg ggc ggc ggt tat caa ctc ggt aag caa 47
 His Ser Val Arg Gly Pro Gly Gly Gly Tyr Gln Leu Gly Lys Gln
 1 5 10 15
 cct gaa gag att agt gtg ggg atg att att gcg gcg gtg aat gaa aat 95
 Pro Glu Glu Ile Ser Val Gly Met Ile Ile Ala Ala Val Asn Glu Asn

	20	25	30	
ctc gac gta acc aaa tgt aaa ggt agc ggc aac tgt agc aaa aac tct				143
Leu Asp Val Thr Lys Cys Lys Gly Ser Gly Asn Cys Ser Lys Asn Ser				
	35	40	45	
cag tgc tta acc cat cat tta tgg gaa cgt tta gaa gaa caa atc ggt				191
Gln Cys Leu Thr His His Leu Trp Glu Arg Leu Glu Glu Gln Ile Gly				
	50	55	60	
gtg ttt tta aat acg att act tta gcg gaa ctt gtt gaa gaa cat tcg				239
Val Phe Leu Asn Thr Ile Thr Leu Ala Glu Leu Val Glu Glu His Ser				
	65	70	75	
gat cac gat tgt gaa aaa gaa cat tgc cac gat cat tca cac aaa cat				287
Asp His Asp Cys Glu Lys Glu His Cys His Asp His Ser His Lys His				
	80	85	90	95
taa				290

<210> 145
 <211> 95
 <212> PRT
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 145
His Ser Val Arg Gly Pro Gly Gly Gly Tyr Gln Leu Gly Lys Gln Pro
1 5 10 15
Glu Glu Ile Ser Val Gly Met Ile Ile Ala Ala Val Asn Glu Asn Leu
20 25 30
Asp Val Thr Lys Cys Lys Gly Ser Gly Asn Cys Ser Lys Asn Ser Gln
35 40 45
Cys Leu Thr His His Leu Trp Glu Arg Leu Glu Glu Gln Ile Gly Val
50 55 60
Phe Leu Asn Thr Ile Thr Leu Ala Glu Leu Val Glu Glu His Ser Asp
65 70 75 80
His Asp Cys Glu Lys Glu His Cys His Asp His Ser His Lys His
85 90 95

<210> 146
 <211> 273
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <223> hupA

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(270)

<400> 146
atg aac aaa act gag tta atc gat gca atc gca gct ggt gca gag tta
Met Asn Lys Thr Glu Leu Ile Asp Ala Ile Ala Ala Gly Ala Glu Leu
1 5 10 15

```

agc aag aaa gac gcg aaa gcg gca tta gaa gcg act tta aat gcg atc   96
Ser Lys Lys Asp Ala Lys Ala Ala Leu Glu Ala Thr Leu Asn Ala Ile
      20                      25                      30

tct gaa agc cta aaa aat gcc gac acc gtt cag tta atc gcc ttc ggt   144
Ser Glu Ser Leu Lys Asn Gly Asp Thr Val Gln Leu Ile Gly Phe Gly
      35                      40                      45

act ttt aaa gta aac gag cgt aat gca cgt acg ggt cgt aac ccg cgt   192
Thr Phe Lys Val Asn Glu Arg Asn Ala Arg Thr Gly Arg Asn Pro Arg
      50                      55                      60

acc gcc gaa gaa atc aaa atc gca gca tct aaa gtg ccg gcg ttt gtt   240
Thr Gly Glu Glu Ile Lys Ile Ala Ala Ser Lys Val Pro Ala Phe Val
      65                      70                      75                      80

gca ggt aaa gca tta aaa gat tta gta aaa taa   273
Ala Gly Lys Ala Leu Lys Asp Leu Val Lys
      85                      90

```

<210> 147
 <211> 90
 <212> PRT
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

```

<400> 147
Met Asn Lys Thr Glu Leu Ile Asp Ala Ile Ala Ala Gly Ala Glu Leu
  1                      5                      10                      15

Ser Lys Lys Asp Ala Lys Ala Ala Leu Glu Ala Thr Leu Asn Ala Ile
      20                      25                      30

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

Thr Phe Lys Val Asn Glu Arg Asn Ala Arg Thr Gly Arg Asn Pro Arg
      50                      55                      60

Thr Gly Glu Glu Ile Lys Ile Ala Ala Ser Lys Val Pro Ala Phe Val
      65                      70                      75                      80

Ala Gly Lys Ala Leu Lys Asp Leu Val Lys
      85                      90

```

<210> 148
 <211> 551
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <223> lpdA

<220>
 <221> CDS
 <222> (1) .. (549)

```

<400> 148
atg agc aaa gaa atc aaa acg caa gtc gtg gta ctt ggt gcg ggt cct   48
Met Ser Lys Glu Ile Lys Thr Gln Val Val Val Leu Gly Ala Gly Pro
  1                      5                      10                      15

```

gcc ggt tat tca gcg gca ttc cgt tgt gcc gac tta ggc tta gaa aca 96
 Ala Gly Tyr Ser Ala Ala Phe Arg Cys Ala Asp Leu Gly Leu Glu Thr
 20 25 30

gta att gtc gaa cgt tat tca act ttg ggc ggt gta tgc tta aac gta 144
 Val Ile Val Glu Arg Tyr Ser Thr Leu Gly Gly Val Cys Leu Asn Val
 35 40 45

ggt tgt att ccg tct aaa gca tta tta cac gtt gca aaa gtt atc gaa 192
 Gly Cys Ile Pro Ser Lys Ala Leu Leu His Val Ala Lys Val Ile Glu
 50 55 60

gaa gca aaa cac gca gag aaa aac ggt att act ttc ggt gag ccc aac 240
 Glu Ala Lys His Ala Glu Lys Asn Gly Ile Thr Phe Gly Glu Pro Asn
 65 70 75 80

att gat tta gat aaa gtg cgt gcg ggt aaa gaa gcg gtt gtt tct aaa 288
 Ile Asp Leu Asp Lys Val Arg Ala Gly Lys Glu Ala Val Val Ser Lys
 85 90 95

tta acc ggc ggt tta gcg ggt atg gct aaa gca cgt aaa gta aca gta 336
 Leu Thr Gly Gly Leu Ala Gly Met Ala Lys Ala Arg Lys Val Thr Val
 100 105 110

gtg gaa ggt tta gcg gcg ttt acc gat ccg aat act tta gta gct cgt 384
 Val Glu Gly Leu Ala Ala Phe Thr Asp Pro Asn Thr Leu Val Ala Arg
 115 120 125

gac cgt gac ggt aat ccg aca acg att aaa ttt gat tat gca att att 432
 Asp Arg Asp Gly Asn Pro Thr Thr Ile Lys Phe Asp Tyr Ala Ile Ile
 130 135 140

gca gcc ggt tct cgt ccg att cag ctt ccg ttc att cca cac gaa gat 480
 Ala Ala Gly Ser Arg Pro Ile Gln Leu Pro Phe Ile Pro His Glu Asp
 145 150 155 160

ccg cgt gtg tgg gat tct acg gat gca ctt aaa tta aaa gaa gta ccc 528
 Pro Arg Val Trp Asp Ser Thr Asp Ala Leu Lys Leu Lys Glu Val Pro
 165 170 175

gaa aaa att act cat tat ggg cc 551
 Glu Lys Ile Thr His Tyr Gly
 180

<210> 149

<211> 183

<212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 149

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

Ala Gly Tyr Ser Ala Ala Phe Arg Cys Ala Asp Leu Gly Leu Glu Thr
 20 25 30

Val Ile Val Glu Arg Tyr Ser Thr Leu Gly Gly Val Cys Leu Asn Val
 35 40 45

Gly Cys Ile Pro Ser Lys Ala Leu Leu His Val Ala Lys Val Ile Glu
 50 55 60

Glu Ala Lys His Ala Glu Lys Asn Gly Ile Thr Phe Gly Glu Pro Asn
 65 70 75 80
 Ile Asp Leu Asp Lys Val Arg Ala Gly Lys Glu Ala Val Val Ser Lys
 85 90 95
 Leu Thr Gly Gly Leu Ala Gly Met Ala Lys Ala Arg Lys Val Thr Val
 100 105 110
 Val Glu Gly Leu Ala Ala Phe Thr Asp Pro Asn Thr Leu Val Ala Arg
 115 120 125
 Asp Arg Asp Gly Asn Pro Thr Thr Ile Lys Phe Asp Tyr Ala Ile Ile
 130 135 140
 Ala Ala Gly Ser Arg Pro Ile Gln Leu Pro Phe Ile Pro His Glu Asp
 145 150 155 160
 Pro Arg Val Trp Asp Ser Thr Asp Ala Leu Lys Leu Lys Glu Val Pro
 165 170 175
 Glu Lys Ile Thr His Tyr Gly
 180

<210> 150
 <211> 1095
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <223> Omp5-2

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1092)

<400> 150
 atg aaa aaa tca tta gtt gct tta aca gta tta tgc gct gca gcg gta 48
 Met Lys Lys Ser Leu Val Ala Leu Thr Val Leu Ser Ala Ala Val
 1 5 10 15
 gct caa gca gcg cca caa caa aat act ttc tac gca ggt gcg aaa gca 96
 Ala Gln Ala Ala Pro Gln Gln Asn Thr Phe Tyr Ala Gly Ala Lys Ala
 20 25 30
 ggt tgg gcg tca ttc cat gat ggt atc gaa caa tta gat tca gct aaa 144
 Gly Trp Ala Ser Phe His Asp Gly Ile Glu Gln Leu Asp Ser Ala Lys
 35 40 45
 aac aca gat cgc ggt aca aaa tac ggt atc aac cgt aat tca gta act 192
 Asn Thr Asp Arg Gly Thr Lys Tyr Gly Ile Asn Arg Asn Ser Val Thr
 50 55 60
 tac ggc gta ttc ggc ggt tac caa att tta aac caa gac aaa tta ggt 240
 Tyr Gly Val Phe Gly Gly Tyr Gln Ile Leu Asn Gln Asp Lys Leu Gly
 65 70 75 80
 tta gcg gct gaa tta ggt tat gac tat ttc ggt cgt gtg cgc ggt tct 288
 Leu Ala Ala Glu Leu Gly Tyr Asp Tyr Phe Gly Arg Val Arg Gly Ser
 85 90 95

gaa aaa cca aac ggt aaa gcg gac aag aaa act ttc cgt cac gct gca	336
Glu Lys Pro Asn Gly Lys Ala Asp Lys Lys Thr Phe Arg His Ala Ala	
100 105 110	
cac ggt gcg aca atc gca tta aaa cct agc tac gaa gta tta cct gac	384
His Gly Ala Thr Ile Ala Leu Lys Pro Ser Tyr Glu Val Leu Pro Asp	
115 120 125	
tta gac gtt tac ggt aaa gta ggt atc gca tta gta aac aat aca tat	432
Leu Asp Val Tyr Gly Lys Val Gly Ile Ala Leu Val Asn Asn Thr Tyr	
130 135 140	
aaa aca ttc aat gca gca caa gag aaa gtg aaa act cgt cgt ttc caa	480
Lys Thr Phe Asn Ala Ala Gln Glu Lys Val Lys Thr Arg Arg Phe Gln	
145 150 155 160	
agt tct tta att tta ggt gcg ggt gtt gag tac gca att ctt cct gaa	528
Ser Ser Leu Ile Leu Gly Ala Gly Val Glu Tyr Ala Ile Leu Pro Glu	
165 170 175	
tta gcg gca cgt gtt gaa tac caa tgg tta aac aac gca ggt aaa gca	576
Leu Ala Ala Arg Val Glu Tyr Gln Trp Leu Asn Asn Ala Gly Lys Ala	
180 185 190	
agc tac tct act tta aat cgt atg ggt gca act gac tac cgt tct gat	624
Ser Tyr Ser Thr Leu Asn Arg Met Gly Ala Thr Asp Tyr Arg Ser Asp	
195 200 205	
atc agt tcc gta tct gca ggt tta agc tac cgt ttc ggt caa ggt gcg	672
Ile Ser Ser Val Ser Ala Gly Leu Ser Tyr Arg Phe Gly Gln Gly Ala	
210 215 220	
gca ccg gtt gca gct ccg gca gtt gaa act aaa aac ttc gca ttc agc	720
Ala Pro Val Ala Ala Pro Ala Val Glu Thr Lys Asn Phe Ala Phe Ser	
225 230 235 240	
tct gac gta tta ttc gca ttc ggt aaa tca aac tta aaa ccg gct gcg	768
Ser Asp Val Leu Phe Ala Phe Gly Lys Ser Asn Leu Lys Pro Ala Ala	
245 250 255	
gca aca gca tta gat gca atg caa acc gaa atc aat aac gca ggt tta	816
Ala Thr Ala Leu Asp Ala Met Gln Thr Glu Ile Asn Asn Ala Gly Leu	
260 265 270	
tca aat gct gcg atc caa gta aac ggt tac acg gac cgt atc ggt aaa	864
Ser Asn Ala Ala Ile Gln Val Asn Gly Tyr Thr Asp Arg Ile Gly Lys	
275 280 285	
gaa gct tca aac tta aaa ctt tca caa cgt cgt gcg gaa aca gta gct	912
Glu Ala Ser Asn Leu Lys Leu Ser Gln Arg Arg Ala Glu Thr Val Ala	
290 295 300	
aac tac atc gtt tct aaa ggt gct ccg gca gct aac gta act gca gta	960
Asn Tyr Ile Val Ser Lys Gly Ala Pro Ala Ala Asn Val Thr Ala Val	
305 310 315 320	
ggt tac ggt gaa gca aac cct gta acc ggc gca aca tgt gac aaa gtt	1008
Gly Tyr Gly Glu Ala Asn Pro Val Thr Gly Ala Thr Cys Asp Lys Val	
325 330 335	
aaa ggt cgt aaa gca tta atc gct tgc tta gca ccg gat cgt cgt gtt	1056
Lys Gly Arg Lys Ala Leu Ile Ala Cys Leu Ala Pro Asp Arg Arg Val	

340 345 350 1095

gaa gtt caa gtt caa ggt act aaa gaa gta act atg taa
Glu Val Gln Val Gln Gly Thr Lys Glu Val Thr Met
355 360

<210> 151
<211> 364
<212> PRT
<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 151
Met Lys Lys Ser Leu Val Ala Leu Thr Val Leu Ser Ala Ala Ala Val
1 5 10 15
Ala Gln Ala Ala Pro Gln Gln Asn Thr Phe Tyr Ala Gly Ala Lys Ala
20 25 30
Gly Trp Ala Ser Phe His Asp Gly Ile Glu Gln Leu Asp Ser Ala Lys
35 40 45
Asn Thr Asp Arg Gly Thr Lys Tyr Gly Ile Asn Arg Asn Ser Val Thr
50 55 60
Tyr Gly Val Phe Gly Gly Tyr Gln Ile Leu Asn Gln Asp Lys Leu Gly
65 70 75 80
Leu Ala Ala Glu Leu Gly Tyr Asp Tyr Phe Gly Arg Val Arg Gly Ser
85 90 95
Glu Lys Pro Asn Gly Lys Ala Asp Lys Lys Thr Phe Arg His Ala Ala
100 105 110
His Gly Ala Thr Ile Ala Leu Lys Pro Ser Tyr Glu Val Leu Pro Asp
115 120 125
Leu Asp Val Tyr Gly Lys Val Gly Ile Ala Leu Val Asn Asn Thr Tyr
130 135 140
Lys Thr Phe Asn Ala Ala Gln Glu Lys Val Lys Thr Arg Arg Phe Gln
145 150 155 160
Ser Ser Leu Ile Leu Gly Ala Gly Val Glu Tyr Ala Ile Leu Pro Glu
165 170 175
Leu Ala Ala Arg Val Glu Tyr Gln Trp Leu Asn Asn Ala Gly Lys Ala
180 185 190
Ser Tyr Ser Thr Leu Asn Arg Met Gly Ala Thr Asp Tyr Arg Ser Asp
195 200 205
Ile Ser Ser Val Ser Ala Gly Leu Ser Tyr Arg Phe Gly Gln Gly Ala
210 215 220
Ala Pro Val Ala Ala Pro Ala Val Glu Thr Lys Asn Phe Ala Phe Ser
225 230 235 240
Ser Asp Val Leu Phe Ala Phe Gly Lys Ser Asn Leu Lys Pro Ala Ala
245 250 255
Ala Thr Ala Leu Asp Ala Met Gln Thr Glu Ile Asn Asn Ala Gly Leu

260	265	270	
Ser Asn Ala Ala Ile Gln Val	Asn Gly Tyr Thr Asp Arg	Ile Gly Lys	
275	280	285	
Glu Ala Ser Asn Leu Lys Leu	Ser Gln Arg Arg Ala Glu	Thr Val Ala	
290	295	300	
Asn Tyr Ile Val Ser Lys Gly	Ala Pro Ala Ala Asn Val	Thr Ala Val	
305	310	315	320
Gly Tyr Gly Glu Ala Asn Pro	Val Thr Gly Ala Thr Cys	Asp Lys Val	
325	330	335	
Lys Gly Arg Lys Ala Leu Ile	Ala Cys Leu Ala Pro Asp	Arg Arg Val	
340	345	350	
Glu Val Gln Val Gln Gly Thr	Lys Glu Val Thr Met		
355	360		
<210> 152			
<211> 1110			
<212> DNA			
<213> Actinobacillus pleuropneumoniae			
<220>			
<223> Omp5			
<220>			
<221> CDS			
<222> (1)..(1107)			
<400> 152			
atg aaa aaa tca tta gtt gct	tta gca gta tta tcc gct gca	gca gta	48
Met Lys Lys Ser Leu Val Ala	Leu Ala Val Leu Ser Ala Ala	Ala Val	
1	5	10	15
gct caa gca gct cca caa caa	aat act ttc tac gca ggt gcg	aaa gtt	96
Ala Gln Ala Ala Pro Gln Gln	Asn Thr Phe Tyr Ala Gly Ala	Lys Val	
20	25	30	
ggt caa tca tca ttt cac cac	ggt gtt aac caa tta aaa tct	ggt cac	144
Gly Gln Ser Ser Phe His His	Gly Val Asn Gln Leu Lys Ser	Gly His	
35	40	45	
gat gat cgt tat aat gat aaa	aca cgt aag tat ggt atc aac	cgt aac	192
Asp Asp Arg Tyr Asn Asp Lys	Thr Arg Lys Tyr Gly Ile Asn	Arg Asn	
50	55	60	
tct gta act tac ggt gta ttc	ggc ggt tac caa atc tta aac	caa aat	240
Ser Val Thr Tyr Gly Val Phe	Gly Gly Tyr Gln Ile Leu Asn	Gln Asn	
65	70	75	80
aac ttc ggt tta gca gct gaa	tta ggc tat gac tac tac ggt	cgc gta	288
Asn Phe Gly Leu Ala Ala Glu	Leu Gly Tyr Asp Tyr Tyr Gly	Arg Val	
85	90	95	
cgt ggt aac gta gat gaa ttc	cgt aca gtt aaa cac tct gct	cac ggt	336
Arg Gly Asn Val Asp Glu Phe	Arg Thr Val Lys His Ser Ala	His Gly	
100	105	110	

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

355 360 365 1110

atg taa
Met

<210> 153
<211> 369
<212> PRT
<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 153
Met Lys Lys Ser Leu Val Ala Leu Ala Val Leu Ser Ala Ala Ala Val
1 5 10 15
Ala Gln Ala Ala Pro Gln Gln Asn Thr Phe Tyr Ala Gly Ala Lys Val
20 25 30
Gly Gln Ser Ser Phe His His Gly Val Asn Gln Leu Lys Ser Gly His
35 40 45
Asp Asp Arg Tyr Asn Asp Lys Thr Arg Lys Tyr Gly Ile Asn Arg Asn
50 55 60
Ser Val Thr Tyr Gly Val Phe Gly Gly Tyr Gln Ile Leu Asn Gln Asn
65 70 75 80
Asn Phe Gly Leu Ala Ala Glu Leu Gly Tyr Asp Tyr Tyr Gly Arg Val
85 90 95
Arg Gly Asn Val Asp Glu Phe Arg Thr Val Lys His Ser Ala His Gly
100 105 110
Leu Asn Leu Ala Leu Lys Pro Ser Tyr Glu Val Leu Pro Asp Leu Asp
115 120 125
Val Tyr Gly Lys Val Gly Ile Ala Val Val Arg Asn Asp Tyr Lys Lys
130 135 140
Tyr Gly Ala Glu Asn Thr Asn Glu Ser Thr Thr Lys Phe His Lys Leu
145 150 155 160
Lys Ala Ser Thr Ile Leu Gly Ala Gly Val Glu Tyr Ala Ile Leu Pro
165 170 175
Glu Leu Ala Ala Arg Val Glu Tyr Gln Tyr Leu Asn Lys Ala Gly Asn
180 185 190
Leu Asn Lys Ala Leu Val Arg Ser Gly Thr Gln Asp Val Asp Phe Gln
195 200 205
Tyr Ala Pro Asp Ile His Ser Val Thr Ala Gly Leu Ser Tyr Arg Phe
210 215 220
Gly Gln Gly Ala Val Ala Pro Val Val Glu Pro Glu Val Val Thr Lys
225 230 235 240
Asn Phe Ala Phe Ser Ser Asp Val Leu Phe Asp Phe Gly Lys Ser Ser
245 250 255
Leu Lys Pro Ala Ala Ala Thr Ala Leu Asp Ala Ala Asn Thr Glu Ile
260 265 270

Ala Asn Leu Gly Leu Ala Thr Pro Ala Ile Gln Val Asn Gly Tyr Thr
 275 280 285

Asp Arg Ile Gly Lys Glu Ala Ser Asn Leu Lys Leu Ser Gln Arg Arg
 290 295 300

Ala Glu Thr Val Ala Asn Tyr Leu Val Ser Lys Gly Gln Asn Pro Ala
 305 310 315 320

Asn Val Thr Ala Val Gly Tyr Gly Glu Ala Asn Pro Val Thr Gly Ala
 325 330 335

Thr Cys Asp Ala Val Lys Gly Arg Lys Ala Leu Ile Ala Cys Leu Ala
 340 345 350

Pro Asp Arg Arg Val Glu Val Gln Val Gln Gly Ala Lys Asn Val Ala
 355 360 365

Met

<210> 154
 <211> 1076
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <223> pnp new

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1074)

<400> 154
 aat att aaa gaa ttc gta aaa gaa gcg ggt aaa ccg cgt tgg gat tgg 48
 Asn Ile Lys Glu Phe Val Lys Glu Ala Gly Lys Pro Arg Trp Asp Trp
 1 5 10 15

gtt gcg ccg gaa ccg aat acc gca tta atc aac caa gtt aaa gcg tta 96
 Val Ala Pro Glu Pro Asn Thr Ala Leu Ile Asn Gln Val Lys Ala Leu
 20 25 30

gcg gaa gcg cgt atc ggc gat gcg tat cgt att aca gaa aaa caa gcg 144
 Ala Glu Ala Arg Ile Gly Asp Ala Tyr Arg Ile Thr Glu Lys Gln Ala
 35 40 45

cgt tac gaa caa atc gat gca att aaa gcg gat gtt atc gca caa tta 192
 Arg Tyr Glu Gln Ile Asp Ala Ile Lys Ala Asp Val Ile Ala Gln Leu
 50 55 60

acc gca caa gac gaa acc gtt tct gaa ggt gcg att att gat att att 240
 Thr Ala Gln Asp Glu Thr Val Ser Glu Gly Ala Ile Ile Asp Ile Ile
 65 70 75 80

acc gca tta gaa agt tct att gtt cgc ggt cgt att att gcc gcc gaa 288
 Thr Ala Leu Glu Ser Ser Ile Val Arg Gly Arg Ile Ile Ala Gly Glu
 85 90 95

ccg cgt att gac ggt cgt acg gta gat acg gtt cgt gca tta gac att 336
 Pro Arg Ile Asp Gly Arg Thr Val Asp Thr Val Arg Ala Leu Asp Ile
 100 105 110

tgc acc ggc gta tta cct cgt acg cac ggt tct gca atc ttt act cgc	384
Cys Thr Gly Val Leu Pro Arg Thr His Gly Ser Ala Ile Phe Thr Arg	
115 120 125	
ggg gaa aca caa gca tta gcg gtt gca acc tta ggt act gag cgc gat	432
Gly Glu Thr Gln Ala Leu Ala Val Ala Thr Leu Gly Thr Glu Arg Asp	
130 135 140	
gca caa att gtt gac gaa tta acc ggc gag aaa tca gac cgt ttc tta	480
Ala Gln Ile Val Asp Glu Leu Thr Gly Glu Lys Ser Asp Arg Phe Leu	
145 150 155 160	
ttc cac tat aac ttc cct ccg tac tct gtc ggt gaa acc ggt cgt atc	528
Phe His Tyr Asn Phe Pro Pro Tyr Ser Val Gly Glu Thr Gly Arg Ile	
165 170 175	
ggg tgc ccg aaa cgt cgt gaa atc ggc cac ggt cgt tta gcg aaa cgc	576
Gly Ser Pro Lys Arg Arg Glu Ile Gly His Gly Arg Leu Ala Lys Arg	
180 185 190	
ggg gta tta gcg gta atg ccg act gct gaa gaa ttc ccg tat gta gtg	624
Gly Val Leu Ala Val Met Pro Thr Ala Glu Glu Phe Pro Tyr Val Val	
195 200 205	
cgc gta gta tct gaa att acc gaa tca aac ggt tct tct tca atg gct	672
Arg Val Val Ser Glu Ile Thr Glu Ser Asn Gly Ser Ser Ser Met Ala	
210 215 220	
tcc gta tgc ggc gca tct tta gcg tta atg gac gca ggc gta ccg att	720
Ser Val Cys Gly Ala Ser Leu Ala Leu Met Asp Ala Gly Val Pro Ile	
225 230 235 240	
aaa gcg gcg gtt gcg ggt atc gca atg ggc tta gtg aaa gaa gaa gaa	768
Lys Ala Ala Val Ala Gly Ile Ala Met Gly Leu Val Lys Glu Glu Glu	
245 250 255	
aaa ttt gtg gtg ctt tca gac atc tta ggt gac gaa gac cat tta ggc	816
Lys Phe Val Val Leu Ser Asp Ile Leu Gly Asp Glu Asp His Leu Gly	
260 265 270	
gat atg gac ttc aaa gta gcc ggt acg cgt gaa ggt gta acc gca ctt	864
Asp Met Asp Phe Lys Val Ala Gly Thr Arg Glu Gly Val Thr Ala Leu	
275 280 285	
caa atg gat att aaa atc gaa ggt atc acg cct gaa att atg caa atc	912
Gln Met Asp Ile Lys Ile Glu Gly Ile Thr Pro Glu Ile Met Gln Ile	
290 295 300	
gca tta aat caa gcg aaa ggt gcg cgt atg cac atc tta agc gtg atg	960
Ala Leu Asn Gln Ala Lys Gly Ala Arg Met His Ile Leu Ser Val Met	
305 310 315 320	
gaa caa gcg att cct gca cct cgt gcc gat att tcc gat ttt gcg cct	1008
Glu Gln Ala Ile Pro Ala Pro Arg Ala Asp Ile Ser Asp Phe Ala Pro	
325 330 335	
cgt att cat acg atg aag atc gat ccg aag aaa atc aaa gac gtg atc	1056
Arg Ile His Thr Met Lys Ile Asp Pro Lys Lys Ile Lys Asp Val Ile	
340 345 350	
ggg aaa ggc ggt gcg gtt at	1076
Gly Lys Gly Gly Ala Val	

355

<210> 155
 <211> 358
 <212> PRT
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

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

Gln Met Asp Ile Lys Ile Glu Gly Ile Thr Pro Glu Ile Met Gln Ile
 290 295 300

Ala Leu Asn Gln Ala Lys Gly Ala Arg Met His Ile Leu Ser Val Met
 305 310 315 320

Glu Gln Ala Ile Pro Ala Pro Arg Ala Asp Ile Ser Asp Phe Ala Pro
 325 330 335

Arg Ile His Thr Met Lys Ile Asp Pro Lys Lys Ile Lys Asp Val Ile
 340 345 350

Gly Lys Gly Gly Ala Val
 355

<210> 156
 <211> 1055
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <223> potD

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1053)

<400> 156
 atg aaa aaa tta gcg ggt tta ttt gca gca ggt tta gcg aca gtt gca 48
 Met Lys Lys Leu Ala Gly Leu Phe Ala Ala Gly Leu Ala Thr Val Ala
 1 5 10 15

tta aca gcg tgt aat gaa gaa aag cca aaa gcg gct gaa gca gcg gct 96
 Leu Thr Ala Cys Asn Glu Glu Lys Pro Lys Ala Ala Glu Ala Ala Ala
 20 25 30

caa ccg gca gca gcg gga aca gtt cac ctt tat act tgg act gaa tat 144
 Gln Pro Ala Ala Ala Gly Thr Val His Leu Tyr Thr Trp Thr Glu Tyr
 35 40 45

gtg cct gaa ggc ttg tta gat gaa ttt aca aag caa acc ggt atc aaa 192
 Val Pro Glu Gly Leu Leu Asp Glu Phe Thr Lys Gln Thr Gly Ile Lys
 50 55 60

gta gag gtt tca agc ctt gaa tct aac gaa acc atg tat gcg aaa tta 240
 Val Glu Val Ser Ser Leu Glu Ser Asn Glu Thr Met Tyr Ala Lys Leu
 65 70 75 80

aaa tta caa ggt aaa gac ggc ggt tac gat gtt atc gca cct tct aac 288
 Lys Leu Gln Gly Lys Asp Gly Gly Tyr Asp Val Ile Ala Pro Ser Asn
 85 90 95

tac ttc gtt tca aaa atg gcg aaa gaa ggt atg tta gcg gaa tta gat 336
 Tyr Phe Val Ser Lys Met Ala Lys Glu Gly Met Leu Ala Glu Leu Asp
 100 105 110

cac gca aaa ctt cct gta atc aaa gag tta aac caa gat tgg tta aac 384
 His Ala Lys Leu Pro Val Ile Lys Glu Leu Asn Gln Asp Trp Leu Asn
 115 120 125

aaa cct tat gac caa ggt aac aaa tac tct tta ccg caa tta tta ggt 432

Lys	Pro	Tyr	Asp	Gln	Gly	Asn	Lys	Tyr	Ser	Leu	Pro	Gln	Leu	Leu	Gly		
130						135					140						
gca	ccg	ggg	atc	gca	ttt	aac	tca	aat	gac	tat	aag	ggc	gat	gcg	ttc	480	
Ala	Pro	Gly	Ile	Ala	Phe	Asn	Ser	Asn	Asp	Tyr	Lys	Gly	Asp	Ala	Phe		
145					150					155					160		
act	tct	tggt	ggg	gat	tta	tggt	aaa	cct	gag	ttt	gcg	aat	aaa	gta	caa	528	
Thr	Ser	Trp	Gly	Asp	Leu	Trp	Lys	Pro	Glu	Phe	Ala	Asn	Lys	Val	Gln		
				165					170					175			
tta	tta	gat	gac	gca	cgt	gaa	gta	ttt	aac	att	gcg	tta	tta	aaa	tta	576	
Leu	Leu	Asp	Asp	Ala	Arg	Glu	Val	Phe	Asn	Ile	Ala	Leu	Leu	Lys	Leu		
			180					185					190				
ggg	aaa	aac	cct	aat	aca	acc	aat	ccg	gaa	gag	att	aaa	gcg	gct	tac	624	
Gly	Lys	Asn	Pro	Asn	Thr	Thr	Asn	Pro	Glu	Glu	Ile	Lys	Ala	Ala	Tyr		
	195						200					205					
gaa	gag	tta	aga	aaa	tta	cgt	cca	aac	gta	ctt	tct	ttc	act	tca	gac	672	
Glu	Glu	Leu	Arg	Lys	Leu	Arg	Pro	Asn	Val	Leu	Ser	Phe	Thr	Ser	Asp		
	210					215					220						
aac	cca	gcg	aac	tca	ttt	atc	gca	ggg	gaa	gta	tct	gta	ggg	caa	tta	720	
Asn	Pro	Ala	Asn	Ser	Phe	Ile	Ala	Gly	Glu	Val	Ser	Val	Gly	Gln	Leu		
225					230					235					240		
tggt	aac	ggg	tct	gta	cgt	att	gcg	aaa	aaa	gaa	caa	gcg	ccg	gta	aac	768	
Trp	Asn	Gly	Ser	Val	Arg	Ile	Ala	Lys	Lys	Glu	Gln	Ala	Pro	Val	Asn		
				245					250					255			
atg	gtg	ttc	cca	aaa	gaa	ggg	cct	gta	ctt	tggt	gtt	gat	acg	tta	gcc	816	
Met	Val	Phe	Pro	Lys	Glu	Gly	Pro	Val	Leu	Trp	Val	Asp	Thr	Leu	Ala		
			260					265					270				
att	ccg	gcg	aat	gcg	aaa	aac	aaa	gaa	aat	gcg	cat	aag	tta	atc	aac	864	
Ile	Pro	Ala	Asn	Ala	Lys	Asn	Lys	Glu	Asn	Ala	His	Lys	Leu	Ile	Asn		
	275						280					285					
tac	tta	tta	agc	gca	ccg	gtt	gcg	gaa	aaa	tta	acg	tta	gaa	atc	ggg	912	
Tyr	Leu	Leu	Ser	Ala	Pro	Val	Ala	Glu	Lys	Leu	Thr	Leu	Glu	Ile	Gly		
	290					295					300						
tat	ccg	act	tca	aac	gta	gaa	gcg	tta	aaa	aca	tta	cca	aaa	gag	att	960	
Tyr	Pro	Thr	Ser	Asn	Val	Glu	Ala	Leu	Lys	Thr	Leu	Pro	Lys	Glu	Ile		
305					310					315					320		
acc	gaa	gat	ccg	gca	atc	tat	ccg	aca	gct	gat	gtg	tta	aaa	gcg	gca	1008	
Thr	Glu	Asp	Pro	Ala	Ile	Tyr	Pro	Thr	Ala	Asp	Val	Leu	Lys	Ala	Ala		
				325					330					335			
caa	tggt	caa	gac	gat	gta	ggg	aat	gca	atc	gaa	ctt	tac	gaa	aaa	ta	1055	
Gln	Trp	Gln	Asp	Asp	Val	Gly	Asn	Ala	Ile	Glu	Leu	Tyr	Glu	Lys			
			340					345					350				

<210> 157

<211> 351

<212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 157

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

Gln Trp Gln Asp Asp Val Gly Asn Ala Ile Glu Leu Tyr Glu Lys
 340 345 350

<210> 158
 <211> 525
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <223> rpmF

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(522)

<400> 158
 atg caa aag gta aaa cta ccc ctc acc att gac cca tat aaa gac gct 48
 Met Gln Lys Val Lys Leu Pro Leu Thr Ile Asp Pro Tyr Lys Asp Ala
 1 5 10 15
 cag cgt cga atg gat tac gaa ggc tac atc tca cgt agt ctg ctt aat 96
 Gln Arg Arg Met Asp Tyr Glu Gly Tyr Ile Ser Arg Ser Leu Leu Asn
 20 25 30
 cgt ttg ggt gaa tct gtg agc aat gtg cta agc gat gca caa gtt act 144
 Arg Leu Gly Glu Ser Val Ser Asn Val Leu Ser Asp Ala Gln Val Thr
 35 40 45
 ctc tcg tta tat atc gat ccg caa cgc tta acc gtt att aaa ggt acg 192
 Leu Ser Leu Tyr Ile Asp Pro Gln Arg Leu Thr Val Ile Lys Gly Thr
 50 55 60
 gcg aca gtg gaa gtg gaa ttc gat tgc caa cga tgc ggt aac ccg ttt 240
 Ala Thr Val Glu Val Glu Phe Asp Cys Gln Arg Cys Gly Asn Pro Phe
 65 70 75 80
 aca caa acg ctt gac tgt tcg ttt tgt ttc agt ccg gtg tcc aat atg 288
 Thr Gln Thr Leu Asp Cys Ser Phe Cys Phe Ser Pro Val Ser Asn Met
 85 90 95
 gat cag gcg gac aat ttg ccc gaa att tat gaa cca atc gaa gta aac 336
 Asp Gln Ala Asp Asn Leu Pro Glu Ile Tyr Glu Pro Ile Glu Val Asn
 100 105 110
 gag ttc ggt gaa gta aat tta cta gat atg atc gaa gat gga ttt atc 384
 Glu Phe Gly Glu Val Asn Leu Leu Asp Met Ile Glu Asp Gly Phe Ile
 115 120 125
 atc gaa ttg cct cta gtc ccg atg cat agt gaa gaa cac tgt gaa gtg 432
 Ile Glu Leu Pro Leu Val Pro Met His Ser Glu Glu His Cys Glu Val
 130 135 140
 tcc gtg agt gaa cag gtg ttt ggc gaa ttg cct gaa gaa ttg gcg aaa 480
 Ser Val Ser Glu Gln Val Phe Gly Glu Leu Pro Glu Glu Leu Ala Lys
 145 150 155 160
 aaa cct aac ccg ttc gct gta tta gct aat tta aag aaa aac tag 525
 Lys Pro Asn Pro Phe Ala Val Leu Ala Asn Leu Lys Lys Asn
 165 170

<210> 159
 <211> 174
 <212> PRT
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

 <400> 159
 Met Gln Lys Val Lys Leu Pro Leu Thr Ile Asp Pro Tyr Lys Asp Ala
 1 5 10 15
 Gln Arg Arg Met Asp Tyr Glu Gly Tyr Ile Ser Arg Ser Leu Leu Asn
 20 25 30
 Arg Leu Gly Glu Ser Val Ser Asn Val Leu Ser Asp Ala Gln Val Thr
 35 40 45
 Leu Ser Leu Tyr Ile Asp Pro Gln Arg Leu Thr Val Ile Lys Gly Thr
 50 55 60
 Ala Thr Val Glu Val Glu Phe Asp Cys Gln Arg Cys Gly Asn Pro Phe
 65 70 75 80
 Thr Gln Thr Leu Asp Cys Ser Phe Cys Phe Ser Pro Val Ser Asn Met
 85 90 95
 Asp Gln Ala Asp Asn Leu Pro Glu Ile Tyr Glu Pro Ile Glu Val Asn
 100 105 110
 Glu Phe Gly Glu Val Asn Leu Leu Asp Met Ile Glu Asp Gly Phe Ile
 115 120 125
 Ile Glu Leu Pro Leu Val Pro Met His Ser Glu Glu His Cys Glu Val
 130 135 140
 Ser Val Ser Glu Gln Val Phe Gly Glu Leu Pro Glu Glu Leu Ala Lys
 145 150 155 160
 Lys Pro Asn Pro Phe Ala Val Leu Ala Asn Leu Lys Lys Asn
 165 170

<210> 160
 <211> 1302
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <223> tlg

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1299)

<400> 160
 atg tca att tct att gaa act tta gaa ggc tta caa cgc cgc gta act 48
 Met Ser Ile Ser Ile Glu Thr Leu Glu Gly Leu Gln Arg Arg Val Thr
 1 5 10 15
 att acc gta gct gct gat aaa atc gaa gcg gct tac aaa gag caa tta 96
 Ile Thr Val Ala Ala Asp Lys Ile Glu Ala Ala Tyr Lys Glu Gln Leu
 20 25 30
 aaa ggc tat gcg aaa aac gct cgt gta gac ggt ttc cgt aaa ggt aaa 144

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

gta atc aac ggt tta atc gca caa aat gaa att gaa gtg ccg gct gca 912
 Val Ile Asn Gly Leu Ile Ala Gln Asn Glu Ile Glu Val Pro Ala Ala
 290 295 300
 gcg gta gcg gaa gaa gtg gac gta tta cgt cgt caa gcg gtt caa cgt 960
 Ala Val Ala Glu Glu Val Asp Val Leu Arg Arg Gln Ala Val Gln Arg
 305 310 315 320
 ttc ggt ggt aaa ccg gaa atg gct gca caa tta ccg gcg gaa tta ttc 1008
 Phe Gly Gly Lys Pro Glu Met Ala Ala Gln Leu Pro Ala Glu Leu Phe
 325 330 335
 gaa gcg gat gca aaa cgt cgt gtt caa gta ggt tta tta ctt tca acc 1056
 Glu Ala Asp Ala Lys Arg Arg Val Gln Val Gly Leu Leu Leu Ser Thr
 340 345 350
 gta atc ggt act aac gaa tta aaa gtt gat gaa aaa cgt gtt gaa gaa 1104
 Val Ile Gly Thr Asn Glu Leu Lys Val Asp Glu Lys Arg Val Glu Glu
 355 360 365
 acg att gca gaa atc gct tca gct tac gaa caa ccg gcg gaa gtt gtt 1152
 Thr Ile Ala Glu Ile Ala Ser Ala Tyr Glu Gln Pro Ala Glu Val Val
 370 375 380
 gct cat tat gcg aaa aac cgt caa tta acc gaa aat atc cgt aac gta 1200
 Ala His Tyr Ala Lys Asn Arg Gln Leu Thr Glu Asn Ile Arg Asn Val
 385 390 395 400
 gtg tta gaa gag caa gcg gtt gaa gtt gta ctt gcg aaa gca aaa gta 1248
 Val Leu Glu Glu Gln Ala Val Glu Val Val Leu Ala Lys Ala Lys Val
 405 410 415
 act gaa aaa gcg act tct ttt gat gaa gta atg gct caa caa gct caa 1296
 Thr Glu Lys Ala Thr Ser Phe Asp Glu Val Met Ala Gln Gln Ala Gln
 420 425 430
 ggc taa 1302
 Gly

<210> 161
 <211> 433
 <212> PRT
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 161
 Met Ser Ile Ser Ile Glu Thr Leu Glu Gly Leu Gln Arg Arg Val Thr
 1 5 10 15
 Ile Thr Val Ala Ala Asp Lys Ile Glu Ala Ala Tyr Lys Glu Gln Leu
 20 25 30
 Lys Gly Tyr Ala Lys Asn Ala Arg Val Asp Gly Phe Arg Lys Gly Lys
 35 40 45
 Val Pro His Ala Ile Ile Glu Gln Arg Phe Gly Leu Ala Ala Arg Gln
 50 55 60
 Asp Val Leu Ser Asp Glu Met Gln Arg Ala Phe Phe Asp Ala Val Ile
 65 70 75 80
 Ala Glu Lys Ile Asn Leu Ala Gly Arg Pro Thr Phe Thr Pro Asn Asn

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

Thr Glu Lys Ala Thr Ser Phe Asp Glu Val Met Ala Gln Gln Ala Gln
 420 425 430

Gly

<210> 162
 <211> 316
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <223> tRNA-glu

<400> 162
 aatattgcgc tcaaatggca aagcggagag catctttaa tgttgtcccc atcgtctaga 60
 ggocctaggac atcgcccttt caccggcgta accgggggttc gaatccccgt ggggacgccca 120
 tttaaagatg acttttggtg tctgaattgt tctttaaaaa attggaaaca agctgaaaac 180
 tgagagattt tcgaaagaaa gtctgagtag taaaagataa gtaattatct tgaaaatctt 240
 agctgaacaa aagcagctaa gtgttttagtt gaataaagta tcgcgttgaa tgcgttcaaa 300
 taaaatttga aaatat 316

<210> 163
 <211> 85
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <223> tRNA-leu

<400> 163
 gctctggtgg tggaattggt agacacgcta tcttgagggg gtagtgcca taggatgtgc 60
 gagttcgagt ctgcccaga gcacc 85

<210> 164
 <211> 623
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <223> yaeE

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(621)

<400> 164
 atg caa gaa ctc aca cct caa atg tgg ggc tta gtc ggc act tca acg 48
 Met Gln Glu Leu Thr Pro Gln Met Trp Gly Leu Val Gly Thr Ser Thr
 1 5 10 15
 ctt gaa acg ctc tat atg ggc ttt gcg gcg act tta ctt gct gtg gta 96
 Leu Glu Thr Leu Tyr Met Gly Phe Ala Ala Thr Leu Leu Ala Val Val

20	25	30	
gtc ggt ttg ccg atc ggt ttt ctg gca ttt tta acc ggt aaa gga gag			144
Val Gly Leu Pro Ile Gly Phe Leu Ala Phe Leu Thr Gly Lys Gly Glu			
35	40	45	
att tta gag aat ccg cgt tta cat caa gta tta gat gtg att att aat			192
Ile Leu Glu Asn Pro Arg Leu His Gln Val Leu Asp Val Ile Ile Asn			
50	55	60	
atc ggt cgt tcc gta ccg ttt att att ttg tta gtc gtg ttg tta cct			240
Ile Gly Arg Ser Val Pro Phe Ile Ile Leu Leu Val Val Leu Leu Pro			
65	70	75	80
ttt acg cgt tta ttg gtc ggg aca acg ctc ggt act acg gcg gcg att			288
Phe Thr Arg Leu Leu Val Gly Thr Thr Leu Gly Thr Thr Ala Ala Ile			
85	90	95	
gtg ccg tta agc gtt tcc gca att ccg ttt ttt gcg cgt tta act tca			336
Val Pro Leu Ser Val Ser Ala Ile Pro Phe Phe Ala Arg Leu Thr Ser			
100	105	110	
aat gcg tta tta gaa atc cca gca ggt tta acc gaa gcg gcg aaa tcg			384
Asn Ala Leu Leu Glu Ile Pro Ala Gly Leu Thr Glu Ala Ala Lys Ser			
115	120	125	
atg ggc gca acg aat tgg caa gtg gtc agt aaa ttt tat tta ccg gaa			432
Met Gly Ala Thr Asn Trp Gln Val Val Ser Lys Phe Tyr Leu Pro Glu			
130	135	140	
tca ctg ccg att tta atc aat ggt atc aca tta act tta gtc gct tta			480
Ser Leu Pro Ile Leu Ile Asn Gly Ile Thr Leu Thr Leu Val Ala Leu			
145	150	155	160
atc ggt tat tcc gca atg gcg ggt gcg gtc ggc ggc ggc ggt ttg ggt			528
Ile Gly Tyr Ser Ala Met Ala Gly Ala Val Gly Gly Gly Gly Leu Gly			
165	170	175	
aac ctt gcc atc agt tac ggt gaa cac cga aat atg gtc tat gta aaa			576
Asn Leu Ala Ile Ser Tyr Gly Glu His Arg Asn Met Val Tyr Val Lys			
180	185	190	
tgg atc tca aca att att atc gta gcg att gtg atg atc agt caa aa			623
Trp Ile Ser Thr Ile Ile Ile Val Ala Ile Val Met Ile Ser Gln			
195	200	205	
<210> 165			
<211> 207			
<212> PRT			
<213> Actinobacillus pleuropneumoniae			
<400> 165			
Met Gln Glu Leu Thr Pro Gln Met Trp Gly Leu Val Gly Thr Ser Thr			
1	5	10	15
Leu Glu Thr Leu Tyr Met Gly Phe Ala Ala Thr Leu Leu Ala Val Val			
20	25	30	
Val Gly Leu Pro Ile Gly Phe Leu Ala Phe Leu Thr Gly Lys Gly Glu			
35	40	45	

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

【国際調査報告】

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

		Intern. Appl. No. PCT/US 00/09218
A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER		
IPC 7	C12N1/21 C12N15/31	C07K14/285 C07K15/12
	A61K35/74 C12Q1/18	A61K39/02 C12N15/63
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 C12N C07K A61K C12Q		
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)		
C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	WO 94 11024 A (UNIV MINNESOTA) 26 May 1994 (1994-05-26) examples 1-3	1-51
A	--- FERNANDEZ DE HENESTROSA A.R. ET AL.: "Importance of the galE gene on the virulence of Pasteurella multocida" FEMS MICROBIOLOGY LETTERS, vol. 154, 1997, pages 311-316, XP000864738 page 314, column 2, line 20 -page 316, column 1, line 18 --- -/-	1-51
☒ 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
19 July 2000		24. 10. 00
Name and mailing address of the ISA European Patent Office, P.B. 581 & Patentlaan 2 NL - 2280 HV Rijswijk Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 eponl, Fax: (+31-70) 340-3016		Authorized officer Schönwasser, D

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No.
PCT/US 00/09218

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	FLEISCHMANN R D ET AL: "WHOLE-GENOME RANDOM SEQUENCING AND ASSEMBLY OF HAEMOPHILUS INFLUENZAE RD" SCIENCE, vol. 269, 28 July 1995 (1995-07-28), pages 496-512, XP002916664 ISSN: 0036-8075 the whole document	1-51
A	-& FLEISCHMANN R.D. ET AL.: "Whole-genome random sequencing and assembly of Haemophilus influenzae Rd.; ATP SYNTHASE A CHAIN (EC 3.6.1.34.) (PROTEIN 6)" EMBL DATABASE ENTRY ATP6 HAEIN; ACCESSION NO. P43719, 1 November 1995 (1995-11-01), XP002142946	
P,A	--- FULLER T.E. ET AL.: "Identification of in vivo induced genes in Actinobacillus pleuropneumoniae" MICROBIAL PATHOGENESIS, vol. 27, no. 5, November 1999 (1999-11), pages 311-327, XP000864734 the whole document	1-51
T	--- FULLER T.E. ET AL.: "Identification of Actinobacillus pleuropneumoniae virulence genes in a swine infection model" MICROBIAL PATHOGENESIS, vol. 29, no. 1, July 2000 (2000-07), pages 39-51, XP000864735 the whole document -----	1-51

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Int. l. application No.
PCT/US 00/09218

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This International Search Report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:

2. ☐ Claims Nos.:
because they relate to parts of the International Application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful International Search can be carried out, specifically:

3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this International Search Report covers all searchable claims.

2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.

3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this International Search Report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:

4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this International Search Report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

1-51 (partially)

Remark on Protest

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
- ☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

FURTHER INFORMATION CONTINUED FROM PCT/ISA/ 210

1. Claims: 1-51 (partially)

INVENTION NO. 1:

A gram-negative bacterium comprising a mutation in the gene represented by the nucleotide sequence of SEQ ID NO:1; an immunogenic composition comprising said bacterium; a vaccine composition comprising said immunogenic composition; a method for producing a gram-negative bacterium mutant comprising inter alia the step of introducing a mutation in the gene represented by the nucleotide sequence of SEQ ID NO:1; a method for producing an attenuated Pasteurellaceae bacterium comprising i. a. the step of introducing a mutation in the gene represented by the nucleotide sequence of SEQ ID NO:1; a purified and isolated Pasteurellaceae polynucleotide comprising the nucleotide sequence of SEQ ID NO:1; a purified and isolated polynucleotide encoding a Pasteurellaceae virulence gene product, or species homolog thereof, comprising i. a. said polynucleotide; a purified and isolated Pasteurellaceae polynucleotide encoding a polypeptide having the amino acid sequence set forth in SEQ ID NO:2; a vector comprising said DNA; a host cell stably transformed or transfected with said DNA; a method for producing a recombinant polypeptide comprising i. a. culturing said host cell; a purified polypeptide produced by said method; a purified polypeptide comprising a polypeptide having the amino acid sequence set forth in SEQ ID NO:2; an antibody that is specifically reactive with said polypeptide; a method of using said antibody and methods of identifying an anti-bacterial agent.

2. Claims: 1-51 (partially)

INVENTIONS NOS. 2-34:

Inventions no. 2 to 34 relate to subject-matter as defined above for "invention 1", with the exception, that each of the inventions refers to the corresponding polynucleotide sequence of SEQ ID NO:3,7,9,21,25,29,39,41,51,53,55,57,58, 60,68,72,74,76,78,80,82,84,104,108,112,116,118,120,122,124, 126,128,130, and to the respective polypeptide sequence of SEQ ID NO:4,8,10,22,26,30,40,42,52,54,56,59,61,69,73,75,77, 79,81,83,85,105,109,113,117,119,121,123,125,127,129,131.

3. Claims: 7-36,39-51 (partially)

INVENTION NO. 35:

An attenuated Pasteurellaceae bacterium comprising a mutation in the gene represented by the nucleotide sequence of SEQ ID NO:11; an immunogenic composition comprising said bacterium; a vaccine composition comprising said immunogenic

FURTHER INFORMATION CONTINUED FROM PCT/ISA/ 210

composition; a method for producing a gram-negative bacterium mutant comprising inter alia the step of introducing a mutation in the gene represented by the nucleotide sequence of SEQ ID NO:11; a method for producing an attenuated Pasteurellaceae bacterium comprising i. a. the step of introducing a mutation in the gene represented by the nucleotide sequence of SEQ ID NO:11; a purified and isolated Pasteurellaceae polynucleotide comprising the nucleotide sequence of SEQ ID NO:11; a purified and isolated Pasteurellaceae polynucleotide encoding a polypeptide having the amino acid sequence set forth in SEQ ID NO:12; a vector comprising said DNA; a host cell stably transformed or transfected with said DNA; a method for producing a recombinant polypeptide comprising i. a. culturing said host cell; a purified polypeptide produced by said method; a purified polypeptide comprising a polypeptide having the amino acid sequence set forth in SEQ ID NO:12; an antibody that is specifically reactive with said polypeptide; a method of using said antibody and methods of identifying an anti-bacterial agent.

4. Claims: 7-36,39-51 (partially)

INVENTIONS NOS. 36-65:

Inventions no. 36 to 66 relate to subject-matter as defined above for "invention 35", with the exception, that each of the inventions refers to the corresponding polynucleotide sequence of SEQ ID NO: 13,15,17,19,23,31,33,37,70,100,102, 106,110,114,132,134,136,138,140,142,144,146,148,150,152,154, 156,158,160,164 and to the respective polypeptide sequence of SEQ ID NO:14,16,18,20,24,32,34,38,71,101,103,107,111,115, 133,135,137,139,141,143,145,147,149,151,153,155,157,159,161, 165.

5. Claims: 1-6,31,32,37,38 (partially)

INVENTION NO.66:

A gram-negative bacterium comprising a mutation in the gene represented by the nucleotide sequence of SEQ ID NO:27; an immunogenic composition comprising said bacterium; a vaccine composition comprising said immunogenic composition; a purified and isolated Pasteurellaceae polynucleotide comprising the nucleotide sequence of SEQ ID NO:27 and a purified and isolated polynucleotide encoding a Pasteurellaceae virulence gene product, or species homolog thereof, comprising i. a. said polynucleotide.

6. Claims: 7-36 (partially)

FURTHER INFORMATION CONTINUED FROM PCT/ISA/ 210

INVENTION NO.67:

An attenuated Pasteurellaceae bacterium comprising a mutation in the gene represented by a nucleotide sequence of SEQ ID NO:162; an immunogenic composition comprising said bacterium; a vaccine composition comprising said immunogenic composition; a method for producing a gram-negative bacterium mutant comprising inter alia the step of introducing a mutation in the gene represented by the nucleotide sequence of SEQ ID NO:162; a method for producing an attenuated Pasteurellaceae bacterium comprising inter alia the step of introducing a mutation in the gene represented by the nucleotide sequence of SEQ ID NO:162.

7. Claims: 7-36 (partially)

INVENTION NO.68:

Invention no. 68 relates to subject-matter as defined above for "invention 67", with the exception, that invention no. 68 refers to the polynucleotide sequences set forth in SEQ ID NO:163.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No
PCT/US 00/09218

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
WO 9411024 A	26-05-1994	AU 5591694 A	08-06-1994
		CA 2148829 A	26-05-1994
		EP 0668779 A	30-08-1995
		JP 8503136 T	09-04-1996

フロントページの続き

(51)Int.Cl. ⁷	識別記号	F I	テーマコード [*] (参考)
C 0 7 K	14/285	C 0 7 K 16/12	4 C 0 8 5
	16/12	C 1 2 N 1/15	4 H 0 4 5
C 1 2 N	1/15		
	1/19		
	1/21		
	5/10	C 1 2 P 21/02	C
	15/01		
C 1 2 P	21/02		
	21/08	C 1 2 Q 1/18	
C 1 2 Q	1/18	G 0 1 N 33/15	Z
G 0 1 N	33/15		Z
	33/50		D
	33/53		F
	33/569		B
	33/577	C 1 2 N 15/00	Z N A A
			X
		5/00	A
(81)指定国	EP(AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE), OA(BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG), AP(GH, GM, KE, LS, MW, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZW), EA(AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, CA, CH, CN, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, NO, NZ, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, TZ, UA, UG, UZ, VN, YU, ZA, ZW		
(72)発明者	トロイ・イー・フラー		
	アメリカ合衆国49014ミシガン州バトル・クリーク、ドリームフィールド・ドライブ111番		
(72)発明者	マイケル・ジェイ・ケネディ		
	アメリカ合衆国49024ミシガン州ボーテイジ、クインシー・アベニュー2364番		

Fターム(参考) 2G045 AA28 AA40 CB21 DA12 DA13
DA36 DA77 FB02 FB03 FB04
4B024 AA01 AA11 BA80 CA02 CA09
CA20 DA05 DA06 EA10 GA11
GA25 GA27 HA11 HA14
4B063 QA05 QQ21 QQ41 QQ61 QQ89
QR75 QX10
4B064 AG01 AG27 CA02 CA05 CA06
CA10 CA11 CA19 CA20 CC01
CC24 DA01 DA15
4B065 AA01X AA01Y AA58X AA72X
AA87X AB01 AC14 BA02
BA16 BA24 BD50 CA24 CA43
CA44 CA46
4C085 AA03 AA14 BA15 BA18 CC07
DD62 DD86 EE01
4H045 AA10 AA11 AA20 AA30 BA10
CA11 DA76 EA20 EA50 FA72
FA74

专利名称(译)	抗菌疫苗组合物		
公开(公告)号	JP2002541790A	公开(公告)日	2002-12-10
申请号	JP2000611649	申请日	2000-04-06
[标]申请(专利权)人(译)	法玛西雅厄普约翰美国公司		
申请(专利权)人(译)	法玛西亚和普强公司		
[标]发明人	デイビッドイーローワリー トロイイーフラー マイケルジェイケネディ		
发明人	デイビッドイーローワリー トロイイーフラー マイケルジェイケネディ		
IPC分类号	G01N33/50 A61K39/00 A61K39/02 A61K39/102 A61K39/395 A61P31/04 C07K14/285 C07K16/12 C12N1/15 C12N1/19 C12N1/21 C12N5/10 C12N15/01 C12N15/09 C12N15/31 C12N15/63 C12P21/02 C12P21/08 C12Q1/18 G01N33/15 G01N33/53 G01N33/569 G01N33/577		
CPC分类号	A61K2039/522 C07K14/285 A61K39/102 C12N1/20		
FI分类号	A61K39/02 A61K39/102 A61K39/395.R A61P31/04 C07K14/285 C07K16/12 C12N1/15 C12N1/19 C12N1/21 C12P21/02.C C12P21/08 C12Q1/18 G01N33/15.Z G01N33/50.Z G01N33/53.D G01N33/569. F G01N33/577.B C12N15/00.ZNA.A C12N15/00.X C12N5/00.A		
F-TERM分类号	2G045/AA28 2G045/AA40 2G045/CB21 2G045/DA12 2G045/DA13 2G045/DA36 2G045/DA77 2G045 /FB02 2G045/FB03 2G045/FB04 4B024/AA01 4B024/AA11 4B024/BA80 4B024/CA02 4B024/CA09 4B024/CA20 4B024/DA05 4B024/DA06 4B024/EA10 4B024/GA11 4B024/GA25 4B024/GA27 4B024 /HA11 4B024/HA14 4B063/QA05 4B063/QQ21 4B063/QQ41 4B063/QQ61 4B063/QQ89 4B063/QR75 4B063/QX10 4B064/AG01 4B064/AG27 4B064/CA02 4B064/CA05 4B064/CA06 4B064/CA10 4B064 /CA11 4B064/CA19 4B064/CA20 4B064/CC01 4B064/CC24 4B064/DA01 4B064/DA15 4B065/AA01X 4B065/AA01Y 4B065/AA58X 4B065/AA72X 4B065/AA87X 4B065/AB01 4B065/AC14 4B065/BA02 4B065/BA16 4B065/BA24 4B065/BD50 4B065/CA24 4B065/CA43 4B065/CA44 4B065/CA46 4C085 /AA03 4C085/AA14 4C085/BA15 4C085/BA18 4C085/CC07 4C085/DD62 4C085/DD86 4C085/EE01 4H045/AA10 4H045/AA11 4H045/AA20 4H045/AA30 4H045/BA10 4H045/CA11 4H045/DA76 4H045 /EA20 4H045/EA50 4H045/FA72 4H045/FA74		
优先权	60/128689 1999-04-09 US 60/153453 1999-09-10 US		
其他公开文献	JP4892134B2		
外部链接	Espacenet		

摘要(译)

已经鉴定出革兰氏阴性细菌毒力基因，从而能够鉴定靶向这些毒力基因及其产物的新型抗菌剂，并提供可用于疫苗的新型革兰氏阴性细菌突变体 和

表 1. 遺伝子欠損による免疫性低下の程度

スロット 配列番号	代表的 単離物	可能性の ある遺伝子 機能	ワクチン化 #生存/全体	免疫性テスト #生存/全体	LD ₅₀
23	PM1098	wdt	0/10	-	<10
11	PM1181	gusB	10/10, 10/10, 10/10	9/10, 9/10	4.3 x 10 ⁵
3	PM1171	gusB	10/10, 5/10	10/10, 5/5	6.4 x 10 ⁴
74	PM1187	gusB	5/5, 10/10	10/10	>3 x 10 ⁵
74	PM1181.1	gusB (H10145)	10/10	5/10	>2 x 10 ⁵
70	PM1185	gusB	3/5, 6/10	5/5	>2 x 10 ⁵
19	PM1208	(H1020) Rac	4/5, 9/10	9/9	>4 x 10 ⁵
76	PM1309	gusB (H10146)	3/5	-	>6 x 10 ⁵
118	PM1511	LinkA	4/5, 10/10	10/10	>3 x 10 ⁵
31	PM1734	rnaA (LinkB)	0/5	-	>3 x 10 ⁵
17	PM1450	LinkA (H1015)	2/5, 10/10, 9/10	10/10, 9/9	>3 x 10 ⁵
9	PM14510-T9	LinkA	4/5	-	>5 x 10 ⁵
1	PM1455-T5	gusB	5/5	-	>4 x 10 ⁵
33	PM1455-T1	LinkA2	5/5	-	>4 x 10 ⁵
15	PM1452	LinkA (H1011)	3/5, 8/10, 10/10	5/5, 10/10	>3 x 10 ⁵
41	PM1517	gusB	4/5	-	1 x 10 ³
7	PM1513	gusB	0/5, 3/10	2/3	-
68	PM1615-T1	gusA	5/5	-	>3 x 10 ⁵
78	PM1618	gusA (H10710)	2/5, 9/10	9/9	>3 x 10 ⁵
108	PM1712	gusB	2/5, 5/10	9/9	-
51	PM18C181-T2	LinkA1	5/5	-	>6 x 10 ⁵
37	PM18C113	gusB	5/5	-	>6 x 10 ⁵
38	PM18C181-T6	LinkA1	5/5	-	>6 x 10 ⁵
45	PM1017	gusB (H10207)	3/5, 6/10, 8/10	8/8, 8/8	>3 x 10 ⁵
25	PM10110-T2	H1150	5/5	-	>1 x 10 ⁴
72	PM1108-T2	gusB	5/5	-	>2.4 x 10 ³
21	PM1108-T4	gusA	5/5	-	>2.4 x 10 ³
84	PM1210	gusB (H10087)	3/5, 9/10	-	>2.2 x 10 ³
33	PM1508-T2	gusB	5/5	-	>1.2 x 10 ⁵
116	PM1508-T1	LinkA	5/5	-	>1.2 x 10 ⁵
104	PM16011-T1	gusB	3/5	-	>1.9 x 10 ⁵
26	PM16011-T2	gusA	5/5	-	>1.9 x 10 ⁵
35	PM1618	gusB	5/5, 10/10	10/10	>2.4 x 10 ⁵
80	PM1611	gusA (H10019)	5/5, 10/10	-	>2.0 x 10 ⁵
49	PM1716-T1	gusB	4/5	-	>6 x 10 ⁵
120	PM1716	LinkA	4/5	-	>6 x 10 ⁵
8	PM18F5-T8	gusB	5/5	-	>2.4 x 10 ⁵
82	PM18F5-T10	gusB (H10345)	5/5	-	>2.4 x 10 ⁵
13	PM12A1	gusB	5/5, 10/10	10/10	>1.2 x 10 ⁵
112	PM12A4	gusA	5/5, 6/10	9/9	>1.9 x 10 ⁵
39	PM20A12	gusA	3/5, 6/10	8/8	>2 x 10 ⁴
90	PM20C2	LinkA2	5/5, 10/10	10/10	>8.2 x 10 ⁶