

(19) 日本国特許庁(JP)

(12) 特 許 公 報(B2)

(11) 特許番号
特許第4892134号
(P4892134)

(45) 発行日 平成24年3月7日(2012.3.7)

(24) 登録日 平成23年12月22日(2011.12.22)

(51) Int.Cl.	F I
C 1 2 N 15/09 (2006.01)	C 1 2 N 15/00 Z N A A
C 1 2 N 15/01 (2006.01)	C 1 2 N 15/00 X
C 1 2 N 1/20 (2006.01)	C 1 2 N 1/20 E
A 6 1 K 35/74 (2006.01)	A 6 1 K 35/74 C
A 6 1 P 31/04 (2006.01)	A 6 1 P 31/04

請求項の数 10 (全 298 頁) 最終頁に続く

(21) 出願番号	特願2000-611649 (P2000-611649)	(73) 特許権者	504396379
(86) (22) 出願日	平成12年4月6日 (2000.4.6)		ファルマシア・アンド・アップジョン・カ ンパニー・エルエルシー
(65) 公表番号	特表2002-541790 (P2002-541790A)		アメリカ合衆国49001ミシガン州カラ マズー、ポータージ・ロード 7000
(43) 公表日	平成14年12月10日 (2002.12.10)	(74) 代理人	100096666
(86) 国際出願番号	PCT/US2000/009218		弁理士 室伏 良信
(87) 国際公開番号	W02000/061724	(74) 代理人	100131934
(87) 国際公開日	平成12年10月19日 (2000.10.19)		弁理士 ▲高▼橋 宏次
審査請求日	平成19年3月28日 (2007.3.28)	(74) 代理人	100137040
(31) 優先権主張番号	60/128,689		弁理士 宮澤 純子
(32) 優先日	平成11年4月9日 (1999.4.9)	(74) 代理人	100133927
(33) 優先権主張国	米国 (US)		弁理士 四本 能尚
(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) 【特許請求の範囲】

【請求項 1】

配列番号：76のヌクレオチド配列、または配列番号：76に記載されたヌクレオチド配列と90%を超える配列相同性を有するその種ホモログによって表されるyiaQ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Pasteurella multocida。

【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あるいは不活性遺伝子産物が発現される請求項1記載の弱毒化Pasteurella multocida。

【請求項 3】

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または2に記載の弱毒化Pasteurella multocida。

【請求項 4】

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または2に記載の弱毒化Pasteurella multocida。

【請求項 5】

請求項1ないし4いずれか一項に記載の菌を含む免疫原性組成物。

【請求項 6】

請求項 5 に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 7】

さらに、アジュバントを含む請求項 6 記載のワクチン組成物。

【請求項 8】

配列番号：76 に記載されたヌクレオチド配列よりな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 9】

配列番号：77 に記載されたアミノ酸配列を有す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 10】

配列番号：77 に記載されたアミノ酸配列を有するポリペプチドを含む精製されたポリペプチド。

【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、線維索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だけを産生する。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

10

20

30

40

50

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]。

10

【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。

20

【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. stomatitis*、*P. volantium* (*H. panainflueizae*)、*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 haemolvtica*、*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. plueropneumoniae*菌株を含む。

30

40

【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、1

50

62、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、1

50、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。

10

【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。

20

【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。

30

【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塩基対の可変の中央領域を含み、それは、中央部分がポリメラーゼ鎖反応（PCR）によって共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

40

50

。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。

10

【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。

20

【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。

30

【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

40

50

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】

S T M 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 D N A 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とり、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】

S T M 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 (counterselectable) 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 D N 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 D N A 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 D N A 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 D N A 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 D N A 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有する発現カセットは、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. multocida*または*A. pleuropneumoniae*に導入される。標識遺伝子を組込み、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、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

10

20

30

40

50

、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の一部分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

10

20

30

40

50

、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み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

10

20

30

40

50

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, 6:109-122（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, Biotechnolog, 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, Biotechnology, 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ーソログも包含する。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	GAP ILV
	極性－非帯電	CSTM NQ
	極性－帯電	DE KR
	芳香族	HFWY
他のもの		NQDE

【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に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WO 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-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-2および-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-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ーの使用は、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

10

20

30

40

50

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—特異的共有的改変にも有用である。共有的改変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WO 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。

10

【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。

20

30

【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。

40

【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、ならびにイオンスプレー質量分析/HP LC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

50

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、レポーター遺伝子の上流活性配列 (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对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こと、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: 583-585 (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、OK2）、欧州特許第109 942号、第180 564号および第231 039号の「イスコムス（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-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

10

20

30

40

50

ーマ (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、キャプレツツ剤、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* 遺伝子を特徴付ける。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 p L O F / Km [Hererro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 p L O F / Km はスーサイド・ベクター p G P 7 0 4 の改変として構築し、それは T a c プロモーター制御下のトランスポザーゼ遺伝子ならびにカナマイシン耐性をコードするミニ-T n 1 0 トランスポーザブル・エレメントを含んでいた。プラスミド p T E F - 1 は半ランダム [NK] _{3 5} 配列を含む配列タグを受容するように p L O F / 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 p L O F / Km をまず改変してマルチブルクローニング領域中のユニーク K p n I 制限部位を除去し、ついでミニ-T n 1 0 領域中に新たな K p n I 部位を導入した。そのプラスミドを K p n I 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、p L O F / Km -- K p n I 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*) D H 5 α : λ p i r に形質転換した。イー・コリ D H 5 α : (λ p i r ϕ 8 0 d l a c Z Δ M 1 5, r e c A 1, e n d A 1, g y r A 9 6, t h i - 1, h s d R 1 7 (r_k⁻, m_k s u p E 4 4, r e l A 1, d e o R, Δ (l a c Z Y A - a r g F) U 1 6 9 を、L B (Luria-Bertani) 培地中、37℃にて増殖させた。プラスミドは QIAGEN Inc. (Santa

10

20

30

40

50

Clarita, CA) からの Q I A G E N S p i n P r e p s を用いて調製し、ミニ-Tn10 トランスポーザブル・エレメント内のユニーク部位を切断する S f i I で消化した。S f i I - K p n I - S f i I アダプターは、オリゴヌクレオチド T E F 1 (配列番号: 86) および T E F 3 (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 S f i I 部位に連結させてプラスミド p T E F - 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 T E F 1 および T E F 3 (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'-AGGCCGGTACCGGCCGCTT 配列番号: 86

TEF3 5'-CGGCCGGTACCGGCCCTAGG 配列番号: 87

【0071】

p T E F - 1 の K p n I 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 d N T P、1.5 mM の M g (O A c)₂、テンプレート DNA としての 100 ピコモルの各プライマー T E F 1 4 (配列番号: 88) および T E F 1 5 (配列番号: 89)、1 ng の T E F 2 6 (配列番号: 90) ならびに 2.5 単位の組換え T t h DNA ポリメラーゼ X L を含む条件下で、Gene Amp X L P C R キット (PE Applied Biosystems, Foster City, CA) を用いて P C R 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ションにつづく、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ションを含む。P C R 産物を K p n I で消化し、製造業者の指示するプロトコールに従って Q I A G E N N u c l e o t i d e R e m o v a l K i t (Q I A G E N, 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 K p n 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 p T E F - 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: λ p i r 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、D I G の使用者案内書 (Boehringer-Mannheim) に従ってコロニープ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)、D I G - P C R labeling kit (Boehringer Mannheim Biochemicals) 用製品シート、および C S P D (Boehringer Mannheim Biochemicals) 用製品シートに従

10

20

30

40

50

って本質的に行った。プローブの調製については、Amp l i t a q P C R緩衝液 (PE Applied Biosystems)、200 μ Mのd N T P、140ピコモルの各プライマーT E F 5 (配列番号: 9) およびT E F 6 (配列番号: 92)、2mMのM g C l ₂、2.5単位のAmp l i t a q (PE Applied Biosystems) および1n gのプラスミドD N Aを用いて、100 μ lの一次P C R反応を設定した。

【0075】

【化3】

TEF5 5'-TACCTACAACCTCAAGCT 配列番号: 91

10

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Q I A G E N G e l E x t r a c t i o nキット (QIAGEN) を用いて行った。約15ngの一次産物をD I G P C Rキット、50ピコモルの各プライマーT E F 24およびT E F 25およびD I G P r o b e S y n t h e s i s M i xと2mMのd N T P保存溶液の1:1混合物を用いる50 μ lのP C R反応中で標識した。

20

【0077】

【化4】

TEF24 5'-TACCTACAACCTCAAGCTT 配列番号: 93

TEF25 5'-TACCCATTCTAACCAAGCTT 配列番号: 94

【0078】

P C R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P C R産物を90 μ lの合計反応体積中でH i n d I I I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D I G E a s y H y b中、95℃にて10分間溶解および変性させた。

30

【0079】

ドットプロットは、H y b o n d ^R – N ⁺ 膜 (Amersham-Pharmacia Biotech) を用いて調製した。各タグ用の標的D N Aは、ほぼ30ngのP C R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 N a O H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M a n i f o l d I ^T M D o t – B l o t A p p a r a t u sを用いて最小限の真空中で膜に適用した。各ウェルを150 μ lの中和溶液 (0.5M トリス/3M N a C l、pH7.5) および150 μ lの2 $\times$ S S Cで洗浄した。膜をS t r a t a l i n k e r (Stratagene, La Jolla, CA, USA) 中でU V – 架橋し、20mlのD I G E a s y H y b B u f f e r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% S D Sを含有する2 $\times$ S S C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S D Sを含有する予め加温した50m

40

50

1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有する全プラスミドよりもむしろ、ドット・プ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プ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、マスタータ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・コリス17-1: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・コリス17-1: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シ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・コリス17-1: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0.22μm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へのトゥースピック移植(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。一晩増殖後に、50μlの75%グリセリンを各ウェルに添加し、プレートを-80℃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

10

20

30

40

50

異体の凍結プレートを一80℃保存から取り出し、各ウェルからの10μlを50μg/mlのナリジキシン酸 (Sigma) および50μl/mlのカナマイシン (Sigma) と共に200μlのブレインハート浸出液 (DIFCO) (BHI N⁵⁰ K⁵⁰) 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%CO₂下、37℃にて一晩インキュベートした。各ウェルからの10μlをウェル当り100μl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℃にてインキュベートすることによって一晩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OD₅₄₀をモニターした。ほぼ0.2ないし0.25のOD₅₄₀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100μl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10⁴、10⁵、10⁶CFU/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、BHI N⁵⁰ K⁵⁰ プレートに平板した。一晩増殖後に、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。

10

20

【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・プロットを実施例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・プ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。

30

【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。

40

50

【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. mutocida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。

10

【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	<i>guaB</i>	10/10, 10/10, 10/10	9/10, 9/10	4.3 x 10 ⁶
11	PM1D1	<i>dsbB</i>	10/10, 5/10	10/10, 5/5	8.4 x 10 ⁴
3	PM1BD7	<i>atpG</i>	5/5, 10/10	10/10	>3 x 10 ⁵
74	PM1BE11	<i>yhcJ</i> (HI10145)	10/10	5/10	>2 x 10 ⁵
70	PM1BF6	<i>yabK</i> (HI1020)	3/5, 8/10	9/9	>2 x 10 ⁵
19	PM2G8	<i>fhaC</i>	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	<i>yiaO</i> (HI10146)	3/5		>6 x 10 ⁵
118	PM3G11	UnkO	4/5, 10/10	10/10	>3 x 10 ⁵
31	PM7B4	<i>iroA</i> (UnkB)	0/5		
17	PM4C6	<i>fhaB</i> (fhaB2)	2/5, 10/10, 9/10	10/10, 9/9	>3 x 10 ⁶
9	PM4G10-T9	<i>dnaA</i>	4/5		>5 x 10 ⁵
1	PM4D5-T5	<i>atpB</i>	5/5		>4 x 10 ⁵
53	PM4D5-T1	UnkC2	5/5		>4 x 10 ⁵
15	PM4F2	<i>fhaB</i> (fhaB1)	3/5, 6/10, 10/10	6/6, 10/10	>3 x 10 ⁵
41	PM5F7	<i>mreB</i>	4/5		1 x 10 ³
7	PM5E2	<i>devB</i>	0/5, 3/10	2/3	?
68	PM6H5-T1	<i>xylA</i>	5/5		>3 x 10 ⁵
78	PM6H8	<i>yigF</i> (HI0719)	5/5, 9/10	9/9	>3 x 10 ⁵
108	PM7D12	<i>pnp</i>	5/5, 9/10	9/9	
51	PM8C1R1-T2	UnkC1	5/5		~6 x 10 ⁵
37	PM8C1-T3	<i>mgIB</i>	5/5		~6 x 10 ⁵
58	PM8C1R1-T6	UnkD1	5/5		~6 x 10 ⁵
45	PM10H7	<i>purF</i> (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	<i>ygiK</i>	5/5		>2.4 x 10 ³
21	PM11G8-T4	<i>grcA</i>	5/5		>2.4 x 10 ³
84	PM12H6	<i>yyam</i> (HI0687)	3/5, 0/10		~2.2 x 10 ³
33	PM15G8-T2	<i>kdtB</i>	5/5		>1.2 x 10 ⁵
116	PM15G8-T1	UnkK	5/5		>1.2 x 10 ⁵
104	PM16G11-T1	<i>hmbR</i>	3/5		>1.9 x 10 ⁵
29	PM16G11-T2	<i>hxcC</i>	3/5		>1.9 x 10 ⁵
35	PM16H8	<i>lgtC</i>	5/5, 10/10	10/10	>2.4 x 10 ⁵
80	PM16H3	<i>yleA</i> (HI0019)	5/5, 10/10		>2.0 x 10 ⁵
49	PM17H6-T1	<i>sopE</i>	4/5		~6 x 10 ⁵
120	PM17H6	UnkP	4/5		~6 x 10 ⁵
5	PM18F5-T8	<i>cap5E</i>	5/5		>2.4 x 10 ⁵
82	PM18F5-T10	<i>yojB</i> (HI0345)	5/5		>2.4 x 10 ⁵
13	PM19A1	<i>exbB</i>	5/5, 10/10	10/10	>1.2 x 10 ⁵
112	PM19D4	<i>rci</i>	5/5, 8/10	8/8	~1.6 x 10 ⁵
39	PM20A12	<i>mioC</i> (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 p L O F / K m 由来の標識化 1.8 k b M l u I フラグメントを用いて行った。各突然変異体からのミニ-T n 1 0 因子およびフランキング DNA を p U C 1 9 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 T E F 3 2 および T E F 4 0、プライマーウォーキングおよび、いくつかの場合、汎用 p U C - 1 9 プライマーを用いて決定した。

【0090】

T E F 3 2 GGCAGAGCATTACGCTGAC (配列番号：95)

T E F 4 0 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。G C G 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ンの 37% において、該ミニ-T N 1 0 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 p G P 7 0 4 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、A c t i n o b a c i l l u s p l e u r o p n e u m o n i a e (A P P) を用いて、S T M も行った。該 A p p 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 a t p G 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. m u l g o c i d a 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 a t p G 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】

A c t i n o b a c i l l u s p l e u r o p n e u m o n i a e、P a s t e u r e l l a h a e m o l y t i c a (P h)、P. multocida、および H a e m o p h i l u s s o m n u s (H s) ゲノム DNA を C T A B 法を用いて単離し、E c o R I および H i n d I I I 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 T A E バッファー中で一晩分離した。該ゲルを連続的に、0.1M H C l 中に 30 分間、0.5M N a O H / 1.5M N a C l 中に 15 分間 2 回、および 2.5M N a C l / 1M T r i s、pH 7.5 中に 2 回浸漬した。該 DNA は、20× S C C バッファー (3M N a C l / 0.3M クエン酸ナトリウム) を用いて、一晩、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)

10

20

30

40

50

したUV Stratalinkerを用いて該膜に架橋した。該膜を5×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℃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℃にて一晩ハイブリダイズさせた。

該プローブは、GeneAmpPCRシステム2400中のGeneAmpXLPCR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）

10

【0096】

該PCRは、初期加熱工程を94℃にて5分間、94℃にて30秒間の変性を30サイクル、50℃にて30秒間のアニーリング、および72℃にて3分間の延長、および最終伸長工程を72℃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。当該プ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×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、該プロット各々を0.5×SSC中で60℃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。

20

【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

pLox/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、10μg/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、（TC^R：Mu、（Km^R：Tn7）、[Tm^R]、[Sm^R]）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100μm/ml アンピシリン（Sigma）、50μm/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。

30

40

【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50μlアリコートの培養を150μlのAPP255培養と混合し、次いで、100μM 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0.22μM フィルター上に、各交配混合物の50μlをスポットした。37℃にて5% CO₂での一晩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200μlをBHI V¹⁰ N⁵⁰ K¹⁰⁰

50

⁰上に塗布した。選択的な一晚成長の後、 $200\mu\text{l}$ $\text{BHI V}^{10}\text{N}^{50}\text{K}^{50}$ 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むことを確認した。一晚成長後、 $50\mu\text{l}$ 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】

A P P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%が多重挿入を含むことが決定され、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。A P Pにおける問題は、23S RNA領域への挿入を含む多数の突然変異体（以下で論ずる）：13個の独特な部位への挿入を含む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むし、およびA P P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充分なほど影響されることを示すのであろう。A P P 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まれること[Blattnerら, Science 277:1453-1474 (1997)]と比較して、A P Pはたった3つのリボソームオペロンしか含ま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中に挿入を含むし、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らう。

【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むし、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°C の貯蔵庫から取り出し、各ウェルから $180\mu\text{l}$ の $\text{BHI V}^{10}\text{N}^{50}\text{K}^{50}$ を含む新たな96ウェル丸底プレート (Corning Costar, Cambridge, MA, USA) に、 $20\mu\text{l}$ 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°C にて一晚、5% CO_2 中でインキュベートした。次いで、一晚おいたプレートを各ウェルからウェルあたり $100\mu\text{l}$ の BHI V^{10} を含む新たな平底96ウェルプレート (Corning Costar) に、 $10\mu\text{l}$ 移すことによって継代培養し、 150rpm にて振盪しつつ、 37°C 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 OD_{562} をモニターした。約0.2ないし0.25の OD_{562} 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 $100\mu\text{l}$ 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 $2 \times 10^6 \text{ CFU/ml}$ 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 $10 \sim 20\text{kg}$ S P F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 $450 \times g$ 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 $2,800 \times g$ 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、 $\text{BHI V}^{10}\text{N}^{50}\text{K}^{50}$ プレート上に塗布した。一晚の成長後、少なくとも100,000個のコロニーを $10\mu\text{l}$ 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、C T A B法[Wilson, In Ausubelら, (eds.), Current Protocols in Molecu

lar 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 10^8 CFU 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-UTP 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。

10

【0103】

TEF69 GACGTTTCCCGTTGAATATGGCTC (配列番号: 166)

TEF65 GCCGGATCCGGATCATATGACAAGA (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。ドットプロットを標準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) を各ドットプ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。

20

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プ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

30

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フランキングDNA産物を生成した。配列決定反応は、PE Applied Biosystems (Foster City, CA) からの BigDyeTM 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。GCCG 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。

40

【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		N O 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	N O 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N O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		

【 0 1 0 7 】

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 1 1 0 個の突然変異体は 3 5 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 O R F の異なる部位内に挿入を含有するクローンに対する O R F 内の単一部位に挿入を含有した。3 つの多重挿入が、多重 P C R 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 1 1 0 個のコロニー中に検出された。

【 0 1 0 8 】

実施例 9

A. pleuropneumoniae 突然変異体と野生型 A P P 2 2 5 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（A P 2 2 5）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 B H V^{1 0} 中で 0.6 ないし 0.9 の O D₅₉₀ にまで成長させた。約 5.0 × 10⁶ C F U の野生型および突然変異体株の各々を 4 m l の B H I に添加した。全 4 m l 用量を用いて気管チューブでの気管内投与により 1 0 ~ 2 0 k g ブタに感染させた。感染後約 2 0 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 B H I V^{1 0} N^{5 0} および B H I V^{1 0} N^{5 0} K^{1 0 0} 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（C o m p e t i t i v e I n d e x ; C I）は、[突然変異 C F U / 野生型 C F U]_{投入} / [突然変異 C F U / 野生型 C F U]_{回収} として算出した。

【 0 1 0 9 】

3 5 個の可能性のあるトランスポゾン突然変異体のうち、2 2 個が著しく弱毒化し、0.2 未満の競争指数（C I）を有している。S T M スクリーニング結果に基づく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 i n v i v o C I を有していた。この突然変異体につき、i n v i t r o 競争も行い、0.8 の C I を得た。その後、該突然変異体は、2 つのフェニルアラニン t R N A 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。a t p G、p n p、および e x b B A p p 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>	スベルミジン／プトレシン輸送	.308
AP8H6	<i>OmpP5</i>	アドヒジン／OmpAホモログ	.184
AP18H8	<i>OmpP5-2</i>	アドヒジン／OmpA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>dkcA</i>	dnaK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>yaeA</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。

F₀F₁ H⁺－ATPase複合体のF₁－γ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。F₁ δ 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. 179:73 51-20 (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、*APP* 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)]。*Pasteurella* *aceae* 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* (*Lpp38*) 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グ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ようである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。両方ともフィングリン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: f k p Aおよびt i g (トリガー因子)。F k p AはFK 506-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)]。F k p Aは、S a l m o n e l l a t y p h i m u r i u m [Hornら, Infect Immun. 65:806-10 (1997)] およびL e g i o n e l l a p n e u m o p h i l a ホモログ、m i p [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)]。T i g、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)]、FK 506によって影響されない[Stollerら, EMBO J. 14:4939-48 (1995)]。T i g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. c o l i 中の細胞分裂[Guthrie, and Wickner, J Bacteriol. 172:5555-62 (1990)]、S t r e p t o c o c c u s p y o g e n e s システインプロテイ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B a c i l l u s s u b t i l i s 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、r n r (v a c B) がS h i g e l l a f l e x n e r i 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)]、R n a s e 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p n p / r n r 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、r n r およびp n p の両方が毒性遺伝子発現に関わる可能性がある。P. m u l c o s i d a のp n p 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p n p 関連表現型はB a c i l l u s s u b t i l i s 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】

H u p A は細菌性ヒストン様蛋白質であり、それはH u p B と組み合わせさせて、E. c o l i 中にHU蛋白質を構築する。報告は、h u p A およびh u p B 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 Bacteriol. 171:3704-12 (1989); Wadaら, J Mol. Biol. 204:581-91 (1988)]。h u p A - h u p B 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る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、h u p A は毒性

に直接関わることを示した [Turnerら, *Infect Immun.* 66:2099-106 (1998)]。h u p A 弱毒化のメカニズムが知られないまま残っている。

【0118】

D n a K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 Gene t.* 22:631-77 (1988)] に論評されている)。D n a K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)]、B r u c e l l a s u i s d n a K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)]。対象的に、もう一つの細胞内病気素因、L i s t e r i a m o n n o c y t o g e n e s は食作用後d n a Kの誘発を示さなかった [Hanawaら, *Infect Immun.* 63:4595-9 (1995)]。V i b r i o c h o l e r aのd n a K突然変異体はT o x Rの産生およびi n v i t r oでその調節された毒性因子に影響したが、同様の結果は、i n v i v o成長細胞からは得られなかった [Chakarabartiら, *Infect Immun.* 67:1025-1033 (1999)]。A . p l e u r o p n e u m o n i a d n a K突然変異体のC I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】

D k s Aは、E . c o l iのd n a K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、D k s A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S a l m o n e l l a t y p h i m u r i u m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：t R N A - l e u、t R N A - g l u、およびr p m F。蛋白質合成を除いて、t R N A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、t R N A - 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t R N AがA . p l e u r o p n e u m o n i a eにおけるt R N A - 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、t R N A - 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 . p l e u r o p n e u m o n i a e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、r p m F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もなかった。

【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 ~ 10 kg) 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 $10^{1.0}$ 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 $1 \sim 5 \times 10^5$ 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

ワクチン

	ワクチン化	免疫性テスト
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、 $10^{1.0}$ 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 C I 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、C I 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】

上記の例示の実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】

SEQUENCE LISTING

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

<120> Anti-Bacterial Vaccine Compositions

<130> 28341/6227.1

<140>

<141>

<150> 60/153,453

<151> 1999-09-10

<150> 60/128,689

<151> 1999-04-09

<160> 165

<170> PatentIn Ver. 2.0

<210> 1

<211> 1112

<212> DNA

<213> Pasteurella multocida

<220>

<221> CDS

<222> (210) .. (1001)

<220>

<223> atpB

<400> 1

gtcaacaaca ttttatggtg gagaggccgt taaatttata tccacaattt ttttgattgt 60

acttgctttt aaactgttca attcaatgca ttttattgca ttttttggtg gatattttat 120

aacaatagtt ttaaacaata ttcttccatt ttttataagt aagtacttaa atataaagca 180

ttttcataaa tatcaataaa ggattagtt atg gca gca gag ctt aca aca gcg 233
Met Ala Ala Glu Leu Thr Thr Ala
1 5

gga tat att ggg cac cat tta gca ttc ttg aaa aca ggg gat tct ttc 281
Gly Tyr Ile Gly His His Leu Ala Phe Leu Lys Thr Gly Asp Ser Phe
10 15 20

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

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

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

10

20

30

40

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

10

20

30

<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

10

20

30

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

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

<220>
 <223> atpG

<400> 3

```

agcggggccat ttggetcagt tccgcttcggg attcttatga tgcacacgta agcaattatc 60
acatgggtcaa aaagtaactg aattattgaa acaaaaaccaa tactctccgt tatctgtagc 120
acaacaagca ttagtggttat ttgcagtaga gtttgggttac ttagaagaag tggacttaga 180
tcgtattggg tcatattgaat cagcactttt agagtatgct aaccataact atgctgattt 240
tatgogtgag ttaacccaat ctggcaatta caatgatgaa attaaagagt cattaaaagg 300
cattttggat agcttcaaag caaacagtgc gtggttaegtt aacactttta atggagagac 360

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

agt aca caa aaa att act aaa gcg atg gaa atg gtt gct gcc tcg aaa 456
Ser Thr Gln Lys Ile Thr Lys Ala Met Ser 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 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 Leu Asn Val Asn Leu
80 85 90 95

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

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

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

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

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

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

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

```

10

20

30

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

ggcgcggtta ttgacgttga attccacaaa gatgcagtac caaaagtata tgatgcctta 1340

aatgttgaaa caggtttagt acttgaagtt caacaacaat taggtgggtgg tgtagttcgc 1400

tgatcgcgaa tgggatcatc tgatggatta aaacgcggtt taagcgtaac aaatacgaat 1460

aaaccaatlt ctgtccagt gggaaacgaaa acattgggtc gtatcatgaa cgtattgggt 1520

gaaccaatcg atgagcaagg tgaaatcggg gcagaagaga attggtctat tcaccgtgcg 1580

ccaccaagtt atgaagaaca atctaacagt actgaacttt tagaaacggg aattaaagtt 1640

atcgacttag ttgtccgtt tgcgaaaggg ggtaaagtag gtttattcgg tgggtgcgggt 1700

gtcggtaaaa ccgtcaatat gatggaatta atccgtaaca tcgcaattga gcaactcaggt 1760

tactctgtct ttgcgggggt aggtgagcgt acgcgtgaag gtaacgactt ctatcatgag 1820

atgaaagact ctaacgtatt agataaagtg tctcttggtt atgggtcaa at gaacgagcca 1880

ccaggtaacc gtttacgtgt ggcattaaca ggcttaacta tggcgggaaaa 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

10

20

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

10

20

30

<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	

10

20

30

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 cag gag gta 813
 Phe Ile Gln Lys Met Ile Glu Gly Glu Tyr Ile Ser Pro Glu Val
 260 265 270

taaaaatgaa agtcttagta actgggtcaa atgggttttat tgcgaaaaat ctgattcagt 873
 ctttatctga ggaacaagat attgagattt tatgttatca ccgtcaatcc tctgagaaaa 933
 cgcttattca tcatgtattg agtgcgtgatt ggattattca tcttgccgggt gcgaatcgtc 993
 cacctgaaga acaagaatth atgacatcaa atacacaatt gacggaaaaa atttgccgta 1053
 ttttacagcg tcatcagaaa aaaacgcctt tggttatattc ctctagcatt caagtagaaa 1113
 gtcccaaaat aagtacttat tcgcaaacca aattagaaag tgaatatcat gttcatcaat 1173
 tacataaaga aaatggtaat ccgatttata tctgccgttt agctaattgtc tttggcaaat 1233
 ggctacgacc tcaactataac 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

10

20

30

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

10

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

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

20

<220>
 <223> devB

<400> 7
 gtcaacaatt accgcacttt agtggagtaa ataacaatgg cgaaaaagaa taacgggcat 60
 gaaaaagagg atgatgttcg cctagataaa tggccttggg ctgcccgttt ttataaaaca 120
 cgtacttttag caaaagacat gattgatggc ggtaaagtgc attataatgg gcagcgcacg 180
 aaaccaata aaacggttga aattggtggt gtgatcaaac ttcgtaagg taatgacgaa 240
 aaagaagtgg aagtgcctgc gctttctacg caacgtcgtg gggcgccaga agcacaattg 300
 ttgtatcaag aaacagaaaa agccttgaa caacgtgcga aaatggcgat tgcacgtaag 360
 attaatgcat taacgatgcc gcatcctgat cgtcgcccga ataaaaaaga gcggcgtgat 420
 ttattgaaat ttaaacatca agatagcttt tcatcttgat gatgtgattt acctactttt 480
 cttattaaaag aaaggaatat ggggaagctg tgtgcttgcc cttaacctga ataaaggctt 540
 tttatgacag acaacacaga caatgacaaa ctgtatcgct accttttcca agatcgcgcg 600
 gtgcgcggtg aatgggtacg gttaaaccaa acgtttactg atacgttaaa tacacatcaa 660
 tatccgaaag tcatccaaaa cttgctcggt gaaatgatgg tggcgaccag tttattgacg 720

30

gcgacgttaa aatttgaagg ggatattact gttcaagtac aaggatgatgg accattaaaa 780
 ttagcattag ttaatggcaa tcatcagcag caaatcgcg cattagcgcg tttacaagcg 840
 gatgtcagtg atgatatgag tttggcgcaa ttagtcggga aaggggtatt agtgattacg 900
 attgcaccga cagaaggcga gcgttaccaa ggctgattg cgttagataa gccaacatt 960
 actgcctgtc ttgaagatta tttgtgctg tcagaacaat tgcaaaccca gcttattatt 1020
 cgtgctggcg aatttgaagg acaacctgtg gcagccggtg tgttggtaca aattatgccg 1080
 gacggttcag gttctccaga ggattttgaa cacttagcaa cattggcagc gacggtgaaa 1140
 gaggaagaac tatttgggtt aacagcagaa gaattattgt accgtttata tcatgaagag 1200
 cgtgttgaaa ttttccctc acagccgatc tcatttttct gtggtgtctc acaagaacgt 1260
 tctggtgccg cattgttgtt gattttctgat gaagaattgg atgaagtctt ggcagagcat 1320
 aacggtagca ttgatatgca gtgtgaatgt tgtgggacgc attatttctt caataaagca 1380
 gcgattatgc aattgaaagt agaaaaataa gtcttgggtat tatggatttt gttgcaggct 1440
 atcaagatat ttgatagcct gtttttccct tgcagcaaac gattttatga gaaaaacgcc 1500
 gtcttctcac acagtagttt aggtattgca tagcatgaag cgggaaacta tgtttggcgc 1560
 ttgtctgttt aaaaagggtt tctatgttag cactttcacc atcattactt gaaaaaacac 1620
 ttgaaatcgc ggatcaagca ggagattttt taacgcgatt ttataccgac tcagggcaaa 1680
 atgcgttagc aattcaaacc aaacaagata acacgccagt gactgccgtg gatttatttt 1740
 tgagtcaatt ttraattgaa aaattgaccg cactgacacc tgaggtcccg attctttccg 1800
 aagagagttg taaaatcccc ttacaagatc gtgcacattg ggcagaatat tggttaattg 1860
 acccactcga tggaacccaa caatttatta atcgaccga tcaattttcc attttgatta 1920
 cacttgtcca acacaatcaa cccgtcttaa gcattacca tgccctatt ttacaaacga 1980
 cctattatgc tatgcagggc tttggtgctt acagaaggca gggcaatcaa caagaaaagc 2040
 taaacaacca agcgcgacct gagcagcgaa aaatcaaat tgctgtggga gtcgggggcg 2100
 ttgaacggaa aattcagccc ttgttaaata cagcttatca atatgaattt ttggtttatg 2160
 gttcaagtgg cttaaaaggc ggcttagtgg ccgatggcac ttgtgattgc tatattcgag 2220
 taggaaaaac ggggtgaatg gatacggggg cggtgaaat cctcttacgt gaaatgggag 2280
 gtgctgtgtt tgactttgct tttcaaccgc ttagctataa tcagagagaa agttttatta 2340
 atcccaattt tgtgatggtg gcgaatacag aatttgattg gcagaaaatt tttcaatttc 2400
 attcgacta ggcattattt attataagat gcgatatctt atgacctcta tttttaacaa 2460
 acggatttca ggaaaaaat gaaaattgaa gcagacaaca attgtattgt aatttttggg 2520
 gcatcaggtg atttaactta tcgtaaattg attcctgcac tgtataactt atataaaatc 2580

10

20

30

30

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	
tggt tat ttg gat aag gat gcg gca aaa tta ctg taatgcgtcg tgagattttt			4747
Trp Tyr Leu Asp Lys Asp Ala Ala Lys Leu Leu			
225	230		
caacattttt gcaaagagac ttgaaacaaa atagaccata gcgttcgttt tcaacgagtg			4807
ctgaaaatga aggtctcgt tgaaaatggc gccatttagt gggttaagctt aaggttcgtc			4867
cagacagcgc tatcaaaagg gtaaaagaat gtatcaactc tattttaatc caccaaaatc			4927
ttcatgggtca ttacgcgttt gggtgttatt gaaagaactg gcaattcctt ttgagcctaa			4987
aattgtacgt tatttggatg atttaagtga acaacgcaa caatttaagg cgttttcgcc			5047
gacttcaaaa atcccagtat tgcattgctga tgggtgtgtc atttgggaca gtttagcgat			5107
tatcgagttt ttggcagaaa gttatccgca cgtgtgggcg caagataagg cgacaagagc			5167
gtgggtcacgt tctgcttgtg ctgaaatgca ctctggcttt gaaaatttgc gtgaaatgtg			5227

10

20

30

tgatttcgcc cctttagctc gcaaaccgtt acaagaaatg cccgctgtgt taagccaaga 5287
 gctaacaagg cttaatcaat tattagaaga agggtaaca aatcacactg ggcgatttaa 5347
 tgcaaaccctc cagtgcctttt ggtcgagtac aatcctcgtt gtcttttttc cgtaatctct 5407
 atgatgactt tgccgcttat cgtgcggtgt taaatcgctt aactggcttt catagcgaga 5467
 ttaaagcggc taatcgccca agcaaattag tgctcacaga aagtcgtcat gatattggtt 5527
 ttcatgatct caacgtagag accccgcaag gaaaaacctt aattgacaag ctcaacctac 5587
 aatttctctt cggtagatgg ttattaattc aaggacattc tgggtgtaggg aaaacaacct 5647
 tgtaagaac cattcgggga ctatggcctt atgctagtgg gacaattcaa cgtccacaac 5707
 aagatactct gtttctttct caaaaacctt atttgccaca aggtcgcta ctgtatgccc 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
 cgtaattcc gcaccattca cagcaattac acattcaata acaagacagg gcgttggtga 6127
 gtcga 6132

10

20

<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

30

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

10

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

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

<220>
 <223> dnaA

20

<400> 9
 gaaccaatgc ttgccaccgg cggctctatg attgcgacaa tcgatcttct aaaagcgaaa 60
 ggctgtaaac acattaaagt gctcgtgtta gtgcgcgcgc ctgaaggcat taaagcatta 120
 gaagctgcgc accctgatat cgaattatat accgcatcag ttgatagtca cttaaataaa 180
 caaggctata ttattccagg tcttggtgat gccggtgata aaatttttgg cactaaataa 240
 tcccaacaca agcggcatct tatgcccgtt tttccggtc aatttatagc gcttacaatc 300
 ttaacagctt gaacactata aaatgaaaag ttaattcaga cagagagttg aaacttaaca 360
 tgacaaatca aaatccccct gttcttctag aacaaaatca cgcaaaacaa gccttcgttg 420
 ggctacaaat gctttttgtt gccttcggtg ctttagtcct tgttcccctg attacgggtt 480
 taaatgccaa tactgcctta ttgaccgcag ggattgggac actcttattc caactttgta 540
 ctggacgccca agtcccatt ttcttagcct ctcccttgc ttttattgca ccaattcaat 600
 atggcggtggc aacatggggc attgtacta ctatgggggg gctggtgttt actggactgg 660
 tttattttgc cctcagtacg ttagtcaaaa ttaaagggtg tgggtgctta caaaaagtct 720
 ttccgccagt agttgttggc cccgttatta tcatcatcgg tatgggactt gccctgttg 780
 ccgtggacat ggcattaggt aaaaacagca cttatcaata taacgatgcc gtattcggtt 840

30

cgatggcaac attattgaca acgttaggtg ttgcgggtgt tgctaaaggc atgatgaaat 900
 taatttcctat catgtttgggt attgtcgtcg gctatatacct ctgcttattc ttaggcttaa 960
 ttaatttcca acctgtcatt gatgcacctt ggtttagtgt gccagaaatt actacccttg 1020
 aatttaaatt agaagctatt ctttatttat tacogattgc tatcgcccca gcagttgagc 1080
 atgtcgggtgg gatcatggca atcagttcgg tgacagggaa agacttccta caaaaaccag 1140
 gattacatcg cacttiatta ggggatggta ttgcaacgag tgccgcctca ttcttaggag 1200
 gaccaccta tacaacttat gctgaagtc ctgggtcgtgt catgcttacg cgcaacttta 1260
 accctaaaat catgacatgg gcagccgttt gggcaattgc gatttccttc tgtggtaaag 1320
 tcggggcttt cctctctacc attccaacta ttgtcatggg tggcattatg atgttagtgt 1380
 ttggctctat cgcgtagtc ggtatgagta cactgatccg tggtaaagtg gatgtaacag 1440
 aagcgcgtaa tctgtgtatt atttcggtt tgatgaagtt tggcatcggg ggtatgtttg 1500
 tgaacttttg agaagtctcc ttaaaaggga ttagtttatg cgcggttgtc gcgattttac 1560
 tcaacttaat cttacccaaa gccaaaaaca cccaataga agaaaatcga taagagaaaa 1620
 ttaagggta 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 ctg 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 ctg aat tgc cta cgc aaa aat ttt act 1814
 Pro Asp Asn Asn Leu Leu Leu Leu Asn Ser Leu Arg Lys Asn Phe Thr
 45 50 55 60
 tgt cta aca caa caa ttt ttt tat att tgg ggc gag caa agc agt ggt 1862
 Cys Leu Thr Gln Gln Phe Phe Tyr Ile Trp Gly Glu Gln Ser Ser Gly
 65 70 75
 aaa agt cac ctg 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 ctg 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

10

20

30

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

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

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

aag cta taaaaaaaga ccacctcttt atcaggtgat cttctctgtc ga 2438
 Lys Leu

10

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

20

<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

30

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

10

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

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

20

<220>
 <223> dsbB

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

30

atggcattgc cttataccat cgtattatcc tgtattgggt tattgactgt ggaatatatt 780
 ttgcctggcg caaccaatgt gctcattcaa attgggttat 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 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 tgg 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 ttc gca ctc tat acc tta 1323
 Phe Ser Met Val Gln Trp Ile Val Val Ile Phe Ala Leu Tyr Thr Leu
 145 150 155
 tta ctt gct ctc att ttc atc agc caa gtc aaa cgt cta aaa ccc aag 1371
 Leu Leu Ala Leu Ile Phe Ile Ser Gln Val Lys Arg Leu Lys Pro Lys
 160 165 170
 cag cgc aga ctc ttt cat taagtcataa aaaatggtgc gataaagcac 1419
 Gln Arg Arg Leu Phe His
 175
 catttttcat ttctcggtcg gtatagatta aatttcttgc acgacaaact gcagggaatg 1479
 tcttgctaataa aatcttgctt tacgctgctt taagcgtttt aaacgtaatg cgcgtccttg 1539
 tgataaacga tataatTTTT ttgtcggttt caaaaagctt ttacgtctcg ccatactctt 1599
 cctcttattg tgtcggttacg gttgtcgcta acgtatccgt ttctttcttg atttcgttga 1659
 tgttttctat ttcgggcggt tgtgtatcta atgtttcttc aatttgtgct tgctgtaccc 1719

10

20

30

gataataatg cacaatgctg ttcatataac gacggatatt ttccacatag tgatatgctt 1779
 catagcctcg cgcatacccg tattttaacc ccgtgtaata gcgtttttct gctaatagtg 1839
 gcaaattctt cttcacatct aaccaattat cgggatcacc acctaggctc ttgggttaaac 1899
 ggcgcgcatc taacaaatgc cctaataccca tattatacgc cgctaaggca aaccaaatac 1959
 gctcatcttc tttaatcgta tcaggcattt gcgtaataag ccaatgtaaa tattctgaac 2019
 cggttttaac actttgttcc ggatccggtc tgtcttgaat t 2060

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

10

<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

20

30

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

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

<220>
 <223> exbB

<400> 13
 gaattcttga cctggtgtga ggcttttatt gacttcacac ccaattgcgc gttctttcac 60
 tttattaata aagtcacgta ccactggtaa cgccacatcc gcttctaata atgccatgcg 120
 gacttcacgt agcgtttcct taatattgtc atcagttaaa cgtccacgtc cactaatggt 180
 acgtagcggt tttgacaagc gatccgacaa attctcaaac atgcaatctt cctattttaat 240
 ctgcagaaaaa ttgccctaata tatactgaaa tcccatagat tttcatcctt tgtaataaat 300
 ttatagcgat ttcacagtga gaaagttaga atggacggag aacaaagggtg aggggaatttc 360
 aatgtggcct tcaatttttt ccggtgtttt ttatctattg agtgtcttac tcattacccc 420
 tatgttgta aaaattcaag cgggcgaacc cgcacgggtt cccaatagga tgcctttttt 480
 aacggcagca ttactcgcca ttctctgca ctttatcaat cttattcctc tttttaccga 540
 ttttaaccagc ggtcaaaatt tctcggttat cgaaatcagt tccttaatca gtgttatgac 600
 agcaacgac gccacattag cgtttttatt tcgcatacac actttatggt ttttattacc 660
 gattatttat tctttcgcca tcattaatct ggtcctcagt accttaatgc cggcgcattt 720
 tttatatcat cttaatcaag atatgggctt atttattcat gtaggcttat cactgttgac 780
 ttattcggtc tgttcgattg tcgcgtata ttccattcag ttagtttgga tcgatcgcg 840
 cttaaaaaat aaaaaactgc ctttttcacc aatgattcca ccgttaatga ccgtagagcg 900
 ccattttttt cgtttaatgc tgataggtga aatattactc acgattgtcc tcatttcagg 960
 gagctaccat ttatcgaaaa cctttgcccc acaagacac cagaaagctg ttttttcttt 1020
 ctgggcttg atagtctttg ggagtgcact ggttggcat tggaagctcc attggcgtgg 1080
 aaaaaaagtg gtgtattatg cgcttttagg tatcattctc ctgactatcg cctatttttg 1140
 tagtcgtgta atgcttgaaa tataaacaag atttatttat gctacgccat agtaaaagtg 1200
 cggttcaaaa aacgaaaaaa tgaccgcact tttcgatttt tgattaactc gcaaaaggat 1260
 gcatttttga cagtattccc cttagtaacc tctttattac actcatcatc ttattgatca 1320
 tctctgctta tttttcaggc totgaaaccg gtttggtgtc tgccaatcgt tatcgactac 1380
 gccatttagc cgaaaaaggg catagagggt cgaaaaaagc ggaaaaatta ctgaaaaaaa 1440
 cagatgtttt gcttagcctg attttaattt gtaataactt agtcaatatt actgcttctg 1500
 ccattaccac gattatcggc atgcgcttat atggcgatgc gggagtcgcc attgcaactg 1560
 gggcattaac ctttgtgatg cttatttttg ccgaaattti gccgaaaact atgcgcgccc 1620
 gttatccaga aaaagtggca ttcacgtcca gtcatttggt gtccgttttt ctgcgacttt 1680

10

20

30

```

ttaccccgct ggtctattta atgaatttaa ttattcaggg gattttggca ctattacgtc 1740
taaaatcaga taataaatca acctcattaa gccagagga attacgttcc atcgtaaag 1800
aatcaggtaa atttattcct tccgcccacc aagaaatgct gttatctatt ttggatttag 1860
aaggggtcac cgtagatgac attatgggtgc cacgtaatga cattgggggt attgatattg 1920
acgatgattg gaaagccatt atgcgtcaac ttaaccatgc agcgacggg cgtgtgtac 1980
tgtataaagg aaatatggat gaaaatattt tggggatgtt acgtgtacgt gaagcctatc 2040
gcttaatgct cgataaaaat gaatttaaca aagaaacttt aatccgtgcc gccgatgaag 2100
tgtattttat tcttgaaggc acgccactga atagccaatt attaaatttc cgcaacaata 2160
aagaaaggat tggtttagtt gtagatgaat atgggtgatat taaaggctta gtcaccttag 2220
aagatatctt agaagagatt gtcggatgaat ttaccacttc aacagcccca tcaattaacg 2280
atgaagttat cccacaatca gacggttcgc ttatcattga gggatccgcc aatttacgtg 2340
atttgaataa attatttgac tgggaatctcg ataccgaaga tgcacgtacc ttcaacggct 2400
taattttaga gcatttagaa gaaattccag aagaaggaaac ggtatgtgaa attaatgggc 2460
tacaatcac gattctagaa gtgaatgaca acatgattaa acaagccaaa gtcattaaac 2520
tttaattcaa catctggcta agcgatgtca tcaagacatc gcttttttat tccgtacatg 2580
aatgtttgat ccaacacaac atttattcaa cattggataa ataatcatcc taaatcgac 2640
gaattttcta tttaccccgct ttttggcttt tgcataaatc 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

```

10

20

30

```

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 Ala
      150

atcaacatta tcccttttat tgacatcatg ttggtactat tggctatcgt tctgattaca 3301

gcctctttta tttcacaagg taaaatccaa gtgaatgtac caaaagcaag ttcaacagtt 3361

gcgttttcgtt cagatgattt agccaaattg ctgactatta cggaaagcgg tgaaattttt 3421

tatcacgata aaccgattac gatagaggca ttggaacaag aaatcagtaa ttgggaaaaa 3481

gatcaaaaaa tcaccttgaa ggtagatgca aaatccagtt tccaagattt cgtttctatc 3541

actgatatta tggctaaaaa tgaaattaaa aatgtcgtta tctgtacggt taaagaaaag 3601

gcatctcaat gatagataaa agtcgttctt gcacgagggt tgcaatttca ttgctttttc 3661

acgcaagttt tgtctctttc ctgtattgga ttgtacaaaa agacgatgac agcgcgaatg 3721

gatttgctgc cgatatcatt tcaactcata ttccatgga aatgctggcg gctaccgttt 3781

tagaagaacc agagccggaa ccagagccgg cgctccgggt agtagaacct gaactgccaa 3841

aagaagtagt cgcagatccg acggtaaaaa ctgagccacc aaaagaaccc gaaaaaccaa 3901

aagagcctga aaagccaaaa gagaaaccga aagaaaaaac aaaagaaaag ccgaaaaaac 3961

cgaagaaaga acaacgtgat ttaccaaagt cagatcgcca aattgattct aattcatcga 4021

tcaatcaaca agcgaccaca acaggcaaca tcacaaccaa taatccgaat ctggtcggta 4081

aaggtaatag cacagatgaa gtcaatgctt atcgctcggc ttacgcgaga gaaattgaaa 4141

aacataaacg ctatccaaac cgtgcacgca tgatgcgcaa acaagggtgtg gtaacaatca 4201

cgttccatct taataatgcc ggcgtaatta gtaatgcgcg aatcagcaaa tcttccggct 4261

cagaagaatt agataacgct gcactggtag ctgtcaataa tgcccgcca attggtccac 4321

tgctgtttgg tatgccaaat gaagtgcgcg ttctgtcag ttccagaatc acaaattaaa 4381

aaagtgcggt aaaatttacc gcactttttt ctctctatta gaatt 4426

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

```

10

20

30

<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

10

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

20

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

<220>
 <223> fhaB1

<400> 15
 agatgctga tctgacctt caactcagca aaagttcgat ttattcaaca aagccgcgt 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
 ttccctcgt caaaaataag gttatcaagt gagaaatcac catgagtgac gactgaatcc 360
 ggtgagaatg gcaaaagctt atgcatttct ttccagactt gttcaacagg ccagccatta 420
 cgctcgtcat caaaatcact cgcacaaacc aaaccgttat tcattcgtga ttgcgcctga 480
 gcgagacgaa atacgcgatc gctgttaaaa ggacaattac aaacaggaat cga atg 536

30

30

230	235	240	
caa aaa gcg atg gca caa gtg ttt ggt gca gag tgg cat agt aaa tcc Gln Lys Ala Met Ala Gln Val Phe Gly Ala Glu Trp His Ser Lys Ser 245 250 255	1304		
tat gat gag atg cga aac aaa tgg aaa agc ttt aaa gaa aat cca aca Tyr Asp Glu Met Arg Asn Lys Trp Lys Ser Phe Lys Glu Asn Pro Thr 260 265 270	1352		
gat ttc att tat tac cca tca gaa aaa gca aaa atc cta gcg gga aaa Asp Phe Ile Tyr Tyr Pro Ser Glu Lys Ala Lys Ile Leu Ala Gly Lys 275 280 285	1400		
cta gaa ggt aag ctt aca acg cta caa aat ggt gaa tat gcc gaa cgt Leu Glu Gly Lys Leu Thr Thr Leu Gln Asn Gly Glu Tyr Ala Glu Arg 290 295 300 305	1448		10
ggt aag ttt gat gag agt atc caa att ggt aaa cac caa tta tcg cta Gly Lys Phe Asp Glu Ser Ile Gln Ile Gly Lys His Gln Leu Ser Leu 310 315 320	1496		
cca tca gta gag ctt aaa gcg gag ttt agt gat aaa gaa cgt ttg gaa Pro Ser Val Glu Leu Lys Ala Glu Phe Ser Asp Lys Glu Arg Leu Glu 325 330 335	1544		
gag gac ggg gta gat tta tcc tcg atc gcc gaa ctc tta gaa atg cca Glu Asp Gly Val Asp Leu Ser Ser Ile Ala Glu Leu Leu Glu Met Pro 340 345 350	1592		
aac tta ttt att gat aat agt atc caa tta gaa aag aaa aag ttg tct Asn Leu Phe Ile Asp Asn Ser Ile Gln Leu Glu Lys Lys Lys Leu Ser 355 360 365	1640		20
cct att gag gat cta gat gaa gaa cca cgt aaa aat ctg gat ata gaa Pro Ile Glu Asp Leu Asp Glu Glu Pro Arg Lys Asn Leu Asp Ile Glu 370 375 380 385	1688		
gaa agc cat tct aat tca tcg gat gac gtg ctt agc atg aat gat gat Glu Ser His Ser Asn Ser Ser Asp Asp Val Leu Ser Met Asn Asp Asp 390 395 400	1736		
gag tct gat aca gac gat agc aag tgg agt atg ggc aat gat gag aaa Glu Ser Asp Thr Asp Asp Ser Lys Trp Ser Met Gly Asn Asp Glu Lys 405 410 415	1784		
gag atg ccc gat gat aag ctg ggt ata agt cgt gat gat cgt gga aat Glu Met Pro Asp Asp Lys Leu Gly Ile Ser Arg Asp Asp Arg Gly Asn 420 425 430	1832		30
aaa cca cct cgt act gat cct aca gtt gat tat ctt aac cct gat gaa Lys Pro Pro Arg Thr Asp Pro Thr Val Asp Tyr Leu Asn Pro Asp Glu 435 440 445	1880		
ttc ttt gaa aat ggt tat ctc ttg aat gag cta cta cag gag ctt gga Phe Phe Glu Asn Gly Tyr Leu Leu Asn Glu Leu Leu Gln Glu Leu Gly 450 455 460 465	1928		
gaa gag ccg tta cta aaa gaa ggg gaa gat cat ttt aaa cgt tct acc Glu Glu Pro Leu Leu Lys Glu Gly Glu Asp His Phe Lys Arg Ser Thr 470 475 480	1976		

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 Lys 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 Val Glu Ile Ala 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 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

10

20

30

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

10

20

30

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 Thr 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 Glu 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

10

20

30

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

10

20

30

cgg acg gtt aat caa caa gca ggg att aaa gcg aat aaa att aca ggg 5000
 Arg Thr Val Asn Gln Gln Ala Gly Ile Lys Ala Asn Lys Ile Thr Gly
 1475 1480 1485

caa acg cat gac tta aat ctt gag ggg gga tat ctt gtc agc aac gat 5048
 Gln Thr His Asp Leu Asn Leu Glu Gly Gly Tyr Leu Val Ser Asn Asp
 1490 1495 1500 1505

aag gat aat cag ctg aaa gtt acc ggc gat gtc aca act aaa gcc ctt 5096
 Lys Asp Asn Gln Leu Lys Val Thr Gly Asp Val Thr Thr Lys Ala Leu
 1510 1515 1520

cac gat caa cat gat aaa gat ggt gga aca ttt ggt tta tct gtg ggt 5144
 His Asp Gln His Asp Lys Asp Gly Thr Phe Gly Leu Ser Val Gly
 1525 1530 1535

atc agt gaa cgt ggt act acc gcc ttt aat gta cga ggt ggg cga gct 5192
 Ile Ser Gln Arg Gly Thr Thr Ala Phe Asn Val Arg Gly Gly Arg Ala
 1540 1545 1550

gaa cag aaa cac tat aat gca acg cag aaa tcc act ctt tct ggc gtg 5240
 Glu Gln Lys His Tyr Asn Ala Thr Gln Lys Ser Thr Leu Ser Gly Val
 1555 1560 1565

gat acc tct caa gcg aat gta tca ggt caa gtg aat aca gat tta acc 5288
 Asp Thr Ser Gln Ala Val Ser Gly Gln Val Asn Thr Asp Leu Thr
 1570 1575 1580 1585

aag gca aaa gct gtc aca cgt gat gat act tac gca agt acg caa ttt 5336
 Lys Ala Lys Val Thr Arg Asp Asp Thr Tyr Ala Ser Thr Gln Phe
 1590 1595 1600

agt ttt gaa gtg gca gat att gtg gaa tta gga cag aga gcg aaa aac 5384
 Ser Phe Glu Val Ala Asp Ile Val Glu Leu Gly Gln Arg Ala Lys Asn
 1605 1610 1615

aag ctg tca gca cca aac aat gac acc gat atg gcg tca ggc tcc aca 5432
 Lys Leu Ser Ala Pro Asn Asn Asp Thr Asp Met Ala Ser Gly Ser Thr
 1620 1625 1630

tta cgc tcg cgt tct act aca gaa gaa gca gat gta cca aca aca aga 5480
 Leu Arg Ser Arg Ser Thr Thr Glu Glu Ala Asp Val Pro Thr Thr Arg
 1635 1640 1645

tcg cgt gta acg gat gag gcg gat tct gta tcc gtg aaa aat ccg att 5528
 Ser Arg Val Thr Asp Glu Ala Asp Ser Val Ser Val Lys Asn Pro Ile
 1650 1655 1660 1665

tat gaa agt gca gat gct gtt gta cca aca cca cgt agt aga aat gtg 5576
 Tyr Glu Ser Ala Asp Ala Val Val Pro Thr Pro Arg Ser Arg Asn Val
 1670 1675 1680

gac agt acc gat ctt gtg gac aat cca ctg tat gct agt gcc act aca 5624
 Asp Ser Thr Asp Leu Val Asp Asn Pro Leu Tyr Ala Ser Ala Thr Thr
 1685 1690 1695

aaa gca aac atc cat gat tat gaa gaa att cca gcc gtt tat agc aaa 5672
 Lys Ala Asn Ile His Asp Tyr Glu Glu Ile Pro Ala Val Tyr Ser Lys
 1700 1705 1710

gtc ggt gat aac aat gct gat ctt gtt cgt cat aaa acg gca act agt 5720
 Val Gly Asp Asn Asn Ala Asp Leu Val Arg His Lys Thr Ala Thr Ser

10

20

30

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 1745			5768
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
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
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
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
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 1825			6008
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
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
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
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
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 1905			6248
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
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
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
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

10

20

30

gat gcc gtt cgt caa tca gca ctc gcg tgg caa gaa gga aaa tgg gct 6488
Asp Ala Val Arg Gln Ser Ala Leu Ala Trp Gln Glu Gly Lys Trp Ala
1970 1975 1980 1985

aac gat ggt tgg gtt gaa gta gaa aaa cat acc ttg cgt cac cgt cgt 6536
Asn Asp Gly Trp Val Glu Val Glu Lys His Thr Leu Arg His Arg Arg
1990 1995 2000

tat gcc aat gtg ttt gct gtg ggt gat gtg gca ggg gtc cca aaa ggc 6584
Tyr Ala Asn Val Phe Ala Val Gly Asp Val Ala Gly Val Pro Lys Gly
2005 2010 2015

aaa acg gct gcc agt gtc aaa tgg caa gtt cct gtt gca gtg gca cat 6632
Lys Thr Ala Ala Ser Val Lys Trp Gln Val Pro Val Ala Val Ala His
2020 2025 2030

tta ctc gca gaa tta gag ggc aaa cct tgt gat gaa att tac aac ggt 6680
Leu Leu Ala Glu Leu Glu Gly Lys Pro Cys Asp Glu Ile Tyr Asn Gly
2035 2040 2045

tat aca tct tgt cca tta att act caa tta gga aag ggg atg cta gta 6728
Tyr Thr Ser Cys Pro Leu Ile Thr Gln Leu Gly Lys Gly Met Leu Val
2050 2055 2060 2065

gaa ttt gat tat aac aac cac tta aca cct tct ttc ccc ggt gta ata 6776
Glu Phe Asp Tyr Asn Asn His Leu Thr Pro Ser Phe Pro Gly Val Ile
2070 2075 2080

gcg cca tta gaa gaa ctg tgg gca aca tgg gca att aaa aca tta ggt 6824
Ala Pro Leu Glu Leu Trp Ala Thr Trp Ala Ile Lys Thr Leu Gly
2085 2090 2095

tta aaa ccc act tat tta ggt atg tta cgt gga tta gct taaggagcgt 6873
Leu Lys Pro Thr Tyr Leu Gly Met Leu Arg Gly Leu Ala
2100 2105 2110

tga 6876

10

20

<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

30

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

10

20

30

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

10

20

30

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

10

20

30

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

10

20

30

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

10

20

30

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

10

20

30

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

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

<220>
 <223> fhaB2

<400> 17
 gtcgaccttg cgggtgaaaa 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
 ccaacccgtt ttagagataa aacaatgtta tcagtcctac ccaatttaat cggaaatcgc 300
 ttaagtattc acgacattga ccagttgacg gaaatcttaa atactacgaa taaaaaagcc 360
 acagtgaatg tgggtgcaag tgaagaaaaa ggcagctcaa atctaaatat tgaaagacaa 420
 tatgatgttt ttccgcaagt gagtgtcgga ttcaataatt caggtgctgg caataatgcc 480
 aatgggcgta atcaagctac attgaatatt gcttggagtg atctattagg cacgaatgat 540
 cgttggagtt tctcgagtag ttaccgttta tataaaaaac atcatgctaa ccagcaacgc 600
 aattatactt tgtcttacag tcagcctata ggcttttcta cagtagaaat taaagcatcg 660
 gaatctacgt atgaaaaaga acttcgcggt ataaatactc attcttctca tgggaaaacc 720
 caaagcttag ctgtcaagct gatgcatgtg ttattgcgta ataaggagag tattttatct 780
 acatataccg agttcgagtt taaaaaacgg attagttatt ttctcgatat ttgtattggg 840
 aaatatcaca ataataaagt gagcgtaggg ttatcttaca tgactaattt tgcttacggg 900
 aagcttttaca gcgacattgc ttacgcgaat gggttgagat ggtttggggc gaattattca 960
 gcatatgatg caaatcgtga aaaaacctta aaattattgt caggaagtat taattggcag 1020
 cgtccaatat ccctgtttga acgtgcgatg aattatcaat tacgtattgg tgcccaatat 1080
 ggttttgata gtttgtattc tgaaaatcaa ttttcaattg gtgatgaata tacagtaaga 1140
 ggattttaaag gtggtgcggt ttctggtgat agtgggtcgt atttatcaca aacactgacg 1200
 gtctcttttt atccacaaaa agcatattta tctcaggtat ccccttttat tggatttgat 1260
 atgggtaaaag tacatattaa atcaaagcat aaaacaacca ctttagtcgg ttttgccta 1320
 ggcttgaaaa cgcaataaaa gttattttca ttatcattaa cctatgcaca accaatgaat 1380
 ggtgtgagtg gtgttacgca acatcgtcaa aaaccgattt attatttctc aggatcactt 1440

10

20

30

```

tctttttaat ctcttttaag tttaaggatt 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 Pro Phe Leu Leu Gln Gln Tyr Ser Leu
40 45 50

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

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

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

tta aca gtg att gat aat agc gat cat att aaa tta gat gca tct aat 1832
Leu Thr Val Ile Asp Asn Ser Asp His Ile Lys Leu Asp Ala Ser Asn
105 110 115

ctt gct ggt aat gat aaa aca aaa atc tat caa gca gaa aat aaa gtt 1880
Leu Ala Gly Asn Asp Lys Thr Lys Ile Tyr Gln Ala Glu Asn Lys Val
120 125 130

ctg gtt att gat att gct aaa cca aat ggg aaa ggg att tca gat aac 1928
Leu Val Ile Asp Ile Ala Lys Pro Asn Gly Lys Gly Ile Ser Asp Asn
135 140 145 150

cgt ttt gaa aaa ttt aat att cca aat agc gcg gtg ttt aat aat aat 1976
Arg Phe Glu Lys Phe Asn Ile Pro Asn Ser Ala Val Phe Asn Asn Asn
155 160 165

ggg act gaa gcg cag gca aga tca aca tta att ggt tac att ccg caa 2024
Gly Thr Glu Ala Gln Ala Arg Ser Thr Leu Ile Gly Tyr Ile Pro Gln
170 175 180

aat caa aat tta agg gga ggg aaa gaa gct gat gtt ata tta aat caa 2072
Asn Gln Asn Leu Arg Gly Gly Lys Glu Ala Asp Val Ile Leu Asn Gln
185 190 195

gtg aca ggt cct caa gaa agt aaa att gtt ggc gcg ctt gaa gta tta 2120
Val Thr Gly Pro Gln Glu Ser Lys Ile Val Gly Ala Leu Glu Val Leu
200 205 210

ggt aaa aaa gct gat atc gtc att gca aac caa aat ggt att acc tta 2168
Gly Lys Lys Ala Asp Ile Val Ile Ala Asn Gln Asn Gly Ile Thr Leu
215 220 225 230

aat ggt gta aga aca ata aat tca gat cgt ttt gtt gcc act acg agt 2216

```

10

20

30

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

10

20

30

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 Lys 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

10

20

30

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

10

20

30

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

10

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

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

<220>
 <223> fhaC

20

<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

30

tta aat act acg aat aaa aaa gcc aca gtg aat gtg gtt gca agt gaa	384
Leu Asn Thr Thr Asn Lys Lys Ala Thr Val Asn Val Val Ala Ser Glu	
115 120 125	
gaa aaa ggc agc tca aat cta aat att gaa aga caa tat gat gtt ttt	432
Glu Lys Gly Ser Ser Asn Leu Asn Ile Glu Arg Gln Tyr Asp Val Phe	
130 135 140	
ccg caa gtg agt gtc gga ttc aat aat tca ggt gct ggc aat aat gcc	480
Pro Gln Val Ser Val Gly Phe Asn Asn Ser Gly Ala Gly Asn Asn Ala	
145 150 155 160	
aat ggg cgt aat caa gct aca ttg aat att gct tgg agt gat cta tta	528
Asn Gly Arg Asn 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 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 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 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 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	

10

20

30

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

10

20

30

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

10

<210> 20
 <211> 482
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

20

<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

30

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

10

20

30

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
 gtaacaaaac ggcaaccact tcggcaaaaa gcgattgcgc ttgtgttctg ctctaagctc 60
 aagcgttggg atcgcgcgaa ttgcgttgac cactgggtgag atcgggggtca cctgtaaaaac 120
 gtacgataag atcgccatgc atttcattgt tttttatttt tccattgggt aatagactgg 180
 tttcaaattg aaattgggtca cttagtacga gtttggcggg taaggcgggt agcacttttt 240
 gtgtactggc gggtaacata aaggtaactgg cttgggtgcgc tacaattttt tcattacgat 300
 ttaagttttt agccacaaaa cctaggctgg tcccttcggg taaatgagcg ttgatttcag 360
 caagatcaat ctacgcataa ctgaaatgac tgacgagtaa actacatata agtatcggtc 420
 gtttgaaaag gcgtaaaagc gtggcagtaa aaaaagaaga tattttatac ataattggct 480
 cgagcagttg ctattttttt attgtogaac aataatagta tttgaaccct cgagagtaaa 540
 tcctttttctc gttaaactact ttttttttta 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 ctc gat ttt ttg aaa 704
 Thr Ile Arg Gly Ala Glu Gln Leu Arg Gln Glu Leu Asp Phe Leu Lys
 10 15 20

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

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

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

10

20

30

```

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

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

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

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

gcccaagatc ttggcgtaac acaaacgtta attgacactt ccgtcattaa agcgattacg 1102
caaaatgcct taatggacga acaggcaaga attgagcaac atggcagtac accgaatact 1162
ttcgttga                                           1170

```

10

```

<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

```

20

30

```

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

```

```

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

```

<220>

<223> guaB

<400> 23

```

aacacatgaa cctcttcccc aaaatacgca tccatatctc gccaatcttg gcgaaatgct 60
tcatcaattc ctgcttggtc aaaatgttgt aaacgtgcaa tcaacttttt acctaatctt 120
gcgatcaatt tattccgata aatcgttggc aatacttcaa tcagctctgc ccaaggttga 180
tcaatttgct gtgtttgttt tgggaaagac aaattaatgc caaagccaat cagcagatta 240
tgttgattat tctgacgatt ggcgatttcg accaaaatcc ctgctaattt gcgccccatgt 300
aatagcacat catttggcca ttttaatcca atgttcaaag cacctgcttg ctttagcggt 360
tctgcgattg ccatacccac tactaaactc aagccttcta aattgacctt ttggtcacat 420
gcccaataca aactcataat cacttgctca gcaaaaggag aaagccattg acgaccacgt 480
cgtccacgtc ccgcagtttg atattctgct aagcaaatag cgcttttttc caaatgtgca 540
atattgtcaa gcaagaattg attggtcgag ttaataatcg gcttaataata aagtgggtaa 600
ggtgctaacg cttgcgtcaa ataagattca ttaagcgac ttaattgagg tatgagacga 660
aaatgttggc cttgctgttc tatttgtatc ccttggtgtt tcaatttttc gatatttgtt 720
aagatatctt gttctgaata acctaaaagt gcagtcaatt ctgctaaaga aagttgttga 780
tagctagcga gtaatgcaag tacgttttgc ataaaaatcc ttatttatat aaccaaagag 840
aggcaactta ttatagacaa tgattttctc gaaaatcgat aaaaaaatcc attttcaaac 900
agcaacgaaa tctgtataat gcgaccgcaa tattttttac ctttttattt ttcatatcaa 960
cctaagagag aatattgca atg tta cga gta ata aaa gaa gca tta acc ttc 1012
          Met Leu Arg Val Ile Lys Glu Ala Leu Thr Phe
              1             5             10

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

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

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

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

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

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

```

10

20

30

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

10

20

30

tcg aaa gcc att gcg gcg ggc gcc tct tgt gtt atg gtg ggt tcc atg 2068
 Ser Lys Ala Ile Ala Ala Gly Ala Ser Cys Val Met Val Gly Ser Met
 350 355 360

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

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

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

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

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

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

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

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

ttaggtgggg attatcccca cctaagttaa ttttaataaa caacgttaat agagaagcctt 2510
 atttttatgt atggcattaa aattaaaaat gttattaaac tttttctatt aaagttttta 2570
 agaaataaat atcgatataa aatcaatatt caacatcatc tcattagtat tgaaggaaaa 2630
 tgcggtgagt ttgatttaag ccagctaaac tatgttttatt tggtgaaaga tcttgagata 2690
 agaaataatc gactgacact gtacttgaat gatTTTTTca aaattggggg aaattatcat 2750
 ggatttactc aaatgtatca gacactatca tccaagtatg gttttgatga cgcaacgttt 2810
 tttgaatatac tttgtaagaa agggcctttt tctattcaaa tttggcgtaa aaaacaaact 2870
 caaaattatg tgattcttga tgaagcctat actgactata cacaagggtt tgaattcaa 2930
 tctcctgaaa aaatatttat tcttggggg actacttatg aagccttatt tcagcagaca 2990
 caatttaaag aaaaaggaat ctcttatgac tttatcttcc ctattcggat agggcggtta 3050
 ttaactcaagg atgtgtggat cacaccaagt gtccgaaaag atgtaccgat tttagcgtaa 3110
 tacactgagt gctatcatga atccgcgaca gaaaaaagtt atcaggaatt aaccgcgcga 3170
 ttacgtgaga accaacagtt aatcagatca tgtgttgaag aacgagccga tccgaaatta 3230

10

20

30

tataagtctg ttttacgcct taacgcgaca gaatttgaat tgcgttatta tcgacatata 3290
 cgagacgatt ttgatagggg atacactaaa ttcagcatta gagatacgac agactattta 3350
 gattatgtga tcaacgagcc ttatgaaaaa caattagtga taacggatta tttagtgtatt 3410
 gaggcgcaaa atttaataaa aatggattat accgataatt ccattattaa acgccgacca 3470
 ccaaaaaataa aagaaaagtt tcgtgatgca caaagcctga tttggacaga tgatctcaat 3530
 cataaaatcg gttttaccag tgatgaccgc gctatcgtct ttgataaagc ggacattgaa 3590
 tcctttactc tggcaaatat agagacaacc cgaagacata atcgcagttc actcagcatc 3650
 tgttttgtgg ataaaaataa ggaagccatc actgtatttc tagctgaaca tcattttctg 3710
 ataccctatg tggataaaat aaaaacactg acacaaaaag aggtgttggt tcttgaagaa 3770
 tatatagagg atgtttaaaa aaccgataac atcctgatgt catcgcaaat tcaaactcct 3830
 tttacacaat atattttaa accttaaccga tttaattttt acgtaaaaac aactaagaga 3890
 acttaaatga acaacattca caaccataaa attttaattt tggacttcgg ttcacaatat 3950
 acccagttga ttgccgcgcg tgtacgtgaa attggcgtgt actgcgaact ttgggcatgg 4010
 gatgtatccg aagccgatat tcgtgagttt aatccaactg ggattattct ttctgggtgg 4070
 cctgaaagta ccactgaaga aaacagccca cgagctcccg aatacgtatt caacgccggt 4130
 gtaccctgat tagggatctg ttatggtatg caaacatgg cgatgcaact aggtgggtta 4190
 actgaaactt ctactcaccg agaatttggg tatgcatcag tgaatctaaa agccgcggac 4250
 gcgttatttg ctcaattaaa tgatgatgtc gcaagttcac agcccaaatt agacgtttgg 4310
 atgagccatg gcgataaagt gacgcgtttg ccagatcatt tccaagtcac cgcaatgacc 4370
 tcaacctgtc caatcgagc tatgtcggat gaacgtcgtc gtttttatgg tgtccaattc 4430
 caccagaag tgactcatac aaaaagcggg cttgaattat taacgaattt tgtggtgaag 4490
 atctgtggtt gtgaacgtaa ctggacacca gaaaatatca ttgaagatgc cgttgctcgt 4550
 cttaaagcac aagtgggcca tgatgaagtg attttaggct tatctggtgg cgtttaactgc 4610
 cgtataggca gcttagaaaa agtgctccgc ctcacgttaa tccccgtaag cgttga 4666

10

20

30

<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			

10

20

30

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

10

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

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

20

<220>
 <223> Hii501

<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

30

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 Asp 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 Ala Glu Phe Leu Glu Leu 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

10

20

30

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 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 accaaccgcaa 1868
 Gly Gly Thr Asn Val
 545
 gccattgagt ttttacataa taaaaaatta cttgcaacga aagtgtttta aaaatcactg 1928

10

20

30

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

10

<210> 26
<211> 546
<212> PRT
<213> Pasteurella multocida

<400> 26
Met Ala Lys Lys Lys Lys Lys Leu Gln Gln Ala Lys Lys Val Gln Val
1 5 10 15
Gly Leu Asp Thr Gln Thr Asn Glu Ala Arg Val Thr Glu Thr Gly Arg
20 25 30
Ile Ile Ser Asp His Pro Ser Asn Lys Ile Thr Pro Ala Lys Leu Lys
35 40 45
Gly Ile Leu Glu Asp Ala Glu Gly Gly Asp Ile Thr Ala Gln His Glu
50 55 60
Leu Phe Met Asp Ile Glu 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

20

30

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

10

20

30

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 ctg 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 ctg 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 tgg act atg tgg 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 ctg gga ttg ggc ggt cgg 577

10

20

30

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 tgg	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 ggt ttt agg gtt ccc cgt gtt gaa gat ctt tat	769
Tyr Arg Leu Ser Thr Gly Phe Arg Val Pro Arg Val Glu Asp Leu Tyr	
245 250 255	
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	
305 310 315 320	
tat aat agg act tat gga tat tgc acg cat aat act tat gta atg ttt	1009
Tyr Asn Arg Thr Tyr Gly Tyr Cys Thr His Asn Thr Tyr Val Met Phe	
325 330 335	
gtt aat gaa cct gaa gcc gtg att aaa ggg gtt gaa gta agc ggt gct	1057
Val Asn Glu Pro Glu Ala Val Ile Lys Gly Val Glu Val Ser Gly Ala	
340 345 350	
tta aat ggg tgg gca ttc gga ctt tcc gac ggt tta act ttc cgt ctc	1105
Leu Asn Gly Ser Ala Phe Gly Leu Ser Asp Gly Leu Thr Phe Arg Leu	
355 360 365	
aaa ggg agc tac agc aaa ggt caa aat cat gac ggc gat ccg tta aaa	1153
Lys Gly Ser Tyr Ser Lys Gly Gln Asn His Asp Gly Asp Pro Leu Lys	
370 375 380	
tct att caa cca tgg aca gtg gta acc ggt att gat tac gaa act gaa	1201
Ser Ile Gln Pro Trp Thr Val Val Thr Gly Ile Asp Tyr Glu Thr Glu	
385 390 395 400	
ggg tgg agc gtg agt ttg agc ggg cgt tat agt gcg gct aaa aaa gcc	1249
Gly Trp Ser Val Ser Leu Ser Gly Arg Tyr Ser Ala Ala Lys Lys Ala	
405 410 415	
aaa gat gcg ata gaa acg gaa tac aca cat gat aaa aag gtt gtc aaa	1297
Lys Asp Ala Ile Glu Thr Glu Tyr Thr His Asp Lys Lys Val Val Lys	
420 425 430	

10

20

30

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

10

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

20

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

30

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

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

10

20

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

<220>
 <221> CDS
 <222> (1078)..(2769)

30

<220>
 <223> hxC

<400> 29
 gtcaacaaca aagcgacacag gcattacttc atgccacaca catcatacag aaagtacgta 60
 ccgatttaac gcaaattaat gccgtcaaca ttcattctttt cctatcataa agcggttcat 120
 catggctagc attctagcaa aaattagttg aggaaaatag cgggtcttgtt ttgcttaaaa 180
 aacaacccac ccgtagggc acggctgttt ctttttgaga aattacgctt cttcatcttg 240
 atcttttttc aagatctcat cttcattgag ttttaaaaga cgggcaatcg cattgcggta 300

```

ggagatttca aggcctttctc gactagtagc aatgacacct tgatcgatta agaaaccgtc 360
attgacatca taaacccaac catgtaatga gagtttttcc ccatttttcc acgcggattt 420
aatgattgac gagcgaccta agttataaac ttgctctgcg acgttaattt tgcgcagcat 480
atcagcccgt ttttcaggcg gtaaattgcc aagtaaataa ctatgottat accaaatata 540
gcgtaagtgg agtaaccagt tattaattaa acctaaatct tgatcogcca ttgcggcttt 600
aattccacca cagtttgtat gtccacaaat aataatgtgt tcaatattta agacctcaac 660
ggcatattgc acaacagata aacagtttaa atcggtgtga atgacttgat ttgcaacatt 720
acgatgcaca aacagctcac ccggtcctaa atttggtaat tttctctcag gaacacggct 780
atccgagcaa ccaatccaaa gatagctcgg gggttgatga tcagccaatt ctttaaagta 840
agaggagttt tctcttttca tccgtaacgc ccagctataa ttattggcaa aaagttgttc 900
aattttttcc attagagtga ttcctatacc gcaaaaaataa gggggctagt atagcttaga 960
aatagacagt gggtaaagaa aggcacaaaaa ttgtatagga taacttgttt tttattgcca 1020
tttatttaga attagaatct ttaataataa aaataattat cattaagggtt aatagtt 1077
atg gat aaa aat tta atg aag gga tgt gta ttc tta tca ata gtc ggt 1125
Met Asp Lys Asn Leu Met Lys Gly Cys Val Phe Leu Ser Ile Val Gly
  1           5           10           15
tgc ggt atc caa ata ggg cta gca tca aat cca aat cct cca gat gtg 1173
Cys Gly Ile Gln Ile Gly Leu Ala Ser Asn Pro Asn Pro Pro Asp Val
      20           25           30
gat gag tta tta cct att att gtg aat gct gat gaa gat aat aaa tta 1221
Asp Glu Leu Leu Pro Ile Ile Val Asn Ala Asp Glu Asp Asn Lys Leu
      35           40           45
cca ggt cgt tct gta tta aaa cag aaa aat atc gat caa caa caa gca 1269
Pro Gly Arg Ser Val Leu Lys Gln Lys Asn Ile Asp Gln Gln Gln Ala
      50           55           60
gat aat gcc gct gac tta ata aat att tta cct ggg gta aat atg gcg 1317
Asp Asn Ala Ala Asp Leu Ile Asn Ile Leu Pro Gly Val Asn Met Ala
      65           70           75           80
gga gga ttt cgc cct ggt ggt caa aca tta aat att aat gga atg ggt 1365
Gly Gly Phe Arg Pro Gly Gly Gln Thr Leu Asn Ile Asn Gly Met Gly
      85           90           95
gat gct gaa gat gtt aga gtt caa cta gac ggc gca aca aaa agt ttc 1413
Asp Ala Glu Asp Val Arg Val Gln Leu Asp Gly Ala Thr Lys Ser Phe
      100           105           110
gaa aaa tat caa caa ggc tct att ttt att gaa cct gag tta tta aga 1461
Glu Lys Tyr Gln Gln Gly Ser Ile Phe Ile Glu Pro Glu Leu Leu Arg
      115           120           125
aag gtg aca gta gac aaa gga aat tat tct cct caa tat ggc aat ggt 1509
Lys Val Thr Val Asp Lys Gly Asn Tyr Ser Pro Gln Tyr Gly Asn Gly
      130           135           140

```

10

20

30

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

10

20

30

385 390 395 400
 cag cct tat tat atg cct tct gga cgc cag tat aca caa gca ttt tat 2325
 Gln Pro Tyr Tyr Met Pro Ser Gly Arg Gln Tyr Thr Gln Ala Phe Tyr
 405 410 415
 tta caa gat caa ata aaa tgg cag aat ttc ctc ttt aca gga ggg ata 2373
 Leu Gln Asp Gln Ile Lys Trp Gln Asn Phe Leu Phe Thr Gly Gly Ile
 420 425 430
 aga tat gac cat atc aat aat ata ggg cag aaa aat tta gcg cca cga 2421
 Arg Tyr Asp His Ile Asn Asn Ile Gly Gln Lys Asn Leu Ala Pro Arg
 435 440 445
 tat aat gat atc tct gca gga cat gat tat agc cag aaa aat tat aat 2469
 Tyr Asn Asp Ile Ser Ala Gly His Asp Tyr Ser Gln Lys Asn Tyr Asn
 450 455 460
 ggt tgg tct tat tat tta ggt ctt aag tat gat gta aat cat tat tta 2517
 Gly Trp Ser Tyr Tyr Leu Gly Leu Lys Tyr Asp Val Asn His Tyr Leu
 465 470 475 480
 agt tta ttt acg aat ttt agt aaa act tgg cga gcc cct gtt att gat 2565
 Ser Leu Phe Thr Asn Phe Ser Lys Thr Trp Arg Ala Pro Val Ile Asp
 485 490 495
 gaa cag tat gag aca caa tat agt caa gct tct gta tct gcg act tct 2613
 Glu Gln Tyr Glu Thr Gln Tyr Ser Gln Ala Ser Val Ser Ala Thr Ser
 500 505 510
 tta aat tta gaa aaa gaa atg att aat caa acc aga gtg ggt gga att 2661
 Leu Asn Leu Glu Lys Glu Met Ile Asn Gln Thr Arg Val Gly Gly Ile
 515 520 525
 att act ctc aat cat cta ttt cag gaa aat gat gct ttt caa ttt aga 2709
 Ile Thr Leu Asn His Leu Phe Gln Glu Asn Asp Ala Phe Gln Phe Arg
 530 535 540
 act act tat ttt tac aat cgc ggc aag aat gaa atc ttc aaa acg aga 2757
 Thr Thr Tyr Phe Tyr Asn Arg Gly Lys Asn Glu Ile Phe Lys Thr Arg
 545 550 555 560
 ggg gtt aac cgt tagagttggt tgaaatgact gaaaaattag acctatacgt 2809
 Gly Val Asn Arg
 tactgttaaa ggtggcggta tttctggtca agcgggtgca atccgtcacg gtatcactcg 2869
 tgcattaatc gaatatgatg agagtttacg ctctgtatta cgccagctg 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 acaagcgtg caaataaacg 3229
 ttcaataatg acactttttt cagataaaaac agatatttat tgccaccaag taaggattgt 3289
 tttggctgaa aagggtgttg cttatgaaac ggaagttgta gatcctcaag tcgtatcaga 3349

10

20

30

agattttaatg gaattaaatc cgtatggcac gttgccgaca ttagttgatac gtgatttagt 3409
 gttattttaat tcacgtatta ttatggaata tcttgatgag cgtttccctc atccaccttt 3469
 gatgcctggt tatccagtgg cagtgaggaa aagccgttta ttaatgttac gtattgagca 3529
 agattggtac ccagtattag caaaagctga aaaaggcacg gacgcagaac gtgctgtgc 3589
 attaaaacaa ttaagagaag agatttttagc gattgcgctt attttcacgc agatgcctta 3649
 ttttatgagc gaagagttaa gtttagtaga ttgttatata gccccattat tatggcgat 3709
 gcaagaactg ggtgtggatt tcagtggggc gggtagcaaa gcaattaaag cttacatggc 3769
 acgtgttttt gaacgcgatt catttatgca atcttttagc gtgtcggtc cgaaaaactt 3829
 aatggatgag aaataatcag tatgtacat aaatcatcac caaagcgctc ttacttgta 3889
 agagcgtatt atgattgggt agtggataat gatttcaccc cttatttagt ggtggaacgc 3949
 acttatgttg gtgtgaaagt ccctgtggaa tatgtcaaag atgggcaaat tgcctcaat 4009
 ttatctgcga atgcgacagg taatctggta ctaagcaatg aaagtattca gtttagcgc 4069
 cgttttcgtg gtatttcaca agatattttt attcctatgg gggctgcgtt agccatttat 4129
 gctcgtgaaa atgggtatgg tgtactgttt gaacctgaag cgatttatga tgagctcgca 4189
 acacaaaaata ttggtattga gcagccactg agctttgttg aggtctgtcg taaacaaaa 4249
 accagtgaga atactcaaaa aagcacaaaac aaagacaaaa cgacggaaaa aaaagcgact 4309
 tctcatttaa gaattattaa ataaaagagg tttctttctt tcataaaaaa acacgctttt 4369
 acgcgtgttt tttgttgcg gacagtatat tgtgccattt tttttgcggc ttttaagaag 4429
 ccttgccac tcgtgtagat gtcactttta ttctgtgcgc ctaaaatcat atccgacatt 4489
 tcacgaaagg ccccttgctc accttcagg cttagtacgt gatcagcgtg ctttttgata 4549
 taagcggcgc atctgtact gcaaaggcaa caccacagcg gcaaaagcag gcagatcaac 4609
 gctgtcatca ccaatataag ccgtttcttg cgcacagaca ttggcttggt gtatcaattc 4669
 aagacaggcg cttctttttt ccaatttgcc gaggaaaaag tgttggtatg ctagatctgc 4729
 aatagctttg cgtagaatcg gggaatctcg ccccgagagt accgcgactt gaatgccaga 4789
 ttccattaac attctgatcc ccaagccatc acgaacatga aaggttttga aagcttcacc 4849
 atgggcatcg taatgcaaag agccgtcggt cagtacaccg tcgatatctg taatcacaaa 4909
 ttttaatttt ttgagttttt ccgttga 4936

10

20

30

<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

10

20

30

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

10

20

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

30

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

<220>
 <223> iroA

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

gttggactaa aagttgttca gccgcgcctt taaaattggc gacaaaatcc gattgtttga 180
 ttaaaccata ggattttgct tggatttgtg cgcgcgcctgc ttcacccaat ttatcgaaaa 240
 attcaggcgt ataagtcacg ttgggatcg taggcgcgat gatctgatta acaccagcct 300
 gttgtaatgc tccccattgc tgtgccatcg ttgtgccaat ggttttaata ctggctaaca 360
 cgtaggcttg tttctcttca ggtgtgtctc tcgttactgc tgttgctaact actgtcgcca 420
 aatcattacc acctgccaat agaatatgta aagcttcttt ttgactggc gcatgtaaat 480
 actcgttgat ctgcttttct agtgctaaat gaggtgtgtc tgetgttcta gtattatgtg 540
 caccaacaat caccaccacg ctgtacgcgt agttcaaacc acctgtgtga gaaggattta 600
 attttttccc aaatgcttga gctaaatatt catcataaag gtgatgatag ttcccatcag 660
 cctttaaata agaggctttc ttattccaac ctgtttgccc catatcactt aaactatcac 720
 caaacacgac aacatcttgt gccagagcag ccgaacttag tgaacaaaat aatgcgaatg 780
 aaagtgtatt aattttcaca ataatgtctt tcaattatc atcgtcagtc aaaaatttgc 840
 gtcacatac gttgattata ggaagatacc tagccagacc actactggta tgaacagaag 900
 tcaatgttta atcacataaa aaagcctctg tgccttcaca cagaggcttt tatgtccatt 960
 cacctactca aattacatcg cttgagtaaa ggtacgcgt atcacgtctt gttgttgttc 1020
 tttggttaac gagttaaacg gtactgcata acccgaaaca cgaatggta attgtggata 1080
 tctctcggga tttccattg catctaaca catctcacgg ttcattgacgt tcacgtttta 1140
 gtgttgtccg ccttcaatcg ttgcttcatt gtggaagtaa ccgtccatta gacctgcaag 1200
 gttacgtttt tgtgcttctg aatctttacc taaggcattt ggtacgattg agaaggata 1260
 agaataacca tcttcgcgt aagcaaatgg caatttcgca acagaagtta acgatgctac 1320
 tgcacctttt tggtcacgac cgtgcattgg gttcgcaccc ggtccaaatg gtgcaccaga 1380
 acgacgacca tctggggtgt tacctgtttt cttaccataa accacgtag atgtaatagt 1440
 aagtacagat tgtgtcggg tgcattacg ataagtacc aatttttga tttcttcat 1500
 aaagcgttca actaaatcac aagcgatttc atcaacacgg ttatcgttgt taccgaattg 1560
 tggatattcg ccttcaattt caaagtcgat tgccacatct ttgcaatac caaccacttc 1620
 acccgcttta tttttgattt cgatatcacc acgaactggg ttcactttcg catatttaat 1680
 ggcagataaa gagtcgcgtg cgacagaaag ccctgcgata ccacaagcca tagtacggaa 1740
 tacatcacga tcatgaagt ccattagtgc ggcttcatac gcgtatttat cgtgcataaa 1800
 gtgaatgatg ttcaatgcag taacatattg ttctgctaac caatccataa agctgtctaa 1860
 gcgcgtcatg acatcatcat aatctaagta ttgcgtggta attggatcgg ttttcggctc 1920
 tacttggta cctgatttct catccacacc gccattgatt gcgtataaca aggttttcgc 1980

10

20

30

taagttggca cgtgcaccga agaattgcat cattttaccc acgatcattg gcgatacaca 2040
gcatgcaatc gcatagtcat cgttttggaa gtcaggacgc attaagtcac cgttttcata 2100
ctgaacagaa gacgtatcga tagacacttt tgccgcataa cgtttgaaac cttctggtaa 2160
tttttcagac caaagaatcg ttaagtttgg ctctgggtgac ggtoccatcg tataaagggg 2220
gtgtaagata cgggaagctgt ttttggttac taaagtacga ccatctaagc ccataccgcg 2280
taagggtttcc gttgccacaca ttgggtcgcc cgagaataat tgatcgact ctgggggtacg 2340
taagaaacgc accatacgtc atttcatgac taagtggtea attaattctt gtgcttcttg 2400
ttctgtaatt ttgcctgctt ttaaatcacg ctcaatataa atatctaaga aagtcgatac 2460
acgaccaaat gacatggcag caccgttttg tgatttcact gcagcggtag gactttgcac 2520
agttatcgga agataattga aatcataacc agcaacaaat gtcagccgtt ctatttcttc 2580
tgaagaatat cggcgattgc gttctggcgg aatggctggg tttttcacat tcttgagatg 2640
attttcttcc aagtatttcc attctgtgat tgctgtcgta ataagtgcg aaagagtatt 2700
ccattctcta agcacacttg ccgcactaac ttgtgaaagt cgttcacac gccactgcac 2760
aaagtgatgt tcttgtaaatt cgattaatct caggttagaa atcgcatat ttagcaagcg 2820
aagtaaagc aacttttcag cactatagcc ctttttatt atgctcactt ctttgatata 2880
tttatcgaca agttgtgcaa aagtgtgtc gggaatatca gtgaatacac cgtttatgat 2940
tttttgttct atgtctaacg cccacgcttg cgcacagct ttagtccgaa atgttgctga 3000
tttatagaca cttttttgc gaattgaac tcgccaacct gatttttgtt tgttaaaagt 3060
cgccacgcct aactaccatt aattttgcac aattcgttgt gcaattttgt gcaattttat 3120
ttcttaaatg atgtttagcg gatcataaat gaagaaaaaa cagaagtaaa acactatata 3180
aaaaaacagt atattttttg ttgaagtgtc taatgtagtt tgtaacttat tgatttttaa 3240
atattaaaga taaagaaaaa gccgacaaaa gtccgcttcc tttttttatg ctgtttatca 3300
atgggtgccta gggccggact cgaaccggca cccccgaagg cggttgattt tgaatcaact 3360
gcgtctacca atttcgccac ccaggctaatt attgataaag agcatcaaatt taggtctgta 3420
ttataccttt tcattgatag gttacaagca aaaaatgatt ttagatattc aattgtcttt 3480
attttcatca gtgtggctgt tctctcttac tttattcagg tgcagtgaag taaccttata 3540
aaaataaagg ttttttgttt aaatttttaa taactttttt gtaaaaagat cgcagtttct 3600
tttgaaaaaa agaccgatta caaatataat taaaaactat tatcaatatt gataataatg 3660
ggattttaac catgacattt ataaggataa agtcaagatg atgctaaaag cacaaattgc 3720
agattatatt acacaaaatc cactggcaat tactttggat atggcttcgc actttggcaa 3780
acctgaaggt gaaattttat gtgctttacc tgatgagttt gttcgagtgt ttctcgcgga 3840

10

20

30

```

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
cgcatlttatt gcgaataatg ggcaaaactat ttttaaagtt tatttggggc gcgatgctga 4140
gcgtcaatta tttccagaac aagttcaaaa atttaaagca tttattttaga aggttaaaaa 4200
agtaatgaca acaaatcgtc aagaagtatt acaaaatcgt ttaggtccag aaattcaaga 4260
gttaaaggca caatgtaaaa cagtcatgct cgctactgtc ggtgaagatg gtaatcccaa 4320
tgtgagttat gcgccatttg caattaataa tggggaatac caagtcttta tttctactat 4380
tgcacgtcat gcacgtaatc tacaagaagt accaaaagtt tctttaatgt tgatcgaaga 4440
tgaaagttaa agtcgtcaga tttttgctcg tcgtcgttta tcttttgatg cggttgcgcg 4500
tgttgtcgag agagaaagtg aagaatggca ttctggtgtt gaggcactca aagcaagaca 4560
tgggtgcatta atggatgaat tgtctcggt gaaagatttt catttgttta gttttaagcc 4620
ctcacaaggg ttatttghtaa aaggttttgg tcaagctttc caagtgagta atgatgattt 4680
agtgagcttt gttcacttgg ttgaaggaca ccaagaataa attttgtcaa ctttttaggg 4740
tatttacttg aggttaggaa a atg cgt aca aca aca ata aaa ttt tct gca 4791
Met Arg Thr Thr Thr Ile Lys Phe Ser Ala
1 5 10
att aca ttg gca tta ttg agt tat tgt ggg acc att ttg gcg gat agt 4839
Ile Thr Leu Ala Leu Leu Ser Tyr Cys Gly Thr Ile Leu Ala Asp Ser
15 20 25
cat caa gag gcg act gaa ctt gat acg att acc gtt tct tct caa caa 4887
His Gln Glu Ala Thr Glu Leu Asp Thr Ile Thr Val Ser Ser Gln Gln
30 35 40
gat gag atg aat att aaa gag aaa aaa atc ggt gaa act gtg aaa acg 4935
Asp Glu Met Asn Ile Lys Glu Lys Lys Ile Gly Glu Thr Val Lys Thr
45 50 55
gcg agt caa ttg aaa cgc cag caa gta cag gat agt cgt gat ctt gtg 4983
Ala Ser Gln Leu Lys Arg Gln Gln Val Gln Asp Ser Arg Asp Leu Val
60 65 70
cgc tat gaa acc ggt gtg act gtg gta gaa gct gga cgt ttt ggt tcg 5031
Arg Tyr Glu Thr Gly Val Thr Val Val Glu Ala Gly Arg Phe Gly Ser
75 80 85 90
agc ggt tat gcc att cgt ggt gtg gat gag aac cga gta gca att aca 5079
Ser Gly Tyr Ala Ile Arg Gly Val Asp Glu Asn Arg Val Ala Ile Thr
95 100 105
gta gat ggc tta cat caa gca gaa acc ctt tct tct caa ggc ttt aaa 5127
Val Asp Gly Leu His Gln Ala Glu Thr Leu Ser Ser Gln Gly Phe Lys
110 115 120

```

10

20

30

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 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 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

10

20

30

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 tcg gtt ttt gac Leu Arg Leu Arg Pro 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 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

10

20

30

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

10

20

30

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 caggttttct 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 ctcactttgc aacgcacaaa			7972
aaagaccacc acggtcgtcg tggtttattg cgtatggttt ctgcgcgtcg taaactttta			8032
gattacttaa aacgtactaa tcttgagctt tacacttcaa ctatcgctcg tttaggttta			8092
cgtcgctaatt ttgtattagg atttattcca aacaaaaaac ccttgataat tttatcaagg			8152
gttttctttt ttctgcatac taggcatgtt taaattatcg caaaacacac cgcacatttc			8212
gtggaaaagt gcggtcattt ttttaattta ttttacttct ttaaactatga tctcacttgg			8272
gattactgaa ccttgccagt aaagctcagt agcgactttt tcagctaatt gcataaacga			8332
ttgggcaatg tcgctttcag gtgcggcgac aacggttggg 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 aagcaatatc ttgtggtgtt gtcaccacga ccgccccgt			8632
cactggaatt tggtgagaaa gggtcagctg gatatccct gtacccggtg gcatatcaat			8692
gactaaataa tctaaatcag gccataaggt ttcttgcaaa agctgactta aggcactgct			8752

10

20

30

1345	1350	1355	1360	
gtg att act cgc tgc att gag aaa aaa gta gat aac cac ctt aac caa				4128
Val Ile Thr Arg Ser Ile Glu Lys Lys Val Asp Asn His Leu Asn Gln				
	1365	1370	1375	
aaa tac aat ctc agc gat gtg gaa tta gtt aaa cag ctg atg gac aat				4176
Lys Tyr Asn Leu Ser Asp Val Glu Leu Val Lys Gln Leu Met Asp Asn				
	1380	1385	1390	
tcc aca aca caa gcg cag gag ttg gat ttg aaa cta ggt gcg gca tta				4224
Ser Thr Thr Gln Ala Gln Glu Leu Asp Leu Lys Leu Gly Ala Ala Leu				
	1395	1400	1405	
act aaa gaa caa caa gct aac ttg acc caa gat atc gtt tgg tat gtc				4272
Thr Lys Glu Gln Gln Ala Asn Leu Thr Gln Asp Ile Val Trp Tyr Val				
	1410	1415	1420	
aaa acg aag gta aag ggc aaa gat gtg ttt gtt cca aag gtt tat ttc				4320
Lys Thr Lys Val Lys Gly Lys Asp Val Phe Val Pro Lys Val Tyr Phe				
	1425	1430	1435	1440
gct tct gaa acg ctc gta gaa gcc caa aaa tta caa ggt tta ggc act				4368
Ala Ser Glu Thr Leu Val Glu Ala Gln Lys Leu Gln Gly Leu Gly Thr				
	1445	1450	1455	
ggg act atc aga gtt ggt gaa gct aag att aaa gcc aaa gat gtg gtg				4416
Gly Thr Ile Arg Val Gly Glu Ala Lys Ile Lys Ala Lys Asp Val Val				
	1460	1465	1470	
aat acc ggg aca tta gct ggg aga aaa ctc aat gtt gaa gcg agt aat				4464
Asn Thr Gly Thr Leu Ala Gly Arg Lys Leu Asn Val Glu Ala Ser Asn				
	1475	1480	1485	
aaa atc aaa aat caa ggg agt atc tta agt act caa gaa aca cgt tta				4512
Lys Ile Lys Asn Gln Gly Ser Ile Leu Ser Thr Gln Glu Thr Arg Leu				
	1490	1495	1500	
gtc ggg cgt aaa ggt att gaa aac gta tct cgt tca ttt gca aat gat				4560
Val Gly Arg Lys Gly Ile Glu Asn Val Ser Arg Ser Phe Ala Asn Asp				
	1505	1510	1515	1520
gaa tta gga gtc act gca caa cgc tca gaa atc aaa acg gaa ggt cat				4608
Glu Leu Gly Val Thr Ala Gln Arg Ser Glu Ile Lys Thr Glu Gly His				
	1525	1530	1535	
tta cat ctt gaa aca gat aag gat tca act att gat gta caa gca tgc				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 tgc 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

10

20

30

tgccattgga ccgcgccaaa tcgtagcatt gtccgggtcc attaagaaac caatggaatt 8812
 ggcaaaaata tgatgtgctt gaattggggt aatgtgctgg ttatctggcg aagttgggcg 8872
 ttgatcagca acccctaaca tgtgtggaat agatggacca taaatatcgg catctaaaat 8932
 tccaacacga gcaccttgtc tttgtaaggc aagagcaaga ttgacggaaa tagtagattt 8992
 tcttacacca cctttaccgg atgtcacggc aataatattt ttaccocctt ttacggctgg 9052
 gtggctatta gcgcgtttta atgtcgcgat ttgataattt aattgccatt tgatgtcttt 9112
 gcattctgct aatgtgagaa gttctgtgga gagagcgctc ttgagttgtt cgaatgcagt 9172
 attccaagca aacggcatgc tgatttcaat acgtaacgtc tcaccgcctt tttcaatttt 9232
 tttgatagca ttraggctga cgagatcttt ttgtaagcta ggatgttgaa attgttgaaa 9292
 tgtgttttgg atagcttgtt tttgactgtc cgtaaactg 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 tcggcacgcg atatttttgt cacttgcgcc ttaccttatg caaatgggtgc 9592
 aattcattta gggcatttat tagaacatat tcaagcagat atttgggtgc gttccaacgt 9652
 atgcgtgggc ataaagtgc ttttatttgt gcagatgatg cccatggcac accaatcatg 9712
 ttaaatacga taaattaggt attacaccaa agcattaatt gtccttcgaa agcagaacat 9772
 gtggcggatt tgaaggctta atattagcta tgataatatc at 9814

<210> 32
 <211> 967
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

<400> 32
 Met Arg Thr Thr Thr Ile Lys Phe Ser Ala Ile Thr Leu Ala Leu Leu
 1 5 10 15
 Ser Tyr Cys Gly Thr Ile Leu Ala Asp Ser His Gln Glu Ala Thr Glu
 20 25 30
 Leu Asp Thr Ile Thr Val Ser Ser Gln Gln Asp Glu Met Asn Ile Lys
 35 40 45
 Glu Lys Lys Ile Gly Glu Thr Val Lys Thr Ala Ser Gln Leu Lys Arg
 50 55 60
 Gln Gln Val Gln Asp Ser Arg Asp Leu Val Arg Tyr Glu Thr Gly Val
 65 70 75 80
 Thr Val Val Glu Ala Gly Arg Phe Gly Ser Ser Gly Tyr Ala Ile Arg
 85 90 95
 Gly Val Asp Glu Asn Arg Val Ala Ile Thr Val Asp Gly Leu His Gln

10

20

30

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		

10

20

30

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

10

20

30

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

10

20

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

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

30

<220>
 <223> kdtB

<400> 33
 gtcaaccctt ttggctttga gttgtgctaa taaagcatcg tcaaaatgca agccggcagt 60
 tgggtgccgca accgcgccag ggactttggt ataaacgggt tgataacgtt ctttatccgc 120
 ttcttcgtca gggcgatcaa tataaggggg caatggcata tgcccaattt gctgtaacac 180
 gtctaaaagt gcggtctggt tttgcgcgat ttctaattca aataagggtat catggcgcgc 240
 aaccatgac attttgacac catgatgttc acctaaactta tcttcgccta accacagttc 300

30

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 caatctatctt atttattacc atacaagaaa 1804
 gacgagggtta ttgttttgac aaatgggaat atatccataa cctttatacc gagcaagagt 1864
 tgatcgatag aggggttgaa tatgtggtat ccaccatgcc gtcaggtgtt tttgaaccag 1924
 atggcacaac aaccgaaata aaacgttatg ctagtggtga ggagttttaa cagatgaacc 1984
 ctgattgttg taaattaaca agatttatta atgaaggaat agatggctat ccagatgatg 2044
 atgggatatg ttatataaga attgaatatt taagacatta tgttgggaat tttaaacctg 2104
 atcatagagt gctttatctc gaatatagcg cttgtggaga attaaggga 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 ggaggtttct gcggaaatta 2404
 aaacaggtaa acgcagtgtt ttagattact tatttagccc attaaaaacc acaaaataat 2464
 attaaggaga ataatatgtc gtataataaa tatactgttg ctttgattac gttctcaaca 2524
 gggatctgta ttccggcaat atgctacgct ctaaattcgc tgggatacag atcctgtttg 2584
 agactatgta gaaaagacta aactttgtgt gggttaactgg gcttcggtaa aattctggaa 2644
 acaaattggc ttaaccgcg tgatcttata ccgtgagctt tcgcttgatg aaattgccga 2704
 aattcgctag caagtgccag aaatggaaat tgaagtgttc gtgcattggg cattatgcat 2764
 ggcgtattct ggacgttggt tattatcagg ctatattaat aaacgtgatc caaatcaagg 2824
 cacctgtacc aatgcgtgcc gttgggaata cagtgttaacc gaagccaaag aagatgagat 2884
 cggaacatt gtgaatgtgg gtgaagaaat tccagtgaat aatgtagcac cgacacttgg 2944
 cgaaggcgac accaccagta aagtattttt attagcagaa agtcga 2990

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

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

10

20

30

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

10

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

20

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

<220>
 <223> lgtC

<400> 35
 atatcaaagt ctcatggcaa gaaaattaga aaagagcgat caattattat ttgcaagatt 60
 tgggtattat tcataggcta ggtgaaagat atatttttcc atgatattaa aacgattcag 120
 gcagaactgg cttagcttatc acttttagat aattgtatta ttaaaagaag ctgtatgatt 180
 gttattctat cattagtggg 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

30

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 His 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
 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

10

20

30

285 290 295
 aaa tat caa gtc tat taactattga atttttgcaa atgagataag agtatagtgc 1270
 Lys Tyr Gln Val Tyr
 300
 tgattttcttc aaagcgaaaa ggaggaaata gcttggttcta atttattaca ataatgggttg 1330
 tattcatctt gattttgaag gaaagagagt gttttttgta taaaagcatt ttcgtcacct 1390
 aaatttacta atctccaaaa ttctctctct cgnagaatct ctctcgacc ggtagggcag 1450
 tccatggata ttacaggtgt accgcaagcc atgcttttcta ggataactgt cggtaacccc 1510
 tctttcaaag aggtgtgtaa aaatagctta gcatttttta ttaatggata cggattatct 1570
 ttatttccca aaagaaaaca atcttcttgt agattgagtg attctatttg tttctcta 1630
 tttctcgac actcaccatc ccaaacaata tatanctttt ctggataacc 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

10

20

30

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

10

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

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

<220>
 <223> mglB

20

<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 ngt 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

30

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 tgc 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
 gtgggatatg acaactcaaa ttccaaatca agacagtga atactgctca caatgaccaa 649
 cgtctgtaaa tcttttcccg gtgttaaagc gttagacaat gcaaacctaa ctgtgcgctc 709
 gcattctgtc catgccttaa tgggcgaaaa tggggcgggc aaatcgacct tattaaaatg 769
 cttatttggg atttacagta aagatgaagg tgacatcctt ttcttaggca agccagtcaa 829
 ctttaaaacg tcgaaagaag ccttagagaa cgggattttc atggtgcacc aagaacttaa 889
 cttgggttaa caatgtactg taatggataa tcttttgnt aggacgttat ccattaaaag 949
 caggctttgt cgatcacggc aaaatgtatc gtgataccaa agcagatttc tgaagaanta 1009
 gatatcgata tcgatccaaa agaaaaagtg gccaaattgt cagtgtcaca aatgcaaattg 1069
 atcgagatcg caaaggcctt ttcatacaat gccaaaatcg taatcatgga cgaaccgact 1129
 tcttcgcttt cagaaaaaga agttgaacac ctatttaaaa ttatcgcgaa gctaaaacaa 1189
 cgtggctgtg gcattattta tatttcgcac aaaatggacg aaatcttcaa aatttgtgac 1249
 gaaattacga ttttacgga tggtaaatgg atcaatacgg tcgctgttaa aggcaccaca 1309
 atggatcaga ttgtatccat gatggttggg cgtgaactca cgcaacgttt ccacacaaaa 1369
 accaataccc caaaagaaac catcttaacg gtggaaaatc tgaccgcact taatcagcca 1429
 tctattcaag atgttagttt tgaattacgc aaaggcgaag tgctcgcat tgcgggactg 1489
 gtgggggcaa aacggtaccg atattgtgga aacgatcttc ggggtgcgtg aacgtaaact 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 acaaaaccna tattggttca ntatctgggg tggtaaccaa caaaaagtgg 1849
 tcattggctg ttggttatta acccaccctg aaatcttgat gttagacgaa ccaacacgtg 1909

10

20

30

gtatcgacat tgggtcgaaa tatgaaattt atcagctgat taaggagtta gccaaaaaag 1969
ataaaggtat catcatgatt tcacttaaag 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

10

20

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

30

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

<220>
<223> mioC

<400> 39
gtcaactaga gtaaaataga cacacttaat tacattgtag aggaatcctt ttatgtcttt 60
agaaatttta gatcagttag aagaaaaaat taacaagcg gttgaaacta tccaattact 120

ctgaaaatta tgatgttatt gtgatcggtg gtggacacgc aggtactgaa gctgcacttg 1326
 caccggcacg catgggactc aagaccctat tattaaccca taatgttgat aactagggc 1386
 aaatgtcttg taatcctgcg attggtggga ttggtaaagg ccatttagtc cgagaaattg 1446
 atgcgatggg cggtttaatg gcaactgctg cggaccaagc aggaatccaa tttcgtacct 1506
 taaacagcag caaaggaccg gcggtacgtg ctacacgtgc gcaagctgac cgcgttttat 1566
 atcgccaagc agtacgtatt gcattagaaa atcaagaaaa tttagatatt tttcaacaag 1626
 aagtgaccga tattatttta gatcaggatc gtgtctgcgg tgttggttact aaaatgggtt 1686
 taaaatttca cgaaaagca gtgattttta cagcgggtac tttcctttct ggtaagatcc 1746
 acattgggtt agaaaattat acaggtggac gcgcgggtga tctgcttca gtgatgttag 1806
 ccgatcgttt aagagaactg aatttacgtg tanatcgttt aaaaacgggt acaccgccc 1866
 gtattgatgc acgtactatt gattttctca tactggctaa acaacatggc gatgaaaaat 1926
 tacctgtctt tctctcatg ggatctgttg atcaacaccc acgtcaaat ccattgttta 1986
 ttaccctac aaatgaacaa acgcataag tgatccgtaa taacttacat cgcagcccaa 2046
 tgtatgctgg gatcattgaa gggatcggtc caggttattg ccttctatt gaagataaag 2106
 taatgcgttt tctgagcgt aattctcacc aaatctacct tgaacctgaa ggggtgacaa 2166
 aaaaaacaaa gaaattgcgg atttacaaaa acaagtgcaa gcactgcaag cagatttaag 2226
 cgaaatggca aagaaaaacc gcaatcaagc gttgattgca ggtgggtattg gcggtggcat 2286
 tgttcagtc ggtattgagc tcattcgctt gcaatttggg ggctaactga tggcatttga 2346
 tgaaaaaaca cgtgcgctgg ttcgtcgcta ctatgtattt gagtttttat cgttgagca 2406
 atcagcaagt aaagctaaag tctcatttaa caccgcgcga cgctggaaga aagaggcggc 2466
 aagcaagggc gatgactggg ataaagtgcg tgatgtacaa gtaatggcgg gcaatgagct 2526
 gactgatatc aaaaaggat tgttatcggg ctttattatt caatatcgcg caaccatgga 2586
 tgagattcaa aactcggatt taaaagcaca agataaagtc ga 2628

10

20

<210> 40
 <211> 147
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

30

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

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

10

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

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

<220>
 <223> mreB

20

<400> 41
 ctgcagtagc aaccacccaa atgttggtgt tctgctgtaa ttcacgcaaa gtgcgcgcga 60
 ggttggttac acggattaat ggcacgactt cagcggcacc acaagctact ttacgtgcga 120
 tagcgggttaa ttgggcagat ttatcttttg gtactatcac agcacacacg ccgctgcat 180
 ccgcagtagc caaacaagca cctaagttat gtggatcagt cacaccatct aacactaata 240
 gcaacggatt ggactgattt tgtaaaagcg tatctaaatc tgcttcattc aattctttcg 300
 ctggctgaac acgtgccatg atgccttggg gtacttcgcc ctctgctttt ttatcaaggg 360
 ttggtgcgatt aacaaattgg atagtaatac ccaaccgatg aagttcattg agcaaagggt 420
 gtaaacgttt atcgtcgcg cctttgagtg cataaacttc aattaaacgc tctggcgcgt 480
 tgtttaaaaa ggcacttact gcatgaatgc cataaatatt ttcactcatc tactttctct 540
 ttttagctga tttcttactg gcttttttcg tgggtgttga tgggttaaca acgcttggtt 600
 ttcttaccgc acttttactg gtgcttggtt tacgtttatg gcgttggttt tcgagacttt 660
 cagcgtagcg tgcatttttc ttgagcttgt ctttggctgt tttgccttct cgtaatgggt 720
 tacgctcact cgacactaaa gaaaaatcca cttggcgttg ttcaaggcta actgcttcca 780
 cacggatttt taccttatcg ccaatgcggg agatcatacc actattttca ccgattaaac 840

30

gttgtcgagc gagatcaaat tggtagtagt cgttatctaa ggtagaaatg tggactaagc 900
 catcaataaa gaggtcatct aagcggacaa ataagccaaa acctgtcaca gatgaaatca 960
 cacctgtaaa ttcttcgcct acatgatctt gcataatctt gcatttttagc cagtctgcaa 1020
 catcaagagc ggcacatcgc gcccgctcgtt ctgtcatgga gcagtggctc cctaatacat 1080
 ccatgtcatc aagtgtatag tgataccctc ccgtatcagt ggtctctcgt ttcgagcctt 1140
 tttagtttggc taacaagtat ttaatccac gatgcaaagt caaatcagga taacggcgaa 1200
 ttggcgaaagt aaaatgcgca tattcttcga gtgcaagccc aaagtgccca atattgtcag 1260
 gatgataaac ggcttgactt aacgaacgta atacatgggt tgcaataact catgatctgg 1320
 acgttcgcga atttgcctca ataatttagc gtagtctgcg gtacttgggt tactgccacc 1380
 ttcaaggctt aaaccacatt cactgaggaa ttggcggaag cccgtcactt tttcttcgct 1440
 tggaccgcga tgaatacggg aaagggtcgg ctcttgatgt tttccataa agtttgcgcg 1500
 cgcaatatcg gcgaggatca tacattcttc aatgatttta tgcgcacatc tacgaataac 1560
 aggtcgaatc cgttcgattc gcccatttc attaaacaca aacttacttt caatggtttc 1620
 aaagtcaatg gcgccacgtt gatgacgggc ttccactaag gcttggtaca ttacatggag 1680
 ttcttttaaa tggggaacca gtgcttgata acgagtacaa agttcttcat cgtcctctaa 1740
 aatacgagca actttggtat aggttaagcg agrcatgagag ttcatgaccg cttcataaaa 1800
 ttcatagcct gtgattttac cttttgctga aacattcagc tcacagacca tacataagcg 1860
 atcgacttgt gggtttaatg aacaaagtc attggagagg atttccggtg gcataaggaa 1920
 aacgcgattt gggaaatata ccgagtttcc acgcgcacgt gcttcggtat caagggcagt 1980
 acgtaaacga acatagtagc tgacatcgcc aatggcaacc cacagtttcc aaccgcctcc 2040
 acgttttttc tggcaaaaaa ccgcacgctc aaaatcgoga gcattctcac catcaatggt 2100
 gactaacgga agatggcgta aatcaatacg tcttgatttg gcttcttcgc gtacttcttc 2160
 actcagttta gaaacttggt tgaggaccgc gtctggaaaa acatggggaa tatcatgatt 2220
 acggatagca atttccacct ccattccctt tgccatattt tcaccgagaa ttctgctaata 2280
 cattccaaca ggttggtctaa atgttgcggt acgtggtttt aattcaacta caaccacttg 2340
 tcccatacga gcgccttggc ggtgttcatt cggaattaaa atgtcgcgat taattcgact 2400
 atcgtcaggt actacataac caataccatc ttctaagaaa aaacgaccaa caatctgttt 2460
 ttacgcgtgt tgtaagacgc ggacaatccg cacttcttgg cgaccacgac ggtcaaaacc 2520
 gctaggttgg gcgaggacat agtcaccgtg cattactcgc tgcatttggc tgttgggtat 2580
 aaaccaatcg ctgtctttac cttcgacttg taaaaaacca taaccatcac gatgacctaa 2640
 tacggtcctt ttaataaat ccagtttttc cggtaaagcg tagcgtttac gtttagtgaa 2700

10

20

30

```

aaccaattgt ccgtcatitt ccacgcctct taagcgacgg cgcattggctt cttgttggtc 2760
ttcattttga atagcaaattg tggtcagtaa ttcttctttt gagatagggtg cattatgttg 2820
acgaattgta tcaagaataa attcgcgact tgggatcggg ttctcatatt ttgcgagttc 2880
ttcttgatag ttgggatctt gcaaatgtgg attgtttttg atttttgcca taatgactcc 2940
ctttgagaat ggaaatacgc attcgtttta tgacctcaag tttgacactc tgatttggtg 3000
aaagcaagta aaaaacctgt togtgactga aacaatctgt actcgcggga tttgtcgtgc 3060
atgaaagcgt aaagacaaag caaatttoga caatttacag aaaattctct gttataaagg 3120
tacatttttt gatacattta gcacaatttt tcaataactca aatcagagtg tccattattt 3180

aatttagttc agcggaaattc 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

```

10

20

30

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	
ggc ggt gcc ctt att cgt aat att gat gtt tta ctg tca aaa gaa acc			4192
Gly Val Pro Val Ile Ile Ala Asp Asp Pro Leu Thr Cys Val Ala Arg			
315	320	325	330
ggc ggt gcc gag gca tta gag atg atc gat atg cac ggt ggt gat att			4240
Gly Gly Gly Glu Ala Leu Glu Met Ile Asp Met His Gly Gly Asp Ile			
335	340	345	
ttt agt gac gat atc taatatgatt taaaagtgcg gtgatattag accgcacttt			4295
Phe Ser Asp Asp Ile			
350			
tacttctctt ttattgctga caaggctagc ctaattcgta tatgaaacct atttttggaa			4355
aagcacctcc ttttaggtctt cgcttaattc tggcgatttt agcatccatt gcattgattg			4415
tttcggacgg tcaatccaat gcgatgatta aagcacgcag tattatggaa accgcagtag			4475
gcgggctgta ttatcttgcc aatacaccga gaacgggtatt ggatgggggtt tcagataatt			4535
tggttgatac caataaattg caaattgaaa accgagtttt gcgtgatcaa ctgcgtgaaa			4595
aaaatgcaga tttattgttg ttagatcaac tcaaagtaga aaatcaacgc ctgcgttat			4655
tgcttaattc ccctctacgt acagatgagt ataaaaaat tgctgaagtt ttaacggcag			4715
aaactgatgt gtatcgtaag caagtcgtga ttaaccaagg acaacgtgac ggtgcttatg			4775

10

20

30

tcgggcagcc gattattgat gaaaagggtta ttgttgggca acctatctcc gttggtgaaa 4835
 atacgagtcg cgttcttcta ttgacagatg tgactcattc tattccagta caagtactac 4895
 gtaatgatgt ccgtttgatt gctagtggaa caggacggaa tgatgaactg agtttagatc 4955
 atgtgccgcg ttccgtcgat attgtcaaag gggattttatt agtcacttct ggattaggtg 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

10

<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

20

30

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

10

20

30

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 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 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 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	

10

20

30

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

10

20

30

<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

10

20

30

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

10

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

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

<220>
 <223> purF

30

<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 ctc aat acc att gct tca gaa ttt aaa gat aag aat 289
 Val Arg Arg Lys Leu Asn Thr Ile Ala Ser Glu Phe Lys Asp Lys Asn
 85 90 95
 gtg tta tta gtt gac gac tcg att gta cgt ggt acc acg tct gaa caa 337
 Val Leu Leu Val Asp Asp Ser Ile Val Arg Gly Thr Thr Ser Glu Gln
 100 105 110
 att gtc gaa atg gcg aga gcg gca ggt gcg aag aaa att tat ttt gcc 385
 Ile Val Glu Met Ala Arg Ala 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

10

20

30

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

10

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

20

<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

30

65	70	75	80	
gtt aga cgt gag ctt gtt act ata tgc 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 tgc 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 tgc caa aga gct gtt gcg cta att tta aaa atg	624			
Arg Asp Val Pro Leu Ser Gln Arg Ala Val Ala Leu Ile Leu Lys Met				
195 200 205				
aaa gag gta gaa aat gga gat ctt gtg ttt cag acc acg cct gaa tca	672			
Lys Glu Val Glu Asn Gly Asp Leu Val Phe Gln Thr Thr Pro Glu Ser				
210 215 220				
tta agc acc acg ttt aga gtg tta aag aaa gag tgt gga ctt gaa cat	720			
Leu Ser Thr Thr Phe Arg Val Leu Lys Lys Glu Cys Gly Leu Glu His				
225 230 235 240				
ctc cat ttt cat gat acg aga agg gaa gcg ttg acg aga tta tct aag	768			
Leu His Phe His Asp Thr Arg Arg Glu Ala Leu Thr Arg Leu Ser Lys				
245 250 255				
aaa gta gat gta atg act cta gcc aaa att agc gga cat aga gat tta	816			
Lys Val Asp Val Met Thr Leu Ala Lys Ile Ser Gly His Arg Asp Leu				
260 265 270				
aga att tta caa aac aca tat tac gca ccg aat atg agt gaa gtg gca	864			
Arg Ile Leu Gln Asn Thr Tyr Tyr Ala Pro Asn Met Ser Glu Val Ala				
275 280 285				
aac ttg ttg gat taattcactc ttcttaaata cgccttttgc cacttgatta	916			
Asn Leu Leu Asp				
290				
catcgccagc cttatatctt ttactttcat tacttccttt ttctaatagaa actggggatg	976			
gaaagtcttg gcgggtaata atatgacgag atgtgtaatt gtaagaacga ttaatcatga	1036			

10

20

30

tagaaatgtc ttcaatacta agaagaactg gactatcttc ttttaagttga gctaagggtc 1096
 caaacctcac agagcgtagc acttcatctt gttgtttctt tgttagagaa atattttcca 1156
 tttttacctc acttaataaa aaaagccgtc atggacggct taataaagca tttcgctata 1216
 cagttctttt gaggtgtacc caatatogaa cttgatttga ttgttttgtt ttgcgatttc 1276
 cagtgcttct tttcgatcaa caaatcttcc gaagttggta ataacaccct gtttcttacc 1336
 aattagcggg tattgtgtac cgttctcaat agattttaatt tgtttacgca taaacatgtc 1396
 atagtgtctc ggcgcagtca ctaaatgaag ttcttttgtt 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 tgggtgtgctg ttttgattgg agcggggcaaa gtaagcgtta 1696
 ctgttggcgg tggttcttcc cacattccga ctatatcaaa tggattttct aaatgcggat 1756
 atttgttatg ttcaaaaaaa gaagatccat caatcgtcca agaatttctc tcaaatgtg 1816
 tcttgctctt gccaatltga aatacacctt gatataagaa agtggtgaac ggaaagaact 1876
 ttgaataatc agcagttaca tatectttac ttccatttct aagcacaact ggctcaccgg 1936
 ttaatgcttt ttctaagtca aatgctttca ttttttactc tccagcttgc tcatcaataa 1996
 gctcatcaat ccattctcga atttcagatt ggaaatttcc taacgaatta ttttcattaa 2056
 aataatctgc ttcttttaac ttactcaccg ctgttttact aaagcattta taaaaagac 2116
 gcttttcttc aaacaaatca tcttttgaga ttgcgcatac ttttctacg cctctatac 2176
 ttttgctctg aataaaaacta ttaaaaagaa cctcttcttg ctgcttgtt tctactaaaa 2236
 tagaaatcgt atattttttt ggatattcca tttttaatcc tttcttttag ataacaaaaa 2296
 accgcatttc tgcggttatt ctgtgtattt atttaaaata ttacttatag tttcagcacc 2356
 ttctaagtgt aatttagaat agcttgaggt catttttccct ttaacggcaa tctcaattc 2416
 ttccagcttt aagctataca agtagtcttt tttatcttta taaatacgac cgtacaccat 2476
 tccggataat ttaccttctt cataccatt agataaattg atctttctat ctgcaccgg 2536
 cactctaatt gttaaatatt ttcttccaat ttttaagact tcagcctcat gttcaatgtt 2596
 tgagcgcagt agtgtttcta aaaaatatac ggtatcgcca actttaagat ttttaatcca 2656
 atctttatcc ataaataccc ttatactttc ggtggcagtg gaagtgggtg ccaatgagtt 2716
 actgaagata gatggtaagt acgaagagac ataaagaaaa catcatctcg ccacgcgatt 2776
 tttatttccc ctctatctgt ataaatcaga atatectctc tctcactggg caatctatct 2836
 tttacactaa tccagccatc atcttgcgaa aattccacaa tttctggctt ttcaagcacc 2896

10

20

30

aaatcagagc cgtaatcttc tttttcctct tcgctcaact gcttttctct gcagtcagcc 2956
 ttgccaagga cgacaccgta cacggcataa ggtaaatcat tcaacgcaaa atcctcatga 3016
 tcacacatat catctgogaa ctcctagagct tctactgcac catctaaaca actttgctta 3076
 gcttgatnta atgtttcgtg taagttaacg atatgtatgt cattagatac atctactgag 3136
 aaaaatTTTT tttctgtttc tatcatagtt aaattcctta ttcttttatt aatgggogag 3196
 gaatcgggtg ccagtgtgta acgttaatag ctagatcata aattggacca ttctgattta 3256
 tagctaccca aaaatatcca ccatcagcaa tttctcttga tgcaattgog taatgctcgc 3316
 catattcacc ttcacaaaaa gcaatgactg gtgtttcaac ttctggtaac ttgtcatcaa 3376
 cactaatcca gttgctatat tcccaatgaa aattaagctt ctcctagcca ttgatgactt 3436
 gatctaagc aggtcttaat tgggtttctc caacaataat atgtgttgct atcttaatat 3496
 ctgggattcc atctattact tcacaccagt ttttttcaat aaagtccaat ctttttttat 3556
 ctgctaaaag actttcatat tctgcttttg tgattgttac tgtttctgtc atagttaaat 3616
 tctcatgat aaattccatg tttatttacc tttttctgg cacaaaaaa cagctattg 3676
 cgtgctgtct tgattgatat aatcaattaa tctaagccca atccatttca taactggaac 3736
 agccatactg tttccaattg ctttgtatcg tggagaatca gggcattcat ctattgattt 3796
 gttgogatat gggattttag tgtaatcgtc tggaaatccc tgtaatctt cacactcacg 3856
 cggcgtagt tttctaacaa ctgattctac tgataaagca acgcaaggaa cattattacc 3916
 accagttccc attcttgctt ttaaggttgg tgaaatatca tctggaatac gacaagcttc 3976
 ttcaccctta acctcaaata gaatattttc caatcctcca tttcttccaa tgcaatgcgc 4036
 tgtattttta gaaatgattg gatcttgta accgtgaaca acaaaagttt cactaccgcc 4096
 agcaagaact ccaccgcttg ctcttaatgt tcccgcaaca tcggatttgc gatattgagc 4156
 aaagcttgtc tcaataaagg cggcaatata ttttgctgc gttccgctct gttcaatatt 4216
 cctcgcacg cttttgact caatgagtat ttgtgcaaca cttegttttc tagcacttgc 4276
 cacaagaaac actcttttac gacgttgggc aactccgaag tattgagcat cgagaactcg 4336
 ccagcagatt gttcggattg aatgcacata accagcgttc gtccatcttc tccctgtgtg 4396
 ctgcaatggc tcacactctt gaaccagtcc agccagaagg tgtccgaatg cgttgtcoga 4456
 ggtggatagc acaccggaa cgttttccca caggaatg caggttggtt tgttgctatt 4516
 gaatctaaca tagtcgatcg cttctaaaat ttttaattaaa actaacgtga gatttcctcg 4576
 ctcatcgtct aaactttgac gattgccagc aactgaaaa gattgacaag gagtaccacc 4636
 aactaaaacg tctgggtccg gaatttcacg atctaataat ttctgttgca attcagtcct 4696
 atcaccaaga ttgggaacgt tagggtaatg gtaagctaata actgcgcttg ggaattgctc 4756

10

20

30

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

10

20

30

Asn Leu Leu Asp
290

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

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

<220>
<223> sopE

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

10

20

30

[illegible]

10

20

30

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

10

<210> 154
 <211> 1076
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <223> pnp new

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1074)

20

<400> 154
 aat att aaa gaa ttc gta aaa gaa gcg ggt aaa ccg cgt tgg gat tgg 48
 Asn Ile Lys Glu Phe Val Lys Glu Ala Gly Lys Pro Arg Trp Asp Trp
 1 5 10 15

gtt gcg ccg gaa ccg aat acc gca tta atc aac caa gtt aaa gcg tta 96
 Val Ala Pro Glu Pro Asn Thr Ala Leu Ile Asn Gln Val Lys Ala Leu
 20 25 30

gcg gaa gcg cgt atc ggc gat gcg tat cgt att aca gaa aaa caa gcg 144
 Ala Glu Ala Arg Ile Gly Asp Ala Tyr Arg Ile Thr Glu Lys Gln Ala
 35 40 45

cgt tac gaa caa atc gat gca att aaa gcg gat gtt atc gca caa tta 192
 Arg Tyr Glu Gln Ile Asp Ala Ile Lys Ala Asp Val Ile Ala Gln Leu
 50 55 60

acc gca caa gac gaa acc gtt tct gaa ggt gcg att att gat att att 240
 Thr Ala Gln Asp Glu Thr Val Ser Glu Gly Ala Ile Ile Asp Ile Ile
 65 70 75 80

acc gca tta gaa agt tct att gtt cgc ggt cgt att att gcc ggc gaa 288
 Thr Ala Leu Glu Ser Ser Ile Val Arg Gly Arg Ile Ile Ala Gly Glu
 85 90 95

ccg cgt att gac ggt cgt acg gta gat acg gtt cgt gca tta gac att 336
 Pro Arg Ile Asp Gly Arg Thr Val Asp Thr Val Arg Ala Leu Asp Ile
 100 105 110

30

aatcaacggc attccattgc gttttcttgg ctcatatcag cgtgatgaca cagaagaagt 1495
cacatctgtt gagcttgtga tgcaaggctg atttactgaa attgacagcg gaaacagcaa 1555
agtgggcat 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 10
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
20
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
30
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

10

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

20

<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

30

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

10

<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

20

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

30

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

<220>
 <223> unknown C2

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

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

<210> 54
 <211> 169
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

<400> 54	
Met Lys Asn Phe Arg Asn Ile Asn Ile Tyr Ser Asp Tyr Gly Lys Val	
1	15
Asp Lys Glu Ile Ile Leu Glu Phe Glu Asn Glu Phe Asn Ile Lys Leu	
20	30
Pro Ser Leu Tyr Ile Asp Leu Ile Thr Ala His Asn Ala Pro Lys Ser	
35	45
Glu Glu Asn Cys Phe Glu Tyr Tyr Asn Glu Arg Asn Glu Pro Thr Phe	
50	60
Ser Ser Phe Gly Phe Glu Gly Phe Glu Thr Glu Arg Ser Ser Ala Ser	
65	80
Leu Glu Asn Ile Tyr Ala Gln Tyr Ile Tyr Asp Asp Pro Ile Tyr Gly	
85	95

10

20

30

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

10

<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

20

30

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

10

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

20

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

30

<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
 tttgctggcg atattcagca agtcgctcat ctgcgaaag ccgcagaaat gggttgcgtg 240

gtgattgata tgaaagggat ttgtgccagc ttgcaagacg tccctgtggt gataccggga 300
 gtaaatcagg aaaaattggt agatttacgt cagcgtaata ttgtgtcctt agccgatcca 360
 caagtgcac aacttgcatt agtcacgcc tcgttgatgt caaatcacga aatcaaagac 420
 attgccgtaa cctcggttatt acctgcacgt tataactaacg gagaaacggt aggtaaatta 480
 gcgggacaaa cagcgcgatt gttaaatggc attccacttg atgaaggcga acaacgttta 540
 gcttttgatg ttttccttac gcctgcacgt catttaataa tgcaaatcca caagatcttt 600
 ccacaattag ataattgtcgt atttcattct atccaagtgc ctgttttcta cgggatgggg 660
 caaatgggta gcgtattatc ggattatgca ttagatcctc aatcttgctt agcgagctgg 720
 actgacaatc cgttgatgac ttatcatgca gaaaaatatt gcaccccgat gacgaatggc 780
 gaacaggaaa tggcagaaga gcaagcagca aaattacata taagtgggtt aagtgcggtg 840
 gaaaatggtc tacaattttg gtcgggtgca gatgaacagc gctttaatct tgctttattg 900
 agtggttacg ttgcagagtt aatttactcg caagggttatt aatttaaatg tgtttttgca 960
 cgatatTTTT atcttgaact ttgagagcgc actcgttttt gacgagtgcg tttttgtaa 1020
 aacattcgtt tgaaagacag tgaatgaata gcggagttat tgataagaat caatttatac 1080
 aaaagcaact gaatgttatt aatcgaggca ataaacctat tgatagtttt agttggcgcc 1140
 ataatacata aactgtactt aataatatgc aatcaatacc tagaaatatt catgcgtaa 1200
 tccaacatat cggggagggg attttaagtg atggtagaaa aaacatttag aaatctaaaa 1260
 atatattgat attatgggtc tgtctctcag gaaattatTT ttaattttga aaaagagttt 1320
 gatataaaac tccctttatc ctatatctca ctgttgaaaa agtataatgg cgtttggttt 1380
 aaggaaagtg attttgaata tttatctcaa aatgggaaaa gaataataag ctcatgtagt 1440
 tttgatagtt ttgagacaaa agataatatc gaaccaatga ataatatatt aagacaatat 1500
 atttatgatg atgaaattta tggatataag aatgtttatt cctttgggta cactggaaat 1560
 ggtgactttg tctgttttga ttatcgtgat gacccaaaag gtgatgagcc caaaatctgt 1620
 atcgtgattc atgatgaata tgatgaaaaa acaggcaagc gtttgttatt gcctgtggca 1680
 gaaaattttg aggcattttt agatatgctt tacgattttg atgaacgcta tccgaatggg 1740
 tatgaatagg tatttgttca aataatgtgt tgtatttttt aagcattatt tacaactaac 1800
 attttaagtg cggtaatttt tgaaaaagtt ttgggctttg agaattgggc gcattttttt 1860
 tgaaatattc ttcaatgatg agcactaatt atggattaga taatgggaat tatcgagata 1920
 tggatggtaa taaaggatgg aggctagatt ttgatcctga gaaagttgtt catgtaaata 1980
 tttttgactt tactaaaggt aaaggactag gtaaagcagt taaaaagtca ttctttttga 2040
 tagtactgaa caagagtttg aaaaatttta aagcaattaa ataaggaaga taaaatgaca 2100

10

20

30

ttatattgatg aatgtaaatt agctcttaga gacgatttta atctaatttg tgatgaagag 2160
aaggattgtg taatggataa gttttatttc tatttcttgg aaaagaaaga ggaacttaat 2220
tttcaagatt attcatttga agaaatgtat atattttcaa aaatggaacc tgtgtatggt 2280
ttatgtgata gctctaatat acctttgttt aggagtaatt gggaattgat tatcaataat 2340
atatatgatg ttgtctgttt atctacaaaa gtattttttc tagatgatga aaagttaatg 2400
atggaattat ttctgaaga taaagtaaga gtcactata aaagataatt accccttgat 2460
cgcgctcgtg tcagcacgag ttcgctttca ttaaagctct cgttaaagac tagcactagg 2520
agtgaggttg atcgtaatca atttactgaa gaacagttaa ttaaaattaa taagaggctt 2580
gataaaatag agggattttac atggcatcat aactcacaaa gtagtcccca aaatatgtag 2640
ttaataccta caccaattca taaggctgtt cagcatatag gtgaaggcgc ttttaagtga 2700
ggaaagtgat aaaatgaaaa attttaggaa tataaatatt tatagtgtt atggaaagggt 2760
tgataaggaa attatattag aattcgaaaa tgaatttaat ataaagcttc cttctttata 2820
catagattta attacggcgc ataatgctcc gaagagtga gagaattgct ttgaatatta 2880
caatgagcgt aatgagccca cgttttcttc ctttggattt gaagggtttg agacagagcg 2940
gtctagcgc tctcttgaat atatatatgc tcagtatatt tatgatgatc caatctatgg 3000
ttatgaacat gtgtattctt ttggtagtac tggcgaggga cattttatct gttttgatta 3060
tcgtgatgat ccaaaagggtg 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 ttttgttgat aaaggagata tatttccatc 3420
aatatctcgg tatcaaaagc cttatagctt aggaaaaacc aattcagaac agcgttgga 3480
ggatgttatg ttttgtggag gtaaatatgg tgattataaa ttagagaata taaaaacagt 3540
ggaacaatcg gataaattac atcattgtat gacccaaaaa gggatatatc atttaactcc 3600
cgcagaatgt ggataccaaa atcctaaatg ggataaaggc gtttgaatt tataagtgtt 3660
ttggatttta ctttacgaat tttttttgaa aaaagttacc gcaggtatgt ttttaatcaa 3720
agcccagggtg gcgcttgttg gatgtgttat tcgcatagta gttattatgc ggaagtgcct 3780
aatgaattca ttattaaaaa tggaattaaa gagcgttaatt agcaccgttt gcggtgagtg 3840
atttaatttc tctgatgtt atggaaatat tatttaagtt aggaggtgat taggatgaaa 3900
aagttgttat tggtcagttt attattactt ttaaattggat gcctatattc ttttgaagag 3960

10

20

30

gagtgtttta gaccgttaat tcaggtgggg tcctctgctt gtcataagaa taaaggagat 4020
atatttccat caatagcacg tttccaaaaa gtagagaaca tcggaaaaac tgatgccaag 4080
caacgttgga aagatgcggt tgattgtgga agtaagtatg gcgatgaaga tttaatatat 4140
ataaatgata ataatttata tagcatTTTT cactcctgta tggttaaaaa aggatataaa 4200
aagtttcac cgcgagaatg tggataccaa aatccataat gggataagggt tatttgtaat 4260
ttataaggtt ttgaattttt actttacaaa ctttttttga aaaatgttac cgctgggatg 4320
tctgttttta gggataaaga ttctgttcatt ttctttaaat ttaggcacgg tataaaagag 4380
cttgattatc aaataataat atcgtgttcg tgtccacacg agtaggggtt gattaagta 4440
ctcctcaaaa gcgagtgcta gctgtggggt aaacgggtgg aaagaaagta aagagtatat 4500
aaaccaattg accgcataac gtgcggtcaa ttcttaagat 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 aggttaagtg taagtgaagg aagataaaat gaaatttaga 4980
cattttggca tttattatga ttatggcgta gtttcccaag agattatttt agattttgag 5040
gaaacgtttg gtattaaatt accaaaattg tatattgagt tgatcacaaa acataattcc 5100
ccaagattga atagagatca tttcaattat tatgattttc ctacgagtga ggaagaagga 5160
acggaattta tattcaaagg atttgaaaca gaaagtaata ggcatgcgcc gccagaaaat 5220
atztatgcac aatatcttta tgatgatgaa atatatggtt atgaacatgt gtattctttt 5280
ggcagtaccg ctagtgggta ctttgtctgt tttgattacc gagataatcc gaaaggcagt 5340
gaacctaaaa tttgtcttgt gattcatgat gaatatgatg aagaaacagg caagcattta 5400
ttgtttcctg tggcagaaaa ttttgaggta tttttagata tgctttacga ttttgatgaa 5460
cgctatccga atggttatga ataggtattt aaataatgta ttgtattttt taagcgttat 5520
ttaataacgt ttaagtgcg gtcaatttca aaaaagtgtt gctttgagga attgaccgtt 5580
tttgatcat 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

10

20

30

aattgctcaa atgtatagaa ctactaatga agtttttcca gatatttttaa taggggttat 5880
gcgtatcatt gaattatttaa tgatacctaa ctggaatagt ttataaatat ctaattcaga 5940
aagtgttgat atttatgata gatatgaacg atttaaatat ataattttcaa tactttttcaa 6000
taataaagat gttagactag atggcttttc atatacagaa aagaatgatg atgtatttta 6060
taatgaatag aaaaattaaa agtaagctaa ttgttagaaa taataaaagt ctgctttgta 6120
ttttttcttt gagatcgtgc ttgagtccac acgagtgccta gctgtaggca gagtgtcttg 6180
gtgattataa aaagttaagg atagtattgt tgatatgaaa gaaaagacta aatattcaat 6240
ggggaatcaa agtgataaaa aataaatttt atatttcttg gttaggattt tcaatatcat 6300
tatatgtttt gcttttatgt agagatttgt ttattctctt ttatatgttt ttattatga 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
tttagaggga aatattaact cgttttatatc ggcattaggt aaaaacgaaa gtaataaaga 6660
tattttaaaa ttagtagaaa tagtttcttc agattttgaa gtggatgaac taagtcataa 6720
agatgaacac gagatatatt atttgtttta taagaggggt gttgaatttt gttttaaaag 6780
aatagatgaa gagtatgtct tatattcggg tttctttttc ttggttagagg ttgataatta 6840
tttttcatgc ccatttatcc atgaattaat atgtgatctt aaacacggat tctcaataga 6900
ggatattata aggttttttag gggagccaaa ttttaaagggt agtggctggg taagatattc 6960
ttataatgga agaaatattc atttcgaatt taatgaatct aatgaattat ccagatttag 7020
catttttatt taataattta ggattgggaa cgctctcgtg ttcacacaag tgcggtttga 7080
ttaaagcact tgtcaaaggc gagatccagc tgtgggagat ttgatagaga aatggctctc 7140
aggattgacg ttagtagagg gagcataaat caagaaaaa catttaaaat aggaacatta 7200
ggtggtgagt aatggaaatc actcgtttta aaatcctact tattgccttg attatattag 7260
gtaatgggta tgtgtttctt ggtggaccag ctaaaaaaca attcgtata gaagcagaaa 7320
caaggcggat ttatcgtact ttaacgaaag aaattatttt tatgaatgga gaatataaac 7380
aatttgagg gcgagttatt caaggattta ctttagtcat ttctttttct cattcaagta 7440
cagaaaaccg cattaagatt ttagaaaaa ttaaagagat gggatttgat tcaaaaaata 7500
aaacatcaaa accgagtcct catctttttt gtcaaggaga aagtggtttt ttgatcgag 7560
aaaaacctga atttagaata gattatgaga aaaagatgac ttattgtttg gagtagcaaa 7620
ggaaggcaat gataagtgtt ttttctaact agatttaatt taagtattaa agtgcggtca 7680

10

20

30

attttgaaaa cgttttactt tgaaaaattg accgtttttt tacatgagag agtgaaagta 7740
 caccacctta ggcaatgtgg ttgtggataa ggtgattaag gaatacccaa atgggggtta 7800
 tgaagcgagg gtgctgatcc ctaaccgaa agcgaaaacc gatcctgatg cgcgaaatt 7860
 ttggagaaaa aggggaaatg aagggtgtatc cacaatgttt ccaagaacat ggacagagga 7920
 taggttgaaa gtggagttag agcatgcgtt taataataga gtaccaatgg aaaagtttga 7980
 aaataaatgg gaaggtataa caaaatcagg cgtgaaagta gaatgggttc tggatagaaa 8040
 tggtaaagtg ttgactctat ttgttaatt ttctgtgtct ttttgtaaaa aataagttgt 8100
 tgaataaaca tttttctcta taatcaaac ttaatgataa ttaatatcat taaataagaa 8160
 tggatactta gatgaggatt atatgaaaga tttatcaaaa atgacctgcc ttgaagactt 8220
 acgccgtgtt gcgcaacgta aagtgcacaa aatgttttat gactatgtag ttccaggatc 8280
 ttggagcgaa agcacattgc atgccaaccg taatgatatt caagcaatta agctacgtcg 8340
 acctgtggcg attttgccca ttcttcatt cagctctgca attcgtcgct tgtgtgttc 8400
 tgttgcgcgc gcaagctctc ttgtcgactt gccttttcta atggggcttg ttgctcccaa 8460
 taacgtgagg tcgccacatc cactttacgt agtgttga 8498

<210> 58
 <211> 5798
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (2686) .. (4446)

<220>
 <223> unknown D1

<400> 58
 gtcgacaaga ataaaacgaa acagcaaata gaattagaat tactacttat taacaataat 60
 ccttttttaa agattctagc tgttttagat aaaaatatac gtgtgaagct ttgggtcaca 120
 ttattattat caggcctata ttatttatat gcagtaaaaa acgattcaaa ttttgcata 180
 ggtttatcta ttattttagt ttttattatt gtcattccag ggattttgac aaatgctatt 240
 ttgaaagcta aggtgaaaaa aatcatggta gatttaccag gttttattga cttagttgca 300
 gtaaagtgtc aaacagggat tagtattgat gcggctttaa 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

10

20

30

acattatcag ctaaaatgag tatccattg attttggtta ttatgttccc aataatcatt 660
ttaattctag caccaggtat aatgagggta 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 ctgtcgcaa 1080
tgaactctta ttaaaatcac ctaatgaagg agaagtatat aatttaagag gtatcgctta 1140
tgcgcaaaat gggaatttgg tgaatgccg aaatgatatc aataaagcaa gagagtctt 1200
tattaatgat aatgttgcta ttaataattt agccatgcta aatattatta atggcgattt 1260
taataatgct gtttctttac tgttgccaca atatttaaat ggcgttaaga attctcgatt 1320
gattcataat cttgtttttg ctttagttaa aaatggtgat cttgattatg caaaagatat 1380
cattgttaaa gagcgtttaa atacttcacc agatgattta attaatgcat tgaaaaaac 1440
tacacatgta tcaaaagggtg taactcggta acactaagga ttgatatga aaaagtctt 1500
atcaaatata aaaggaacct cgtcaattga atttgctttg acgatagcgt tctatttatt 1560
tggtgtgarg tttatttttg aattttgtcg attagcgggt gcgacagctt attgggattt 1620
agctataacg gaaagtgtca gaattgcgaa gaatgaacaa gcaatttctg gaaattatga 1680
agaagcattt aggaaagctc ttacaaagca aaaaaattc catgatgaat cgacaattgg 1740
atatttggtg ttgttagaag ataataaatt tgatgtaaaa gtccaatatg tggattgtga 1800
taaagaaacg gaatgtatta aaaatcttct gcttaataaa ttctgccaac cacaaaaaa 1860
tcataaagga gagttaatct ctctacggg gagtcgcgcg actttagcac aatattcttt 1920
aacttataaa tataagttta tgggtgccgtt agtatttatt cctgagtctt ggtctcaagt 1980
agtgtgaac cgtgaatttg ttgtgtgaca ggaatttgag cgttctcaat ttatgttagg 2040
agcaaacca 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 attgatgac 2340
ataagcaatt tgaaaagctt gctaagaaac tgatttatgg tgatcagaat agtaataaaa 2400
ggatcgatgt tgtttttagaa tattgggcac aagacggttc tggacggagg attccaaata 2460

10

20

30

```

tcattggcga ttgtacgcct tacaaaaaac ttcttgattt atcctattta tctctcgcgt 2520
cagaactcaa taatgaaaga aaaataccgc tttatcaaat tactctttgt gttgaaactc 2580
agggtttggt tgaacaata ttactggata agtctgagcg ttcaacgggg ctgattagat 2640
catcgtcaat gtcagtatca cgataaatta tcgttaggga actttt atg aaa aaa ctt 2697
                                     Met Lys Lys Leu
                                     1

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

```

10

20

30

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 Lys 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 Trp 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	

10

20

30

455	460	465	
gcg caa cct tgc aaa ctg 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 ggg 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 actttttcgt gaataatata gaatagacaa caataagaat	4596		
taaaacgctc aaggcataga ggcttagtgc aacaaactaa gctattttgc gcgattgatt	4656		
gggatataga tgttatttca aataagcaat aaccatggtc ctgagaaaga agatgagtgc	4716		
cgtaataaag tagaagcgat ttttcttttg gctgaaaagg ggtgttagcc tttttcggct	4776		
aaagaaaata gtagcaacgg caatataaag ggcgataaag agcattttgt aaatgaacca	4836		
tggtgttaca ttttgctgaa aaagaagaaa tagcccaatt cccgaacaga acaacagcgt	4896		
atcacttaag tgcggtaga tttttaatac ttttctgtct cgccaatttt tgctgttaa	4956		
ttgcatcatg ccacggataa taaatagact gaggtgaga aaggcacagg caatgtgtag	5016		
ataaataaga taatatgcca tcgatttttt tctaagata aagaaagcag tagcgaggct	5076		
actgctttta aataatatcg tatttagtga atgaatttaa ctttctgcgc tttcgaccgc	5136		
actttcgtc gcatcactct caatgtcttc ttcacgcaca tcacaaacga gttgtaatcc	5196		
aaccagtgtt tcaactttcac ttgttcggat gagacgtact cttgtgtat ttcgaccgat	5256		
aatattgatt tcgtttacgc gactacgtac tagcgtaccg gcatcagtaa tgagcataat	5316		

10

20

30

ttgatcgctt tccccaactt gtgttgctgc aacgacttta ccgttacgct cactcacttt 5376
 aatcgagatc acgccttttg tggtacgtga tttagttggg tattccgcta attcagtagc 5436
 ttaccataa ccgttttttg tggtgggttaa aatggcgctt tcattttttg gaataacaag 5496
 tgacacgact ttatcaatat tgagatccaa ggcacatta gtattctcat cagagatctc 5556
 ttccatctcg accgcacttt catcatccga caaatcatto gttaacgcca gtttaatacc 5616
 gcgtacacct gttgctgcac gccccatggc acgcacagca ttttactaa agcgaactac 5676
 acgtccttgt gcggagaaga gcatgatctt attttgacca tcggtgatat ccacaccgat 5736
 aagttcgtct tcatcacgca agttgagtgc aataatgcct gttgaacgag gacgactgaa 5796
 tt 5798

10

<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

20

30

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

10

20

30

tgc acc ggc gta tta cct cgt acg cac ggt tct gca atc ttt act cgc Cys Thr Gly Val Leu Pro Arg Thr His Gly Ser Ala Ile Phe Thr Arg 115 120 125	384
ggg gaa aca caa gca tta gcg gtt gca acc tta ggt act gag cgc gat Gly Glu Thr Gln Ala Leu Ala Val Ala Thr Leu Gly Thr Glu Arg Asp 130 135 140	432
gca caa att gtt gac gaa tta acc ggc gag aaa tca gac cgt ttc tta Ala Gln Ile Val Asp Glu Leu Thr Gly Glu Lys Ser Asp Arg Phe Leu 145 150 155 160	480
ttc cac tat aac ttc cct ccg tac tct gtc ggt gaa acc ggt cgt atc Phe His Tyr Asn Phe Pro Pro Tyr Ser Val Gly Glu Thr Gly Arg Ile 165 170 175	528
ggg tcg ccg aaa cgt cgt gaa atc ggc cac ggt cgt tta gcg aaa cgc Gly Ser Pro Lys Arg Arg Glu Ile Gly His Gly Arg Leu Ala Lys Arg 180 185 190	576
ggg gta tta gcg gta atg ccg act gct gaa gaa ttc ccg tat gta gtg Gly Val Leu Ala Val Met Pro Thr Ala Glu Glu Phe Pro Tyr Val Val 195 200 205	624
cgc gta gta tct gaa att acc gaa tca aac ggt tct tct tca atg gct Arg Val Val Ser Glu Ile Thr Glu Ser Asn Gly Ser Ser Ser Met Ala 210 215 220	672
tcc gta tgc ggc gca tct tta gcg tta atg gac gca ggc gta ccg att Ser Val Cys Gly Ala Ser Leu Ala Leu Met Asp Ala Gly Val Pro Ile 225 230 235 240	720
aaa gcg gcg gtt gcg ggt atc gca atg ggc tta gtg aaa gaa gaa gaa Lys Ala Ala Val Ala Gly Ile Ala Met Gly Leu Val Lys Glu Glu Glu 245 250 255	768
aaa ttt gtg gtg ctt tca gac atc tta ggt gac gaa gac cat tta ggc Lys Phe Val Val Leu Ser Asp Ile Leu Gly Asp Glu Asp His Leu Gly 260 265 270	816
gat atg gac ttc aaa gta gcc ggt acg cgt gaa ggt gta acc gca ctt Asp Met Asp Phe Lys Val Ala Gly Thr Arg Glu Gly Val Thr Ala Leu 275 280 285	864
caa atg gat att aaa atc gaa ggt atc acg cct gaa att atg caa atc Gln Met Asp Ile Lys Ile Glu Gly Ile Thr Pro Glu Ile Met Gln Ile 290 295 300	912
gca tta aat caa gcg aaa ggt gcg cgt atg cac atc tta agc gtg atg Ala Leu Asn Gln Ala Lys Gly Ala Arg Met His Ile Leu Ser Val Met 305 310 315 320	960
gaa caa gcg att cct gca cct cgt gcc gat att tcc gat ttt gcg cct Glu Gln Ala Ile Pro Ala Pro Arg Ala Asp Ile Ser Asp Phe Ala Pro 325 330 335	1008
cgt att cat acg atg aag atc gat ccg aag aaa atc aaa gac gtg atc Arg Ile His Thr Met Lys Ile Asp Pro Lys Lys Ile Lys Asp Val Ile 340 345 350	1056
ggg aaa ggc ggt gcg gtt at Gly Lys Gly Gly Ala Val	1076

10

20

30

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

10

<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 ttttgcata 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 ctccaattta ttctcactta 540

attcagttgt ctgcagatat caggagagata caattattaa tcattgagga aaagttaggt 600

acattatcag ctaaaatgag tatccatttg attttggtta ttatgttccc aataatcatt 660

ttaattctag caccaggtat aatgagggta ttcccaa 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

20

30

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

10

20

30

atcgacaatt ggatatttgg cgttggtaga agataataaa tttgatgtaa aagccaata 1788
tgtggattgt gataaagaaa cggaaatgtat taaaaatctt ctgcttaata aatttcgcca 1848
accacaaaaa aatcataaag gagagttaat ctctcctacg gggagtcgag cgacttttagc 1908
acaatatctt ttaacttata aatataagtt tatggtgccg ttagtattta ttcctgagtc 1968
ttgggtctcaa gtagtgctga accgtgaatt tgttggtgta caggaatttg agcgttctca 2028
atttatgtta ggagcaaaaac caagtctctt tgggacgaat ccatagaaaa tttactcatt 2088
atttcgagct atatatgaaa gagtcagggt tagttaaaatt caagcatttt tggaaaaata 2148
aaaagggcgc agtgacgata gagttccttt ttatgtcaat gtttctgatt gtgctatttg 2208
catttctctt cgatttagta atgttacgtt ctacattagg caagttagat aatgcctcat 2268
atacattagt tagtattctc cgtgaacgta cacagttgta cgatagagtt gcacaaatta 2328
atattgatga tcataagcaa ttgaaaagc ttgctaagaa actgatttat ggtgatcaga 2388
atagtaataa aaggatcgat gttgttttag aatattgggc acaagacggg 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 cagcataaat tatcgttagg gaactttatg 2688
aaaaaacttt atttaattcg ttcttgctat gattcagtc gaaaatttta tgagaatgag 2748
ctagggtgtt atacagtaat gactgcatta ctagcatttc cattattagt tttgattgga 2808
tttacggttg atggaactgg ggttggtgctt gataaagcac gtttagctca aggaatggat 2868
caagctgctt tagctttggg tgctgaaaac aatgactacc gagaaaataa aaaacatggg 2928
gatgttaatc ggcaagtagt atcgctcaa gacaaagcaa aatttggtgg taatgaattt 2988
atggcgaaaac aagaaaagcg taatcaagag cttatccagg gtattgccaa actttattta 3048
cgttcagaaa atgcgaatgc ttcactctgat gcaccaatca ctattgataa acctttcat 3108
tattcatgtg aggagttaga ttacctaca gctaagttagt atgcacgtcg taaacctatt 3168
gtttgtgaag tgcaagggtg cgtcaatcgt aaattttggc ttctgtcag tgaatcgta 3228
gttagtgaag ataaactgaa aaaagatcga gtttagactg aatccgatac cagttatgag 3288
attaaagaaa aaggcatcgt gattcctgtg gagctaagtc ttgtttcgga ttattctggt 3348
tcgatgaata gtcatttaca ggataaaaac ggtagatctc taggaaaagc taaaattact 3408
attttaagag aagtgggttag tgaaatttcg aaaattttat tgccagaaga tgttagcgaa 3468
gggtgagacc ctttcaaccg tattggcttt acgacttttt ctggcggtgt tagacaacgg 3528
gatgtcactg aaggctgtgt gcttccatat gaaggaaaaa taccacaaac ttctcgaaaa 3588

10

20

30

ttaactattc gttattggat tacgggtaat aatacacctt ggaaatttaa tgctgggaga 3648
tgggagagaa gtacagtgtc ttccaggag cattataaag gctattatga caaatccat 3708
tcttcaactt gtagaggtc agggagctct agaacttgtc aaattgatgc aaatcctaag 3768
aaaattatgg attatgcact aaaaattaat gactggacga caattagaga attatttaac 3828
acttatatag atgtaagtgg gacgattgac caaatctccc agtttgatgg ttcaaacaga 3888
cgttatgata tgggtgttac tgatgaagaa cgggtgtctg gcggaaatat tggtagaaga 3948
acaactcgag cttggtttga tcaaaaaaat aaagatatta caagagagtt gaatatgtt 4008
cgtcttctg gttggacttc tgcattctcg gggcttcttg ttggagctaa tatcatgatg 4068
gacgagaata agaactctga tgcgcaacct tcgaaactcg ggacaaatat tcaacgtgtt 4128
atcttagtat tatctgatgg tgaagataac tggccaaact atagtacatt aacgactctt 4188
ttaaacaatg gtatgtgtga caaatctga gaacaattgg gcaagttaca agatccaaat 4248
ttacgagagt taccaggaag aattgcgttt gttgcgttg gctatagtcc accagcaaac 4308
caagttgccg cttggaaaaa atgtgtaggt gatcaatatt atacggctta ttcgaaagaa 4368
gagttgttag atagtttcaa acaattatt ggatttgaag aagagggtgg gcgttcttca 4428
tctcataaac cgaaatttta agattgtcca aggataacgc taaaaaatct cttagcacag 4488
gctaagagat ttttttatgt gtttttcaaa ttttatctac tgggtatttt aattcattac 4548
ataacataac ttttctgtga ataatacaga atagacaaca ataagaatta aaacgtcaa 4608
ggcatagagg cttagtcgaa caaactaagc tattttgcgc gattgattgg gatatagatg 4668
ttatttcaaa taagcaataa ccatggtact gagaaagaag atgagtgccg taataaagta 4728
gaagcgattt ttcttttggc tgaaagggtg tgttagcctt ttccggctaa agaaaatagt 4788
agcaacggca atataaagg cgataaagag cattttgtaa atgaaccatg ttgttacatt 4848
ttgctgaaaa agaagaaata gcccaattcc cgaacagaac aacagcgtat cacttaagtg 4908
cggtaagatt tttaactctt ttctgtctcg ccaatttttg cctgttaatt gcatcatgcc 4968
acggataata aatagactga ggctgagaaa ggcacaggca atgtgtagat aaataagata 5028
atatgccatc gatttttttc ctaagataaa gaaagcagta gcgaggctac tgctttaaaa 5088
taatatcgta ttagtgat gaatttaact ttctgcgtt tcgaccgcac ttctgctcgc 5148
atcactctca atgtcttct catcgacatc acaaacgagt tgtaatccaa ccagtgttcc 5208
actttcactt gttcggatga gacgtactcc ttgtgtattt cgaccgataa tattgatttc 5268
gtttacgcga gtacgtacta gcgtaccggc atcagtaatg agcataattt gatcgcttcc 5328
ctcaacttgt gttgctgcaa cgactttacc gttacgctca ctcactttaa tcgagatcac 5388
gcctttgggtg ttacgtgatt tagttgggta ttccgctaac tcagtacgtt taccataacc 5448

10

20

30

gtttctgtgtg gcgggttaaaa tggcgcccttc attttttggg ataacaagtg acacgacttt 5508
 atcaatattg agatccaagg catcattagt attctcatca gagatctctt ccatactgac 5568
 cgcactttca tcatccgaca aatcattcgt taacgccagt ttaataccgc gtacacctgt 5628
 tgcgtgcacgc cccatggcac gcacagcatt ttcactaaag cgaactacac gtccttgtgc 5688
 ggagaagagc atgatttcat tttagaccatc ggtgatatcc acaccgataa gttcgtcttc 5748
 atcacgcaag ttgagtgcga taatgcctgt tgaacgagga cgactgaatt 5798

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

10

<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

20

30

225 230 235 240
 Leu Ile Asn Ala Leu Lys Lys Thr Thr His Val Ser Lys Gly Val Thr
 245 250 255

Arg

<210> 62
 <211> 1788
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (1) .. (600)

10

<220>
 <223> unknown K

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

20

30

```

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

ttaataaaac accagcaatt tcaacgccat tcatggcaga taatgccgct gcgacgatca 690
catcaggacg atccgcggaa gtgacaagta aacttccaac gcggaaatgt tccaccatat 750
tggtcaaatt acgtgcacag aaagtgatgc cacgaatgcg acgttcattg atcgcgcctt 810
catgaataat ggcagcacct aaatgtttgg ctaaatacaat ggcacgagtc gcaattaatt 870
ctgcgcctca aggaatacat gccaaagattt taattgggct tttctcaaataaatgataaa 930
tctcagatac ttgattttgt gtgtgttggg aagaatcaaa aatttctgcc aagtcagggc 990
gagtacgacc agattcatca atcgggcgat taaatttatt gatcacaaca ccaagtaaat 1050
tagggttatt tttgctgcca aataatgagg ctgcggcttt gatgcgttct ttgagttctg 1110
cgggtgtttc cgtgcggcgt gctgcaacaa gaatgatttc cgcatacaagt gcttgagcaa 1170
tttcatagtt aatgctattg gcataagaat gcttacgcgt agggattaaa ccttccacca 1230
cgacaatttc attgtttttg gcgagttggt gatgattttc aacaattttt tctagtacca 1290
catcagattg attttgaccg atgagtgatt cagctacact taacataaat ggttcactgg 1350
tttcaatggt ggtactgggt cgaataattg atgttgtgcg atcaatcata tcttcacctg 1410
agttcggctg agaaattggt ttcataaagc cgactttcgc ccttttttgc tccagtgcac 1470
gtgttaaaac taagctgaca ctggttaagc ctacaccagc actaatcggg ataaggataa 1530
ttgtacgtga cataataaac cctaatttgt tgataattta tacaaaaaga aactgccgat 1590
gaatcggcag ttaattgatc ttacgcgat gcaaaggcgc gcggtatctt gtgcaataac 1650
aagttcttca ttcgttggga tcaccatggc aacaggcgta ttgtctgctg taatcacccc 1710
ttcatgacca aagcgagccg ctttgttttt atctgaatcc acttgataac cgaacagttt 1770
taaataggttt 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

10

20

30

20

30

```

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

```

10

20

30

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 Gly Phe Ile Ser Tyr Asp Tyr His Pro Val Pro Pro Leu
 165 170 175

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

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

 acttaaattg atgaatttaa tcatcgacgg taacaaatat ctcggcgaag tcacggaagt 687
 gactcaacca aaattagcaa tgaaaaatcga agaatttcgc gcggggcggtg tgattgggttc 747
 ggtggatgtc aatctcgggc ttgaaaagct cgaagcggaa tttaaagccg gtggctacat 807
 ggtcgaatta attaaaaaat tcggcgggtc aatcaacggc attccattgc gttttcttgg 867
 ctcatatcag cgtgatgaca cagaagaagt cacatctgtt gagcttgtga tgcaagggtcg 927
 atttactgaa attgacagcg gaaacagcaa agtgggcat gacactgaac aaacattcaa 987
 agtgccttra 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

10

20

30

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

10

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

20

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

<220>
 <223> xylA

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

30

30

175	180	185	
ttg tgg gga gga cgt gaa gga tat gaa acg tta tta aat acc aat tta Leu Trp Gly Gly Arg Glu Gly Tyr Glu Thr Leu Leu Asn Thr Asn Leu 190 195 200			1647
aaa cag gag cga gag caa att gga cgt ttc atg caa atg gtg gtt gag Lys Gln Glu Arg Glu Gln Ile Gly Arg Phe Met Gln Met Val Val Glu 205 210 215			1695
cat aaa tat aaa atc ggt ttt aac ggg act ttg ctg att gaa cca aag His Lys Tyr Lys Ile Gly Phe Asn Gly Thr Leu Leu Ile Glu Pro Lys 220 225 230			1743
cca caa gag cca acg aaa cat caa tat gac tat gat gtg gcg acc gtt Pro Gln Glu Pro Thr Lys His Gln Tyr Asp Tyr Asp Val Ala Thr Val 235 240 245 250			1791
tat ggc ttt tta aag cag ttt ggt tta gaa aaa gaa att aaa gtg aat Tyr Gly Phe Leu Lys Gln Phe Gly Leu Glu Lys Glu Ile Lys Val Asn 255 260 265			1839
att gaa gct aat cac gca aca tta gct gga cac act ttc cag cat gaa Ile Glu Ala Asn His Ala Thr Leu Ala Gly His Thr Phe Gln His Glu 270 275 280			1887
gtc gcc atg gct aca gcg tta gat att ttt ggt tct att gat gca aat Val Ala Met Ala Thr Ala Leu Asp Ile Phe Gly Ser Ile Asp Ala Asn 285 290 295			1935
cgt ggt gat cca caa tta ggt tgg gat acc gat caa ttc cct aat agc Arg Gly Asp Pro Gln Leu Gly Trp Asp Thr Asp Gln Phe Pro Asn Ser 300 305 310			1983
gta gaa gaa aat act ttg gtc ata tat gaa att ctc aaa gca ggg ggc Val Glu Glu Asn Thr Leu Val Ile Tyr Glu Ile Leu Lys Ala Gly Gly 315 320 325 330			2031
ttt aca acc ggt ggt ttt aat ttt gat gct aaa atc cgt cgg cag agt Phe Thr Thr Gly Gly Phe Asn Phe Asp Ala Lys Ile Arg Arg Gln Ser 335 340 345			2079
acg gat cct tac gat tta ttt cat gga cat att ggc gcg att gat gta Thr Asp Pro Tyr Asp Leu Phe His Gly His Ile Gly Ala Ile Asp Val 350 355 360			2127
ctt gcc tta tca cta aaa tgt gcg gcg aaa atg ctt gaa gag caa gct Leu Ala Leu Ser Leu Lys Cys Ala Ala Lys Met Leu Glu Glu Gln Ala 365 370 375			2175
tta caa aaa gtc gtc aat caa cgt tat gct ggt tgg aca tca tca ctt Leu Gln Lys Val Val Asn Gln Arg Tyr Ala Gly Trp Thr Ser Ser Leu 380 385 390			2223
ggt caa ctt gtt caa atc cgg tcc tac cac gcg tgt ctg caa tac aga Gly Gln Leu Val Gln Ile Arg Ser Tyr His Ala Cys Leu Gln Tyr Arg 395 400 405 410			2271
cta aca aaa gtg ctt taaaacgttc cggtttacgc cagacatcta gacgattgaa Leu Thr Lys Val Leu 415			2326

10

20

30

taatttcaat attgtctccg cacgtaattc aaaggctttg tgtatgtgcg aatgatattc 2386
 acaacaaagt tctgcaaaat cttgaattgc gtgaggtaat ttaaagcgct gacataagcg 2446
 tcttgtcggc atgacaccag ctttttcattg tccataatga tgtggcaata tttcttttgg 2506
 tgttaaggct tttcctaaat catgacaaat tgcagcaaaa cgtaccgcac ttttgtcact 2566
 gtccggtgtt 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

10

20

30

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

10

20

<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 ccttgccctt ttacttcac cagaagcaca agggcattta 120
 gtcaagaata atgtgatgtt accggtgatt aataccaata ttgaaccgca ctttgatgcc 180
 cttagagcca cccaaatgaa caccgaaagtg ctgcatacct caaaagtgaa tgccgaacaa 240
 gtcaaaaaat ggattgctgt ttggcaaacg accctaacc aataattgtt tgtcttg 297
 atg ttt aag cga ttt cgt gca ttc aca tac cgt ccc gcc agt tat ctt 345
 Met Phe Lys Arg Phe Arg Ala Phe Thr Tyr Arg Pro Ala Ser Tyr Leu
 1 5 10 15
 ggc ggg atg ttg gtg att gtt ttt ctg agc gct ttt tat gcg ttc gcc 393

30

30

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 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 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 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 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

10

20

30

515	520	525	
cga cat cag gaa ccg cgt gat gat taatttaaac ggtgttcagt ttccctataa	1935		
Arg His Gln Glu Pro Arg Asp Asp			
530	535		
tacctttact tttagagctgg atttgcagat tcttgctcaa caaaaagtgg ctattattgg	1995		
cgccagtggc gcagggaaga gtaccttatt aaatttgatt gcgggttttg cattgccaca	2055		
gcaaggggaa atttgggtga atggtgaaaa tcatagccaa actcaacctt atgaacgtcc	2115		
ggtatctatt ttgtttcaag aaaacaacctt gtttacgcat ttgactgtgg cagagaatat	2175		
ggcattaggg ctgaaaccaa gcctaaaact gaccgcactt gaacaacaac gcgtacaaca	2235		
agtggcaagt gcagtgggtt tgcaggggtt tcttaatcaa ttacccaccc agttatcggg	2295		
tgggcaaaaa cagcgtgtgg cggtggcgcg ttgtttatta cgcgataagc caattttgtt	2355		
attggatgaa cttttttctg ccttagatcc cgatttacgg gcagaaatgt tgcatttatt	2415		
gttacagtig tgtgatgaaa aaaaattaac actcctgac gtgacacatc aagtgaacga	2475		
attacagcag aaaatggatc gtatgattcg ttttgaacat ggtaggatga gtgagtccac	2535		
cattttgaag gataatttta acgaaaaaca gaccgcactt taggcggcctt attaattaga	2595		
taaggaaaga gaaaaatatg acaacggcaa cggcatttga gattcgtaca cttactcctc	2655		
acccgacctt agaataattgg tctgtgtgta aaattgaagc cctgtttgag accecttttt	2715		
tagatttggg ttatcgggct gcgcaagtgc accgagaaaa ctttaatcct aaagccattc	2775		
aattatccac tttaatgtcg attaaaaagg ggggatgtcc agaggattgt ggctactgtc	2835		
cgcagtcagc acgttatcat actggagtag aaaagcagca attactcgat gtggaagaaa	2895		
ttgttgaaaa agccaaaatt gccaaaagc gtggtgcagg gcgcttttgt atgggggctg	2955		
catggcgtgg accgaaaccg aaagacattg aaaaagttac cgcaatcatt aaagcgggtga	3015		
aagaactggg cttagaaacc tgtggtacct ttgggttatt gcaagatggg atggcagaag	3075		
atttaaaaga agcgggtttg gattattata accataatct cgatacagcc ccagaacact	3135		
acggtaatgt gattggtacc cgtcaatttg atgacgtat taatacgtta ggtaaagtgc	3195		
gtaaagctgg cttaaaagtg tgctgtggcg ggattattgg catgaatgaa acccgtaaag	3255		
aaagagcagg attaattgct agcttagcta atttagaccc gcaacccgaa tcggtgccga	3315		
ttaatcaatt agtgaaagtg gaaggtaccc ctttagccga tgcggcagaa ttagactgga	3375		
cagaatttgt gcgcactatt gcggtggcgc gtattaccat gccgaaaagc tatgtacgtt	3435		
tatcagcagg gcgtcaaggc atgtcggaag aaatgcaagc catgtgcttt atggctggcg	3495		
cgaatt	3501		

10

20

30

<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

```

10

20

30

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

10

20

<210> 72
 <211> 3182
 <212> DNA
 <213> *Pasteurella multocida*

30

<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 gacaatatatg aaaaagcttc 180
caatggggaga ataagtatag agttattacc tctcgactca gtcttaaaat ctagtacat 240
gctttctggt gtccgaaata aaattattga tggagcgggt gcaacagcgg caatgtatgc 300
aggcactgac cctggattcg gattaattgg tgatactatt tctgcttgga accatgacga 360
agatatTTTA aatttttact ataattggagg tggTTTTgaa gttgttgata atattttcca 420
acaatatggt gccaaactca ttggtgtatc anttacggga gcagaatcat taccatcgaa 480
agtaaaaata gctaatactg aagattttaa aggtataaaa attcgggctc cctctggtcc 540
tatccaaaaa ttgtttgcaa gattaggagc cgctcctggt ggtcttctctg gttcagaaat 600
ctatactagt ttagaaaaag gtattattga tgctgccgat ttctcaacgt ttgcaataaa 660
tcaagcaciaa ggagtcctat atattgcaaa atatccaatc tatccgggaa ttcattcttc 720
accagcgggt catatgatta tgaatcataa aacttgaggat agcttaactc catcggatca 780
agcattctta attgcttact ttaaagggat ggctctcgat actctgactc gtgctcatta 840
tgaagataaa ctacatata aagaagcact tgagaaagga gtacaaccag tttcttgga 900
tcaacaagaa attacaaaag ttcgtctat cgctaaagaa atttggcaag agatagctca 960
acaatctgaa ataggaatc aagtattatc aagtattraat gaaattccta gaatctcaag 1020
gaatgctgca ataactgca agatggataa gacgatatcg tcttatccat taaggagtaa 1080
aacatgctta tttctaaata tttattatgg ctctgtaata agctagatca aatattcatt 1140
aaagtaggtt attacgtttc ttatatTTTT ctattagtgt ttatcattgg ttttacgagg 1200
ttgttgctcg gtatttattc tctagcccaa cactttgggt tcatgaagta acaacatttt 1260
taataagtct atcattactt tatggtggag tagcttgta cgccagtaat aaacatattg 1320
ccatgacatt tattagacaa aaattacctt ataagatcaa atggttacta gaactcttag 1380
ttgaaatact tatttttatt ttttttattt tgcttagtta cggagcctac ttatcagcta 1440
gagaagcatt atttactcca tcaggaaaat tcaaaatgca aacttctgga agtgtattag 1500
acatgccatt tccagcaatt gaaaaaagtt tttcttttat 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

```

10

20

30

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 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 Met 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 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	

10

20

30

295 300 305
 cta aaa cat aca atc aat act gtt ggt atg ata atc tgg gtc ggc att 2515
 Leu Lys His Thr Ile Asn Thr Val Gly Met Ile Ile Trp Val Gly Ile
 310 315 320
 ggc gca aca atg att ata ggt att tat aat cta atg ggt ggg gac cga 2563
 Gly Ala Thr Met Ile Ile Gly Ile Tyr Asn Leu Met Gly Gly Asp Arg
 325 330 335 340
 ttt ata gct aac tta ttc gct agc tta gat gcc tct cca att tat act 2611
 Phe Ile Ala Asn Leu Phe Ala Ser Leu Asp Ala Ser Pro Ile Tyr Thr
 345 350 355
 atc att att atg atg gtt att tta tta ata ctt ggt atg ttc tta gat 2659
 Ile Ile Ile Met Met Val Ile Leu Leu Ile Leu Gly Met Phe Leu Asp
 360 365 370
 tgg att ggt gtt gcc atg ttg act ttc ctc aag aca agt aaa gcg aca 2707
 Trp Ile Gly Val Ala Met Leu Thr Phe Leu Lys Thr Ser Lys Ala Thr
 375 380 385
 atc aat ttg tgt ttt gac ata gtc agg tac agt att tgg cgt ggt ccc 2755
 Ile Asn Leu Cys Phe Asp Ile Val Arg Tyr Ser Ile Trp Arg Gly Pro
 390 395 400
 tcc ttc cac agt acc aat gtt cat cgt ggt acc ttt gtc ggg cgc ggt 2803
 Ser Phe His Ser Thr Asn Val His Arg Gly Thr Phe Val Gly Arg Gly
 405 410 415 420
 act ttt tagtaaatct tgcgcgatac gaataaacgc attgatggca ttgctccgt 2859
 Thr Phe
 20
 tttgtggatc gactgccgca tgagcagatt tgccaaaaaa ttcaattaca tacttcccaa 2919
 tccctttttct ttogttaacg tttccactta gattgcccag aagccgatct gtctgaatgg 2979
 gaacaagtgt tataccaaga agcgaatcca acagggtgaag tggatgatcgg tatggtgggt 3039
 aaatacactg aattaccgga tgcctacaaa tcggttaatg aagccttgaa acacgcaggc 3099
 ttaaaaaacc gtcttagcgt gcaaatcaaa tatattgatt cacaagatgt ggaaacccaaa 3159
 ggcacagaag tgttagaagg 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

10

20

30

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

10

20

30

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 gatgccgggt gaagccactg caacgtaatc gaattgtccg 60
 gcatacaaag caagaatgtt ggccagtgtg tcatgcatcg cattggcagc atcagcttgt 120
 ggcgttgcaa 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 ttctgggggtg 360
 ttatagcgcc cttctgccat cactcggcag ccagcagcat tcaaattctt gactaactga 420
 taatccgggt 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

10

20

30

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 taaatttattc aaaagaagat 956
 Cys Asp Ser Phe Asp Ile Leu Thr Pro Val
 150 155
 tgactccaat ttgcataggt taatcttaga attaaaaaat aacaacccaaa ataataaaaa 1016
 tttagatct ttgtgcata ttattcata gggaatagac agcttaattt tagttatgat 1076
 ttgtcaatcc ttgtatttt ttgtgtttgc tgggtttgcga tacactgttc taatattgct 1136
 ttgagcactt gataaccttg ctcatataaa tgtaatccgt cggtagaaaag gcgtaaatcc 1196
 agttcacccgt tagaatcaca aaagtatttt tgtgtttcaa cgttaagtcac gtctgacgga 1256
 caatgttgtt ttaaataggt attgagcctg tgaatttgtg cgtagtgac cgtattaatc 1316
 tgattgaccg gtgtggcttc taataaaaag tagtgggacg taggagaaat ggtgtgtagg 1376
 tgagtcagaa tgtcatttaa ctatcgcatg acttgcgccg gtgaatacgt ttcttcctta 1436
 caaatatcat tgacgcctaa aaaaagaaaa acagattgtc caagtgtgtg aatccgttta 1496
 ggtttaacga taacatccaa atattgtgc gtactgacgc cagaaagtcc taaattggcg 1556
 acggtttgtc ccgctaattg aggtgtgcct gctacctgtt cgtcccacat gtcaaaaagt 1616
 gaatgaccaa ttaagctgat attggcaggt ttggaaaatt ccgcattttt 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 ttcattcatca ttttaacgta 1916
 atcccaacgt aaccaataga ggagaactca taatgaaatt taaaaaacta ctacttgcat 1976
 ctttatgttt aggtgtttca gcttctgtat ttgcagcaga ttacgatctt aaattcggtg 2036
 tggttgcggg tccaagctca aacgaatata aagcagtaga attctttgcg aaagaagtga 2096
 aagaaaaatc caatggcaaa attgatgtgg ctattttccc tagctcacag ttaggtgatg 2156
 accgtgtgat gattaaacaa ttaaaagacg gtgcattaga ctttacgtta ggtgaatcag 2216
 caggtttcca aatttacttc ccagaagcag aagtatttgc gttgccttat atgattccta 2276

10

20

30

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

10

<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

20

30

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

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

<220>
 <223> yiaO

<400> 76
 gttaacacac catgattaat gatgccggtt gaagccactg caacgtaatc gaattgtccg 60
 gcatacaaaag caagaatggt ggccagtgtg tcatgcatcg cattggcagc atcagcttgt 120
 ggcggttgcaa tctgttggcg ttgttctatt ttgccgtctg ttacaatagc cgaggcaatt 180
 tttgttccac caatatctaa tgctaaacag cgcataggct ctcttctgt gatgacttat 240
 ttgcccattg tgacggcatt ggcaaacag cttacgatat gttcgaggcg agtcagcgca 300
 gatcctacgg tgacagagta agcaccaatc tcaattgcgg ttttcgcca ttctgggggtg 360
 ttatagcgcc cttctgccat cactcggcag ccagcagcat tcaaatcttt gactaactga 420
 taatccggtt cagctggaat ttcaccgcca gtataaccag acatggtgct accaataatt 480
 tctaccctta agttgtggca atacatccct tcttcaaaat tagaacaatc cgccatggct 540
 aaacaacctt attctttgat tcgtttaata atggcttcac gtgtagttgg acggacgcca 600
 tcggtaccat caaaagcaat aatatcggcg cctgctgcgg ctaactcttc aatgtcttgt 660
 aaaaatgggc taatacgaac gggactgtca ggtaaatcgc gtttaacgat accaataatc 720
 ggtacattga cgacgttacg cgtggctttt aaattttcga tcccttcaat acgtaaccgg 780
 gcagcaccac cgataacgga tgcttgcgcc atggcggcaa caatttcttg cgagtccatt 840
 ggcccattat ctacgggctg gcaagatgcg attaagccat atttaatttg ttctaaaact 900
 tgcggatgtg atagttttga catattaact ccagtctaaa tttatcaaaa gaagattgac 960
 tccaatttgc ataggttaat cttagaatta aaaaataaca accaaaataa taaaaatttg 1020
 agatctttgt cgcataattt ttcataggga atagacagct taattttagt tatgatttgt 1080
 caatccttgc tattttttgt gtttgcgtgt ttgcgataca ctgttctaatt attgctttga 1140
 gcacttgata accttgctca ttaaaatgta atccgtcggg acaaaggcgt aaatccagtt 1200
 caccgttaga atcacaaaag tatttttgtg tttcaacgta agtcacgtct gacggacaat 1260
 gtgtttttaa ataggtattg agcctgtgaa tttgtgcgtt agtgaccgta ttaatctgat 1320
 tgaccggtgt ggcttctaatt aaaaagtagt gggacgtagg agaaatgggt tgtaggtgag 1380
 tcagaatgtc atttaactat cgcattgactt gcgcgggtga atacgtttct tccttcaaaa 1440
 tatcattgac gcctaaaaaa agaaaaacag attgtccaag ttgttgaatc cgttttaggtt 1500
 taacgataac atccaaatat tgtcgcgtac tgacgccaga aagtcctaaa ttggcgacgg 1560
 tttgtccgcg taattgaggt gtgcctgcta cctgttcgtc ccacatgtca aaaagtgaat 1620
 gaccaattaa gctgatattg gcaggtttgg aaaattccgc cattttgctc tgatagcggt 1680

10

20

30

30

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	

10

<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	20
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	

30

195 200 205
 Pro Leu Pro Thr Ile Gln Ala Gln Lys Phe Tyr Glu Val Gln Lys Tyr
 210 215 220
 Leu Ala Leu Thr Asn His Ile Leu Asn Asp Gln Leu Tyr Leu Ile Ser
 225 230 235 240
 Asn Asp Thr Leu Ala Asp Leu Pro Glu Asp Leu Gln Lys Val Val Lys
 245 250 255
 Asp Ala Ala Ala Lys Ala Ala Glu Tyr His Thr Lys Leu Phe Val Asp
 260 265 270
 Gly Glu Asn Ser Leu Val Glu
 275

10

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

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

<220>
 <223> yigF

<400> 78
 ctgcaggctc gattagtgagg gcaccgaaag aaaaaaccgt gcaaattatt cacgcgcag 60
 aacagcagcc acgcgggttat tacacgggga tttttggtct gttcgatggt gagtcgttac 120
 aaagtgcggt ggcaattcgt tttattgagc aagtggacga gaaattgatt ttccgcagcg 180
 gtggcgggat tacgatctta agcgagctag aagacgagta ccaagaattg atccaaaaag 240
 tgtatgtacc agtaggataa gcgatgacat ttccctttatt tgagacgacg gctattgtga 300
 acggtgaaat tcagcacctt gccctgcatc aacaacgtta tgcggcaagt ttggcgacct 360
 tttacggcga gaaaggagcg aaagtacagg atcttgcgaa aattattcag attccgacct 420
 cacttgaaca cactcaacat gcgccgataa tccgttgtcg gattgattac aatcagcaag 480
 actgtgacgt gcattatctt ccttatcaac gcaaaattta ccgcactttt cagcctgtca 540
 tttgcgatga aattaactat gatctgaaat atgctgatcg ggcattatta aatcagttat 600
 ttgctcagcg tagggattgt gatgagatta tgattatcaa acacggcaag gtgacggatt 660
 gcagtattgg taatctgggtg tttcgccaag gtgagcaatg gttcacgcca gatagcccg 720
 tattttacgg cacacaacga gcttggttat tacaacaagg caaaattcaa gcccgttcca 780
 tcttattgca agagatcgca caatttgaag aaattcggtt aattaatgca ctaaatccgc 840
 tgtaaatttt ccttgaacag cgtaaaataa aacaactttt tcagtcagat aaaaggagat 900
 aaacgac atg acg aaa gta att cat act gac aat gca cca gcc gcc att 949

20

30

Met	Thr	Lys	Val	Ile	His	Thr	Asp	Asn	Ala	Pro	Ala	Ala	Ile	
1				5					10					
ggt cct tat gta caa gcg gta gat tta ggt aat atg ctg tta acc tct	997													
Gly Pro Tyr Val Gln Ala Val Asp Leu Gly Asn Met Leu Leu Thr Ser														
15 20 25 30														
ggg caa att cca gtg aat cca aaa acc ggt gaa gtg cca gcg gat atc	1045													
Gly Gln Ile Pro Val Asn Pro Lys Thr Gly Glu Val Pro Ala Asp Ile														
35 40 45														
gta gca caa gca cgt caa tcg tta gaa aac gtg aaa gcg att gtg gaa	1093													
Val Ala Gln Ala Arg Gln Ser Leu Glu Asn Val Lys Ala Ile Val Glu														
50 55 60														
caa gcg gga tta caa gtc gca aat atc gtg aaa acc acg gtg ttt gtg	1141													
Gln Ala Gly Leu Gln Val Ala Asn Ile Val Lys Thr Thr Val Phe Val														
65 70 75														
aaa gat tta aat gac ttt gca gcg gtc aat gcg gag tat gaa cgt ttc	1189													
Lys Asp Leu Asn Asp Phe Ala Ala Val Asn Ala Glu Tyr Glu Arg Phe														
80 85 90														
ttt aaa gag aac aat cac cct agc ttc cct gct cgt tca tgt gtg gaa	1237													
Phe Lys Glu Asn Asn His Pro Ser Phe Pro Ala Arg Ser Cys Val Glu														
95 100 105 110														
gtg gca cgt ttg ccg aaa gat gtg ggg att gaa atc gag gca atc gct	1285													
Val Ala Arg Leu Pro Lys Asp Val Gly Ile Glu Ile Glu Ala Ile Ala														
115 120 125														
gta aaa gcc taatgaatag cttgcattta tcttagtcgt agcaaaacaa	1334													
Val Lys Ala														
tctctttttca cttgctctct tcaaagcaag tggataagtg attttttattg ggcgtttttc	1394													
tattgatagc caaaaacgcc ctttactgat agagaataaa ctatgcaaaa tcaagtcac	1454													
gagattctac aataccgttt aaaaccacaa tcaggacaaa cgtttcacca aattatgcgt	1514													
gagatcagtg ttccactcca taaacaacat gggattgatg tcattgcgta tggaaattca	1574													
ttacatgata ttgacagcta ttatttaate cgtgcatttg agacagaaac caaattgcaa	1634													
cagcagctcg atgcttttta tgccagtgat gattggcgtg atggaccaag agaaagtatc	1694													
attcgctga ttgaaagcag tttaaaatcg gtgatcatgc tcccgacaca ggcaatccat	1754													
gcactacgca accattatcc tcaataaaat caacaaccgc acccaatcag tgcggtcatt	1814													
ttttcttact ttttcagtgc taagggaataa acaacgatag tggacgttgt ttaatcaatt	1874													
tccaaacaca ttgcgcgata tcacaccaac tctcaatttc tgtttctaaa gaacgcagcg	1934													
caaccataa cgcgataaag aaactgacaa tcaaatcac cataccaatc aataacacga	1994													
acactaaacc ttgtaagaac atctgccaaag taaacgcgcc actgatcgcc atatagccca	2054													
aattcgcaga agaaaacgcc acatggcgaa tatctaacgg taaattaagc aaatacccca	2114													
ctaaccccg taaaccaagc aataaaccaa aacacagatt tcccataatc gaaccgtaat	2174													

10

20

30

tatcatgccg gtattctgca aatttgtagc gcatattacg ggccaacaga cggcgtaaaa 2234
 taggggtgatt tcttagtcgc atttttaagt tcaaataatt actacgatta tcaaaataac 2294
 cagaaataat cccagaaaag aataaccaga aaccgcgaat ggcggaacac 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

10

<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

20

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

30

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

<220>
 <223> yleA

<400> 80

```

aaccagctc agataagttt aattctggct atggaaagtg gaccaaattcc ttcgatctcc 60
cagggtttcta aggcgcgata cgggcaaata cgagtatttt cgatatactg ccaagcacct 120
agttgtttta agagattaac ggaagcaaca ctgatcgagc aaatgcgaag atcgtaaggc 180
gaattaggtt gaaactgtgg gagtggggcg tgctcgataa 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 Glu Ala Asp Val Leu Leu Leu Asn Thr Cys Ser Ile Arg
              40              45              50
gaa aaa gca caa gaa aaa gtt ttc cat caa tta gga cgt tgg aaa gaa 666
Glu Lys Ala Gln Glu Lys Val Phe His Gln Leu Gly Arg Trp Lys Glu
              55              60              65
tta aag aaa cat aag ccg gga ctc gtt atc ggt gtt ggg ggc tgt gtt 714
Leu Lys Lys His Lys Pro Gly Leu Val Ile Gly Val Gly Gly Cys Val
              70              75              80
gcc tca caa gaa gga gaa cac att cgt act cgt gct cct tat gtc gat 762
Ala Ser Gln Glu Gly Glu His Ile Arg Thr Arg Ala Pro Tyr Val Asp
              85              90              95              100
att att ttt gga cca caa acc tta cat cgt tta cct gaa atg atc aat 810
Ile Ile Phe Gly Pro Gln Thr Leu His Arg Leu Pro Glu Met Ile Asn
              105              110              115
cag atc aga ggt ggt aaa agc tca gta gtc gat gtc agt ttt cca gaa 858
Gln Ile Arg Gly Gly Lys Ser Ser Val Val Asp Val Ser Phe Pro Glu
              120              125              130
att gaa aaa ttc gac cgt tta cca gaa ccg cgt gca gaa ggt cca act 906
Ile Glu Lys Phe Asp Arg Leu Pro Glu Pro Arg Ala Glu Gly Pro Thr
              135              140              145
gct ttc gta tcc att atg gaa ggc tgt aat aaa tat tgc tca ttc tgt 954
Ala Phe Val Ser Ile Met Glu Gly Cys Asn Lys Tyr Cys Ser Phe Cys
              150              155              160
gtc gtg cct tat acg cgt ggt gaa gaa gtc agt cgt cca gtg gat gat 1002
Val Val Pro Tyr Thr Arg Gly Glu Glu Val Ser Arg Pro Val Asp Asp
              165              170              175              180

```

10

20

30

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
Thr 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	

10

20

30

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 cggttatattt ttatgaaaaa tttttgataa attgaccgct			1974
ctttttattg cttcatttta tgatagacag cgtgttttct gttatttcate gtattttcttt			2034
ttattttcact tcattaataa attattaaat ttcaattgct tatcaaaaatt gttgtttttt			2094
gctttttttc tatttatagc atggttattt ttatacaca catggcgctat ttctccatat			2154
ttttacaaaa aactgtgact tcactctaac tattgtttctc tcgtgcttta ctccatttta			2214
taaggcggtt agtttagatc atgttgtttt tacaacatat tttagaggttg tttgaagggtt			2274
gagcttattt tatagttgag gtgatgatga aaaaatttaa tcctagtata ttggcggtgt			2334
ccatatcaag tcgtctactc acatccacat tgacctttgg tcaaatccag caacaagata			2394
aagcactctt tgggtgtgaaa gaacatcaag aaagcctaact ctttcatacag agcttagtag			2454
aacaaggtag tgataatgtg ccaatttggc gcattccgtc tttattaaga acaaaagacg			2514
gtgtattaat tgcgcgcgca 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 cgtaattggt gaattttttt agcagttgat atgtttgccg			2814
atggagcagg ttttttttgt gtaaaagaca gtggtaatgg gcgcattaat attgatggta			2874
aacagtatcc ttttttaa at gaaaagcaat cgggtcgaca ttgaacctg tgtttettaac			2934
tctttcactt gctcaacgtt caccggaatc acgcggtcaa taaaagtcgg tttccagttt			2994
aaacccggtt gaacaatagc gtgtaattca ccaaaacgca tcaccacgcc acgtttctgct			3054
tctttgacag tataaaaaacc gctaacgccc cagacaattg caccaatcac cgtgcaatt			3114
ggcaataatt taccaagatt taacgatcca ccagaatgcg agttattgcg tttaccgcca			3174
ttccctgaac cgctaattt tttcagcaga ttattaaaaa tctcttcaat atcaggtggt			3234
gattgctctt gattgttttg cttacgacct gactggttat cattccaatt cggctgaccg			3294
ccttcattat caggacgtg actctcaggt tttttctgtc cgggtttgcc ccaaggatct			3354

10

20

30

tgatctgaac cgttcaatga cattaacgttc tccatttgtc aaaaaattgt tacttgttta 3414
aacaaattcc cacagtctaa acaaaatggt ggattaagtc taacgaaact cgttactaaa 3474
tggggatatt ttttatgatt taaagtgccg ccaataaaaa cgcacaatgg tctcattttt 3534
acggcttact acctgacttt tgtcctatcg ctttgtcggc catgtttttt cattcacctt 3594
ataataaatg gcgtcgtgta aggtgggttc cgctaattatt cccctctgcc aagtaaaata 3654
gtgcacatct aagcactgtg tttgggttaat aaaaaaagcc aagtaaaacg gcaagcgggtg 3714
actaaagagg agttaactaa gtttctgtat gctagcgtac tattgactct tcttgactcg 3774
tgtttgggtt ttattgcggt gaatgaaacc cttagcgtgta tttctttgnt attgttggct 3834
tatttaagcg ttagccgagt attatttgcg ctgcggttgt tgggcgtgat catgaatttg 3894
agctattact attatctctt gagtatccct ttattacata aatctttctt actcatggga 3954
gtaggcacgc ttctggcact agttacgttt gttttatcac gttataacaa ggcaccgcag 4014
gcaacattac aagctgaatc gcacaatacg tttcaaccac aaacaatgtt acgtaaaaaa 4074
ctaggattca ctttgttggc gacatgtttg attgcctttg ccacgaatta tactattcat 4134
aaatatgaag atattttaac gaatggtgag tcaattattt taaaaacggc acccgttgat 4194
ccgcgttctt tgatgcaagg ggattatatg acgttgaact atgaaatctt ggcagacatt 4254
agtgaggaat ggggaaaaaa tttagaagag gaaaaaacac agtattttgt ttatgcgttg 4314
ttaaaacgag acagcctagg gattgctacc ttgtgtcgtc ttgaaaccaa agcacctaca 4374
acatttgacg ggtgtacacc aaatatttac ttaccggtga atgtcgcgat gtggtggccg 4434
cgtttaccas gtcaagacta cttttttgcc gagggaaaag gtgaatatta tgcacaagct 4494
gaatatgccg aatatcgctt taaaggggga aaagcgttgt tgttcgcgtt actagataaa 4554
aatttaaaag cattataaaa caaaaggcgg tagtgaaccg cttttatgct gtatgccact 4614
tacttcaccg caatcattga gccaaaatta aagcattgaa accataattc cacttgttga 4674
aaaccgactt cagctaaacg cattttatgg gcttgaatgc tgtctgtacg catcacattt 4734
tcaagtgcgg tgcgtttttg gctgacttca agttcactgt atccattcgc gcgtttaaat 4794
tgatgatgta aatcaatcaa caaggcattc atgttttgat cttcaaaatg aaattcttcg 4854
gatagtacca agatcccat cggttgtaag ccttggtaaa tcttacttaa taaggctcga 4914
cgatcttcag gtggcagaaa ttgcaaagtg aaatttaaaa ttaccatgaa ggcatttttcg 4974
atttcgatat ggcgtatatc atcacaaata atgtccacag gtattgtact ttgataggca 5034
ctaacatgct ggcgacaacg atcgaccatg ggttgtgagt tatcaacacc aatgatcttg 5094
acgccgggtt gattaatatg acgacgtgca gataatgttg ccgcaccgcg cgagcaccce 5154
agatcataga cgttgcattt cgcgtaaca aagcgtgatg ccaacatccc aatagcggta 5214

10

20

30

atgatgttgg catagccggg aatagagcgt tggatcatgt cgggaaagac ttcagctacg 5274
 ctttcatcaa aagtaaaatc ccccaattta gcaatgggga gtcgaaaata gagtatcttt 5334
 tgtcataatg tattaagac cgagaaaaag tgcggtcatt ttagaagaag ttctgaccta 5394
 tcacaaataa attatgattt cgggaataaa tgcgccatgg cactttcttc ttgtttaata 5454
 cgcacgccta ggataagcaa ataaatgggt aatccaatca atgcggtata ttttgcttgg 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
 atcgccggca gataaaatac aacatgggca atggataaca gcgtagaatt gcgtttacca 5814
 tattgtattg caccttttgc aatcaatgct ttttcatggc ggattgaaat agacagacta 5874
 taaaaacgga tcgctaaaat acaggcaaaa gtgatattga taaataacat gtggttatcc 5934
 ttaacataat tttattccaa taaagtggcg taatataaca aaaaatccga tgatatggca 5994
 tggaaatagc cctttatttt gaacgttcat cgcttttctt tttctttatt ggttgatttg 6054
 taagcataaa taaccttttt atctctcttg gttttccgct ataattgagt gaattttiga 6114
 gcataattaa gagtacaaag gattttgaaa tgatgcgtac acattattgc ggtgcattaa 6174
 accgtgacaa tatcggacaa gaagtaacat tgagtgggtg ggtgcatcgt cgccgtgatt 6234
 taggtgggtt aatttttatt gatatgcgtg atcgtgaagg gattgtacaa gtgtgtttcg 6294
 atccaatata tcaagaagca ctcaccacag cagcaagttt acgtaatgag ttttgtattc 6354
 aaattaaagg cgaagtgatt gcccgccagc ataatcaaat caacaaaaat atggcaacag 6414
 gcgaagtgga agtggttagc aaatccctgt ctatttataa cagcgcagag ccattacctc 6474
 tcgactttta ccaaaataat acggaagaac agcgttttaa ataccgttat ttagacttac 6534
 gtcgcccaga aatggcgcaa cgtttaaaaa cagcagccaa aattaccagc tttgtgcgtc 6594
 gctttatgga cgaacatggt ttcttagata ttgaaacacc gatgttga 6642

10

20

30

<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

10

20

30

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

10

<210> 82
 <211> 4835
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <221> CDS
 <222> (407)..(1156)

<220>
 <223> yojB

20

<400> 82
 gtcaacgacg gggcggtct tagaacattg gcatacgggt acgatgacac gccgtgtccc 60
 agagctccat cgctccttcc caaataaactt ggtttggatg caccattag atgcgaaaaa 120
 acgtgggtta cgtcattggc ataaagtga gatcagctca cgtcgtggcg aaatgatttc 180
 tcacttagat acccgtggac gtaataaagt cccacaaggc ttagtttaca ccactttctt 240
 tgatgcaggt cagtttagcaa actatctcac tttagatgcg acagacccaa tttcaaaaga 300
 aacggacttc aaaaaatgtg cgggtcaaagt ggaaaaagcg taacacgtta aatttaatga 360
 ggaacgacgg 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

30

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 cgg tta ccg gag agc ttg taatggcaaaa ttcaccaaaa tatgcgggta 1186
 Thr Arg Leu Pro Glu Ser Leu
 245 250

aagaagcacg agaaaagtta ggctgggttgt acgccaatcg cttttttgttc tggcgacgtt 1246
 taaccacagct gagtattctt gccatgtttt taagcggacc ttatttttggg gtgtggatct 1306
 tgaaaggcaa ttacagtagt agtcttttgc ttgatttgat cccgatgact gatcctttga 1366
 ttatggcaga aagtctcgcg accggtttta tgccctaccat gaccgcgttg ttgggtgccc 1426
 tgattgtggt ggtgctttat gccatttttag ggagtcgcgt tttctgtgct tgggtttgtc 1486

10

20

30

cgtaaacaat cgtgacagat gcgtccgctt ggctcagacg taaattagaa attcgtcaat 1546
 cggcaaaact cccacgaagt ttacgctatg cgatccttagt gatgattttg ttaggcagtg 1606
 cgtaagcgg gttattactt tgggaatggc tcaatccggt tgcagcacta ggtcgtgctg 1666
 taatttacgg ttccggtgcg acagtttggc ttgttcttgc ggtgttttta ttgattttat 1726
 ttattgtcga gcatgggttg tgtgggcatt tatgcccaat aggtgcagcc tatgggtgtga 1786
 ttggtgcgaa aggacttttt cgtatcaaag ttgagcatcg ccaacaatgt gataattgca 1846
 tggattgcta taacgtctgt ccagaaccac aagtgttacg cgatccatta catgcaaaaa 1906
 agagtgaag cccactttgt ctttcaaaag attgtatcag ctgtggacgt tgtatcgacg 1966
 ttgcccga aaaagtattt atttttacaa cagcatttaa tcattcagtt aatcattcgg 2026
 gggagtgatc aaatgaaaa aaacaatgct aattttgacc gcactttttg ccttcacggg 2086
 caatgccaat gaagtcaaag tgggcaaaag ttacaaagat tcacctgaaa atatcgcgcc 2146
 agccttccac aatacaccaa aagaaagtgg cttggcgccg ttaaaactatg tgaaccaacc 2206
 accgatggcg ccacacgcca cgaaaaaacta tcaggtgacg aaaaatatca accaatgttt 2266
 aacttgtcat agcccagaag cctcactgtt tactgggtgca acacgcacga gtccaaccca 2326
 ctttatggat cgtgatggta acattgtcgg aggcacctca cctcgccggt acttctgttt 2386
 acaatgccat gtctctcaat ctgatgttga gccgattatt caaatgaat ttaaaccgat 2446
 ggctggtttt ggtaataaag ttaaggacgg aactatgttg aacttaatta aacgcttttg 2506
 gaaatgggtt cgctcgccca gtcgtattgc cgttggtaac ttgattaccg ttgcttttat 2566
 tgcaggtatt gtctcttggg ttgggtttta ttatggctta gagcaaacca atacagagga 2626
 attctgtgtt agtgtgcaca gtaatgatgt gtatccagaa tatttacata cggcgcatga 2686
 tttaaatcgc agtggagtaa aagccacttg tcctgattgc catgtaccgc acgaatttat 2746
 tccaaaaatg atccgtaaag tccaagccag tcgagaagtg tatgcgcacg 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 cttttcttgc tctcccacag gaaatctgca 3106
 tcgtattcag gtgcagattt ttttattttt acgatcatcc tcacaacctt ttcgctgata 3166
 aataggatac aacgctagct acacgctatc ttgctgcttt ttgtgtgttt gtgagggatt 3226
 atgtcatctt atctgcctct tttattacgt ttgttacaaa ttccgcgttt gggttcgtcg 3286
 cggatccagc gtttatttga gcacatcagt ccagcggaat taatggaata tgatacaaaa 3346

10

20

30

gcctttcaac agataggctg gacggcacag cagattcagc gtgggtttac 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 ggcaaatat ttccgacctc aactggctta tgccgatatt 3646
 gtggtgacca gtggtttagc gttagggtatt gatgggttct cacatcaagc ggtagtggat 3706
 atccacggga agacgattgc agtattaggc agtgggttag aggtcattta tccgaaaaa 3766
 caccgaggtt tagccgaaaa aattattgaa catcaagggt cgttagtgtc tgaattttta 3826
 cctttccaac cccctgtggc agaaaatttt ccacgtcgta atcgcatatt tagtgggtta 3886
 tctttgggga cattagtcac tgaagcctca gaaaacagt gttctttaat tactgcccgc 3946
 tatgcttttag agcaaaatcg agatgttttt gcgttacccg ggcagattca gcatggattt 4006
 agccaagggt gtcataaact gattaacacg ggggcaatat tagtcgaaag tattcaggat 4066
 attttagaac atctctcgcc ttattcgcat tgtgccatgc cagcgttgcc tcgtacggag 4126
 aacgcctttt ctcaacaagt aacagacaca tcaaccatca atactgcgcg gataacgcc 4186
 gaacatccgg aattatatgc caaaattggc tatatgcccg tcagtattga tgtattagcc 4246
 caacaagtca atctacctat tgatacctta ttagtacagc ttttaacctt ggaattgcaa 4306
 gacttgattg ttgctgaaaa tggattatat cagcgcaaat aacggaaaga gtaaccacaa 4366
 atgagaaaag actgtgttga aacggctatc aacatcagtc cttgcagtat attatctcat 4426
 atgacacgag acggcagttt catgagatta atagagacta aacgcttgta aatacggtag 4486
 tttgcctcgt ttagtcattt tctcaatatt gcctttgtga tcatcacgac ctaagcctcg 4546
 tagctcaata ttgataccaa tacttttgtc ataaaaaatt tgattcgccg tttggttttc 4606
 tttgctggtc acactacgtc gggcaccaac attaatcgcc caacagcaag tgctgtattc 4666
 tagtcccaaa tattgtctaa caggctttct caacgcaaga tcttgataat gacgtgctac 4726
 caccgcccac tgatccgtga gtgcccatgc cacagttaga ccaagctgtt ttatgtcttg 4786
 tccgtagcgg ttcgccgctg aggtgaggtt ttgggtcaata tattgttga 4835

10

20

30

<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

10

20

<210> 84
 <211> 3494
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

30

<220>
 <221> CDS
 <222> (2411)..(2719)

<220>
 <223> yyaM

<400> 84
 gtcaacgata cgaatacgac ggaagaaaac tatatgcaag tcatttatgg caagactgcg 60
 cgtctattcg aagctgagac gcattgagcc gcgatacttg ctcatgagac ggaagcccaa 120
 gaaaatgctt tacgcaata tgggtgttat ctaggcacag cttttcaatt agtcgatgat 180

attttagatt atagtgcaga tgcaaaagca ctccggcaaaa atattggtga tgatttagcg 240
 gaaggtaaac caacattacc gttattacac gccatgcac acggcaatcc agcacaagca 300
 aaattgattc gcgaagcgat tgagcaaggg ggtaagcgtg atattttaga ggatgtactg 360
 acaattatga cagaacataa atccctcgac tatgcgatga tgcgcgctaa acaagaagca 420
 caaaaagccg ttgatgcgat tgcattattg cctgaaaatg aatataaaca agcgttaatt 480
 tcattagctt acttatccgt cgatcgcgtt tattaaccac ttaataaggc gagacatgtt 540
 agcgtaacga ccgcctaaag tgcggtcatt tatttagtaa ttttaaacac gacaatgaca 600
 gaacaaaaca tccctacgaa aaaaacacgc aaaggcaaag atcctcacgc gccttttgta 660
 cgcgaaaaat tatccctacc aaatgggcat aacaaattgt tattgcattc ttgttgctcg 720
 ccttgctcgg gagaagtaat ggaggcaatt catgcttcag gtattgaatt tactatttac 780
 ttctacaacc caaacattca ccattaaaa gaatatctca ttcgtaaaga agaaaatatt 840
 cgttttgctg aaaaatgggg cattccgttt attgatgcg attatgatcg tcaagaatgg 900
 ttgacccgtg ccaaaggcat ggaagatgag ccagagcgtg gtattcgttg cactatgtgc 960
 ttgatatgc gttttgaaaa agccgcagaa tatgcacaca acaatggttt ccccgatttt 1020
 actagctgct taggtatttc acgttggaag gacatgaacc aaatcaacgg ttgtggacac 1080
 cgtgccgcgg aaaaatatga tgatgtagt tattgggatt ataactggcg taaagggtgt 1140
 ggctcacaac gtatgattga aatcagtaag cgtgaacgtt tttaccagca agaatatgc 1200
 ggttggtgt attctttgctg tgacacgaat aaatggcgtg aagcaaacgg acgcaaaaaa 1260
 attgaaattg gcaaatgtga ttattccgcc gattaaaaa accaagtaaa ccacgtgcgc 1320
 gtcataaac atggcggcac ttttttaggc tttatatatg caacgttttc gccaatcttt 1380
 cgaaacctaa tgctaaccgc tcttcactaa tatttaatgc tggggcaaaa cgcaatacat 1440
 taggaccgc cactaaaatc attaagccat tatctgctgc ttttttgaca aattcgtcgc 1500
 ctcttcctg atattgctcg ataagttctg caccaattaa caaaccttcg ccacggattt 1560
 ctttaataa gccacattgc tgattaattt cttgcagctt ttgcataaat ttttcagaag 1620
 tgcgctgaat tttttgcaag aatgggtggtg ctgaaatgat atcaatcact ttttctgcca 1680
 cggcacaagc gagaggattg ccaccaaagg tggtgccatg cagccaggt gcaaaacttt 1740
 tggcgatctc atgcgttgtc aacgaatgag aaaattgtga cagattgggc tccaacggga 1800
 cgtgcggatg agattgggga tacgcaagta cgttatgaaa ttgagcaggt gagttctagc 1860
 aattatagtg cactgtttgt ctccatttta cagatgaaac gtaatgaggt ggtatttagt 1920
 ccacatttag cggataaaca acgttatagt tctgatcgt tgaaccaact tgttggtgaa 1980
 ttagatgcgt cttatcgtaa acaagtccgt gatttgaata acagcggatt gatgccaatt 2040

10

20

30

30

actgtctagc ttgtcagcag tagattttatt 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

10

20

<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

30

<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 10
 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 20

 <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 30
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> Description of Artificial Sequence: primer
 <400> 92
 taccattct 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 10
 tacccattct aaccaagctt 20

 <210> 95
 <211> 19
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> Description of Artificial Sequence: primer

 <400> 95
 ggcagagcat tacgctgac 19

 <210> 96 20
 <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> 30
 <223> atpG

 <400> 97
 tgttgagctt ggttagtag ggtcgaaagg cgtaagcttt taccaaaatc taggcttaaa 60
 cgtgagatct caagtaacgg gattaggcga taatccggaa atggaacgta tcgtgggccc 120
 agttaatgaa atgattaatg cgttcggaaa cggagaagtg gatgcgggttt acgtcgctta 180
 caaccgtttt gaaaatacga tgtcacaaaa acctgttata 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 ctgcgaagc 480
 aagcattaca aatgaattaa acgaaattgt tgcgggtgcc gcagcaattt a 531

<210> 98
 <211> 25
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Description of Artificial Sequence: primer

10

<400> 98
 tctccattcc cttgctgagg ccccc 25

<210> 99
 <211> 20
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 99
 ggattacagc cggatccggg 20

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

30

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 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	960

10

20

30

```

<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

```

30

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

10

<210> 102
 <211> 4931
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <223> fhaB2

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(4929)

20

<400> 102
 atg aac aaa aat cgt tac aaa ctc att ttt agt caa gtc aaa ggt tgt 48
 Met Asn Lys Asn Arg Tyr Lys Leu Ile Phe Ser Gln Val Lys Gly Cys
 1 5 10 15
 ctc gtt cct gtg gca gaa tgt att aac tca gct att agc aat ggt tca 96
 Leu Val Pro Val Ala Glu Cys Ile Asn Ser Ala Ile Ser Asn Gly Ser
 20 25 30
 tct gat tca aca tcc aca tca gaa caa gtt gaa gag gaa cct ttc ctt 144
 Ser Asp Ser Thr Ser Thr Ser Glu Gln Val Glu Glu Glu Pro Phe Leu
 35 40 45
 cta gaa caa tat tca ctt tcc tcc gtg tct tta tta gta aaa agc acg 192
 Leu Glu Gln Tyr Ser Leu Ser Ser Val Ser Leu Leu Val Lys Ser Thr
 50 55 60
 ttc aat cct gtt tcg tat gca atg caa ttg act tgg aaa cag ctt tct 240
 Phe Asn Pro Val Ser Tyr Ala Met Gln Leu Thr Trp Lys Gln Leu Ser
 65 70 75 80
 att tta ttt tta act gtg att tct gtt cct gtt ttg gct gag gga aaa 288
 Ile Leu Phe Leu Thr Val Ile Ser Val Pro Val Leu Ala Glu Gly Lys
 85 90 95
 ggg gat gaa aga aat caa tta aca gtg att gat aat agc gat cat att 336
 Gly Asp Glu Arg Asn Gln Leu Thr Val Ile Asp Asn Ser Asp His Ile
 100 105 110

30

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 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 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	

10

20

30

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 ctc 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 ccg ttt ttc tca ata tct ccg tcg atg ctc 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 ctc 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

10

20

30

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 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 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 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

10

20

30

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 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 Gln 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

10

20

30

gaa aat ggt tat ctc ttg aat gag cta cta cag gag ctt gga gaa gag 3360
 Glu Asn Gly Tyr Leu Leu Asn Glu Leu Leu Gln Glu Leu Gly Glu Glu
 1105 1110 1115 1120

ccg tta cta aaa gaa ggg gaa gat cat ttt aaa cgt tct acc aat cta 3408
 Pro Leu Leu Lys Glu Gly Glu Asp His Phe Lys Arg Ser Thr Asn Leu
 1125 1130 1135

gtc cgt cta ggc gag aga gat agg caa aat aga gaa aag aga gaa aaa 3456
 Val Arg Leu Gly Glu Arg Asp Arg Gln Asn Arg Glu Lys Arg Glu Lys
 1140 1145 1150

gag ggg tat ttt gat ctg cct ggt aca tta gat atg aaa ctg cag gag 3504
 Glu Gly Tyr Phe Asp Leu Pro Gly Thr Leu Asp Met Lys Leu Gln Glu
 1155 1160 1165

tta ttc gaa aaa aga aaa caa aaa cac gaa gca gaa cag aaa gca aga 3552
 Leu Phe Glu Lys Arg Lys Gln Lys His Glu Ala Glu Gln Lys Ala Arg
 1170 1175 1180

ata gaa aaa gca ctt cta caa aaa tca gaa caa caa gaa aaa cgt gtt 3600
 Ile Glu Lys Ala Leu Leu Gln Lys Ser Glu Gln Gln Glu Lys Arg Val
 1185 1190 1195 1200

gaa gaa cgt aag caa gag gaa aaa cgt caa gcg caa gat aaa att gct 3648
 Glu Glu Arg Lys Glu Glu Lys Arg Gln Ala Gln Asp Lys Ile Ala
 1205 1210 1215

aag caa gta gaa att gca aaa gaa atg caa cgg gta gaa gaa att cgc 3696
 Lys Gln Val Ile Ala Lys Glu Met Gln Arg Val Glu Glu Ile Arg
 1220 1225 1230

cag aga gaa aaa caa ctt gcg atc caa ctg caa gaa gaa gag aag aaa 3744
 Gln Arg Glu Lys Gln Leu Ala Ile Gln Leu Gln Glu Glu Lys Lys
 1235 1240 1245

caa caa gaa gaa aaa cat tta tcc gag gag aaa aaa caa gct gaa cag 3792
 Gln Gln Glu Glu Lys His Leu Ser Glu Glu Lys Lys Gln Ala Glu Gln
 1250 1255 1260

aaa caa aaa gct gag gag aaa gtt gca caa gaa aga tta gac att gaa 3840
 Lys Gln Lys Ala Glu Glu Lys Val Ala Gln Glu Arg Leu Asp Ile Glu
 1265 1270 1275 1280

caa cag aaa gcg tat gaa gaa atg gcg aag cga gag gca gag gca tca 3888
 Gln Gln Lys Ala Tyr Glu Glu Met Ala Lys Arg Glu Ala Glu Ala Ser
 1285 1290 1295

aaa aat gtt tta ttg aaa gcg att gat gaa gaa cgt cca aaa gtg gaa 3936
 Lys Asn Val Leu Leu Lys Ala Ile Asp Glu Glu Arg Pro Lys Val Glu
 1300 1305 1310

act gat cca ctt ttc cgt aca aaa ttg aaa tat atc aat caa gat gac 3984
 Thr Asp Pro Leu Phe Arg Thr Lys Leu Lys Tyr Ile Asn Gln Asp Asp
 1315 1320 1325

tat gct ggt gca aat tat ttc ttc aat aaa gtt ggt tta aat aca aaa 4032
 Tyr Ala Gly Ala Asn Tyr Phe Phe Asn Lys Val Gly Leu Asn Thr Lys
 1330 1335 1340

ggt cat caa aaa gta aat gtg tta ggg gat aac tat ttt gat cat caa 4080
 Gly His Gln Lys Val Asn Val Leu Gly Asp Asn Tyr Phe Asp His Gln

10

20

30

1345	1350	1355	1360	
gtg att act cgc tgc att gag aaa aaa gta gat aac cac ctt aac caa				4128
Val Ile Thr Arg Ser Ile Glu Lys Lys Val Asp Asn His Leu Asn Gln				
	1365	1370	1375	
aaa tac aat ctc agc gat gtg gaa tta gtt aaa cag ctg atg gac aat				4176
Lys Tyr Asn Leu Ser Asp Val Glu Leu Val Lys Gln Leu Met Asp Asn				
	1380	1385	1390	
tcc aca aca caa gcg cag gag ttg gat ttg aaa cta ggt gcg gca tta				4224
Ser Thr Thr Gln Ala Gln Glu Leu Asp Leu Lys Leu Gly Ala Ala Leu				
	1395	1400	1405	
act aaa gaa caa caa gct aac ttg acc caa gat atc gtt tgg tat gtc				4272
Thr Lys Glu Gln Gln Ala Asn Leu Thr Gln Asp Ile Val Trp Tyr Val				
	1410	1415	1420	
aaa acg aag gta aag ggc aaa gat gtg ttt gtt cca aag gtt tat ttc				4320
Lys Thr Lys Val Lys Gly Lys Asp Val Phe Val Pro Lys Val Tyr Phe				
	1425	1430	1435	1440
gct tct gaa acg ctc gta gaa gcc caa aaa tta caa ggt tta ggc act				4368
Ala Ser Glu Thr Leu Val Glu Ala Gln Lys Leu Gln Gly Leu Gly Thr				
	1445	1450	1455	
ggg act atc aga gtt ggt gaa gct aag att aaa gcc aaa gat gtg gtg				4416
Gly Thr Ile Arg Val Gly Glu Ala Lys Ile Lys Ala Lys Asp Val Val				
	1460	1465	1470	
aat acc ggg aca tta gct ggg aga aaa ctc aat gtt gaa gcg agt aat				4464
Asn Thr Gly Thr Leu Ala Gly Arg Lys Leu Asn Val Glu Ala Ser Asn				
	1475	1480	1485	
aaa atc aaa aat caa ggg agt atc tta agt act caa gaa aca cgt tta				4512
Lys Ile Lys Asn Gln Gly Ser Ile Leu Ser Thr Gln Glu Thr Arg Leu				
	1490	1495	1500	
gtc ggg cgt aaa ggt att gaa aac gta tct cgt tca ttt gca aat gat				4560
Val Gly Arg Lys Gly Ile Glu Asn Val Ser Arg Ser Phe Ala Asn Asp				
	1505	1510	1515	1520
gaa tta gga gtc act gca caa cgc tca gaa atc aaa acg gaa ggt cat				4608
Glu Leu Gly Val Thr Ala Gln Arg Ser Glu Ile Lys Thr Glu Gly His				
	1525	1530	1535	
tta cat ctt gaa aca gat aag gat tca act att gat gta caa gca tgc				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 tgc 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

10

20

30

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

10

<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

20

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

30

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

30

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

10

20

30

Ala Met Ala Gln Val Phe Gly Ala Glu Trp His Ser Lys Ser Tyr Asp
900 905 910

Glu Met Arg Asn Lys Trp Lys Ser Phe Lys Glu Asn Pro Thr Asp Phe
915 920 925

Ile Tyr Tyr Pro Ser Glu Lys Ala Lys Ile Leu Ala Gly Lys Leu Glu
930 935 940

Gly Lys Leu Thr Thr Leu Gln Asn Gly Glu Tyr Ala Glu Arg Gly Lys
945 950 955 960

Phe Asp Glu Ser Ile Gln Ile Gly Lys His Gln Leu Ser Leu Pro Ser
965 970 975

Val Glu Leu Lys Ala Glu Phe Ser Asp Lys Glu Arg Leu Glu Glu Asp
980 985 990

Gly Val Asp Leu Ser Ser Ile Ala Glu Leu Leu Glu Met Pro Asn Leu
995 1000 1005

Phe Ile Asp Asn Ser Ile Gln Leu Glu Lys Lys Lys Leu Ser Pro Ile
1010 1015 1020

Glu Asp Leu Asp Glu Glu Pro Arg Lys Asn Leu Asp Ile Glu Glu Ser
1025 1030 1035 1040

His Ser Asn Ser Ser Asp Asp Val Leu Ser Met Asn Asp Asp Glu Ser
1045 1050 1055

Asp Thr Asp Asp Ser Lys Trp Ser Met Gly Asn Asp Glu Lys Glu Met
1060 1065 1070

Pro Asp Asp Lys Leu Gly Ile Ser Arg Asp Asp Arg Gly Asn Lys Pro
1075 1080 1085

Pro Arg Thr Asp Pro Thr Val Asp Tyr Leu Asn Pro Asp Glu Phe Phe
1090 1095 1100

Glu Asn Gly Tyr Leu Leu Asn Glu Leu Leu Gln Glu Leu Gly Glu Glu
1105 1110 1115 1120

Pro Leu Leu Lys Glu Gly Glu Asp His Phe Lys Arg Ser Thr Asn Leu
1125 1130 1135

Val Arg Leu Gly Glu Arg Asp Arg Gln Asn Arg Glu Lys Arg Glu Lys
1140 1145 1150

Glu Gly Tyr Phe Asp Leu Pro Gly Thr Leu Asp Met Lys Leu Gln Glu
1155 1160 1165

Leu Phe Glu Lys Arg Lys Gln Lys His Glu Ala Glu Gln Lys Ala Arg
1170 1175 1180

Ile Glu Lys Ala Leu Leu Gln Lys Ser Glu Gln Gln Glu Lys Arg Val
1185 1190 1195 1200

Glu Glu Arg Lys Gln Glu Glu Lys Arg Gln Ala Gln Asp Lys Ile Ala
1205 1210 1215

Lys Gln Val Glu Ile Ala Lys Glu Met Gln Arg Val Glu Glu Ile Arg
1220 1225 1230

10

20

30

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

10

20

30

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

cgc 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

10

20

30

Ile Asn Asn Gly Lys Gly Thr Asp Ile Leu Gly Glu His Arg Gly Lys	
130 135 140	
ccc aat ccg ctc aac tac tat act aca tca tgg tta acg aaa gtc ggt	480
Pro Asn Pro Leu Asn Tyr Tyr Thr Thr Ser Trp Leu Thr Lys Val Gly	
145 150 155 160	
tac gat att aat aac act cat cgt ttt aca ctg ttt tta gaa gat cgc	528
Tyr Asp Ile Asn Asn Thr His Arg Phe Thr Leu Phe Leu Glu Asp Arg	
165 170 175	
cgt gaa aag aag ctt acc gaa gaa aaa aca tta ggg ctt agt gat gca	576
Arg Glu Lys Lys Leu Thr Glu Glu Lys Thr Leu Gly Leu Ser Asp Ala	
180 185 190	
gtg cgt ttt gct aat gat caa acc cct tat ctc cgt tat ggt att gaa	624
Val Arg Phe Ala Asn Asp Gln Thr Pro Tyr Leu Arg Tyr Gly Ile Glu	
195 200 205	
tat cga tat aac ggc ttg tct tgg ttg gaa acg gta aag ctt ttt ttg	672
Tyr Arg Tyr Asn Gly Leu Ser Trp Leu Glu Thr Val Lys Leu Phe Leu	
210 215 220	
gca aag cag aaa atc gaa caa cgt tct gct ctc caa gag ttt gat att	720
Ala Lys Gln Lys Ile Glu Gln Arg Ser Ala Leu Gln Glu Phe Asp Ile	
225 230 235 240	
aat aat agg aat aaa ttg gat 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	

10

20

30

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	
ggg 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	

10

20

30

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

10

20

30

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

10

20

30

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

10

<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

20

30

115	120	125	
tat gat tct ttc atc gaa aat gaa aag tct gag cat aaa aaa tcg att			432
Tyr Asp Ser Phe Ile Glu Asn Glu Lys Ser Glu His Lys Lys Ser Ile			
130	135	140	
tca atg tca gat aag gaa tat tat ttt aat gca gga gta atg cta ttt			480
Ser Met Ser Asp Lys Glu Tyr Tyr Phe Asn Ala Gly Val Met Leu Phe			
145	150	155	160
aat tta gat gaa tgg cgg aag atg gat gta ttc tca aga gct tta gac			528
Asn Leu Asp Glu Trp Arg Lys Met Asp Val Phe Ser Arg Ala Leu Asp			
165	170	175	
ctg tta gct atg tat cct aat caa atg att tat cag gat caa gat ata			576
Leu Leu Ala Met Tyr Pro Asn Gln Met Ile Tyr Gln Asp Gln Asp Ile			
180	185	190	
ttg aat atc ctt ttt agg aat aaa gtc tgt tat tta gat tgc aga ttt			624
Leu Asn Ile Leu Phe Arg Asn Lys Val Cys Tyr Leu Asp Cys Arg Phe			
195	200	205	
aat ttc atg cca aat caa ctt gaa aga ata aaa caa tac cat aaa gga			672
Asn Phe Met Pro Asn Gln Leu Glu Arg Ile Lys Gln Tyr His Lys Gly			
210	215	220	
aaa ttg agc aac tta cat tct tta gaa aaa aca acg atg cct gtc gtt			720
Lys Leu Ser Asn Leu His Ser Leu Glu Lys Thr Thr Met Pro Val Val			
225	230	235	240
att tca cat tat tgt ggt cca gaa aaa gcg tgg cat gcg gat tgt aaa			768
Ile Ser His Tyr Cys Gly Pro Glu Lys Ala Trp His Ala Asp Cys Lys			
245	250	255	
cat ttt aat gta tat ttc tat cag aaa ata tta gca gaa ata acg aga			816
His Phe Asn Val Tyr Phe Tyr Gln Lys Ile Leu Ala Glu Ile Thr Arg			
260	265	270	
ggc acg gat aaa gaa cgc gta tta tct ata aaa act tat ctc aag gcc			864
Gly Thr Asp Lys Glu Arg Val Leu Ser Ile Lys Thr Tyr Leu Lys Ala			
275	280	285	
ttg att aga agg att aga tat aaa ttc aaa tat caa gtc tat ta			908
Leu Ile Arg Arg Ile Arg Tyr Lys Phe Lys Tyr Gln Val Tyr			
290	295	300	

<210> 107
 <211> 302
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

<400> 107
 Met Asn Ile Leu Phe Val Ser Asp Asp Val Tyr Ala Lys His Leu Val
 1 5 10 15
 Val Ala Ile Lys Ser Ile Ile Asn His Asn Glu Lys Gly Ile Ser Phe
 20 25 30
 Tyr Ile Phe Asp Leu Gly Ile Lys Asp Glu Asn Lys Arg Asn Ile Asn
 35 40 45

10

20

30

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

10

20

30

<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 Met Ile Gly Ala 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 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 Thr Asp Lys Ala Val Leu Met Val Glu Ser	
145 150 155 160	
gaa gcc gat gta tta acc gaa gaa caa atg tta gct gcg gtg gtg ttt	528
Glu Ala Asp Val Leu Thr Glu Glu Gln Met Leu Ala Ala Val Val Phe	
165 170 175	
ggt cat cag caa caa caa gtg gtg att gac gcg atc aaa gaa ttt acc	576
Gly His Gln Gln Gln Gln Val Val Ile Asp Ala Ile Lys Glu Phe Thr	
180 185 190	
gca gaa gcc ggt aaa ccg cgt tgg gat tgg gtg gca cct gaa cca aat	624
Ala Glu Ala Gly Lys Pro Arg Trp Asp Trp Val Ala Pro Glu Pro Asn	
195 200 205	
acc gcg tta att gaa aaa gtg aaa gcg att gca gaa gcg cgt tta ggc	672
Thr Ala Leu Ile Glu Lys Val Lys Ala Ile Ala Glu Ala Arg Leu Gly	
210 215 220	
gaa gca tac cgt atc act gaa aaa caa gca cgt tat gaa caa att gat	720
Glu Ala Tyr Arg Ile Thr Glu Lys Gln Ala Arg Tyr Glu Gln Ile Asp	
225 230 235 240	
gcg att aaa gct gat gtg att gca caa atc aca gct gaa gta gca gaa	768
Ala Ile Lys Ala Asp Val Ile Ala Gln Ile Thr Ala Glu Val Ala Glu	

10

20

30

245	250	255	
ggc gaa gac atc agt gaa ggg aaa att gtc gat att ttc acc gca ctt Gly Glu Asp Ile Ser Glu Gly Lys Ile Val Asp Ile Phe Thr Ala Leu 260 265 270			816
gaa agc caa atc gta cgt agc cgt atc att gct ggt gaa cca cgt att Glu Ser Gln Ile Val Arg Ser Arg Ile Ile Ala Gly Glu Pro Arg Ile 275 280 285			864
gat ggt cgt aca gtg gat act gtt cgt gca tta gat att tgt act ggt Asp Gly Arg Thr Val Asp Thr Val Arg Ala Leu Asp Ile Cys Thr Gly 290 295 300			912
gtt tta cca cgt aca cac ggt tct gcg att ttc acc cgt ggt gaa aca Val Leu Pro Arg Thr His Gly Ser Ala Ile Phe Thr Arg Gly Glu Thr 305 310 315 320			960
cag gcg tta gct gtc gcg aca tta ggt aca gaa cgt gat gca caa att Gln Ala Leu Ala Val Ala Thr Leu Gly Thr Glu Arg Asp Ala Gln Ile 325 330 335			1008
att gat gaa tta aca ggt gag cgt tca gat cac ttc tta ttc cac tac Ile Asp Glu Leu Thr Gly Glu Arg Ser Asp His Phe Leu Phe His Tyr 340 345 350			1056
aac ttc ccg cca tat tct gtg ggt gaa acc ggt atg att ggt tca cca Asn Phe Pro Pro Tyr Ser Val Gly Glu Thr Gly Met Ile Gly Ser Pro 355 360 365			1104
aaa cgt cgt gaa att ggt cat ggt cgt tta gcg aaa cgc ggt gta gct Lys Arg Arg Glu Ile Gly His Gly Arg Leu Ala Lys Arg Gly Val Ala 370 375 380			1152
gca gtg atg cca aca ctt gcc gag ttc ccg tat gtg gta cgt gtt gtc Ala Val Met Pro Thr Leu Ala Glu Phe Pro Tyr Val Val Arg Val Val 385 390 395 400			1200
tct gaa atc aca gaa tca aat ggt tct tct tct atg gca tcg gtt tgt Ser Glu Ile Thr Glu Ser Asn Gly Ser Ser Ser Met Ala Ser Val Cys 405 410 415			1248
ggt gcg tct tta gca tta atg gat gcg ggt gta cca att aaa gcg gcg Gly Ala Ser Leu Ala Leu Met Asp Ala Gly Val Pro Ile Lys Ala Ala 420 425 430			1296
gtt gca ggt att gca atg gcc tta gtc aaa gaa gac gaa aaa ttt gtg Val Ala Gly Ile Ala Met Gly Leu Val Lys Glu Asp Glu Lys Phe Val 435 440 445			1344
gtg ctt tca gac atc tta ggt gat gaa gat cac tta ggt gac atg gac Val Leu Ser Asp Ile Leu Gly Asp Glu Asp His Leu Gly Asp Met Asp 450 455 460			1392
ttc aaa gtc gcg ggt aca cgt acg ggt gtg acg gca tta caa atg gat Phe Lys Val Ala Gly Thr Arg Thr Gly Val Thr Ala Leu Gln Met Asp 465 470 475 480			1440
atc aaa atc gaa ggt atc aca gca gaa atc atg caa att gcg tta aac Ile Lys Ile Glu Gly Ile Thr Ala Glu Ile Met Gln Ile Ala Leu Asn 485 490 495			1488

10

20

30

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 Lys 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

10

20

30

<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		

10

20

30

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

10

20

30

<210> 110

<211> 1514
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <223> purF

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1512)

<400> 110
 atg tgt ggt att gtt ggt att gtt agc caa agc ccc gtt aac caa tca 48
 Met Cys Gly Ile Val Gly Ile Val Ser Gln Ser Pro Val Asn Gln Ser
 1 5 10 15

att tat gat gcg tta acc tta ttg caa cac cgc ggg caa gac gcc gcc 96
 Ile Tyr Asp Ala Leu Thr Leu Leu 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 Gln 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

10

20

30

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

10

20

30

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 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

10

<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

20

30

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

10

20

30

<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 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	

10

20

30

210	215	220	
aaa aac ggg cac tct aga gat gtg ccg ctt tcc caa aga gct gtt gcg			720
Lys Asn Gly His Ser Arg Asp Val Pro Leu Ser Gln Arg Ala Val Ala			
225	230	235	240
cta att tta aaa atg aaa gag gta gaa aat gga gat ctt gtg ttt cag			768
Leu Ile Leu Lys Met Lys Glu Val Glu Asn Gly Asp Leu Val Phe Gln			
	245	250	255
acc acg cct gaa tca tta agc acc acg ttt aga gtg tta aag aaa gag			816
Thr Thr Pro Glu Ser Leu Ser Thr Thr Phe Arg Val Leu Lys Lys Glu			
	260	265	270
tgt gga ctt gaa cat ctc cat ttt cat gat acg aga agg gaa gcg ttg			864
Cys Gly Leu Glu His Leu His Phe His Asp Thr Arg Arg Glu Ala Leu			
	275	280	285
acg aga tta tct aag aaa gta gat gta atg act cta gcc aaa att agc			912
Thr Arg Leu Ser Lys Lys Val Asp Val Met Thr Leu Ala Lys Ile Ser			
	290	295	300
gga cat aga gat tta aga att tta caa aac aca tat tac gca ccg aat			960
Gly His Arg Asp Leu Arg Ile Leu Gln Asn Thr Tyr Tyr Ala Pro Asn			
	305	310	315
atg agt gaa gtg gca aac ttg ttg gat ta			989
Met Ser Glu Val Ala Asn Leu Leu Asp			
	325		

<210> 113
 <211> 329
 <212> PRT
 <213> Pasteurella multocida

<400> 113	
Met Ala Thr Ile Arg Lys Arg Gly Asn Ser Tyr Arg Ala Glu Ile Ser	
1	15
Lys Asn Gly Val Arg Lys Ser Ala Thr Phe Lys Thr Lys Ser Glu Ala	
20	30
Asn Ala Trp Ala Val Asp Glu Glu Arg Lys Leu Ala Asp Leu Ala Lys	
35	45
Gly Ile Ala Pro Asp Ile Ile Phe Arg Asp Val Ile Glu Arg Tyr Gln	
50	60
Asn Glu Val Ser Ile Thr Lys Lys Gly Ala Arg Asn Glu Ile Ile Arg	
65	80
Leu Asn Arg Phe Leu Arg Tyr Asp Ile Ser Asn Leu Tyr Ile Arg Asp	
85	95
Leu Arg Lys Glu Asp Phe Glu Glu Trp Ile Arg Ile Arg Leu Thr Glu	
100	110
Val Ser Asp Ala Ser Val Arg Arg Glu Leu Val Thr Ile Ser Ser Val	
115	125
Leu Thr Thr Ala Ile Asn Lys Trp Gly Tyr Ile Ser Arg His Pro Met	

10

20

30

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
 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

10

20

<210> 114
 <211> 1190
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <223> sopE

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1188)

30

<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 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 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	10
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	20
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	
tgg 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	30
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 Lys 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 Phe Gln Leu Gly Phe Asn Gln Tyr Ile Ser Asp
 370 375 380
 gaa tac ctt gtt gat ttt tca aat cgt tta gca tgc 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

10

20

30

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

10

20

30

<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 Met 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	

10

20

30

245	250	255	
atg cag tta aat gtc acg caa ggt aca gtg aca att ggg gtg gat gga Met Gln Leu Asn Val Thr Gln Gly Thr Val Thr Ile Gly Val Asp Gly 260 265 270			816
ttt gcc aca gat ggc tta cct tat ttg gat atc att gcc aaa aag att Phe Ala Thr Asp Gly Leu Pro Tyr Leu Asp Ile Ile Ala Lys Lys Ile 275 280 285			864
gaa caa aaa caa gcg att aca aaa gaa aga aca gga aat tcc gaa acc Glu Gln Lys Gln Ala Ile Thr Lys Glu Arg Thr Gly Asn Ser Glu Thr 290 295 300			912
gat atc act ttt gtc gca ggt aac agt aaa tat gat tta aag aca cat Asp Ile Thr Phe Val Ala Gly Asn Ser Lys Tyr Asp Leu Lys Thr His 305 310 315 320			960
caa gtg aca gaa aag cat acc gct gag gca caa ggt gaa att gcg att Gln Val Thr Glu Lys His Thr Ala Glu Ala Gln Gly Glu Ile Ala Ile 325 330 335			1008
agc ggt gcg agt acc ggt gca atg tac ggt aaa aat atc aaa tta atc Ser Gly Ala Ser Thr Gly Ala Met Tyr Gly Lys Asn Ile Lys Leu Ile 340 345 350			1056
gta acg gat aaa ggc gct ggg gta aaa cat gat ggc att att tta tct Val Thr Asp Lys Gly Ala Gly Val Lys His Asp Gly Ile Ile Leu Ser 355 360 365			1104
gag gcg gat att caa att gaa acc cat gag ggc gat gtt gaa tta ggc Glu Ala Asp Ile Gln Ile Glu Thr His Glu Gly Asp Val Glu Leu Gly 370 375 380			1152
aat aca aaa aat aat cag aat gag aat tat gcc aaa gct cat gcg gaa Asn Thr Lys Asn Asn Gln Asn Glu Asn Tyr Ala Lys Ala His Ala Glu 385 390 395 400			1200
ggg aat ttt acg gtt aaa ggc ggt aag cac gtt att att ggt aag gaa Gly Asn Phe Thr Val Lys Gly Gly Lys His Val Ile Ile Gly Lys Glu 405 410 415			1248
gtt aaa gcc aac aaa gcg gtc gat att caa gca caa gaa aca aca gta Val Lys Ala Asn Lys Ala Val Asp Ile Gln Ala Gln Glu Thr Thr Val 420 425 430			1296
aga caa aat gcg aaa tta act gcc aaa acg agt gcc aaa att aca gca Arg Gln Asn Ala Lys Leu Thr Ala Lys Thr Ser Ala Lys Ile Thr Ala 435 440 445			1344
agt aag agt gtg aat ctt gaa gat aac gcg aaa ctt att gct aat gag Ser Lys Ser Val Asn Leu Glu Asp Asn Ala Lys Leu Ile Ala Asn Glu 450 455 460			1392
ctg agc aca aca acc aat aaa tta acc aat aaa ggt agc att tac ggc Leu Ser Thr Thr Thr Asn Lys Leu Thr Asn Lys Gly Ser Ile Tyr Gly 465 470 475 480			1440
aag aaa gtg acg cta gat gct gat aat tta gtc aat agt aaa gaa atc Lys Lys Val Thr Leu Asp Ala Asp Asn Leu Val Asn Ser Lys Glu Ile 485 490 495			1488

10

20

30

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 Tyr Leu Ile Asn Gln Gly Lys Ser Leu Leu His	
645 650 655	
tct gaa ggc gcc atg aac ctc aca gcg gat cgc acg gtg tac aat tta	2016
Ser Glu Gly Ala Met Asn Leu Thr Ala Asp Arg Thr Val Tyr Asn Leu	
660 665 670	
ggg aat att ttt gct aaa ggt gac gcg acg atc aat gca aac gcg tta	2064
Gly Asn Ile Phe Ala Lys Gly Asp Ala Thr Ile Asn Ala Asn Ala Leu	
675 680 685	
att aat gat gtt act ctc aca ggt cgt ctt gag tat caa gat ctg aaa	2112
Ile Asn Asp Val Thr Leu Thr Gly Arg Leu Glu Tyr Gln Asp Leu Lys	
690 695 700	
aaa gat tat acg cgt tat tat cgt atc aat gaa acg gca aaa cat ggt	2160
Lys Asp Tyr Thr Arg Tyr Tyr Arg Ile Asn Glu Thr Ala Lys His Gly	
705 710 715 720	
tgg cat aat aac ttc tat gaa tta aac gtc gac aga gtt tct tg	2204
Trp His Asn Asn Phe Tyr Glu Leu Asn Val Asp Arg Val Ser	
725 730	

<210> 117

10

20

30

<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

```

10

20

30

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

10

20

30

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

10

<210> 118
<211> 251
<212> DNA
<213> Pasteurella multocida

<220>
<223> unk0

<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

20

30

<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

10

<210> 120
 <211> 548
 <212> DNA
 <213> Pasteurella multocida

<220>
 <223> unkP

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(546)

<400> 120
 atg cgt gca tat ctt gat aaa gaa cag ggc tgg cat acg tct att tca 48
 Met Arg Ala Tyr Leu Asp Lys Glu Gln Gly Trp His Thr Ser Ile Ser
 1 5 10 15
 aat aaa ggc att aat ggc gtg agc ggt gtc aca caa cca ctc tat ttt 96
 Asn Lys Gly Ile Asn Gly Val Ser Gly Val Thr Gln Pro Leu Tyr Phe
 20 25 30
 gac att aac gac agc tcg act gat gtg aac tat ctc aat gaa caa ggc 144
 Asp Ile Asn Asp Ser Ser Thr Asp Val Asn Tyr Leu Asn Glu Gln Gly
 35 40 45
 atc acg tgt tgc gtg aat cat aat ggc ttt cgt ttt tgg ggc tta cgc 192
 Ile Thr Cys Cys Val Asn His Asn Gly Phe Arg Phe Trp Gly Leu Arg
 50 55 60
 acg act gca gaa gat cca tta ttc aag ttt gaa gtg tac acc cgc act 240
 Thr Thr Ala Glu Asp Pro Leu Phe Lys Phe Glu Val Tyr Thr Arg Thr
 65 70 75 80
 gca caa atc tta aaa gat acg att gca 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

20

30

```

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

```

10

```

<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

```

20

30

<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

10

<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

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

30

<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

10

<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

20

30

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

10

20

30

210 215

<210> 128
 <211> 242
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <223> apvC

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(240)

<400> 128 10
 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

ggc ttg caa aat tta tcg atg agg aaa atc gca agt gaa gcc ggt atc 144
 Gly Leu Gln Asn Leu Ser Met Arg Lys Ile Ala Ser Glu Ala Gly Ile
 35 40 45

gca aca ggc acg ctt tat ctc tat ttc aaa acg aaa gac gag tta ctg 192
 Ala Thr Gly Thr Leu Tyr Leu Tyr Phe Lys Thr Lys Asp Glu Leu Leu
 50 55 60

gat tgt ttg gcg gaa caa tta cat gaa cga tat tat cgt tat ctg aat 240 20
 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 30
 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 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

10

20

30

<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

10

20

<210> 132
 <211> 867
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <223> atpG
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(864)

<400> 132
 atg gca ggt gcg aaa gag ata aga acc aaa att gca agt gtg aaa aat 48
 Met Ala Gly Ala Lys Glu Ile Arg Thr Lys Ile Ala Ser Val Lys Asn
 1 5 10 15
 act caa aaa atc acc aaa gca atg gaa atg gtt gct acc tct aaa atg 96
 Thr Gln Lys Ile Thr Lys Ala Met Glu Met Val Ala Thr Ser Lys Met
 20 25 30
 cgt aaa acg caa gag cgt atg gct gcc agt cgt cct tat tcg gaa aca 144
 Arg Lys Thr Gln Glu Arg Met Ala Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Glu Thr
 35 40 45
 atc cgt aag gtg att agc cat att gcg aaa gga agc att ggt tat aag 192
 Ile Arg Lys Val Ile Ser His Ile Ala Lys Gly Ser Ile Gly Tyr Lys

30

50	55	60	
cac ccg ttt tta act gaa cgt gat att aaa aaa gta ggc tat ctt gtc			240
His Pro Phe Leu Thr Glu Arg Asp Ile Lys Lys Val Gly Tyr Leu Val			
65	70	75	80
ggt tgc acc gat cgc ggt tta tgc ggt ggc ctt aat atc aat tta ttc			288
Val Ser Thr Asp Arg Gly Leu Cys Gly Gly Leu Asn Ile Asn Leu Phe			
	85	90	95
aaa gcg act ttg aat gaa ttt aaa acg tgg aaa gat aaa gac gtt agt			336
Lys Ala Thr Leu Asn Glu Phe Lys Thr Trp Lys Asp Lys Asp Val Ser			
	100	105	110
ggt gag ctt ggt tta gta ggg tgc aaa ggc gta agc ttt tac caa aat			384
Val Glu Leu Gly Leu Val Gly Ser Lys Gly Val Ser Phe Tyr Gln Asn			
	115	120	125
cta ggc tta aac gtg aga tct caa gta acg gga tta ggc gat aat ccg			432
Leu Gly Leu Asn Val Arg Ser Gln Val Thr Gly Leu Gly Asp Asn Pro			
	130	135	140
gaa atg gaa cgt atc gtg ggc gca gtt aat gaa atg att aat gcg ttc			480
Glu Met Glu Arg Ile Val Gly Ala Val Asn Glu Met Ile Asn Ala Phe			
	145	150	155
cga aac gga gaa gtg gat gcg gtt tac gtc gct tac aac cgt ttt gaa			528
Arg Asn Gly Glu Val Asp Ala Val Tyr Val Ala Tyr Asn Arg Phe Glu			
	165	170	175
aat acg atg tca caa aaa cct gtt atc gca cag tta ctt ccg tta cct			576
Asn Thr Met Ser Gln Lys Pro Val Ile Ala Gln Leu Leu Pro Leu Pro			
	180	185	190
aaa cta gat gac gat gaa tta gat acg aaa ggt tca tgg gat tat att			624
Lys Leu Asp Asp Asp Glu Leu Asp Thr Lys Gly Ser Trp Asp Tyr Ile			
	195	200	205
tat gaa ccg aat cca caa gtt tta ttg gat agt tta ctt gtt cgt tat			672
Tyr Glu Pro Asn Pro Gln Val Leu Leu Asp Ser Leu Leu Val Arg Tyr			
	210	215	220
tta gaa act cag gta tac caa gca gtt gta gat aac cta gct tct gaa			720
Leu Glu Thr Gln Val Tyr Gln Ala Val Val Asp Asn Leu Ala Ser Glu			
	225	230	235
caa gcc gct cga atg gta gcg atg aaa gcc gca aca gat aat gcg ggt			768
Gln Ala Ala Arg Met Val Ala Met Lys Ala Ala Thr Asp Asn Ala Gly			
	245	250	255
aca tta atc gat gaa tta caa tta gtg tat aac aaa gct cgc caa gca			816
Thr Leu Ile Asp Glu Leu Gln Leu Val Tyr Asn Lys Ala Arg Gln Ala			
	260	265	270
agc att aca aat gaa tta aac gaa att gtt gcg ggt gcc gca gca att			864
Ser Ile Thr Asn Glu Leu Asn Glu Ile Val Ala Gly Ala Ala Ala Ile			
	275	280	285
taa			867

10

20

30

<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

10

20

30

<212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <223> atpH

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(531)

<400> 134
 atg tca gaa tta agt aca gta gct cgc ccc tac gct aaa gca gct ttt 48
 Met Ser Glu Leu Ser Thr Val Ala Arg Pro Tyr Ala Lys Ala Ala Phe
 1 5 10 15
 gat ttt gct tta gaa caa ggt cag ttg gac aaa tgg caa gaa atg tta 96
 Asp Phe Ala Leu Glu Gln Gly Gln Leu Asp Lys Trp Gln Glu Met Leu
 20 25 30
 cag ttt tcg gca ttc gtt gct gaa aac gaa caa gtg gcg gaa tat att 144
 Gln Phe Ser Ala Phe Val Ala Glu Asn Glu Gln Val Ala Glu Tyr Ile
 35 40 45
 aat tct tcc ctt gca agc ggt cag att tct gaa act ttt atc aaa atc 192
 Asn Ser Ser Leu Ala Ser Gly Gln Ile Ser Glu Thr Phe Ile Lys Ile
 50 55 60
 tgc ggc gac caa ctt gat caa tat ggg caa aat ttt att cgt gta atg 240
 Cys Gly Asp Gln Leu Asp Gln Tyr Gly Gln Asn Phe Ile Arg Val Met
 65 70 75 80
 gct gaa aat aaa cgt ctg gct gtg ttg cct atg gtt ttt gat act ttc 288
 Ala Glu Asn Lys Arg Leu Ala Val Leu Pro Met Val Phe Asp Thr Phe
 85 90 95
 gta tca tta cga gcg gaa cat gaa gcg gta aaa gat gta aca att gtt 336
 Val Ser Leu Arg Ala Glu His Glu Ala Val Lys Asp Val Thr Ile Val
 100 105 110
 tcg gca aac gaa tta agt caa gca caa gaa gat aaa atc gca aaa gcg 384
 Ser Ala Asn Glu Leu Ser Gln Ala Gln Glu Asp Lys Ile Ala Lys Ala
 115 120 125
 atg gaa aaa cgc tta ggt caa aaa gtt cgt tta acc aac caa atc gat 432
 Met Glu Lys Arg Leu Gly Gln Lys Val Arg Leu Thr Asn Gln Ile Asp
 130 135 140
 aac agc ctg att gca ggc gta att att aaa tac gat gat gtt gtt att 480
 Asn Ser Leu Ile Ala Gly Val Ile Ile Lys Tyr Asp Asp Val Val Ile
 145 150 155 160
 gat ggt agt agc cgc ggt cag tta aat cgc tta gcg tca gcg ttg agc 528
 Asp Gly Ser Ser Arg Gly Gln Leu Asn Arg Leu Ala Ser Ala Leu Ser
 165 170 175
 ttg taa 534
 Leu

<210> 135
 <211> 177
 <212> PRT

<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 135

```

Met Ser Glu Leu Ser Thr Val Ala Arg Pro Tyr Ala Lys Ala Ala Phe
 1           5           10           15

Asp Phe Ala Leu Glu Gln Gly Gln Leu Asp Lys Trp Gln Glu Met Leu
          20           25           30

Gln Phe Ser Ala Phe Val Ala Glu Asn Glu Gln Val Ala Glu Tyr Ile
          35           40           45

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

Cys Gly Asp Gln Leu Asp Gln Tyr Gly Gln Asn Phe Ile Arg Val Met
          65           70           75           80

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

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

Ser Ala Asn Glu Leu Ser Gln Ala Gln Glu Asp Lys Ile Ala Lys Ala
          115          120          125

Met Glu Lys Arg Leu Gly Gln Lys Val Arg Leu Thr Asn Gln Ile Asp
          130          135          140

Asn Ser Leu Ile Ala Gly Val Ile Ile Lys Tyr Asp Asp Val Val Ile
          145          150          155          160

Asp Gly Ser Ser Arg Gly Gln Leu Asn Arg Leu Ala Ser Ala Leu Ser
          165          170          175

Leu

```

10

20

<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

```

30

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

10

<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

20

<210> 138
 <211> 33
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

30

<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> exbE

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(450)

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

10

20

30

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 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

10

20

<210> 142
 <211> 720
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <223> fkpA

30

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(717)

<400> 142
 atg tta aaa aat aaa ctt tct gtt ctt gca atc gta gcc ggt acg ttc 48
 Met Leu Lys Asn Lys Leu Ser Val Leu Ala Ile Val Ala Gly Thr Phe
 1 5 10 15
 gtt tca gct caa act gca ttt gca gcg gat caa aaa ttc att gac gat 96
 Val Ser Ala Gln Thr Ala Phe Ala Ala Asp Gln Lys Phe Ile Asp Asp
 20 25 30

```

tca tca tat gca gtc ggc gta ttg atg ggt aaa aat atc gaa ggc gtc 144
Ser Ser Tyr Ala Val Gly Val Leu Met Gly Lys Asn Ile Glu Gly Val
      35              40              45

gtt gaa tca caa aaa gaa att ttt tct tat aac caa gat aaa atc ttg 192
Val Glu Ser Gln Lys Glu Ile Phe Ser Tyr Asn Gln Asp Lys Ile Leu
      50              55              60

gcg ggt gtc caa gat acc atc aaa aaa acc ggt aaa tta acc gat gaa 240
Ala Gly Val Gln Asp Thr Ile Lys Lys Thr Gly Lys Leu Thr Asp Glu
      65              70              75              80

gat cta caa aaa caa tta aaa tcg ctt gat act tat ctt gca agt caa 288
Asp Leu Gln Lys Gln Leu Lys Ser Leu Asp Thr Tyr Leu Ala Ser Gln
      85              90              95

gaa agc aaa att gcg gcg gag aaa agc aaa gca acc gta gaa gcc ggt 336
Glu Ser Lys Phe 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

10

20

30

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

10

20

<210> 144
 <211> 290
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

30

<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

```

10

```

<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

```

20

```

<210> 146
<211> 273
<212> DNA
<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

```

30

```

<220>
<223> hupA

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(270)

```

```

<400> 146
atg aac aaa act gag tta atc gat gca atc gca gct ggt gca gag tta 48
Met Asn Lys Thr Glu Leu Ile Asp Ala Ile Ala Ala Gly Ala Glu Leu
  1                5                10                15

```

```

agc aag aaa gac gcg aaa gcg gca tta gaa gcg act tta aat gcg atc   96
Ser Lys Lys Asp Ala Lys Ala Ala Leu Glu Ala Thr Leu Asn Ala Ile
      20          25          30

tct gaa agc cta aaa aat ggc gac acc gtt cag tta atc ggc ttc ggt   144
Ser Glu Ser Leu Lys Asn Gly Asp Thr Val Gln Leu Ile Gly Phe Gly
      35          40          45

act ttt aaa gta aac gag cgt aat gca cgt acg ggt cgt aac ccg cgt   192
Thr Phe Lys Val Asn Glu Arg Asn Ala Arg Thr Gly Arg Asn Pro Arg
      50          55          60

acc ggc gaa gaa atc aaa atc gca gca tct aaa gtg ccg gcg ttt gtt   240
Thr Gly Glu Glu Ile Lys Ile Ala Ala Ser Lys Val Pro Ala Phe Val
      65          70          75          80

gca ggt aaa gca tta aaa gat tta gta aaa taa   273
Ala Gly Lys Ala Leu Lys Asp Leu Val Lys
      85          90

```

10

```

<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

```

20

```

<210> 148
<211> 551
<212> DNA
<213> Actinobacillus pleuropneumoniae

```

30

```

<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 Leu Ala Gly Met Thr 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

10

20

30

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

<210> 150
 <211> 1095
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <223> Omp5-2

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1092)

<400> 150
 atg aaa aaa tca tta gtt gct tta aca gta tta tcg gct gca gcg gta 48
 Met Lys Lys Ser Leu Val Ala Leu Thr Val Leu Ser Ala Ala Ala Val
 1 5 10 15
 gct caa gca gcg cca caa caa aat act ttc tac gca ggt gcg aaa gca 96
 Ala Gln Ala Ala Pro Gln Gln Asn Thr Phe Tyr Ala Gly Ala Lys Ala
 20 25 30
 ggt tgg gcg tca ttc cat gat ggt atc gaa caa tta gat tca gct aaa 144
 Gly Trp Ala Ser Phe His Asp Gly Ile Glu Gln Leu Asp Ser Ala Lys
 35 40 45
 aac aca gat cgc ggt aca aaa tac ggt atc aac cgt aat tca gta act 192
 Asn Thr Asp Arg Gly Thr Lys Tyr Gly Ile Asn Arg Asn Ser Val Thr
 50 55 60
 tac ggc gta ttc ggc ggt tac caa att tta aac caa gac aaa tta ggt 240
 Tyr Gly Val Phe Gly Gly Tyr Gln Ile Leu Asn Gln Asp Lys Leu Gly
 65 70 75 80
 tta gcg gct gaa tta ggt tat gac tat ttc ggt cgt gtg cgc ggt tct 288
 Leu Ala Ala Glu Leu Gly Tyr Asp Tyr Phe Gly Arg Val Arg Gly Ser
 85 90 95

10

20

30

gaa aaa cca aac ggt aaa gcg gac aag aaa act ttc cgt cac gct gca 336
 Glu Lys Pro Asn Gly Lys Ala Asp Lys Lys Thr Phe Arg His Ala Ala
 100 105 110

cac ggt gcg aca atc gca tta aaa cct agc tac gaa gta tta cct gac 384
 His Gly Ala Thr Ile Ala Leu Lys Pro Ser Tyr Glu Val Leu Pro Asp
 115 120 125

tta gac gtt tac ggt aaa gta ggt atc gca tta gta aac aat aca tat 432
 Leu Asp Val Tyr Gly Lys Val Gly Ile Ala Leu Val Asn Asn Thr Tyr
 130 135 140

aaa aca ttc aat gca gca caa gag aaa gtg aaa act cgt cgt ttc caa 480
 Lys Thr Phe Asn Ala Ala Gln Glu Lys Val Lys Thr Arg Arg Phe Gln
 145 150 155 160

agt tct tta att tta ggt gcg ggt gtt gag tac gca att ctt cct gaa 528
 Ser Ser Leu Ile Leu Gly Ala Gly Val Glu Tyr Ala Ile Leu Pro Glu
 165 170 175

tta gcg gca cgt gtt gaa tac caa tgg tta aac aac gca ggt aaa gca 576
 Leu Ala Ala Arg Val Glu Tyr Gln Trp Leu Asn Asn Ala Gly Lys Ala
 180 185 190

agc tac tct act tta aat cgt atg ggt gca act gac tac cgt tcg gat 624
 Ser Tyr Ser Thr Leu Asn Arg Met Gly Ala Thr Asp Tyr Arg Ser Asp
 195 200 205

atc agt tcc gta tct gca ggt tta agc tac cgt ttc ggt caa ggt gcg 672
 Ile Ser Ser Val Ser Ala Gly Leu Ser Tyr Arg Phe Gly Gln Gly Ala
 210 215 220

gca ccg gtt gca gct ccg gca gtt gaa act aaa aac ttc gca ttc agc 720
 Ala Pro Val Ala Ala Pro Ala Val Glu Thr Lys Asn Phe Ala Phe Ser
 225 230 235 240

tct gac gta tta ttc gca ttc ggt aaa tca aac tta aaa ccg gct gcg 768
 Ser Asp Val Leu Phe Ala Phe Gly Lys Ser Asn Leu Lys Pro Ala Ala
 245 250 255

gca aca gca tta gat gca atg caa acc gaa atc aat aac gca ggt tta 816
 Ala Thr Ala Leu Asp Ala Met Gln Thr Glu Ile Asn Asn Ala Gly Leu
 260 265 270

tca aat gct gcg atc caa gta aac ggt tac acg gac cgt atc ggt aaa 864
 Ser Asn Ala Ala Ile Gln Val Asn Gly Tyr Thr Asp Arg Ile Gly Lys
 275 280 285

gaa gct tca aac tta aaa ctt tca caa cgt cgt gcg gaa aca gta gct 912
 Glu Ala Ser Asn Leu Lys Leu Ser Gln Arg Arg Ala Glu Thr Val Ala
 290 295 300

aac tac atc gtt tct aaa ggt gct ccg gca gct aac gta act gca gta 960
 Asn Tyr Ile Val Ser Lys Gly Ala Pro Ala Ala Asn Val Thr Ala Val
 305 310 315 320

ggt tac ggt gaa gca aac cct gta acc ggc gca aca tgt gac aaa gtt 1008
 Gly Tyr Gly Glu Ala Asn Pro Val Thr Gly Ala Thr Cys Asp Lys Val
 325 330 335

aaa ggt cgt aaa gca tta atc gct tgc tta gca ccg gat cgt cgt gtt 1056
 Lys Gly Arg Lys Ala Leu Ile Ala Cys Leu Ala Pro Asp Arg Arg Val

10

20

30

340 345 350
 gaa gtt caa gtt caa ggt act aaa gaa gta act atg taa 1095
 Glu Val Gln Val Gln Gly Thr Lys Glu Val Thr Met
 355 360

<210> 151
 <211> 364
 <212> PRT
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 151
 Met Lys Lys Ser Leu Val Ala Leu Thr Val Leu Ser Ala Ala Ala Val
 1 5 10 15
 Ala Gln Ala Ala Pro Gln Gln Asn Thr Phe Tyr Ala Gly Ala Lys Ala
 20 25 30
 Gly Trp Ala Ser Phe His Asp Gly Ile Glu Gln Leu Asp Ser Ala Lys
 35 40 45
 Asn Thr Asp Arg Gly Thr Lys Tyr Gly Ile Asn Arg Asn Ser Val Thr
 50 55 60
 Tyr Gly Val Phe Gly Gly Tyr Gln Ile Leu Asn Gln Asp Lys Leu Gly
 65 70 75 80
 Leu Ala Ala Glu Leu Gly Tyr Asp Tyr Phe Gly Arg Val Arg Gly Ser
 85 90 95
 Glu Lys Pro Asn Gly Lys Ala Asp Lys Lys Thr Phe Arg His Ala Ala
 100 105 110
 His Gly Ala Thr Ile Ala Leu Lys Pro Ser Tyr Glu Val Leu Pro Asp
 115 120 125
 Leu Asp Val Tyr Gly Lys Val Gly Ile Ala Leu Val Asn Asn Thr Tyr
 130 135 140
 Lys Thr Phe Asn Ala Ala Gln Glu Lys Val Lys Thr Arg Arg Phe Gln
 145 150 155 160
 Ser Ser Leu Ile Leu Gly Ala Gly Val Glu Tyr Ala Ile Leu Pro Glu
 165 170 175
 Leu Ala Ala Arg Val Glu Tyr Gln Trp Leu Asn Asn Ala Gly Lys Ala
 180 185 190
 Ser Tyr Ser Thr Leu Asn Arg Met Gly Ala Thr Asp Tyr Arg Ser Asp
 195 200 205
 Ile Ser Ser Val Ser Ala Gly Leu Ser Tyr Arg Phe Gly Gln Gly Ala
 210 215 220
 Ala Pro Val Ala Ala Pro Ala Val Glu Thr Lys Asn Phe Ala Phe Ser
 225 230 235 240
 Ser Asp Val Leu Phe Ala Phe Gly Lys Ser Asn Leu Lys Pro Ala Ala
 245 250 255
 Ala Thr Ala Leu Asp Ala Met Gln Thr Glu Ile Asn Asn Ala Gly Leu

10

20

30

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

10

<210> 152
 <211> 1110
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <223> Omp5

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1107)

20

<400> 152
 atg aaa aaa tca tta gtt gct tta gca gta tta tct 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

30

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

10

20

30

355 360 365
 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

1110

10

20

30

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

```

10

20

30

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

10

20

30

30

```
<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

10

20

30

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

10

20

30

<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

10

20

<210> 160
 <211> 1302
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <223> tig

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1299)

30

<400> 160
 atg tca att tct att gaa act tta gaa ggc tta caa cgc cgc gta act 48
 Met Ser Ile Ser Ile Glu Thr Leu Glu Gly Leu Gln Arg Arg Val Thr
 1 5 10 15
 att acc gta gct gct gat aaa atc gaa gcg gct tac aaa gag caa tta 96
 Ile Thr Val Ala Ala Asp Lys Ile Glu Ala Ala Tyr Lys Glu Gln Leu
 20 25 30
 aaa ggc tat gcg aaa aac gct cgt gta gac ggt ttc cgt aaa ggt aaa 144

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

10

20

30

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 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

10

20

<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

30

85					90					95					
Tyr	Gln	Pro	Ser	Gln	Glu	Phe	Ser	Phe	Thr	Ala	Thr	Phe	Glu	Val	Phe
			100					105					110		
Pro	Glu	Val	Glu	Leu	Lys	Gly	Leu	Glu	Asn	Ile	Glu	Val	Glu	Lys	Pro
		115					120					125			
Val	Val	Glu	Ile	Thr	Glu	Ala	Asp	Leu	Asp	Lys	Met	Ile	Asp	Val	Leu
		130				135					140				
Arg	Lys	Gln	Gln	Ala	Thr	Trp	Ala	Glu	Ser	Gln	Ala	Ala	Ala	Gln	Ala
145					150					155					160
Glu	Asp	Arg	Val	Val	Ile	Asp	Phe	Val	Gly	Ser	Val	Asp	Gly	Glu	Glu
				165					170					175	
Phe	Glu	Gly	Gly	Lys	Ala	Thr	Asp	Phe	Thr	Leu	Ala	Met	Gly	Gln	Ser
			180					185					190		
Arg	Met	Ile	Pro	Gly	Phe	Glu	Glu	Gly	Ile	Val	Gly	His	Lys	Ala	Gly
		195					200					205			
Glu	Gln	Phe	Asp	Ile	Asp	Val	Thr	Phe	Pro	Glu	Glu	Tyr	His	Ala	Glu
		210				215						220			
Asn	Leu	Lys	Gly	Lys	Ala	Ala	Lys	Phe	Ala	Ile	Thr	Leu	Lys	Lys	Val
225					230					235					240
Glu	Asn	Ile	Val	Leu	Pro	Glu	Leu	Thr	Glu	Glu	Phe	Val	Lys	Lys	Phe
				245					250					255	
Gly	Ser	Ala	Lys	Thr	Val	Glu	Asp	Leu	Arg	Ala	Glu	Ile	Lys	Lys	Asn
			260					265					270		
Met	Gln	Arg	Glu	Leu	Lys	Asn	Ala	Val	Thr	Ala	Arg	Val	Lys	Asn	Gln
		275					280					285			
Val	Ile	Asn	Gly	Leu	Ile	Ala	Gln	Asn	Glu	Ile	Glu	Val	Pro	Ala	Ala
		290				295					300				
Ala	Val	Ala	Glu	Glu	Val	Asp	Val	Leu	Arg	Arg	Gln	Ala	Val	Gln	Arg
305					310					315					320
Phe	Gly	Gly	Lys	Pro	Glu	Met	Ala	Ala	Gln	Leu	Pro	Ala	Glu	Leu	Phe
				325					330					335	
Glu	Ala	Asp	Ala	Lys	Arg	Arg	Val	Gln	Val	Gly	Leu	Leu	Leu	Ser	Thr
			340					345					350		
Val	Ile	Gly	Thr	Asn	Glu	Leu	Lys	Val	Asp	Glu	Lys	Arg	Val	Glu	Glu
		355					360					365			
Thr	Ile	Ala	Glu	Ile	Ala	Ser	Ala	Tyr	Glu	Gln	Pro	Ala	Glu	Val	Val
		370				375					380				
Ala	His	Tyr	Ala	Lys	Asn	Arg	Gln	Leu	Thr	Glu	Asn	Ile	Arg	Asn	Val
385					390					395					400
Val	Leu	Glu	Glu	Gln	Ala	Val	Glu	Val	Val	Leu	Ala	Lys	Ala	Lys	Val
				405				410						415	

10

20

30

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 catctttaaa tgttggtccc atcgtctaga 60
 ggcttaggac atcgcccttt cacggcggta accgggggttc gaatccccgt ggggacgcca 120
 tttaaagatg acttttgggtg tctgaattgt tctttaaaaa attggaaaca agctgaaaac 180
 tgagagattt tcgaaagaaa gtctgagtag taaaagataa gtaattatct tgaaaatctt 240
 agctgaacaa aagcagctaa gtgtttagtt gaataaagta tcgcgttgaa tgcgttcaaa 300
 taaaatttga aaatat 316

10

<210> 163
 <211> 85
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<220>
 <223> tRNA-leu

<400> 163
 gctctgggtg tggaattggg agacacgcta tcttgagggg gtagtgcca taggatgtgc 60
 gagttcgagt ctgcgccaga gcacc 85

20

<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

30

20	25	30	
gtc ggt ttg ccg atc ggt ttt ctg gca ttt tta acc ggt aaa gga gag	144		
Val Gly Leu Pro Ile Gly Phe Leu Ala Phe Leu Thr Gly Lys Gly Glu			
35	40	45	
att tta gag aat ccg cgt tta cat caa gta tta gat gtg att att aat	192		
Ile Leu Glu Asn Pro Arg Leu His Gln Val Leu Asp Val Ile Ile Asn			
50	55	60	
atc ggt cgt tcc gta ccg ttt att att ttg tta gtc gtg ttg tta cct	240		
Ile Gly Arg Ser Val Pro Phe Ile Ile Leu Leu Val Val Leu Leu Pro			
65	70	75	80
ttt acg cgt tta ttg gtc ggg aca acg ctc ggt act acg gcg gcg att	288		
Phe Thr Arg Leu Leu Val Gly Thr Thr Leu Gly Thr Thr Ala Ala Ile			
85	90	95	
gtg ccg tta agc gtt tcg gca att ccg ttt ttt gcg cgt tta act tca	336		
Val Pro Leu Ser Val Ser Ala Ile Pro Phe Phe Ala Arg Leu Thr Ser			
100	105	110	
aat gcg tta tta gaa atc cca gca ggt tta acc gaa gcg gcg aaa tcg	384		
Asn Ala Leu Leu Glu Ile Pro Ala Gly Leu Thr Glu Ala Ala Lys Ser			
115	120	125	
atg ggc gca acg aat tgg caa gtg gtc agt aaa ttt tat tta ccg gaa	432		
Met Gly Ala Thr Asn Trp Gln Val Val Ser Lys Phe Tyr Leu Pro Glu			
130	135	140	
tca ctg ccg att tta atc aat ggt atc aca tta act tta gtc gct tta	480		
Ser Leu Pro Ile Leu Ile Asn Gly Ile Thr Leu Thr Leu Val Ala Leu			
145	150	155	160
atc ggt tat tcg gca atg gcg ggt gcg gtc ggc ggc ggc ggt ttg ggt	528		
Ile Gly Tyr Ser Ala Met Ala Gly Ala Val Gly Gly Gly Gly Leu Gly			
165	170	175	
aac ctt gcc atc agt tac ggt gaa cac cga aat atg gtc tat gta aaa	576		
Asn Leu Ala Ile Ser Tyr Gly Glu His Arg Asn Met Val Tyr Val Lys			
180	185	190	
tgg atc tca aca att att atc gta gcg att gtg atg atc agt caa aa	623		
Trp Ile Ser Thr Ile Ile Ile Val Ala Ile Val Met Ile Ser Gln			
195	200	205	

<210> 165
 <211> 207
 <212> PRT
 <213> Actinobacillus pleuropneumoniae

<400> 165
 Met Gln Glu Leu Thr Pro Gln Met Trp Gly Leu Val Gly Thr Ser Thr
 1 5 10 15
 Leu Glu Thr Leu Tyr Met Gly Phe Ala Ala Thr Leu Leu Ala Val Val
 20 25 30
 Val Gly Leu Pro Ile Gly Phe Leu Ala Phe Leu Thr Gly Lys Gly Glu
 35 40 45

10

20

30

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

フロントページの続き

(51)Int.Cl. F I
C 0 7 K 14/285 (2006.01) C 0 7 K 14/285

- (72)発明者 デイビッド・イー・ローワリー
アメリカ合衆国 4 9 0 2 4 ミシガン州ポーターティジ、ウッドランド・ドライブ 1 2 0 7 番
- (72)発明者 トロイ・イー・フラー
アメリカ合衆国 4 9 0 1 4 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 1 1 1 番
- (72)発明者 マイケル・ジェイ・ケネディ
アメリカ合衆国 4 9 0 2 4 ミシガン州ポーターティジ、クインシー・アベニュー 2 3 6 4 番

審査官 上條 肇

- (56)参考文献 国際公開第 9 8 / 0 1 8 9 1 7 (WO, A 1)
特開平 1 0 - 0 7 5 7 7 4 (J P, A)
特表平 0 8 - 5 0 3 1 3 6 (J P, A)
米国特許第 0 4 1 6 9 8 8 6 (U S, A)
特表平 1 0 - 5 0 9 8 7 2 (J P, A)
Science, 1 9 9 5 年, Vol.269, pp.496-512
Infect. Immun., 1 9 8 9 年, Vol.57, pp.2050-2056
Infect. Immun., 1 9 8 9 年, Vol.57, pp.3377-3382
Infect. Immun., 1 9 8 9 年, Vol.57, pp.3907-3913
Infect. Immun., 1 9 9 8 年, Vol.66, pp.567-572
Infect. Immun., 1 9 9 8 年, Vol.66, pp.5620-5629
Infect. Immun., 1 9 9 9 年 1 2 月, Vol.67, pp.6385-6393
Mol. Microbiol., 1 9 9 7 年, Vol.26, pp.399-407
Mol. Microbiol., 1 9 9 8 年, Vol.27, pp.797-805
Mol. Microbiol., 1 9 9 9 年 4 月, Vol.32, pp.51-62
Mol. Microbiol., 1 9 9 9 年 1 0 月, Vol.34, pp.257-267
Microbiol., 1 9 9 9 年 1 月, Vol.145, pp.185-195
J. Gen. Microbiol., 1 9 9 0 年, Vol.36, pp.81-87
Vet. Microbiol., 1 9 9 6 年, Vol.50, pp.143-148
PNAS, 1 9 9 9 年 7 月, Vol.96, pp.8190-8195
Biotechniques, 1 9 9 9 年 3 月, Vol.26, pp.473-478,480

- (58)調査した分野(Int.Cl., D B 名)
C12N 15/09 - 15/90
A61K 35/74
A61P 31/04
C07K 14/285
UniProt/GeneSeq
PubMed
Science Direct

专利名称(译)	抗菌疫苗组合物		
公开(公告)号	JP4892134B2	公开(公告)日	2012-03-07
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		
当前申请(专利权)人(译)	法玛西亚和普强公司有限责任公司		
[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	C12N15/09 C12N15/01 C12N1/20 A61K35/74 A61P31/04 C07K14/285 G01N33/50 A61K39/00 A61K39/02 A61K39/102 A61K39/395 C07K16/12 C12N1/15 C12N1/19 C12N1/21 C12N5/10 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	C12N15/00.ZNA.A C12N15/00.X C12N1/20.E A61K35/74.C A61P31/04 C07K14/285		
代理人(译)	枸杞庆喜 宫泽顺子 四本 能尚		
审查员(译)	肇峰		
优先权	60/128689 1999-04-09 US 60/153453 1999-09-10 US		
其他公开文献	JP2002541790A		
外部链接	Espacenet		

摘要(译)

鉴定革兰氏阴性细菌毒力基因，从而允许鉴定靶向这些毒力基因及其产物的新型细菌试剂，以及提供可用于疫苗的新型革兰氏阴性细菌突变体。

ストライク 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	PM1001	gusB	10/10, 10/10	9/10, 8/10	<10
31	PM1002	gusB	10/10, 9/10	10/10, 5/5	4.3 x 10 ⁵
34	PM1003	gusB	10/10	10/10	8.4 x 10 ⁴
70	PM1004	gusB	3/5, 8/10	9/9	>2 x 10 ⁵
10	PM1005	gusB	4/5, 10/10	9/9	>4 x 10 ⁶
76	PM1006	gusB	3/5		>6 x 10 ⁵
118	PM1007	gusB	4/5, 10/10	10/10	>3 x 10 ⁵
17	PM1008	gusB	2/5, 10/10, 9/10	10/10, 9/9	>3 x 10 ⁶
9	PM1009	gusB	5/5		>3 x 10 ⁵
1	PM1010	gusB	5/5		>4 x 10 ⁵
53	PM1011	gusB	5/5		>4 x 10 ⁵
15	PM1012	gusB	3/5, 8/10, 10/10	6/6, 10/10	>3 x 10 ⁵
41	PM1013	gusB	4/5		1 x 10 ³
7	PM1014	gusB	0/5, 3/10	2/3	
68	PM1015	gusB	5/5		>3 x 10 ⁵
78	PM1016	gusB	5/5, 9/10	9/9	>3 x 10 ⁵
108	PM1017	gusB	5/5, 9/10	9/9	
51	PM1018	gusB	5/5		>1 x 10 ³
37	PM1019	gusB	5/5		>6 x 10 ⁵
58	PM1020	gusB	5/5		>6 x 10 ⁵
45	PM1021	gusB	3/5, 8/10, 8/10	8/8, 8/8	>1 x 10 ⁴
25	PM1022	gusB	5/5		>2.4 x 10 ³
22	PM1023	gusB	5/5		>2.4 x 10 ³
21	PM1024	gusB	5/5		>2.4 x 10 ³
84	PM1025	gusB	3/5, 0/10		>2.2 x 10 ³
13	PM1026	gusB	5/5		>1.2 x 10 ⁵
116	PM1027	gusB	5/5		>1.9 x 10 ⁵
104	PM1028	gusB	3/5		>1.9 x 10 ⁵
29	PM1029	gusB	5/5		>1.9 x 10 ⁵
35	PM1030	gusB	5/5, 10/10	10/10	>2.4 x 10 ⁵
60	PM1031	gusB	5/5, 10/10		>2.0 x 10 ⁵
49	PM1032	gusB	4/5		>6 x 10 ⁵
126	PM1033	gusB	4/5		>6 x 10 ⁵
5	PM1034	gusB	5/5		>2.4 x 10 ⁵
82	PM1035	gusB	5/5, 10/10	10/10	>2.4 x 10 ⁵
13	PM1036	gusB	5/5, 8/10	8/8	>1.2 x 10 ⁵
112	PM1037	gusB	5/5, 8/10	8/8	>1.0 x 10 ⁵
79	PM1038	gusB	3/5, 6/10		>2 x 10 ⁴
60	PM1039	gusB	5/5, 10/10	10/10	>8.2 x 10 ⁶