

| (51)Int.Cl <sup>7</sup> | 識別記号 | F I           | テマコード <sup>*</sup> （参考） |   |   |       |
|-------------------------|------|---------------|-------------------------|---|---|-------|
| C 1 2 N 15/09           | ZNA  | A 6 1 K 35/76 |                         | 2 | G | 0 4 5 |
| A 6 1 K 35/76           |      | 39/395        | D                       | 4 | B | 0 2 4 |
| 38/00                   |      |               | R                       | 4 | B | 0 6 4 |
| 39/395                  |      | 45/00         |                         | 4 | B | 0 6 5 |
|                         |      | 48/00         |                         | 4 | C | 0 8 4 |
| 審査請求 未請求 予備審査請求（全284数）  |      |               | 最終頁に続く                  |   |   |       |

|             |                             |         |                                                                           |
|-------------|-----------------------------|---------|---------------------------------------------------------------------------|
| (21)出願番号    | 特願2000－615746(P2000－615746) | (71)出願人 | ハイブリジェニックス・ソシエテ・アノニム<br>HYBRIGENICS S.A.<br>フランス国、75012パリ、アブニュー・ドメスニル、180 |
| (86)(22)出願日 | 平成12年4月14日(2000.4.14)       | (72)発明者 | ルグレン、ピエール<br>フランス国、75015パリ、リュウ・ミゾン、5                                      |
| (85)翻訳文提出日  | 平成13年10月29日(2001.10.29)     | (72)発明者 | セリーグ、リュク<br>フランス国、94120フォントネースーブワ、リュウ・マリエール、6                             |
| (86)国際出願番号  | PCT/IB00/00603              | (74)代理人 | 弁理士 広瀬 章一                                                                 |
| (87)国際公開番号  | W000/66722                  |         |                                                                           |
| (87)国際公開日   | 平成12年11月9日(2000.11.9)       |         |                                                                           |
| (31)優先権主張番号 | 99401066.8                  |         |                                                                           |
| (32)優先日     | 平成11年4月30日(1999.4.30)       |         |                                                                           |
| (33)優先権主張国  | 欧州特許庁(EP)                   |         |                                                                           |
|             |                             | 最終頁に続く  |                                                                           |

(54)【発明の名称】 ツーハイブリッドシステムのための原核DNAコレクション、ヘリコバクター・ピロリのタンパク質－タンパク質相互作用およびその用途

(57)【要約】

本発明は、ツーハイブリッドシステムに使用できる、原核ゲノム由来、より詳細にはヘリコバクター・ピロリゲノム由来の組換え細胞クロンのコレクション、およびこのコレクションの製造方法に関する。本発明はさらに、ヘリコバクター・ピロリタンパク質－タンパク質相互作用の同定、および前記組換え細胞クロンのコレクションおよびこの同定されたタンパク質相互作用の、医薬および診断分野への応用に関する。

**【特許請求の範囲】**

【請求項1】 以下の工程を含む、ツーハイブリッドシステムに使用できる組換え細胞クローンのコレクションを作製する方法：

- a) DNAを断片化し；
- b) 宿主細胞中でのプラスミドの発現により、相補的ドメインと結合した場合にレポーター遺伝子を活性化しうる特異的ドメインを含むハイブリッドポリペプチドが生じるように、工程a)で得られたポリヌクレオチド断片をプラスミドに挿入し；
- c) 工程b)で得られたプラスミドで細胞クローンを形質転換し；そして
- d) 場合により、工程c)で得られた形質転換された組換え細胞クローンを選択する；ただし、工程a)の DNAは原核微生物から得られるゲノム DNAである。

【請求項2】 DNAを断片化する工程a)が噴霧化工程により行われる請求項1記載の方法。

【請求項3】 原核微生物がヘリコバクター・ピロリ(*Helicobacter pylori*)である請求項1または2記載の方法。

【請求項4】 原核微生物がスタフィロコッカス・アウレウス(*Staphylococcus aureus*)である請求項1または2記載の方法。

【請求項5】 原核微生物がストレプトコッカス・ニューモニアエ(*Streptococcus pneumoniae*)である請求項1または2記載の方法。

【請求項6】 原核微生物が大腸菌(*Escherichia coli*)である請求項1または2記載の方法。

【請求項7】 請求項1～6のいずれかに記載の方法により得ることができるツーハイブリッドシステムに使用しうる組換え細胞クローンのコレクション。

【請求項8】 各組換え細胞クローンが、その発現により特異的ドメインを含有するハイブリッドポリペプチドを生じるプラスミドに挿入されたポリヌクレオチドを含有し、該ポリヌクレオチドが原核微生物から得られたゲノム DNA断片である、ツーハイブリッドシステムに使用できる組換え細胞クローンのコレクション。

【請求項9】 前記ゲノム DNA断片が噴霧化による断片化工程により得られ

る、請求項8記載のツーハイブリッドシステムに使用できる組換え細胞クローンのコレクション。

【請求項10】 原核微生物がヘリコバクター・ピロリ(*Helicobacter pylori*)である請求項7～9のいずれかに記載の組換え細胞クローンのコレクション。

【請求項11】 原核微生物がスタフィロコッカス・アウレウス(*Staphylococcus aureus*)である請求項7～9のいずれかに記載の組換え細胞クローンのコレクション。

【請求項12】 原核微生物がストレプトコッカス・ニューモニアエ(*Streptococcus pneumoniae*)である請求項7～9のいずれかに記載の組換え細胞クローンのコレクション。

【請求項13】 原核微生物が大腸菌(*Escherichia coli*)である請求項7～9のいずれかに記載の組換え細胞クローンのコレクション。

【請求項14】 組換え細胞クローンが、グラム陽性またはグラム陰性細菌、酵母、菌類および哺乳動物細胞からなる群より選択される、請求項7～13のいずれかに記載の組換え細胞クローンのコレクション。

【請求項15】 組換え細胞クローンが、大腸菌(*Escherichia coli*)およびサッカロミセス・セレビシアエ(*Saccharomyces cerevisiae*)酵母からなる群より選択される、請求項14記載の組換え細胞クローンのコレクション。

【請求項16】 組換え細胞クローンが大腸菌(*E. coli*)である請求項15記載の組換え細胞クローンのコレクション。

【請求項17】 プラスミドが、少なくとも、プロモーターをコードする核酸配列、特異的ドメイン、前記ポリペプチドがクローン化されるマルチクローニング部位、および選択マーカーを含む、請求項7～16のいずれかに記載の組換え細胞クローンのコレクション。

【請求項18】 ポリヌクレオチドがプラスミドpACTIIstまたはpP6に挿入されている、請求項7～17のいずれかに記載の組換え細胞クローンのコレクション。

【請求項19】 コレクションが $10^6 \sim 10^7$ の組換え大腸菌クローンを含み、挿入断片を有する異なる細胞クローンの割合が少なくとも60%である、請求項18

記載の組換え細胞クローンのコレクション。

【請求項20】 1999年4月13日にI-2181としてCNCMに寄託された請求項18または19記載の組換え細胞クローンのコレクション。

【請求項21】 2000年3月23日にI-2416としてCNCMに寄託された請求項18または19記載の組換え細胞クローンのコレクション。

【請求項22】 2000年3月23日にI-2414としてCNCMに寄託された請求項18または19記載の組換え細胞クローンのコレクション。

【請求項23】 2000年3月23日にI-2415としてCNCMに寄託された請求項18または19記載の組換え細胞クローンのコレクション。

【請求項24】 2000年3月23日にI-2417としてCNCMに寄託された請求項18または19記載の組換え細胞クローンのコレクション。

【請求項25】 コレクションが $10^5 \sim 1.5 \times 10^6$  のハプロイド組換えサッカロミセス・セレビシアエ(*Saccharomyces cerevisiae*)クローンを含み、挿入断片を有する異なる細胞クローンの割合が少なくとも60%である、請求項18記載の組換え細胞クローンのコレクション。

【請求項26】 1999年4月13日にI-2182としてCNCMに寄託された請求項18または25記載の組換え細胞クローンのコレクション。

【請求項27】 2000年3月23日にI-2420としてCNCMに寄託された請求項18または25記載の組換え細胞クローンのコレクション。

【請求項28】 2000年3月23日にI-2419としてCNCMに寄託された請求項18または25記載の組換え細胞クローンのコレクション。

【請求項29】 2000年3月23日にI-2418としてCNCMに寄託された請求項18または25記載の組換え細胞クローンのコレクション。

【請求項30】 ポリヌクレオチドがプラスミドpAS2 $\Delta\Delta$ に挿入されている、請求項7～17のいずれかに記載の組換え細胞クローンのコレクション。

【請求項31】 ポリヌクレオチドがpT25, pKT25, pUT18およびpUT18Cからなる群より選択されたプラスミドに挿入されている、請求項7～17のいずれかに記載の組換え細胞クローンのコレクション。

【請求項32】 請求項7～31のいずれかに記載のツーハイブリッドシステム

に使用できる組換え細胞クローンのコレクションを含む、タンパク質-タンパク質相互作用をスクリーニングするためのキット。

【請求項33】 以下の工程を含む、bait（えさ）ポリペプチドと相互作用しうるprey（捕食するもの）ポリペプチドをコードするpreyポリヌクレオチドを含む組換え細胞クローンを同定するための酵母ツーハイブリッドシステム法：

- a) アッセイすべきpreyポリヌクレオチドを含むプラスミドで形質転換された請求項25または26記載の組換え細胞クローンのコレクション中の少なくとも1つの第1のハプロイド組換え細胞クローンを、該baitポリペプチドをコードするbaitポリヌクレオチドを含むプラスミドで形質転換された第2のハプロイド組換えエス・セレビシアエ(*S. cerevisiae*) 細胞クローンと接合させ；
- b) 工程a)で得られた2倍体細胞を選択培地上で培養し；そして、
- c) 選択培地上で増殖しうる組換え細胞クローンを選択する。

【請求項34】 以下の工程を含む、baitポリペプチドと相互作用しうるpreyポリペプチドをコードするpreyポリヌクレオチドを同定するための酵母ツーハイブリッドシステム法：

- a) 請求項33記載のbaitポリペプチドと相互作用しうるpreyポリペプチドをコードするpreyポリヌクレオチドを含む組換え細胞クローンを同定し；そして、
- b) 工程a)で選択された各組換え細胞クローンに含まれるpreyポリヌクレオチドの特性決定を行う。

【請求項35】 以下の工程を含む、baitポリペプチドと相互作用しうるpreyポリペプチドをコードするpreyポリヌクレオチドを含む組換え細胞クローンを同定するための細菌ツーハイブリッドシステム法：

- a) baitポリペプチドをコードするbaitポリヌクレオチドを含むプラスミドで細菌細胞クローンを形質転換し、
- b) 請求項7～31記載のコレクションからpreyポリヌクレオチドを含むpreyプラスミドを取り出し、
- c) 工程a)で得られた組換え細菌細胞クローンを、工程b)で取り出されたプラスミドで形質転換し；
- d) 工程c)で得られた組換え細菌細胞を選択培地上で培養し；

e) 選択培地上で増殖しうる組換え細胞クローンを選択する。

【請求項36】 以下の工程を含む、baitポリペプチドと相互作用しうるpreyポリペプチドをコードするpreyポリヌクレオチドを同定するための細菌ツーハイブリッドシステム法：

a) 請求項35記載のbaitポリペプチドと相互作用しうるpreyポリペプチドをコードするpreyポリヌクレオチドを含む組換え細菌細胞クローンを同定し、

b) 工程a)で選択されたそれぞれの組換え細胞クローンに含まれるpreyポリヌクレオチドの特性決定を行う。

【請求項37】 baitポリペプチドがヒトポリペプチドである、請求項33～36のいずれかに記載の方法。

【請求項38】 baitポリペプチドがヘリコバクター・ピロリ(*Helicobacter pylori*)ポリペプチドである、請求項33～36のいずれかに記載の方法。

【請求項39】 baitポリペプチドがスタフィロコッカス・アウレウス(*Staphylococcus aureus*)のポリペプチドである、請求項33～36のいずれかに記載の方法。

【請求項40】 baitポリペプチドがストレプトコッカス・ニューモニアエ(*Streptococcus pneumoniae*)のポリペプチドである、請求項33～36のいずれかに記載の方法。

【請求項41】 baitポリペプチドが大腸菌(*Escherichia coli*)のポリペプチドである、請求項33～36のいずれかに記載の方法。

【請求項42】 請求項33記載の方法の工程a)により得られた組換え2倍体酵母細胞。

【請求項43】 請求項33記載の方法により得られた組換え2倍体酵母細胞。

【請求項44】 baitポリペプチドと相互作用しうるpreyポリペプチドをコードする第1のポリヌクレオチドもしくはその断片、および該baitポリペプチドをコードする第2のポリヌクレオチドもしくは少なくとも12の連続したヌクレオチドを有するその断片からなる、2つの精製もしくは単離されたポリヌクレオチドのセットであり、preyポリヌクレオチドは請求項34および36のいずれかに記載の方法により同定される、前記セット。

【請求項45】 請求項44記載の2つのポリヌクレオチドのセットによりコードされる2つの精製もしくは単離されたポリペプチドのセット。

【請求項46】 2つの相互作用性タンパク質が、請求項45記載の2つのポリペプチドのセットからなるものである、タンパク質－タンパク質相互作用。

【請求項47】 2つのポリペプチドのセットがヘリコバクター・ピロリ (*Helicobacter pylori*) の2つのポリペプチドからなる、請求項46記載のタンパク質－タンパク質相互作用。

【請求項48】 2つのポリペプチドのセットがスタフィロコッカス・アウレウス (*Staphylococcus aureus*) の2つのポリペプチドからなる、請求項46記載のタンパク質－タンパク質相互作用。

【請求項49】 2つのポリペプチドのセットがストレプトコッカス・ニューモニアエ (*Streptococcus pneumoniae*) の2つのポリペプチドからなる、請求項46記載のタンパク質－タンパク質相互作用。

【請求項50】 2つのポリペプチドのセットが大腸菌 (*Escherichia coli*) の2つのポリペプチドからなる、請求項46記載のタンパク質－タンパク質相互作用。

【請求項51】 請求項44記載の2つのポリヌクレオチドのセットによりコードされる少なくとも2つのポリペプチドを含む単離された複合体。

【請求項52】 前記複合体が少なくとも、ORF HP1198によりコードされるポリペプチド、およびORF HP1293によりコードされるポリペプチドを含む、請求項51記載の単離された複合体。

【請求項53】 前記複合体が少なくとも、ORF HP1198によりコードされるポリペプチド、およびORF HP0088によりコードされるポリペプチドを含む、請求項51記載の単離された複合体。

【請求項54】 前記複合体が少なくとも、ORF HP1198によりコードされるポリペプチド、およびORF HP1032によりコードされるポリペプチドを含む、請求項51記載の単離された複合体。

【請求項55】 請求項46～50のいずれかに記載のタンパク質－タンパク質相互作用がその上に保存されたコンピューターで判読可能な媒体。

【請求項56】 保存されたタンパク質－タンパク質相互作用が地図の形態で保存されている、請求項55記載のコンピュータで判読可能な媒体。

【請求項57】 保存されたタンパク質－タンパク質相互作用が、インターネットを介して注釈付データベースに連結されている、請求項55または56記載の演算可能で判読可能な媒体。

【請求項58】 以下の工程を含む、baitポリペプチドと相互作用しうる原核微生物から、関心あるpreyポリペプチドの選択相互作用ドメイン(SID<sup>TM</sup>) をコードするポリヌクレオチドを同定する方法：

- a) 請求項34または36記載の方法により同定されたpreyポリヌクレオチドから、該baitポリペプチドと相互作用しうるポリペプチドをコードし、関心あるpreyポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの核酸断片と同じ核酸断片を含むすべてのpreyポリヌクレオチドを選択し、
- b) 工程a)において選択されたすべてのpreyポリヌクレオチドに共通なポリヌクレオチドを決定し、そして、
- c) 工程b)で決定したポリヌクレオチドを、関心ある該preyポリペプチドの選択相互作用ドメイン(SID<sup>TM</sup>) をコードするポリヌクレオチドであると同定する。

【請求項59】 請求項58記載の方法により得ることができるbaitポリペプチドと相互作用しうる原核微生物由来の、関心あるpreyポリペプチドの選択相互作用ドメイン(SID<sup>TM</sup>) をコードする精製または単離されたポリヌクレオチド。

【請求項60】 下記グループから選択される請求項59記載の精製または単離されたポリヌクレオチド：

- a) 表IIの右欄「SID<sup>TM</sup>」に記載の参照番号により同定されるアミノ酸配列をコードするポリヌクレオチド；
- b) 表IIIの右欄「SID<sup>TM</sup>」に記載の参照番号により同定される配列を有するポリヌクレオチド；
- c) a)もしくはb)のポリヌクレオチド、その相補物および該ポリヌクレオチドに対応するRNAの少なくとも12の連続ヌクレオチドを有する断片、
- d) a)もしくはb)のポリヌクレオチドの核酸配列への整列化後に少なくとも80%の同一度を有するポリヌクレオチド、

但し、EMBLデータベースドキュメント受入番号025045に開示の配列を有するポリペプチドをコードするポリヌクレオチドを除く。

【請求項61】 下記グループから選択される精製または単離されたポリペプチド：

a)表IIの右欄「SID<sup>TM</sup>」に記載の参照番号により同定されるアミノ酸配列を有するポリペプチド、および少なくとも連続した5つのアミノ酸を有するその断片；  
および

b)請求項59または60記載のポリヌクレオチドによりコードされるポリペプチド。

【請求項62】 請求項60記載のポリヌクレオチドの、増幅用プライマーとしての使用。

【請求項63】 請求項60記載のポリヌクレオチドの、検出用の特異的プローブとしての使用。

【請求項64】 請求項59または60記載のポリヌクレオチドを含むクローニングまたは発現ベクター。

【請求項65】 ベクターがプラスミドpACT11st、pAS2ΔΔまたはpP6である請求項64記載のベクター。

【請求項66】 ベクターがpT25、pKT25、pUT18 およびpUT18Cからなる群より選択されるプラスミドである請求項64記載のベクター。

【請求項67】 ベクターが自己複製される請求項64記載のベクター。

【請求項68】 ベクターがウイルスベクターである請求項64または67記載のベクター。

【請求項69】 ベクターがアデノウイルス、AAV、レトロウイルス、プロキシウイルス(proxivirus)またはヘルペスウイルスの中から選択される請求項68記載のベクター。

【請求項70】 前記ポリヌクレオチドの宿主細胞中での発現及び／又は分泌を可能にするエレメントを含む請求項64～69のいずれかに記載のベクター。

【請求項71】 請求項64～70のいずれかに記載のベクターで形質転換された宿主細胞。

【請求項72】 宿主細胞が原核細胞である請求項71記載の宿主細胞。

【請求項73】 宿主細胞が真核細胞である請求項71記載の宿主細胞。

【請求項74】 下記工程を含む、請求項45および61のいずれかに記載のポリペプチドを製造する方法；

a)請求項71～73のいずれかに記載の宿主細胞を、該宿主細胞の増殖および該ポリペプチドの発現を可能にする条件および培地において培養し；そして、

b)工程a)で得られた培地または培養細胞から直接該ポリペプチドを回収する。

【請求項75】 請求項74記載の方法により得られる精製または単離ポリペプチド。

【請求項76】 下記工程を含む、請求項45記載の2つのポリペプチドのセットのタンパク質－タンパク質相互作用を変化させる薬剤を選択する方法；

a)その発現が組換え細胞クローンに対して有毒であるレポーター遺伝子を含み、2つのプラスミドで形質転換された組換え細胞クローンを、試験すべき薬剤を含み、この有毒レポーター遺伝子が活性化されない場合には前記組換え細胞クローンの増殖を可能にする選択培地において培養し、ここで、

i)第1のプラスミドは、該2つのポリペプチドの一方および DNA結合ドメインを含む第1のハイブリッドポリペプチドをコードする核酸配列を含む核酸構築物を含み；

ii) 第2のプラスミドは、該2つのポリペプチドの他方および、第1および第2のハイブリッドポリペプチドが相互作用する場合に該有毒レポーター遺伝子を活性化しうる活性化ドメインを含む、第2のハイブリッドポリペプチドをコードする核酸配列を含む核酸構築物を含み；

b)工程a)で培養された組換え細胞クローンの増殖を阻害しうる薬剤を選択する。

【請求項77】 下記工程を含む、請求項45記載の2つのポリペプチドのセットのタンパク質－タンパク質相互作用を変化させる薬剤を選択する方法；

a)その発現が組換え細胞クローンに対して有毒であるレポーター遺伝子を含み、2つのプラスミドで形質転換された透過性組換え細胞クローンを、試験すべき薬剤を含み、この有毒レポーター遺伝子が活性化されない場合には前記組換え細胞クローンの増殖を可能にする選択培地において培養し、ここで、

i)第1のプラスミドは、該2つのポリペプチドの一方および酵素の第1ドメイン

を含む第1のハイブリッドポリペプチドをコードする核酸配列を含む核酸構築物を含み；

ii) 第2のプラスミドは、該2つのポリペプチドの他方および、第1および第2のハイブリッドポリペプチドが相互作用する場合に該有毒レポーター遺伝子を活性化しうる前記酵素の第2の部分を含む第2のハイブリッドポリペプチドをコードする核酸配列を含む核酸構築物を含み、ここで該相互作用は該酵素の活性を回復させ；

b) 工程a)で培養された組換え細胞クローンの増殖を阻害しうる薬剤を選択する。

【請求項78】 ORF HP1198によりコードされるポリペプチドまたはその断片もしくは相同的ポリペプチドと、ORF HP1293によりコードされるポリペプチドまたはその断片もしくは相同的ポリペプチドとの間の相互作用を変化させうる薬剤を選択するための請求項77記載の方法。

【請求項79】 ORF HP1198によりコードされるポリペプチドまたはその断片もしくは相同的ポリペプチドと、ORF HP0088によりコードされるポリペプチドまたはその断片もしくは相同的ポリペプチドとの間の相互作用を変化させうる薬剤を選択するための請求項77記載の方法。

【請求項80】 ORF HP1198によりコードされるポリペプチドまたはその断片もしくは相同的ポリペプチドと、ORF HP1032によりコードされるポリペプチドまたはその断片もしくは相同的ポリペプチドとの間の相互作用を変化させうる薬剤を選択するための請求項77記載の方法。

【請求項81】 請求項76または77記載の方法により選択されるモジュレーター剤。

【請求項82】 請求項76または77の工程a)に記載の少なくとも1つの組換え形質転換細胞クローンを含むモジュレーター剤をスクリーニングするためのキット。

【請求項83】 ヘリコバクター・ピロリ (Helicobacter pylori) のタンパク質相互作用の変化のための、請求項45および61のいずれかに記載のポリペプチドの使用。

【請求項84】 請求項45または61に記載のポリペプチド、請求項65～70のい

ずれかに記載のベクター、または請求項71～73のいずれかに記載の宿主細胞を含む免疫原性剤で動物またはヒト生体を免疫する工程を含む、モノクローナルまたはポリクローナル抗体の製造方法。

【請求項85】 請求項84記載の方法により得られる抗体。

【請求項86】 以下の群から選択される化合物を含む薬剤組成物：

- a) 請求項59または60記載のポリヌクレオチド、
- b) 請求項45または61記載のポリペプチド、
- c) 請求項62～70のいずれかに記載のベクター、
- d) 請求項71～73のいずれかに記載の宿主細胞、
- e) 請求項80記載のモジュレーター剤、および
- f) 請求項85記載の抗体。

【請求項87】 前記組成物が、生理学的に許容しうる担体及び／又はアジュバントと共に、静脈内経路、筋肉内経路、経口経路または粘膜経路などの任意の経路で投与される請求項86記載の薬剤組成物。

**【発明の詳細な説明】****【0001】****【発明の分野】**

本発明は、ツーハイブリッドシステムに使用できる、原核ゲノム由来、より詳細にはヘリコバクター・ピロリ(*Helicobacter pylori*) ゲノム由来の組換え細胞クローンの新規なコレクション、およびこのコレクションの製造方法に関する。本発明はさらに、*H. pylori*のタンパク質－タンパク質相互作用の同定、並びに該組換え細胞クローンのコレクションおよび該同定されたタンパク質相互作用の、医薬および診断分野への応用に関する。

**【0002】****【発明の背景】**

ほとんどの生物学的プロセスは、特異的なタンパク質－タンパク質相互作用を含む。相互作用性タンパク質を同定するか、あるいはこれらの相互作用を研究するための一般的方法論がこれまでに開発されてきた。近年、医薬の発見における遺伝的アプローチの利点が大きく注目されている。これらの利点には費用効果と簡便さの両方がある。

**【0003】**

これらの方法の中で、現在、酵母ツーハイブリッドシステムは、ある標的タンパク質に結合しうるポリペプチドをスクリーニングするための最も強力な *in vivo* の方法を提示している。また、ホモおよびヘテロ二量体タンパク質相互作用の両方の検出に等しく適している。これらの技術は最初に、Fields et al. (Fields and Song, 1985, Nature, 340, p.245-246, 「タンパク質－タンパク質相互作用を検出する新規な遺伝的システム」) により開発された。

**【0004】**

酵母ツーハイブリッドシステムは、レポーター遺伝子発現の直接的活性化によりタンパク質－タンパク質相互作用を検出するためにハイブリッドタンパク質を利用している。本質的には、2つの推定タンパク質パートナーを、それぞれ転写因子の DNA結合ドメイン、および転写活性化ドメインに遺伝的に融合させるものである。関心ある2つのタンパク質間の生産的相互作用により、隣接するレポー

ター遺伝子（通常LacZまたは栄養マーカー）の転写活性化ドメインを連れてきて、スクリーニング可能な表現型を生じさせる。転写は、転写因子の2つの機能的ドメインを用いることにより活性化されうる：2つの機能的ドメインとは、DNA上の特異的部位を認識し結合するドメイン、および活性化に必要なドメイン（Keegan et al., 1986, Science, 231(4739): 699-704, 真核性の調節タンパク質の転写活性化機能からのDNA結合の分離）。

#### 【0005】

しかしながら、多数の疾患が原核微生物によるものであるにもかかわらず、現在まで、ツーハイブリッドシステムは原核性のタンパク質-タンパク質相互作用の系統的研究には具体的に適用されていない。

#### 【0006】

大きな有用を示す原核性微生物の1つは、ヘリコバクター・ピロリ(*Helicobacter pylori*)である。ヘリコバクター・ピロリ(*H. pylori*)は微好気性、グラム陰性、遅増殖性のらせん型で鞭毛を有する菌である。ヘリコバクター・ピロリは、慢性胃炎の患者の胃生検材料から1983年に最初に単離された（Marshall et al., 1984, Lancet, i: 1311-1341, 胃炎および消化性潰瘍患者の胃における未同定の湾曲した桿菌）。

#### 【0007】

ヘリコバクター・ピロリは、ヒトにおける胃炎、消化不良および消化性潰瘍などの慢性胃十二指腸疾患の主要な原因として同定された。研究により、*H. pylori*は2種の抗生物質とプロトンポンプインヒビターとを組合せた治療により除菌が成功しうることが示された（Labigne et al.）。しかしながら、*H. pylori*に対しに活性な抗生物質は少なく、抗生物質耐性菌が出現し始めている。

#### 【0008】

*H. pylori* No.26695 のゲノムがTomb et al. により研究された（Tomb et al., 1997, Nature, vol. 388, 539-547, 胃病原体ヘリコバクター・ピロリの全ゲノム配列）。この株のゲノムは、1,667,867bp のサイズ、平均G+C 含量39%、および1590の推定コーディング配列（オープンリーディングフレーム、即ち「ORF」）を有する環状染色体からなる。

## 【0009】

胃の環境での定着 (colonization) およびこの病原体の病原性に必要な細菌因子はあまり解明されていない。既知の病原因子の例として以下のものがある：

－胃の酸性pHの中和に関与する酵素類：複数ユニットのウレアーゼは、酸性pH中での生存および胃環境（他の微生物ではほとんど定着できない部位）でうまく定着するのに重要である特徴的な酵素である (Labigne et al., WO 93/07273, ウレアーゼの調節および成熟に必要なヘリコバクター・ピロリ遺伝子、およびその用途)。ウレアーゼをコードする遺伝子は34kb染色体断片上に位置決定され、ureA, ureB, ureC, ureD, ureE, ureF, ureG, ureHおよびureIを含む。

## 【0010】

－粘膜における運動性を担う細菌鞭毛タンパク質 (Hazell et al., 1986, J. Inf. Dis., 153, 658-663, カンピロバクター・ピロリディス (Campylobacter pyloridis)：細胞内空間との関連および、胃上皮の定着における重要な因子としての粘液環境への適応； Leying et al., 1992, Mol. Microbiol., 6, 2863-2874, ヘリコバクター・ピロリのフラジェリン遺伝子のクローニングおよび遺伝的特性決定)： 鞭毛繊維の生合成はAおよびBのフラジェリンならびに繊維キャップを含む。これらの2つの生合成は、fibA遺伝子 (Suerbaum et al., 仏国特許出願, 1995, N 2 736 360, ヘリコバクター・ピロリのfibA遺伝子のクローニングおよび特性決定、無鞭毛株産生) により調節されている。

## 【0011】

－病原性に必要な他の2つのトキシンは、VacAおよびCagAである：

－VacAは宿主上皮細胞で酸性の大液胞の形成を誘導するH.pyloriのトキシンである。これら的大液胞は、エンドサイトーシス経路の後期段階の膜分画の大量の膨潤に由来する (de Bernad et al., 1997, Microbiology, 26(4), 665-674, ヘリコバクター・ピロリのトキシンVacAは細胞質ゾルにおける活動により液胞形成を誘導する)。VacAとの受容体媒介相互作用の証明はPagliaccia et al., によりなされた； vacA 遺伝子のm2対立遺伝子は常にin vitro HeLa 細胞検定で不活性と報告されてきたが、しかし、m2対立遺伝子は消化性潰瘍と関連し、消化性潰瘍および胃がんの発生率が高い集団において優勢である (Pagliaccia et al., Pro.

Natl. Acad. Sci. U.S.A., 1998, 95(17), 10212-110217, ヘリコバクター・ピロリのm2型サイトトキシンは細胞型特異的な液胞化活性を有する)。

—CagAは、消化性潰瘍疾患および腺がんの患者のほとんどから分離した*H. pylori*の株に見出される「cag pathogenicity island」(Spohn et al., 1997, Molecular Microbiology, 26(2), 361-372, ヘリコバクター・ピロリのpathogenicity island にコードされる異なるcagAB 遺伝子の転写解析)によりコードされるタンパク質の1つである。CagAは*H. pylori*の50～60%の株により産生され;高分子量(120 ～140kDa)の表面タンパク質であり、未知の機能を有する免疫優性抗原である。CagAタンパク質を産生する*H. pylori*の株は、cagBとcagC(それぞれ、36および101 kDa タンパク質)の2つの遺伝子を有する。これらの遺伝子は十二指腸潰瘍と大きく関連している(Blaser et al., 1996, WO 96/12825, ヘリコバクター・ピロリのcagAおよびcagC遺伝子および関連する方法および組成物)。

#### 【0012】

—その他の病原因子:複数の胃組織特異的接着因子(Boren et al., 1993, Science, 262, 1892-1895)。

現在、in vitroで *H. pylori* 感染を除去する治療剤が利用できる。しかしながら、抗生物質を用いる方法は、これらの薬剤に耐性の細菌株を出現させる。

#### 【0013】

多くの疾患が原核性微生物によるものであるもので、これらの新たに特性決定された全ゲノムまたは部分的ゲノム、特に大腸菌 (*Escherichia coli*) ゲノム、さらに*H. pylori*、スタフィロコッカス・アウレウス(*Staphylococcus aureus*) およびストレプトコッカス・ニューモニアエ(*Streptococcus pneumoniae*)ゲノムなどの病原性微生物の機能および全体的研究に関する新たな手段が大いに必要とされている。

#### 【0014】

これらの新しい手段の要望に加え、また、そして特に、より有効でより標的化された治療の開発のための大腸菌、*H. pylori*、*S. aureus*および*S. pneumoniae*の新規なタンパク質—タンパク質相互作用を見出す必要がある。

#### 【0015】

**【発明の要旨】**

本発明は、ツーハイブリッドシステムに使用できる、原核微生物由来、特に大腸菌、H.pylori、S.aureusおよびS.pneumonia のゲノム DNA断片を含む、組換え細胞クローンのコレクションの製造方法、およびこの方法により得られる組換え細胞クローンのコレクション、およびこのコレクションを含むスクリーニング用キットに関する。

**【0016】**

本発明はまた、bait (えさ) ポリペプチドと相互作用しうる原核微生物のprey (捕食するもの) ポリペプチドを発現する組換え細胞クローンを同定するための酵母または細菌ツーハイブリッドシステム法、およびこのpreyポリペプチドを同定するための方法に関する。

**【0017】**

本発明はさらに、baitポリペプチドと相互作用しうるpreyポリペプチドに対応するポリヌクレオチドもしくはポリペプチド、および本発明の酵母または細菌ツーハイブリッドシステム法により同定されるタンパク質-タンパク質相互作用、並びにこのポリヌクレオチドを含むベクターおよび宿主細胞、およびそれらを含む薬剤組成物を含有する。

**【0018】**

本発明はまた、baitポリペプチドと相互作用しうる原核微生物由来の関心あるpreyポリペプチドの選択された相互作用ドメイン(SID<sup>TM</sup>) をコードするポリヌクレオチドを同定するための方法に関する。

**【0019】**

本発明の別の面は、本発明の酵母もしくは細菌ツーハイブリッドシステム法により同定されたタンパク質-タンパク質相互作用を変化(modulate) させる薬剤を選択する方法に関する。

**【0020】****【本発明の詳細な記載】**

本発明は、以下の工程を含む、ツーハイブリッドシステムに使用できる組換え細胞クローンのコレクションを作製する方法に関する：

- a) DNAを断片化し；
  - b) 宿主細胞中でのプラスミドの発現により、相補的ドメインと結合した場合にレポーター遺伝子を活性化しうる特異的ドメインを含むハイブリッドポリペプチドが生じるように、工程a)で得られたポリヌクレオチド断片をプラスミドに挿入し；
  - c) 工程b)で得られたプラスミドで細胞クローンを形質転換し；そして
  - d) 場合により、工程c)で得られた形質転換された組換え細胞クローンを選択し；
- ここで、工程a)の DNAは原核微生物から得られるゲノム DNAである。

### 【0021】

本発明方法の DNAを断片化する工程a)は、ゲノム DNAの供給源を酵素切断、超音波処理、または噴霧化により行うことができ、超音波処理および噴霧化は、出発 DNA材料のランダムな切断およびそれによって可能なすべての挿入断片の良好な発現を確保する。

### 【0022】

好ましい態様において、本発明方法の DNAを断片化する工程a)は、例えば市販の噴霧器(GATC)による、噴霧化工程により行われる。

好ましい態様では、本発明のツーハイブリッドシステムに使用できる組換え細胞クローンのコレクションを産生する方法において使用されるプラスミドは、さらに、作動可能に連結されたプロモーターをコードする核酸配列、複クローニング部位、ターミネーター部位および選択マーカーを含んでいてもよい。

### 【0023】

「プロモーター」は、遺伝子の特異的転写を開始するのに必要とされる細胞の転写装置により認識される DNA配列を意味する。

プロモーターのような調節配列に「作動可能に連結」されている配列とは、この調節エレメントが、この核酸に対し、RNA ポリメラーゼ開始および関心ある核酸の発現を制御するのに正しい位置および方向にあることを意味する。本明細書において、「作動可能に連結」とは機能的な関係におけるポリヌクレオチドエレメントの連結を指す。例えば、プロモーターまたはエンハンサーは、これがコーディング配列の転写に影響する場合はコーディング配列に作動可能に連結してい

る。より正確には、2つの DNA分子（プロモーター領域を含むポリヌクレオチドと、所望のポリペプチドもしくはポリヌクレオチドをコードするポリヌクレオチドなど）は、この2つのポリヌクレオチド間の連結の性質が、(1) フレームシフト突然変異の導入を生じたり、(2) コーディングポリヌクレオチドの転写を指示するプロモーターを含むポリヌクレオチドの能力に干渉したりしない場合に、「作動可能に連結」していると言える。

#### 【0024】

プロモーターとしては、全長または先端切除 ADHプロモーターを使用できる。

特異的ドメインとは、相補的ドメインとの結合によりレポーター遺伝子の活性化が生じるようなドメインを意味する。

#### 【0025】

本発明の1つの具体的態様において、特異的ドメインは、転写活性化ドメインまたは DNA結合ドメインであってもよく、相補的ドメインはそれぞれ、DNA結合ドメインまたは転写活性化ドメインであってもよい。

#### 【0026】

転写活性化ドメインおよび DNA結合ドメインはそれぞれGal4およびLexA由来であってもよい。

本発明の別の具体的態様では、活性化ドメインが酵素の一部であり、相補的ドメインが同じ酵素の別の部分である。この酵素の2つの部分の接近により、酵素活性を回復させ、レポーター遺伝子を活性化することができる。

#### 【0027】

例えば、特異的および相補的ドメインは、ボルデテラ・ペルツシス (Bordetella pertussis) のアデニル酸シクラーゼの触媒ドメインを構成するT25 およびT18 ポリペプチドであってもよい。

#### 【0028】

レポーター遺伝子は、組換え細胞クローンのプラスミド中でもそのゲノム中にもあってもよい。

本発明の例示的態様としては、レポーター遺伝子が栄養遺伝子、あるいはまたその発現が比色分析により視覚化されうるHis3、LacZもしくはLacZとHis3の両方

などの遺伝子からなる群の中から選択される。

#### 【0029】

選択マーカーとしては、トキシンをコードする遺伝子、グリーン蛍光タンパク質(GFP) 型の色マーカー、λファージ受容体lam B などのファージ受容体タンパク質もしくはその断片をコードする遺伝子、および選択可能な表現型を与えるその他の任意の遺伝子、アンピシリン、カナマイシン、テトラサイクリンなどの耐性遺伝子、またはラクトースもしくはマルトース栄養遺伝子が使用できる。

#### 【0030】

特に好ましい態様では、本発明は、工程a)の DNAが、ヘリコバクター・ピロリ(実施例1.A 参照)、大腸菌、スタフィロコッカス・アウレウスおよびストレプトコッカス・ニューモニアエより得られたゲノム DNAである、本発明の方法に関する。

#### 【0031】

本発明はまた、本発明の方法により得ることができるツーハイブリッドシステムに使用しうる組換え細胞クローンのコレクションに関する。

本発明はさらに、各組換え細胞クローンが、その発現により特異的ドメインを含有するハイブリッドポリペプチドを生じるプラスミドに挿入されたポリヌクレオチドを含有し、該ポリヌクレオチドが原核微生物から得られるゲノム DNA断片である、ツーハイブリッドシステムに使用できる組換え細胞クローンのコレクションに関する。

#### 【0032】

好ましい態様において、前記ゲノム DNA断片は噴霧化による断片化工程により得られる。

特に好ましい態様において、本発明は、原核微生物がヘリコバクター・ピロリ、大腸菌、スタフィロコッカス・アウレウス、およびストレプトコッカス・ニューモニアエである本発明の組換え細胞クローンのコレクションに関する。

#### 【0033】

本発明はまた、組換え細胞クローンが、グラム陽性またはグラム陰性細菌、酵母、菌類および哺乳動物細胞からなる群、特に大腸菌およびサッカロミセス・セ

レビシアエ(*Saccharomyces cerevisiae*)酵母からなる群より選択される、本発明の組換え細胞クローンのコレクションを含有する。

#### 【0034】

本発明はさらに、プラスミドが、少なくとも、プロモーターをコードする核酸配列、特異的ドメイン、前記ポリペプチドがクローン化されるマルチクローニング部位、および選択マーカを含む、本発明の組換え細胞クローンのコレクションに関する。

#### 【0035】

好ましい態様において、本発明はさらに、ポリヌクレオチドがプラスミドpACT IIstまたはpP6 に挿入されている本発明の組換え細胞クローンのコレクションに関する。

#### 【0036】

より好ましい態様において、本発明はさらに、コレクションが $10^6 \sim 10^7$  または $10^6 \sim 10^8$  の組換え大腸菌クローンを含み、挿入断片を有する独立の細胞クローンの割合が少なくとも60%、70%、80%、90%、95%または97%である、本発明の組換え細胞クローンのコレクションに関する。

#### 【0037】

本発明は特に、1999年4月13日に受託番号I-2181としておよび2000年3月23日にI-2416、I-2414、I-2415およびI-2417としてCollection National de Culture de Microorganismes(CNCM)(フランス、パリ)に寄託された本発明の組換え細胞クローンのコレクションを含有する。

#### 【0038】

受託番号I-2181として寄託された組換え細胞クローニングのコレクション(同定番号: HGXBHP 1)は、stop bis pACTII ベクター中にクローン化され、大腸菌DH10Bに導入された(形質転換)、ヘリコバクター・ピロリ26695株のゲノムライブラリーに関する。このコレクションは、挿入率が約97%で挿入断片の平均サイズが1000bpである独立クローンを約 $10^7$  個含有している。

#### 【0039】

受託番号I-2416として寄託された組換え細胞クローニングのコレクション(同

定番号：HGXBSA 1) は、pP6 ベクター中にクローン化され、大腸菌DH10B に導入された（形質転換）、スタフィロコッカス・アウレウス col株のゲノムライブラリーに関する。このコレクションは、挿入率が約95%以上で挿入断片の平均サイズが1100bpである独立クローンを約 $6.8 \times 10^7$  個含有している。

#### 【0040】

受託番号I-2415として寄託された組換え細胞クローニングのコレクション（同定番号：HGXBEC 1) は、pP6 ベクター中にクローン化され、大腸菌DH10B に導入された（形質転換）、大腸菌MG1655株のゲノムライブラリーに関する。このコレクションは、挿入率が約98%以上で挿入断片の平均サイズが853bp である独立クローンを約 $3 \times 10^7$  個含有している。

#### 【0041】

受託番号I-2417として寄託された組換え細胞クローニングのコレクション（同定番号：HGXBHP 4) は、pP6 ベクター中にクローン化され、大腸菌DH10B に導入された（形質転換）、ヘリコバクター・ピロリ26695 株のゲノムライブラリーに関する。このコレクションは、挿入率が約98%以上で挿入断片の平均サイズが1009bpである独立クローンを約 $1.9 \times 10^7$  個含有している。

#### 【0042】

別の面において、本発明は、コレクションが $10^5 \sim 1.5 \times 10^7$  のハプロイド組換えサッカロミセス・セレビシアエ(*Saccharomyces cerevisiae*)クローンを含み、挿入断片を有する独立の細胞クローンの割合が少なくとも60%、70%、80%、90%、95%または97%である、本発明の組換え細胞クローンのコレクションに関する。

#### 【0043】

本発明は特に、1999年4月13日に受託番号I-2182として、および2000年3月23日に受託番号I-2420、I-2419およびI-2418として、Collection National de Cultures de Microorganismes(CNCM)に寄託された本発明の組換え細胞クローンのコレクションを含有する。

#### 【0044】

受託番号I-2182として寄託された組換え細胞クローニングのコレクション（同

定番号：HGXYHP 1) は、E.coli(HGXBHP 1 ライブラリー) において増幅され、stop bis pACTII ベクター中にクローン化され、サッカロミセス・セレビシアEY187株に形質転換され、約 $2 \times 10^6$  個の独立のクローンを含有しているヘリコバクター・ピロリ26195 株のゲノムライブラリーに関する。

#### 【0045】

受託番号I-2420として寄託された組換え細胞クローニングのコレクション (同定番号：Lib Sa2)は、E.coli(HGXBSA 1 ライブラリー) において増幅され、pP6 ベクター中にクローン化され、サッカロミセス・セレビシアEY187株に形質転換され、約 $2.2 \times 10^6$  個の独立のクローンを含有し、細胞濃度約 $5 \times 10^8$  細胞/ml である、スタフィロコッカス・アウレウス col株のゲノムライブラリーに関する。

#### 【0046】

受託番号I-2419として寄託された組換え細胞クローニングのコレクション (同定番号：Sp in Y187 pP6) は、E.coli(HGX BSP 1 ライブラリー) において増幅され、pP6 ベクター中にクローン化され、サッカロミセス・セレビシアEY187株に形質転換され、約 $2.8 \times 10^6$  個の独立のクローンを含有し、細胞濃度約 $5 \times 10^8$  細胞/ml である、ストレプトコッカス・ニューモニアエ、タイプ4株のゲノムライブラリーに関する。

#### 【0047】

受託番号I-2418として寄託された組換え細胞クローニングのコレクション (同定番号：E.coli in Y187 lib1)は、E.coli(HGX BEC 1 ライブラリー) において増幅され、pP6 ベクター中にクローン化され、サッカロミセス・セレビシアEY187株に形質転換され、約 $4 \times 10^6$  個の独立のクローンを含有し、細胞濃度約 $5 \times 10^8$  細胞/ml である、大腸菌MG1655株のゲノムライブラリーに関する。

#### 【0048】

別の面において、本発明は、ポリヌクレオチドがプラスミドpAS2 $\Delta\Delta$ に挿入されている、本発明の組換え細胞クローンのコレクションに関する。

さらに別の面において、本発明は、ポリヌクレオチドがpT25, pKT25, pUT18およびpUT18Cからなる群より選択されたプラスミドに挿入されている、本発明の組

換え細胞クローンのコレクションに関する。

【0049】

本発明はまた、本発明のツーハイブリッドシステムに使用できる組換え細胞クローンのコレクションを含む、タンパク質-タンパク質相互作用をスクリーニングするためのキットに関する。

【0050】

本発明のコレクションの具体的態様において、DNAライブラリーは、preyポリヌクレオチド形態のDNAライブラリーの構築の間に作製される挿入断片として全ゲノムを含有する組換えハプロイド酵母細胞のコレクションからなる、タンパク質-タンパク質相互作用のスクリーニングのためのすぐに使用できるキットとして提供され、この酵母細胞のコレクションは同一の生物学的材料を含む複数のバイアルにおいて凍結されている。

【0051】

本発明はまた、関心あるbaitポリペプチドと相互作用しうるpreyポリペプチドをコードする、本発明のコレクションのポリヌクレオチドを選択する一般的方法を提供する。

【0052】

本明細書において交換可能に使用される、「ポリヌクレオチド」、「核酸」、「オゴヌクレオチド」なる用語は、一本鎖形態でも二本鎖形態でもよい、1ヌクレオチド以上のRNA、DNAまたはRNA/DNAハイブリッド配列を含む。本発明のポリヌクレオチド配列は、合成、組換え、ex vivo 産生もしくはその組み合わせを含む任意の既知の方法、および当分野で既知の任意の精製法を用いて製造することができる。

【0053】

「精製された」という用語は本明細書では、他の核酸、炭水化物、脂質およびタンパク質などの（これらに限定されないが）、その他の化合物から分離された本発明のポリヌクレオチドを記述するのに用いられる。ポリヌクレオチドは、少なくとも約50%、好ましくは60~90%（重量/重量）の試料が単一のポリヌクレオチド配列を示す（より普通には約95%、好ましくは約99%以上）場合に実質的

に純粋である。

#### 【0054】

本明細書で用いられるように、「単離された」という用語は、材料がそのものの環境（例、それが天然物である場合は天然の環境）から回収されていることを必要とする。例えば、生きている動物に存在する天然のポリヌクレオチドまたはポリペプチドは単離されたものではないが、天然の系において共に存在する材料の一部または全部から分離されている同じポリヌクレオチドまたはDNAまたはポリペプチドは単離されたものである。このようなポリヌクレオチドは、ベクター部分でありうる、及び／又はこのようなポリヌクレオチドもしくはポリペプチドは組成物の部分でありうる、およびそのベクターもしくは組成物は天然の環境の一部ではないという点で依然として単離されたものである。

#### 【0055】

「ポリペプチド」なる用語は、ポリマーの長さに関係なくアミノ酸のポリマーを意味し；従って、ポリペプチドの定義にはペプチド、オリゴペプチドおよびタンパク質が含まれ、これらの用語は本明細書において交換可能に使用される。「ポリペプチド」の用語はまた、ポリペプチドの発現後修飾を特定あるいは排除しない、例えばグリコシル基、アセチル基、リン酸エステル基、脂質の基等の共有結合を含むポリペプチドはこのポリペプチドの用語に含まれるのは明らかである。また、この定義には、アミノ酸の1もしくはそれ以上の類似体を含む（例えば、非天然アミノ酸、関連しない生物系においてのみ天然であるアミノ酸、哺乳動物由来の修飾されたアミノ酸を含む）ポリペプチドが入る。

#### 【0056】

「精製された」なる用語は、本明細書において、核酸、炭水化物、脂質およびその他のタンパク質などの（これらに限定されないが）その他の化合物から分離された本発明のポリペプチドを記述するのに用いられる。精製されたポリペプチドは典型的には、約50%、好ましくは60~90%（重量／重量）のタンパク質試料を含み、より普通には約95%、好ましくは約99%以上純粋である。

#### 【0057】

関心あるbaitポリペプチドは、本発明のコレクションのポリヌクレオチドによ

りコードされる原核ポリペプチドであっても、関心あるその他の任意のポリペプチドであってもよい。関心あるその他のポリペプチドは、原核微生物に感染していてもよい生物体、例えば哺乳動物、特にヒトのポリペプチドであってもよい。

#### 【0058】

以下に記載の方法は、接合酵母ツーハイブリッドシステムおよび細菌ツーハイブリッドシステムであるが、ツーハイブリッドシステムの変法もまた使用できる。

#### 【0059】

例えば、スリーハイブリッドシステム (Tirode et al., 1997, Journal of Biological Chemistry, 272, 22995-22999, 条件発現される第3のパートナーはスリーハイブリッドシステムにおける転写アクチベーターの形成を安定化するか防止する) は、転写アクチベーターの形成を許すか防止する3つのポリペプチドを含む。ツーハイブリッド融合タンパク質を除き、第3のパートナーはMet25 プロモーターの制御下にあり、これはメチオニンが欠如した培地において正に調節される。別の変法には逆ツーハイブリッドシステム (Vidal et al., 1996, Proc. Natl. Sci., 93, 10315-10320, タンパク質-タンパク質および DNA-タンパク質相互作用の解離を検出する逆ツーハイブリッドおよびワンハイブリッドシステム) があり、この方法では特定のタンパク質-タンパク質相互作用を阻害しうる分子のコレクションがスクリーニングできる。

#### 【0060】

さらに別の面において、本発明は、以下の工程を含む、baitポリペプチドと相互作用しうる preyポリペプチドをコードする preyポリヌクレオチドを含む組換え細胞クローンを同定するための酵母ツーハイブリッドシステム法に関する：

a) アッセイすべき preyポリヌクレオチドを含むプラスミドで形質転換された本発明の組換え細胞クローンのコレクション中の少なくとも1つの第1のハプロイド組換え細胞クローンを、該 baitポリペプチドをコードする baitポリヌクレオチドを含むプラスミドで形質転換された第2のハプロイド組換え *Es. cerevisiae* (S. cerevisiae) 細胞クローンと接合させ；

b) 工程a)で得られた2倍体細胞を選択培地上で培養し；そして、

c)選択培地上で増殖しうる組換え細胞クローンを選択する。

#### 【0061】

具体的態様において、本発明は、以下の工程を含む、baitポリペプチドと相互作用しうるpreyポリペプチドをコードするpreyポリヌクレオチドを同定するための酵母ツーハイブリッドシステム法に関する：

- a)本発明のbaitポリペプチドと相互作用しうるpreyポリペプチドをコードするpreyポリヌクレオチドを含む組換え細胞クローンを同定し；そして、
- b)工程a)で選択された組換え細胞クローンのそれぞれに含まれるpreyポリヌクレオチドの特性決定を行う。

#### 【0062】

酵母ツーハイブリッドシステムとは、通常少なくとも1つのレポーター遺伝子を用いる方法をいい、このレポーター遺伝子は、組換え細胞によりpreyポリペプチドおよびbaitポリペプチドが産生された場合、1つのpreyポリペプチドに含まれる特異的ドメインとbaitポリペプチドに含まれる相補的ドメインが互いに接近した場合に、この少なくとも1つのレポーター遺伝子の転写の引き金により、その転写が活性化されるものである。酵母ツーハイブリッドシステムの有利な変法では、preyポリペプチドをコードするpreyポリヌクレオチドおよびbaitポリペプチドをコードするbaitポリヌクレオチドが組換えハプロイド酵母細胞に挿入され、次いで接合の過程によりpreyポリペプチドとbaitポリペプチドを産生する二倍体酵母細胞を生じる。

#### 【0063】

本発明の少なくとも1つのレポーター遺伝子とは、その転写が、コードされるbaitおよびpreyポリペプチドが相互作用しうる場合に組換え二倍体酵母細胞内で活性化される、1～5の、好ましくは2～3のレポーター遺伝子をいう。

#### 【0064】

好ましくは、この少なくとも1つのレポーター遺伝子は、baitポリヌクレオチドを含む第1の組換えハプロイド酵母細胞に含まれる。

この少なくとも1つのレポーター遺伝子は、組換え二倍体酵母細胞のプラスミド中でも、またはそのゲノム中に含まれてもよい。

**【0065】**

例示的態様として、この少なくとも1つのレポーター遺伝子は、前述のツーハイブリッドシステムに用いられる1つの組換えハプロイド酵母細胞、好ましくはbaitポリヌクレオチドを含む酵母細胞の染色体に位置する。この少なくとも1つのレポーター遺伝子は、栄養遺伝子、あるいはその発現が比色分析により視覚化されるHis3、LacZまたはLacZおよびHis3の両方などの遺伝子からなる群より選択されることもできる。

**【0066】**

「preyポリヌクレオチド」とは、i)特異的ドメイン、およびii)baitポリペプチドとの相互作用を試験すべきポリペプチド、を含むキメラポリペプチドをコードするキメラポリヌクレオチドを意味する。特異的ドメインは好ましくは転写活性化ドメインである。

**【0067】**

preyポリヌクレオチドは原核微生物のゲノムライブラリー、好ましくはヘリコバクター・ピロリのゲノムDNAから得てもよい。

「bait (えさ) ポリヌクレオチド」とは、i)相補的ドメイン、およびii)少なくとも1つのpreyポリペプチドとの相互作用を試験すべきポリペプチド、を含むキメラポリペプチドをコードするキメラポリヌクレオチドを意味する。相補的ドメインは好ましくは宿主生物に含まれる検出可能な遺伝子上の結合部位を認識するDNA結合ドメインである。

**【0068】**

baitポリヌクレオチドとして、制限エンドヌクレアーゼでの切断 (Sambrook et al., 1973, Biochemistry 12(16): 3055-63, 分析的アガロース-臭化エチジウム電気泳動を用いるヘモフィラス・パラインフルエンザ(Haemophilus parainfluenza) における2つの制限エンドヌクレアーゼ活性の検出)、またはBallなどのエキソヌクレアーゼによる切断、あるいはDNA合成のいずれによっても得られる完全長オープン・リーディング・フレーム(ORF) が用いられる。完全長ORFはまた、ツーハイブリッドシステムによるある行程で選択されるあるpreyに対応することもできる。本明細書においてORFとも称される「オープン・リーディング

・フレーム」は、ポリペプチドをコードする核酸の領域をいう。この領域はコーディング配列の一部または全配列を表してもよく、そして終結コドンから終結コドン、または開始コドンから終結コドンまで決定されてもよい。

#### 【0069】

「DNA結合ドメイン」は、デオキシリボヌクレオチド鎖と特異的に相互作用するタンパク質を意味する。配列特異的 DNA結合タンパク質は、互いに高度の配列同一性を示す、特異的配列または特異的配列のファミリーに結合する。

#### 【0070】

baitポリペプチドの DNA結合ドメインおよびpreyポリペプチドの転写活性化ドメインは異なる種類由来であってもよい。具体例として、これらはLexAまたはGal4由来のものでもよい。

#### 【0071】

酵母ツーハイブリッドシステムの1具体的実施例において、preyポリペプチドはロイシン栄養要求性を有するY187酵母細胞に導入されている（形質転換）Leu2 選択遺伝子を有するプラスミドpACT11stにクローン化されたpreyポリヌクレオチドによりコードされ、baitポリペプチドはトリプトファン栄養要求性を有するCG1945酵母細胞に導入されている（形質転換）Trp1 選択遺伝子を有するプラスミドpAS2ΔΔにクローン化されたbaitポリヌクレオチドによりコードされる。

#### 【0072】

別の面において、本発明は、以下の工程を含む、baitポリペプチドと相互作用しうるpreyポリペプチドをコードするpreyポリヌクレオチドを含む組換え細胞クローンを同定するための細菌ツーハイブリッドシステム法に関する：

- a) baitポリペプチドをコードするbaitポリヌクレオチドを含むプラスミドで細菌細胞クローンを形質転換し、
- b) 本発明のコレクションからpreyポリヌクレオチドを含むpreyプラスミドを取り出し、
- c) 工程a)で得られた組換え細菌細胞クローンを、工程b)で取り出されたプラスミドで形質転換し；
- d) 工程c)で得られた組換え細菌細胞を選択培地上で培養し；

e)選択培地上で増殖しうる組換え細胞クローンを選択する。

#### 【0073】

好ましい態様において、本発明の組換え細胞クローンを同定する細菌ツーハイブリッドシステム法の工程c)で得られる組換え細菌細胞の調製は以下の工程を含む：

- 1)まずE.coliをbaitプラスミドで形質転換する（化学的—またはエレクトロ—コンピタント細胞を用いる標準プロトコル）；
- 2)preyプラスミドを本発明のコレクションから取り出す（preyプラスミドはE.coli菌株中にある。プロトコル1.B 参照[E.coli 中に含まれるプラスミドは分取したE.coli凍結細胞から抽出（Quiagen）する]）；
- 3)取り出したpreyプラスミドを次いで形質転換の標準プロトコル（例えば、エレクトロ—またはキミオーコンピタント細胞を用いて）により工程1の組換えE.coliを形質転換する。

#### 【0074】

1つの具体的態様において、本発明は、以下の工程を含む、baitポリペプチドと相互作用しうるpreyポリペプチドをコードするpreyポリヌクレオチドを同定するための細菌ツーハイブリッドシステム法に関する：

- a)本発明の、baitポリペプチドと相互作用しうるpreyポリペプチドをコードするpreyポリヌクレオチドを含む組換え細胞クローンを同定し、そして、
- b)工程a)で選択されたそれぞれの組換え細胞クローンに含まれるpreyポリヌクレオチドの特性決定を行う。

#### 【0075】

「細菌ツーハイブリッドシステム」とは、通常少なくとも1つのレポーター遺伝子を用いる方法をいい、このレポーター遺伝子は、組換え細胞によりpreyポリペプチドおよびbaitポリペプチドが産生された場合、1つのpreyポリペプチドに含まれる特異的ドメインとbaitポリペプチドに含まれる相補的ドメインが互いに接近した場合に、この少なくとも1つのレポーター遺伝子の転写の引き金により、その転写が活性化されるようなものである。

#### 【0076】

細菌ツーハイブリッドシステムの1 具体的態様では、preyポリペプチドの特異的ドメインおよびbaitポリペプチドの相補的ドメインは、酵素の触媒ドメインの一部である。preyポリペプチドとbaitポリペプチドの相互作用は、酵素触媒ドメインの回復を可能にし、その結果、酵素活性の回復を可能にする。

#### 【0077】

細菌ツーハイブリッドシステムのより好ましい態様において、酵素はボルデテラ・ペルツシスのアデニル酸シクラーゼであり、触媒ドメインのT25 およびT28断片の接近によるこの酵素の活性化によりcAMP合成を生じ、次いでcAMPがラクトースやマルトースなどの代謝オペロンの転写活性化の引き金となる。

#### 【0078】

さらに別の面において、本発明は、baitポリペプチドおよびpreyポリペプチド（本発明のコレクション由来の細胞クローンに挿入されたポリヌクレオチドによりコードされる）が同じ原核微生物、特にヘリコバクター・ピロリ、大腸菌、スタフィロコッカス・アウレウスまたはストレプトコッカス・ニューモニアエであるか、またはbaitポリペプチドがヒトポリペプチド由来であり、preyポリペプチドが原核微生物、特にヘリコバクター・ピロリ由来である、本発明の方法に関する。

#### 【0079】

さらに別の面において、本発明は、上記の本発明の組換え細胞クローンを同定する酵母ツーハイブリッドシステム法の工程a)により得られる組換え2倍体酵母細胞に関する。

#### 【0080】

本発明の組換え細胞クローンを同定する酵母ツーハイブリッドシステム法により得られる組換え2倍体酵母細胞もまた、本発明の一部を形成する。

酵母または細菌ツーハイブリッドシステムを実施することにより、1つの特定のbaitポリペプチド相互作用性preyポリペプチドを同定することができる。スクリーニングツーハイブリッドシステム法においてコレクションを試験することにより選択されたpreyポリヌクレオチドは、関心あるタンパク質と相互作用するポリペプチドをコードする。

**【0081】**

ツーハイブリッドシステム法の実施により、原核－原核ポリペプチド間の、特にヘリコバクター・ピロリ、大腸菌、スタフィロコッカス・アウレウスまたはストレプトコッカス・ニューモニアエポリペプチド間の、または真核－原核ポリペプチド間の相互作用の同定を行うことができ、これらの相互作用もまた本発明の一部である。

**【0082】**

別の面において、本発明は、baitポリペプチドと相互作用しうるpreyポリペプチドをコードするポリヌクレオチドまたはその断片に関し、このポリヌクレオチドは本発明方法により同定されるものである。

**【0083】**

好ましい態様において、本発明は、下記グループから選択される本発明のポリヌクレオチドを含む：

- a) 表I の右欄「相互作用ORF」に記載の参照番号により同定されるORF の核酸配列を有するポリヌクレオチド、および少なくとも12の連続したヌクレオチドを有するその断片；
- b) a)のポリヌクレオチドの核酸配列への整列化後に、少なくとも80%、好ましくは少なくとも85%、90%、95%および99%のヌクレオチド同一度を有するポリヌクレオチド、
- c) a)もしくはb)のポリヌクレオチドの核酸配列を含むポリヌクレオチド。

**【0084】**

さらに別の面において、本発明は、preyポリペプチドと相互作用しうるbaitポリペプチドをコードするポリヌクレオチドまたはその断片に関し、このpreyポリペプチドをコードするポリヌクレオチドは本発明方法により同定されるものである。

**【0085】**

好ましい態様において、本発明は、下記グループから選択される本発明のポリヌクレオチドを含む：

- a) 表I の左欄「baitポリペプチド」に記載の参照番号により同定されるORF の

核酸配列を有するポリヌクレオチド、および少なくとも連続した12つのヌクレオチドを有するその断片；および

b) a)のポリヌクレオチドの核酸配列への整列化後に、少なくとも80%、好ましくは少なくとも85%、90%、95%および99%の同一度を有するポリヌクレオチド、

c) a)もしくはb)のポリヌクレオチドの核酸配列を含むポリヌクレオチド。

#### 【0086】

さらに別の面で、本発明は、本発明のbaitポリペプチドと相互作用しうるpreyポリペプチドをコードする第1のポリヌクレオチドもしくはその断片、および該baitポリペプチドをコードする第2のポリヌクレオチドもしくは少なくとも12の連続したヌクレオチドを有するその断片からなる、2つのポリヌクレオチドのセットに関する。

#### 【0087】

本発明のポリヌクレオチドによりコードされるポリペプチドおよび、本発明の2つのポリヌクレオチドのセットによりコードされる2つのポリペプチドのセットもまた、本発明の一部を構成する。

#### 【0088】

好ましい態様において、本発明は、本発明の2つのポリヌクレオチドのセットによりコードされる少なくとも2つのポリペプチドを含む単離された複合体に関し、好ましくはこの2つのポリペプチドは親和性結合により複合体中で結合している。

#### 【0089】

好ましい態様において、本発明は、少なくとも、ORF HP1198によりコードされるポリペプチド（またはその断片、好ましくはそのSID<sup>TM</sup>ドメインの1つ、または少なくとも80%の同一度を示すその相同的ポリペプチド）およびORF HP1293によりコードされるポリペプチド（またはその断片、好ましくはそのSID<sup>TM</sup>ドメインの1つ、または少なくとも80%の同一度を示すその相同的ポリペプチド）を含む、単離された複合体に関する。

#### 【0090】

好ましい態様において、本発明は、少なくとも、ORF HP1198によりコードされるポリペプチド（またはその断片、好ましくはそのSID<sup>TM</sup>ドメインの1つ、または少なくとも80%の同一度を示すその相同的ポリペプチド）およびORF HP0088によりコードされるポリペプチド（またはその断片、好ましくはそのSID<sup>TM</sup>ドメインの1つ、または少なくとも80%の同一度を示すその相同的ポリペプチド）を含む、単離された複合体に関する。

#### 【0091】

好ましい態様において、本発明は、少なくとも、ORF HP1198によりコードされるポリペプチド（またはその断片、好ましくはそのSID<sup>TM</sup>ドメインの1つ、または少なくとも80%の同一度を示すその相同的ポリペプチド）およびORF HP1032によりコードされるポリペプチド（またはその断片、好ましくはそのSID<sup>TM</sup>ドメインの1つ、または少なくとも80%の同一度を示すその相同的ポリペプチド）を含む、単離された複合体に関する。

#### 【0092】

別の面において、本発明は、2つの相互作用性タンパク質が、本発明の2つのポリペプチドのセットからなるものである、タンパク質-タンパク質相互作用に関する。

#### 【0093】

好ましい態様において、本発明は、2つのポリペプチドのセットがヘリコバクター・ピロリ、大腸菌、スタフィロコッカス・アウレウスまたはストレプトコッカス・ニューモニアエの2つのポリペプチドからなる、本発明のタンパク質-タンパク質相互作用に関する。

#### 【0094】

ツーハイブリッドシステムを数回繰り返し、こうして共通のbaitおよびpreyポリペプチドを選択すると、各相互作用性ポリペプチドの既知及び／又は推測生物学的機能を考慮に入れた、これらのポリペプチド間の全相互作用の地図が設計される。

#### 【0095】

このようなタンパク質相互作用地図（Protein Interaction Map, PIM<sup>TM</sup>は、当

分野の技術者にとって最初の DNAライブラリーが誘導される宿主生物内で機能的に活性な全体の代謝及び／又は生理学的経路を解読する手助けとなりうる。タンパク質相互作用地図とPIM<sup>TM</sup>のコンピューター版は本発明の一部である。

#### 【0096】

従って、さらに別の面において、本発明は、本発明のタンパク質－タンパク質相互作用がその上に保存された、好ましくは、例えば、Fromont-Racine et al., Nature Genetics, 1997, Letter, 277-281, 3 図、279 頁に示されるようなタンパク質相互作用地図の形態で保存された、コンピューターで判読可能な媒体（フロッピー(R)ディスク、ディスケット、CDロムおよびコンピューターで判読できる電子的もしくは磁氣的フォーマット）に関する。

#### 【0097】

好ましい態様において、本発明は、その上に保存されたタンパク質－タンパク質相互作用が、例えばインターネットを介して注釈付 (annotated) データベースに連結されている、本発明のコンピューターで判読可能な媒体を含む。

#### 【0098】

他の好ましい態様においては、本発明は、その上に保存されたタンパク質－タンパク質相互作用を含むデータバンクを含み、このデータバンクはWorld-Wide Webサイト上で利用でき、このデータバンクはその他のデータバンクにより注釈が付けられていてもよいものである。

#### 【0099】

供給源のゲノム DNAは、組換えベクターに挿入される前にランダムに断片化されているので、いくつかのpreyポリペプチドを1つのbaitポリペプチドに対して選択できる。従って、preyポリペプチドとbaitポリペプチド間の相互作用に関与する正確なポリペプチドドメインを含む選択相互作用ドメイン(Selected Interacting Domain, SID<sup>TM</sup>) を定義することが可能である。

#### 【0100】

従って、本発明は別の面において、以下の工程を含む、baitポリペプチドと相互作用しうる原核微生物から、関心あるpreyポリペプチドの選択相互作用ドメイン(SID<sup>TM</sup>) をコードするポリヌクレオチドを同定する方法に関する：

- a) 本発明の方法により同定されたpreyポリヌクレオチドから、該baitポリペプチドと相互作用しうるポリペプチドをコードし、そして、関心あるpreyポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの核酸断片と同じ核酸断片を含むすべてのpreyポリヌクレオチドを選択し、
- b) 工程a)において選択されたすべてのpreyポリヌクレオチドに共通なポリヌクレオチドを決定し、そして、
- c) 工程b)で決定したポリヌクレオチドを、関心ある該preyポリペプチドの選択相互作用ドメイン(SID<sup>TM</sup>) をコードするポリヌクレオチドであるとして同定する。

#### 【0101】

この方法により得ることができる、baitポリペプチドと相互作用しうる原核微生物由来の関心あるpreyポリペプチドの選択相互作用ドメイン(SID<sup>TM</sup>) をコードするポリヌクレオチドもまた本発明を構成する。

#### 【0102】

ある具体的態様において、関心あるpreyポリペプチドはヘリコバクター・ピロリ、大腸菌、スタフィロコッカス・アウレウスまたはストレプトコッカス・ニューモニアエ由来である。

#### 【0103】

好ましい態様において、本発明の関心あるpreyポリペプチドの選択相互作用ドメイン(SID<sup>TM</sup>) をコードするポリヌクレオチドは、下記グループから選択される：

- a) 表IIの右欄「SID<sup>TM</sup>」に記載の参照番号により同定されるアミノ酸配列をコードするポリヌクレオチド；
- b) 表IIIの右欄「SID<sup>TM</sup>」に記載の参照番号により同定される配列を有するポリヌクレオチド；
- c) a)もしくはb)のポリヌクレオチド、その相補物および該ポリヌクレオチドに対応するRNAの少なくとも12、15、25または50の連続ヌクレオチドを有する断片、
- d) a)もしくはb)のポリヌクレオチドの核酸配列への整列化後に少なくとも80%、好ましくは85%、90%、95%および99%の同一性を有するポリヌクレオチド。

## 【0104】

「その相補物」の用語は、本明細書において、相補性領域の全体にわたり、別の特定のポリヌクレオチドとWatson & Crick 塩基対を形成しうるポリヌクレオチドの配列について使用される。この用語は、その配列にのみ基づいてポリヌクレオチドの対に適用され、2つのポリヌクレオチドが実際に結合するであろう特定のセットの条件に基づいては適用されない。

## 【0105】

「配列同一度」なる用語は、本明細書において、ポリヌクレオチド間およびポリペプチド間の比較について用いられ、比較ウィンドウ上で2つの最適に整列化された配列を比較することにより決定され、ここで、比較ウィンドウにおけるポリヌクレオチドまたはポリペプチド配列の一部は、2つの配列の最適の整列化のための参照配列（付加または欠失を含まない）に比べて付加または欠失（すなわち、空所）を含むかもしれない。割合は、両方の配列において同じ核酸塩基またはアミノ酸残基が生じる位置の数を決定し、マッチした位置の数を得て、比較ウィンドウ中の合計数でマッチした位置数を割り、その結果に100をかけて配列同一性の割合を出す。相同性は、当分野で既知の各種配列比較アルゴリズムおよびプログラムのいずれかを用いて評価される。このようなアルゴリズムおよびプログラムには、BLASTN、BLASTP (Altschul et al., 1990, J.Mol.Biol., 215(3): 403-410 / Altschul et al., 1993, Nature Genetics 3: 266-272 / Altschul et al., 1997, Nuc.Acids Res.25: 3389-3402) があるが、決してこれらに限定はされない。

## 【0106】

上に示した配列同一性の定義は、当分野の技術者が用いるであろう定義である。定義それ自体は何等のアルゴリズムの助けは必要とせず、このアルゴリズムは、配列同一性の算出よりもむしろ配列の最適整列化を達成するためにのみ有用である。

## 【0107】

上記定義から、2つの比較された配列間の配列同一性についてうまく定義された唯一の値が存在し、この値は最良または最適な整列化に対して得られる値に対

応することが分かる。

#### 【0108】

ウェブサイト<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gorf/bl2.html> において利用でき、2つの配列間の同一性比較および決定に、本発明者により習慣的におよび一般に技術者により用いられるBLAST N またはBLAST P 「LAST 2配列」(Tatusova et al., Blast 2 sequence、タンパク質およびヌクレオチド配列の比較のための新しい手段、FEMS Microbiol. Lett. 174: 247-250) ソフトウェアにおいて、比較されるべき配列の性質および長さに関して選択された置換マトリックスに依存した「open gap penaltie」および「extension gap penaltie」のパラメーターは、ソフトウェアにより直接選択される(即ち、置換マトリックスBLOSUM-62 についてそれぞれ「5」および「2」)。比較すべき2つの配列間の同一性%はソフトウェアにより直接算出される。

#### 【0109】

別の目的において、本発明は、下記グループから選択されるポリヌクレオチドも含む：

- a)表IIの右欄「SID<sup>TM</sup>」に記載の参照により同定されるアミノ酸配列を有するポリペプチド、および少なくとも連続した5つのアミノ酸を有するその断片；および
- b)本発明の関心あるpreyポリペプチドの選択相互作用ドメイン(SID<sup>TM</sup>) をコードするポリヌクレオチドによりコードされるポリペプチド。

#### 【0110】

さらに別の面において、本発明は、本発明のポリヌクレオチドの、本発明のbaitポリペプチドと相互作用しうる、関心あるpreyポリペプチド、またはそのSID<sup>TM</sup>をコードするポリヌクレオチドの増幅及び／又は検出のためのプライマーまたはプローブとしての使用に関する。

#### 【0111】

別の面において、本発明は、本発明のポリヌクレオチドを含むクローニングまたは発現ベクターに関する。

本発明の特に好ましいベクターにはプラスミドpACTIIst、pAS2ΔΔもしくはpP

6、またはpT25、pKT25、pUT18 およびpUT18Cからなる群より選択されるプラスミドがある。

#### 【0112】

さらに好ましいベクターはアデノウイルス、AAV、レトロウイルス、ポックスウイルスまたはヘルペスウイルスなどの、自己複製性またはウイルスベクターである。

#### 【0113】

宿主細胞中での前記配列の発現及び／又は分泌を可能にするエレメントを含むことを特徴とする本発明のベクターもまた本発明の一部を構成する。

宿主細胞中で前記ポリヌクレオチドの発現及び／又は分泌を可能にするエレメントを含む本発明のベクターもまた本発明の一部を構成する。

#### 【0114】

プロモーター及び／又は調節配列、または本発明による細胞内アドレッシング (addressing) のための配列またはその断片を含むことを特徴とする本発明のベクターもまた本発明に含まれる。

#### 【0115】

このベクターは、好ましくは、プロモーター、翻訳の開始および終結のためのシグナル、および転写の調節のための適宜領域を含む。これらはまた、細胞内で安定に維持されることができてもよく、場合により翻訳タンパク質の分泌を指示する特定のシグナルを含んでいてもよい。

#### 【0116】

これらの異なる制御シグナルは、使用される細胞宿主に応じて選択される。この目的には、本発明の核酸配列を、選択された宿主内の自律的に複製するベクター中に、または選択された宿主に組み込み性のベクター中に挿入されてもよい。

#### 【0117】

自律的または自己複製系の中では、宿主細胞に応じて、プラスミドもしくは初型の系が好ましく用いられ、ウイルスベクターが特にアデノウイルス (Perricaudet et al., 1992, La Recherche 23: 471-473, 1992)、レトロウイルス、ポックスウイルスまたはヘルペスウイルス (Epstein et al., 1992, Medecine/Scien

ces 8: 902-911, 1992) であってもよい。当分野の技術者はこれらの系のそれぞれについて使用できる技術を知っている。

#### 【0118】

前記配列の宿主細胞染色体中への組み込みが望ましい場合には、例えば、プラスミドまたはウイルス型の系を使用することができ；そのようなウイルスには、例えばレトロウイルス (Temin, 1986, In Kucherlapati R., 編、Gene Transfer, ニューヨーク、Plenum Press, 149-187, 1986)、またはAAV (Carter, 1993, Curr. Op. Biotechnology 3: 533-539, 1993)がある。

#### 【0119】

上記ベクターは当分野の技術者に通常用いられる方法により調製され、そしてそれより得られるクローンは、リポフェクション、エレクトロポレーションもしくは熱ショックなどの標準的方法により適宜宿主中に導入することができる。

#### 【0120】

本発明は、さらに、本発明のベクターにより形質転換された宿主細胞、特に真核および原核細胞も含む。

これらの目的に使用できる細胞には、当然、細菌細胞 (Olins et al., Curr. Op. Biotechnology 4: 520-525, 1993)、さらに、酵母細胞 (Buckholz, Curr. Op. Biotechnology 4: 538-542, 1993) および動物細胞、特に、哺乳動物細胞 (Edwards and Aruffo, Curr. Op. Biotechnology 4: 558-563, 1993)、そして特に、チャイニーズハムスター卵巣細胞(CHO)、また、例えばバキュロウイルス (Luckow et al., Curr. Op. Biotechnology 4: 564-572, 1993)を用いる方法が可能な昆虫細胞が挙げられる。本発明のタンパク質の発現のための好ましい細胞宿主はCHO 細胞からなる。

#### 【0121】

本発明の細胞は、以下に記載するように、本発明のポリペプチドの産生のための方法において使用することができ、また分析およびスクリーニングのモデルとしても働く。

#### 【0122】

従って、本発明は、下記工程を含む、本発明のポリペプチドを製造する方法を

含む：

- a) 本発明の宿主細胞を、該宿主細胞の増殖および該ポリペプチドの発現を可能にする条件および培地において培養し；そして、
- b) 工程a)で得られた培地または培養細胞から直接該ポリペプチドを回収する。

#### 【0123】

上記方法により得られた組換えポリペプチドもまた本発明を構成する。

本明細書において、「組換えポリペプチド」なる用語は、人工的に設計され、その最初の天然の環境においては隣接するポリペプチド配列としては見出せない少なくとも2つのポリペプチド配列を含むポリペプチドを意味するか、あるいは組換えポリヌクレオチドから発現されたポリペプチドを意味するものとして使用される。

#### 【0124】

組換え形態の本発明のポリペプチドを製造する方法はそれ自身本発明に含まれ、そしてこの方法は、形質転換細胞を、本発明のポリヌクレオチドによりコードされる組換えポリペプチドの発現を可能にする条件で培養し、そして、この組換えポリペプチドを回収することを特徴とする。

#### 【0125】

本発明のベクターまたは宿主細胞を使用することを特徴とする、異種ポリペプチドの製造のための方法もまた、本発明の一部を構成する。

この製造方法により得ることができることを特徴とする組換えポリペプチドもまた、本発明の一部を構成する。

#### 【0126】

上記のようにして得られた組換えポリペプチドは、グリコシル化および非グリコシル化形態のいずれでもよく、天然の三次構造をもっている、もたなくてもよい。

#### 【0127】

これらのポリペプチドは、当分野の技術者に既知の組換えポリペプチド生産のための技術により、ポリヌクレオチドから生産してもよい。この場合、使用されるポリヌクレオチドは、細胞宿主中でその発現を可能にするシグナルの調節下に

置かれる。

#### 【0128】

組換えポリペプチドの産生のための有効な系は、本発明のベクターおよび宿主細胞を有することが必要である。

これらの細胞は、上で定義したベクター中に挿入されたヌクレオチド配列を宿主中に導入し、このトランスフェクトされたヌクレオチド配列の複製及び／又は発現を可能にする条件下で該細胞を培養することにより得てもよい。

#### 【0129】

使用される組換えポリペプチドの精製法は、当分野の技術者に知られている。組換えポリペプチドは、細胞溶解液および抽出液から、または培養液上清から、分画、クロマトグラフィー法、モノもしくはポリクローナル抗体を用いる免疫親和性技術等の方法を個別にまたは組み合わせて、精製することができる。

#### 【0130】

好ましい変法は、「担体」タンパク質と融合した組換えポリペプチド（キメラタンパク質）を製造することからなる。この系の利点は、融合パートナーが特異的リガンドに親和性を有する場合には、組換え産物の安定化およびタンパク質分解の減少、in vitro変性中の溶解性の増加及び／又は精製の簡素化を可能にする。

#### 【0131】

本発明のポリペプチドは、多数の既知のペプチド合成の任意の方法を用いる化学合成、例えば、固体相を用いる技術または部分的固体相を用いる技術により、断片の縮合や溶液中での慣用の合成法により得ることができる。

#### 【0132】

本発明のポリヌクレオチドまたは抗体を用いることを特徴とする、本発明のタンパク質－タンパク質相互作用に關与する、ポリヌクレオチドまたはコードされるポリペプチドの存在を決定するための方法もまた、本発明を構成する。

#### 【0133】

これらの方法は、例えば、そのポリペプチドの起源である原核微生物の生物学的試料中での存在をin vitroで診断する方法に關する。分析されるポリペプチド

はゲノム DNA、cDNA、mRNAのいずれでもよい。

#### 【0134】

これらの方法は本発明のプローブおよびプライマーを用いることができる。

「プライマー」の用語は、標的ヌクレオチド配列に相補性であり、標的ヌクレオチド配列にハイブリッド形成するのに用いられる特異的オリゴヌクレオチド配列を意味する。プライマーは、DNAポリメラーゼ、RNAポリメラーゼまたは逆転写酵素のいずれかにより触媒されるヌクレオチド重合にとっての開始点として働く。

#### 【0135】

「プローブ」の用語は、試料中に存在する特定のポリヌクレオチド配列を同定するのに使用できる規定の核酸セグメント（またはヌクレオチド類似セグメント、例えば、以下に規定するポリヌクレオチド）を意味し、ここで、この核酸セグメントは同定すべき特定のポリヌクレオチド配列に相補的なヌクレオチド配列を含む。

#### 【0136】

それらは、一般的に、本発明のタンパク質－タンパク質相互作用に関与する関心あるタンパク質をコードする選択されたポリヌクレオチドと特異的にハイブリッド形成しうることを特徴とする、少なくとも12のヌクレオチド、好ましくは少なくとも15、20および25のヌクレオチドを含む、ハイブリダイゼーション用の精製された核酸配列である。

#### 【0137】

本発明のタンパク質－タンパク質相互作用に関与する関心あるポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの存在を決定するための方法の中で、本発明のヌクレオチド配列のプライマー対を補助に用いた、本発明の標的ポリヌクレオチドの、いわゆるPCR(ポリメラーゼ連鎖反応) またはPCR 類似の増幅の少なくとも1段階を含む方法が好ましい。

#### 【0138】

PCR 類似法とは、核酸配列の直接または間接の再生産を用いる、あるいは標識系が増幅されるすべての方法を意味し、これらの技術はもちろん既知であり、一

一般的にそれらはポリメラーゼにより DNAを増幅することを含む；もとの試料がRNA である場合には、予め逆転写を行っておくのがよい。現在、このような増幅を可能にする多数の方法があり、例えば、当分野の技術者に周知の、いわゆるNASBA 「核酸配列に基づく増幅、Nucleic Acid Sequence Based Amplification」 (Compton J., 1991, Nature. 350(6313) 91-92)、TAS 「転写に基づく増幅系、Transcription based AmplificationSystem」 (Guatelli et al., 1990, Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 35: 273-286)、LCR 「リガーゼ連鎖反応、Ligase Chain Reaction」 (Lanegren et al., 1998, Genome Research, 8 769-776)、「エンド・ラン増幅 (ERA)、Endo Run Amplification」、「サイクリング・プローブ反応」(CPR) および SDA「鎖置換増幅、Strand Displacement Amplification」(Walker et al., Nucleic Acids Res. 20: 1691-1696, 1992) がある。

#### 【0139】

本発明はさらに、本発明のタンパク質-タンパク質相互作用に関与する、関心あるポリペプチドの存在を決定する方法を含み、この方法は、本発明の抗体を、該ポリペプチドと該抗体間の特異的免疫学的複合体の形成を可能にする条件の存在下で、試験すべき生物学的材料に接触させ、形成する可能性のある免疫学的複合体を、例えばRIA やELIZA を用いた方法により検出することを特徴とする。

#### 【0140】

前記の形質転換細胞はまた、本発明のポリペプチドとその相互作用パートナーポリペプチド間、または本発明のポリペプチドと、本発明のポリペプチドを含む本発明のタンパク質-タンパク質相互作用を変化させうる化学化合物もしくはタンパク質化合物間の相互作用を検討するためのモデルとして使用できる。

#### 【0141】

具体的には、それらは、補因子、阻害剤、特に競合阻害剤としての、あるいは本発明のポリペプチドを含む、タンパク質-タンパク質相互作用に対するアゴニストまたはアンタゴニスト作用を有する、本発明のポリペプチドまたはそのSID<sup>TM</sup>ドメインの1つと相互相互作用する産物を選択するのに使用してもよい。好ましくは、この形質転換細胞は、特に、原核微生物により誘導される疾患の予防及び／又は治療を可能にする産物の選択を可能にするモデルとして用いられよう。

## 【0142】

本発明のさらに別の面は、下記工程を含む、本発明の2つのポリペプチドのセットのタンパク質-タンパク質相互作用を変化させる薬剤または化合物を選択する方法に関する：

a) その発現が組換え細胞クローンに有毒であるレポーター遺伝子を含み、2つのプラスミドで形質転換された組換え細胞クローンを、試験すべき薬剤を含み、この有毒レポーター遺伝子が活性化されない場合には前記組換え細胞クローンの増殖を可能にする選択培地において培養し、ここで、

i) 第1のプラスミドは該2つのポリペプチドの一方およびDNA結合ドメインを含む第1のハイブリッドポリペプチドをコードする核酸配列を含む核酸構築物を含み；

ii) 第2のプラスミドは該2つのポリペプチドの他方および、第1および第2のハイブリッドポリペプチドが相互作用する場合に該有毒レポーター遺伝子を活性化しうる活性化ドメインを含む、第2のハイブリッドポリペプチドをコードする核酸配列を含む核酸構築物を含み；

b) 工程a)で培養された組換え細胞クローンの増殖を阻害しうる薬剤を選択する。

## 【0143】

本発明はまた、下記工程を含む、本発明の2つのポリペプチドのセットのタンパク質-タンパク質相互作用を変化させる薬剤を選択する方法を含む：

a) その発現が組換え細胞クローンに対して有毒であるレポーター遺伝子を含み、2つのプラスミドで形質転換された、好ましくは透過性の組換え細胞クローンを、試験すべき薬剤を含み、この有毒レポーター遺伝子が活性化されない場合には前記組換え細胞クローンの増殖を可能にする選択培地において培養し、ここで、

i) 第1のプラスミドは該2つのポリペプチドの一方および酵素の第1ドメインを含む第1のハイブリッドポリペプチドをコードする核酸配列を含む核酸構築物を含み；

ii) 第2のプラスミドは該2つのポリペプチドの他方および、第1および第2のハイブリッドポリペプチドが相互作用する（ここで該相互作用は該酵素の活性を回復させる）場合に該有毒レポーター遺伝子を活性化しうる前記酵素の第2の部

分を含む第2のハイブリッドポリペプチドをコードする核酸配列を含む核酸構築物を含み；

b) 工程a)で培養された組換え細胞クローンの増殖を阻害しうる薬剤を選択する。

#### 【0144】

好ましい態様において、負の選択に使用できる前記有毒レポーター遺伝子がUR A3、CHY1またはCHY2遺伝子である。

本発明のさらに別の面は、下記工程を含む、本発明の2つのポリペプチドのセットのタンパク質-タンパク質相互作用を変化させうる薬剤または化合物を選択する方法に関する：

a) その発現が組換え細胞クローンの増殖を刺激するレポーター遺伝子を含み、2つのプラスミドで形質転換された組換え細胞クローンを、試験すべき薬剤を含み、この刺激作用性レポーター遺伝子が活性化されない場合には前記組換え細胞クローンの正常な増殖を可能にする選択培地において培養し、ここで、

i) 第1のプラスミドは該2つのポリペプチドの一方および DNA結合ドメインを含む第1のハイブリッドポリペプチドをコードする核酸配列を含む核酸構築物を含み；

ii) 第2のプラスミドは該2つのポリペプチドの他方および、第1および第2のハイブリッドポリペプチドが相互作用する場合に該刺激作用性レポーター遺伝子を活性化しうる活性化ドメインを含む、第2のハイブリッドポリペプチドをコードする核酸配列を含む核酸構築物を含み；

b) 工程a)で培養された組換え細胞クローンの増殖を刺激しうる薬剤を選択する。

#### 【0145】

好ましい態様において、2つのポリペプチドのセットのタンパク質-タンパク質相互作用を変化させうる薬剤または化合物を選択する本発明の方法は、ORF HP1198によりコードされるポリペプチド（またはその断片、好ましくはそのSID<sup>TM</sup>ドメインの1つ、または少なくとも80%の同一度を示すその相同的ポリペプチド）と、ORF HP1293によりコードされるポリペプチド（またはその断片、好ましくはそのSID<sup>TM</sup>ドメインの1つ、または少なくとも80%の同一度を示すその相同的ポリペプチド）との間の相互作用を変化させうる薬剤を選択するための方法であ

る。

#### 【0146】

好ましい態様において、2つのポリペプチドのセットのタンパク質-タンパク質相互作用を変化させる薬剤または化合物を選択する本発明の方法は、ORF HP1198によりコードされるポリペプチド（またはその断片、好ましくはそのSID<sup>TM</sup>ドメインの1つ、または少なくとも80%の同一度を示すその相同的ポリペプチド）と、ORF HP0088によりコードされるポリペプチド（またはその断片、好ましくはそのSID<sup>TM</sup>ドメインの1つ、または少なくとも80%の同一度を示すその相同的ポリペプチド）との間の相互作用を変化させる薬剤を選択するための方法である。

#### 【0147】

好ましい態様において、2つのポリペプチドのセットのタンパク質-タンパク質相互作用を変化させる薬剤または化合物を選択する本発明の方法は、ORF HP1198によりコードされるポリペプチド（またはその断片、好ましくはそのSID<sup>TM</sup>ドメインの1つ、または少なくとも80%の同一度を示すその相同的ポリペプチド）と、ORF HP1032によりコードされるポリペプチド（またはその断片、好ましくはそのSID<sup>TM</sup>ドメインの1つ、または少なくとも80%の同一度を示すその相同的ポリペプチド）との間の相互作用を変化させる薬剤を選択するための方法である。

#### 【0148】

本発明の別の態様では、本発明者等は、少なくとも1つの組換え二倍体クローンもしくは、baitポリペプチドをコードする配列を含むプラスミドおよびpACTIIstおよびpAS2ΔΔから選択されてもよい、SID<sup>TM</sup>もしくはSID<sup>TM</sup>の相同ポリペプチドのヌクレオチド配列を含むプラスミドで形質転換したハブロイドもしくは二倍体の細胞クローン、を含むモジュレーター剤 (modulator agent) 検出のためのキットを提供する。

#### 【0149】

相互作用性タンパク質の同じ対に作用するSID<sup>TM</sup>またはSID<sup>TM</sup>の相同配列は、モジュレーター剤であってもよい。

本発明の酵母または細菌ツーハイブリッドシステムのいずれかによって選択されるモジュレーター剤もまた、本発明の一部を構成する。

#### 【0150】

本発明のタンパク質－タンパク質相互作用のこれらのモジュレーター剤は、例えば化合物のライブラリーから得ることができる。

従って、本発明のタンパク質－タンパク質相互作用に干渉しうる前記本発明方法により選択されるモジュレーター剤もまた本発明である。この薬剤は、2つの原核ポリペプチド間の、特に2つのヘリコバクター・ピロリ、大腸菌、スタフィロコッカス・アウレウスまたはストレプトコッカス・ニューモニアエポリペプチドの間の、またはヘリコバクター・ピロリ、スタフィロコッカス・アウレウスまたはストレプトコッカス・ニューモニアエポリペプチドのような原核ポリペプチドと、哺乳動物（特にヒト）などの前記原核微生物の宿主生物由来のポリペプチドとの間の、本発明の相互作用を変化させることができる。

#### 【0151】

これらの方法は、直接もしくは間接に、本発明のポリヌクレオチドもしくはそれによりコードされるポリペプチドと相互作用しうる、特に本発明のポリペプチドが関与するタンパク質－タンパク質相互作用を変化させうる、化学的もしくは生化学的化合物の選択を可能にする。

#### 【0152】

より具体的には、本発明は、タンパク質－タンパク質相互作用により、原核微生物、好ましくはヘリコバクター・ピロリ、スタフィロコッカス・アウレウスまたはストレプトコッカス・ニューモニアエの生存及び／又は増殖を変化させうる、より好ましくは阻害するモジュレーターに関する。

#### 【0153】

本発明のポリペプチドが関与するタンパク質－タンパク質相互作用を変化させうる化合物のスクリーニングについては、好ましい主な効果は、タンパク質－タンパク質相互作用により、原核微生物、好ましくはヘリコバクター・ピロリ、スタフィロコッカス・アウレウスまたはストレプトコッカス・ニューモニアエの生存及び／又は増殖を阻害する効果である。

## 【0154】

原核微生物の生存及び／又は増殖を変化させるこれらの効果は、当業者に既知の任意の方法により分析することができる。

例えば、モジュレーター剤のスクリーニング法は以下の工程を含んでいてもよい：

- －1つの特異的相互作用を選択する、
- －特異的相互作用のbaitポリペプチドおよびpreyポリペプチドを含むプラスミドで透過性酵母細胞を形質転換する、
- －四角の箱（予めアガロースゲルを含む）に形質転換された透過性酵母細胞を含む上部寒天を入れる、
- －寒天が固まり次第、上部寒天上に試験すべき化合物を点状に配置する、
- －例えば、30℃で一晩培養し、そして
- －結果を分析する：形質転換された透過性酵母細胞の増殖を防止する模範的化合物を選択する。

## 【0155】

本発明のタンパク質－タンパク質相互作用に關与する本発明のポリヌクレオチドまたはそれにコードされるポリペプチドの発現のレベル及び／又は特異性を変化させうる化合物を試験するためにスクリーニングを用いてもよい。

## 【0156】

本発明のタンパク質－タンパク質相互作用に關与する本発明のポリペプチドをコードする遺伝子の発現の定量的または定性的分析は、DNA鋳型として本発明のプライマーまたはプローブを用いて実施でき、ここでDNA鋳型なる用語は、それにハイブリッド形成しうるmRNAの発現の特異的検出を可能にするのに十分な長さを有する核酸を指す。例えば、DNA鋳型はこの遺伝子由来の核酸またはその相補性配列を含み、発現のレベルまたは特異性を評価するのが望ましく、少なくとも15、少なくとも25、少なくとも50、少なくとも100 または少なくとも500 の連続ヌクレオチドを含む。

## 【0157】

本発明の別の面は、タンパク質－タンパク質相互作用に關与する本発明の2つ

のポリペプチドのセットの一方に結合しうる分子を同定する方法からなる。この分子は、タンパク質－タンパク質相互作用による、原核微生物、好ましくはヘリコバクター・ピロリの生存及び／又は増殖を変化させるのに使用できる。例えば、このような分子は、原核微生物の生存及び／又は増殖に関与する生物学的反応を刺激または阻害するのに使用できる。

#### 【0158】

規定ポリペプチドに対するリガンドを同定するための当業者に周知の多くの方法が存在する。

例えば、タンパク質－タンパク質相互作用に関与する本発明の2つのポリペプチドのセットの一方のポリペプチドに結合しうる分子、そのサブユニット、または少なくとも10、少なくとも20、少なくとも30もしくは30以上の連続アミノ酸の断片を、結合化学により生じるものなどの小分子を用いて同定するには、HPLC結合マイクロ透析またはアフィニティ・キャピラリー電気泳動を用いることができる。

#### 【0159】

その他の方法では、前記本発明の2つのポリペプチドのセットの一方と相互作用しうるペプチドもしくは小分子、そのサブユニットまたはその断片を、放射性、蛍光または酵素マーカーなどの検出可能なマーカーに結合してもよい。これらの標識された分子を、特異的相互作用を可能にする条件下で、固定化した本発明の2つのポリペプチドのセットの一方に接触させる。特異的に結合しない分子を除いた後、結合した分子を適宜手段により検出する。

#### 【0160】

さらに、本発明の2つのポリペプチドのセットの一方、好ましくはそのSID<sup>TM</sup>結合部位、に結合するペプチドまたは小分子は、競合実験により同定できる。この実験において、本発明の2つのポリペプチドのセットの一方は表面に固定化する。増加量のペプチドまたは小分子を、固定化した本発明の2つのポリペプチドのセットの一方と、本発明の2つのポリペプチドの別の標識ポリペプチド（標識リガンドと称する）の存在下で接触させる。標識リガンドは放射性、蛍光または酵素マーカーで標識してもよい。試験すべき分子の、本発明の2つのポリペプチ

ドのセットの一方と相互作用する能力は、試験される分子の存在下で結合する標識リガンドの量を測定することにより決定される。試験される分子が存在する場合に結合するリガンドの量が減少することは、試験される分子が、本発明の2つのポリペプチドのセットの一方と相互作用しうることを示す。

#### 【0161】

Biocore<sup>TM</sup>技術もまた、本発明の2つのポリペプチドのセットの一方と相互作用しうる化合物をスクリーニングを行うのに使用できる。この技術はSzabo et al., (1995) およびEdwards and Leartherbarrow (Analytical Biochemistry, 246, 1-6, 1997)(参照として援用される) に記載されており、標識を使用せずにリアルタイムで分子間の相互作用を検出可能にする。

#### 【0162】

この方法の主要な利点の1つは、本発明の2つのポリペプチドのセットの一方と相互作用性分子との間の会合定数を決定できることである。従って、高いまたは低い会合定数で相互作用する分子を特異的に選択することが可能である。

#### 【0163】

本発明の2つのポリペプチドのセットの一方と相互作用するタンパク質またはその他の分子は、本発明の2つのポリペプチドのセットの一方を含むアフィニティークラムを用いて同定することができる。本発明の2つのポリペプチドのセットの一方をアガロース、Affi Gel、または当業者に既知のその他のマトリックスなどの適宜カラムマトリックスへの化学結合を含む、慣用技術を用いてカラムに結合してもよい。本発明の別の面では、本発明の2つのポリペプチドのセットの一方が、例えばグルタチオンS-トランスフェラーゼと融合されたキメラタンパク質を含んでいてもよい。上記の試験すべき分子を次いでカラムにおく。本発明の2つのポリペプチドのセットの一方と相互作用する分子はカラムに保持され、溶離により分離される。

#### 【0164】

本発明のタンパク質-タンパク質相互作用を直接または間接に変化させることを特徴とし、上記方法により選択される化学的または生化学的化合物もまた本発明の一部を構成する。

**【0165】**

ヘリコバクター・ピロリのタンパク質の相互作用を変化させるための、本発明のポリペプチドの使用もまた、本発明の一部を構成する。

さらに別の面において、本発明は、動物またはヒトの生体に、本発明のポリペプチド、ベクターまたは宿主細胞を含む免疫原性薬剤で免疫する工程を含む、モノクローナルまたはポリクローナル抗体の製造方法に関し、またこの方法で得られる抗体にも関する。

**【0166】**

本発明のポリペプチドを特異的に認識しうることを特徴とする、モノクローナルもしくはポリクローナル抗体、またはその断片、キメラまたは免疫複合抗体もまた、本発明の一部を構成する。

**【0167】**

本明細書において使用する「抗体」の用語は、少なくとも1つの結合ドメインを含むポリペプチドもしくはポリペプチド群を意味し、ここで抗体結合ドメインは、抗体分子の可変性ドメインの折り畳みにより形成され、内部の表面形状と、抗原の抗原決定基の状態に相補的な電荷分布を有する三次元結合空間を形成し、それによって抗原との免疫学的反応を可能にするものである。抗体には、結合ドメイン、およびFab, Fab', F(ab)<sub>2</sub> およびF(ab')<sub>2</sub> 断片などの断片を含む組換えタンパク質がある。

**【0168】**

特異的ポリクローナル抗体は、本発明ポリペプチドの、特に、本発明のポリヌクレオチドから慣用の操作により遺伝子組換えまたはペプチド合成により得られたポリペプチドで免疫された動物の血清から得てもよい。

**【0169】**

特異的モノクローナル抗体は、Kohler and Milstein (Kohler, G. and Milstein, C., Nature 256: 495, 1975) に記載の慣用のハイブリドーマ培養方法により得てもよい。

**【0170】**

本発明の抗体は、例えば、キメラ抗体、ヒト化抗体、Fab またはF(ab')<sub>2</sub> 断片

である。それらはまた、検出可能及び／又は定量可能なシグナルを得るために免疫複合体の形態または標識化抗体の形態であってもよい (Harlow, E. and D. Lane, 1988, Antibodies A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory, pp.53-254)。

#### 【0171】

本発明はまた、本発明の抗体を使用することを特徴とする、本発明のポリペプチドの検出及び／又は精製の方法に関する。

本発明はさらに、本発明の方法によって得られる精製ポリペプチドも含む。

#### 【0172】

さらに、ポリペプチドの精製のための使用に加え、本発明の抗体、特にモノクローナル抗体は生物学的試料中のこれらのポリペプチドの検出に使用してもよい。

#### 【0173】

従って、それらは、例えば免疫蛍光、金標識、酵素免疫複合体などによる、特定の組織切片上で産生されるポリペプチドの発現の免疫細胞化学または免疫組織化学的解析の手段を構成する。

#### 【0174】

それらは特に、予防または治療方法の進展を監視するのに有用となる、生物学的組織または試料中のこれらのポリペプチドの発現を検出することを可能にする。

#### 【0175】

より一般的には、本発明の抗体は、それに対して抗体が産生される本発明のポリペプチドの発現を観察することが必要な任意の状況において有利に使用できる。

#### 【0176】

最後に本発明は、医薬の製造のための化合物としての、本発明のポリヌクレオチド、ポリペプチド、ベクター、宿主細胞、モジュレーター剤または抗体に関する。

#### 【0177】

従って、本発明はまた、以下の群より選択される化合物を含む薬剤組成物を含む：

- a) 本発明のポリヌクレオチド、
- b) 本発明のポリペプチド、
- c) 本発明のベクター、
- d) 本発明の宿主細胞、
- e) 本発明のモジュレーター剤、
- f) 本発明の抗体。

#### 【0178】

本発明の薬剤組成物もまた本発明の一部を構成し、この組成物は、生理学的に許容しうる担体及び／又はアジュバントと共に、静脈内経路、筋肉内経路、経口経路または粘膜経路により投与される。

#### 【0179】

原核微生物により引き起こされる感染症の病因を予防及び／又は治療するための医薬としての本発明の化合物が特に好ましい。

最も好ましいのは、ヘリコバクター・ピロリ、スタフィロコッカス・アウレウスまたはストレプトコッカス・ニューモニアエにより引き起こされる感染症を予防及び／又は治療するための医薬としての本発明の化合物である。

#### 【0180】

医薬の有効成分としての本発明の化合物は、薬剤的に許容されるビヒクルと混合した溶液形態が好ましい。

医薬として使用できるこれらの化合物は、ヘリコバクター・ピロリ、スタフィロコッカス・アウレウスまたはストレプトコッカス・ニューモニアエなどの原核微生物による感染に関連した病因の予防及び／又は治療の新規なアプローチを提供する。好ましくは、これらの化合物は、全身経路、特に静脈内経路、筋肉内経路、皮内経路または経口経路により投与されるであろう。

#### 【0181】

その投与方法、最適投与量および剤型は、患者に適した治療を確立する際に考慮する一般的範疇、例えば、患者の年齢や体重、その全体の症状の重篤度、治療

に対する耐性および観察される副作用などにより決定できる。

#### 【0182】

同定された化合物は、ヒト患者を含む哺乳動物に、原核微生物感染と関連する疾患を治療するための治療に有効な量で、単独であるいは適宜担体または賦型剤と混合した薬剤組成物として投与することができる。本発明の化合物の製剤化および投与の技術は、「Remington's Pharmaceuticla Science」Mack Publishing Co., Easton, PA, 最新版に見られる。

#### 【0183】

適した投与経路には、経口、直腸、経粘膜または小腸投与、筋肉内、皮下、注射、さらに静脈、腹腔内、鼻腔内注射などの非経口投与がある。

本発明による使用のための薬剤組成物および医薬は、賦型剤および補助剤を含む1または2以上の生理学的に許容しうる担体を用いる通常の方法により製剤化することができる。適切な製剤化は選択される投与経路に依存する。

#### 【0184】

注射の場合は、本発明の薬剤は水溶液、好ましくは、Hanks 溶液、リンゲル溶液などの生理学的に相溶可能な緩衝液、またはリン酸塩や重炭酸塩緩衝液などの生理的塩緩衝液中に製剤化してもよい。経粘膜投与の場合は、透過されるバリアに適した浸透剤が処方中使用される。この種の浸透剤は当分野で一般に既知である。

#### 【0185】

経口的に使用できる薬剤調製物には、ゼラチン製の押込嵌めカプセル、さらにゼラチンおよび可塑剤（グリセロールやソルビトールなど）からなるシールされた軟カプセルがある。押込嵌めカプセルは、有効成分を、ラクトースなどの充填剤、デンプンなどの結合剤、及び／又はタルクやステアリン酸マグネシウムなどの滑沢剤、および場合により安定化剤と混合して含有することができる。軟カプセルでは、有効成分は、脂肪油、液体パラフィン、または液状ポリエチレングリコールなどの適宜液体に溶解または懸濁してもよい。さらに、安定化剤を添加してもよい。経口製剤はすべて、その投与に適した剤型とすべきである。

#### 【0186】

バッカル剤の場合は、組成物は慣用の方法により製剤化された錠剤またはトローチ剤の形態であってもよい。

吸入により投与する場合は、本発明による使用のための化合物は、適宜ガス状プロペラント（噴射剤）、例えば二酸化炭素、を用いて、加圧パックまたはネブライザーからのエアゾル噴霧投与の形態で供給するのが便利である。加圧エアゾルの場合は、用量単位は計量した量を供給するためにバルブを提供することより決定してもよい。吸入器またはインサフレーターに用いるためのカプセルやカートリッジ（例、ゼラチン製）は化合物および適宜粉末基剤（例、ラクトースやデンプン）との粉末混合物を含むものとして製剤化してもよい。

#### 【0187】

化合物は大量の注射や連続的注入などの注射による非経口投与用に製剤化してもよい。注射用の製剤は、保存剤を添加して、アンプル中や多数回投与容器中などの単位剤型として供給してもよい。組成物は、水性ビヒクル中の懸濁液、溶液またはエマルジョンなどの形態としてもよく、懸濁化剤、安定剤及び／又は分散剤などの製剤化用添加剤を含んでもよい。

#### 【0188】

非経口投与用の製剤には、水溶性形態の有効化合物の水溶液がある。水性懸濁液は、カルボキシメチルセルロースナトリウム、ソルビトールまたはデキストランなどの、懸濁液の粘度を増加させる物質を含んでいてもよい。場合により、懸濁液はまた、適宜安定化剤や、化合物の溶解度を向上させ、高濃度の溶液の調製を可能にするための薬剤を含んでもよい。

#### 【0189】

あるいは有効成分を、使用前に、発熱物質を含まない滅菌水などの適宜ビヒクルと混合するために、粉末あるいは凍結乾燥形態としてもよい。

さらに、治療剤を含む固体疎水性ポリマーの半透性マトリックスなどの、持続放出系を用いて化合物を供給してもよい。各種の持続放出材料が確立されており、当業者には周知である。持続放出カプセルは、その化学的性質によって、数週間から100 日以上まで化合物を放出することができる。

#### 【0190】

治療剤の化学的性質および生物学的安定性に応じ、タンパク質安定化のための方法をさらに使用してもよい。

薬剤組成物はまた、適宜固体もしくはゲル相担体もしくは賦型剤を含んでもよい。これらの担体もしくは賦型剤の例には、炭酸カルシウム、リン酸カルシウム、各種糖類、デンプン、セルロース誘導体、ゼラチンおよびポリエチレングリコールなどのポリマーがあるが、これらに限定されない。

#### 【0191】

本発明で使用するのに適した薬剤組成物には、有効成分がその意図する目的を達成するのに有効な量で含む組成物がある。より具体的には、治療的に有効な量とは、治療される患者の現在の症状の進行を防ぐか緩和するのに有効な量を意味する。有効量の決定は、当業者の能力の範囲であり、特に本明細書の詳細な開示を参照すればよい。

#### 【0192】

本発明方法で使用されるいずれの化合物についても、治療に有効な量は最初、細胞培養アッセイから評価することができる。例えば、*in vitro*系において所望の効果を示す点または範囲の濃度を含む、血中(*circulating*)濃度範囲を達成する投与量を動物モデルに処方する。このような情報は、ヒトにおいて有用な投与量をより正確に決定するのに用いることができる。

#### 【0193】

治療に有効な量とは、患者において症状を改善する化合物の量をいう。このような化合物の毒性および治療有効性は、細胞培養および実験動物における標準的薬剤操作により、例えば、LD<sub>50</sub>（試験集団の50%の致死量）の決定およびED<sub>50</sub>（集団の50%において治療に有効な量）の決定により、決定することができる。毒性と治療効果の間の投与量比は治療係数であり、LD<sub>50</sub>とED<sub>50</sub>間の比で表されることができる。高い治療係数を示す化合物が好ましい。

#### 【0194】

これらの細胞培養アッセイおよび動物研究から得られたデータは、ヒトにおける使用のための投与量範囲を設定するのに使用できる。これらの化合物の投与量は、ED<sub>50</sub>を含み、毒性がないかほとんどない血中濃度の範囲内にあるのが好まし

い。投与量は、使用される剤型および投与経路によってこの範囲内で変化してもよい。正確な処方、投与経路および投与量は患者の状態を考慮して個々の医師によって選択することができる (Fingl et al., 1975, 「治療剤の薬理学的基礎」第1章参照)。

#### 【0195】

投与量および間隔は、変化の効果を維持するのに十分な有効化合物の血漿濃度を与えるように個人的に調節することができる。変化の効果を達成するのに必要な投与量は個人の性質および投与経路により異なるであろう。

#### 【0196】

投与される組成物の量は、当然、治療される患者、患者の体重、病気の重篤度、投与方法および処方する医師の判断により異なるであろう。

本発明のその他の特徴および利点は、以下に説明される実施例を含む本明細書の残りおよび図面において明らかとなる。

#### 【0197】

##### 【実施例】

培地組成および標準的プロトコルは、Sambrook及びManiatis (Sambrook, J., Fritsch, E.F., and Maniatis, T. (1989) Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 第2版, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, New York)から入手できる。

#### 【0198】

実施例1：ヘリコバクター・ピロリ (*Helicobacter pylori*) のゲノムコレクションの調製

##### 1.A. コレクションの調製と大腸菌 (*Escherichia coli*) 中での形質転換

---

##### 1.A.1. ゲノムDNA 調製物の断片化

---

ヘリコバクター・ピロリのゲノムDNA を噴霧器 (GATC) で1分間断片化し、沈殿させ、水に再懸濁させる。

#### 【0199】

得られたネブライザー処理したゲノムDNA を、順に緑豆 (Mung Bean) ヌクレアーゼ (Biolabs) (30°Cで30分間)、T4 DNAポリメラーゼ (Biolabs) (37°Cで10分

間) およびクレノウ酵素 (Pharmacia) (室温で10分間および16°Cで1時間) で処理する。

### 【0200】

DNA を次いで抽出し、沈殿させ、水に再懸濁させる。

#### 1.A.2. 平滑末端ゲノムDNA へのリンカーの連結

オリゴヌクレオチドPL160 (5'末端リン酸化) 1  $\mu$ g/ $\mu$ l およびPL159 2  $\mu$ g/ $\mu$ l

オリゴPL160 の配列: 5'-ATCCCGGACGAAGGCC-3'

オリゴPL159 の配列: 5'-GGCCTTCGTCCGG-3'

リンカーを前保温 (95°Cで5分間、68°Cで10分間、42°Cで15分間) した後、室温に放冷し、ゲノムDNA 挿入断片と4°Cで一晩連結させる。

### 【0201】

リンカーを、分離カラム (Chromaspin TE 400, Clontech)により、製造業者のプロトコルに従ってさらに除去する。

#### 1.A.3. ベクター調製

pACT11stを、順に、BamHI 制限酵素 (Biolabs)により37°Cで1時間切断し、仔ウシ腸ホスファターゼ(CIP)(Biolabs)で脱リン酸し、Vent DNAポリメラーゼ (exo-)(Biolabs)を用いてdGTPで充填し、抽出し、沈降させ、水に再懸濁させる。

### 【0202】

#### 1.A.4. ベクターとゲノムDNA の挿入断片との連結

調製したベクターを、T4 DNAリガーゼ (Biolabs)を用いて、第2節で述べたゲノム平滑末端DNA と15°Cで一晩連結させる。DNA を次いで沈降させ、水に再懸濁させる。

### 【0203】

#### 1.A.5. 大腸菌中でのライブラリー形質転換

1.A.4 節で得たDNA を、Cell Porator装置 (Gibco BRL)を用いて、Electromax DH10Bエレクトロコンピテント細胞 (Gibco BRL)中に形質転換する。1mlのSOC 培地を添加し、形質転換した細胞を37°Cで1時間保温する。1試験管当たり9ml量のSOC 培地を添加し、LB+アンピシリン培地上にプレーティングする。コロニーを液体LB培地で擦過する。分取し、-80°Cで凍結する。

## 【0204】

得られた組換え細胞クローンのコレクションを、HGXBHP1 (CNCM 番号I-2181, 1999年4月13日寄託) と命名する。

### 1.B. サッカロミセス・セレビシアエ(*Saccharomyces cerevisiae*)中でのコレクション形質転換

サッカロミセス・セレビシアエ株 (Y187 (MAT $\alpha$  Gal4 $\Delta$  Gal80 $\Delta$  ade2-101 His3 Leu2-3, -112 Trp1-901 Ura3-52 URA3::UASGAL1-LacZ Met)) を、HGXBHP1 へリコバクター・ピロリゲノムDNA ライブラリーで形質転換する。

## 【0205】

大腸菌に含まれているプラスミドDNA を、分取した大腸菌凍結細胞 (1.A.5.) から抽出 (Qiagen) する。

サッカロミセス・セレビシアエ酵母Y187をYPGlu 中で増殖させる。

## 【0206】

酵母形質転換は、酵母キャリアーDNA (Clontech)を用いて、標準的プロトコル (Giest et al., Yeast, 11, 355-360, 1995) に従って行う。この実験は  $10^4 \sim 5 \times 10^4$  細胞/ $\mu$ g DNA を生ずる。プレート当たり推定  $2 \times 10^4$  形質転換体をD0-Leu (Drop-out、脱落) 培地上に塗抹する。分取し、 $-80^\circ\text{C}$ で凍結する。

### 1.C. bait(えさ) プラスミドの作製

Pfu プルーフリーディングTaq ポリメラーゼ (Stratagene) および鋳型としてゲノムDNA 200 ngを用いたPCR によりORF のゲノム増幅を得る。PCR プライマーはORF の両末端にある領域中で選択する。

## 【0207】

PCR プログラムを下記のように設定する：

94 ° 45秒

94 ° 45秒—┐

48 ° 45秒 |  $\times 30$ 回

72 ° 6分—┐

72 ° 10分

15 °  $\infty$

アガロースゲルで増幅をチェックする。

#### 【0208】

PCR断片をQiaquickカラム (Qiagen) を用いて製造業者のプロトコルに従って精製する。

精製したPCR断片を十分な制限酵素により切断する。

#### 【0209】

PCR断片をQiaquickカラム (Qiagen) を用いて製造業者のプロトコルに従って精製する。

切断したPCR断片を、適切に切断及び脱リン酸されたbaitベクター (pAS2 $\Delta\Delta$ ) に、標準的なプロトコル (Maniatis et al) に従って連結する。

#### 【0210】

コンピテント細菌細胞中に形質転換する。細胞を増殖させ、DNAを抽出し、プラスミドを配列決定する。

このプロトコルを大腸菌、黄色ブドウ球菌 (*S. aureus*) および肺炎双球菌 (*S. pneumoniae*) ゲノムDNAに適用することもできる。

#### 【0211】

### 実施例2：酵母系でのツーハイブリッドによるコレクションのスクリーニング

#### 2.A. 接合プロトコル

我々は酵母系での接合ツーハイブリッド (最初の報告者はFromont Racine et al., Nature Genetics, 1997, vol. 16, 277-282, 徹底的ツーハイブリッドスクリーンによる酵母ゲノムの機能解析に向けて) をその利点のために選択したが、Fields et al. に記載の古典的なツーハイブリッド系または酵母逆ツーハイブリッド系でヘリコバクター・ピロリコレクションをスクリーニングすることもできるよう。

#### 【0212】

2種類の融合タンパク質が親細胞中に既に産生しているため、接合処理により、選択プレート上での直接選択が可能となる。レプリカプレート法を行う必要はない。

#### 【0213】

このプロトコルをY187株中に形質転換されたライブラリーの使用について説明する。

接合前に、サッカロミセス・セレビスエ (CG 1945 株 (MATa Gal4-542 Gal180-538 ade2-101 His3\*200 Leu2-3,-112 Trp1-901 Ura3-52 Lys2-801 URA3::GAL4 17マー (X3)-CyC1TATA-LacZ LYS2::GAL1UAS-GAL1TATA-HIS3 CYH<sup>R</sup>))を、工程1.B. に準じて形質転換し、D0-Trp培地に塗抹する。

#### 【0214】

##### 1日目、午前中：予備培養

20 ml のD0-Trp培地中で工程1.C.で得られたbaitプラスミドを保有するY187を予備培養する。激しく攪拌しながら30℃で増殖させる。

#### 【0215】

##### 1日目、午後遅く：培養

baitプラスミド予備培養物を保有するY187細胞のD0-Trp予備培養物のOD<sub>600nm</sub>を測定する。

#### 【0216】

OD<sub>600nm</sub> 0.006/mlで150 mlのD0-Trpを接種し、激しく攪拌しながら30℃で一晩増殖させる。

##### 2日目：接合

##### 培地とプレート

5個のYPGlu プレート (グルコースを含むリッチ培地)

D0-Leu-Trp-His 30 mlを入れた50 ml の試験管

YPGlu 20 ml を入れた100 mlのフラスコ

75個のD0-Leu-Trp-Hisプレート

2個のD0-Leuプレート

2個のD0-Trpプレート

2個のD0-Leu-Trpプレート

D0-Trp培養物のOD<sub>600nm</sub> を測定する。測定値は1前後である筈である。

#### 【0217】

接合のために、ライブラリー細胞の2倍の数のbait細胞を使用しなければなら

ない。良好な接合効率を得るために、 $\text{cm}^2$  当たり $10^8$  個で細胞を集めなければならない。

### 【0218】

原核細胞ライブラリーとの接合に対して、 $80 \text{ OD}_{600\text{nm}}$  単位となるbait培養物の量 (ml) を推定する。

HGXYHP1 ライブラリーを含有するバイアルを氷上でゆっくり解凍する。バイアルの中身を20 ml のYPGlu に加える。これらの細胞を $30^\circ\text{C}$ で穏やかに攪拌しながら10分間回復させる。

### 【0219】

#### 接合

$80 \text{ OD}_{600\text{nm}}$  単位のbait培養物を250 mlのフラスコに入れる。

このbait培養物にHGXYHP1 ライブラリー培養物を加える。この二倍体混合物を50 ml の滅菌試験管に移す。遠心分離し、上清を捨て、YPGlu 培地中に再懸濁させる。

### 【0220】

細胞をYPGlu プレート (グルコースを含むリッチ培地) 上に分配する。

細胞が乗った(cells-up)プレートを $30^\circ\text{C}$ で4時間30分保温する。

#### 接合細胞の回収

プレートを洗浄して、すすぎ、回収した細胞をD0-Leu-Trp-Hisプレート上に塗抹する。

### 【0221】

#### 4日目

D0-Leu-Trp-His上で増殖可能なクローンの選択：この培地は、相互作用を示す二倍体クローンを単離することを可能にする。

### 【0222】

対照プレート上で $\text{His}^+$  コロニーを数える。

$\text{His}^+$  細胞クローンの数により、どのプロトコルで処理すべきかが決まる：

$20 \times 10^6 \text{ His}^+$  コロニー上：

— $\text{His}^+$  細胞クローンの数 $>285$  の場合：オーバーレイプロトコルと、次に青色

コロニー上での発光計測（ルミノメトリー）プロトコルとで処理する（2.B および2.C）；

－His<sup>+</sup> 細胞クローンの数<285 の場合：発光計測プロトコル（2.C）で処理する。

### 【0223】

下記工程は、最強の相互作用の選択を生ずる。

#### 2.B. X-Galオーバーレイ・アッセイ

His<sup>+</sup> コロニーの数を記録した後、選択性培地プレート上でX-Gal オーバーレイアッセイを直接行う。

### 【0224】

材料：水浴を作製する。水温は50℃とすべきである。

- ・0.5 M Na<sub>2</sub>HP0<sub>4</sub> pH 7.5
- ・1.2 % バクトアガー(Bacto-agar)
- ・DMF（ジメチルホルムアミド）中の2% X-Gal
- ・オーバーレイ混合物：0.25 M Na<sub>2</sub>HP0<sub>4</sub> pH 7.5, 0.5% 寒天、0.1% SDS（ドデシル硫酸ナトリウム）, 7% DMF（LABOSI）, 0.04% X-Gal（ICN）。各プレートに対して、10 ml のオーバーレイ混合物が必要である。

### 【0225】

- ・D0-leu-trp-hisプレート
- ・滅菌つま楊枝

実験

オーバーレイ混合物の温度は45～50℃の範囲内とすべきである。

### 【0226】

オーバーレイ混合物を10 ml ずつプレート上に注ぐ。

上層が固まったら、プレートを回収する。

オーバーレイが乗ったプレートを30℃で保温する。時間を記録する。

### 【0227】

一定時間ごとに青色コロニーをチェックする。青色コロニーが現れない場合には、保温を一晩して待つ。ペンでマークし、陽性の数を数える。

陽性コロニーを滅菌つま楊枝を用いて、新しいD0-Leu-Trp-Hisプレート上に画線する。

### 【0228】

#### 2.C. 発光計測アッセイ

D0-Leu-Trp-His+テトラサイクリン培地を入れた微量定量プレート中で、His+コロニーを30℃で振盪しながら一晩増殖させる。翌日、一晩培養した培養液を、同じ培地を入れた新たな微量定量プレート中に加えて、15倍に希釈する。振盪しながら30℃で5時間保温する。サンプルを5倍に希釈し、 $OD_{600nm}$  を測定する。100  $\mu$ l の最終容積で10,000~75,000酵母細胞/ウェルとなるように再び希釈する。

### 【0229】

ウェル当たり、76  $\mu$ l のワンステップ酵母溶解緩衝液(One Step Yeast Lysis Buffer) (Tropix)、20  $\mu$ l のSapphireIIエンハンサー (Tropix) 、4  $\mu$ l のGalacton Star (Tropix)を加え、30℃で40分間保温する。

### 【0230】

ルミノメーター(Trilux, Wallach) を用いて、 $\beta$ -Galの読みを測定する。

$OD_{600nm}/L$ の値を算出し、最高値を有する相互作用性のprey (捕食するもの)を選択する。

### 【0231】

プロトコルのこの工程で、我々は相互作用を示す二倍体細胞クローンを単離した。次工程は、今度は選択した相互作用に関与するポリペプチドを同定することである。

### 【0232】

#### 実施例3：陽性クローンの同定

#### 3.A. 酵母クローン上でのPCR

はじめに

酵母コロニー上で直接行うプラスミドDNA の断片のPCR 増幅は、このプラスミド中にクローニングされた配列を同定するための迅速かつ効率的な方法である。これは、発表されたプロトコル (Wang et al., Analytical Biochemistry, 237,

145-146, 1996) から直接派生した方法である。但し、それは標準化されたプロトコルではない: 我々の手法では菌株ごとに変動し、実験条件 (細胞の数、Taq ポリメラーゼ供給源等) に依存する。このプロトコルは具体的なローカル条件に対して最適化すべきである。

### 【0233】

#### 材料

— 1 ウェルにつき、PCR 混合物の組成は次の通りである:

32.5  $\mu$ l の水

5  $\mu$ l の10 $\times$ PCR 緩衝液 (Pharmacia)

1  $\mu$ l のdNTP (各10 mM)

0.5  $\mu$ l のTaq ポリメラーゼ(5  $\mu$ /  $\mu$ l) (Pharmacia)

0.5  $\mu$ l のオリゴヌクレオチドABS1 10 pmole/  $\mu$ l: 5'-GCGTTTGAATCACTACAGG-3'

0.5  $\mu$ l のオリゴヌクレオチドABS2 10 pmole/  $\mu$ l: 5'-CACGATGCACGTTGAAGTG-3'

—1N NaOH

#### 実験

陽性コロニーを、150  $\mu$ l のD0-Leu-Trp-His+テトラサイクリン培地を入れた96ウェル細胞培養クラスター (Costar) 上で、振盪しながら30°Cで一晩増殖させる。培養物を再懸濁させ、直ちに100  $\mu$ l をThermowell 96 (Costar)上に移す。

### 【0234】

室温で4000 rpmにて5分間遠心分離する。

上清を除去する。

Termowell を99.9°Cのサーモサイクラー (GeneAmp 9700, Perkin Elmer) に5分間、次に4°Cに10分間置く。

### 【0235】

細胞溶解緩衝液を加え、保温する。

遠心分離し、各ウェルの上清の一部を移し、PCR 混合物を加え、十分に振盪する。

## 【0236】

PCR プログラムを下記のように設定する：

94℃ 3分

94℃ 30秒 ———┐

53℃ 1分30秒 | ×35回

72℃ 3分 ———┐

72℃ 5分

15℃ ∞

PCR 断片の品質、量および長さをアガロースゲル上でチェックする。

## 【0237】

クローニングした断片の長さは、PCR 断片の推定長さ－300 塩基対（増幅された両末端プラスミド配列に相当）である。

3.B. 電気穿孔による酵母からのプラスミド取り出し

はじめに

酵母細胞上での従来のPCR プロトコルはうまくいかないことがある。そのような場合、我々は電気穿孔（エレクトロポレーション）によって酵母からプラスミドを取り出す。この実験は、酵母細胞抽出物による大腸菌の形質転換によって酵母細胞からpreyプラスミドのを収することを可能にする。その後、preyプラスミドを増幅し、クローニングした断片を配列決定することができる。

## 【0238】

材料

プラスミド取り出し

ガラスビーズ 425～600 μm (Sigma)

フェノール／クロロホルム (1/1)、イソアミルアルコール (Amresco)を予め混合したもの

抽出緩衝液：2% Triton X100, 1% SDS, 100 mM NaCl, 10 mM TrisHCl pH 8.0, 1 mM EDTA pH 8.0。

## 【0239】

エタノール／NH<sub>4</sub>Ac 混合物:7.5 M酢酸アンモニウムに対し6倍量のエタノール

、70% エタノールおよび酵母細胞、プレート上にパッチ状で

### 電気穿孔

SOC 培地

M9培地

選択性プレート：M9-Leu+アンピシリン

2 mm電気穿孔キュベット (Eurogentech)

実験

### プラスミド取り出し

2.C.節の細胞培養物を用いてD0-Leu-Trp-His上に細胞パッチを調製する。

#### 【0240】

エッペンドルフ(Eppendorf) 管内の各パッチの細胞を擦過し、各管に300  $\mu$ l のガラスビーズを加え、次いでに200  $\mu$ l の抽出緩衝液と、200  $\mu$ l のフェノール：クロロホルム：イソアミルアルコール (25:24:1)を加える。

#### 【0241】

管を15000 rpm で10分間遠心分離する。

180  $\mu$ l の上清を滅菌エッペンドルフ管に移し、それぞれに500  $\mu$ l のエタノール／NH<sub>4</sub>Ac を加え、渦攪拌する(vortex)。

#### 【0242】

管を4℃で15000 rpm にて15分間遠心分離する。

ペレットを200  $\mu$ l の70%エタノールで洗浄し、エタノールを除去し、ペレットを乾燥する。

#### 【0243】

ペレットを10  $\mu$ l の水に再懸濁させる。抽出物を-20℃で保存する。

### 電気穿孔

材料：標準的プロトコル (Maniatis) に従って調製したエレクトロコンピテン トMC1066細胞。

#### 【0244】

予冷したエッペンドルフ管に1  $\mu$ l の酵母プラスミドDNA 抽出物を加え、氷上に保持する。

1  $\mu$ l のプラスミド酵母DNA 抽出物サンプルを混合し、20  $\mu$ l のエレクトロコンピテント細胞を加え、冷たい電気穿孔キュベットに移す。

#### 【0245】

Biorad電気穿孔器を抵抗200 オーム、容量25  $\mu$ F、2.5 キロボルトに設定する。

キュベットをキュベットホルダーに乗せ、電気穿孔する。

#### 【0246】

キュベットに1mlのSOC を加え、細胞混合物を滅菌エッペンドルフ管に移す。

細胞を37°Cで30分間回復させ、細胞を4000 $\times$ g で1分間回転させ、上清を流出させる。約100  $\mu$ l の培地を残し、これを用いて細胞を再懸濁させ、これらを選択性プレート上に塗抹する（例、M9-Leuプレート）。

#### 【0247】

プレートは37°Cで36時間保温する。

1コロニーを増殖させ、プラスミドを抽出する。酵素切断およびアガロースゲルにより挿入断片の存在とサイズをチェックする。挿入断片を配列決定する。

#### 【0248】

##### 実施例4：タンパク質－タンパク質相互作用

この実施例の目的のために、我々はヘリコバクター・ピロリのタンパク質－タンパク質相互作用を選択した。

#### 【0249】

各baitについて、従来のプロトコルによりpreyポリヌクレオチド配列を同定する。タンパク質－タンパク質相互作用を同定するには、得られたpreyポリペプチド配列を、ヘリコバクター・ピロリゲノムに関して特性決定する必要がある。

#### 【0250】

これは、ソフトウェアプログラム名blastwun（ワシントン大学のインターネットサイト：<http://bioweb.pasteur.fr/seqanal/interfaces/blastwu.html>）で利用できる、これはタンパク質およびヌクレオチド配列データベースの類似性サーチによる遺伝子およびタンパク質同定用ソフトウェアの発展版である）によって行うことができる。

**【0251】**

Blastwunプログラムは、preyポリペプチド挿入断片配列 (preyプラスミドから回収) を、全長ヘリコバクター・ピロリゲノム (N.C.B.I. ウェブサイト: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov> 上で、GenBank 受託番号AE000511として入手できる) と比較する。この比較によって、ヘリコバクター・ピロリゲノム中でのpreyポリヌクレオチドの位置決定が可能となり、各位置決定は配列の相同性に依存する評点 (スコア) を有する。各preyポリヌクレオチドについて、我々は最高評点の位置決定を考慮することにし、挿入断片配列がオープンリーディングフレーム中に含まれていて、かつそれとフェーズが同じであれば、あるpreyポリペプチドがあるbaitポリペプチドと相互作用すると同定することができる。

**【0252】**

ヘリコバクター・ピロリのORF 配列は、The Institute for Genomic Research (TIGR) のWorld-Wide Webサイト上で、<http://www.tigr.org/tdb/mbd/hpdb/hpdb.html>にて入手できる。

**【0253】**

このウェブページは、ヘリコバクター・ピロリゲノム、特にそのORF 配列に関するいくつかの要件がある。特定のORF の配列を得るには、"HP#" なる名称のウィンドウ上でクリックし、サーチをクリックする。この操作により、その特定のORF の核酸およびペプチド配列を示す新たなウェブページが出てくる。

**【0254】**

表1：ヘリコバクター・ピロリにおけるタンパク質相互作用 (後記参照)

**実施例5：SID<sup>TM</sup>の同定**

工程4の実験結果、相互作用するpreyポリペプチドをコードする各prey断片を配列決定。

**【0255】**

同じポリペプチド中に含まれるすべての単離された断片の共通分 (intersections) を比較および選択することにより、我々は選択相互作用ドメイン (Selected Interacting Domain, SID<sup>TM</sup>) を規定する。図7を参照。

**【0256】**

表2および3の結果を参照。

【0257】

【表1-1】

## ヘリコバクター・ピロリORFを含む相互作用関連ポリペプチド

| Baitポリペプチド<br>(Tomb et al. によるORF 参照番号) | 相互作用ORF<br>(Tomb et al. によるORF 参照番号) |
|-----------------------------------------|--------------------------------------|
| HP0047                                  | HP0047                               |
| HP0047                                  | HP0048                               |
| HP0047                                  | HP0695                               |
| HP0061                                  | HP0066                               |
| HP0061                                  | HP0978                               |
| HP0061                                  | HP1409                               |
| HP0064                                  | HP0063                               |
| HP0066                                  | HP0066                               |
| HP0067                                  | HP0069                               |
| HP0067                                  | HP0609                               |
| HP0067                                  | HP0768                               |
| HP0067                                  | HP0770                               |
| HP0067                                  | HP0956                               |
| HP0068                                  | HP0070                               |
| HP0068                                  | HP0118                               |
| HP0069                                  | HP0067                               |
| HP0070                                  | HP0068                               |
| HP0070                                  | HP0070                               |
| HP0071                                  | HP0278                               |
| HP0071                                  | HP0417                               |
| HP0071                                  | HP0570                               |
| HP0071                                  | HP0775                               |
| HP0071                                  | HP1340                               |
| HP0071                                  | HP1409                               |
| HP0072                                  | HP1489                               |
| HP0073                                  | HP0073                               |
| HP0073                                  | HP0232                               |

【0258】

【表1-2】

|        |        |
|--------|--------|
| HP0073 | HP0259 |
| HP0073 | HP0067 |
| HP0073 | HP0232 |
| HP0073 | HP0705 |
| HP0268 | HP1198 |
| HP0289 | HP0289 |
| HP0289 | HP0289 |
| HP0289 | HP0887 |
| HP0289 | HP0922 |
| HP0289 | HP1038 |
| HP0289 | HP1543 |
| HP0289 | HP0289 |
| HP0289 | HP0289 |
| HP0289 | HP0610 |
| HP0289 | HP1355 |
| HP0311 | HP0312 |
| HP0338 | HP0132 |
| HP0338 | HP0337 |
| HP0391 | HP0099 |
| HP0391 | HP0392 |
| HP0691 | HP0692 |
| HP0691 | HP1362 |
| HP0697 | HP0012 |
| HP0697 | HP0048 |
| HP0697 | HP0558 |
| HP0697 | HP0599 |
| HP0697 | HP0696 |
| HP0697 | HP0864 |
| HP0697 | HP1037 |
| HP0697 | HP1038 |
| HP0697 | HP1299 |

【表1-3】

|        |        |
|--------|--------|
| HP0697 | HP1576 |
| HP0776 | HP0067 |
| HP0776 | HP0278 |
| HP0776 | HP1378 |
| HP0776 | HP1409 |
| HP0797 | HP0289 |
| HP0797 | HP0887 |
| HP0797 | HP1349 |
| HP0797 | HP1377 |
| HP0797 | HP1409 |
| HP0800 | HP0433 |
| HP0800 | HP0687 |
| HP0800 | HP0800 |
| HP0800 | HP0801 |
| HP0800 | HP0924 |
| HP0800 | HP1267 |
| HP0800 | HP1460 |
| HP0801 | HP0152 |
| HP0801 | HP0800 |
| HP0801 | HP1513 |
| HP0868 | HP0088 |
| HP0868 | HP0327 |
| HP0868 | HP0869 |
| HP0868 | HP1142 |
| HP0874 | HP0875 |
| HP0875 | HP0874 |
| HP0887 | HP0459 |
| HP0887 | HP0610 |
| HP0887 | HP0699 |
| HP0887 | HP0887 |
| HP0887 | HP1157 |

【0260】

【表1-4】

|        |        |
|--------|--------|
| HP0887 | HP1460 |
| HP0887 | HP1464 |
| HP0887 | HP0610 |
| HP0887 | HP0887 |
| HP0887 | HP1157 |
| HP0887 | HP1464 |
| HP0935 | HP0072 |
| HP0935 | HP0528 |
| HP0935 | HP0657 |
| HP0978 | HP0979 |
| HP0978 | HP1583 |
| HP1032 | HP0643 |
| HP1032 | HP0818 |
| HP1032 | HP1122 |
| HP1032 | HP1198 |
| HP1032 | HP1316 |
| HP1067 | HP0392 |
| HP1198 | HP0088 |
| HP1198 | HP0268 |
| HP1198 | HP0293 |
| HP1198 | HP0452 |
| HP1198 | HP0705 |
| HP1198 | HP0775 |
| HP1198 | HP0965 |
| HP1198 | HP1032 |
| HP1198 | HP1114 |
| HP1198 | HP1124 |
| HP1198 | HP1198 |
| HP1198 | HP1274 |
| HP1198 | HP1378 |
| HP1198 | HP1411 |

【表1-5】

|        |        |
|--------|--------|
| HP1198 | HP1541 |
| HP1198 | HP1032 |
| HP1198 | HP1218 |
| HP1230 | HP1230 |
| HP1230 | HP1529 |
| HP1231 | HP1247 |
| HP1244 | HP0857 |
| HP1244 | HP1246 |
| HP1246 | HP0121 |
| HP1246 | HP0326 |
| HP1246 | HP0407 |
| HP1246 | HP0886 |
| HP1246 | HP1035 |
| HP1246 | HP1244 |
| HP1246 | HP1460 |
| HP1247 | HP1231 |
| HP1247 | HP1353 |
| HP1293 | HP1198 |

## 【0262】

Tomb et al. の論文の547 頁に示されているように、注釈のヘリコバクター・ピロリゲノム配列と遺伝子ファミリーアライメントは、<http://www.tigr.org/tdb/mbd/hpdb/hpdb.html>のWorld-Wide Webサイト上で入手できる。参照番号HPXXXXと記した各ORF についての詳細な核酸配列と、それによりコードされるアミノ酸配列は、<http://www.tigr.org/tdb/mbd/hpdb/hpdb.html>のWorld-Wide Webサイト上で該参照番号HPXXXXを入力する（実施例4を参照）ことにより得ることができる。

## 【0263】

【表2-1】

| Baitポリペプチド<br>(Tomb et al. によるORF 参照番号) | S I D®<br>アミノ酸配列 (配列番号) |
|-----------------------------------------|-------------------------|
| HP0868                                  | 2                       |
| HP0868                                  | 4                       |
| HP0868                                  | 6                       |
| HP0868                                  | 8                       |
| HP0800                                  | 10                      |
| HP0800                                  | 12                      |
| HP0800                                  | 14                      |
| HP0800                                  | 16                      |
| HP0800                                  | 18                      |
| HP0800                                  | 20                      |
| HP0800                                  | 22                      |
| HP0801                                  | 24                      |
| HP0801                                  | 26                      |
| HP0801                                  | 28                      |
| HP0887                                  | 30                      |
| HP0887                                  | 32                      |
| HP0887                                  | 34                      |
| HP0887                                  | 36                      |
| HP0887                                  | 38                      |
| HP0887                                  | 40                      |
| HP0887                                  | 42                      |
| HP0289                                  | 44                      |
| HP0289                                  | 46                      |
| HP0289                                  | 48                      |
| HP0289                                  | 50                      |
| HP0289                                  | 52                      |
| HP0289                                  | 54                      |

【0264】

【表2-2】

|        |     |
|--------|-----|
| HP0289 | 56  |
| HP0289 | 58  |
| HP0289 | 60  |
| HP0289 | 62  |
| HP0068 | 64  |
| HP0068 | 66  |
| HP0047 | 68  |
| HP0047 | 70  |
| HP0047 | 72  |
| HP0069 | 74  |
| HP0066 | 76  |
| HP0268 | 78  |
| HP1293 | 80  |
| HP0061 | 82  |
| HP0061 | 84  |
| HP0061 | 86  |
| HP0064 | 88  |
| HP1198 | 90  |
| HP1198 | 92  |
| HP1198 | 94  |
| HP1198 | 96  |
| HP1198 | 98  |
| HP1198 | 100 |
| HP1198 | 102 |
| HP1198 | 104 |
| HP1198 | 106 |
| HP1198 | 108 |
| HP1198 | 110 |
| HP1198 | 112 |
| HP1198 | 114 |
| HP1198 | 116 |

【表2-3】

|        |     |
|--------|-----|
| HP1198 | 118 |
| HP1231 | 120 |
| HP1032 | 122 |
| HP1032 | 124 |
| HP1032 | 126 |
| HP1032 | 128 |
| HP1032 | 130 |
| HP1230 | 132 |
| HP1230 | 134 |
| HP1529 | 136 |
| HP0978 | 138 |
| HP0978 | 140 |
| HP0071 | 142 |
| HP0071 | 144 |
| HP0071 | 146 |
| HP0071 | 148 |
| HP0071 | 150 |
| HP0071 | 152 |
| HP0073 | 154 |
| HP0073 | 156 |
| HP0073 | 158 |
| HP0935 | 160 |
| HP0935 | 162 |
| HP0935 | 164 |
| HP0338 | 166 |
| HP0338 | 168 |
| HP1246 | 170 |
| HP1246 | 172 |
| HP1246 | 174 |
| HP1246 | 176 |
| HP1246 | 178 |

【0266】

【表2-4】

|        |     |
|--------|-----|
| HP1246 | 180 |
| HP1246 | 182 |
| HP0797 | 184 |
| HP0797 | 186 |
| HP0797 | 188 |
| HP0797 | 190 |
| HP0797 | 192 |
| HP0311 | 194 |
| HP0067 | 196 |
| HP0067 | 198 |
| HP0067 | 200 |
| HP0067 | 202 |
| HP0067 | 204 |
| HP1244 | 206 |
| HP1244 | 208 |
| HP1067 | 210 |
| HP0875 | 212 |
| HP0776 | 214 |
| HP0776 | 216 |
| HP0776 | 218 |
| HP0776 | 220 |
| HP0697 | 222 |
| HP0697 | 224 |
| HP0697 | 226 |
| HP0697 | 228 |
| HP0697 | 230 |
| HP0697 | 232 |
| HP0697 | 234 |
| HP0697 | 236 |
| HP0697 | 238 |
| HP0697 | 240 |

【表2-5】

|        |     |
|--------|-----|
| HP0887 | 242 |
| HP0887 | 244 |
| HP0887 | 246 |
| HP0887 | 248 |
| HP1247 | 250 |
| HP1247 | 252 |
| HP0874 | 254 |
| HP0072 | 256 |
| HP0391 | 258 |
| HP0391 | 260 |
| HP0070 | 262 |
| HP0070 | 264 |
| HP0691 | 266 |
| HP0691 | 268 |
| HP1198 | 270 |
| HP1198 | 272 |
| HP0073 | 274 |
| HP0073 | 276 |
| HP0073 | 278 |

【0268】

【表3-1】

| Baitポリペプチド<br>(Tomb et al. によるORF 参照番号) | S I D®<br>核酸配列 (配列番号) |
|-----------------------------------------|-----------------------|
| HP0868                                  | 1                     |
| HP0868                                  | 3                     |
| HP0868                                  | 5                     |
| HP0868                                  | 7                     |
| HP0800                                  | 9                     |
| HP0800                                  | 11                    |
| HP0800                                  | 13                    |
| HP0800                                  | 15                    |
| HP0800                                  | 17                    |
| HP0800                                  | 19                    |
| HP0800                                  | 21                    |
| HP0801                                  | 23                    |
| HP0801                                  | 25                    |
| HP0801                                  | 27                    |
| HP0887                                  | 29                    |
| HP0887                                  | 31                    |
| HP0887                                  | 33                    |
| HP0887                                  | 35                    |
| HP0887                                  | 37                    |
| HP0887                                  | 39                    |
| HP0887                                  | 41                    |
| HP0289                                  | 43                    |
| HP0289                                  | 45                    |
| HP0289                                  | 47                    |
| HP0289                                  | 49                    |
| HP0289                                  | 51                    |
| HP0289                                  | 53                    |

【0269】

【表3-2】

|        |     |
|--------|-----|
| HP0289 | 55  |
| HP0289 | 57  |
| HP0289 | 59  |
| HP0289 | 61  |
| HP0068 | 63  |
| HP0068 | 65  |
| HP0047 | 67  |
| HP0047 | 69  |
| HP0047 | 71  |
| HP0069 | 73  |
| HP0066 | 75  |
| HP0268 | 77  |
| HP1293 | 79  |
| HP0061 | 81  |
| HP0061 | 83  |
| HP0061 | 85  |
| HP0064 | 87  |
| HP1198 | 89  |
| HP1198 | 91  |
| HP1198 | 93  |
| HP1198 | 95  |
| HP1198 | 97  |
| HP1198 | 99  |
| HP1198 | 101 |
| HP1198 | 103 |
| HP1198 | 105 |
| HP1198 | 107 |
| HP1198 | 109 |
| HP1198 | 111 |
| HP1198 | 113 |
| HP1198 | 115 |

【表3-3】

|        |     |
|--------|-----|
| HP1198 | 117 |
| HP1231 | 119 |
| HP1032 | 121 |
| HP1032 | 123 |
| HP1032 | 125 |
| HP1032 | 127 |
| HP1032 | 129 |
| HP1230 | 131 |
| HP1230 | 133 |
| HP1529 | 135 |
| HP0978 | 137 |
| HP0978 | 139 |
| HP0071 | 141 |
| HP0071 | 143 |
| HP0071 | 145 |
| HP0071 | 147 |
| HP0071 | 149 |
| HP0071 | 151 |
| HP0073 | 153 |
| HP0073 | 155 |
| HP0073 | 157 |
| HP0935 | 159 |
| HP0935 | 161 |
| HP0935 | 163 |
| HP0338 | 165 |
| HP0338 | 167 |
| HP1246 | 169 |
| HP1246 | 171 |
| HP1246 | 173 |
| HP1246 | 175 |
| HP1246 | 177 |

【0271】

【表3-4】

|        |     |
|--------|-----|
| HP1246 | 179 |
| HP1246 | 181 |
| HP0797 | 183 |
| HP0797 | 185 |
| HP0797 | 187 |
| HP0797 | 189 |
| HP0797 | 191 |
| HP0311 | 193 |
| HP0067 | 195 |
| HP0067 | 197 |
| HP0067 | 199 |
| HP0067 | 201 |
| HP0067 | 203 |
| HP1244 | 205 |
| HP1244 | 207 |
| HP1067 | 209 |
| HP0875 | 211 |
| HP0776 | 213 |
| HP0776 | 215 |
| HP0776 | 217 |
| HP0776 | 219 |
| HP0697 | 221 |
| HP0697 | 223 |
| HP0697 | 225 |
| HP0697 | 227 |
| HP0697 | 229 |
| HP0697 | 231 |
| HP0697 | 233 |
| HP0697 | 235 |
| HP0697 | 237 |
| HP0697 | 239 |

【表3-5】

|        |     |
|--------|-----|
| HP0887 | 241 |
| HP0887 | 243 |
| HP0887 | 245 |
| HP0887 | 247 |
| HP1247 | 249 |
| HP1247 | 251 |
| HP0874 | 253 |
| HP0072 | 255 |
| HP0391 | 257 |
| HP0391 | 259 |
| HP0070 | 261 |
| HP0070 | 263 |
| HP0691 | 265 |
| HP0691 | 267 |
| HP1198 | 269 |
| HP1198 | 271 |
| HP0073 | 273 |
| HP0073 | 275 |
| HP0073 | 277 |

【配列表】

## SEQUENCE LISTING

<110> Hybrigenics S.A.  
 <120> Collection of Prokaryotic DNA for Two-Hybrid System, Helicobacter pylori Protein-Protein Interactions and Applications thereof  
 <130> D18015  
 <140>  
 <141>  
 <150> EP 99401066.8  
 <151> 1999-04-30  
 <160> 278  
 <170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1  
 <211> 441  
 <212> DNA  
 <213> Helicobacter pylori  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(441)  
 <400> 1  
 cgc aaa cac att caa gaa aac ggc aaa gag cct gat tta gaa gtg gtg 48  
 Arg Lys His Ile Gln Glu Asn Gly Lys Glu Pro Asp Leu Glu Val Val  
 1 5 10 15  
 gct gaa gaa gtg ggg ctt tcg tta gat aaa gtg aag aat gtg att aag 96  
 Ala Glu Glu Val Gly Leu Ser Leu Asp Lys Val Lys Asn Val Ile Lys  
 20 25 30  
 gtg act aaa gag cct atc agt ttg gaa acc cca gtc ggc aat gat gat 144  
 Val Thr Lys Glu Pro Ile Ser Leu Glu Thr Pro Val Gly Asn Asp Asp  
 35 40 45  
 gat ggc aag ttt ggg gat ttc gtg gaa gat aag aat atc gtc agc tcc 192  
 Asp Gly Lys Phe Gly Asp Phe Val Glu Asp Lys Asn Ile Val Ser Ser  
 50 55 60  
 att gat cac atc atg cga gaa gat ttg aaa gca caa att gaa agc gtt 240  
 Ile Asp His Ile Met Arg Glu Asp Leu Lys Ala Gln Ile Glu Ser Val  
 65 70 75 80  
 ttg gat cag ttg aat gag cga gaa aaa gcg gtg atc cgc atg cgt ttt 288  
 Leu Asp Gln Leu Asn Glu Arg Glu Lys Ala Val Ile Arg Met Arg Phe  
 85 90 95  
 ggg ctt tta gac gat gaa agc gat cga act tta gaa gaa att ggc aag 336  
 Gly Leu Leu Asp Asp Glu Ser Asp Arg Thr Leu Glu Glu Ile Gly Lys  
 100 105 110  
 gaa ttg aat gtt act aga gaa agg gtg cgc cag att gaa agc tct gcg 384  
 Glu Leu Asn Val Thr Arg Glu Arg Val Arg Gln Ile Glu Ser Ser Ala  
 115 120 125  
 att aaa aaa ttg aga agc ccg cag tac ggg cgc att tta aga aac tat 432  
 Ile Lys Lys Leu Arg Ser Pro Gln Tyr Gly Arg Ile Leu Arg Asn Tyr  
 130 135 140  
 ttg cgc att 441  
 Leu Arg Ile  
 145

<210> 2  
 <211> 147  
 <212> PRT  
 <213> Helicobacter pylori  
 <400> 2  
 Arg Lys His Ile Gln Glu Asn Gly Lys Glu Pro Asp Leu Glu Val Val  
 1 5 10 15  
 Ala Glu Glu Val Gly Leu Ser Leu Asp Lys Val Lys Asn Val Ile Lys  
 20 25 30  
 Val Thr Lys Glu Pro Ile Ser Leu Glu Thr Pro Val Gly Asn Asp Asp

```

      35      40      45
Asp Gly Lys Phe Gly Asp Phe Val Glu Asp Lys Asn Ile Val Ser Ser
  50      55      60
Ile Asp His Ile Met Arg Glu Asp Leu Lys Ala Gln Ile Glu Ser Val
  65      70      75      80
Leu Asp Gln Leu Asn Glu Arg Glu Lys Ala Val Ile Arg Met Arg Phe
      85      90      95
Gly Leu Leu Asp Asp Glu Ser Asp Arg Thr Leu Glu Glu Ile Gly Lys
      100      105      110
Glu Leu Asn Val Thr Arg Glu Arg Val Arg Gln Ile Glu Ser Ser Ala
      115      120      125
Ile Lys Lys Leu Arg Ser Pro Gln Tyr Gly Arg Ile Leu Arg Asn Tyr
      130      135      140
Leu Arg Ile
145
<210> 3
<211> 363
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(363)
<400> 3
ccc aac cac cgc tat ttt ttg ttt aaa gaa gag ggc gtt tat tta ggg 48
Pro Asn His Arg Tyr Phe Leu Phe Lys Glu Glu Gly Val Tyr Leu Gly
  1      5      10      15
ggt ggc tct atc act aaa atc aat ttt ttt cat aag cat ggg tat ttg 96
Val Gly Ser Ile Thr Lys Ile Asn Phe Phe His Lys His Gly Tyr Leu
      20      25      30
ggg att tat aaa aac cct ttt ttg aaa aat ggg gga gaa acg att tta 144
Gly Ile Tyr Lys Asn Pro Phe Leu Lys Asn Gly Gly Glu Thr Ile Leu
      35      40      45
aaa gcc ttg gaa ttt atc gct ttt gaa gag ttc caa tta cat tct ttg 192
Lys Ala Leu Glu Phe Ile Ala Phe Glu Glu Phe Gln Leu His Ser Leu
      50      55      60
cat tta gaa gtg atg gaa aac aat ttc aaa gcg atc gct ttt tat gaa 240
His Leu Glu Val Met Glu Asn Asn Phe Lys Ala Ile Ala Phe Tyr Glu
      65      70      75      80
aaa aac cat tat gag tta gag ggg cgt ttg aaa ggc ttt att tct aaa 288
Lys Asn His Tyr Glu Leu Glu Gly Arg Leu Lys Gly Phe Ile Ser Lys
      85      90      95
gat aag gag ttt ata gac gtt ctt ttg tat tat aag gat aag aaa gga 336
Asp Lys Glu Phe Ile Asp Val Leu Leu Tyr Tyr Lys Asp Lys Lys Gly
      100      105      110
tat aat gat caa tct ctt cta aaa ctt 363
Tyr Asn Asp Gln Ser Leu Leu Lys Leu
      115      120
<210> 4
<211> 121
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 4
Pro Asn His Arg Tyr Phe Leu Phe Lys Glu Glu Gly Val Tyr Leu Gly
  1      5      10      15
Val Gly Ser Ile Thr Lys Ile Asn Phe Phe His Lys His Gly Tyr Leu
      20      25      30
Gly Ile Tyr Lys Asn Pro Phe Leu Lys Asn Gly Gly Glu Thr Ile Leu
      35      40      45
Lys Ala Leu Glu Phe Ile Ala Phe Glu Glu Phe Gln Leu His Ser Leu
      50      55      60
His Leu Glu Val Met Glu Asn Asn Phe Lys Ala Ile Ala Phe Tyr Glu

```

```

65          70          75          80
Lys Asn His Tyr Glu Leu Gly Arg Leu Lys Gly Phe Ile Ser Lys
      85          90          95
Asp Lys Glu Phe Ile Asp Val Leu Leu Tyr Tyr Lys Asp Lys Lys Gly
      100         105         110
Tyr Asn Asp Gln Ser Leu Leu Lys Leu
      115         120
<210> 5
<211> 102
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(102)
<400> 5
aac gcg cta gat tat ggg gtg tgt gag aaa tgc cac agc aag aat gtt 48
Asn Ala Leu Asp Tyr Gly Val Cys Glu Lys Cys His Ser Lys Asn Val
  1          5          10         15
att atc act caa ggc aat gaa atg cgt ttg ttg tct tta gaa atg tta 96
Ile Ile Thr Gln Gly Asn Glu Met Arg Leu Leu Ser Leu Glu Met Leu
      20          25          30
gcg gaa 102
Ala Glu
<210> 6
<211> 34
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 6
Asn Ala Leu Asp Tyr Gly Val Cys Glu Lys Cys His Ser Lys Asn Val
  1          5          10         15
Ile Ile Thr Gln Gly Asn Glu Met Arg Leu Leu Ser Leu Glu Met Leu
      20          25          30
Ala Glu

<210> 7
<211> 462
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(462)
<400> 7
atg gaa gac tac gca agc aga acc gct gga gca ctg gag cga ctt gat 48
Met Glu Asp Tyr Ala Ser Arg Thr Ala Gly Ala Leu Glu Arg Leu Asp
  1          5          10         15
aag att gtt gaa aca gaa cag aag aat caa caa act aaa ttg gac aca 96
Lys Ile Val Glu Thr Glu Gln Lys Asn Gln Gln Thr Lys Leu Asp Thr
      20          25          30
gaa aat ttg aaa ata att att gaa act ttg aga agt aaa atc aat ggg 144
Glu Asn Leu Lys Ile Ile Ile Glu Thr Leu Arg Ser Lys Ile Asn Gly
      35          40          45
aat cag caa aag atg ctt gat aaa agt aaa gaa atg agc aga aat ttt 192
Asn Gln Gln Lys Met Leu Asp Lys Ser Lys Glu Met Ser Arg Asn Phe
      50          55          60
aag ctt gat agc act aaa aac gag ata gac gca att aaa gat ttg att 240
Lys Leu Asp Ser Thr Lys Asn Glu Ile Asp Ala Ile Lys Asp Leu Ile
      65          70          75          80
aaa aag gct aat gag caa ata gcc aat tat aat gag atg ata aag gat 288
Lys Lys Ala Asn Glu Gln Ile Ala Asn Tyr Asn Glu Met Ile Lys Asp
      85          90          95
att gaa aaa cag aaa aag agt tgt aag gaa caa act tgg aaa ttt cta 336

```

```

Ile Glu Lys Gln Lys Lys Ser Cys Lys Glu Gln Thr Trp Lys Phe Leu
      100      105      110
gtc aat gaa ttt aaa agt gat ata caa gaa tat aat aaa aag tat tgc 384
Val Asn Glu Phe Lys Ser Asp Ile Gln Glu Tyr Asn Lys Lys Tyr Cys
      115      120      125
ggg ttg gag aaa gga ata aac aat tta gag aaa gca att agt gaa aat 432
Gly Leu Glu Lys Gly Ile Asn Asn Leu Glu Lys Ala Ile Ser Glu Asn
      130      135      140
caa gaa gag gta aag aaa tta gaa aat gaa 462
Gln Glu Glu Val Lys Lys Leu Glu Asn Glu
      145      150
<210> 8
<211> 154
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 8
Met Glu Asp Tyr Ala Ser Arg Thr Ala Gly Ala Leu Glu Arg Leu Asp
  1      5      10      15
Lys Ile Val Glu Thr Glu Gln Lys Asn Gln Gln Thr Lys Leu Asp Thr
      20      25      30
Glu Asn Leu Lys Ile Ile Ile Glu Thr Leu Arg Ser Lys Ile Asn Gly
      35      40      45
Asn Gln Gln Lys Met Leu Asp Lys Ser Lys Glu Met Ser Arg Asn Phe
      50      55      60
Lys Leu Asp Ser Thr Lys Asn Glu Ile Asp Ala Ile Lys Asp Leu Ile
      65      70      75      80
Lys Lys Ala Asn Glu Gln Ile Ala Asn Tyr Asn Glu Met Ile Lys Asp
      85      90      95
Ile Glu Lys Gln Lys Lys Ser Cys Lys Glu Gln Thr Trp Lys Phe Leu
      100      105      110
Val Asn Glu Phe Lys Ser Asp Ile Gln Glu Tyr Asn Lys Lys Tyr Cys
      115      120      125
Gly Leu Glu Lys Gly Ile Asn Asn Leu Glu Lys Ala Ile Ser Glu Asn
      130      135      140
Gln Glu Glu Val Lys Lys Leu Glu Asn Glu
      145      150
<210> 9
<211> 438
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(438)
<400> 9
aaa cgc cct act atg ccc tta ttt ata gag agc tta gaa aaa gct agc 48
Lys Arg Pro Thr Met Pro Leu Phe Ile Glu Ser Leu Glu Lys Ala Ser
  1      5      10      15
ttg caa gtg tta gaa tgt gaa aat tgt tca atg act tat tat gat aga 96
Leu Gln Val Leu Glu Cys Glu Asn Cys Ser Met Thr Tyr Tyr Asp Arg
      20      25      30
gat tat aat aga gaa tgt gag att tgc cct tat tgc gat gct aaa aaa 144
Asp Tyr Asn Arg Glu Cys Glu Ile Cys Pro Tyr Cys Asp Ala Lys Lys
      35      40      45
cct gtc aga ctt gta gca aca agt tat tac caa aag agc gaa gtt ttt 192
Pro Val Arg Leu Val Ala Thr Ser Tyr Tyr Gln Lys Ser Glu Val Phe
      50      55      60
tat ttt gtc tcg aat ttt aca gac cct att ttt tta ccg aca acc tta 240
Tyr Phe Val Ser Asn Phe Thr Asp Pro Ile Phe Leu Pro Thr Thr Leu
      65      70      75      80
ttt aag ggg att gaa gtg gtt aaa agc gaa tgg gag ttt gca gag att 288
Phe Lys Gly Ile Glu Val Val Lys Ser Glu Trp Glu Phe Ala Glu Ile

```

```

      85          90          95
gct aat aat ata ttg att ttt cat cat gac ata caa caa gaa aag att 336
Ala Asn Asn Ile Leu Ile Phe His His Asp Ile Gln Gln Glu Lys Ile
      100          105          110
ctc att aat aat aaa aga ttg gat cac tat agg ata gaa ata gat tta 384
Leu Ile Asn Asn Lys Arg Leu Asp His Tyr Arg Ile Glu Ile Asp Leu
      115          120          125
gaa aaa gaa ttg act att tca tac aat ggt ttt tta att aag gtt caa 432
Glu Lys Glu Leu Thr Ile Ser Tyr Asn Gly Phe Leu Ile Lys Val Gln
      130          135          140
aaa tgc
Lys Cys
145
<210> 10
<211> 146
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 10
Lys Arg Pro Thr Met Pro Leu Phe Ile Glu Ser Leu Glu Lys Ala Ser
1 5 10 15
Leu Gln Val Leu Glu Cys Glu Asn Cys Ser Met Thr Tyr Tyr Asp Arg
20 25 30
Asp Tyr Asn Arg Glu Cys Glu Ile Cys Pro Tyr Cys Asp Ala Lys Lys
35 40 45
Pro Val Arg Leu Val Ala Thr Ser Tyr Tyr Gln Lys Ser Glu Val Phe
50 55 60
Tyr Phe Val Ser Asn Phe Thr Asp Pro Ile Phe Leu Pro Thr Thr Leu
65 70 75 80
Phe Lys Gly Ile Glu Val Val Lys Ser Glu Trp Glu Phe Ala Glu Ile
85 90 95
Ala Asn Asn Ile Leu Ile Phe His His Asp Ile Gln Gln Glu Lys Ile
100 105 110
Leu Ile Asn Asn Lys Arg Leu Asp His Tyr Arg Ile Glu Ile Asp Leu
115 120 125
Glu Lys Glu Leu Thr Ile Ser Tyr Asn Gly Phe Leu Ile Lys Val Gln
130 135 140
Lys Cys
145
<210> 11
<211> 897
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(897)
<400> 11
gct tac atg gcg aca aga acc tta caa aac tat aac gaa cga ctg atc 48
Ala Tyr Met Ala Thr Arg Thr Leu Gln Asn Tyr Asn Glu Arg Leu Ile
1 5 10 15
acg ctt ttt gtg atc ggg ttt atg agc tgc tcg gca agg ctg cct att 96
Thr Leu Phe Val Ile Gly Phe Met Ser Cys Ser Ala Arg Leu Pro Ile
20 25 30
tat gtg ctg ttt gta ggc tcg ttt ttc cct tct tca agt gct ggg ttt 144
Tyr Val Leu Phe Val Gly Ser Phe Phe Pro Ser Ser Ser Ala Gly Phe
35 40 45
gtg ctg ttt tgc att tat att ttg ggg gcg gtt gtg gcg tta gtg atg 192
Val Leu Phe Cys Ile Tyr Ile Leu Gly Ala Val Val Ala Leu Val Met
50 55 60
gcc aaa tta ctc aaa tta agc gtg ttt aaa gga caa acc gaa tct ttt 240
Ala Lys Leu Leu Lys Leu Ser Val Phe Lys Gly Gln Thr Glu Ser Phe
65 70 75 80

```

|                                                                 |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|
| atc atg gaa atg ccc aaa tac cgc ttt ccc agt tgg aga atg gtc tat | 288 |
| Ile Met Glu Met Pro Lys Tyr Arg Phe Pro Ser Trp Arg Met Val Tyr |     |
| 85 90 95                                                        |     |
| ttc agt atc tac acc aaa tcg ctt tct tac ctt aaa aag gct ggg act | 336 |
| Phe Ser Ile Tyr Thr Lys Ser Leu Ser Tyr Leu Lys Lys Ala Gly Thr |     |
| 100 105 110                                                     |     |
| tac att tta gtg gga gcg att tta atc tgg ttt atg tct caa tac cct | 384 |
| Tyr Ile Leu Val Gly Ala Ile Leu Ile Trp Phe Met Ser Gln Tyr Pro |     |
| 115 120 125                                                     |     |
| aaa agc gat gcg gcc atg aaa gct tat aaa caa gaa agc ttg tta gtg | 432 |
| Lys Ser Asp Ala Ala Met Lys Ala Tyr Lys Gln Glu Ser Leu Leu Val |     |
| 130 135 140                                                     |     |
| aat aag gat acc act ctt tca agc gaa gct aaa gaa gaa aaa tta aaa | 480 |
| Asn Lys Asp Thr Thr Leu Ser Ser Glu Ala Lys Glu Glu Lys Leu Lys |     |
| 145 150 155 160                                                 |     |
| gaa tta aaa aca gaa ttg gat aaa aag aat tta aaa aat agc att gta | 528 |
| Glu Leu Lys Thr Glu Leu Asp Lys Lys Asn Leu Lys Asn Ser Ile Val |     |
| 165 170 175                                                     |     |
| gga aga ggc ggg gcg tat tta gaa aaa gtc ttt agc cct atg gat ttt | 576 |
| Gly Arg Gly Gly Ala Tyr Leu Glu Lys Val Phe Ser Pro Met Asp Phe |     |
| 180 185 190                                                     |     |
| gat tgg cgt ttg agt gtg tcg ctt gta acc gga ttt atg gct aaa gag | 624 |
| Asp Trp Arg Leu Ser Val Ser Leu Val Thr Gly Phe Met Ala Lys Glu |     |
| 195 200 205                                                     |     |
| gtg gtg gtt tct act ttg ggc gtg ttg ttt tct tta ggg gat caa aat | 672 |
| Val Val Val Ser Thr Leu Gly Val Leu Phe Ser Leu Gly Asp Gln Asn |     |
| 210 215 220                                                     |     |
| gaa aaa tct gac gct ttt aga ggg att tta aga aaa gaa gtc agc gtg | 720 |
| Glu Lys Ser Asp Ala Phe Arg Gly Ile Leu Arg Lys Glu Val Ser Val |     |
| 225 230 235 240                                                 |     |
| cct agc gga atc gct ttt atc gtg ttt gtg atg ttt tat atc cct tgt | 768 |
| Pro Ser Gly Ile Ala Phe Ile Val Phe Val Met Phe Tyr Ile Pro Cys |     |
| 245 250 255                                                     |     |
| ttt gca gcg acc att act ttt ggt agg gaa gcg gga ggg ata aag ttt | 816 |
| Phe Ala Ala Thr Ile Thr Phe Gly Arg Glu Ala Gly Gly Ile Lys Phe |     |
| 260 265 270                                                     |     |
| gta gcg tat tta ttc atc ttc aca acc gtt gta gcg tat gcg ttt tcc | 864 |
| Val Ala Tyr Leu Phe Ile Phe Thr Val Val Ala Tyr Ala Phe Ser     |     |
| 275 280 285                                                     |     |
| ttg ata gct ttt tat gcg act caa att ttg gtt                     | 897 |
| Leu Ile Ala Phe Tyr Ala Thr Gln Ile Leu Val                     |     |
| 290 295                                                         |     |
| <210> 12                                                        |     |
| <211> 299                                                       |     |
| <212> PRT                                                       |     |
| <213> Helicobacter pylori                                       |     |
| <400> 12                                                        |     |
| Ala Tyr Met Ala Thr Arg Thr Leu Gln Asn Tyr Asn Glu Arg Leu Ile |     |
| 1 5 10 15                                                       |     |
| Thr Leu Phe Val Ile Gly Phe Met Ser Cys Ser Ala Arg Leu Pro Ile |     |
| 20 25 30                                                        |     |
| Tyr Val Leu Phe Val Gly Ser Phe Phe Pro Ser Ser Ser Ala Gly Phe |     |
| 35 40 45                                                        |     |
| Val Leu Phe Cys Ile Tyr Ile Leu Gly Ala Val Val Ala Leu Val Met |     |
| 50 55 60                                                        |     |
| Ala Lys Leu Leu Lys Leu Ser Val Phe Lys Gly Gln Thr Glu Ser Phe |     |
| 65 70 75 80                                                     |     |
| Ile Met Glu Met Pro Lys Tyr Arg Phe Pro Ser Trp Arg Met Val Tyr |     |
| 85 90 95                                                        |     |
| Phe Ser Ile Tyr Thr Lys Ser Leu Ser Tyr Leu Lys Lys Ala Gly Thr |     |
| 100 105 110                                                     |     |

Tyr Ile Leu Val Gly Ala Ile Leu Ile Trp Phe Met Ser Gln Tyr Pro  
 115 120 125  
 Lys Ser Asp Ala Ala Met Lys Ala Tyr Lys Gln Glu Ser Leu Leu Val  
 130 135 140  
 Asn Lys Asp Thr Thr Leu Ser Ser Glu Ala Lys Glu Glu Lys Leu Lys  
 145 150 155 160  
 Glu Leu Lys Thr Glu Leu Asp Lys Lys Asn Leu Lys Asn Ser Ile Val  
 165 170 175  
 Gly Arg Gly Gly Ala Tyr Leu Glu Lys Val Phe Ser Pro Met Asp Phe  
 180 185 190  
 Asp Trp Arg Leu Ser Val Ser Leu Val Thr Gly Phe Met Ala Lys Glu  
 195 200 205  
 Val Val Val Ser Thr Leu Gly Val Leu Phe Ser Leu Gly Asp Gln Asn  
 210 215 220  
 Glu Lys Ser Asp Ala Phe Arg Gly Ile Leu Arg Lys Glu Val Ser Val  
 225 230 235 240  
 Pro Ser Gly Ile Ala Phe Ile Val Phe Val Met Phe Tyr Ile Pro Cys  
 245 250 255  
 Phe Ala Ala Thr Ile Thr Phe Gly Arg Glu Ala Gly Gly Ile Lys Phe  
 260 265 270  
 Val Ala Tyr Leu Phe Ile Phe Thr Thr Val Val Ala Tyr Ala Phe Ser  
 275 280 285  
 Leu Ile Ala Phe Tyr Ala Thr Gln Ile Leu Val  
 290 295  
 <210> 13  
 <211> 423  
 <212> DNA  
 <213> *Helicobacter pylori*  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(423)  
 <400> 13  
 att caa ggg gca tta gat act agg gag ctt tta aaa gcc tac caa gag 48  
 Ile Gln Gly Ala Leu Asp Thr Arg Glu Leu Leu Lys Ala Tyr Gln Glu  
 1 5 10 15  
 gaa gct tgc gcg aaa aac ttt gga gcg ttt tgt gtg ttt gtg ggg att 96  
 Glu Ala Cys Ala Lys Asn Phe Gly Ala Phe Cys Val Phe Val Gly Ile  
 20 25 30  
 gtg aga aaa gag gat aac att caa gcc ttg agt ttt gat att tat gaa 144  
 Val Arg Lys Glu Asp Asn Ile Gln Gly Leu Ser Phe Asp Ile Tyr Glu  
 35 40 45  
 gcg cta tta aag act tgg ttt gaa aaa tgg cac cat aaa gcc aaa gat 192  
 Ala Leu Leu Lys Thr Trp Phe Glu Lys Trp His His Lys Ala Lys Asp  
 50 55 60  
 ttg ggc gtg gtg tta aaa atg gcg cac agc ctg ggc gat gtt ttg ata 240  
 Leu Gly Val Val Leu Lys Met Ala His Ser Leu Gly Asp Val Leu Ile  
 65 70 75 80  
 gga caa agc tca ttt tta tgc gtt tca atg gga aag aat aga aaa aat 288  
 Gly Gln Ser Ser Phe Leu Cys Val Ser Met Gly Lys Asn Arg Lys Asn  
 85 90 95  
 gcc tta gaa cta tac gaa aat ttt att gaa gat ttt aag cat aac gct 336  
 Ala Leu Glu Leu Tyr Glu Asn Phe Ile Glu Asp Phe Lys His Asn Ala  
 100 105 110  
 cct att tgg aaa tac gat tta atc cat aat aaa cgc att tat gct aaa 384  
 Pro Ile Trp Lys Tyr Asp Leu Ile His Asn Lys Arg Ile Tyr Ala Lys  
 115 120 125  
 gaa aga agc cac cct tta aaa ggg agc ggg ctt tta gct 423  
 Glu Arg Ser His Pro Leu Lys Gly Ser Gly Leu Leu Ala  
 130 135 140  
 <210> 14  
 <211> 141

```

<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 14
Ile Gln Gly Ala Leu Asp Thr Arg Glu Leu Leu Lys Ala Tyr Gln Glu
 1           5           10           15
Glu Ala Cys Ala Lys Asn Phe Gly Ala Phe Cys Val Phe Val Gly Ile
 20           25           30
Val Arg Lys Glu Asp Asn Ile Gln Gly Leu Ser Phe Asp Ile Tyr Glu
 35           40           45
Ala Leu Leu Lys Thr Trp Phe Glu Lys Trp His His Lys Ala Lys Asp
 50           55           60
Leu Gly Val Val Leu Lys Met Ala His Ser Leu Gly Asp Val Leu Ile
 65           70           75           80
Gly Gln Ser Ser Phe Leu Cys Val Ser Met Gly Lys Asn Arg Lys Asn
 85           90           95
Ala Leu Glu Leu Tyr Glu Asn Phe Ile Glu Asp Phe Lys His Asn Ala
 100          105          110
Pro Ile Trp Lys Tyr Asp Leu Ile His Asn Lys Arg Ile Tyr Ala Lys
 115          120          125
Glu Arg Ser His Pro Leu Lys Gly Ser Gly Leu Leu Ala
 130          135          140
<210> 15
<211> 216
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(216)
<400> 15
gta gaa gtg cga ttt ttt gga ccc ata aaa gaa gaa aat ttt ttc atc 48
Val Glu Val Arg Phe Phe Gly Pro Ile Lys Glu Glu Asn Phe Phe Ile
 1           5           10           15
aaa gcg aat gat ttg aag gaa tta aga gcg att tta caa gaa aaa gag 96
Lys Ala Asn Asp Leu Lys Glu Leu Arg Ala Ile Leu Gln Glu Lys Glu
 20           25           30
ggc tta aaa gag tgg ttg ggc gtt tgc gcg ata gcc ctt aat gat cat 144
Gly Leu Lys Glu Trp Leu Gly Val Cys Ala Ile Ala Leu Asn Asp His
 35           40           45
tta ata gac aat tta aac acg cct tta aaa gat ggc gat gta ata agt 192
Leu Ile Asp Asn Leu Asn Thr Pro Leu Lys Asp Gly Asp Val Ile Ser
 50           55           60
ttg ttg cca ccg gtt tgt ggg ggc 216
Leu Leu Pro Pro Val Cys Gly Gly
 65           70
<210> 16
<211> 72
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 16
Val Glu Val Arg Phe Phe Gly Pro Ile Lys Glu Glu Asn Phe Phe Ile
 1           5           10           15
Lys Ala Asn Asp Leu Lys Glu Leu Arg Ala Ile Leu Gln Glu Lys Glu
 20           25           30
Gly Leu Lys Glu Trp Leu Gly Val Cys Ala Ile Ala Leu Asn Asp His
 35           40           45
Leu Ile Asp Asn Leu Asn Thr Pro Leu Lys Asp Gly Asp Val Ile Ser
 50           55           60
Leu Leu Pro Pro Val Cys Gly Gly
 65           70
<210> 17
<211> 156

```

```

<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(156)
<400> 17
aac gag caa aaa cag caa ttg att gaa ggg gtt tca gat ttg atg gtt 48
Asn Glu Gln Lys Gln Gln Leu Ile Glu Gly Val Ser Asp Leu Met Val
1 5 10 15
aag gtg ctg aat aaa aat aag gct tct att gtg gtc att ata gat gag 96
Lys Val Leu Asn Lys Asn Lys Ala Ser Ile Val Val Ile Ile Asp Glu
20 25 30
gtc gat tct aat aat tat ggt ctt ggg ggc gag agc gtc cat cat ttg 144
Val Asp Ser Asn Asn Tyr Gly Leu Gly Gly Glu Ser Val His His Leu
35 40 45
agg caa aaa aac 156
Arg Gln Lys Asn
50
<210> 18
<211> 52
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 18
Asn Glu Gln Lys Gln Gln Leu Ile Glu Gly Val Ser Asp Leu Met Val
1 5 10 15
Lys Val Leu Asn Lys Asn Lys Ala Ser Ile Val Val Ile Ile Asp Glu
20 25 30
Val Asp Ser Asn Asn Tyr Gly Leu Gly Gly Glu Ser Val His His Leu
35 40 45
Arg Gln Lys Asn
50
<210> 19
<211> 600
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(600)
<400> 19
att tat gcg cct att tta gcc ggg ctt gcc tct aat aac aaa tac tct 48
Ile Tyr Ala Pro Ile Leu Ala Gly Leu Ala Ser Asn Asn Lys Tyr Ser
1 5 10 15
tta att ggc tcc gca aga gcg acg atc caa ctg ctc agc ttt gaa gtg 96
Leu Ile Gly Ser Ala Arg Ala Thr Ile Gln Leu Leu Ser Phe Glu Val
20 25 30
gtc agc act tta acc att cta gcc ccc tta atg gtg gta gga tcg ctc 144
Val Ser Thr Leu Thr Ile Leu Ala Pro Leu Met Val Val Gly Ser Leu
35 40 45
tct tta gtg gaa atc aat cat tac caa agc ggt ggg ttt tta gac tgg 192
Ser Leu Val Glu Ile Asn His Tyr Gln Ser Gly Gly Phe Leu Asp Trp
50 55 60
ctt gtg ttt aag cag cct cta gcg ttt gtt ttg ttt ttg atc gca agt 240
Leu Val Phe Lys Gln Pro Leu Ala Phe Val Leu Phe Leu Ile Ala Ser
65 70 75 80
tat gcc gaa ttg aat cga acc ccc ttt gac ttg cta gag cat gaa gcc 288
Tyr Ala Glu Leu Asn Arg Thr Pro Phe Asp Leu Leu Glu His Glu Ala
85 90 95
gag atc gtg gcg ggg tat tgc acc gaa tac agc ggc ttg aaa tgg ggc 336
Glu Ile Val Ala Gly Tyr Cys Thr Glu Tyr Ser Gly Leu Lys Trp Gly
100 105 110
atg ttc ttt tta gcg gaa tac gcg cat tta ttc gct ttt tct ttt gtg 384

```

```

Met Phe Phe Leu Ala Glu Tyr Ala His Leu Phe Ala Phe Ser Phe Val
    115      120      125
att tct att gtg ttt ttt ggc ggg ttt aac gca tgg ggc ttt atc cct 432
Ile Ser Ile Val Phe Phe Gly Gly Phe Asn Ala Trp Gly Phe Ile Pro
    130      135      140
gga ggc ata gcg att ttg att aaa gcg ggc ttt ttt gtc ttt tta tcc 480
Gly Gly Ile Ala Ile Leu Ile Lys Ala Gly Phe Phe Val Phe Leu Ser
    145      150      155      160
atg tgg gtt aga gcg act tat ccg cat gtg cgc cca gac caa ctg atg 528
Met Trp Val Arg Ala Thr Tyr Pro His Val Arg Pro Asp Gln Leu Met
    165      170      175
gat atg tgc tgg aaa atc atg ctg cct tta gcg tta ttg aac att gtg 576
Asp Met Cys Trp Lys Ile Met Leu Pro Leu Ala Leu Leu Asn Ile Val
    180      185      190
cta acg ggc att atc att tta att 600
Leu Thr Gly Ile Ile Ile Leu Ile
    195      200
<210> 20
<211> 200
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 20
Ile Tyr Ala Pro Ile Leu Ala Gly Leu Ala Ser Asn Asn Lys Tyr Ser
    1      5      10      15
Leu Ile Gly Ser Ala Arg Ala Thr Ile Gln Leu Leu Ser Phe Glu Val
    20      25      30
Val Ser Thr Leu Thr Ile Leu Ala Pro Leu Met Val Val Gly Ser Leu
    35      40      45
Ser Leu Val Glu Ile Asn His Tyr Gln Ser Gly Gly Phe Leu Asp Trp
    50      55      60
Leu Val Phe Lys Gln Pro Leu Ala Phe Val Leu Phe Leu Ile Ala Ser
    65      70      75      80
Tyr Ala Glu Leu Asn Arg Thr Pro Phe Asp Leu Leu Glu His Glu Ala
    85      90      95
Glu Ile Val Ala Gly Tyr Cys Thr Glu Tyr Ser Gly Leu Lys Trp Gly
    100      105      110
Met Phe Phe Leu Ala Glu Tyr Ala His Leu Phe Ala Phe Ser Phe Val
    115      120      125
Ile Ser Ile Val Phe Phe Gly Gly Phe Asn Ala Trp Gly Phe Ile Pro
    130      135      140
Gly Gly Ile Ala Ile Leu Ile Lys Ala Gly Phe Phe Val Phe Leu Ser
    145      150      155      160
Met Trp Val Arg Ala Thr Tyr Pro His Val Arg Pro Asp Gln Leu Met
    165      170      175
Asp Met Cys Trp Lys Ile Met Leu Pro Leu Ala Leu Leu Asn Ile Val
    180      185      190
Leu Thr Gly Ile Ile Ile Leu Ile
    195      200
<210> 21
<211> 474
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(474)
<400> 21
gac gcc aag gct caa gaa gtg gcg atg tgc gta gcg atg ggt aaa acc 48
Asp Ala Lys Ala Gln Glu Val Ala Met Cys Val Ala Met Gly Lys Thr
    1      5      10      15
cta aac gat aag ggg cgc ttg aaa cac tcc gtg cat gag ttt tac att 96
Leu Asn Asp Lys Gly Arg Leu Lys His Ser Val His Glu Phe Tyr Ile

```

```

      20      25      30
aaa tcc ccc gaa gaa atg gca aag ctc ttt gca gat att cca gaa gct 144
Lys Ser Pro Glu Glu Met Ala Lys Leu Phe Ala Asp Ile Pro Glu Ala
      35      40      45
tta gaa aac acc caa gaa atc gct gat aaa tgc gtt tta gag att gat 192
Leu Glu Asn Thr Gln Glu Ile Ala Asp Lys Cys Val Leu Glu Ile Asp
      50      55      60
tta aaa gac gat aaa aag aac ccc cca acc ccc cca agc ttc aaa ttc 240
Leu Lys Asp Asp Lys Lys Asn Pro Pro Thr Pro Pro Ser Phe Lys Phe
      65      70      75      80
act aaa gct tac gct caa aat gag ggg ctg aat ttt gaa gat gac gct 288
Thr Lys Ala Tyr Ala Gln Asn Glu Gly Leu Asn Phe Glu Asp Asp Ala
      85      90      95
tct tat ttt gcc tat aag gct aga gaa ggc ttg aaa gag cgc tta gtt 336
Ser Tyr Phe Ala Tyr Lys Ala Arg Glu Gly Leu Lys Glu Arg Leu Val
      100      105      110
tta gta cca aaa gaa aag cat gat caa tat aaa gag cgc cta gaa aaa 384
Leu Val Pro Lys Glu Lys His Asp Gln Tyr Lys Glu Arg Leu Glu Lys
      115      120      125
gaa att gaa gtc att acg aac atg aaa ttc cca ggg tat atg ctg att 432
Glu Ile Glu Val Ile Thr Asn Met Lys Phe Pro Gly Tyr Met Leu Ile
      130      135      140
gtg tgg gat ttt atc cgt tat gct aag gaa atg ggc att cct 474
Val Trp Asp Phe Ile Arg Tyr Ala Lys Glu Met Gly Ile Pro
      145      150      155
<210> 22
<211> 158
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 22
Asp Ala Lys Ala Gln Glu Val Ala Met Cys Val Ala Met Gly Lys Thr
  1      5      10      15
Leu Asn Asp Lys Gly Arg Leu Lys His Ser Val His Glu Phe Tyr Ile
      20      25      30
Lys Ser Pro Glu Glu Met Ala Lys Leu Phe Ala Asp Ile Pro Glu Ala
      35      40      45
Leu Glu Asn Thr Gln Glu Ile Ala Asp Lys Cys Val Leu Glu Ile Asp
      50      55      60
Leu Lys Asp Asp Lys Lys Asn Pro Pro Thr Pro Ser Phe Lys Phe
      65      70      75      80
Thr Lys Ala Tyr Ala Gln Asn Glu Gly Leu Asn Phe Glu Asp Asp Ala
      85      90      95
Ser Tyr Phe Ala Tyr Lys Ala Arg Glu Gly Leu Lys Glu Arg Leu Val
      100      105      110
Leu Val Pro Lys Glu Lys His Asp Gln Tyr Lys Glu Arg Leu Glu Lys
      115      120      125
Glu Ile Glu Val Ile Thr Asn Met Lys Phe Pro Gly Tyr Met Leu Ile
      130      135      140
Val Trp Asp Phe Ile Arg Tyr Ala Lys Glu Met Gly Ile Pro
      145      150      155
<210> 23
<211> 512
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(510)
<400> 23
aag aat aaa gca ttc cac aac att gcc ctt gat att gaa acc cta aac 48
Lys Asn Lys Ala Phe His Asn Ile Ala Leu Asp Ile Glu Thr Leu Asn
  1      5      10      15

```

```

caa gaa gcc cta aaa aac act tat gat gtg agc gca atc agc ttt ggg 96
Gln Glu Ala Leu Lys Asn Thr Tyr Asp Val Ser Ala Ile Ser Phe Gly
      20      25      30
tta tac cct aaa att gcg aac gat tac gcc tta ctc ccc acg gca acg 144
Leu Tyr Pro Lys Ile Ala Asn Asp Tyr Ala Leu Leu Pro Thr Ala Thr
      35      40      45
agc ttt ggg aat ggc tat ggg cct aaa tta gtg aaa aaa aag ggc gtg 192
Ser Phe Gly Asn Gly Tyr Gly Pro Lys Leu Val Lys Lys Lys Gly Val
      50      55      60
aaa ttg aaa aaa gat ttt aga gtc gca tta agt ggg gag cac acc acc 240
Lys Leu Lys Lys Asp Phe Arg Val Ala Leu Ser Gly Glu His Thr Thr
      65      70      75      80
aac gcc ctc ttg ttt aag atc tat tac aaa cat gcg cgc atc act tat 288
Asn Ala Leu Leu Phe Lys Ile Tyr Tyr Lys His Ala Arg Ile Thr Tyr
      85      90      95
atg aat ttt tta gac att gaa aaa gcg gtt ttg gaa gaa aaa gtg cat 336
Met Asn Phe Leu Asp Ile Glu Lys Ala Val Leu Glu Glu Lys Val His
      100      105      110
gcg ggc gta ttg atc cat gag agt atc ttg gat ttt cat aat gaa tta 384
Ala Gly Val Leu Ile His Glu Ser Ile Leu Asp Phe His Asn Glu Leu
      115      120      125
gaa gtg gaa aaa gaa ttg tgg gat gtt tgg aaa gaa ctc att gaa gtg 432
Glu Val Glu Lys Glu Leu Trp Asp Val Trp Lys Glu Leu Ile Glu Val
      130      135      140
gat ttg ccc ttg cct tta ggg ggc atg gcg atc agg cga tct atc ccc 480
Asp Leu Pro Leu Pro Leu Gly Gly Met Ala Ile Arg Arg Ser Ile Pro
      145      150      155      160
ttg tat cgc gcg att ttg att aaa aag gct tt 512
Leu Tyr Arg Ala Ile Leu Ile Lys Lys Ala
      165      170
<210> 24
<211> 170
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 24
Lys Asn Lys Ala Phe His Asn Ile Ala Leu Asp Ile Glu Thr Leu Asn
 1      5      10      15
Gln Glu Ala Leu Lys Asn Thr Tyr Asp Val Ser Ala Ile Ser Phe Gly
      20      25      30
Leu Tyr Pro Lys Ile Ala Asn Asp Tyr Ala Leu Leu Pro Thr Ala Thr
      35      40      45
Ser Phe Gly Asn Gly Tyr Gly Pro Lys Leu Val Lys Lys Lys Gly Val
      50      55      60
Lys Leu Lys Lys Asp Phe Arg Val Ala Leu Ser Gly Glu His Thr Thr
      65      70      75      80
Asn Ala Leu Leu Phe Lys Ile Tyr Tyr Lys His Ala Arg Ile Thr Tyr
      85      90      95
Met Asn Phe Leu Asp Ile Glu Lys Ala Val Leu Glu Glu Lys Val His
      100      105      110
Ala Gly Val Leu Ile His Glu Ser Ile Leu Asp Phe His Asn Glu Leu
      115      120      125
Glu Val Glu Lys Glu Leu Trp Asp Val Trp Lys Glu Leu Ile Glu Val
      130      135      140
Asp Leu Pro Leu Pro Leu Gly Gly Met Ala Ile Arg Arg Ser Ile Pro
      145      150      155      160
Leu Tyr Arg Ala Ile Leu Ile Lys Lys Ala
      165      170
<210> 25
<211> 432
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori

```

```

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(432)
<400> 25
tta aaa atc att caa ggg gca tta gat act agg gag ctt tta aaa gcc 48
Leu Lys Ile Ile Gln Gly Ala Leu Asp Thr Arg Glu Leu Leu Lys Ala
1 5 10 15
tac caa gag gaa gct tgc gcg aaa aac ttt gga gcg ttt tgt gtg ttt 96
Tyr Gln Glu Glu Ala Cys Ala Lys Asn Phe Gly Ala Phe Cys Val Phe
20 25 30
gtg ggg att gtg aga aaa gag gat aac att caa ggc ttg agt ttt gat 144
Val Gly Ile Val Arg Lys Glu Asp Asn Ile Gln Gly Leu Ser Phe Asp
35 40 45
att tat gaa gcg cta tta aag act tgg ttt gaa aaa tgg cac cat aaa 192
Ile Tyr Glu Ala Leu Leu Lys Thr Trp Phe Glu Lys Trp His His Lys
50 55 60
gcc aaa gat ttg ggc gtg gtg tta aaa atg gcg cac agc ctg ggc gat 240
Ala Lys Asp Leu Gly Val Val Leu Lys Met Ala His Ser Leu Gly Asp
65 70 75 80
gtt ttg ata gga caa agc tca ttt tta tgc gtt tca atg gga aag aat 288
Val Leu Ile Gly Gln Ser Ser Phe Leu Cys Val Ser Met Gly Lys Asn
85 90 95
aga aaa aat gcc tta gaa cta tac gaa aat ttt att gaa gat ttt aag 336
Arg Lys Asn Ala Leu Glu Leu Tyr Glu Asn Phe Ile Glu Asp Phe Lys
100 105 110
cat aac gct cct att tgg aaa tac gat tta atc cat aat aaa cgc att 384
His Asn Ala Pro Ile Trp Lys Tyr Asp Leu Ile His Asn Lys Arg Ile
115 120 125
tat gct aaa gaa aga agc cac cct tta aaa ggg agc ggg ctt tta gct 432
Tyr Ala Lys Glu Arg Ser His Pro Leu Lys Gly Ser Gly Leu Leu Ala
130 135 140
<210> 26
<211> 144
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 26
Leu Lys Ile Ile Gln Gly Ala Leu Asp Thr Arg Glu Leu Leu Lys Ala
1 5 10 15
Tyr Gln Glu Glu Ala Cys Ala Lys Asn Phe Gly Ala Phe Cys Val Phe
20 25 30
Val Gly Ile Val Arg Lys Glu Asp Asn Ile Gln Gly Leu Ser Phe Asp
35 40 45
Ile Tyr Glu Ala Leu Leu Lys Thr Trp Phe Glu Lys Trp His His Lys
50 55 60
Ala Lys Asp Leu Gly Val Val Leu Lys Met Ala His Ser Leu Gly Asp
65 70 75 80
Val Leu Ile Gly Gln Ser Ser Phe Leu Cys Val Ser Met Gly Lys Asn
85 90 95
Arg Lys Asn Ala Leu Glu Leu Tyr Glu Asn Phe Ile Glu Asp Phe Lys
100 105 110
His Asn Ala Pro Ile Trp Lys Tyr Asp Leu Ile His Asn Lys Arg Ile
115 120 125
Tyr Ala Lys Glu Arg Ser His Pro Leu Lys Gly Ser Gly Leu Leu Ala
130 135 140
<210> 27
<211> 516
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(516)

```

&lt;400&gt; 27

```

tta agc ttt agc gcg gat aaa ttc ttt aac agt gcg caa gcg ggc att 48
Leu Ser Phe Ser Ala Asp Lys Phe Phe Asn Ser Ala Gln Ala Gly Ile
1 5 10 15
att atg ggg caa aaa gaa cgg gtt gaa gcg tta aaa aac cac ccc ctt 96
Ile Met Gly Gln Lys Glu Arg Val Glu Ala Leu Lys Asn His Pro Leu
20 25 30
tat aga gtt tta agg gtg ggt aaa atc acg ctc acc ttg ctt ttt tgc 144
Tyr Arg Val Leu Arg Val Gly Lys Ile Thr Leu Thr Leu Leu Phe Cys
35 40 45
agc cta aaa gca tgg ata aat cat caa gaa gac att aca atc cat gcg 192
Ser Leu Lys Ala Trp Ile Asn His Gln Glu Asp Ile Thr Ile His Ala
50 55 60
tta ttg aac caa act aaa gac gca tta ttg caa aaa gcc ctc aaa ctc 240
Leu Leu Asn Gln Thr Lys Asp Ala Leu Leu Gln Lys Ala Leu Lys Leu
65 70 75 80
tac gct ctt tta aag cct tta gaa ttg aat gtg agc ata gcc tct agc 288
Tyr Ala Leu Leu Lys Pro Leu Glu Leu Asn Val Ser Ile Ala Ser Ser
85 90 95
ttt tct aaa ata ggg aat ttg ttt ggt agg gaa tta gaa tcc ttt tgc 336
Phe Ser Lys Ile Gly Asn Leu Phe Gly Arg Glu Leu Glu Ser Phe Cys
100 105 110
gtg aaa atc cag ccc aaa aac acc cgt gct tta aat agt gag aaa ctt 384
Val Lys Ile Gln Pro Lys Asn Thr Arg Ala Leu Asn Ser Glu Lys Leu
115 120 125
tat tta aag ctt ttc caa aaa ggc gtt atc gca agg att tca tgc gaa 432
Tyr Leu Lys Leu Phe Gln Lys Gly Val Ile Ala Arg Ile Ser Cys Glu
130 135 140
ttc gtg tgc ttt gaa gtc ttt agc ttg aat gaa aaa gat ttt gaa aaa 480
Phe Val Cys Phe Glu Val Phe Ser Leu Asn Glu Lys Asp Phe Glu Lys
145 150 155 160
atc gct ctg gtt tta gaa gaa att ctt aat aaa gct 516
Ile Ala Leu Val Leu Glu Glu Ile Leu Asn Lys Ala
165 170

```

&lt;210&gt; 28

&lt;211&gt; 172

&lt;212&gt; PRT

<213> *Helicobacter pylori*

&lt;400&gt; 28

```

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

```

```

<210> 29
<211> 444
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(444)
<400> 29
atc att act caa gct aga aag gct aat ggg gtg att gtt cta gcc tta 48
Ile Ile Thr Gln Ala Arg Lys Ala Asn Gly Val Ile Val Leu Ala Leu
1 5 10 15
caa gac att aac caa cta agc gaa gtg aga aac gct caa agc ttt ata 96
Gln Asp Ile Asn Gln Leu Ser Glu Val Arg Asn Ala Gln Ser Phe Ile
20 25 30
aaa aat atg ggg caa ttg att ttg tat ccc caa aga aat att gat acc 144
Lys Asn Met Gly Gln Leu Ile Leu Tyr Pro Gln Arg Asn Ile Asp Thr
35 40 45
aaa gat tta aac gat aaa ttt ggc att aga cta agc gat aca gaa aaa 192
Lys Asp Leu Asn Asp Lys Phe Gly Ile Arg Leu Ser Asp Thr Glu Lys
50 55 60
cat ttt tta gaa aac acc gcc gtt aat gaa tac aaa gtc tta ctc aaa 240
His Phe Leu Glu Asn Thr Ala Val Asn Glu Tyr Lys Val Leu Leu Lys
65 70 75 80
aac atg aat gat ggc tca tct aac att ata gat gtg agc cta agt tct 288
Asn Met Asn Asp Gly Ser Ser Asn Ile Ile Asp Val Ser Leu Ser Ser
85 90 95
ttg ggt aat tac cta caa atc ttt agc tct aat tct agc atg gta gaa 336
Leu Gly Asn Tyr Leu Gln Ile Phe Ser Ser Asn Ser Ser Met Val Glu
100 105 110
cac att gat aat ctc att aag cat tac cct aaa act tgg cga gaa gtc 384
His Ile Asp Asn Leu Ile Lys His Tyr Pro Lys Thr Trp Arg Glu Val
115 120 125
ttt gtg agt aac aaa cac gaa aat ttt gat gac aaa aaa cac tta gaa 432
Phe Val Ser Asn Lys His Glu Asn Phe Asp Asp Lys Lys His Leu Glu
130 135 140
aag gtg ctt aaa 444
Lys Val Leu Lys
145
<210> 30
<211> 148
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 30
Ile Ile Thr Gln Ala Arg Lys Ala Asn Gly Val Ile Val Leu Ala Leu
1 5 10 15
Gln Asp Ile Asn Gln Leu Ser Glu Val Arg Asn Ala Gln Ser Phe Ile
20 25 30
Lys Asn Met Gly Gln Leu Ile Leu Tyr Pro Gln Arg Asn Ile Asp Thr
35 40 45
Lys Asp Leu Asn Asp Lys Phe Gly Ile Arg Leu Ser Asp Thr Glu Lys
50 55 60
His Phe Leu Glu Asn Thr Ala Val Asn Glu Tyr Lys Val Leu Leu Lys
65 70 75 80
Asn Met Asn Asp Gly Ser Ser Asn Ile Ile Asp Val Ser Leu Ser Ser
85 90 95
Leu Gly Asn Tyr Leu Gln Ile Phe Ser Ser Asn Ser Ser Met Val Glu
100 105 110
His Ile Asp Asn Leu Ile Lys His Tyr Pro Lys Thr Trp Arg Glu Val
115 120 125
Phe Val Ser Asn Lys His Glu Asn Phe Asp Asp Lys Lys His Leu Glu
130 135 140

```

Lys Val Leu Lys

145

&lt;210&gt; 31

&lt;211&gt; 426

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Helicobacter pylori

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(426)

&lt;400&gt; 31

```

acg gtg ggc gat gtt ttt ggt gaa aac ggg ctt tta aac gcg cta gat 48
Thr Val Gly Asp Val Phe Gly Glu Asn Gly Leu Leu Asn Ala Leu Asp
1 5 10 15
cct acg gaa aga aaa aaa att gat caa atg ctt tta gag caa atc caa 96
Pro Thr Glu Arg Lys Lys Ile Asp Gln Met Leu Leu Glu Gln Ile Gln
20 25 30
gcc cat tct tca ggg ttt gaa aaa ttc atc gtg aaa act tta ggg att 144
Ala His Ser Ser Gly Phe Glu Lys Phe Ile Val Lys Thr Leu Gly Ile
35 40 45
gaa aat gta gag aat ttc atc aat aac tgg tat ggc aag caa agc ttg 192
Glu Asn Val Glu Asn Phe Ile Asn Asn Trp Tyr Gly Lys Gln Ser Leu
50 55 60
agt tct ttt gcc aat aat ttt gtg cct gga ggc ttg aat caa gcc ctt 240
Ser Ser Phe Ala Asn Asn Phe Val Pro Gly Gly Leu Asn Gln Ala Leu
65 70 75 80
gat aaa ata ggc tct agc tct gat gcc aaa gac tta cag aac ttc ttg 288
Asp Lys Ile Gly Ser Ser Ser Asp Ala Lys Asp Leu Gln Asn Phe Leu
85 90 95
gat aaa acg act ttt ggg gat att tta aat caa atg att gaa caa gcc 336
Asp Lys Thr Thr Phe Gly Asp Ile Leu Asn Gln Met Ile Glu Gln Ala
100 105 110
ccc tta atc aat aaa ctc att tct tgg ctg ggt ccg cag gat ttg agc 384
Pro Leu Ile Asn Lys Leu Ile Ser Trp Leu Gly Pro Gln Asp Leu Ser
115 120 125
gtt tta gtg aat atc gct tta aat agc atc act aac cct agt 426
Val Leu Val Asn Ile Ala Leu Asn Ser Ile Thr Asn Pro Ser
130 135 140

```

&lt;210&gt; 32

&lt;211&gt; 142

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Helicobacter pylori

&lt;400&gt; 32

```

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

```

&lt;210&gt; 33

```

<211> 357
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(357)
<400> 33
caa gcg cac cat ctt aaa aac ctt ttg gaa gcc ttt tat cac caa aat 48
Gln Ala His His Leu Lys Asn Leu Leu Glu Ala Phe Tyr His Gln Asn
1 5 10 15
aaa gag agt ttg ggc ttt ttt tcc cct tat ttt agt ttg cga tct caa 96
Lys Glu Ser Leu Gly Phe Phe Ser Pro Tyr Phe Ser Leu Arg Ser Gln
20 25 30
acc cct agc gtc tct tat gaa agc gcg tta gct tct tta gaa aac tat 144
Thr Pro Ser Val Ser Tyr Glu Ser Ala Leu Ala Ser Leu Glu Asn Tyr
35 40 45
ttt atg gct ttg ttc caa tcc cat ttt aaa gac gat acc gca ctc caa 192
Phe Met Ala Leu Phe Gln Ser His Phe Lys Asp Asp Thr Ala Leu Gln
50 55 60
cag aat ttt aaa gga ttg ttg caa gcc ttt gtt tct atg gct aaa gac 240
Gln Asn Phe Lys Gly Leu Leu Gln Ala Phe Val Ser Met Ala Lys Asp
65 70 75 80
aaa cga tcc caa atc gct ctt aac gcc caa gct aaa gac aac gcc aag 288
Lys Arg Ser Gln Ile Ala Leu Asn Ala Gln Ala Lys Asp Asn Ala Lys
85 90 95
cta act ttt aac gcc ttg tta gaa agc ctt agc gtg aat ttc ttt caa 336
Leu Thr Phe Asn Ala Leu Leu Glu Ser Leu Ser Val Asn Phe Phe Gln
100 105 110
tct tac aaa ata agc cat gag 357
Ser Tyr Lys Ile Ser His Glu
115

<210> 34
<211> 119
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 34
Gln Ala His His Leu Lys Asn Leu Leu Glu Ala Phe Tyr His Gln Asn
1 5 10 15
Lys Glu Ser Leu Gly Phe Phe Ser Pro Tyr Phe Ser Leu Arg Ser Gln
20 25 30
Thr Pro Ser Val Ser Tyr Glu Ser Ala Leu Ala Ser Leu Glu Asn Tyr
35 40 45
Phe Met Ala Leu Phe Gln Ser His Phe Lys Asp Asp Thr Ala Leu Gln
50 55 60
Gln Asn Phe Lys Gly Leu Leu Gln Ala Phe Val Ser Met Ala Lys Asp
65 70 75 80
Lys Arg Ser Gln Ile Ala Leu Asn Ala Gln Ala Lys Asp Asn Ala Lys
85 90 95
Leu Thr Phe Asn Ala Leu Leu Glu Ser Leu Ser Val Asn Phe Phe Gln
100 105 110
Ser Tyr Lys Ile Ser His Glu
115

<210> 35
<211> 980
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(978)
<400> 35
gtg ggt tct gga gcc ggg agg aaa gcc agc tct acg gtt tta act ttg 48

```

|            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|
| Val<br>1   | Gly        | Ser        | Gly        | Ala<br>5   | Gly        | Arg        | Lys        | Ala        | Ser<br>10  | Ser        | Thr        | Val        | Leu        | Thr<br>15  | Leu        |
| caa<br>Gln | gct<br>Ala | tca<br>Ser | gaa<br>Glu | ggg<br>Gly | att<br>Ile | act<br>Thr | agc<br>Ser | agt<br>Ser | aaa<br>Lys | aat<br>Asn | gcg<br>Ala | gaa<br>Glu | att<br>Ile | tct<br>Ser | ctt<br>Leu |
| 20         |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| tat<br>Tyr | gat<br>Asp | ggc<br>Gly | gcc<br>Ala | acg<br>Thr | ctc<br>Leu | aat<br>Asn | ttg<br>Leu | gct<br>Ala | tca<br>Ser | aac<br>Asn | agc<br>Ser | gtt<br>Val | aaa<br>Lys | tta<br>Leu | atg<br>Met |
| 35         |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| ggg<br>Gly | aat<br>Asn | gtg<br>Val | tgg<br>Trp | atg<br>Met | ggc<br>Gly | cgt<br>Arg | ttg<br>Leu | caa<br>Gln | tat<br>Tyr | gtg<br>Val | gga<br>Gly | gcg<br>Ala | tat<br>Tyr | ttg<br>Leu | gcc<br>Ala |
| 50         |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| cct<br>Pro | tca<br>Ser | tac<br>Tyr | agc<br>Ser | acg<br>Thr | ata<br>Ile | aac<br>Asn | act<br>Thr | tca<br>Ser | aaa<br>Lys | gtg<br>Val | aca<br>Thr | ggg<br>Gly | gaa<br>Glu | gtg<br>Val | aat<br>Asn |
| 65         |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| ttt<br>Phe | aac<br>Asn | cat<br>His | ctc<br>Leu | act<br>Thr | gtg<br>Val | ggc<br>Gly | gat<br>Asp | cac<br>His | aac<br>Asn | gcc<br>Ala | gct<br>Ala | caa<br>Gln | gca<br>Ala | ggc<br>Gly | att<br>Ile |
| 85         |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| atc<br>Ile | gct<br>Ala | agt<br>Ser | aac<br>Asn | aag<br>Lys | act<br>Thr | cat<br>His | att<br>Ile | ggc<br>Gly | aca<br>Thr | ctg<br>Leu | gat<br>Asp | ttg<br>Leu | tgg<br>Trp | caa<br>Gln | agc<br>Ser |
| 100        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| gcg<br>Ala | gga<br>Gly | cta<br>Leu | aac<br>Asn | att<br>Ile | atc<br>Ile | gcc<br>Ala | cct<br>Pro | cca<br>Pro | gaa<br>Glu | ggc<br>Gly | ggt<br>Gly | tat<br>Tyr | aag<br>Lys | gat<br>Asp | aaa<br>Lys |
| 115        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| cct<br>Pro | aag<br>Lys | gat<br>Asp | aaa<br>Lys | cct<br>Pro | agt<br>Ser | aac<br>Asn | acc<br>Thr | acg<br>Thr | caa<br>Gln | aat<br>Asn | aat<br>Asn | gct<br>Ala | aac<br>Asn | aac<br>Asn | aac<br>Asn |
| 130        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| caa<br>Gln | caa<br>Gln | aac<br>Asn | agc<br>Ser | gct<br>Ala | caa<br>Gln | aac<br>Asn | aat<br>Asn | agt<br>Ser | aac<br>Asn | act<br>Thr | cag<br>Gln | gtt<br>Val | att<br>Ile | aac<br>Asn | cca<br>Pro |
| 145        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| ccc<br>Pro | aat<br>Asn | agc<br>Ser | gcg<br>Ala | caa<br>Gln | aaa<br>Lys | aca<br>Thr | gaa<br>Glu | att<br>Ile | caa<br>Gln | ccc<br>Pro | acg<br>Thr | caa<br>Gln | gtc<br>Val | att<br>Ile | gat<br>Asp |
| 165        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| ggg<br>Gly | cct<br>Pro | ttt<br>Phe | gct<br>Ala | ggt<br>Gly | ggc<br>Gly | aaa<br>Lys | gac<br>Asp | acg<br>Thr | gtt<br>Val | gtc<br>Val | aat<br>Asn | att<br>Ile | gat<br>Asp | cgc<br>Arg | atc<br>Ile |
| 180        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| aac<br>Asn | act<br>Thr | aac<br>Asn | gct<br>Ala | gat<br>Asp | ggc<br>Gly | acg<br>Thr | att<br>Ile | aaa<br>Lys | gtg<br>Val | gga<br>Gly | ggg<br>Gly | tat<br>Tyr | aaa<br>Lys | gct<br>Ala | tct<br>Ser |
| 195        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| ctt<br>Leu | acc<br>Thr | acc<br>Thr | aat<br>Asn | gcg<br>Ala | gct<br>Ala | cat<br>His | ttg<br>Leu | cat<br>His | atc<br>Ile | ggc<br>Gly | aaa<br>Lys | ggc<br>Gly | ggg<br>Gly | atc<br>Ile | aat<br>Asn |
| 210        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| ctg<br>Leu | tcc<br>Ser | aat<br>Asn | caa<br>Gln | gcg<br>Ala | agc<br>Ser | ggg<br>Gly | cgc<br>Arg | acc<br>Thr | ctt<br>Leu | tta<br>Val | gtg<br>Glu | gaa<br>Val | aat<br>Asn | cta<br>Leu | acc<br>Thr |
| 225        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| ggg<br>Gly | aat<br>Asn | atc<br>Ile | acc<br>Thr | gtt<br>Val | gat<br>Asp | ggg<br>Gly | cct<br>Pro | tta<br>Leu | aga<br>Arg | gtg<br>Val | aat<br>Asn | aat<br>Asn | caa<br>Gln | gtg<br>Val | ggg<br>Gly |
| 245        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| ggt<br>Gly | tat<br>Tyr | gct<br>Ala | ttg<br>Leu | gca<br>Ala | gga<br>Gly | tca<br>Ser | agc<br>Ser | gcg<br>Ala | aat<br>Asn | ttt<br>Phe | gag<br>Glu | ttt<br>Phe | aag<br>Lys | gct<br>Ala | ggt<br>Gly |
| 260        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| acg<br>Thr | gat<br>Asp | acc<br>Thr | aaa<br>Lys | aac<br>Asn | ggc<br>Gly | aca<br>Thr | gcc<br>Ala | act<br>Thr | ttt<br>Phe | aat<br>Asn | aac<br>Asn | gat<br>Asp | att<br>Ile | agt<br>Ser | ttg<br>Leu |
| 275        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| gga<br>Gly | aga<br>Arg | ttt<br>Phe | gtg<br>Val | aat<br>Asn | tta<br>Leu | aaa<br>Lys | gtg<br>Val | gat<br>Asp | gct<br>Ala | cat<br>His | aca<br>Thr | gct<br>Ala | aat<br>Asn | ttt<br>Phe | aaa<br>Lys |
| 290        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| ggt<br>Gly | att<br>Ile | gat<br>Asp | act<br>Thr | ggt<br>Gly | aat<br>Asn | ggt<br>Gly | ggt<br>Gly | ttc<br>Phe | aac<br>Asn | acc<br>Thr | tta<br>Leu | gat<br>Asp | ttt<br>Phe | agt<br>Ser | ggc<br>Gly |
| 305        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| ggt<br>Val | aca<br>Thr | ggt<br>Gly | aag<br>Lys | gtc<br>Val | aat<br>Asn | atc<br>Asn | atc<br>Asn | atc<br>Asn | atc<br>Asn | atc<br>Asn | atc<br>Asn | atc<br>Asn | atc<br>Asn | atc<br>Asn | atc<br>Asn |
| 310        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| 315        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| 320        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| 330        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| 340        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| 350        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| 360        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| 370        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| 380        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| 390        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| 400        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| 410        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| 420        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| 430        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| 440        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| 450        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| 460        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| 470        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| 480        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| 490        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| 500        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |
| 510        |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |            |

325

&lt;210&gt; 36

&lt;211&gt; 326

&lt;212&gt; PRT

<213> *Helicobacter pylori*

&lt;400&gt; 36

Val Gly Ser Gly Ala Gly Arg Lys Ala Ser Ser Thr Val Leu Thr Leu  
 1 5 10 15  
 Gln Ala Ser Glu Gly Ile Thr Ser Ser Lys Asn Ala Glu Ile Ser Leu  
 20 25 30  
 Tyr Asp Gly Ala Thr Leu Asn Leu Ala Ser Asn Ser Val Lys Leu Met  
 35 40 45  
 Gly Asn Val Trp Met Gly Arg Leu Gln Tyr Val Gly Ala Tyr Leu Ala  
 50 55 60  
 Pro Ser Tyr Ser Thr Ile Asn Thr Ser Lys Val Thr Gly Glu Val Asn  
 65 70 75 80  
 Phe Asn His Leu Thr Val Gly Asp His Asn Ala Ala Gln Ala Gly Ile  
 85 90 95  
 Ile Ala Ser Asn Lys Thr His Ile Gly Thr Leu Asp Leu Trp Gln Ser  
 100 105 110  
 Ala Gly Leu Asn Ile Ile Ala Pro Glu Gly Gly Tyr Lys Asp Lys  
 115 120 125  
 Pro Lys Asp Lys Pro Ser Asn Thr Thr Gln Asn Asn Ala Asn Asn Asn  
 130 135 140  
 Gln Gln Asn Ser Ala Gln Asn Asn Ser Asn Thr Gln Val Ile Asn Pro  
 145 150 155 160  
 Pro Asn Ser Ala Gln Lys Thr Glu Ile Gln Pro Thr Gln Val Ile Asp  
 165 170 175  
 Gly Pro Phe Ala Gly Gly Lys Asp Thr Val Val Asn Ile Asp Arg Ile  
 180 185 190  
 Asn Thr Asn Ala Asp Gly Thr Ile Lys Val Gly Gly Tyr Lys Ala Ser  
 195 200 205  
 Leu Thr Thr Asn Ala Ala His Leu His Ile Gly Lys Gly Gly Ile Asn  
 210 215 220  
 Leu Ser Asn Gln Ala Ser Gly Arg Thr Leu Leu Val Glu Asn Leu Thr  
 225 230 235 240  
 Gly Asn Ile Thr Val Asp Gly Pro Leu Arg Val Asn Asn Gln Val Gly  
 245 250 255  
 Gly Tyr Ala Leu Ala Gly Ser Ser Ala Asn Phe Glu Phe Lys Ala Gly  
 260 265 270  
 Thr Asp Thr Lys Asn Gly Thr Ala Thr Phe Asn Asn Asp Ile Ser Leu  
 275 280 285  
 Gly Arg Phe Val Asn Leu Lys Val Asp Ala His Thr Ala Asn Phe Lys  
 290 295 300  
 Gly Ile Asp Thr Gly Asn Gly Gly Phe Asn Thr Leu Asp Phe Ser Gly  
 305 310 315 320  
 Val Thr Gly Lys Val Asn  
 325

&lt;210&gt; 37

&lt;211&gt; 362

&lt;212&gt; DNA

<213> *Helicobacter pylori*

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(360)

&lt;400&gt; 37

agt aat tta tgt ggt aat ggt agt agc ggt agt agt ggc act act tgc 48  
 Ser Asn Leu Cys Gly Asn Gly Ser Ser Gly Ser Ser Gly Thr Thr Cys  
 1 5 10 15  
 tcc ggt tgg ctt atc aac ctt tta ggg gca atc ccc acc aat gga gtg 96  
 Ser Gly Trp Leu Ile Asn Leu Leu Gly Ala Ile Pro Thr Asn Gly Val

```

      20      25      30
agc gat acg aat aat tta att aat ctg ctc act gaa ttc att aaa acc 144
Ser Asp Thr Asn Asn Leu Ile Asn Leu Leu Thr Glu Phe Ile Lys Thr
      35      40      45
gcc ggg ttt atc caa aat aat gat agt agt gta tct act agt ctt aca 192
Ala Gly Phe Ile Gln Asn Asn Asp Ser Ser Val Ser Thr Ser Leu Thr
      50      55      60
agc gct ttt caa gcc att acg agc gct att tct caa ggg ttt caa gcc 240
Ser Ala Phe Gln Ala Ile Thr Ser Ala Ile Ser Gln Gly Phe Gln Ala
      65      70      75      80
tta caa aac gat att agc cct aat gcg att tta acc ttg ctc caa gag 288
Leu Gln Asn Asp Ile Ser Pro Asn Ala Ile Leu Thr Leu Leu Gln Glu
      85      90      95
att act tct aac acc acc acc att cag tca ttc tcg caa acc tta cgg 336
Ile Thr Ser Asn Thr Thr Thr Ile Gln Ser Phe Ser Gln Thr Leu Arg
      100      105      110
cag ctt tta ggg gat aaa aca ttc tt 362
Gln Leu Leu Gly Asp Lys Thr Phe
      115      120
<210> 38
<211> 120
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 38
Ser Asn Leu Cys Gly Asn Gly Ser Ser Gly Ser Ser Gly Thr Thr Cys
 1      5      10      15
Ser Gly Trp Leu Ile Asn Leu Leu Gly Ala Ile Pro Thr Asn Gly Val
      20      25      30
Ser Asp Thr Asn Asn Leu Ile Asn Leu Leu Thr Glu Phe Ile Lys Thr
      35      40      45
Ala Gly Phe Ile Gln Asn Asn Asp Ser Ser Val Ser Thr Ser Leu Thr
      50      55      60
Ser Ala Phe Gln Ala Ile Thr Ser Ala Ile Ser Gln Gly Phe Gln Ala
      65      70      75      80
Leu Gln Asn Asp Ile Ser Pro Asn Ala Ile Leu Thr Leu Leu Gln Glu
      85      90      95
Ile Thr Ser Asn Thr Thr Thr Ile Gln Ser Phe Ser Gln Thr Leu Arg
      100      105      110
Gln Leu Leu Gly Asp Lys Thr Phe
      115      120
<210> 39
<211> 448
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(447)
<400> 39
ctc ttt gca gat att cca gaa gct tta gaa aac acc caa gaa atc gct 48
Leu Phe Ala Asp Ile Pro Glu Ala Leu Glu Asn Thr Gln Glu Ile Ala
 1      5      10      15
gat aaa tgc gtt tta gag att gat tta aaa gac gat aaa aag aac ccc 96
Asp Lys Cys Val Leu Glu Ile Asp Leu Lys Asp Asp Lys Lys Asn Pro
      20      25      30
cca acc ccc cca agc ttc aaa ttc act aaa gct tac gct caa aat gag 144
Pro Thr Pro Pro Ser Phe Lys Phe Thr Lys Ala Tyr Ala Gln Asn Glu
      35      40      45
ggg ctg aat ttt gaa gat gac gct tct tat ttt gcc tat aag gct aga 192
Gly Leu Asn Phe Glu Asp Asp Ala Ser Tyr Phe Ala Tyr Lys Ala Arg
      50      55      60
gaa ggc ttg aaa gag cgc tta gtt tta gta cca aaa gaa aag cat gat 240

```

Glu Gly Leu Lys Glu Arg Leu Val Leu Val Pro Lys Glu Lys His Asp  
 65 70 75 80  
 caa tat aaa gag cgc cta gaa aaa gaa att gaa gtc att acg aac atg 288  
 Gln Tyr Lys Glu Arg Leu Glu Lys Glu Ile Glu Val Ile Thr Asn Met  
 85 90 95  
 aaa ttc cca ggg tat atg ctg att gtg tgg gat ttt atc cgt tat gct 336  
 Lys Phe Pro Gly Tyr Met Leu Ile Val Trp Asp Phe Ile Arg Tyr Ala  
 100 105 110  
 aag gaa atg ggc att cct gta ggg cct ggt agg ggg agt gcg gcc ggg 384  
 Lys Glu Met Gly Ile Pro Val Gly Pro Gly Arg Gly Ser Ala Ala Gly  
 115 120 125  
 agc ttg gtg gct ttt gct tta aaa atc acg gat att gac cct ttg aaa 432  
 Ser Leu Val Ala Phe Ala Leu Lys Ile Thr Asp Ile Asp Pro Leu Lys  
 130 135 140  
 tac gat ttg ctc ttt g 448  
 Tyr Asp Leu Leu Phe  
 145  
 <210> 40  
 <211> 149  
 <212> PRT  
 <213> Helicobacter pylori  
 <400> 40  
 Leu Phe Ala Asp Ile Pro Glu Ala Leu Glu Asn Thr Gln Glu Ile Ala  
 1 5 10 15  
 Asp Lys Cys Val Leu Glu Ile Asp Leu Lys Asp Asp Lys Lys Asn Pro  
 20 25 30  
 Pro Thr Pro Pro Ser Phe Lys Phe Thr Lys Ala Tyr Ala Gln Asn Glu  
 35 40 45  
 Gly Leu Asn Phe Glu Asp Asp Ala Ser Tyr Phe Ala Tyr Lys Ala Arg  
 50 55 60  
 Glu Gly Leu Lys Glu Arg Leu Val Leu Val Pro Lys Glu Lys His Asp  
 65 70 75 80  
 Gln Tyr Lys Glu Arg Leu Glu Lys Glu Ile Glu Val Ile Thr Asn Met  
 85 90 95  
 Lys Phe Pro Gly Tyr Met Leu Ile Val Trp Asp Phe Ile Arg Tyr Ala  
 100 105 110  
 Lys Glu Met Gly Ile Pro Val Gly Pro Gly Arg Gly Ser Ala Ala Gly  
 115 120 125  
 Ser Leu Val Ala Phe Ala Leu Lys Ile Thr Asp Ile Asp Pro Leu Lys  
 130 135 140  
 Tyr Asp Leu Leu Phe  
 145  
 <210> 41  
 <211> 147  
 <212> DNA  
 <213> Helicobacter pylori  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(147)  
 <400> 41  
 caa tac gac ttt aag gcg atg ttt act ccc ttg atc atg caa gcg cag 48  
 Gln Tyr Asp Phe Lys Ala Met Phe Thr Pro Leu Ile Met Gln Ala Gln  
 1 5 10 15  
 ttg agc tta aga aac att gat aat ttt gtg gaa aaa ggc tct gct ttg 96  
 Leu Ser Leu Arg Asn Ile Asp Asn Phe Val Glu Lys Gly Ser Ala Leu  
 20 25 30  
 ata gat aaa ttt gac gct aac ccc tat aaa acg att ttt gga gaa agg 144  
 Ile Asp Lys Phe Asp Ala Asn Pro Tyr Lys Thr Ile Phe Gly Glu Arg  
 35 40 45  
 aaa 147  
 Lys

```

<210> 42
<211> 49
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 42
Gln Tyr Asp Phe Lys Ala Met Phe Thr Pro Leu Ile Met Gln Ala Gln
 1           5           10           15
Leu Ser Leu Arg Asn Ile Asp Asn Phe Val Glu Lys Gly Ser Ala Leu
           20           25           30
Ile Asp Lys Phe Asp Ala Asn Pro Tyr Lys Thr Ile Phe Gly Glu Arg
          35           40           45
Lys

<210> 43
<211> 455
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(453)
<400> 43
aat ttc aat tca gcg aat att act acg agt ttg aat aat tcc tct atc      48
Asn Phe Asn Ser Ala Asn Ile Thr Thr Leu Asn Asn Ser Ser Ile
 1           5           10           15
gtg ttt aag ggg gcg gtc tct tta gga ggg cag ttt aat tta agc aat      96
Val Phe Lys Gly Ala Val Ser Leu Gly Gly Gln Phe Asn Leu Ser Asn
           20           25           30
aac tct tct tta gat ttc caa ggc tct agc gct atc acc tct aac acg      144
Asn Ser Ser Leu Asp Phe Gln Gly Ser Ser Ala Ile Thr Ser Asn Thr
           35           40           45
gcg ttt aat ttc tat gat aac gct ttt tct caa agc ccc atc act ttc      192
Ala Phe Asn Phe Tyr Asp Asn Ala Phe Ser Gln Ser Pro Ile Thr Phe
          50           55           60
cat caa gcc ctt gac att aaa gcg ccc tta agt ttg gga ggc aac ctt      240
His Gln Ala Leu Asp Ile Lys Ala Pro Leu Ser Leu Gly Gly Asn Leu
          65           70           75           80
tta aac cct aac aac agc agc gtg ctg gat tta aaa aac agc cag ctt      288
Leu Asn Pro Asn Asn Ser Ser Val Leu Asp Leu Lys Asn Ser Gln Leu
           85           90           95
gtt ttt ggc gat caa ggg agt ttg aat atc gct aac att gat tta cta      336
Val Phe Gly Asp Gln Gly Ser Leu Asn Ile Ala Asn Ile Asp Leu Leu
          100          105          110
agc gat cta aat gat aat aaa aat cgt gtg tat aac atc att caa gcg      384
Ser Asp Leu Asn Asp Asn Lys Asn Arg Val Tyr Asn Ile Ile Gln Ala
          115          120          125
gac atg aat agt aat tgg tat gag cgt atc agc ttc ttt ggc atg cac      432
Asp Met Asn Ser Asn Trp Tyr Glu Arg Ile Ser Phe Phe Gly Met His
          130          135          140
atc aat gac ggg att tat gat gc                                          455
Ile Asn Asp Gly Ile Tyr Asp
          145          150

<210> 44
<211> 151
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 44
Asn Phe Asn Ser Ala Asn Ile Thr Thr Ser Leu Asn Asn Ser Ser Ile
 1           5           10           15
Val Phe Lys Gly Ala Val Ser Leu Gly Gly Gln Phe Asn Leu Ser Asn
           20           25           30
Asn Ser Ser Leu Asp Phe Gln Gly Ser Ser Ala Ile Thr Ser Asn Thr

```

```

      35      40      45
Ala Phe Asn Phe Tyr Asp Asn Ala Phe Ser Gln Ser Pro Ile Thr Phe
   50      55      60
His Gln Ala Leu Asp Ile Lys Ala Pro Leu Ser Leu Gly Gly Asn Leu
   65      70      75      80
Leu Asn Pro Asn Asn Ser Ser Val Leu Asp Leu Lys Asn Ser Gln Leu
      85      90      95
Val Phe Gly Asp Gln Gly Ser Leu Asn Ile Ala Asn Ile Asp Leu Leu
      100      105      110
Ser Asp Leu Asn Asp Asn Lys Asn Arg Val Tyr Asn Ile Ile Gln Ala
      115      120      125
Asp Met Asn Ser Asn Trp Tyr Glu Arg Ile Ser Phe Phe Gly Met His
      130      135      140
Ile Asn Asp Gly Ile Tyr Asp
145      150
<210> 45
<211> 333
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(333)
<400> 45
gat ttt agt ttc aac gca caa ggc aat gtt ttt gtg caa aat tcc act 48
Asp Phe Ser Phe Asn Ala Gln Gly Asn Val Phe Val Gln Asn Ser Thr
   1      5      10      15
ttc tct aac gcc aat gga ggc acg ctc tct ttt aac gca gga aat tcg 96
Phe Ser Asn Ala Asn Gly Gly Thr Leu Ser Phe Asn Ala Gly Asn Ser
      20      25      30
ctc att ttt gcc gga aac aat cat att gca ttc act aac cac gct gga 144
Leu Ile Phe Ala Gly Asn Asn His Ile Ala Phe Thr Asn His Ala Gly
      35      40      45
act ctt caa tta ttg tcc gat caa gtt tct aac att aac atc acc acg 192
Thr Leu Gln Leu Leu Ser Asp Gln Val Ser Asn Ile Asn Ile Thr Thr
      50      55      60
ctt aac gct agc aac ggc ctt aag att aac gcc gct aat aac aat gtt 240
Leu Asn Ala Ser Asn Gly Leu Lys Ile Asn Ala Ala Asn Asn Asn Val
      65      70      75      80
tct gtg tct caa ggc aat ctg ttt gtc agc gct agc tgc gcg caa caa 288
Ser Val Ser Gln Gly Asn Leu Phe Val Ser Ala Ser Cys Ala Gln Gln
      85      90      95
agc gat cca act aca gct aat att gca aac cct tgc gcg ctt agc 333
Ser Asp Pro Thr Thr Ala Asn Ile Ala Asn Pro Cys Ala Leu Ser
      100      105      110

<210> 46
<211> 111
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 46
Asp Phe Ser Phe Asn Ala Gln Gly Asn Val Phe Val Gln Asn Ser Thr
   1      5      10      15
Phe Ser Asn Ala Asn Gly Gly Thr Leu Ser Phe Asn Ala Gly Asn Ser
      20      25      30
Leu Ile Phe Ala Gly Asn Asn His Ile Ala Phe Thr Asn His Ala Gly
      35      40      45
Thr Leu Gln Leu Leu Ser Asp Gln Val Ser Asn Ile Asn Ile Thr Thr
      50      55      60
Leu Asn Ala Ser Asn Gly Leu Lys Ile Asn Ala Ala Asn Asn Asn Val
      65      70      75      80
Ser Val Ser Gln Gly Asn Leu Phe Val Ser Ala Ser Cys Ala Gln Gln
      85      90      95

```

```

Ser Asp Pro Thr Thr Ala Asn Ile Ala Asn Pro Cys Ala Leu Ser
      100                      105                      110
<210> 47
<211> 674
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(672)
<400> 47
ttg cgc ttg ggc caa ttc aat ggc aat tct ttc aca agc tat aag gat 48
Leu Arg Leu Gly Gln Phe Asn Gly Asn Ser Phe Thr Ser Tyr Lys Asp
   1           5           10           15
agc gct gat cgc acc acg aga gtg gat ttc aac gct aaa aat atc tta 96
Ser Ala Asp Arg Thr Thr Arg Val Asp Phe Asn Ala Lys Asn Ile Leu
      20           25           30
att gat aat ttt tta gaa atc aat aat cgt gtg ggt tct gga gcc ggg 144
Ile Asp Asn Phe Leu Glu Ile Asn Asn Arg Val Gly Ser Gly Ala Gly
      35           40           45
agg aaa gcc agc tct acg gtt tta act ttg caa gct tca gaa ggg att 192
Arg Lys Ala Ser Ser Thr Val Leu Thr Leu Gln Ala Ser Glu Gly Ile
      50           55           60
act agc agt aaa aat gcg gaa att tct ctt tat gat ggc gcc acg ctc 240
Thr Ser Ser Lys Asn Ala Glu Ile Ser Leu Tyr Asp Gly Ala Thr Leu
      65           70           75           80
aat ttg gct tca aac agc gtt aaa tta atg ggt aat gtg tgg atg ggc 288
Asn Leu Ala Ser Asn Ser Val Lys Leu Met Gly Asn Val Trp Met Gly
      85           90           95
cgt ttg caa tat gtg gga gcg tat ttg gcc cct tca tac agc acg ata 336
Arg Leu Gln Tyr Val Gly Ala Tyr Leu Ala Pro Ser Tyr Ser Thr Ile
      100          105          110
aac act tca aaa gtg aca ggg gaa gtg aat ttt aac cat ctc act gtg 384
Asn Thr Ser Lys Val Thr Gly Glu Val Asn Phe Asn His Leu Thr Val
      115          120          125
ggc gat cac aac gcc gct caa gca ggc att atc gct agt aac aag act 432
Gly Asp His Asn Ala Ala Gln Ala Gly Ile Ile Ala Ser Asn Lys Thr
      130          135          140
cat att ggc aca ctg gat ttg tgg caa agc gcg gga cta aac att atc 480
His Ile Gly Thr Leu Asp Leu Trp Gln Ser Ala Gly Leu Asn Ile Ile
      145          150          155          160
gcc cct cca gaa ggc ggt tat aag gat aaa cct aag gat aaa cct agt 528
Ala Pro Pro Glu Gly Gly Tyr Lys Asp Lys Pro Lys Asp Lys Pro Ser
      165          170          175
aac acc acg caa aat aat gct aac aac aac caa caa aac agc gct caa 576
Asn Thr Thr Gln Asn Asn Ala Asn Asn Asn Gln Gln Asn Ser Ala Gln
      180          185          190
aac aat agt aac act cag gtt att aac cca ccc aat agc gcg caa aaa 624
Asn Asn Ser Asn Thr Gln Val Ile Asn Pro Pro Asn Ser Ala Gln Lys
      195          200          205
aca gaa att caa ccc acg caa gtc att gat ggg cct ttt gct ggt ggc 672
Thr Glu Ile Gln Pro Thr Gln Val Ile Asp Gly Pro Phe Ala Gly Gly
      210          215          220
aa
674
<210> 48
<211> 224
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 48
Leu Arg Leu Gly Gln Phe Asn Gly Asn Ser Phe Thr Ser Tyr Lys Asp
   1           5           10           15
Ser Ala Asp Arg Thr Thr Arg Val Asp Phe Asn Ala Lys Asn Ile Leu

```

```

      20      25      30
Ile Asp Asn Phe Leu Glu Ile Asn Asn Arg Val Gly Ser Gly Ala Gly
      35      40      45
Arg Lys Ala Ser Ser Thr Val Leu Thr Leu Gln Ala Ser Glu Gly Ile
      50      55      60
Thr Ser Ser Lys Asn Ala Glu Ile Ser Leu Tyr Asp Gly Ala Thr Leu
      65      70      75      80
Asn Leu Ala Ser Asn Ser Val Lys Leu Met Gly Asn Val Trp Met Gly
      85      90      95
Arg Leu Gln Tyr Val Gly Ala Tyr Leu Ala Pro Ser Tyr Ser Thr Ile
      100      105      110
Asn Thr Ser Lys Val Thr Gly Glu Val Asn Phe Asn His Leu Thr Val
      115      120      125
Gly Asp His Asn Ala Ala Gln Ala Gly Ile Ile Ala Ser Asn Lys Thr
      130      135      140
His Ile Gly Thr Leu Asp Leu Trp Gln Ser Ala Gly Leu Asn Ile Ile
      145      150      155      160
Ala Pro Pro Glu Gly Gly Tyr Lys Asp Lys Pro Lys Asp Lys Pro Ser
      165      170      175
Asn Thr Thr Gln Asn Asn Ala Asn Asn Asn Gln Gln Asn Ser Ala Gln
      180      185      190
Asn Asn Ser Asn Thr Gln Val Ile Asn Pro Pro Asn Ser Ala Gln Lys
      195      200      205
Thr Glu Ile Gln Pro Thr Gln Val Ile Asp Gly Pro Phe Ala Gly Gly
      210      215      220
<210> 49
<211> 284
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(282)
<400> 49
aga ggc ttg cat gat ttt tgg caa aaa ggg tat ttt aac ttt tta agc 48
Arg Gly Leu His Asp Phe Trp Gln Lys Gly Tyr Phe Asn Phe Leu Ser
      1      5      10      15
aat ggc tat gtt ttt gtc aat aac agc tct ttt agc aac gct aca gga 96
Asn Gly Tyr Val Phe Val Asn Asn Ser Ser Phe Ser Asn Ala Thr Gly
      20      25      30
ggc agt ttg aat ttt gtc gcc aac aag tct att att ttt aat ggc gat 144
Gly Ser Leu Asn Phe Val Ala Asn Lys Ser Ile Ile Phe Asn Gly Asp
      35      40      45
aat acg att gac ttt agc aag tat cag ggc gca ttg att ttt gct tct 192
Asn Thr Ile Asp Phe Ser Lys Tyr Gln Gly Ala Leu Ile Phe Ala Ser
      50      55      60
aat gat gtt tct aat atc aat atc acc acc cta aac gct act aat ggc 240
Asn Asp Val Ser Asn Ile Asn Ile Thr Thr Leu Asn Ala Thr Asn Gly
      65      70      75      80
tta agc ctt aat gcg ggt ttg aat aac gtg agc gtt caa aaa gg 284
Leu Ser Leu Asn Ala Gly Leu Asn Asn Val Ser Val Gln Lys
      85      90
<210> 50
<211> 94
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 50
Arg Gly Leu His Asp Phe Trp Gln Lys Gly Tyr Phe Asn Phe Leu Ser
      1      5      10      15
Asn Gly Tyr Val Phe Val Asn Asn Ser Ser Phe Ser Asn Ala Thr Gly
      20      25      30
Gly Ser Leu Asn Phe Val Ala Asn Lys Ser Ile Ile Phe Asn Gly Asp

```

```

          35          40          45
Asn Thr Ile Asp Phe Ser Lys Tyr Gln Gly Ala Leu Ile Phe Ala Ser
   50          55          60
Asn Asp Val Ser Asn Ile Asn Ile Thr Thr Leu Asn Ala Thr Asn Gly
   65          70          75          80
Leu Ser Leu Asn Ala Gly Leu Asn Asn Val Ser Val Gln Lys
          85          90

<210> 51
<211> 498
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(498)
<400> 51
aaa att tta gtg att caa ggg cct aat tta aac atg tta gga cac aga 48
Lys Ile Leu Val Ile Gln Gly Pro Asn Leu Asn Met Leu Gly His Arg
   1           5           10          15
gac cca agg ctt tat ggt atg gta acc tta gac caa atc cat gaa atc 96
Asp Pro Arg Leu Tyr Gly Met Val Thr Leu Asp Gln Ile His Glu Ile
          20          25          30
atg caa act ttc gtg aaa caa ggc aat tta gat gtg gaa tta gag ttt 144
Met Gln Thr Phe Val Lys Gln Gly Asn Leu Asp Val Glu Leu Glu Phe
          35          40          45
ttt caa act aat ttt gag ggc gaa atc att gat aaa atc caa gag agc 192
Phe Gln Thr Asn Phe Glu Gly Ile Ile Asp Lys Ile Gln Glu Ser
          50          55          60
gtg ggc agc gat tat gaa ggg atc atc att aac cct gga gcg ttt tcg 240
Val Gly Ser Asp Tyr Glu Gly Ile Ile Ile Asn Pro Gly Ala Phe Ser
   65          70          75          80
cac act tct att gcg att gca gat gcg atc atg cta gcg ggc aaa ccc 288
His Thr Ser Ile Ala Ile Ala Asp Ala Ile Met Leu Ala Gly Lys Pro
          85          90          95
gtt att gaa gtg cat ctc act aac att caa gcc aga gag gaa ttc agg 336
Val Ile Glu Val His Leu Thr Asn Ile Gln Ala Arg Glu Glu Phe Arg
          100          105          110
aaa aat tct tac act gga gcg gct tgt gga ggc gtg atc atg gga ttt 384
Lys Asn Ser Tyr Thr Gly Ala Ala Cys Gly Gly Val Ile Met Gly Phe
          115          120          125
ggc ccg ctt ggc tac aac atg gct tta atg gcg atg gtc aat att tta 432
Gly Pro Leu Gly Tyr Asn Met Ala Leu Met Ala Met Val Asn Ile Leu
          130          135          140
gcc gaa atg aaa gcg ttc caa gaa gcc caa aaa aac aac cct aat aac 480
Ala Glu Met Lys Ala Phe Gln Glu Ala Gln Lys Asn Asn Pro Asn Asn
   145          150          155          160
ccc att aac aat caa aaa
Pro Ile Asn Asn Gln Lys 498
          165

<210> 52
<211> 166
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 52
Lys Ile Leu Val Ile Gln Gly Pro Asn Leu Asn Met Leu Gly His Arg
   1           5           10          15
Asp Pro Arg Leu Tyr Gly Met Val Thr Leu Asp Gln Ile His Glu Ile
          20          25          30
Met Gln Thr Phe Val Lys Gln Gly Asn Leu Asp Val Glu Leu Glu Phe
          35          40          45
Phe Gln Thr Asn Phe Glu Gly Glu Ile Ile Asp Lys Ile Gln Glu Ser
          50          55          60

```

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

&lt;210&gt; 53

&lt;211&gt; 75

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Helicobacter pylori

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(75)

&lt;400&gt; 53

caa tct ttg ata aca ata ata aat cgg cta atg caa aaa cag gac cag 48  
 Gln Ser Leu Ile Thr Ile Ile Asn Arg Leu Met Gln Lys Gln Asp Gln  
 1 5 10 15  
 cga cta tca tcg ctc aag gca caa aaa 75  
 Arg Leu Ser Ser Leu Lys Ala Gln Lys  
 20 25

&lt;210&gt; 54

&lt;211&gt; 25

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Helicobacter pylori

&lt;400&gt; 54

Gln Ser Leu Ile Thr Ile Ile Asn Arg Leu Met Gln Lys Gln Asp Gln  
 1 5 10 15  
 Arg Leu Ser Ser Leu Lys Ala Gln Lys  
 20 25

&lt;210&gt; 55

&lt;211&gt; 679

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Helicobacter pylori

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(678)

&lt;400&gt; 55

ttt aac aac agc gct tct ttt aat ttc aat aat tct aac gcg acc act 48  
 Phe Asn Asn Ser Ala Ser Phe Asn Phe Asn Asn Ser Asn Ala Thr Thr  
 1 5 10 15  
 tcg ttt gtg ggg gat ttc act aac gct aat tca aat ttg caa atc gcc 96  
 Ser Phe Val Gly Asp Phe Thr Asn Ala Asn Ser Asn Leu Gln Ile Ala  
 20 25 30  
 ggg aac gct gtt ttt ggg aac tct act aat ggc tct caa aat acc gct 144  
 Gly Asn Ala Val Phe Gly Asn Ser Thr Asn Gly Ser Gln Asn Thr Ala  
 35 40 45  
 aat ttt aat aat acc ggc tct gtt aat att tca ggg aat gca acc ttt 192  
 Asn Phe Asn Asn Thr Gly Ser Val Asn Ile Ser Gly Asn Ala Thr Phe  
 50 55 60  
 gat aat gtg gtg ttt aat ggc cct acg aac acg agc gtg aaa ggg cag 240  
 Asp Asn Val Val Phe Asn Gly Pro Thr Asn Thr Ser Val Lys Gly Gln  
 65 70 75 80  
 gtt act tta aat aac atc act tta aaa aac ctg aac gcc cct ttg tct 288

|       |                     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
|-------|---------------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--|
| Val   | Thr                 | Leu | Asn | Asn | Ile | Thr | Leu | Lys | Asn | Leu | Asn | Ala | Pro | Leu | Ser |     |  |
|       |                     |     | 85  |     |     |     |     |     | 90  |     |     |     |     | 95  |     |     |  |
| ttt   | ggc                 | gat | ggg | acg | att | act | ttt | aac | gct | cat | tcg | gtg | att | aat | att | 336 |  |
| Phe   | Gly                 | Asp | Gly | Thr | Ile | Thr | Phe | Asn | Ala | His | Ser | Val | Ile | Asn | Ile |     |  |
|       |                     |     | 100 |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |     |     |     |  |
| gct   | gaa                 | tct | atc | act | aat | ggc | aac | cct | atc | act | ctt | gta | agc | tct | tct | 384 |  |
| Ala   | Glu                 | Ser | Ile | Thr | Asn | Gly | Asn | Pro | Ile | Thr | Leu | Val | Ser | Ser | Ser |     |  |
|       |                     |     | 115 |     |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |     |     |     |     |  |
| aaa   | gaa                 | att | gaa | tac | aac | aac | gct | ttc | agt | aaa | aat | cta | tgg | cag | ctc | 432 |  |
| Lys   | Glu                 | Ile | Glu | Tyr | Asn | Asn | Ala | Phe | Ser | Lys | Asn | Leu | Trp | Gln | Leu |     |  |
|       |                     |     | 130 |     |     |     | 135 |     |     |     | 140 |     |     |     |     |     |  |
| atc   | aac                 | tac | caa | ggg | cat | ggg | gca | agc | agt | gaa | aag | ctc | gtc | tct | agc | 480 |  |
| Ile   | Asn                 | Tyr | Gln | Gly | His | Gly | Ala | Ser | Ser | Glu | Lys | Leu | Val | Ser | Ser |     |  |
| 145   |                     |     |     |     |     | 150 |     |     |     | 155 |     |     |     |     | 160 |     |  |
| gcg   | ggt                 | aat | ggc | gtt | tat | gat | gtg | gtg | tat | tct | ttc | aat | aac | caa | acc | 528 |  |
| Ala   | Gly                 | Asn | Gly | Val | Tyr | Asp | Val | Val | Tyr | Ser | Phe | Asn | Asn | Gln | Thr |     |  |
|       |                     |     |     | 165 |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     | 175 |     |     |  |
| tac   | aat                 | ttc | caa | gag | gtt | ttt | tca | caa | aac | agc | att | tct | atc | cgg | cgt | 576 |  |
| Tyr   | Asn                 | Phe | Gln | Glu | Val | Phe | Ser | Gln | Asn | Ser | Ile | Ser | Ile | Arg | Arg |     |  |
|       |                     |     | 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     | 190 |     |     |     |  |
| ttg   | ggc                 | gtt | aac | atg | gtg | ttt | gat | tat | gtg | gat | atg | gaa | aaa | tcg | gat | 624 |  |
| Leu   | Gly                 | Val | Asn | Met | Val | Phe | Asp | Tyr | Val | Asp | Met | Glu | Lys | Ser | Asp |     |  |
|       |                     |     | 195 |     |     |     | 200 |     |     |     |     | 205 |     |     |     |     |  |
| cat   | tta                 | tat | tat | caa | aac | gct | ctc | ggc | ttt | atg | acc | tac | atg | cct | aat | 672 |  |
| His   | Leu                 | Tyr | Tyr | Gln | Asn | Ala | Leu | Gly | Phe | Met | Thr | Tyr | Met | Pro | Asn |     |  |
|       |                     |     | 210 |     |     | 215 |     |     |     |     | 220 |     |     |     |     |     |  |
| agc   | tat                 | a   |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 679 |  |
| Ser   | Tyr                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
| 225   |                     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
| <210> | 56                  |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
| <211> | 226                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
| <212> | PRT                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
| <213> | Helicobacter pylori |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
| <400> | 56                  |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
| Phe   | Asn                 | Asn | Ser | Ala | Ser | Phe | Asn | Phe | Asn | Asn | Ser | Asn | Ala | Thr | Thr |     |  |
| 1     |                     |     |     | 5   |     |     |     |     | 10  |     |     |     |     | 15  |     |     |  |
| Ser   | Phe                 | Val | Gly | Asp | Phe | Thr | Asn | Ala | Asn | Ser | Asn | Leu | Gln | Ile | Ala |     |  |
|       |                     |     | 20  |     |     |     |     | 25  |     |     |     |     | 30  |     |     |     |  |
| Gly   | Asn                 | Ala | Val | Phe | Gly | Asn | Ser | Thr | Asn | Gly | Ser | Gln | Asn | Thr | Ala |     |  |
|       |                     |     | 35  |     |     |     | 40  |     |     |     |     | 45  |     |     |     |     |  |
| Asn   | Phe                 | Asn | Asn | Thr | Gly | Ser | Val | Asn | Ile | Ser | Gly | Asn | Ala | Thr | Phe |     |  |
|       |                     |     | 50  |     |     | 55  |     |     |     | 60  |     |     |     |     |     |     |  |
| Asp   | Asn                 | Val | Val | Phe | Asn | Gly | Pro | Thr | Asn | Thr | Ser | Val | Lys | Gly | Gln |     |  |
| 65    |                     |     |     | 70  |     |     |     |     | 75  |     |     |     |     | 80  |     |     |  |
| Val   | Thr                 | Leu | Asn | Asn | Ile | Thr | Leu | Lys | Asn | Leu | Asn | Ala | Pro | Leu | Ser |     |  |
|       |                     |     | 85  |     |     |     |     | 90  |     |     |     |     | 95  |     |     |     |  |
| Phe   | Gly                 | Asp | Gly | Thr | Ile | Thr | Phe | Asn | Ala | His | Ser | Val | Ile | Asn | Ile |     |  |
|       |                     |     | 100 |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |     |     |     |  |
| Ala   | Glu                 | Ser | Ile | Thr | Asn | Gly | Asn | Pro | Ile | Thr | Leu | Val | Ser | Ser | Ser |     |  |
|       |                     |     | 115 |     |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |     |     |     |     |  |
| Lys   | Glu                 | Ile | Glu | Tyr | Asn | Asn | Ala | Phe | Ser | Lys | Asn | Leu | Trp | Gln | Leu |     |  |
|       |                     |     | 130 |     |     |     | 135 |     |     |     | 140 |     |     |     |     |     |  |
| Ile   | Asn                 | Tyr | Gln | Gly | His | Gly | Ala | Ser | Ser | Glu | Lys | Leu | Val | Ser | Ser |     |  |
| 145   |                     |     |     |     | 150 |     |     |     |     | 155 |     |     |     |     | 160 |     |  |
| Ala   | Gly                 | Asn | Gly | Val | Tyr | Asp | Val | Val | Tyr | Ser | Phe | Asn | Asn | Gln | Thr |     |  |
|       |                     |     | 165 |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     |     | 175 |     |     |  |
| Tyr   | Asn                 | Phe | Gln | Glu | Val | Phe | Ser | Gln | Asn | Ser | Ile | Ser | Ile | Arg | Arg |     |  |
|       |                     |     | 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     | 190 |     |     |     |  |
| Leu   | Gly                 | Val | Asn | Met | Val | Phe | Asp | Tyr | Val | Asp | Met | Glu | Lys | Ser | Asp |     |  |
|       |                     |     | 195 |     |     |     | 200 |     |     |     |     | 205 |     |     |     |     |  |
| His   | Leu                 | Tyr | Tyr | Gln | Asn | Ala | Leu | Gly | Phe | Met | Thr | Tyr | Met | Pro | Asn |     |  |

```

210                215                220
Ser Tyr
225
<210> 57
<211> 750
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(750)
<400> 57
aac gcc acg atc aac gat tat gcg agc ttg att gcg agt aat ggc tct 48
Asn Ala Thr Ile Asn Asp Tyr Ala Ser Leu Ile Ala Ser Asn Gly Ser
1      5      10      15
cac ctt aat ttt aac ggg gcg gtt aat ttc aat tca gcg aat att act 96
His Leu Asn Phe Asn Gly Ala Val Asn Phe Asn Ser Ala Asn Ile Thr
20      25      30
acg agt ttg aat aat tcc tct atc gtg ttt aag ggg gcg gtc tct tta 144
Thr Ser Leu Asn Asn Ser Ser Ile Val Phe Lys Gly Ala Val Ser Leu
35      40      45
gga ggg cag ttt aat tta agc aat aac tct tct tta gat ttc caa ggc 192
Gly Gly Gln Phe Asn Leu Ser Asn Asn Ser Ser Leu Asp Phe Gln Gly
50      55      60
tct agc gct atc acc tct aac acg gcg ttt aat ttc tat gat aac gct 240
Ser Ser Ala Ile Thr Ser Asn Thr Ala Phe Asn Phe Tyr Asp Asn Ala
65      70      75      80
ttt tct caa agc ccc atc act ttc cat caa gcc ctt gac att aaa gcg 288
Phe Ser Gln Ser Pro Ile Thr Phe His Gln Ala Leu Asp Ile Lys Ala
85      90      95
ccc tta agt ttg gga ggc aac ctt tta aac cct aac aac agc agc gtg 336
Pro Leu Ser Leu Gly Gly Asn Leu Leu Asn Pro Asn Asn Ser Ser Val
100      105      110
ctg gat tta aaa aac agc cag ctt gtt ttt ggc gat caa ggg agt ttg 384
Leu Asp Leu Lys Asn Ser Gln Leu Val Phe Gly Asp Gln Gly Ser Leu
115      120      125
aat atc gct aac att gat tta cta agc gat cta aat gat aat aaa aat 432
Asn Ile Ala Asn Ile Asp Leu Leu Ser Asp Leu Asn Asp Asn Lys Asn
130      135      140
cgt gtg tat aac atc att caa gcg gac atg aat agt aat tgg tat gag 480
Arg Val Tyr Asn Ile Ile Gln Ala Asp Met Asn Ser Asn Trp Tyr Glu
145      150      155      160
cgt atc agc ttc ttt ggc atg cac atc aat gac ggg att tat gat gct 528
Arg Ile Ser Phe Phe Gly Met His Ile Asn Asp Gly Ile Tyr Asp Ala
165      170      175
aaa aac caa act tat agt ttc act aac ccc ctt aat aac gcc cta aaa 576
Lys Asn Gln Thr Tyr Ser Phe Thr Asn Pro Leu Asn Asn Ala Leu Lys
180      185      190
atc acc gag agc ttt aaa gac aac caa cta agc gtt acg ctc tct caa 624
Ile Thr Glu Ser Phe Lys Asp Asn Gln Leu Ser Val Thr Leu Ser Gln
195      200      205
atc ccg ggt att aaa aac acg ctc tat aac att ggc tct gaa att ttt 672
Ile Pro Gly Ile Lys Asn Thr Leu Tyr Asn Ile Gly Ser Glu Ile Phe
210      215      220
aac tac caa aaa gtt tat aac aac gct aat ggc gtg tat tct tat agc 720
Asn Tyr Gln Lys Val Tyr Asn Asn Ala Asn Gly Val Tyr Ser Tyr Ser
225      230      235      240
gat gat gca caa ggc gtg ttt tat ctc aca 750
Asp Asp Ala Gln Gly Val Phe Tyr Leu Thr
245      250
<210> 58
<211> 250

```

```

<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 58
Asn Ala Thr Ile Asn Asp Tyr Ala Ser Leu Ile Ala Ser Asn Gly Ser
 1           5           10           15
His Leu Asn Phe Asn Gly Ala Val Asn Phe Asn Ser Ala Asn Ile Thr
 20           25           30
Thr Ser Leu Asn Asn Ser Ser Ile Val Phe Lys Gly Ala Val Ser Leu
 35           40           45
Gly Gly Gln Phe Asn Leu Ser Asn Asn Ser Ser Leu Asp Phe Gln Gly
 50           55           60
Ser Ser Ala Ile Thr Ser Asn Thr Ala Phe Asn Phe Tyr Asp Asn Ala
 65           70           75           80
Phe Ser Gln Ser Pro Ile Thr Phe His Gln Ala Leu Asp Ile Lys Ala
 85           90           95
Pro Leu Ser Leu Gly Gly Asn Leu Leu Asn Pro Asn Asn Ser Ser Val
100           105           110
Leu Asp Leu Lys Asn Ser Gln Leu Val Phe Gly Asp Gln Gly Ser Leu
115           120           125
Asn Ile Ala Asn Ile Asp Leu Leu Ser Asp Leu Asn Asp Asn Lys Asn
130           135           140
Arg Val Tyr Asn Ile Ile Gln Ala Asp Met Asn Ser Asn Trp Tyr Glu
145           150           155           160
Arg Ile Ser Phe Phe Gly Met His Ile Asn Asp Gly Ile Tyr Asp Ala
165           170           175
Lys Asn Gln Thr Tyr Ser Phe Thr Asn Pro Leu Asn Asn Ala Leu Lys
180           185           190
Ile Thr Glu Ser Phe Lys Asp Asn Gln Leu Ser Val Thr Leu Ser Gln
195           200           205
Ile Pro Gly Ile Lys Asn Thr Leu Tyr Asn Ile Gly Ser Glu Ile Phe
210           215           220
Asn Tyr Gln Lys Val Tyr Asn Asn Ala Asn Gly Val Tyr Ser Tyr Ser
225           230           235           240
Asp Asp Ala Gln Gly Val Phe Tyr Leu Thr
245           250

<210> 59
<211> 989
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(987)
<400> 59
ctt atc aat ttc aaa ggg aat acg aat ttt aat caa gcc acg ctc aat 48
Leu Ile Asn Phe Lys Gly Asn Thr Asn Phe Asn Gln Ala Thr Leu Asn
 1           5           10           15
tta agg gct aaa aat atc cat atc aat ttc caa ggc gtt tct act ttt 96
Leu Arg Ala Lys Asn Ile His Ile Asn Phe Gln Gly Val Ser Thr Phe
 20           25           30
aaa caa aac tct acg atg aat tta gct gaa agt tcc caa gcg agc ttt 144
Lys Gln Asn Ser Thr Met Asn Leu Ala Glu Ser Ser Gln Ala Ser Phe
 35           40           45
aac gct ctt aaa gtg gaa ggg gaa acg aat ttc aat ctc aat aac tca 192
Asn Ala Leu Lys Val Glu Gly Glu Thr Asn Phe Asn Leu Asn Asn Ser
 50           55           60
agc ttg ttg aat ttc aat ggc aat agc gtt ttc aac gct cct gtg agt 240
Ser Leu Leu Asn Phe Asn Gly Asn Ser Val Phe Asn Ala Pro Val Ser
 65           70           75           80
ttt tat gct aat cat tct caa att tct ttc act aaa tta gcg act ttt 288
Phe Tyr Ala Asn His Ser Gln Ile Ser Phe Thr Lys Leu Ala Thr Phe
 85           90           95

```

|                                                                 |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|
| aat tct gac gct tct ttt gat tta agc aac aac agc acc ctg aat ttt | 336 |
| Asn Ser Asp Ala Ser Phe Asp Leu Ser Asn Asn Ser Thr Leu Asn Phe |     |
| 100 105 110                                                     |     |
| caa agc gtt ctt tta aat ggt gct cta aac ctt tta ggc aat ggc agt | 384 |
| Gln Ser Val Leu Leu Asn Gly Ala Leu Asn Leu Leu Gly Asn Gly Ser |     |
| 115 120 125                                                     |     |
| aac aat cta gcg atc aac gct aaa ggg aat ttt agt ttt ggg tct aaa | 432 |
| Asn Asn Leu Ala Ile Asn Ala Lys Gly Asn Phe Ser Phe Gly Ser Lys |     |
| 130 135 140                                                     |     |
| ggg att ttg aat ctg tct tat atg aat cta ttt ggg ggg gat aaa aaa | 480 |
| Gly Ile Leu Asn Leu Ser Tyr Met Asn Leu Phe Gly Gly Asp Lys Lys |     |
| 145 150 155 160                                                 |     |
| act tcc gtt tat gat gtg ttg caa gcc caa aat att gat ggc tta atg | 528 |
| Thr Ser Val Tyr Asp Val Leu Gln Ala Gln Asn Ile Asp Gly Leu Met |     |
| 165 170 175                                                     |     |
| ggg aat aac ggc tat gag aag atc cgt ttt tat ggc ata cag att gac | 576 |
| Gly Asn Asn Gly Tyr Glu Lys Ile Arg Phe Tyr Gly Ile Gln Ile Asp |     |
| 180 185 190                                                     |     |
| aag gct gat tac tcg ttt gat aac ggc gtt cat tct tgg aga ttc act | 624 |
| Lys Ala Asp Tyr Ser Phe Asp Asn Gly Val His Ser Trp Arg Phe Thr |     |
| 195 200 205                                                     |     |
| aac ccg ctc aat acg act gaa acg att aca gaa acc ttg cat aac aac | 672 |
| Asn Pro Leu Asn Thr Thr Glu Thr Ile Thr Glu Thr Leu His Asn Asn |     |
| 210 215 220                                                     |     |
| cgc ttg aaa gtg cag atc tct caa aac ggc gtt tct aat aat aag atg | 720 |
| Arg Leu Lys Val Gln Ile Ser Gln Asn Gly Val Ser Asn Asn Lys Met |     |
| 225 230 235 240                                                 |     |
| ttc aat ctc gct cct agc ttg tat gat tac caa aaa aac cct tat aat | 768 |
| Phe Asn Leu Ala Pro Ser Leu Tyr Asp Tyr Gln Lys Asn Pro Tyr Asn |     |
| 245 250 255                                                     |     |
| gaa acc gag aat tcc tat aat tac aca agc gat aag gtt ggc act tat | 816 |
| Glu Thr Glu Asn Ser Tyr Asn Tyr Thr Ser Asp Lys Val Gly Thr Tyr |     |
| 260 265 270                                                     |     |
| tat tta acg agc aat atc aaa ggc ttt aat caa aac aat aaa aca ccc | 864 |
| Tyr Leu Thr Ser Asn Ile Lys Gly Phe Asn Gln Asn Asn Lys Thr Pro |     |
| 275 280 285                                                     |     |
| ggg act tat aac gcg caa aac caa ccc tta caa gcc tta cac att tac | 912 |
| Gly Thr Tyr Asn Ala Gln Asn Gln Pro Leu Gln Ala Leu His Ile Tyr |     |
| 290 295 300                                                     |     |
| aat cag gct atc act aag caa gat ttg aac atg atc gcc agt ttg ggt | 960 |
| Asn Gln Ala Ile Thr Lys Gln Asp Leu Asn Met Ile Ala Ser Leu Gly |     |
| 305 310 315 320                                                 |     |
| aag gag ttt ttg cct aaa ata gcc aat ct                          | 989 |
| Lys Glu Phe Leu Pro Lys Ile Ala Asn                             |     |
| 325                                                             |     |
| <210> 60                                                        |     |
| <211> 329                                                       |     |
| <212> PRT                                                       |     |
| <213> Helicobacter pylori                                       |     |
| <400> 60                                                        |     |
| Leu Ile Asn Phe Lys Gly Asn Thr Asn Phe Asn Gln Ala Thr Leu Asn |     |
| 1 5 10 15                                                       |     |
| Leu Arg Ala Lys Asn Ile His Ile Asn Phe Gln Gly Val Ser Thr Phe |     |
| 20 25 30                                                        |     |
| Lys Gln Asn Ser Thr Met Asn Leu Ala Glu Ser Ser Gln Ala Ser Phe |     |
| 35 40 45                                                        |     |
| Asn Ala Leu Lys Val Glu Gly Glu Thr Asn Phe Asn Leu Asn Asn Ser |     |
| 50 55 60                                                        |     |
| Ser Leu Leu Asn Phe Asn Gly Asn Ser Val Phe Asn Ala Pro Val Ser |     |
| 65 70 75 80                                                     |     |
| Phe Tyr Ala Asn His Ser Gln Ile Ser Phe Thr Lys Leu Ala Thr Phe |     |

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

&lt;210&gt; 61

&lt;211&gt; 357

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Helicobacter pylori

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(357)

&lt;400&gt; 61

tta atg ctt aaa gac acg cat tta agg cat gtg aaa gat ctc aaa agc 48  
 Leu Met Leu Lys Asp Thr His Leu Arg His Val Lys Asp Leu Lys Ser  
 1 5 10 15  
 ttt tta acg cat gcc aga aaa aac ttg cct ttc acg gct aaa att gaa 96  
 Phe Leu Thr His Ala Arg Lys Asn Leu Pro Phe Thr Ala Lys Ile Glu  
 20 25 30  
 att gaa tgc gaa agc ttt gaa gag gcc aaa aac gcc atg aat gcg gga 144  
 Ile Glu Cys Glu Ser Phe Glu Glu Ala Lys Asn Ala Met Asn Ala Gly  
 35 40 45  
 gcg gat att gtg atg tgc gat aat ttg agc gtt tta gag act aaa gaa 192  
 Ala Asp Ile Val Met Cys Asp Asn Leu Ser Val Leu Glu Thr Lys Glu  
 50 55 60  
 att gcc gct tat aga gat gcg cat tat ccc ttt gtt tta ctg gaa gcg 240  
 Ile Ala Ala Tyr Arg Asp Ala His Tyr Pro Phe Val Leu Leu Glu Ala  
 65 70 75 80  
 agc ggg aac att tca cta gag agc att aac gct tac gct aaa agc ggc 288  
 Ser Gly Asn Ile Ser Leu Glu Ser Ile Asn Ala Tyr Ala Lys Ser Gly  
 85 90 95  
 gtg gat gcc att agc gta ggg gct tta atc cat caa gcc act ttt att 336  
 Val Asp Ala Ile Ser Val Gly Ala Leu Ile His Gln Ala Thr Phe Ile  
 100 105 110  
 gac atg cac atg aaa atg gct 357

Asp Met His Met Lys Met Ala  
115

<210> 62

<211> 119

<212> PRT

<213> Helicobacter pylori

<400> 62

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

<210> 63

<211> 437

<212> DNA

<213> Helicobacter pylori

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(435)

<400> 63

gtt ggc aat cta agg gat tta aac ccc ttg gat ttc agc gtg gat cat 48  
Val Gly Asn Leu Arg Asp Leu Asn Pro Leu Asp Phe Ser Val Asp His  
1 5 10 15  
gtg gat ttg gaa tgg ttt gaa acg agg aaa aaa atc gct cgt ttt aaa 96  
Val Asp Leu Glu Trp Phe Glu Thr Arg Lys Lys Ile Ala Arg Phe Lys  
20 25 30  
acc agg caa ggc aaa gac ata gcc ata cgc ctt aaa gac gct ccc aag 144  
Thr Arg Gln Gly Lys Asp Ile Ala Ile Arg Leu Lys Asp Ala Pro Lys  
35 40 45  
ttg ggg ctc tct caa ggg gat att tta ttt aaa gaa gag aag gaa att 192  
Leu Gly Leu Ser Gln Gly Asp Ile Leu Phe Lys Glu Glu Lys Glu Ile  
50 55 60  
atc gcc gtt aat atc ttg gat tct gaa gtc att cac atc caa gcc aag 240  
Ile Ala Val Asn Ile Leu Asp Ser Glu Val Ile His Ile Gln Ala Lys  
65 70 75 80  
agc gtg gca gaa gta gcg aaa ata tgc tat gaa ata gga aac cgc cat 288  
Ser Val Ala Glu Val Ala Lys Ile Cys Tyr Glu Ile Gly Asn Arg His  
85 90 95  
gcg gct tta tac tat ggc gag tct caa ttt gaa ttt aaa aca cca ttt 336  
Ala Ala Leu Tyr Tyr Gly Glu Ser Gln Phe Glu Phe Lys Thr Pro Phe  
100 105 110  
gaa aag ccc acg cta gcg tta tta gaa aag cta ggg gtt caa aat cgt 384  
Glu Lys Pro Thr Leu Ala Leu Leu Glu Lys Leu Gly Val Gln Asn Arg  
115 120 125  
gtt tta agt tca aaa ttg gat tcc aaa gaa cgc tta acc gtg agc atg 432  
Val Leu Ser Ser Lys Leu Asp Ser Lys Glu Arg Leu Thr Val Ser Met  
130 135 140  
ccc ca 437  
Pro  
145

```

<210> 64
<211> 145
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 64
Val Gly Asn Leu Arg Asp Leu Asn Pro Leu Asp Phe Ser Val Asp His
 1      5      10      15
Val Asp Leu Glu Trp Phe Glu Thr Arg Lys Lys Ile Ala Arg Phe Lys
 20      25      30
Thr Arg Gln Gly Lys Asp Ile Ala Ile Arg Leu Lys Asp Ala Pro Lys
 35      40      45
Leu Gly Leu Ser Gln Gly Asp Ile Leu Phe Lys Glu Glu Lys Glu Ile
 50      55      60
Ile Ala Val Asn Ile Leu Asp Ser Glu Val Ile His Ile Gln Ala Lys
 65      70      75      80
Ser Val Ala Glu Val Ala Lys Ile Cys Tyr Glu Ile Gly Asn Arg His
 85      90      95
Ala Ala Leu Tyr Tyr Gly Glu Ser Gln Phe Glu Phe Lys Thr Pro Phe
 100     105     110
Glu Lys Pro Thr Leu Ala Leu Leu Glu Lys Leu Gly Val Gln Asn Arg
 115     120     125
Val Leu Ser Ser Lys Leu Asp Ser Lys Glu Arg Leu Thr Val Ser Met Pro
 130     135     140     145
<210> 65
<211> 831
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(831)
<400> 65
agc act ggt gat gtt agt gaa caa ata gaa cta gaa caa gaa aaa caa 48
Ser Thr Gly Asp Val Ser Glu Gln Ile Glu Leu Glu Gln Glu Lys Gln
 1      5      10      15
aag acg agc aat ata gag act aac aat caa ata aaa gta gaa caa gaa 96
Lys Thr Ser Asn Ile Glu Thr Asn Asn Gln Ile Lys Val Glu Gln Glu
 20      25      30
aaa caa aag aca agc aat ata gag act aat aat caa ata aaa gta gaa 144
Lys Gln Lys Thr Ser Asn Ile Glu Thr Asn Asn Gln Ile Lys Val Glu
 35      40      45
caa gaa caa caa aag aca agc aat aca cag aaa gat ttg gtt aaa gaa 192
Gln Glu Gln Gln Lys Thr Ser Asn Thr Gln Lys Asp Leu Val Lys Glu
 50      55      60
cag aaa gat ttg gtt aaa gaa cag aaa gat ttg gtt aaa gaa cag aaa 240
Gln Lys Asp Leu Val Lys Glu Gln Lys Asp Leu Val Lys Glu Gln Lys
 65      70      75      80
gat ttg gtt aaa gaa cag aaa gat ttg gtt aaa aca cag aaa gat ttc 288
Asp Leu Val Lys Glu Gln Lys Asp Leu Val Lys Thr Gln Lys Asp Phe
 85      90      95
att aaa tat gta gaa caa aat tgc caa gaa aat cat aat caa ttc ttt 336
Ile Lys Tyr Val Glu Gln Asn Cys Gln Glu Asn His Asn Gln Phe Phe
 100     105     110
att gaa aaa gga gga att aag gct ggt att ggt ata gaa gta gaa gct 384
Ile Glu Lys Gly Gly Ile Lys Ala Gly Ile Gly Ile Glu Val Glu Ala
 115     120     125
gaa tgc aaa acc cct aaa cct gca aaa acc aat caa acc cct atc cag 432
Glu Cys Lys Thr Pro Lys Pro Ala Lys Thr Asn Gln Thr Pro Ile Gln
 130     135     140
cca aaa cac ctc cca aac tct aaa caa ccc cgc tct caa aga gga tca 480
Pro Lys His Leu Pro Asn Ser Lys Gln Pro Arg Ser Gln Arg Gly Ser
 145     150     155     160

```

```

aaa gcg caa gag ctt atc gct tat ttg caa aaa gag cta gaa ttt ctg 528
Lys Ala Gln Glu Leu Ile Ala Tyr Leu Gln Lys Glu Leu Glu Phe Leu
165 170 175
ccc tat tcg caa aaa gct atc gct aaa caa gtg gat ttt tac agg cca 576
Pro Tyr Ser Gln Lys Ala Ile Ala Lys Gln Val Asp Phe Tyr Arg Pro
180 185 190
agt tct atc gct tat tta gaa cta gat cct aga gat ttt aag gtt aca 624
Ser Ser Ile Ala Tyr Leu Glu Leu Asp Pro Arg Asp Phe Lys Val Thr
195 200 205
gaa gaa tgg caa aaa gaa aat cta aaa ata cgc tct aaa gct caa gct 672
Glu Glu Trp Gln Lys Glu Asn Leu Lys Ile Arg Ser Lys Ala Gln Ala
210 215 220
aaa atg ctt gaa atg aga aac cca caa gcc cac ctt tca aac tct caa 720
Lys Met Leu Glu Met Arg Asn Pro Gln Ala His Leu Ser Asn Ser Gln
225 230 235 240
agc ctt ttg ttc gtt caa aaa ata ttt gct gat gtt aat aaa gaa ata 768
Ser Leu Leu Phe Val Gln Lys Ile Phe Ala Asp Val Asn Lys Glu Ile
245 250 255
gaa gca gtt gct aat act gaa aag aaa gca gaa aaa gcg ggt tat ggt 816
Glu Ala Val Ala Asn Thr Glu Lys Lys Ala Glu Lys Ala Gly Tyr Gly
260 265 270
tat agt aaa agg atg 831
Tyr Ser Lys Arg Met
275
<210> 66
<211> 277
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 66
Ser Thr Gly Asp Val Ser Glu Gln Ile Glu Leu Glu Gln Glu Lys Gln
1 5 10 15
Lys Thr Ser Asn Ile Glu Thr Asn Asn Gln Ile Lys Val Glu Gln Glu
20 25 30
Lys Gln Lys Thr Ser Asn Ile Glu Thr Asn Asn Gln Ile Lys Val Glu
35 40 45
Gln Glu Gln Gln Lys Thr Ser Asn Thr Gln Lys Asp Leu Val Lys Glu
50 55 60
Gln Lys Asp Leu Val Lys Glu Gln Lys Asp Leu Val Lys Glu Gln Lys
65 70 75 80
Asp Leu Val Lys Glu Gln Lys Asp Leu Val Lys Thr Gln Lys Asp Phe
85 90 95
Ile Lys Tyr Val Glu Gln Asn Cys Gln Glu Asn His Asn Gln Phe Phe
100 105 110
Ile Glu Lys Gly Gly Ile Lys Ala Gly Ile Gly Ile Glu Val Glu Ala
115 120 125
Glu Cys Lys Thr Pro Lys Pro Ala Lys Thr Asn Gln Thr Pro Ile Gln
130 135 140
Pro Lys His Leu Pro Asn Ser Lys Gln Pro Arg Ser Gln Arg Gly Ser
145 150 155 160
Lys Ala Gln Glu Leu Ile Ala Tyr Leu Gln Lys Glu Leu Glu Phe Leu
165 170 175
Pro Tyr Ser Gln Lys Ala Ile Ala Lys Gln Val Asp Phe Tyr Arg Pro
180 185 190
Ser Ser Ile Ala Tyr Leu Glu Leu Asp Pro Arg Asp Phe Lys Val Thr
195 200 205
Glu Glu Trp Gln Lys Glu Asn Leu Lys Ile Arg Ser Lys Ala Gln Ala
210 215 220
Lys Met Leu Glu Met Arg Asn Pro Gln Ala His Leu Ser Asn Ser Gln
225 230 235 240
Ser Leu Leu Phe Val Gln Lys Ile Phe Ala Asp Val Asn Lys Glu Ile
245 250 255

```

|       |                     |       |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-------|---------------------|-------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Glu   | Ala                 | Val   | Ala | Asn | Thr | Glu | Lys | Lys | Ala | Glu | Lys | Ala | Gly | Tyr | Gly |     |
|       |                     |       | 260 |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     | 270 |     |     |     |
| Tyr   | Ser                 | Lys   | Arg | Met |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|       |                     | 275   |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <210> | 67                  |       |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <211> | 915                 |       |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <212> | DNA                 |       |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <213> | Helicobacter pylori |       |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <220> |                     |       |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <221> | CDS                 |       |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <222> | (1)..(915)          |       |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <400> | 67                  |       |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| aaa   | gaa                 | tgg   | att | gtt | gca | ttt | gat | gaa | gac | gcc | cct | aaa | ttt | gaa | gct | 48  |
| Lys   | Glu                 | Trp   | Ile | Val | Ala | Phe | Asp | Glu | Asp | Ala | Pro | Lys | Phe | Glu | Ala |     |
| 1     |                     |       |     | 5   |     |     |     |     | 10  |     |     |     |     | 15  |     |     |
| agt   | ggg                 | gaa   | tat | tgc | gtg | agc | acg | gat | agt | ttt | gtc | atc | acg | ccc | tta | 96  |
| Ser   | Gly                 | Glu   | Tyr | Cys | Val | Ser | Thr | Asp | Ser | Phe | Val | Ile | Thr | Pro | Leu |     |
|       |                     |       | 20  |     |     |     |     | 25  |     |     |     |     | 30  |     |     |     |
| att   | ttt                 | aat   | ggg | ggc | gat | ata | ggc | aag | ctt | tgc | gtt | tgc | ggg | agt | gcg | 144 |
| Ile   | Phe                 | Asn   | Gly | Gly | Asp | Ile | Gly | Lys | Leu | Cys | Val | Cys | Gly | Ser | Ala |     |
|       |                     | 35    |     |     |     |     | 40  |     |     |     |     | 45  |     |     |     |     |
| aat   | gat                 | gtg   | agc | gtg | caa | ggg | ggc | gaa | cct | ttg | tat | ttg | aat | atg | ggt | 192 |
| Asn   | Asp                 | Val   | Ser | Val | Gln | Gly | Gly | Glu | Pro | Leu | Tyr | Leu | Asn | Met | Gly |     |
|       | 50                  |       |     |     |     | 55  |     |     |     |     | 60  |     |     |     |     |     |
| ttt   | att                 | tta   | gaa | gaa | ggc | tta | gaa | att | tct | ctt | tta | aaa | caa | att | tta | 240 |
| Phe   | Ile                 | Leu   | Glu | Glu | Gly | Leu | Glu | Ile | Ser | Leu | Leu | Lys | Gln | Ile | Leu |     |
| 65    |                     |       |     | 70  |     |     |     |     |     | 75  |     |     |     |     | 80  |     |
| caa   | tcc                 | ata   | caa | aaa | gaa | ttg | ttt | aaa | gcc | aac | ctg | aaa | ctc | ctc | tcc | 288 |
| Gln   | Ser                 | Ile   | Gln | Lys | Glu | Leu | Phe | Lys | Ala | Asn | Leu | Lys | Leu | Leu | Ser |     |
|       |                     |       |     | 85  |     |     |     |     | 90  |     |     |     |     | 95  |     |     |
| cta   | gac                 | act   | aaa | gtc | gtg | cca | aag | ggg | agc | gtg | gat | aag | ctt | ttt | atc | 336 |
| Leu   | Asp                 | Thr   | Lys | Val | Val | Pro | Lys | Gly | Ser | Val | Asp | Lys | Leu | Phe | Ile |     |
|       |                     |       | 100 |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |     |     |     |
| aac   | aca                 | acc   | tgc | att | ggg | aaa | atc | atc | aag | cca | ggg | att | tct | tgc | tac | 384 |
| Asn   | Thr                 | Thr   | Cys | Ile | Gly | Lys | Ile | Ile | Lys | Pro | Gly | Ile | Ser | Ser | Tyr |     |
|       |                     | 115   |     |     |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |     |     |     |     |
| cat   | tta                 | caa   | caa | ggg | caa | gcc | att | atc | cta | agc | gac | act | atc | gcc | aat | 432 |
| His   | Leu                 | Gln   | Gln | Gly | Gln | Ala | Ile | Ile | Leu | Ser | Asp | Thr | Ile | Ala | Asn |     |
|       |                     |       |     |     |     | 135 |     |     |     |     | 140 |     |     |     |     |     |
| cat   | ggg                 | gca   | agc | tta | ttt | gcg | atg | cgt | aat | gaa | atc | aag | ctt | aaa | acg | 480 |
| His   | Gly                 | Ala   | Ser | Leu | Phe | Ala | Met | Arg | Asn | Glu | Ile | Lys | Leu | Lys | Thr |     |
| 145   |                     |       |     | 150 |     |     |     |     |     | 155 |     |     |     | 160 |     |     |
| aat   | cta                 | gaa</ |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |

```

Ile Leu Lys Ser Asn Glu Lys Ala Lys Asn Ala Cys Val Ile Gly Lys
      260      265      270
gtg ttt gaa aac cct tat cct agc gtg gtt tta aag aac gca tgg ggt 864
Val Phe Glu Asn Pro Tyr Pro Ser Val Val Leu Lys Asn Ala Trp Gly
      275      280      285
ttt gaa agg att tta gag gtg cca gag ggc gaa tta ttg cct agg att 912
Phe Glu Arg Ile Leu Glu Val Pro Glu Gly Glu Leu Leu Pro Arg Ile
      290      295      300
tgt
Cys
305
<210> 68
<211> 305
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 68
Lys Glu Trp Ile Val Ala Phe Asp Glu Asp Ala Pro Lys Phe Glu Ala
  1      5      10      15
Ser Gly Glu Tyr Cys Val Ser Thr Asp Ser Phe Val Ile Thr Pro Leu
      20      25      30
Ile Phe Asn Gly Gly Asp Ile Gly Lys Leu Cys Val Cys Gly Ser Ala
      35      40      45
Asn Asp Val Ser Val Gln Gly Gly Glu Pro Leu Tyr Leu Asn Met Gly
      50      55      60
Phe Ile Leu Glu Glu Gly Leu Glu Ile Ser Leu Leu Lys Gln Ile Leu
      65      70      75      80
Gln Ser Ile Gln Lys Glu Leu Phe Lys Ala Asn Leu Lys Leu Leu Ser
      85      90      95
Leu Asp Thr Lys Val Val Pro Lys Gly Ser Val Asp Lys Leu Phe Ile
      100      105      110
Asn Thr Thr Cys Ile Gly Lys Ile Ile Lys Pro Gly Ile Ser Ser Tyr
      115      120      125
His Leu Gln Gln Gly Gln Ala Ile Ile Leu Ser Asp Thr Ile Ala Asn
      130      135      140
His Gly Ala Ser Leu Phe Ala Met Arg Asn Glu Ile Lys Leu Lys Thr
      145      150      155      160
Asn Leu Glu Ser Asp Cys Gln Leu Leu Tyr Pro Leu Leu Lys Pro Leu
      165      170      175
Phe Leu Ser Asp Leu Lys Ile Asp Ala Leu Arg Asp Ala Thr Arg Gly
      180      185      190
Gly Leu Ala Ser Val Leu Asn Glu Trp Ala Asn Ser Ser Arg Val Lys
      195      200      205
Ile Val Ile Glu Glu Glu Lys Ile Pro Leu Lys Glu Glu Thr Lys Gly
      210      215      220
Ile Cys Glu Ile Leu Gly Leu Glu Pro Tyr Ala Leu Ala Asn Glu Gly
      225      230      235      240
Val Phe Val Leu Ala Leu Asn Gln Lys Asp Ala Pro Lys Ala Leu Glu
      245      250      255
Ile Leu Lys Ser Asn Glu Lys Ala Lys Asn Ala Cys Val Ile Gly Lys
      260      265      270
Val Phe Glu Asn Pro Tyr Pro Ser Val Val Leu Lys Asn Ala Trp Gly
      275      280      285
Phe Glu Arg Ile Leu Glu Val Pro Glu Gly Glu Leu Leu Pro Arg Ile
      290      295      300
Cys
305
<210> 69
<211> 1977
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>

```

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(1977)

&lt;400&gt; 69

|                                                                 |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|
| ttg aat ttg ctc agc caa atc cct aaa gat tta ggc gtg tgc aag gat | 48  |
| Leu Asn Leu Leu Ser Gln Ile Pro Lys Asp Leu Gly Val Cys Lys Asp |     |
| 1 5 10 15                                                       |     |
| tgc ttg aga gaa atc agg gat aaa aac tcc ccc tat ttt cat tac gct | 96  |
| Cys Leu Arg Glu Ile Arg Asp Lys Asn Ser Pro Tyr Phe His Tyr Ala |     |
| 20 25 30                                                        |     |
| ttc aat tct tgc gcg aag tgt ggg gcg aga tac agc ctt tta aac gct | 144 |
| Phe Asn Ser Cys Ala Lys Cys Gly Ala Arg Tyr Ser Leu Leu Asn Ala |     |
| 35 40 45                                                        |     |
| ttg ccc tat gac aga gaa aac tcc gcc cta aaa ccc ttc aaa ctc tgc | 192 |
| Leu Pro Tyr Asp Arg Glu Asn Ser Ala Leu Lys Pro Phe Lys Leu Cys |     |
| 50 55 60                                                        |     |
| gat ttt tgt gct tct atc tat caa gac ccc acc aat aag cgc ttc cac | 240 |
| Asp Phe Cys Ala Ser Ile Tyr Gln Asp Pro Thr Asn Lys Arg Phe His |     |
| 65 70 75 80                                                     |     |
| att caa ggc atc agc tgc aaa aag tgc ggt atc gcg ctc aat tac aag | 288 |
| Ile Gln Gly Ile Ser Cys Lys Lys Cys Gly Ile Ala Leu Asn Tyr Lys |     |
| 85 90 95                                                        |     |
| cga ttc aaa aac gat gac gct ctt tta gaa tgc gct aaa gac att caa | 336 |
| Arg Phe Lys Asn Asp Asp Ala Leu Leu Glu Cys Ala Lys Asp Ile Gln |     |
| 100 105 110                                                     |     |
| aag ggt aaa atc atc gct ctt aaa ggt ttg gga ggc ttt gct ctc ttg | 384 |
| Lys Gly Lys Ile Ile Ala Leu Lys Gly Leu Gly Gly Phe Ala Leu Leu |     |
| 115 120 125                                                     |     |
| tgc gat gga agg aat ttt caa acc ata gaa aga tta cgg ctt tta aaa | 432 |
| Cys Asp Gly Arg Asn Phe Gln Thr Ile Glu Arg Leu Arg Leu Leu Lys |     |
| 130 135 140                                                     |     |
| aac cgc ccc cta aag cct ttc gca ctc atg ttt aaa gat ttg aac aca | 480 |
| Asn Arg Pro Leu Lys Pro Phe Ala Leu Met Phe Lys Asp Leu Asn Thr |     |
| 145 150 155 160                                                 |     |
| gcc aaa cag cat gcg ttt ttg aac gcg tta gaa tgc gag agc tta att | 528 |
| Ala Lys Gln His Ala Phe Leu Asn Ala Leu Glu Cys Glu Ser Leu Ile |     |
| 165 170 175                                                     |     |
| tct aca agc gcc ccc att ctt tta gcg cgt aaa aaa cct gat ata aaa | 576 |
| Ser Thr Ser Ala Pro Ile Leu Leu Ala Arg Lys Lys Pro Asp Ile Lys |     |
| 180 185 190                                                     |     |
| tta gcc ccc aat atc gct aaa aac tcc ccc ttt tat ggc gtg att ttg | 624 |
| Leu Ala Pro Asn Ile Ala Lys Asn Ser Pro Phe Tyr Gly Val Ile Leu |     |
| 195 200 205                                                     |     |
| ccc tat acc cct ttg cat gct tta ttg ctg gat tta ttg gat ttc cct | 672 |
| Pro Tyr Thr Pro Leu His Ala Leu Leu Leu Asp Leu Leu Asp Phe Pro |     |
| 210 215 220                                                     |     |
| att gtg ttc acg agc gcg aat ttc agc tcc ctc cct tta gcg agc gat | 720 |
| Ile Val Phe Thr Ser Ala Asn Phe Ser Ser Leu Pro Leu Ala Ser Asp |     |
| 225 230 235 240                                                 |     |
| gag gct gag att gac gcc ttg agt ttc att ttt gat ttt aag ctc acg | 768 |
| Glu Ala Glu Ile Asp Ala Leu Ser Phe Ile Phe Asp Phe Lys Leu Thr |     |
| 245 250 255                                                     |     |
| cac aac cgc gct atc atc cat agg att gat gac agc atc gtg cag cat | 816 |
| His Asn Arg Ala Ile Ile His Arg Ile Asp Asp Ser Ile Val Gln His |     |
| 260 265 270                                                     |     |
| gtg gat aat gcc att cgc ccc atg cgt ttg gct agg ggg ttt gcc ccc | 864 |
| Val Asp Asn Ala Ile Arg Pro Met Arg Leu Ala Arg Gly Phe Ala Pro |     |
| 275 280 285                                                     |     |
| ctt tac ctc acc ttg cct aaa cgc tct aat ggt tcg cca aaa aag att | 912 |
| Leu Tyr Leu Thr Leu Pro Lys Arg Ser Asn Gly Ser Pro Lys Lys Ile |     |
| 290 295 300                                                     |     |
| tta gcg ctt gga gcg caa caa aaa ggg cat ttt agc tta ttg gat agc | 960 |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|------|
| Leu | Ala | Leu | Gly | Ala | Gln | Gln | Lys | Gly | His | Phe | Ser | Leu | Leu | Asp | Ser |      |
| 305 |     |     |     |     | 310 |     |     |     |     | 315 |     |     |     |     | 320 |      |
| gga | act | tcc | att | ctt | tta | ctc | tgc | cct | ttt | tgt | ggg | gat | ttg | agc | gtt | 1008 |
| Gly | Thr | Ser | Ile | Leu | Leu | Leu | Ser | Pro | Phe | Cys | Gly | Asp | Leu | Ser | Val |      |
|     |     |     |     | 325 |     |     |     |     | 330 |     |     |     |     | 335 |     |      |
| tta | gaa | aat | gaa | aaa | cac | ttt | aaa | gaa | act | ttg | aat | ttt | ttc | tta | aaa | 1056 |
| Leu | Glu | Asn | Glu | Lys | His | Phe | Lys | Glu | Thr | Leu | Asn | Phe | Phe | Leu | Lys |      |
|     |     |     |     | 340 |     |     |     |     | 345 |     |     |     | 350 |     |     |      |
| acc | tat | gat | ttt | aaa | ccc | acc | atc | tta | gct | tgc | gac | aag | cat | caa | aac | 1104 |
| Thr | Tyr | Asp | Phe | Lys | Pro | Thr | Ile | Leu | Ala | Cys | Asp | Lys | His | Gln | Asn |      |
|     |     |     |     | 355 |     |     | 360 |     |     |     |     |     | 365 |     |     |      |
| tac | acc | acc | act | caa | atg | gct | ttt | gat | ttt | aat | acg | ccc | ttg | ttg | caa | 1152 |
| Tyr | Thr | Thr | Thr | Gln | Met | Ala | Phe | Asp | Phe | Asn | Thr | Pro | Leu | Leu | Gln |      |
|     |     |     |     | 370 |     |     | 375 |     |     |     |     | 380 |     |     |     |      |
| gtc | cag | cac | cac | cat | gcc | cac | ttt | tta | gcg | agc | gtc | tta | gac | gca | ttg | 1200 |
| Val | Gln | His | His | His | Ala | His | Phe | Leu | Ala | Ser | Val | Leu | Asp | Ala | Leu |      |
|     |     |     |     |     | 390 |     |     |     |     | 395 |     |     |     | 400 |     |      |
| tta | caa | gat | ccg | cat | tta | aat | cac | ccc | ttt | ata | ggc | att | gtc | tgg | gat | 1248 |
| Leu | Gln | Asp | Pro | His | Leu | Asn | His | Pro | Phe | Ile | Gly | Ile | Val | Trp | Asp |      |
|     |     |     |     | 405 |     |     |     |     | 410 |     |     |     |     | 415 |     |      |
| ggg | agt | ggg | gct | tat | gaa | aat | aag | att | tat | ggg | gcg | gag | tgt | ttt | gtg | 1296 |
| Gly | Ser | Gly | Ala | Tyr | Glu | Asn | Lys | Ile | Tyr | Gly | Ala | Glu | Cys | Phe | Val |      |
|     |     |     |     | 420 |     |     |     | 425 |     |     |     |     | 430 |     |     |      |
| ggg | gat | ttg | gaa | cgc | att | gaa | gaa | acc | gcc | agg | ttt | gaa | gaa | ttt | tgg | 1344 |
| Gly | Asp | Leu | Glu | Arg | Ile | Glu | Glu | Thr | Ala | Arg | Phe | Glu | Glu | Phe | Trp |      |
|     |     |     |     | 435 |     |     | 440 |     |     |     |     | 445 |     |     |     |      |
| ctt | tta | ggg | ggg | caa | aaa | gcg | atc | aaa | gag | cct | aga | cgc | ctg | gtt | tta | 1392 |
| Leu | Leu | Gly | Gly | Gln | Lys | Ala | Ile | Lys | Glu | Pro | Arg | Arg | Leu | Val | Leu |      |
|     |     |     |     | 450 |     |     | 455 |     |     |     | 460 |     |     |     |     |      |
| gaa | atc | gct | tta | aaa | cac | caa | ctc | aac | aag | ctt | tta | aag | cgc | gtt | caa | 1440 |
| Glu | Ile | Ala | Leu | Lys | His | Gln | Leu | Asn | Lys | Leu | Leu | Lys | Arg | Val | Gln |      |
|     |     |     |     |     | 470 |     |     |     |     | 475 |     |     |     | 480 |     |      |
| aag | cat | ttt | aaa | gaa | gac | gaa | tta | gaa | att | ttc | caa | caa | atg | cat | gac | 1488 |
| Lys | His | Phe | Lys | Glu | Asp | Glu | Leu | Glu | Ile | Phe | Gln | Gln | Met | His | Asp |      |
|     |     |     |     | 485 |     |     |     |     | 490 |     |     |     |     | 495 |     |      |
| aaa | aaa | att | caa | agc | ata | gcc | acc | aat | tcc | ata | ggg | cgt | ttg | ttt | gat | 1536 |
| Lys | Lys | Ile | Gln | Ser | Ile | Ala | Thr | Asn | Ser | Ile | Gly | Arg | Leu | Phe | Asp |      |
|     |     |     |     | 500 |     |     |     | 505 |     |     |     |     | 510 |     |     |      |
| ata | gta | gcg | ttt | agt | ttg | gat | tta | aca | gga | acg | att | agc | ttt | gaa | gca | 1584 |
| Ile | Val | Ala | Phe | Ser | Leu | Asp | Leu | Thr | Gly | Thr | Ile | Ser | Phe | Glu | Ala |      |
|     |     |     |     | 515 |     |     | 520 |     |     |     |     | 525 |     |     |     |      |
| gag | agc | ggg | cag | gtt | tta | gaa | aat | cta | gcc | tta | caa | agc | gat | gag | atc | 1632 |
| Glu | Ser | Gly | Gln | Val | Leu | Glu | Asn | Leu | Ala | Leu | Gln | Ser | Asp | Glu | Ile |      |
|     |     |     |     | 530 |     |     | 535 |     |     |     | 540 |     |     |     |     |      |
| gct | ttt | tac | cct | ttt | gaa | atc | aaa | aac | agc | gtg | gtg | tgt | ttg | aaa | gaa | 1680 |
| Ala | Phe | Tyr | Pro | Phe | Glu | Ile | Lys | Asn | Ser | Val | Val | Cys | Leu | Lys | Glu |      |
|     |     |     |     |     | 545 |     | 550 |     |     | 555 |     |     |     | 560 |     |      |
| ttt | tat | caa | gcg | ttt | gaa | aag | gat | ttg | ggc | gtt | tta | gag | cct | gaa | cgc | 1728 |
| Phe | Tyr | Gln | Ala | Phe | Glu | Lys | Asp | Leu | Gly | Val | Leu | Glu | Pro | Glu | Arg |      |
|     |     |     |     | 565 |     |     |     |     | 570 |     |     |     |     | 575 |     |      |
| atc | gct | aag | aaa | ttt | ttt | aac | agc | cta | gta | gaa | atc | att | acc | gct | tta | 1776 |
| Ile | Ala | Lys | Lys | Phe | Phe | Asn | Ser | Leu | Val | Glu | Ile | Ile | Thr | Ala | Leu |      |
|     |     |     |     | 580 |     |     |     | 585 |     |     |     |     | 590 |     |     |      |
| atc | gtg | cct | ttt | aaa | gag | cat | gtg | gtg | gtg | tgc | agt | ggg | ggc | gtg | ttt | 1824 |
| Ile | Val | Pro | Phe | Lys | Glu | His | Val | Val | Val | Cys | Ser | Gly | Gly | Val | Phe |      |
|     |     |     |     | 595 |     |     | 600 |     |     |     |     | 605 |     |     |     |      |
| tgc | aac | caa | tta | tta | tgc | gaa | caa | tta | gcc | aaa | cga | ttg | aga | ggg | cta | 1872 |
| Cys | Asn | Gln | Leu | Leu | Cys | Glu | Gln | Leu | Ala | Lys | Arg | Leu | Arg | Gly | Leu |      |
|     |     |     |     | 610 |     |     | 615 |     |     |     | 620 |     |     |     |     |      |
| aag | agg | cag | tat | ttt | ttc | cac | aag | cat | ttc | ccc | cct | aat | gac | agc | agt | 1920 |
| Lys | Arg | Gln | Tyr | Phe | Phe | His | Lys | His | Phe | Pro | Pro | Asn | Asp | Ser | Ser |      |

625                                  630                                  635                                  640  
 atc cct atc ggt caa gcc tta atg gcg tat ttc aac cct aca atc atc 1968  
 Ile Pro Ile Gly Gln Ala Leu Met Ala Tyr Phe Asn Pro Thr Ile Ile  
                                 645                                  650                                  655  
 aaa aaa gga 1977  
 Lys Lys Gly  
 <210> 70  
 <211> 659  
 <212> PRT  
 <213> Helicobacter pylori  
 <400> 70  
 Leu Asn Leu Leu Ser Gln Ile Pro Lys Asp Leu Gly Val Cys Lys Asp  
   1                                5                                10                                15  
 Cys Leu Arg Glu Ile Arg Asp Lys Asn Ser Pro Tyr Phe His Tyr Ala  
                                 20                                25                                30  
 Phe Asn Ser Cys Ala Lys Cys Gly Ala Arg Tyr Ser Leu Leu Asn Ala  
                                 35                                40                                45  
 Leu Pro Tyr Asp Arg Glu Asn Ser Ala Leu Lys Pro Phe Lys Leu Cys  
                                 50                                55                                60  
 Asp Phe Cys Ala Ser Ile Tyr Gln Asp Pro Thr Asn Lys Arg Phe His  
                                 65                                70                                75                                80  
 Ile Gln Gly Ile Ser Cys Lys Lys Cys Gly Ile Ala Leu Asn Tyr Lys  
                                 85                                90                                95  
 Arg Phe Lys Asn Asp Asp Ala Leu Leu Glu Cys Ala Lys Asp Ile Gln  
                                 100                                105                                110  
 Lys Gly Lys Ile Ile Ala Leu Lys Gly Leu Gly Gly Phe Ala Leu Leu  
                                 115                                120                                125  
 Cys Asp Gly Arg Asn Phe Gln Thr Ile Glu Arg Leu Arg Leu Leu Lys  
                                 130                                135                                140  
 Asn Arg Pro Leu Lys Pro Phe Ala Leu Met Phe Lys Asp Leu Asn Thr  
                                 145                                150                                155                                160  
 Ala Lys Gln His Ala Phe Leu Asn Ala Leu Glu Cys Glu Ser Leu Ile  
                                 165                                170                                175  
 Ser Thr Ser Ala Pro Ile Leu Leu Ala Arg Lys Lys Pro Asp Ile Lys  
                                 180                                185                                190  
 Leu Ala Pro Asn Ile Ala Lys Asn Ser Pro Phe Tyr Gly Val Ile Leu  
                                 195                                200                                205  
 Pro Tyr Thr Pro Leu His Ala Leu Leu Leu Asp Leu Leu Asp Phe Pro  
                                 210                                215                                220  
 Ile Val Phe Thr Ser Ala Asn Phe Ser Ser Leu Pro Leu Ala Ser Asp  
                                 225                                230                                235                                240  
 Glu Ala Glu Ile Asp Ala Leu Ser Phe Ile Phe Asp Phe Lys Leu Thr  
                                 245                                250                                255  
 His Asn Arg Ala Ile Ile His Arg Ile Asp Asp Ser Ile Val Gln His  
                                 260                                265                                270  
 Val Asp Asn Ala Ile Arg Pro Met Arg Leu Ala Arg Gly Phe Ala Pro  
                                 275                                280                                285  
 Leu Tyr Leu Thr Leu Pro Lys Arg Ser Asn Gly Ser Pro Lys Lys Ile  
                                 290                                295                                300  
 Leu Ala Leu Gly Ala Gln Gln Lys Gly His Phe Ser Leu Leu Asp Ser  
                                 305                                310                                315                                320  
 Gly Thr Ser Ile Leu Leu Ser Pro Phe Cys Gly Asp Leu Ser Val  
                                 325                                330                                335  
 Leu Glu Asn Glu Lys His Phe Lys Glu Thr Leu Asn Phe Phe Leu Lys  
                                 340                                345                                350  
 Thr Tyr Asp Phe Lys Pro Thr Ile Leu Ala Cys Asp Lys His Gln Asn  
                                 355                                360                                365  
 Tyr Thr Thr Thr Gln Met Ala Phe Asp Phe Asn Thr Pro Leu Leu Gln  
                                 370                                375                                380  
 Val Gln His His His Ala His Phe Leu Ala Ser Val Leu Asp Ala Leu  
                                 385                                390                                395                                400

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

&lt;210&gt; 71

&lt;211&gt; 234

&lt;212&gt; DNA

<213> *Helicobacter pylori*

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(234)

&lt;400&gt; 71

gtt gaa aaa gag cat ggt gct acg ccc cca aaa gaa gcc aaa ata ggc 48  
 Val Glu Lys Glu His Gly Ala Thr Pro Pro Lys Glu Ala Lys Ile Gly  
 1 5 10 15  
 gtt aga aaa ttc tat cgg cat aaa aaa tgg gtg gat gca gat gtg tgg 96  
 Val Arg Lys Phe Tyr Arg His Lys Lys Trp Val Asp Ala Asp Val Trp  
 20 25 30  
 caa atg gaa aaa tta ctg cct gga aat gaa gtc ata gga cct gcg atc 144  
 Gln Met Glu Lys Leu Leu Pro Gly Asn Glu Val Ile Gly Pro Ala Ile  
 35 40 45  
 gtg gaa tca gat gcg acc act ttc gtg ata ccc aaa ggc ttt gcg aca 192  
 Val Glu Ser Asp Ala Thr Thr Phe Val Ile Pro Lys Gly Phe Ala Thr  
 50 55 60  
 aga cta gac aaa cac cga ttg ttc cac ttg aaa gaa att aaa 234  
 Arg Leu Asp Lys His Arg Leu Phe His Leu Lys Glu Ile Lys  
 65 70 75

&lt;210&gt; 72

&lt;211&gt; 78

&lt;212&gt; PRT

<213> *Helicobacter pylori*

```

<400> 72
Val Glu Lys Glu His Gly Ala Thr Pro Pro Lys Glu Ala Lys Ile Gly
  1          5          10          15
Val Arg Lys Phe Tyr Arg His Lys Lys Trp Val Asp Ala Asp Val Trp
          20          25          30
Gln Met Glu Lys Leu Leu Pro Gly Asn Glu Val Ile Gly Pro Ala Ile
          35          40          45
Val Glu Ser Asp Ala Thr Thr Phe Val Ile Pro Lys Gly Phe Ala Thr
          50          55          60
Arg Leu Asp Lys His Arg Leu Phe His Leu Lys Glu Ile Lys
          65          70          75

<210> 73
<211> 383
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(381)
<400> 73
ttg ctc tat agt gaa atc att gtc gca ggg cga gtg gcg cgc aat gag 48
Leu Leu Tyr Ser Glu Ile Ile Val Ala Gly Arg Val Ala Arg Asn Glu
  1          5          10          15
ttg ttt aaa ttc aac cgc ttg cac acc aaa atc tct att tta caa gat 96
Leu Phe Lys Phe Asn Arg Leu His Thr Lys Ile Ser Ile Leu Gln Asp
          20          25          30
gag aaa ccc atc tat tat gac aac acg att tta gat ccc aaa acc acc 144
Glu Lys Pro Ile Tyr Tyr Asp Asn Thr Ile Leu Asp Pro Lys Thr Thr
          35          40          45
gac tta aat aac atg tgc atg ttt gat ggc tat acg cat tat ttg aat 192
Asp Leu Asn Asn Met Cys Met Phe Asp Gly Tyr Thr His Tyr Leu Asn
          50          55          60
ttg gtg ctt gtc aat tgc ccc ata gag ctc tct ggt gtg cga gaa tgc 240
Leu Val Leu Val Asn Cys Pro Ile Glu Leu Ser Gly Val Arg Glu Cys
          65          70          75          80
att gaa gaa agc gaa ggg gtg gat ggg gca gtg agt gaa acc gct agt 288
Ile Glu Glu Ser Glu Gly Val Asp Gly Ala Val Ser Glu Thr Ala Ser
          85          90          95
tct cat tta tgc gtg aaa gct tta gcg aaa ggc tca gaa ccc tta ttg 336
Ser His Leu Cys Val Lys Ala Leu Ala Lys Gly Ser Glu Pro Leu Leu
          100          105          110
cat tta aga gaa aaa atc gct cgc ttg gtt acg caa acc acc acg ca 383
His Leu Arg Glu Lys Ile Ala Arg Leu Val Thr Gln Thr Thr Thr
          115          120          125

<210> 74
<211> 127
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 74
Leu Leu Tyr Ser Glu Ile Ile Val Ala Gly Arg Val Ala Arg Asn Glu
  1          5          10          15
Leu Phe Lys Phe Asn Arg Leu His Thr Lys Ile Ser Ile Leu Gln Asp
          20          25          30
Glu Lys Pro Ile Tyr Tyr Asp Asn Thr Ile Leu Asp Pro Lys Thr Thr
          35          40          45
Asp Leu Asn Asn Met Cys Met Phe Asp Gly Tyr Thr His Tyr Leu Asn
          50          55          60
Leu Val Leu Val Asn Cys Pro Ile Glu Leu Ser Gly Val Arg Glu Cys
          65          70          75          80
Ile Glu Glu Ser Glu Gly Val Asp Gly Ala Val Ser Glu Thr Ala Ser
          85          90          95
Ser His Leu Cys Val Lys Ala Leu Ala Lys Gly Ser Glu Pro Leu Leu

```

```

      100      105      110
His Leu Arg Glu Lys Ile Ala Arg Leu Val Thr Gln Thr Thr
      115      120      125
<210> 75
<211> 165
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(165)
<400> 75
aaa gaa ttg tta aac aac cac ttc aaa caa cgc ctg gcc ttt agg tgt 48
Lys Glu Leu Leu Asn Asn His Phe Lys Gln Arg Leu Ala Phe Arg Cys
 1      5      10      15
aat ggt gag aac ttg agc gct atc aaa aaa gat tta cct cta tta aca 96
Asn Gly Glu Asn Leu Ser Ala Ile Lys Lys Asp Leu Pro Leu Leu Thr
      20      25      30
aac gaa ctc aac gcg cta ttt gta gag ctt tct aaa gac agc cat act 144
Asn Glu Leu Asn Ala Leu Phe Val Glu Leu Ser Lys Asp Ser His Thr
      35      40      45
gaa ttc agg cct ttc agc tta 165
Glu Phe Arg Pro Phe Ser Leu
 50      55
<210> 76
<211> 55
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 76
Lys Glu Leu Leu Asn Asn His Phe Lys Gln Arg Leu Ala Phe Arg Cys
 1      5      10      15
Asn Gly Glu Asn Leu Ser Ala Ile Lys Lys Asp Leu Pro Leu Leu Thr
      20      25      30
Asn Glu Leu Asn Ala Leu Phe Val Glu Leu Ser Lys Asp Ser His Thr
      35      40      45
Glu Phe Arg Pro Phe Ser Leu
 50      55
<210> 77
<211> 854
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(852)
<400> 77
act tct tta aac aag ctc att tac aca ggg caa atc att cct gat agg 48
Thr Ser Leu Asn Lys Leu Ile Tyr Thr Gly Gln Ile Ile Pro Asp Arg
 1      5      10      15
ggt tgc tgg ttg tat ttt gaa tac gat tct aaa gat gtt tta tac gct 96
Gly Ser Trp Leu Tyr Phe Glu Tyr Asp Ser Lys Asp Val Leu Tyr Ala
      20      25      30
cgt atc aat aaa cgc cgt aaa gtg cct gtt acc att tta ttc agg gcg 144
Arg Ile Asn Lys Arg Arg Lys Val Pro Val Thr Ile Leu Phe Arg Ala
      35      40      45
atg gat tat caa aaa caa gac atc atc aaa atg ttc tac ccg ctt gtt 192
Met Asp Tyr Gln Lys Gln Asp Ile Ile Lys Met Phe Tyr Pro Leu Val
 50      55      60
aaa gtg cgt tat gaa aac gat aaa tat ttg atc ccg ttt gct tca tta 240
Lys Val Arg Tyr Glu Asn Asp Lys Tyr Leu Ile Pro Phe Ala Ser Leu
 65      70      75      80
gac gcc aat caa aga atg gaa ttt gac ttg aaa gat cct caa gcc aag 288
Asp Ala Asn Gln Arg Met Glu Phe Asp Leu Lys Asp Pro Gln Gly Lys

```

|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
|---------------------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--|--|--|--|----|--|--|--|--|--|----|--|
|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 85  |     |  |  |  |  | 90 |  |  |  |  |  | 95 |  |
| ggt                       | att | ctt | tta | gcg | ggt | aaa | aag | ctc | act | tca | aga | aag | att | aaa | gag | 336 |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| Val                       | Ile | Leu | Leu | Ala | Gly | Lys | Lys | Leu | Thr | Ser | Arg | Lys | Ile | Lys | Glu |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 100 |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| ctt                       | aaa | gaa | aac | cat | tta | gaa | tgg | gtg | gaa | tac | cct | atg | gat | att | tta | 384 |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| Leu                       | Lys | Glu | Asn | His | Leu | Glu | Trp | Val | Glu | Tyr | Pro | Met | Asp | Ile | Leu |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 115 |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| ctc                       | aat | cgc | cat | tta | gct | gag | cct | gtt | atg | gta | ggg | aaa | gaa | gtc | tta | 432 |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| Leu                       | Asn | Arg | His | Leu | Ala | Glu | Pro | Val | Met | Val | Gly | Lys | Glu | Val | Leu |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 130 |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| ttg                       | gac | atg | ctc | act | cag | cta | gat | aaa | aac | aaa | tta | gaa | aaa | atc | cac | 480 |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| Leu                       | Asp | Met | Leu | Thr | Gln | Leu | Asp | Lys | Asn | Lys | Leu | Glu | Lys | Ile | His |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 145 |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| gat                       | tta | ggc | gtg | caa | gaa | ttt | gtg | atc | atc | aac | gat | ctg | gcg | tta | ggg | 528 |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| Asp                       | Leu | Gly | Val | Gln | Glu | Phe | Val | Ile | Ile | Asn | Asp | Leu | Ala | Leu | Gly |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 165 |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| cat                       | gac | gct | tcc | att | atc | caa | tct | ttt | tca | gcc | gat | tct | gag | tct | ttg | 576 |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| His                       | Asp | Ala | Ser | Ile | Ile | Gln | Ser | Phe | Ser | Ala | Asp | Ser | Glu | Ser | Leu |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 180 |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| aaa                       | tta | ctc | aag | caa | acc | gaa | aaa | att | gat | gat | gaa | aac | gct | cta | gcg | 624 |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| Lys                       | Leu | Leu | Lys | Gln | Thr | Glu | Lys | Ile | Asp | Asp | Glu | Asn | Ala | Leu | Ala |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 195 |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| gcg                       | att | cgt | atc | cat | aag | gtt | atg | aaa | cca | ggc | gat | ccc | gtt | acg | act | 672 |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| Ala                       | Ile | Arg | Ile | His | Lys | Val | Met | Lys | Pro | Gly | Asp | Pro | Val | Thr | Thr |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 210 |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| gaa                       | gtg | gct | aag | cag | ttt | gtc | aaa | aaa | ctt | ttc | ttt | gat | cca | gaa | cgc | 720 |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| Glu                       | Val | Ala | Lys | Gln | Phe | Val | Lys | Lys | Leu | Phe | Phe | Asp | Pro | Glu | Arg |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 225 |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| tat                       | gat | ttg | acc | atg | gtg | ggc | cgc | atg | aaa | atg | aat | cac | aag | tta | ggc | 768 |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| Tyr                       | Asp | Leu | Thr | Met | Val | Gly | Arg | Met | Lys | Met | Asn | His | Lys | Leu | Gly |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 245 |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| ttg                       | cat | gtg | cct | gat | tac | att | acg | act | tta | acg | cat | gaa | gat | att | atc | 816 |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| Leu                       | His | Val | Pro | Asp | Tyr | Ile | Thr | Thr | Leu | Thr | His | Glu | Asp | Ile | Ile |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 260 |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| acc                       | acc | gtt | aaa | tac | ctc | atg | aag | atc | aaa | aac | aat | ca  |     |     |     | 854 |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| Thr                       | Thr | Val | Lys | Tyr | Leu | Met | Lys | Ile | Lys | Asn | Asn |     |     |     |     |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 275 |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 280 |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| <210> 78                  |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| <211> 284                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| <212> PRT                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| <213> Helicobacter pylori |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| <400> 78                  |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| Thr                       | Ser | Leu | Asn | Lys | Leu | Ile | Tyr | Thr | Gly | Gln | Ile | Ile | Pro | Asp | Arg |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 5   |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| Gly                       | Ser | Trp | Leu | Tyr | Phe | Glu | Tyr | Asp | Ser | Lys | Asp | Val | Leu | Tyr | Ala |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 20  |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| Arg                       | Ile | Asn | Lys | Arg | Arg | Lys | Val | Pro | Val | Thr | Ile | Leu | Phe | Arg | Ala |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 35  |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| Met                       | Asp | Tyr | Gln | Lys | Gln | Asp | Ile | Ile | Lys | Met | Phe | Tyr | Pro | Leu | Val |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 50  |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| Lys                       | Val | Arg | Tyr | Glu | Asn | Asp | Lys | Tyr | Leu | Ile | Pro | Phe | Ala | Ser | Leu |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 65  |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| Asp                       | Ala | Asn | Gln | Arg | Met | Glu | Phe | Asp | Leu | Lys | Asp | Pro | Gln | Gly | Lys |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 85  |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| Val                       | Ile | Leu | Leu | Ala | Gly | Lys | Lys | Leu | Thr | Ser | Arg | Lys | Ile | Lys | Glu |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 100 |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| Leu                       | Lys | Glu | Asn | His | Leu | Glu | Trp | Val | Glu | Tyr | Pro | Met | Asp | Ile | Leu |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 115 |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| Leu                       | Asn | Arg | His | Leu | Ala | Glu | Pro | Val | Met | Val | Gly | Lys | Glu | Val | Leu |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 130 |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
| Leu                       | Asp | Met | Leu | Thr | Gln | Leu | Asp | Lys | Asn | Lys | Leu | Glu | Lys | Ile | His |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |
|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 135 |     |  |  |  |  |    |  |  |  |  |  |    |  |

|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|---------------------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| 145                       | Asp | Leu | Gly | Val | Gln | Glu | Phe | Val | Ile | Ile | Asn | Asp | Leu | Ala | Leu | Gly | 160 |
|                           |     |     |     | 165 |     |     |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     | 175 |     |
|                           | His | Asp | Ala | Ser | Ile | Ile | Gln | Ser | Phe | Ser | Ala | Asp | Ser | Glu | Ser | Leu |     |
|                           |     |     |     | 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     | 190 |     |     |     |
|                           | Lys | Leu | Leu | Lys | Gln | Thr | Glu | Lys | Ile | Asp | Asp | Glu | Asn | Ala | Leu | Ala |     |
|                           |     |     |     | 195 |     |     |     | 200 |     |     |     |     | 205 |     |     |     |     |
|                           | Ala | Ile | Arg | Ile | His | Lys | Val | Met | Lys | Pro | Gly | Asp | Pro | Val | Thr | Thr |     |
|                           |     |     |     | 210 |     |     | 215 |     |     |     |     | 220 |     |     |     |     |     |
|                           | Glu | Val | Ala | Lys | Gln | Phe | Val | Lys | Lys | Leu | Phe | Phe | Asp | Pro | Glu | Arg |     |
|                           | 225 |     |     |     | 230 |     |     |     |     |     | 235 |     |     |     |     | 240 |     |
|                           | Tyr | Asp | Leu | Thr | Met | Val | Gly | Arg | Met | Lys | Met | Asn | His | Lys | Leu | Gly |     |
|                           |     |     |     | 245 |     |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     | 255 |     |     |
|                           | Leu | His | Val | Pro | Asp | Tyr | Ile | Thr | Thr | Leu | Thr | His | Glu | Asp | Ile | Ile |     |
|                           |     |     |     | 260 |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     | 270 |     |     |     |
|                           | Thr | Thr | Val | Lys | Tyr | Leu | Met | Lys | Ile | Lys | Asn | Asn |     |     |     |     |     |
|                           |     |     | 275 |     |     |     |     | 280 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <210> 79                  |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <211> 1843                |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <212> DNA                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <213> Helicobacter pylori |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <220>                     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <221> CDS                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <222> (1)..(1842)         |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <400> 79                  |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|                           | aga | agc | gac | gct | ccc | att | gta | ggc | acg | ggg | att | gaa | aaa | att | att | gct | 48  |
|                           | Arg | Ser | Asp | Ala | Pro | Ile | Val | Gly | Thr | Gly | Ile | Glu | Lys | Ile | Ile | Ala |     |
|                           | 1   |     |     |     | 5   |     |     |     |     | 10  |     |     |     |     | 15  |     |     |
|                           | agg | gat | tct | tgg | gga | gcg | atc | aaa | gcc | aat | cgc | gca | ggc | gtt | gta | gaa | 96  |
|                           | Arg | Asp | Ser | Trp | Gly | Ala | Ile | Lys | Ala | Asn | Arg | Ala | Gly | Val | Val | Glu |     |
|                           |     |     |     | 20  |     |     |     |     | 25  |     |     |     |     | 30  |     |     |     |
|                           | aaa | att | gat | tct | aaa | aat | att | tat | att | tta | ggc | gaa | agc | aaa | gaa | gaa | 144 |
|                           | Lys | Ile | Asp | Ser | Lys | Asn | Ile | Tyr | Ile | Leu | Gly | Glu | Ser | Lys | Glu | Glu |     |
|                           |     |     |     | 35  |     |     |     | 40  |     |     |     |     | 45  |     |     |     |     |
|                           | gcc | tat | att | gat | gcg | tat | tct | ttg | caa | aaa | aac | ttg | cgc | acc | aac | caa | 192 |
|                           | Ala | Tyr | Ile | Asp | Ala | Tyr | Ser | Leu | Gln | Lys | Asn | Leu | Arg | Thr | Asn | Gln |     |
|                           |     |     |     | 50  |     |     | 55  |     |     |     |     | 60  |     |     |     |     |     |
|                           | aac | acc | agt | ttc | aat | caa | gtc | cct | atc | gtt | aaa | gtg | ggc | gat | aaa | gtg | 240 |
|                           | Asn | Thr | Ser | Phe | Asn | Gln | Val | Pro | Ile | Val | Lys | Val | Gly | Asp | Lys | Val |     |
|                           |     |     |     | 65  |     | 70  |     |     |     |     | 75  |     |     |     | 80  |     |     |
|                           | gga | gcc | ggg | caa | atc | atc | gct | gat | ggc | cct | agc | atg | gat | aga | ggc | gag | 288 |
|                           | Gly | Ala | Gly | Gln | Ile | Ile | Ala | Asp | Gly | Pro | Ser | Met | Asp | Arg | Gly | Glu |     |
|                           |     |     |     | 85  |     |     |     |     |     | 90  |     |     |     |     | 95  |     |     |
|                           | ttg | gcg | tta | ggg | aaa | aat | gtg | cgc | gtg | gcg | ttc | atg | cct | tgg | aat | ggc | 336 |
|                           | Leu | Ala | Leu | Gly | Lys | Asn | Val | Arg | Val | Ala | Phe | Met | Pro | Trp | Asn | Gly |     |
|                           |     |     |     | 100 |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |     |     |     |
|                           | tat | aac | ttt | gaa | gac | gcg | atc | gtg | gtg | agt | gag | tgc | atc | act | aaa | gat | 384 |
|                           | Tyr | Asn | Phe | Glu | Asp | Ala | Ile | Val | Val | Ser | Glu | Cys | Ile | Thr | Lys | Asp |     |
|                           |     |     |     | 115 |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |     |     |     |     |     |
|                           | gat | att | ttc | act | tcc | acc | cac | att | tat | gaa | aaa | gaa | gtg | gat | gct | agg | 432 |
|                           | Asp | Ile | Phe | Thr | Ser | Thr | His | Ile | Tyr | Glu | Lys | Glu | Val | Asp | Ala | Arg |     |
|                           |     |     |     | 130 |     |     | 135 |     |     |     |     | 140 |     |     |     |     |     |
|                           | gag | ctt | aag | cat | ggg | gtg | gaa | gaa | ttt | acc | gct | gat | att | cct | gat | gtg | 480 |
|                           | Glu | Leu | Lys | His | Gly | Val | Glu | Glu | Phe | Thr | Ala | Asp | Ile | Pro | Asp | Val |     |
|                           | 145 |     |     |     | 150 |     |     |     |     |     | 155 |     |     |     |     | 160 |     |
|                           | aaa | gaa | gaa | gcg | ctc | gct | cat | ctt | gat | gaa | agc | ggg | atc | gtt | aaa | gtc | 528 |
|                           | Lys | Glu | Glu | Ala | Leu | Ala | His | Leu | Asp | Glu | Ser | Gly | Ile | Val | Lys | Val |     |
|                           |     |     |     | 165 |     |     |     |     |     | 170 |     |     |     | 175 |     |     |     |
|                           | ggg | act | tat | gtg | agc | gct | ggc | atg | att | ttg | gtg | ggc | aaa | act | tct | cct | 576 |
|                           | Gly | Thr | Tyr | Val | Ser | Ala | Gly | Met | Ile | Leu | Val | Gly | Lys | Thr | Ser | Pro |     |
|                           |     |     |     | 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     |     | 190 |     |     |

|                                                                             |      |
|-----------------------------------------------------------------------------|------|
| aaa ggc gag att aaa agc acg cct gaa gag cgg ctt tta agg gct att             | 624  |
| Lys Gly 195 Glu Ile Lys Ser Thr 200 Pro Glu Glu Arg Leu 205 Leu Arg Ala Ile |      |
| ttt ggg gat aaa gcc ggg cat gtg gtc aat aag agt ttg tat tgc cct             | 672  |
| Phe Gly 210 Asp Lys Ala Gly His Val Val Asn Lys Ser 220 Leu Tyr Cys Pro     |      |
| ccc agt ttg gaa ggc acg gtg att gat gtg aaa gtc ttc act aaa aaa             | 720  |
| Pro Ser 225 Leu Glu Gly Thr Val Ile Asp Val Lys Val Phe Thr Lys Lys 240     |      |
| ggc tat gag aaa gac gcg cga gtt ttg agc gcg tat gaa gaa gaa aaa             | 768  |
| Gly Tyr 245 Glu Lys Asp Ala Arg Val Leu Ser Ala Tyr Glu Glu Glu Lys 255     |      |
| gcc aag ctt gat atg gag cat ttt gat cgc ttg acc atg ctc aat aga             | 816  |
| Ala Lys 260 Leu Asp Met Glu His Phe Asp Arg Leu Thr Met Leu Asn Arg 270     |      |
| gaa gaa ttg ttg cgc gtt agc tcg ctc ctt tct caa gcg att tta gaa             | 864  |
| Glu Glu 275 Leu Arg Val Ser Ser Leu Leu Ser Gln Ala Ile Leu Glu 285         |      |
| gag cct ttc agc cat aac ggc aag gat tat aaa gaa ggc gat caa atc             | 912  |
| Glu Pro 290 Phe Ser His Asn Gly Lys Asp Tyr Lys Glu Gly Asp Gln Ile 300     |      |
| cct aaa gaa gaa atc gct tca atc aac cgc ttc act ttg gct agt ttg             | 960  |
| Pro Lys 305 Glu Glu Ile Ala Ser Ile Asn Arg Phe Thr Leu Ala Ser Leu 320     |      |
| gtc aaa aag tat tct aaa gaa gtg caa aac cac tat gaa atc act aaa             | 1008 |
| Val Lys 325 Lys Tyr Ser Lys Glu Val Gln Asn His Tyr Glu Ile Thr Lys 335     |      |
| aac aat ttc tta gag caa aag aaa gtt ttg ggc gaa gag cat gaa gaa             | 1056 |
| Asn Asn 340 Phe Leu Glu Gln Lys Lys Val Leu Gly Glu Glu His Glu Glu 350     |      |
| aag ctt tct att tta gaa aaa gat gat att ttg cct aat ggc gtg atc             | 1104 |
| Lys Leu 355 Ser Ile Leu Glu Lys Asp Asp Ile Leu Pro Asn Gly Val Ile 365     |      |
| aaa aaa gtc aag ctc tat atc gct aca aaa cga aag ctt aaa gtg ggc             | 1152 |
| Lys Lys 370 Val Lys Leu Tyr Ile Ala Thr Lys Arg Lys Leu Lys Val Gly 380     |      |
| gat aaa atg gca gga agg cat ggg aat aaa ggg att gtg tct aat atc             | 1200 |
| Asp Lys 385 Met Ala Gly Arg His Gly Asn Lys Gly Ile Val Ser Asn Ile 400     |      |
| gtg ccg gtt gcg gat atg cct tat acc gct gat ggc gag cct gta gat             | 1248 |
| Val Pro 405 Val Ala Asp Met Pro Tyr Thr Ala Asp Gly Glu Pro Val Asp 415     |      |
| att gtt tta aac cct tta ggc gtg cca agc cgc atg aat atc ggg cag             | 1296 |
| Ile Val 420 Leu Asn Pro Leu Gly Val Pro Ser Arg Met Asn Ile Gly Gln 430     |      |
| att tta gaa atg cat tta ggc tta gtg ggg aaa gaa ttt ggg aag caa             | 1344 |
| Ile Leu 435 Glu Met His Leu Gly Leu Val Gly Lys Glu Phe Gly Lys Gln 445     |      |
| atc gct cgc atg cta gag gat aaa acc aaa gat ttt gcc aaa gaa ttg             | 1392 |
| Ile Ala 450 Arg Met Leu Glu Asp Lys Thr Lys Asp Phe Ala Lys Glu Leu 460     |      |
| cgt gct aaa atg cta gaa atc gct aac gct att aat gaa aaa gac ccc             | 1440 |
| Arg Ala 465 Lys Met Leu Glu Ile Ala Asn Ala Ile Asn Glu Lys Asp Pro 480     |      |
| ttg aca atc cat gcg ctt gag aat tgt tct gat gaa gag ctt ttg gaa             | 1488 |
| Leu Thr 485 Ile His Ala Leu Glu Asn Cys Ser Asp Glu Glu Leu Glu 495         |      |
| tac gca aaa gat tgg agc aag ggc gtt aag atg gct atc cct gtg ttt             | 1536 |
| Tyr Ala 500 Lys Asp Trp Ser Lys Gly Val Lys Met Ala Ile Pro Val Phe 510     |      |
| gaa ggc atc tcg caa gaa aaa ttt tat aag cta ttt gaa tta gct aag             | 1584 |

Glu Gly Ile Ser Gln Glu Lys Phe Tyr Lys Leu Phe Glu Leu Ala Lys  
 515 520 525  
 atc gct atg gat ggc aaa atg gat ctg tat gac gga cgc aca ggc gag 1632  
 Ile Ala Met Asp Gly Lys Met Asp Leu Tyr Asp Gly Arg Thr Gly Glu  
 530 535 540  
 aaa atg agg gag cgc gtg aat gtg ggc tac atg tat atg atc aaa ctc 1680  
 Lys Met Arg Glu Arg Val Asn Val Gly Tyr Met Tyr Met Ile Lys Leu  
 545 550 555  
 cac cat tta gtg gat gaa aaa gtc cat gcc aga agc aca ggc cct tat 1728  
 His His Leu Val Asp Glu Lys Val His Ala Arg Ser Thr Gly Pro Tyr  
 565 570 575  
 agc tta gta acg cac cag ccc gtg ggg ggt aaa gcg ctc ttt ggg ggt 1776  
 Ser Leu Val Thr His Gln Pro Val Gly Lys Ala Leu Phe Gly Gly  
 580 585 590  
 caa agg ttt ggg gaa atg gaa gtg tgg gcc ttg gaa gct tat ggc gca 1824  
 Gln Arg Phe Gly Glu Met Glu Val Trp Ala Leu Glu Ala Tyr Gly Ala  
 595 600 605  
 gcg cac act cta aaa gaa a 1843  
 Ala His Thr Leu Lys Glu  
 610  
 <210> 80  
 <211> 614  
 <212> PRT  
 <213> Helicobacter pylori  
 <400> 80  
 Arg Ser Asp Ala Pro Ile Val Gly Thr Gly Ile Glu Lys Ile Ile Ala  
 1 5 10 15  
 Arg Asp Ser Trp Gly Ala Ile Lys Ala Asn Arg Ala Gly Val Val Glu  
 20 25 30  
 Lys Ile Asp Ser Lys Asn Ile Tyr Ile Leu Gly Glu Ser Lys Glu Glu  
 35 40 45  
 Ala Tyr Ile Asp Ala Tyr Ser Leu Gln Lys Asn Leu Arg Thr Asn Gln  
 50 55 60  
 Asn Thr Ser Phe Asn Gln Val Pro Ile Val Lys Val Gly Asp Lys Val  
 65 70 75 80  
 Gly Ala Gly Gln Ile Ile Ala Asp Gly Pro Ser Met Asp Arg Gly Glu  
 85 90 95  
 Leu Ala Leu Gly Lys Asn Val Arg Val Ala Phe Met Pro Trp Asn Gly  
 100 105 110  
 Tyr Asn Phe Glu Asp Ala Ile Val Val Ser Glu Cys Ile Thr Lys Asp  
 115 120 125  
 Asp Ile Phe Thr Ser Thr His Ile Tyr Glu Lys Glu Val Asp Ala Arg  
 130 135 140  
 Glu Leu Lys His Gly Val Glu Glu Phe Thr Ala Asp Ile Pro Asp Val  
 145 150 155 160  
 Lys Glu Glu Ala Leu Ala His Leu Asp Glu Ser Gly Ile Val Lys Val  
 165 170 175  
 Gly Thr Tyr Val Ser Ala Gly Met Ile Leu Val Gly Lys Thr Ser Pro  
 180 185 190  
 Lys Gly Glu Ile Lys Ser Thr Pro Glu Glu Arg Leu Leu Arg Ala Ile  
 195 200 205  
 Phe Gly Asp Lys Ala Gly His Val Val Asn Lys Ser Leu Tyr Cys Pro  
 210 215 220  
 Pro Ser Leu Glu Gly Thr Val Ile Asp Val Lys Val Phe Thr Lys Lys  
 225 230 235 240  
 Gly Tyr Glu Lys Asp Ala Arg Val Leu Ser Ala Tyr Glu Glu Glu Lys  
 245 250 255  
 Ala Lys Leu Asp Met Glu His Phe Asp Arg Leu Thr Met Leu Asn Arg  
 260 265 270  
 Glu Glu Leu Leu Arg Val Ser Ser Leu Leu Ser Gln Ala Ile Leu Glu  
 275 280 285

Glu Pro Phe Ser His Asn Gly Lys Asp Tyr Lys Glu Gly Asp Gln Ile  
 290 295 300  
 Pro Lys Glu Glu Ile Ala Ser Ile Asn Arg Phe Thr Leu Ala Ser Leu  
 305 310 315 320  
 Val Lys Lys Tyr Ser Lys Glu Val Gln Asn His Tyr Glu Ile Thr Lys  
 325 330 335  
 Asn Asn Phe Leu Glu Gln Lys Lys Val Leu Gly Glu Glu His Glu Glu  
 340 345 350  
 Lys Leu Ser Ile Leu Glu Lys Asp Asp Ile Leu Pro Asn Gly Val Ile  
 355 360 365  
 Lys Lys Val Lys Leu Tyr Ile Ala Thr Lys Arg Lys Leu Lys Val Gly  
 370 375 380  
 Asp Lys Met Ala Gly Arg His Gly Asn Lys Gly Ile Val Ser Asn Ile  
 385 390 395 400  
 Val Pro Val Ala Asp Met Pro Tyr Thr Ala Asp Gly Glu Pro Val Asp  
 405 410 415  
 Ile Val Leu Asn Pro Leu Gly Val Pro Ser Arg Met Asn Ile Gly Gln  
 420 425 430  
 Ile Leu Glu Met His Leu Gly Leu Val Gly Lys Glu Phe Gly Lys Gln  
 435 440 445  
 Ile Ala Arg Met Leu Glu Asp Lys Thr Lys Asp Phe Ala Lys Glu Leu  
 450 455 460  
 Arg Ala Lys Met Leu Glu Ile Ala Asn Ala Ile Asn Glu Lys Asp Pro  
 465 470 475 480  
 Leu Thr Ile His Ala Leu Glu Asn Cys Ser Asp Glu Glu Leu Leu Glu  
 485 490 495  
 Tyr Ala Lys Asp Trp Ser Lys Gly Val Lys Met Ala Ile Pro Val Phe  
 500 505 510  
 Glu Gly Ile Ser Gln Glu Lys Phe Tyr Lys Leu Phe Glu Leu Ala Lys  
 515 520 525  
 Ile Ala Met Asp Gly Lys Met Asp Leu Tyr Asp Gly Arg Thr Gly Glu  
 530 535 540  
 Lys Met Arg Glu Arg Val Asn Val Gly Tyr Met Tyr Met Ile Lys Leu  
 545 550 555 560  
 His His Leu Val Asp Glu Lys Val His Ala Arg Ser Thr Gly Pro Tyr  
 565 570 575  
 Ser Leu Val Thr His Gln Pro Val Gly Gly Lys Ala Leu Phe Gly Gly  
 580 585 590  
 Gln Arg Phe Gly Glu Met Glu Val Trp Ala Leu Glu Ala Tyr Gly Ala  
 595 600 605  
 Ala His Thr Leu Lys Glu  
 610

&lt;210&gt; 81

&lt;211&gt; 1040

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Helicobacter pylori

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(1038)

&lt;400&gt; 81

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| ata | aaa | atg | att | gat | gtg | aat | ggt | tta | tta | aaa | gaa | ctg | gat | gat | gcc | 48  |
| Ile | Lys | Met | Ile | Asp | Val | Asn | Gly | Leu | Leu | Lys | Glu | Leu | Asp | Asp | Ala |     |
| 1   |     |     |     | 5   |     |     |     |     | 10  |     |     |     |     | 15  |     |     |
| tta | gat | aaa | gtt | gtt | gct | aaa | aaa | gag | cca | gag | agt | ttt | ctc | aag | ccg | 96  |
| Leu | Asp | Lys | Val | Val | Ala | Lys | Lys | Glu | Pro | Glu | Ser | Phe | Leu | Lys | Pro |     |
|     |     |     | 20  |     |     |     |     | 25  |     |     |     | 30  |     |     |     |     |
| atc | atc | tca | cca | ata | gag | gac | tac | caa | aag | agt | gtc | agg | caa | att | caa | 144 |
| Ile | Ile | Ser | Pro | Ile | Glu | Asp | Tyr | Gln | Lys | Ser | Val | Arg | Gln | Ile | Gln |     |
|     |     | 35  |     |     |     | 40  |     |     |     |     | 45  |     |     |     |     |     |
| gcg | caa | ttc | aca | gac | gcg | cca | aag | ttc | aat | gaa | gag | ggc | gct | tac | cca | 192 |
| Ala | Gln | Phe | Thr | Asp | Ala | Pro | Lys | Phe | Asn | Glu | Glu | Gly | Ala | Tyr | Pro |     |

|                                                                 |     |     |      |
|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|------|
| 50                                                              | 55  | 60  |      |
| caa ttt tta agc tgt ggt tta ttg gaa att aaa ggc aag aat ggc gct |     |     | 240  |
| Gln Phe Leu Ser Cys Gly Leu Leu Glu Ile Lys Gly Lys Asn Gly Ala |     |     |      |
| 65                                                              | 70  | 75  | 80   |
| agc atg gaa ttt tgc ttg cct aaa gtt tat cct ttc ccc cct aaa agc |     |     | 288  |
| Ser Met Glu Phe Cys Leu Pro Lys Val Tyr Pro Phe Pro Pro Lys Ser |     |     |      |
| 85                                                              | 90  | 95  |      |
| ttg tat ata gag cat gaa aaa gac ggg cag ttt tta aga gaa atg ctc |     |     | 336  |
| Leu Tyr Ile Glu His Glu Lys Asp Gly Gln Phe Leu Arg Glu Met Leu |     |     |      |
| 100                                                             | 105 | 110 |      |
| atg cgc ttg cta tcc agt gcg cct tta gtg caa tta gaa gtg atc tta |     |     | 384  |
| Met Arg Leu Leu Ser Ser Ala Pro Leu Val Gln Leu Glu Val Ile Leu |     |     |      |
| 115                                                             | 120 | 125 |      |
| ggt gat gcg ctg agc cta ggg ggc att ttc aat ctg gca aga agg ctt |     |     | 432  |
| Val Asp Ala Leu Ser Leu Gly Gly Ile Phe Asn Leu Ala Arg Arg Leu |     |     |      |
| 130                                                             | 135 | 140 |      |
| tta cat aaa gac aat gac ttt att tac cag caa agg att tta act gaa |     |     | 480  |
| Leu His Lys Asp Asn Asp Phe Ile Tyr Gln Gln Arg Ile Leu Thr Glu |     |     |      |
| 145                                                             | 150 | 155 | 160  |
| agc aag gaa ata gaa gaa gcc cta aag cat ttg tat gaa tat tta aag |     |     | 528  |
| Ser Lys Glu Ile Glu Glu Ala Leu Lys His Leu Tyr Glu Tyr Leu Lys |     |     |      |
| 165                                                             | 170 | 175 |      |
| ggt aat ttg caa gaa aaa tta gcc ggt tat aaa gat ttt gcg cat tat |     |     | 576  |
| Val Asn Leu Gln Glu Lys Leu Ala Gly Tyr Lys Asp Phe Ala His Tyr |     |     |      |
| 180                                                             | 185 | 190 |      |
| aat gaa gaa aaa aaa gac gcg ttg cct tta aaa gcg ctt ttt tta agc |     |     | 624  |
| Asn Glu Glu Lys Lys Asp Arg Leu Pro Leu Lys Ala Leu Phe Leu Ser |     |     |      |
| 195                                                             | 200 | 205 |      |
| ggt gta gat gct tta agt caa aac gcg ctt tat tat ctg gaa aaa atc |     |     | 672  |
| Gly Val Asp Ala Leu Ser Gln Asn Ala Leu Tyr Tyr Leu Glu Lys Ile |     |     |      |
| 210                                                             | 215 | 220 |      |
| atg cgt ttt ggc tct aaa aat ggg gtt ttg agc ttt gtc aat ttg gag |     |     | 720  |
| Met Arg Phe Gly Ser Lys Asn Gly Val Leu Ser Phe Val Asn Leu Glu |     |     |      |
| 225                                                             | 230 | 235 | 240  |
| agt gaa aaa aat aat aaa tcc aca gaa gat ttg aaa cgc tat gcg gag |     |     | 768  |
| Ser Glu Lys Asn Asn Lys Ser Thr Glu Asp Leu Lys Arg Tyr Ala Glu |     |     |      |
| 245                                                             | 250 | 255 |      |
| tgt ttt aaa gac agg aca agt ttt gaa cgc tta aaa tat ctt aat ata |     |     | 816  |
| Cys Phe Lys Asp Arg Thr Ser Phe Glu Arg Leu Lys Tyr Leu Asn Ile |     |     |      |
| 260                                                             | 265 | 270 |      |
| gaa gtg atc aat gat cat ggt atc caa tct aag cac atg aaa gac ttc |     |     | 864  |
| Glu Val Ile Asn Asp His Gly Ile Gln Ser Lys His Met Lys Asp Phe |     |     |      |
| 275                                                             | 280 | 285 |      |
| gct gat aaa att aaa gcg tat tac gag aaa aag aaa gca gtt aaa agg |     |     | 912  |
| Ala Asp Lys Ile Lys Ala Tyr Tyr Glu Lys Lys Lys Ala Val Lys Arg |     |     |      |
| 290                                                             | 295 | 300 |      |
| gag ttg aaa gac tta caa aaa gac gaa aaa ttt tgg act gaa agc tct |     |     | 960  |
| Glu Leu Lys Asp Leu Gln Lys Asp Glu Lys Phe Trp Thr Glu Ser Ser |     |     |      |
| 305                                                             | 310 | 315 | 320  |
| cag ttt aaa gtg tct gtg ccg gtg ggg tgg gat att aac cat aag gaa |     |     | 1008 |
| Gln Phe Lys Val Ser Val Pro Val Gly Trp Asp Ile Asn His Lys Glu |     |     |      |
| 325                                                             | 330 | 335 |      |
| gtg tgt ttt gaa atc ggt aac gaa caa aac ca                      |     |     | 1040 |
| Val Cys Phe Glu Ile Gly Asn Glu Gln Asn                         |     |     |      |
| 340                                                             | 345 |     |      |

<210> 82  
 <211> 346  
 <212> PRT  
 <213> Helicobacter pylori  
 <400> 82  
 Ile Lys Met Ile Asp Val Asn Gly Leu Leu Lys Glu Leu Asp Asp Ala

|                                                                 |   |     |     |
|-----------------------------------------------------------------|---|-----|-----|
| 1                                                               | 5 | 10  | 15  |
| Leu Asp Lys Val Val Ala Lys Lys Glu Pro Glu Ser Phe Leu Lys Pro |   |     |     |
| 20                                                              |   | 25  | 30  |
| Ile Ile Ser Pro Ile Glu Asp Tyr Gln Lys Ser Val Arg Gln Ile Gln |   |     |     |
| 35                                                              |   | 40  | 45  |
| Ala Gln Phe Thr Asp Ala Pro Lys Phe Asn Glu Glu Gly Ala Tyr Pro |   |     |     |
| 50                                                              |   | 55  | 60  |
| Gln Phe Leu Ser Cys Gly Leu Leu Glu Ile Lys Gly Lys Asn Gly Ala |   |     |     |
| 65                                                              |   | 70  | 75  |
| Ser Met Glu Phe Cys Leu Pro Lys Val Tyr Pro Phe Pro Pro Lys Ser |   |     |     |
| 85                                                              |   | 90  | 95  |
| Leu Tyr Ile Glu His Glu Lys Asp Gly Gln Phe Leu Arg Glu Met Leu |   |     |     |
| 100                                                             |   | 105 | 110 |
| Met Arg Leu Leu Ser Ser Ala Pro Leu Val Gln Leu Glu Val Ile Leu |   |     |     |
| 115                                                             |   | 120 | 125 |
| Val Asp Ala Leu Ser Leu Gly Gly Ile Phe Asn Leu Ala Arg Arg Leu |   |     |     |
| 130                                                             |   | 135 | 140 |
| Leu His Lys Asp Asn Asp Phe Ile Tyr Gln Gln Arg Ile Leu Thr Glu |   |     |     |
| 145                                                             |   | 150 | 155 |
| Ser Lys Glu Ile Glu Glu Ala Leu Lys His Leu Tyr Glu Tyr Leu Lys |   |     |     |
| 165                                                             |   | 170 | 175 |
| Val Asn Leu Gln Glu Lys Leu Ala Gly Tyr Lys Asp Phe Ala His Tyr |   |     |     |
| 180                                                             |   | 185 | 190 |
| Asn Glu Glu Lys Lys Asp Arg Leu Pro Leu Lys Ala Leu Phe Leu Ser |   |     |     |
| 195                                                             |   | 200 | 205 |
| Gly Val Asp Ala Leu Ser Gln Asn Ala Leu Tyr Tyr Leu Glu Lys Ile |   |     |     |
| 210                                                             |   | 215 | 220 |
| Met Arg Phe Gly Ser Lys Asn Gly Val Leu Ser Phe Val Asn Leu Glu |   |     |     |
| 225                                                             |   | 230 | 235 |
| Ser Glu Lys Asn Asn Lys Ser Thr Glu Asp Leu Lys Arg Tyr Ala Glu |   |     |     |
| 245                                                             |   | 250 | 255 |
| Cys Phe Lys Asp Arg Thr Ser Phe Glu Arg Leu Lys Tyr Leu Asn Ile |   |     |     |
| 260                                                             |   | 265 | 270 |
| Glu Val Ile Asn Asp His Gly Ile Gln Ser Lys His Met Lys Asp Phe |   |     |     |
| 275                                                             |   | 280 | 285 |
| Ala Asp Lys Ile Lys Ala Tyr Tyr Glu Lys Lys Lys Ala Val Lys Arg |   |     |     |
| 290                                                             |   | 295 | 300 |
| Glu Leu Lys Asp Leu Gln Lys Asp Glu Lys Phe Trp Thr Glu Ser Ser |   |     |     |
| 305                                                             |   | 310 | 315 |
| Gln Phe Lys Val Ser Val Pro Val Gly Trp Asp Ile Asn His Lys Glu |   |     |     |
| 325                                                             |   | 330 | 335 |
| Val Cys Phe Glu Ile Gly Asn Glu Gln Asn                         |   |     |     |
| 340                                                             |   | 345 |     |

&lt;210&gt; 83

&lt;211&gt; 63

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Helicobacter pylori

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(63)

&lt;400&gt; 83

ata aaa ccc acc gaa caa aaa ggt ttt ttt aaa agt ttc ctt gat aag 48

Ile Lys Pro Thr Glu Gln Lys Gly Phe Phe Lys Ser Phe Leu Asp Lys

1 5 10 15

att tct aaa ttc ttt

63

Ile Ser Lys Phe Phe

20

&lt;210&gt; 84

&lt;211&gt; 21

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Helicobacter pylori

&lt;400&gt; 84

Ile Lys Pro Thr Glu Gln Lys Gly Phe Phe Lys Ser Phe Leu Asp Lys  
 1 5 10 15  
 Ile Ser Lys Phe Phe  
 20

&lt;210&gt; 85

&lt;211&gt; 846

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Helicobacter pylori

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(846)

&lt;400&gt; 85

|                                                                 |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|
| gtg ttc aaa gac agc aaa aaa gac gct tgc ggg ttc atc tat gag atc | 48  |
| Val Phe Lys Asp Ser Lys Lys Asp Ala Cys Gly Phe Ile Tyr Glu Ile |     |
| 1 5 10 15                                                       |     |
| agc gag ttc atg aaa gcc tat acc gca ttg cta aaa aaa caa gac cga | 96  |
| Ser Glu Phe Met Lys Ala Tyr Thr Ala Leu Leu Lys Lys Gln Asp Arg |     |
| 20 25 30                                                        |     |
| tac gtc tat tta ttg agg tat ctc ccc tct agg tat tgg gcc agc att | 144 |
| Tyr Val Tyr Leu Leu Arg Tyr Leu Pro Ser Arg Tyr Trp Ala Ser Ile |     |
| 35 40 45                                                        |     |
| tta acg act gcc ctt tat gtc aaa tac cct gat ttt gac gct ttg aaa | 192 |
| Leu Thr Thr Ala Leu Tyr Val Lys Tyr Pro Asp Phe Asp Ala Leu Lys |     |
| 50 55 60                                                        |     |
| aag ctt ttg gtg tct tat tat tac caa act tgg att gca gga ggc acg | 240 |
| Lys Leu Leu Val Ser Tyr Tyr Tyr Gln Thr Trp Ile Ala Gly Gly Thr |     |
| 65 70 75 80                                                     |     |
| atc acg cgc atc aag caa acc agt atc aac att atc aaa aac gtt aaa | 288 |
| Ile Thr Arg Ile Lys Gln Thr Ser Ile Asn Ile Ile Lys Asn Val Lys |     |
| 85 90 95                                                        |     |
| agc aat aag agc gtt gaa acc atc aaa gag ctt ata ttg aat agc atc | 336 |
| Ser Asn Lys Ser Val Glu Thr Ile Lys Glu Leu Ile Leu Asn Ser Ile |     |
| 100 105 110                                                     |     |
| gac tct tat aac acc ttt gat caa tac ctc tat aac tta tgg gat agc | 384 |
| Asp Ser Tyr Asn Thr Phe Asp Gln Tyr Leu Tyr Asn Leu Trp Asp Ser |     |
| 115 120 125                                                     |     |
| tct tct gtt tat cat agc aaa tgg gtg cgt cct gtc tta gcc cta gct | 432 |
| Ser Ser Val Tyr His Ser Lys Trp Val Arg Pro Val Leu Ala Leu Ala |     |
| 130 135 140                                                     |     |
| aat tat ttc atg gca gat gaa gag aaa ccc cat ttt atc gct atg gat | 480 |
| Asn Tyr Phe Met Ala Asp Glu Glu Lys Pro His Phe Ile Ala Met Asp |     |
| 145 150 155 160                                                 |     |
| gcc gaa acc caa gtg gag cat att ttg cca caa acg ccc aaa aga ggc | 528 |
| Ala Glu Thr Gln Val Glu His Ile Leu Pro Gln Thr Pro Lys Arg Gly |     |
| 165 170 175                                                     |     |
| agt caa tgg aac gcg gat ttt gac aaa gaa aaa aga gaa gaa tgg gta | 576 |
| Ser Gln Trp Asn Ala Asp Phe Asp Lys Glu Lys Arg Glu Glu Trp Val |     |
| 180 185 190                                                     |     |
| aat aat atc gcg aat tta acc ctt tta aag cgt aaa aag aac gcg cat | 624 |
| Asn Asn Ile Ala Asn Leu Thr Leu Leu Lys Arg Lys Lys Asn Ala His |     |
| 195 200 205                                                     |     |
| gct tta aac ggg gat ttt gat gaa aaa aga aaa att tat gga ggc aaa | 672 |
| Ala Leu Asn Gly Asp Phe Asp Glu Lys Arg Lys Ile Tyr Gly Gly Lys |     |
| 210 215 220                                                     |     |
| gac acg agc aaa gtg att agc tgt tat gac atc act aaa gaa ttg tat | 720 |
| Asp Thr Ser Lys Val Ile Ser Cys Tyr Asp Ile Thr Lys Glu Leu Tyr |     |
| 225 230 235 240                                                 |     |
| agc aat tat agg aag tgg aat gag aag tcc ctc caa gag cga tac aaa | 768 |
| Ser Asn Tyr Arg Lys Trp Asn Glu Lys Ser Leu Gln Glu Arg Tyr Lys |     |
| 245 250 255                                                     |     |

tct ttg tat aac act atc acg cct gtt tta cac ata gag ggg caa gaa 816  
 Ser Leu Tyr Asn Thr Ile Thr Pro Val Leu His Ile Glu Gly Gln Glu  
                   260                  265                  270  
 gat gat ttt gaa gat gat ttt gat cta gaa 846  
 Asp Asp Phe Glu Asp Asp Phe Asp Leu Glu  
                   275                  280  
 <210> 86  
 <211> 282  
 <212> PRT  
 <213> Helicobacter pylori  
 <400> 86  
 Val Phe Lys Asp Ser Lys Lys Asp Ala Cys Gly Phe Ile Tyr Glu Ile  
   1                  5                  10                  15  
 Ser Glu Phe Met Lys Ala Tyr Thr Ala Leu Leu Lys Lys Gln Asp Arg  
                   20                  25                  30  
 Tyr Val Tyr Leu Leu Arg Tyr Leu Pro Ser Arg Tyr Trp Ala Ser Ile  
                   35                  40                  45  
 Leu Thr Thr Ala Leu Tyr Val Lys Tyr Pro Asp Phe Asp Ala Leu Lys  
                   50                  55                  60  
 Lys Leu Leu Val Ser Tyr Tyr Tyr Gln Thr Trp Ile Ala Gly Gly Thr  
                   65                  70                  75                  80  
 Ile Thr Arg Ile Lys Gln Thr Ser Ile Asn Ile Ile Lys Asn Val Lys  
                   85                  90                  95  
 Ser Asn Lys Ser Val Glu Thr Ile Lys Glu Leu Ile Leu Asn Ser Ile  
                   100                  105                  110  
 Asp Ser Tyr Asn Thr Phe Asp Gln Tyr Leu Tyr Asn Leu Trp Asp Ser  
                   115                  120                  125  
 Ser Ser Val Tyr His Ser Lys Trp Val Arg Pro Val Leu Ala Leu Ala  
                   130                  135                  140  
 Asn Tyr Phe Met Ala Asp Glu Glu Lys Pro His Phe Ile Ala Met Asp  
                   145                  150                  155                  160  
 Ala Glu Thr Gln Val Glu His Ile Leu Pro Gln Thr Pro Lys Arg Gly  
                   165                  170                  175  
 Ser Gln Trp Asn Ala Asp Phe Asp Lys Glu Lys Arg Glu Glu Trp Val  
                   180                  185                  190  
 Asn Asn Ile Ala Asn Leu Thr Leu Leu Lys Arg Lys Lys Asn Ala His  
                   195                  200                  205  
 Ala Leu Asn Gly Asp Phe Asp Glu Lys Arg Lys Ile Tyr Gly Gly Lys  
                   210                  215                  220  
 Asp Thr Ser Lys Val Ile Ser Cys Tyr Asp Ile Thr Lys Glu Leu Tyr  
                   225                  230                  235                  240  
 Ser Asn Tyr Arg Lys Trp Asn Glu Lys Ser Leu Gln Glu Arg Tyr Lys  
                   245                  250                  255  
 Ser Leu Tyr Asn Thr Ile Thr Pro Val Leu His Ile Glu Gly Gln Glu  
                   260                  265                  270  
 Asp Asp Phe Glu Asp Asp Phe Asp Leu Glu  
                   275                  280  
 <210> 87  
 <211> 334  
 <212> DNA  
 <213> Helicobacter pylori  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(333)  
 <400> 87  
 tat ggc gag ttt tta gaa aaa gaa aaa gag ggc ttt atg gta gat gag 48  
 Tyr Gly Glu Phe Leu Glu Lys Glu Lys Glu Gly Phe Met Val Asp Glu  
   1                  5                  10                  15  
 caa aac cct tat ccg gaa gaa gtc cgc ttt aat gag ttg cgt tta gcg 96  
 Gln Asn Pro Tyr Pro Glu Glu Val Arg Phe Asn Glu Leu Arg Leu Ala  
                   20                  25                  30

```

gaa ttt gag agc gtt ttt agc gcc att gtg cct tta gag gat tta gat 144
Glu Phe Glu Ser Val Phe Ser Ala Ile Val Pro Leu Glu Asp Leu Asp
      35              40              45
aaa cct gca tgc gct cat cat gcc cta aag gct tta gaa gcc acg ctt 192
Lys Pro Ala Cys Ala His His Ala Leu Lys Ala Leu Glu Ala Thr Leu
      50              55              60
aaa aat agg gat ttg ggc ttt gat gcg aca gaa ttg gaa cag atc gca 240
Lys Asn Arg Asp Leu Gly Phe Asp Ala Thr Glu Leu Glu Gln Ile Ala
      65              70              75              80
aaa ggt ttc att cct aag ggg tat ttg tgg cat ttt gac gcg aat gtt 288
Lys Gly Phe Ile Pro Lys Gly Tyr Leu Trp His Phe Asp Ala Asn Val
      85              90              95
tta ggg aat gtg gcg ttg gtg aga gaa gag tta tta tta ggc gtg a 334
Leu Gly Asn Val Ala Leu Val Arg Glu Glu Leu Leu Leu Gly Val
      100              105              110

<210> 88
<211> 111
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 88
Tyr Gly Glu Phe Leu Glu Lys Glu Lys Glu Gly Phe Met Val Asp Glu
1      5      10      15
Gln Asn Pro Tyr Pro Glu Glu Val Arg Phe Asn Glu Leu Arg Leu Ala
      20      25      30
Glu Phe Glu Ser Val Phe Ser Ala Ile Val Pro Leu Glu Asp Leu Asp
      35      40      45
Lys Pro Ala Cys Ala His His Ala Leu Lys Ala Leu Glu Ala Thr Leu
      50      55      60
Lys Asn Arg Asp Leu Gly Phe Asp Ala Thr Glu Leu Glu Gln Ile Ala
      65      70      75      80
Lys Gly Phe Ile Pro Lys Gly Tyr Leu Trp His Phe Asp Ala Asn Val
      85      90      95
Leu Gly Asn Val Ala Leu Val Arg Glu Glu Leu Leu Leu Gly Val
      100      105      110

<210> 89
<211> 1692
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1692)
<400> 89
tta gtc agc tct tca gaa tac gct aaa aaa ctc aat gcg att gac aag 48
Leu Val Ser Ser Ser Glu Tyr Ala Lys Lys Leu Asn Ala Ile Asp Lys
1      5      10      15
att aaa aaa acc gaa gaa aag caa aaa gtt tta gat gaa gaa tta gaa 96
Ile Lys Lys Thr Glu Glu Lys Gln Lys Val Leu Asp Glu Glu Leu Glu
      20      25      30
gat ggc tat gac ttt ttg aaa gaa aag gat ttt tta gag tgg agc aga 144
Asp Gly Tyr Asp Phe Leu Lys Glu Lys Asp Phe Leu Glu Trp Ser Arg
      35      40      45
agc gat agc cca gtg cgc atg tat ttg cgc gaa atg ggg gat ata aaa 192
Ser Asp Ser Pro Val Arg Met Tyr Leu Arg Glu Met Gly Asp Ile Lys
      50      55      60
ctt tta agc aaa gat gaa gag att gaa ttg agc aag caa atc cgc ttg 240
Leu Leu Ser Lys Asp Glu Glu Ile Glu Leu Ser Lys Gln Ile Arg Leu
      65      70      75      80
ggt gaa gac att att tta gac gcg atc tgc tgc gtg ccg tat ttg att 288
Gly Glu Asp Ile Ile Leu Asp Ala Ile Cys Ser Val Pro Tyr Leu Ile
      85      90      95
gat ttt atc tat gcg tat aaa gac gct tta atc aat cgt gaa aga agg 336

```

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |      |      |  |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|------|------|------|--|
| Asp | Phe | Ile | Tyr | Ala | Tyr | Lys | Asp | Ala | Leu | Ile | Asn | Arg | Glu | Arg  | Arg  |      |  |
|     |     |     | 100 |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |      |      |      |  |
| gtt | aaa | gag | ctt | ttc | agg | agc | ttt | gat | gat | gac | gat | gaa | aat | agc  | gtg  | 384  |  |
| Val | Lys | Glu | Leu | Phe | Arg | Ser | Phe | Asp | Asp | Asp | Asp | Glu | Asn | Ser  | Val  |      |  |
|     |     |     | 115 |     |     |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |      |      |      |  |
| agc | gat | tct | aaa | aaa | gat | gaa | gac | aac | gaa | gaa | gat | gaa | gaa | aac  | gaa  | 432  |  |
| Ser | Asp | Ser | Lys | Lys | Asp | Glu | Asp | Asn | Glu | Glu | Asp | Glu | Glu | Asn  | Glu  |      |  |
|     |     |     | 130 |     |     |     |     | 135 |     |     |     |     | 140 |      |      |      |  |
| gaa | agg | aaa | aaa | gtc | gtt | tct | gaa | aaa | gac | aag | aag | cgt | gta | gaa  | aag  | 480  |  |
| Glu | Arg | Lys | Lys | Val | Val | Ser | Glu | Lys | Asp | Lys | Lys | Arg | Val | Glu  | Lys  |      |  |
|     |     |     |     |     |     |     |     | 145 |     |     |     |     | 155 |      |      | 160  |  |
| gtt | caa | gaa | agc | ttt | aaa | gcc | cta | gac | aag | gct | aaa | aaa | gaa | tggt | ctt  | 528  |  |
| Val | Gln | Glu | Ser | Phe | Lys | Ala | Leu | Asp | Lys | Ala | Lys | Lys | Glu | Trp  | Leu  |      |  |
|     |     |     |     |     |     |     |     | 165 |     |     |     |     | 175 |      |      |      |  |
| aaa | gcc | ctt | gaa | gcc | ccc | ata | gat | gaa | aga | gaa | gac | gaa | ttg | gtg  | cgt  | 576  |  |
| Lys | Ala | Leu | Glu | Ala | Pro | Ile | Asp | Glu | Arg | Glu | Asp | Glu | Leu | Val  | Arg  |      |  |
|     |     |     |     |     |     |     |     | 180 |     |     |     |     | 190 |      |      |      |  |
| tca | ttg | acc | cta | gct | tac | aaa | cgc | caa | aca | ctc | aaa | gac | aga | ctc  | tat  | 624  |  |
| Ser | Leu | Thr | Leu | Ala | Tyr | Lys | Arg | Gln | Thr | Leu | Lys | Asp | Arg | Leu  | Tyr  |      |  |
|     |     |     |     |     |     |     |     | 195 |     |     |     |     | 205 |      |      |      |  |
| gat | tta | gaa | cct | acc | agc | aaa | ctg | att | aat | gaa | tta | gtc | aaa | acg  | atg  | 672  |  |
| Asp | Leu | Glu | Pro | Thr | Ser | Lys | Leu | Ile | Asn | Glu | Leu | Val | Lys | Thr  | Met  |      |  |
|     |     |     |     |     |     |     |     | 210 |     |     |     |     | 220 |      |      |      |  |
| gaa | acc | act | tta | aaa | agc | ggc | gat | ggg | ttt | gaa | aaa | gag | ttg | aaa  | cgc  | 720  |  |
| Glu | Thr | Thr | Leu | Lys | Ser | Gly | Asp | Gly | Phe | Glu | Lys | Glu | Leu | Lys  | Arg  |      |  |
|     |     |     |     |     |     |     |     | 225 |     |     |     |     | 235 |      | 240  |      |  |
| ttg | gaa | tac | aaa | ctg | ccc | tta | ttc | aat | gac | act | ctc | atc | gca | aac  | cat  | 768  |  |
| Leu | Glu | Tyr | Lys | Leu | Pro | Leu | Phe | Asn | Asp | Thr | Leu | Ile | Ala | Asn  | His  |      |  |
|     |     |     |     |     |     |     |     | 245 |     |     |     |     | 255 |      |      |      |  |
| aaa | aaa | atc | ctt | gcc | aat | atc | act | aac | atg | act | aaa | gaa | gat | att  | atc  | 816  |  |
| Lys | Lys | Ile | Leu | Ala | Asn | Ile | Thr | Asn | Met | Thr | Lys | Glu | Asp | Ile  | Ile  |      |  |
|     |     |     |     |     |     |     |     | 260 |     |     |     |     | 270 |      |      |      |  |
| gct | caa | gtg | cca | gaa | gcg | act | atg | gtg | agc | gtg | tat | atg | gat | ctt  | aaa  | 864  |  |
| Ala | Gln | Val | Pro | Glu | Ala | Thr | Met | Val | Ser | Val | Tyr | Met | Asp | Leu  | Lys  |      |  |
|     |     |     |     |     |     |     |     | 275 |     |     |     |     | 285 |      |      |      |  |
| aag | ctt | ttt | ttg | act | aaa | gaa | gcg | agc | gaa | gaa | ggc | ttt | gat | cta  | gcc  | 912  |  |
| Lys | Leu | Phe | Leu | Thr | Lys | Glu | Ala | Ser | Glu | Glu | Gly | Phe | Asp | Leu  | Ala  |      |  |
|     |     |     |     |     |     |     |     | 290 |     |     |     |     | 300 |      |      |      |  |
| ccc | aac | aag | cta | aaa | gaa | att | tta | gag | caa | atc | aaa | aga | ggg | aag  | ttg  | 960  |  |
| Pro | Asn | Lys | Leu | Lys | Glu | Ile | Leu | Glu | Gln | Ile | Lys | Arg | Gly | Lys  | Leu  |      |  |
|     |     |     |     |     |     |     |     | 305 |     |     |     |     | 315 |      | 320  |      |  |
| att | tcc | gat | cgc | gct | aaa | aac | aaa | atg | gct | aaa | tcc | aat | tta | agg  | ttg  | 1008 |  |
| Ile | Ser | Asp | Arg | Ala | Lys | Asn | Lys | Met | Ala | Lys | Ser | Asn | Leu | Arg  | Leu  |      |  |
|     |     |     |     |     |     |     |     | 325 |     |     |     |     | 335 |      |      |      |  |
| gtg | gtg | agc | atc | gct | aaa | cga | ttc | acg | agc | aga | ggc | tta | cca | ttc  | ttg  | 1056 |  |
| Val | Val | Ser | Ile | Ala | Lys | Arg | Phe | Thr | Ser | Arg | Gly | Leu | Pro | Phe  | Leu  |      |  |
|     |     |     |     |     |     |     |     | 340 |     |     |     |     | 350 |      |      |      |  |
| gat | ttg | att | caa | gag | ggc | aat | att | ggc | ttg | atg | aaa | gcg | gtg | gat  | aag  | 1104 |  |
| Asp | Leu | Ile | Gln | Glu | Gly | Asn | Ile | Gly | Leu | Met | Lys | Ala | Val | Asp  | Lys  |      |  |
|     |     |     |     |     |     |     |     | 355 |     |     |     |     | 365 |      |      |      |  |
| ttt | gag | cat | gaa | aag | ggc | ttc | aag | ttt | tct | acc | tat | gcg | acc | tggt | tggt | 1152 |  |
| Phe | Glu | His | Glu | Lys | Gly | Phe | Lys | Phe | Ser | Thr | Tyr | Ala | Thr | Trp  | Trp  |      |  |
|     |     |     |     |     |     |     |     | 370 |     |     |     |     | 380 |      |      |      |  |
| atc | aaa | caa | gct | atc | agc | aga | gcc | ata | gcc | gat | cag | gcc | cgc | act  | atc  | 1200 |  |
| Ile | Lys | Gln | Ala | Ile | Ser | Arg | Ala | Ile | Ala | Asp | Gln | Ala | Arg | Thr  | Ile  |      |  |
|     |     |     |     |     |     |     |     | 385 |     |     |     |     | 400 |      |      |      |  |
| cgc | atc | ccc | att | cac | atg | att | gat | acg | att | aat | cgc | atc | aat | aaa  | gtc  | 1248 |  |
| Arg | Ile | Pro | Ile | His | Met | Ile | Asp | Thr | Ile | Asn | Arg | Ile | Asn | Lys  | Val  |      |  |
|     |     |     |     |     |     |     |     | 405 |     |     |     |     | 415 |      |      |      |  |
| atg | cgc | aaa | cac | att | caa | gaa | aac | ggc | aaa | gag | cct | gat | tta | gaa  | gtg  | 1296 |  |
| Met | Arg | Lys | His | Ile | Gln | Glu | Asn | Gly | Lys | Glu | Pro | Asp | Leu | Glu  | Val  |      |  |

|                                                                 |     |     |     |      |
|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|-----|------|
| gtg gct gaa gaa gtg ggg ctt tcg tta gat aaa gtg aag aat gtg att | 420 | 425 | 430 | 1344 |
| Val Ala Glu Glu Val Gly Leu Ser Leu Asp Lys Val Lys Asn Val Ile |     |     |     |      |
| aag gtg act aaa gag cct atc agt ttg gaa acc cca gtc ggc aat gat | 435 | 440 | 445 | 1392 |
| Lys Val Thr Lys Glu Pro Ile Ser Leu Glu Thr Pro Val Gly Asn Asp |     |     |     |      |
| gat gat ggc aag ttt ggg gat ttc gtg gaa gat aag aat atc gtc agc | 450 | 455 | 460 | 1440 |
| Asp Asp Gly Lys Phe Gly Asp Phe Val Glu Asp Lys Asn Ile Val Ser |     |     |     |      |
| tcc att gat cac atc atg cga gaa gat ttg aaa gca caa att gaa agc | 465 | 470 | 475 | 1488 |
| Ser Ile Asp His Ile Met Arg Glu Asp Leu Lys Ala Gln Ile Glu Ser |     |     |     |      |
| gtt ttg gat cag ttg aat gag cga gaa aaa gcg gtg atc cgc atg cgt | 485 | 490 | 495 | 1536 |
| Val Leu Asp Gln Leu Asn Glu Arg Glu Lys Ala Val Ile Arg Met Arg |     |     |     |      |
| ttt ggg ctt tta gac gat gaa agc gat cga act tta gaa gaa att ggc | 500 | 505 | 510 | 1584 |
| Phe Gly Leu Leu Asp Asp Glu Ser Asp Arg Thr Leu Glu Ile Gly     |     |     |     |      |
| aag gaa ttg aat gtt act aga gaa agg gtg cgc cag att gaa agc tct | 515 | 520 | 525 | 1632 |
| Lys Glu Leu Asn Val Thr Arg Glu Arg Val Arg Gln Ile Glu Ser Ser |     |     |     |      |
| gcg att aaa aaa ttg aga agc ccg cag tac ggg cgc att tta aga aac | 530 | 535 | 540 | 1680 |
| Ala Ile Lys Lys Leu Arg Ser Pro Gln Tyr Gly Arg Ile Leu Arg Asn |     |     |     |      |
| tat ttg cgc att                                                 | 545 | 550 | 555 | 1692 |
| Tyr Leu Arg Ile                                                 |     |     |     |      |
| <210> 90                                                        |     |     |     |      |
| <211> 564                                                       |     |     |     |      |
| <212> PRT                                                       |     |     |     |      |
| <213> Helicobacter pylori                                       |     |     |     |      |
| <400> 90                                                        |     |     |     |      |
| Leu Val Ser Ser Ser Glu Tyr Ala Lys Lys Leu Asn Ala Ile Asp Lys | 1   | 5   | 10  | 15   |
| Ile Lys Lys Thr Glu Glu Lys Gln Lys Val Leu Asp Glu Glu Leu Glu |     | 20  | 25  | 30   |
| Asp Gly Tyr Asp Phe Leu Lys Glu Lys Asp Phe Leu Glu Trp Ser Arg |     | 35  | 40  | 45   |
| Ser Asp Ser Pro Val Arg Met Tyr Leu Arg Glu Met Gly Asp Ile Lys |     | 50  | 55  | 60   |
| Leu Leu Ser Lys Asp Glu Glu Ile Glu Leu Ser Lys Gln Ile Arg Leu |     | 65  | 70  | 75   |
| Gly Glu Asp Ile Ile Leu Asp Ala Ile Cys Ser Val Pro Tyr Leu Ile |     | 85  | 90  | 95   |
| Asp Phe Ile Tyr Ala Tyr Lys Asp Ala Leu Ile Asn Arg Glu Arg Arg |     | 100 | 105 | 110  |
| Val Lys Glu Leu Phe Arg Ser Phe Asp Asp Asp Asp Glu Asn Ser Val |     | 115 | 120 | 125  |
| Ser Asp Ser Lys Lys Asp Glu Asp Asn Glu Glu Asp Glu Glu Asn Glu |     | 130 | 135 | 140  |
| Glu Arg Lys Lys Val Val Ser Glu Lys Asp Lys Lys Arg Val Glu Lys |     | 145 | 150 | 155  |
| Val Gln Glu Ser Phe Lys Ala Leu Asp Lys Ala Lys Lys Glu Trp Leu |     | 165 | 170 | 175  |
| Lys Ala Leu Glu Ala Pro Ile Asp Glu Arg Glu Asp Glu Leu Val Arg |     | 180 | 185 | 190  |
| Ser Leu Thr Leu Ala Tyr Lys Arg Gln Thr Leu Lys Asp Arg Leu Tyr |     | 195 | 200 | 205  |
| Asp Leu Glu Pro Thr Ser Lys Leu Ile Asn Glu Leu Val Lys Thr Met |     | 210 | 215 | 220  |
| Glu Thr Thr Leu Lys Ser Gly Asp Gly Phe Glu Lys Glu Leu Lys Arg |     |     |     |      |

225                      230                      235                      240  
 Leu Glu Tyr Lys Leu Pro Leu Phe Asn Asp Thr Leu Ile Ala Asn His  
                                  245                      250                      255  
 Lys Lys Ile Leu Ala Asn Ile Thr Asn Met Thr Lys Glu Asp Ile Ile  
                                  260                      265                      270  
 Ala Gln Val Pro Glu Ala Thr Met Val Ser Val Tyr Met Asp Leu Lys  
                                  275                      280                      285  
 Lys Leu Phe Leu Thr Lys Glu Ala Ser Glu Glu Gly Phe Asp Leu Ala  
                                  290                      295                      300  
 Pro Asn Lys Leu Lys Glu Ile Leu Glu Gln Ile Lys Arg Gly Lys Leu  
 305                      310                      315  
 Ile Ser Asp Arg Ala Lys Asn Lys Met Ala Lys Ser Asn Leu Arg Leu  
                                  325                      330                      335  
 Val Val Ser Ile Ala Lys Arg Phe Thr Ser Arg Gly Leu Pro Phe Leu  
                                  340                      345                      350  
 Asp Leu Ile Gln Glu Gly Asn Ile Gly Leu Met Lys Ala Val Asp Lys  
                                  355                      360                      365  
 Phe Glu His Glu Lys Gly Phe Lys Phe Ser Thr Tyr Ala Thr Trp Trp  
                                  370                      375                      380  
 Ile Lys Gln Ala Ile Ser Arg Ala Ile Ala Asp Gln Ala Arg Thr Ile  
 385                      390                      395                      400  
 Arg Ile Pro Ile His Met Ile Asp Thr Ile Asn Arg Ile Asn Lys Val  
                                  405                      410                      415  
 Met Arg Lys His Ile Gln Glu Asn Gly Lys Glu Pro Asp Leu Glu Val  
                                  420                      425                      430  
 Val Ala Glu Glu Val Gly Leu Ser Leu Asp Lys Val Lys Asn Val Ile  
                                  435                      440                      445  
 Lys Val Thr Lys Glu Pro Ile Ser Leu Glu Thr Pro Val Gly Asn Asp  
                                  450                      455                      460  
 Asp Asp Gly Lys Phe Gly Asp Phe Val Glu Asp Lys Asn Ile Val Ser  
 465                      470                      475                      480  
 Ser Ile Asp His Ile Met Arg Glu Asp Leu Lys Ala Gln Ile Glu Ser  
                                  485                      490                      495  
 Val Leu Asp Gln Leu Asn Glu Arg Glu Lys Ala Val Ile Arg Met Arg  
                                  500                      505                      510  
 Phe Gly Leu Leu Asp Asp Glu Ser Asp Arg Thr Leu Glu Glu Ile Gly  
                                  515                      520                      525  
 Lys Glu Leu Asn Val Thr Arg Glu Arg Val Arg Gln Ile Glu Ser Ser  
                                  530                      535                      540  
 Ala Ile Lys Lys Leu Arg Ser Pro Gln Tyr Gly Arg Ile Leu Arg Asn  
 545                      550                      555                      560  
 Tyr Leu Arg Ile

<210> 91

<211> 237

<212> DNA

<213> Helicobacter pylori

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(237)

<400> 91

aaa cta gtt tta gcc aag aat aca aga aaa tca gac gct aag agc gtg    48  
 Lys Leu Val Leu Ala Lys Asn Thr Arg Lys Ser Asp Ala Lys Ser Val  
   1                                  5                                  10                                  15  
 gaa tta gag gat ttg tat cac gaa ttc agt gaa gat aag cgt tct att    96  
 Glu Leu Glu Asp Leu Tyr His Glu Phe Ser Glu Asp Lys Arg Ser Ile  
                                   20                                  25                                  30  
 ttc tat ttt gcc ccc aca aac gcc cac aaa gac atg ctc aaa gcg gtg    144  
 Phe Tyr Phe Ala Pro Thr Asn Ala His Lys Asp Met Leu Lys Ala Val  
                                   35                                  40                                  45  
 gat ttt ttc aaa gaa aaa ggt cat acg gct tat tta gat gag gtg agg    192  
 Asp Phe Phe Lys Glu Lys Gly His Thr Ala Tyr Leu Asp Glu Val Arg

```

      50              55              60
gtc agc act gat gaa aaa gat ttt ctt tat gaa ttg cac att att      237
Val Ser Thr Asp Glu Lys Asp Phe Leu Tyr Glu Leu His Ile Ile
  65              70              75
<210> 92
<211> 79
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 92
Lys Leu Val Leu Ala Lys Asn Thr Arg Lys Ser Asp Ala Lys Ser Val
  1              5              10              15
Glu Leu Glu Asp Leu Tyr His Glu Phe Ser Glu Asp Lys Arg Ser Ile
      20              25              30
Phe Tyr Phe Ala Pro Thr Asn Ala His Lys Asp Met Leu Lys Ala Val
      35              40              45
Asp Phe Phe Lys Glu Lys Gly His Thr Ala Tyr Leu Asp Glu Val Arg
      50              55              60
Val Ser Thr Asp Glu Lys Asp Phe Leu Tyr Glu Leu His Ile Ile
      65              70              75
<210> 93
<211> 444
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(444)
<400> 93
gaa ggg gtt tta agg gtt tta ctc aat aaa aag ggc aag ctc att aaa      48
Glu Gly Val Leu Arg Val Leu Leu Asn Lys Lys Gly Lys Leu Ile Lys
  1              5              10              15
gaa tac aaa acc tta gag cct tta aaa agc cta gaa atc cgt ttg agt      96
Glu Tyr Lys Thr Leu Glu Pro Leu Lys Ser Leu Glu Ile Arg Leu Ser
      20              25              30
gaa gcc ccc att gat aaa cgc aat gat ttt tta tac cat aag acc act      144
Glu Ala Pro Ile Asp Lys Arg Asn Asp Phe Leu Tyr His Lys Thr Thr
      35              40              45
tat gcc cct ttt tat caa aag gct cga gcg ctc att aaa aag ggc gtt      192
Tyr Ala Pro Phe Tyr Gln Lys Ala Arg Ala Leu Ile Lys Lys Gly Val
      50              55              60
atg ttt gat gaa atc ttt tat aac cag gat ttg gaa ctc act gag ggc      240
Met Phe Asp Glu Ile Phe Tyr Asn Gln Asp Leu Glu Leu Thr Glu Gly
      65              70              75              80
gct agg agc aat ctt gtt tta gaa atc cat aac agg ctt tta acc cct      288
Ala Arg Ser Asn Leu Val Leu Glu Ile His Asn Arg Leu Leu Thr Pro
      85              90              95
tat ttt agc gcg ggc gcg tta aac ggg acg ggt gtt gtg ggg ttg tta      336
Tyr Phe Ser Ala Gly Ala Leu Asn Gly Thr Gly Val Val Gly Leu Leu
      100              105              110
aaa aag ggt ctt gtt ggg cat gca cct ttg aaa ttg caa gat ttg caa      384
Lys Lys Gly Leu Val Gly His Ala Pro Leu Lys Leu Gln Asp Leu Gln
      115              120              125
aaa gcg tct aaa atc tat tgt att aac gcg cta tat ggc tta gtg gaa      432
Lys Ala Ser Lys Ile Tyr Cys Ile Asn Ala Leu Tyr Gly Leu Val Glu
      130              135              140
gtg aaa ata aaa      444
Val Lys Ile Lys
145
<210> 94
<211> 148
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori

```

<400> 94  
 Glu Gly Val Leu Arg Val Leu Leu Asn Lys Lys Gly Lys Leu Ile Lys  
 1 5 10 15  
 Glu Tyr Lys Thr Leu Glu Pro Leu Lys Ser Leu Glu Ile Arg Leu Ser  
 20 25 30  
 Glu Ala Pro Ile Asp Lys Arg Asn Asp Phe Leu Tyr His Lys Thr Thr  
 35 40 45  
 Tyr Ala Pro Phe Tyr Gln Lys Ala Arg Ala Leu Ile Lys Lys Gly Val  
 50 55 60  
 Met Phe Asp Glu Ile Phe Tyr Asn Gln Asp Leu Glu Leu Thr Glu Gly  
 65 70 75 80  
 Ala Arg Ser Asn Leu Val Leu Glu Ile His Asn Arg Leu Leu Thr Pro  
 85 90 95  
 Tyr Phe Ser Ala Gly Ala Leu Asn Gly Thr Gly Val Val Gly Leu Leu  
 100 105 110  
 Lys Lys Gly Leu Val Gly His Ala Pro Leu Lys Leu Gln Asp Leu Gln  
 115 120 125  
 Lys Ala Ser Lys Ile Tyr Cys Ile Asn Ala Leu Tyr Gly Leu Val Glu  
 130 135 140  
 Val Lys Ile Lys  
 145  
 <210> 95  
 <211> 719  
 <212> DNA  
 <213> *Helicobacter pylori*  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(717)  
 <400> 95  
 gca gat gaa acg aac gct ctg aga caa aaa aac aga gaa ctg aac aaa 48  
 Ala Asp Glu Thr Asn Ala Leu Arg Gln Lys Asn Arg Glu Leu Asn Lys  
 1 5 10 15  
 aaa ata gat tgg caa aaa gat tat gac agg gaa aaa tta gaa cga gat 96  
 Lys Ile Asp Trp Gln Lys Asp Tyr Asp Arg Glu Lys Leu Glu Arg Asp  
 20 25 30  
 aat agg gat tta gaa caa tgc aaa gag gat tta tta gcc gct aac gag 144  
 Asn Arg Asp Leu Glu Gln Cys Lys Glu Asp Leu Leu Ala Ala Asn Glu  
 35 40 45  
 aat cta aga aat aga atc caa gaa tgg gaa aat gaa aaa aac aag ctt 192  
 Asn Leu Arg Asn Arg Ile Gln Glu Trp Glu Asn Glu Lys Asn Lys Leu  
 50 55 60  
 gat cca aga gat gaa aga ata aaa gag tta gaa gaa gaa aaa agg gaa 240  
 Asp Pro Arg Asp Glu Arg Ile Lys Glu Leu Glu Glu Lys Arg Glu  
 65 70 75 80  
 tta gag gga att tta gcc caa aaa gag aac gca gaa caa aaa tat aac 288  
 Leu Glu Gly Ile Leu Ala Gln Lys Glu Asn Ala Glu Gln Lys Tyr Asn  
 85 90 95  
 act ctt tca gtc aaa aat aag caa tta gaa gct gag tta gat atg ctt 336  
 Thr Leu Ser Val Lys Asn Lys Gln Leu Glu Ala Glu Leu Asp Met Leu  
 100 105 110  
 aac gaa aaa ttt gaa aaa ctg aaa aat atg tat gct ggg gta gag gat 384  
 Asn Glu Lys Phe Glu Lys Leu Lys Asn Met Tyr Ala Gly Val Glu Asp  
 115 120 125  
 ttt gaa aaa cgc caa aaa aat atc aaa gaa caa att gta aaa acc aac 432  
 Phe Glu Lys Arg Gln Lys Asn Ile Lys Glu Gln Ile Val Lys Thr Asn  
 130 135 140  
 ccc aaa gtc tta ggc gca cct tca aac gaa gtg gaa gaa tta gcg ttc 480  
 Pro Lys Val Leu Gly Ala Pro Ser Asn Glu Val Glu Glu Leu Ala Phe  
 45 150 155 160  
 tta gag cgt ata gaa aag ggc atg caa gag ttc aat gtt ttc tat ccc 528  
 Leu Glu Arg Ile Glu Lys Gly Met Gln Glu Phe Asn Val Phe Tyr Pro

```

      165      170      175
aag cgt tta ttg tat atg ttc cac acc gct tta aaa agc acg tct cta 576
Lys Arg Leu Leu Tyr Met Phe His Thr Ala Leu Lys Ser Thr Ser Leu
      180      185      190
tcg cca ttg agc gtg cta agt ggg gtg agt ggg aca gga aaa tct gaa 624
Ser Pro Leu Ser Val Leu Ser Gly Val Ser Gly Thr Gly Lys Ser Glu
      195      200      205
ctg ccc aag ctc tat gtg cat ttt ggg ggg tta aat ttt tta agc att 672
Leu Pro Lys Leu Tyr Val His Phe Gly Gly Leu Asn Phe Leu Ser Ile
      210      215      220
gct gtg cag cct act tgg gat agc cca gaa tcg ttg atg ggg tat tt 719
Ala Val Gln Pro Thr Trp Asp Ser Pro Glu Ser Leu Met Gly Tyr
225      230      235
<210> 96
<211> 239
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 96
Ala Asp Glu Thr Asn Ala Leu Arg Gln Lys Asn Arg Glu Leu Asn Lys
1      5      10      15
Lys Ile Asp Trp Gln Lys Asp Tyr Asp Arg Glu Lys Leu Glu Arg Asp
20      25      30
Asn Arg Asp Leu Glu Gln Cys Lys Glu Asp Leu Leu Ala Ala Asn Glu
35      40      45
Asn Leu Arg Asn Arg Ile Gln Glu Trp Glu Asn Glu Lys Asn Lys Leu
50      55      60
Asp Pro Arg Asp Glu Arg Ile Lys Glu Leu Glu Glu Lys Arg Glu
65      70      75      80
Leu Glu Gly Ile Leu Ala Gln Lys Glu Asn Ala Glu Gln Lys Tyr Asn
85      90      95
Thr Leu Ser Val Lys Asn Lys Gln Leu Glu Ala Glu Leu Asp Met Leu
100      105      110
Asn Glu Lys Phe Glu Lys Leu Lys Asn Met Tyr Ala Gly Val Glu Asp
115      120      125
Phe Glu Lys Arg Gln Lys Asn Ile Lys Glu Gln Ile Val Lys Thr Asn
130      135      140
Pro Lys Val Leu Gly Ala Pro Ser Asn Glu Val Glu Glu Leu Ala Phe
145      150      155      160
Leu Glu Arg Ile Glu Lys Gly Met Gln Glu Phe Asn Val Phe Tyr Pro
165      170      175
Lys Arg Leu Leu Tyr Met Phe His Thr Ala Leu Lys Ser Thr Ser Leu
180      185      190
Ser Pro Leu Ser Val Leu Ser Gly Val Ser Gly Thr Gly Lys Ser Glu
195      200      205
Leu Pro Lys Leu Tyr Val His Phe Gly Gly Leu Asn Phe Leu Ser Ile
210      215      220
Ala Val Gln Pro Thr Trp Asp Ser Pro Glu Ser Leu Met Gly Tyr
225      230      235
<210> 97
<211> 819
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(819)
<400> 97
aat ggg gtg gag att gta ggg ttg gag cat ttg gat aaa gtg att tat 48
Asn Gly Val Glu Ile Val Gly Leu Glu His Leu Asp Lys Val Ile Tyr
1      5      10      15
tta gat caa gcc ata ggc aaa acc cga agc aac cct gcc act 96
Leu Asp Gln Ala Pro Ile Gly Lys Thr Pro Arg Ser Asn Pro Ala Thr

```

|       |                     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
|-------|---------------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--|
|       |                     |     | 20  |     |     |     |     | 25  |     |     |     | 30  |     |     |     |     |  |
| tac   | acg                 | gga | gtg | atg | gat | gaa | atc | agg | att | tta | ttt | gcc | gag | caa | aaa | 144 |  |
| Tyr   | Thr                 | Gly | Val | Met | Asp | Glu | Ile | Arg | Ile | Leu | Phe | Ala | Glu | Gln | Lys |     |  |
|       |                     | 35  |     |     |     |     | 40  |     |     |     |     | 45  |     |     |     |     |  |
| gaa   | gct                 | aaa | att | tta | ggc | tat | agt | gcg | agc | cgt | ttt | agc | ttt | aat | gtt | 192 |  |
| Glu   | Ala                 | Lys | Ile | Leu | Gly | Tyr | Ser | Ala | Ser | Arg | Phe | Ser | Phe | Asn | Val |     |  |
|       | 50                  |     |     |     |     | 55  |     |     |     | 60  |     |     |     |     |     |     |  |
| aaa   | gga                 | ggg | cgg | tgc | gag | aaa | tgc | caa | ggc | gat | ggg | gac | att | aaa | ata | 240 |  |
| Lys   | Gly                 | Gly | Arg | Cys | Glu | Lys | Cys | Gln | Gly | Asp | Gly | Asp | Ile | Lys | Ile |     |  |
|       | 65                  |     |     |     | 70  |     |     |     | 75  |     |     |     |     | 80  |     |     |  |
| gaa   | atg                 | cac | ttt | ttg | cct | gat | gtg | tta | gtc | caa | tgc | gat | agc | tgt | aag | 288 |  |
| Glu   | Met                 | His | Phe | Leu | Pro | Asp | Val | Leu | Val | Gln | Cys | Asp | Ser | Cys | Lys |     |  |
|       |                     |     |     | 85  |     |     |     |     | 90  |     |     |     |     | 95  |     |     |  |
| ggc   | gct                 | aaa | tac | ccc | caa | act | tta | gaa | atc | aag | gtg | aaa | ggc | aaa |     | 336 |  |
| Gly   | Ala                 | Lys | Tyr | Asn | Pro | Gln | Thr | Leu | Glu | Ile | Lys | Val | Lys | Gly | Lys |     |  |
|       |                     | 100 |     |     |     | 105 |     |     |     |     |     | 110 |     |     |     |     |  |
| tcc   | att                 | gcc | gat | gtg | ttg | aac | atg | agc | gtg | gaa | gag | gct | tat | gaa | ttt | 384 |  |
| Ser   | Ile                 | Ala | Asp | Val | Leu | Asn | Met | Ser | Val | Glu | Glu | Ala | Tyr | Glu | Phe |     |  |
|       |                     | 115 |     |     |     | 120 |     |     |     |     |     | 125 |     |     |     |     |  |
| ttt   | gct                 | aaa | ttc | cct | aaa | atc | gcc | gtg | aag | tta | aaa | acg | ctt | atg | gat | 432 |  |
| Phe   | Ala                 | Lys | Phe | Pro | Lys | Ile | Ala | Val | Lys | Leu | Lys | Thr | Leu | Met | Asp |     |  |
|       | 130                 |     |     |     |     | 135 |     |     |     |     |     | 140 |     |     |     |     |  |
| gtg   | ggc                 | tta | ggc | tat | atc | act | tta | ggg | caa | aac | gct | acg | act | tta | agt | 480 |  |
| Val   | Gly                 | Leu | Gly | Tyr | Ile | Thr | Leu | Gly | Gln | Asn | Ala | Thr | Thr | Leu | Ser |     |  |
|       | 145                 |     |     |     | 150 |     |     |     | 155 |     |     |     |     | 160 |     |     |  |
| ggg   | ggg                 | gag | gct | caa | agg | atc | aaa | tta | gct | aaa | gaa | ttg | agt | aaa | aaa | 528 |  |
| Gly   | Gly                 | Glu | Ala | Gln | Arg | Ile | Lys | Leu | Ala | Lys | Glu | Leu | Ser | Lys | Lys |     |  |
|       |                     |     | 165 |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     |     | 175 |     |     |  |
| gac   | aca                 | ggc | aaa | acc | ctt | tat | att | tta | gat | gag | cct | act | acc | ggt | ttg | 576 |  |
| Asp   | Thr                 | Gly | Lys | Thr | Leu | Tyr | Ile | Leu | Asp | Glu | Pro | Thr | Thr | Gly | Leu |     |  |
|       |                     |     | 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     |     | 190 |     |     |  |
| cat   | ttt                 | gaa | gac | gtg | aat | cat | ctt | tta | caa | gtc | ttg | cat | tct | tta | gtg | 624 |  |
| His   | Phe                 | Glu | Asp | Val | Asn | His | Leu | Leu | Gln | Val | Leu | His | Ser | Leu | Val |     |  |
|       |                     | 195 |     |     |     |     | 200 |     |     |     |     | 205 |     |     |     |     |  |
| gcg   | tta                 | ggc | aat | tct | atg | cta | gtg | att | gag | cat | aat | tta | gac | att | atc | 672 |  |
| Ala   | Leu                 | Gly | Asn | Ser | Met | Leu | Val | Ile | Glu | His | Asn | Leu | Asp | Ile | Ile |     |  |
|       | 210                 |     |     |     |     | 215 |     |     |     |     |     | 220 |     |     |     |     |  |
| aaa   | aac                 | gct | gac | tac | att | ata | gac | atg | ggg | cct | gat | ggg | ggg | gat | aag | 720 |  |
| Lys   | Asn                 | Ala | Asp | Tyr | Ile | Ile | Asp | Met | Gly | Pro | Asp | Gly | Gly | Asp | Lys |     |  |
|       | 225                 |     |     |     | 230 |     |     |     |     | 235 |     |     |     | 240 |     |     |  |
| ggc   | ggg                 | aaa | gtc | att | gcg | agc | ggc | acg | cct | tta | gag | gtg | gcg | caa | aat | 768 |  |
| Gly   | Gly                 | Lys | Val | Ile | Ala | Ser | Gly | Thr | Pro | Leu | Glu | Val | Ala | Gln | Asn |     |  |
|       |                     |     | 245 |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     | 255 |     |     |     |  |
| tgc   | gaa                 | aaa | acc | caa | agc | tac | acg | gga | aaa | ttt | tta | gct | ttg | gaa | ttg | 816 |  |
| Cys   | Glu                 | Lys | Thr | Gln | Ser | Tyr | Thr | Gly | Lys | Phe | Leu | Ala | Leu | Glu | Leu |     |  |
|       |                     |     | 260 |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     | 270 |     |     |     |  |
| aaa   |                     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 819 |  |
| Lys   |                     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
| <210> | 98                  |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
| <211> | 273                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
| <212> | PRT                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
| <213> | Helicobacter pylori |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
| <400> | 98                  |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
| Asn   | Gly                 | Val | Glu | Ile | Val | Gly | Leu | Glu | His | Leu | Asp | Lys | Val | Ile | Tyr |     |  |
|       | 1                   |     |     | 5   |     |     |     |     | 10  |     |     |     |     | 15  |     |     |  |
| Leu   | Asp                 | Gln | Ala | Pro | Ile | Gly | Lys | Thr | Pro | Arg | Ser | Asn | Pro | Ala | Thr |     |  |
|       |                     | 20  |     |     |     |     |     | 25  |     |     |     |     | 30  |     |     |     |  |
| Tyr   | Thr                 | Gly | Val | Met | Asp | Glu | Ile | Arg | Ile | Leu | Phe | Ala | Glu | Gln | Lys |     |  |
|       |                     | 35  |     |     |     |     | 40  |     |     |     |     | 45  |     |     |     |     |  |
| Glu   | Ala                 | Lys | Ile | Leu | Gly | Tyr | Ser | Ala | Ser | Arg | Phe | Ser | Phe | Asn | Val |     |  |
|       | 50                  |     |     |     |     | 55  |     |     |     |     |     | 60  |     |     |     |     |  |

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

Lys

<210> 99

<211> 1405

<212> DNA

<213> *Helicobacter pylori*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1404)

<400> 99

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

|                                                                 |                                                                 |     |     |      |
|-----------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|------|
| 130                                                             | caa gat cca aga gcc tta gtg gta aag att agc gac agg ttg cac aac | 135 | 140 | 480  |
| Gln Asp Pro Arg Ala Leu Val Val Lys Ile Ser Asp Arg Leu His Asn |                                                                 |     |     |      |
| 145                                                             | 150                                                             | 155 | 160 |      |
| atg ctc acc tta gac gcc ttg cct cat gac aag caa gtg cgt att tct |                                                                 |     |     | 528  |
| Met Leu Thr Leu Asp Ala Leu Pro His Asp Lys Gln Val Arg Ile Ser |                                                                 |     |     |      |
| 165                                                             | 170                                                             | 175 |     |      |
| aaa gag act cta gcg gtg tat gcc cct ata gcg agc cga ttg ggc atg |                                                                 |     |     | 576  |
| Lys Glu Thr Leu Ala Val Tyr Ala Pro Ile Ala Ser Arg Leu Gly Met |                                                                 |     |     |      |
| 180                                                             | 185                                                             | 190 |     |      |
| tct tca atc aaa aat gaa tta gaa gac aag agc ttt tat tat att tat |                                                                 |     |     | 624  |
| Ser Ser Ile Lys Asn Glu Leu Glu Asp Lys Ser Phe Tyr Tyr Ile Tyr |                                                                 |     |     |      |
| 195                                                             | 200                                                             | 205 |     |      |
| cca gaa gag tat aaa aat atc aag gaa tat ttg cac aaa aac aag cag |                                                                 |     |     | 672  |
| Pro Glu Glu Tyr Lys Asn Ile Lys Glu Tyr Leu His Lys Asn Lys Gln |                                                                 |     |     |      |
| 210                                                             | 215                                                             | 220 |     |      |
| tct tta ctc tta aag ctc aac gct ttt gcg agc aag tta gaa aaa aaa |                                                                 |     |     | 720  |
| Ser Leu Leu Leu Lys Leu Asn Ala Phe Ala Ser Lys Leu Glu Lys Lys |                                                                 |     |     |      |
| 225                                                             | 230                                                             | 235 | 240 |      |
| ctt ttt gat agt ggg ttt agc cat tcg gat ttt aaa ctc gtt aca agg |                                                                 |     |     | 768  |
| Leu Phe Asp Ser Gly Phe Ser His Ser Asp Phe Lys Leu Val Thr Arg |                                                                 |     |     |      |
| 245                                                             | 250                                                             | 255 |     |      |
| gtg aaa gcg cct tat tct atc tat ctt aag atg caa cga aag ggc gcg |                                                                 |     |     | 816  |
| Val Lys Arg Pro Tyr Ser Ile Tyr Leu Lys Met Gln Arg Lys Gly Ala |                                                                 |     |     |      |
| 260                                                             | 265                                                             | 270 |     |      |
| gtt aat att gat gaa att ttg gac ttg tta gcc att agg att tta ttg |                                                                 |     |     | 864  |
| Val Asn Ile Asp Glu Ile Leu Asp Leu Leu Ala Ile Arg Ile Leu Leu |                                                                 |     |     |      |
| 275                                                             | 280                                                             | 285 |     |      |
| aaa aac ccg att gat tgc tat aaa gtt tta ggg att atc cat ttg aat |                                                                 |     |     | 912  |
| Lys Asn Pro Ile Asp Cys Tyr Lys Val Leu Gly Ile Ile His Leu Asn |                                                                 |     |     |      |
| 290                                                             | 295                                                             | 300 |     |      |
| ttc aaa ccc att gtc tct cgt ttt aaa gat tac atc gct ttg ccc aaa |                                                                 |     |     | 960  |
| Phe Lys Pro Ile Val Ser Arg Phe Lys Asp Tyr Ile Ala Leu Pro Lys |                                                                 |     |     |      |
| 305                                                             | 310                                                             | 315 | 320 |      |
| gaa aat ggc tat aag acg ata cac acg acc att ttt gat gaa tct tct |                                                                 |     |     | 1008 |
| Glu Asn Gly Tyr Lys Thr Ile His Thr Thr Ile Phe Asp Glu Ser Ser |                                                                 |     |     |      |
| 325                                                             | 330                                                             | 335 |     |      |
| gtt tat gaa gtg cag atc gcg acc ttt gat atg cat atg ggg gcg gag |                                                                 |     |     | 1056 |
| Val Tyr Glu Val Gln Ile Arg Thr Phe Asp Met His Met Gly Ala Glu |                                                                 |     |     |      |
| 340                                                             | 345                                                             | 350 |     |      |
| tat ggt aat tca gcc cac tgg aag tat aaa gcc ggg ggc gtg gat cat |                                                                 |     |     | 1104 |
| Tyr Gly Asn Ser Ala His Trp Lys Tyr Lys Ala Gly Gly Val Asp His |                                                                 |     |     |      |
| 355                                                             | 360                                                             | 365 |     |      |
| gaa gat cat cat gag ggc atg aga tgg ttg caa aat ttt aaa tac cat |                                                                 |     |     | 1152 |
| Glu Asp His His Glu Gly Met Arg Trp Leu Gln Asn Phe Lys Tyr His |                                                                 |     |     |      |
| 370                                                             | 375                                                             | 380 |     |      |
| gac agc gat ttg aaa aac gac cct aag gaa ttt tac gaa ctc gct aag |                                                                 |     |     | 1200 |
| Asp Ser Asp Leu Lys Asn Asp Pro Lys Glu Phe Tyr Glu Leu Ala Lys |                                                                 |     |     |      |
| 385                                                             | 390                                                             | 395 | 400 |      |
| aac gat ttg tat cgt gaa gat att gtc gtt ttt tcg cct cat ggg gac |                                                                 |     |     | 1248 |
| Asn Asp Leu Tyr Arg Glu Asp Ile Val Val Phe Ser Pro His Gly Asp |                                                                 |     |     |      |
| 405                                                             | 410                                                             | 415 |     |      |
| act tac act tta ccg gtg ggt gcg atc gct tta gat ttt gct tac atg |                                                                 |     |     | 1296 |
| Thr Tyr Thr Leu Pro Val Gly Ala Ile Ala Leu Asp Phe Ala Tyr Met |                                                                 |     |     |      |
| 420                                                             | 425                                                             | 430 |     |      |
| gtg cat agc gat ttg ggc gat aaa gcc acg gac gct tat atc aat agt |                                                                 |     |     | 1344 |
| Val His Ser Asp Leu Gly Asp Lys Ala Thr Asp Ala Tyr Ile Asn Ser |                                                                 |     |     |      |
| 435                                                             | 440                                                             | 445 |     |      |
| aaa aaa gcc tta ctc aat cag gaa tta aga agt ggg gat gtg gtt aaa |                                                                 |     |     | 1392 |
| Lys Lys Ala Leu Leu Asn Gln Glu Leu Arg Ser Gly Asp Val Val Lys |                                                                 |     |     |      |
| 450                                                             | 455                                                             | 460 |     |      |

1405

atc att aaa ggc g  
 ile ile lys gly  
 465  
 <210> 100  
 <211> 468  
 <212> PRT  
 <213> *Helicobacter pylori*  
 <400> 100  
 Gly Phe Leu Arg Ile Leu Asp Val Ile Lys Lys Val Thr Thr Pro Lys  
 1 5 10 15  
 Gly Gly Ile Glu Ile Leu Arg Thr Leu Ile Asp Phe Thr Pro Lys Ile  
 20 25 30  
 Glu Asn Ala Leu Asn Leu Ala Ala Lys Ser His Lys Gly Gln Tyr Arg  
 35 40 45  
 Lys Ser Gly Glu Pro Tyr Ile Val His Pro Ile Cys Val Ala Ser Leu  
 50 55 60  
 Val Ala Phe Cys Gly Gly Asp Glu Ala Met Val Cys Ala Ala Leu Leu  
 65 70 75 80  
 His Asp Val Val Glu Asp Thr Pro Cys Lys Ile Glu Thr Ile Glu Gln  
 85 90 95  
 Glu Phe Gly Gln Asp Val Ala Asn Leu Val Asp Ala Leu Thr Lys Ile  
 100 105 110  
 Thr Glu Ile Arg Lys Glu Glu Leu Gly Val Ser Ser Gln Asp Pro Arg  
 115 120 125  
 Met Val Val Ser Ala Leu Thr Phe Arg Lys Ile Leu Ile Ser Ala Ile  
 130 135 140  
 Gln Asp Pro Arg Ala Leu Val Val Lys Ile Ser Asp Arg Leu His Asn  
 145 150 155 160  
 Met Leu Thr Leu Asp Ala Leu Pro His Asp Lys Gln Val Arg Ile Ser  
 165 170 175  
 Lys Glu Thr Leu Ala Val Tyr Ala Pro Ile Ala Ser Arg Leu Gly Met  
 180 185 190  
 Ser Ser Ile Lys Asn Glu Leu Glu Asp Lys Ser Phe Tyr Tyr Ile Tyr  
 195 200 205  
 Pro Glu Glu Tyr Lys Asn Ile Lys Glu Tyr Leu His Lys Asn Lys Gln  
 210 215 220  
 Ser Leu Leu Leu Lys Leu Asn Ala Phe Ala Ser Lys Leu Glu Lys Lys  
 225 230 235 240  
 Leu Phe Asp Ser Gly Phe Ser His Ser Asp Phe Lys Leu Val Thr Arg  
 245 250 255  
 Val Lys Arg Pro Tyr Ser Ile Tyr Leu Lys Met Gln Arg Lys Gly Ala  
 260 265 270  
 Val Asn Ile Asp Glu Ile Leu Asp Leu Leu Ala Ile Arg Ile Leu Leu  
 275 280 285  
 Lys Asn Pro Ile Asp Cys Tyr Lys Val Leu Gly Ile Ile His Leu Asn  
 290 295 300  
 Phe Lys Pro Ile Val Ser Arg Phe Lys Asp Tyr Ile Ala Leu Pro Lys  
 305 310 315 320  
 Glu Asn Gly Tyr Lys Thr Ile His Thr Thr Ile Phe Asp Glu Ser Ser  
 325 330 335  
 Val Tyr Glu Val Gln Ile Arg Thr Phe Asp Met His Met Gly Ala Glu  
 340 345 350  
 Tyr Gly Asn Ser Ala His Trp Lys Tyr Lys Ala Gly Gly Val Asp His  
 355 360 365  
 Glu Asp His His Glu Gly Met Arg Trp Leu Gln Asn Phe Lys Tyr His  
 370 375 380  
 Asp Ser Asp Leu Lys Asn Asp Pro Lys Glu Phe Tyr Glu Leu Ala Lys  
 385 390 395 400  
 Asn Asp Leu Tyr Arg Glu Asp Ile Val Val Phe Ser Pro His Gly Asp  
 405 410 415  
 Thr Tyr Thr Leu Pro Val Gly Ala Ile Ala Leu Asp Phe Ala Tyr Met

420 425 430  
 Val His Ser Asp Leu Gly Asp Lys Ala Thr Asp Ala Tyr Ile Asn Ser  
 435 440 445  
 Lys Lys Ala Leu Leu Asn Gln Glu Leu Arg Ser Gly Asp Val Val Lys  
 450 455 460  
 Ile Ile Lys Gly  
 465  
 <210> 101  
 <211> 822  
 <212> DNA  
 <213> *Helicobacter pylori*  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(822)  
 <400> 101  
 ccc aaa gag agg gtt tta agc gat gaa gaa atc aac aac agg gct gaa 48  
 Pro Lys Glu Arg Val Leu Ser Asp Glu Glu Ile Asn Asn Arg Ala Glu  
 1 5 10 15  
 agg atc gct aaa agc gag tta gag aag gat acg aag ctc gtt tca tca 96  
 Arg Ile Ala Lys Ser Glu Leu Glu Lys Asp Thr Lys Leu Val Ser Ser  
 20 25 30  
 cac gat caa tac gag cgc atg aaa aaa agc gga tcg ctc aac acg gaa 144  
 His Asp Gln Tyr Glu Arg Met Lys Lys Ser Gly Ser Leu Asn Thr Glu  
 35 40 45  
 aac tta gat tcg cac att caa gcc aac agc tta caa gag ctg aat caa 192  
 Asn Leu Asp Ser His Ile Gln Ala Asn Ser Leu Gln Glu Leu Asn Gln  
 50 55 60  
 aaa ttg ctc caa ttc gtg ggc gcg gat agg aag tat atg ccc tac act 240  
 Lys Leu Leu Gln Phe Val Gly Ala Asp Arg Lys Tyr Met Pro Tyr Thr  
 65 70 75 80  
 aaa gcg gtg caa att tct ttg aat aac ccc aat ctt aaa gat ttg gaa 288  
 Lys Ala Val Gln Ile Ser Leu Asn Asn Pro Asn Leu Lys Asp Leu Glu  
 85 90 95  
 gtg att gac acc cca gga gtg aat gac ccc atc gct tcc agg gaa gaa 336  
 Val Ile Asp Thr Pro Gly Val Asn Asp Pro Ile Ala Ser Arg Glu Glu  
 100 105 110  
 cgc acc aaa gcc tta ttg aaa gat tgc gat gtg gtg ttt atc ata agc 384  
 Arg Thr Lys Ala Leu Leu Lys Asp Cys Asp Val Val Phe Ile Ile Ser  
 115 120 125  
 tct tct aat cag ttt tta acg gag agc gat atg agt ttg ttt gac agg 432  
 Ser Ser Asn Gln Phe Leu Thr Glu Ser Asp Met Ser Leu Phe Asp Arg  
 130 135 140  
 gtt tct aac aaa gaa agc ctt caa gaa att tat ttt gtg gca agc caa 480  
 Val Ser Asn Lys Glu Ser Leu Gln Glu Ile Tyr Phe Val Ala Ser Gln  
 145 150 155 160  
 gcc gat agc gct gtt ctt atg agt gaa gtg gaa aaa tct cgc cac 528  
 Ala Asp Ser Ala Val Leu Ser Met Ser Glu Val Glu Lys Ser Arg His  
 165 170 175  
 cac ctc ccc aca gcc tta gaa aac gcg caa aaa tcc ctt tca tct tct 576  
 His Leu Pro Thr Ala Leu Glu Asn Ala Gln Lys Ser Leu Ser Ser  
 180 185 190  
 tta aat aaa acc atg gaa gca ttg att caa aca aac cct aac caa cga 624  
 Leu Asn Lys Thr Met Glu Ala Leu Ile Gln Thr Asn Pro Asn Gln Arg  
 195 200 205  
 ggg att ttt gaa aaa gcg atc aaa aac ggc gtc att ttg act tca ggg 672  
 Gly Ile Phe Glu Lys Ala Ile Lys Asn Gly Val Ile Leu Thr Ser Gly  
 210 215 220  
 gct tgc ttt agc atg tat aag gat ttc aaa aac caa gct tot tgg gaa 720  
 Ala Cys Phe Ser Met Tyr Lys Asp Phe Lys Asn Gln Ala Ser Trp Glu  
 225 230 235 240  
 agc aaa aaa gaa gag tgt tac aat gca tgg cgg aat tta acc aac gct 768

Ser Lys Lys Glu Glu Cys Tyr Asn Ala Trp Arg Asn Leu Thr Asn Ala  
 245 250 255  
 tac ccc ctg acg ctt tta aca gcg ttg ata aat ctg aag aaa gct tat 816  
 Tyr Pro Leu Thr Leu Leu Thr Ala Leu Ile Asn Leu Lys Lys Ala Tyr  
 260 265 270  
 tat tct 822  
 Tyr Ser  
 <210> 102  
 <211> 274  
 <212> PRT  
 <213> Helicobacter pylori  
 <400> 102  
 Pro Lys Glu Arg Val Leu Ser Asp Glu Glu Ile Asn Asn Arg Ala Glu  
 1 5 10 15  
 Arg Ile Ala Lys Ser Glu Leu Glu Lys Asp Thr Lys Leu Val Ser Ser  
 20 25 30  
 His Asp Gln Tyr Glu Arg Met Lys Lys Ser Gly Ser Leu Asn Thr Glu  
 35 40 45  
 Asn Leu Asp Ser His Ile Gln Ala Asn Ser Leu Gln Glu Leu Asn Gln  
 50 55 60  
 Lys Leu Leu Gln Phe Val Gly Ala Asp Arg Lys Tyr Met Pro Tyr Thr  
 65 70 75 80  
 Lys Ala Val Gln Ile Ser Leu Asn Asn Pro Asn Leu Lys Asp Leu Glu  
 85 90 95  
 Val Ile Asp Thr Pro Gly Val Asn Asp Pro Ile Ala Ser Arg Glu Glu  
 100 105 110  
 Arg Thr Lys Ala Leu Leu Lys Asp Cys Asp Val Val Phe Ile Ile Ser  
 115 120 125  
 Ser Ser Asn Gln Phe Leu Thr Glu Ser Asp Met Ser Leu Phe Asp Arg  
 130 135 140  
 Val Ser Asn Lys Glu Ser Leu Gln Glu Ile Tyr Phe Val Ala Ser Gln  
 145 150 155 160  
 Ala Asp Ser Ala Val Leu Ser Met Ser Glu Val Glu Lys Ser Arg His  
 165 170 175  
 His Leu Pro Thr Ala Leu Glu Asn Ala Gln Lys Ser Leu Ser Ser Ser  
 180 185 190  
 Leu Asn Lys Thr Met Glu Ala Leu Ile Gln Thr Asn Pro Asn Gln Arg  
 195 200 205  
 Gly Ile Phe Glu Lys Ala Ile Lys Asn Gly Val Ile Leu Thr Ser Gly  
 210 215 220  
 Ala Cys Phe Ser Met Tyr Lys Asp Phe Lys Asn Gln Ala Ser Trp Glu  
 225 230 235 240  
 Ser Lys Lys Glu Glu Cys Tyr Asn Ala Trp Arg Asn Leu Thr Asn Ala  
 245 250 255  
 Tyr Pro Leu Thr Leu Leu Thr Ala Leu Ile Asn Leu Lys Lys Ala Tyr  
 260 265 270  
 Tyr Ser  
 <210> 103  
 <211> 711  
 <212> DNA  
 <213> Helicobacter pylori  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(711)  
 <400> 103  
 agc gaa aaa aat ata gaa aag gtt ttg aac gcc tat gat aag caa caa 48  
 Ser Glu Lys Asn Ile Glu Lys Val Leu Asn Ala Tyr Asp Lys Gln Gln  
 1 5 10 15  
 cac cac cat caa gac gat ctc gct att cag tat tta cca gcc gtg cgc 96  
 His His His Gln Asp Asp Leu Ala Ile Gln Tyr Leu Pro Ala Val Arg  
 20 25 30

```

gcc atg gcg ttt cgt cta aaa gag cgc ttg ccc agc tct att gat ttt 144
Ala Met Ala Phe Arg Leu Lys Glu Arg Leu Pro Ser Ser Ile Asp Phe
      35      40      45
aac gat ctg gtt tct att ggc act gaa gaa ttg att aaa tta gcc agg 192
Asn Asp Leu Val Ser Ile Gly Thr Glu Glu Leu Ile Lys Leu Ala Arg
      50      55      60
cgt tat gag agc gcg tta aac gat tct ttt tgg ggg tat gcg aag act 240
Arg Tyr Glu Ser Ala Leu Asn Asp Ser Phe Trp Gly Tyr Ala Lys Thr
      65      70      75      80
cgt gtc aat ggg gcg atg tta gat tat ttg cgc tct tta gat gtg att 288
Arg Val Asn Gly Ala Met Leu Asp Tyr Leu Arg Ser Leu Asp Val Ile
      85      90      95
tct cgc tct agc agg aaa ctc att aaa agc att gat att gaa atc acc 336
Ser Arg Ser Ser Arg Lys Leu Ile Lys Ser Ile Asp Ile Glu Ile Thr
      100      105      110
aaa cac ctt aat gag cat ggg aaa gag cct agc gat gcg tat tta gcg 384
Lys His Leu Asn Glu His Gly Lys Glu Pro Ser Asp Ala Tyr Leu Ala
      115      120      125
caa act tta ggc gaa aat att gaa aaa att aaa gaa gcc aaa acg gct 432
Gln Thr Leu Gly Glu Asn Ile Glu Lys Ile Lys Glu Ala Lys Thr Ala
      130      135      140
tca gat att tat gcg tta gtg cca ata gat gaa caa ttc aat gcg att 480
Ser Asp Ile Tyr Ala Leu Val Pro Ile Asp Glu Gln Phe Asn Ala Ile
      145      150      155      160
gag caa gat gaa atc act aaa aaa att gaa gca gaa gag ttg tta gag 528
Glu Gln Asp Glu Ile Thr Lys Lys Ile Glu Ala Glu Glu Leu Leu Glu
      165      170      175
cat gtc caa aaa gcg ctg aat caa atg agc gaa aga gag caa atc ctt 576
His Val Gln Lys Ala Leu Asn Gln Met Ser Glu Arg Glu Gln Ile Leu
      180      185      190
atc cag ctt tat tac ttt gaa gag ttg aat ttg agc gag att aaa gag 624
Ile Gln Leu Tyr Tyr Phe Glu Glu Leu Asn Leu Ser Glu Ile Lys Glu
      195      200      205
att tta ggc att act gaa tcg cgc att tct caa atc att aaa gaa gtg 672
Ile Leu Gly Ile Thr Glu Ser Arg Ile Ser Gln Ile Ile Lys Glu Val
      210      215      220
att aaa aag gtg cgt aaa tcc tta gga gtg gat cat ggc 711
Ile Lys Lys Val Arg Lys Ser Leu Gly Val Asp His Gly
      225      230      235
<210> 104
<211> 237
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 104
Ser Glu Lys Asn Ile Glu Lys Val Leu Asn Ala Tyr Asp Lys Gln Gln
  1      5      10      15
His His His Gln Asp Asp Leu Ala Ile Gln Tyr Leu Pro Ala Val Arg
      20      25      30
Ala Met Ala Phe Arg Leu Lys Glu Arg Leu Pro Ser Ser Ile Asp Phe
      35      40      45
Asn Asp Leu Val Ser Ile Gly Thr Glu Glu Leu Ile Lys Leu Ala Arg
      50      55      60
Arg Tyr Glu Ser Ala Leu Asn Asp Ser Phe Trp Gly Tyr Ala Lys Thr
      65      70      75      80
Arg Val Asn Gly Ala Met Leu Asp Tyr Leu Arg Ser Leu Asp Val Ile
      85      90      95
Ser Arg Ser Ser Arg Lys Leu Ile Lys Ser Ile Asp Ile Glu Ile Thr
      100      105      110
Lys His Leu Asn Glu His Gly Lys Glu Pro Ser Asp Ala Tyr Leu Ala
      115      120      125
Gln Thr Leu Gly Glu Asn Ile Glu Lys Ile Lys Glu Ala Lys Thr Ala

```

```

130      135      140
Ser Asp Ile Tyr Ala Leu Val Pro Ile Asp Glu Gln Phe Asn Ala Ile
145      150      155      160
Glu Gln Asp Glu Ile Thr Lys Lys Ile Glu Ala Glu Glu Leu Leu Glu
165      170      175
His Val Gln Lys Ala Leu Asn Gln Met Ser Glu Arg Glu Gln Ile Leu
180      185      190
Ile Gln Leu Tyr Tyr Phe Glu Glu Leu Asn Leu Ser Glu Ile Lys Glu
195      200      205
Ile Leu Gly Ile Thr Glu Ser Arg Ile Ser Gln Ile Ile Lys Glu Val
210      215      220
Ile Lys Lys Val Arg Lys Ser Leu Gly Val Asp His Gly
225      230      235
<210> 105
<211> 1134
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1134)
<400> 105
gaa tac aac cgc ctc aaa caa cgc acc gag cat gat tta gaa atg att 48
Glu Tyr Asn Arg Leu Lys Gln Arg Thr Glu His Asp Leu Glu Met Ile
1 5 10 15
agc gcg acc ggt gtg tgt aag ggc att gaa aat tac gcg cgc cat ttc 96
Ser Ala Thr Gly Val Cys Lys Gly Ile Glu Asn Tyr Ala Arg His Phe
20 25 30
acc ggt aaa gcc cct aac gaa acg cct ttt tgc ttg ttt gat tat tta 144
Thr Gly Lys Ala Pro Asn Glu Thr Pro Phe Cys Leu Phe Asp Tyr Leu
35 40 45
ggg att ttt gag cgg gag ttt tta gtc att gtg gat gaa agc cat gtg 192
Gly Ile Phe Glu Arg Glu Phe Leu Val Ile Val Asp Glu Ser His Val
50 55 60
agt ttg cca cag ttt ggg ggg atg tat gca ggg gat atg agc agg aaa 240
Ser Leu Pro Gln Phe Gly Gly Met Tyr Ala Gly Asp Met Ser Arg Lys
65 70 75 80
agt gtt tta gtg gaa tat ggt ttt aga ttg cct agc gct tta gac aac 288
Ser Val Leu Val Glu Tyr Gly Phe Arg Leu Pro Ser Ala Leu Asp Asn
85 90 95
cgc cct tta aaa ttt gat gaa ttt atc cat aaa aat tgc cag ttc ctt 336
Arg Pro Leu Lys Phe Asp Glu Phe Ile His Lys Asn Cys Gln Phe Leu
100 105 110
ttt gtg tcc gct acg ccc aat aag cta gaa tta gag ctt tcc aaa aag 384
Phe Val Ser Ala Thr Pro Asn Lys Leu Glu Leu Glu Leu Ser Lys Lys
115 120 125
aat gtc gct gag caa atc att cgc cct aca ggg ctt tta gac cct aaa 432
Asn Val Ala Glu Gln Ile Ile Arg Pro Thr Gly Leu Leu Asp Pro Lys
130 135 140
ttt gaa gtg cga gac agc gat aag caa gtc cag gat ttg ttt gat gaa 480
Phe Glu Val Arg Asp Ser Asp Lys Gln Val Gln Asp Leu Phe Asp Glu
145 150 155 160
atc aag tta gtg gtg gct aga ggt gaa agg gtg ctc atc acc acg ctc 528
Ile Lys Leu Val Val Ala Arg Gly Glu Arg Val Leu Ile Thr Thr Leu
165 170 175
act aaa aaa atg gca gaa gaa ttg tgc aaa tat tat gct gaa tgg ggc 576
Thr Lys Lys Met Ala Glu Glu Leu Cys Lys Tyr Tyr Ala Glu Trp Gly
180 185 190
ttg aag gcg cgt tac atg cat agt gaa att gat gcg att gaa agg aat 624
Leu Lys Ala Arg Tyr Met His Ser Glu Ile Asp Ala Ile Glu Arg Asn
195 200 205
cac atc atc cgc tct tta agg ctt aaa gaa ttt gac att tta ata ggg 672

```

His Ile Ile Arg Ser Leu Arg Leu Lys Glu Phe Asp Ile Leu Ile Gly  
 210 215 220  
 atc aat ctt tta aga gaa ggg ctg gat ttg cct gaa gtc tct tta gta 720  
 Ile Asn Leu Leu Arg Glu Gly Leu Asp Leu Pro Glu Val Ser Leu Val  
 225 230 235 240  
 gcg atc atg gat gcg gat aaa gaa ggg ttt tta agg agt gaa aca agc 768  
 Ala Ile Met Asp Ala Asp Lys Glu Gly Phe Leu Arg Ser Glu Thr Ser  
 245 250 255  
 ctc att caa acc atg ggg cga gcc gct aga aac gct aat ggc aag gtt 816  
 Leu Ile Gln Thr Met Gly Arg Ala Ala Arg Asn Ala Asn Gly Lys Val  
 260 265 270  
 tta tta tac gct aaa aag atc act caa agc atg caa aaa gcc ttt gag 864  
 Leu Leu Tyr Ala Lys Lys Ile Thr Gln Ser Met Gln Lys Ala Phe Glu  
 275 280 285  
 atc act agt tac agg cgc gcc aaa caa gaa gag ttc aat aaa atc cat 912  
 Ile Thr Ser Tyr Arg Arg Ala Lys Gln Glu Glu Phe Asn Lys Ile His  
 290 295 300  
 aac atc acc ccc aaa acc gtt acg cgc gct tta gaa gag gaa ttg aaa 960  
 Asn Ile Thr Pro Lys Thr Val Thr Arg Ala Leu Glu Glu Glu Leu Lys  
 305 310 315 320  
 tta aga gac gat gaa att aga atc gct aaa gcc tta aaa aag gac aaa 1008  
 Leu Arg Asp Asp Glu Ile Arg Ile Ala Lys Ala Leu Lys Lys Asp Lys  
 325 330 335  
 atg cct aaa agt gaa agg gaa aaa atc att aaa gaa ttg gat aaa aaa 1056  
 Met Pro Lys Ser Glu Arg Glu Lys Ile Ile Lys Glu Leu Asp Lys Lys  
 340 345 350  
 atg cga gaa tgc acg aag aat ttg gat ttt gaa gaa gcg atg cgt ttg 1104  
 Met Arg Glu Cys Thr Lys Asn Leu Asp Phe Glu Glu Ala Met Arg Leu  
 355 360 365  
 aga gac gaa atc gct caa tta aga acg ctt 1134  
 Arg Asp Glu Ile Ala Gln Leu Arg Thr Leu  
 370 375  
 <210> 106  
 <211> 378  
 <212> PRT  
 <213> Helicobacter pylori  
 <400> 106  
 Glu Tyr Asn Arg Leu Lys Gln Arg Thr Glu His Asp Leu Glu Met Ile  
 1 5 10 15  
 Ser Ala Thr Gly Val Cys Lys Gly Ile Glu Asn Tyr Ala Arg His Phe  
 20 25 30  
 Thr Gly Lys Ala Pro Asn Glu Thr Pro Phe Cys Leu Phe Asp Tyr Leu  
 35 40 45  
 Gly Ile Phe Glu Arg Glu Phe Leu Val Ile Val Asp Glu Ser His Val  
 50 55 60  
 Ser Leu Pro Gln Phe Gly Gly Met Tyr Ala Gly Asp Met Ser Arg Lys  
 65 70 75 80  
 Ser Val Leu Val Glu Tyr Gly Phe Arg Leu Pro Ser Ala Leu Asp Asn  
 85 90 95  
 Arg Pro Leu Lys Phe Asp Glu Phe Ile His Lys Asn Cys Gln Phe Leu  
 100 105 110  
 Phe Val Ser Ala Thr Pro Asn Lys Leu Glu Leu Glu Ser Lys Lys  
 115 120 125  
 Asn Val Ala Glu Gln Ile Ile Arg Pro Thr Gly Leu Leu Asp Pro Lys  
 130 135 140  
 Phe Glu Val Arg Asp Ser Asp Lys Gln Val Gln Asp Leu Phe Asp Glu  
 145 150 155 160  
 Ile Lys Leu Val Val Ala Arg Gly Glu Arg Val Leu Ile Thr Thr Leu  
 165 170 175  
 Thr Lys Lys Met Ala Glu Glu Leu Cys Lys Tyr Tyr Ala Glu Trp Gly  
 180 185 190

Leu Lys Ala Arg Tyr Met His Ser Glu Ile Asp Ala Ile Glu Arg Asn  
 195 200 205  
 His Ile Ile Arg Ser Leu Arg Leu Lys Glu Phe Asp Ile Leu Ile Gly  
 210 215 220  
 Ile Asn Leu Leu Arg Glu Gly Leu Asp Leu Pro Glu Val Ser Leu Val  
 225 230 235 240  
 Ala Ile Met Asp Ala Asp Lys Glu Gly Phe Leu Arg Ser Glu Thr Ser  
 245 250 255  
 Leu Ile Gln Thr Met Gly Arg Ala Ala Arg Asn Ala Asn Gly Lys Val  
 260 265 270  
 Leu Leu Tyr Ala Lys Lys Ile Thr Gln Ser Met Gln Lys Ala Phe Glu  
 275 280 285  
 Ile Thr Ser Tyr Arg Arg Ala Lys Gln Glu Glu Phe Asn Lys Ile His  
 290 295 300  
 Asn Ile Thr Pro Lys Thr Val Thr Arg Ala Leu Glu Glu Glu Leu Lys  
 305 310 315 320  
 Leu Arg Asp Asp Glu Ile Arg Ile Ala Lys Ala Leu Lys Lys Asp Lys  
 325 330 335  
 Met Pro Lys Ser Glu Arg Glu Lys Ile Ile Lys Glu Leu Asp Lys Lys  
 340 345 350  
 Met Arg Glu Cys Thr Lys Asn Leu Asp Phe Glu Glu Ala Met Arg Leu  
 355 360 365  
 Arg Asp Glu Ile Ala Gln Leu Arg Thr Leu  
 370 375  
 <210> 107  
 <211> 499  
 <212> DNA  
 <213> Helicobacter pylori  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(498)  
 <400> 107  
 gaa tcc tta cga gcc tta aaa gct tgc caa gaa gtg cag gct aac acg 48  
 Glu Ser Leu Arg Ala Leu Lys Ala Ser Gln Glu Val Gln Ala Asn Thr  
 1 5 10 15  
 ctt aag cag caa tgc caa act tta gag gat ttg agg aat gag att cac 96  
 Leu Lys Gln Gln Ser Gln Thr Leu Glu Asp Leu Arg Asn Glu Ile His  
 20 25 30  
 gct aac cag caa gct atc cag cag tta gac aag caa aat aaa gag atg 144  
 Ala Asn Gln Gln Ala Ile Gln Gln Leu Asp Lys Gln Asn Lys Glu Met  
 35 40 45  
 agt gaa tta ttg acc aag tta agc cag gat ttg gtt tca caa atc gcc 192  
 Ser Glu Leu Leu Thr Lys Leu Ser Gln Asp Leu Val Ser Gln Ile Ala  
 50 55 60  
 tta atc caa aaa gct ctc aaa gaa caa gag gaa aaa gct gaa aag ccg 240  
 Leu Ile Gln Lys Ala Leu Lys Glu Gln Glu Glu Lys Ala Glu Lys Pro  
 65 70 75 80  
 ctc aaa tca aac gct ccg gct aat aaa acc ccc tct ttg aaa gcc gaa 288  
 Leu Lys Ser Asn Ala Pro Ala Asn Lys Thr Pro Ser Leu Lys Ala Glu  
 85 90 95  
 tcc cca aaa aat caa gag gga aaa act caa gaa aag gcg aaa att gag 336  
 Ser Pro Lys Asn Gln Glu Gly Lys Thr Gln Glu Lys Ala Lys Ile Glu  
 100 105 110  
 ttt gat aaa gac ttg tct aag caa aaa gag atc ttt caa gaa gct ctg 384  
 Phe Asp Lys Asp Leu Ser Lys Gln Lys Glu Ile Phe Gln Glu Ala Leu  
 115 120 125  
 tct ttt ttt aaa aat aaa tcc tat gca gaa gcc aaa gag cgt ttg ttg 432  
 Ser Phe Lys Asn Lys Ser Tyr Ala Glu Ala Lys Glu Arg Leu Leu  
 130 135 140  
 tgg tta gaa gcc aat agt tac aga ctt tat tat gtg cgt tat gtt ctt 480  
 Trp Leu Glu Ala Asn Ser Tyr Arg Leu Tyr Tyr Val Arg Tyr Val Leu

145                      150                      155                      160                      499  
 gga gaa gtg gct tat ggg g  
 Gly Glu Val Ala Tyr Gly  
                          165  
 <210> 108  
 <211> 166  
 <212> PRT  
 <213> Helicobacter pylori  
 <400> 108  
 Glu Ser Leu Arg Ala Leu Lys Ala Ser Gln Glu Val Gln Ala Asn Thr  
   1                          5                          10                          15  
 Leu Lys Gln Gln Ser Gln Thr Leu Glu Asp Leu Arg Asn Glu Ile His  
                           20                          25                          30  
 Ala Asn Gln Gln Ala Ile Gln Gln Leu Asp Lys Gln Asn Lys Glu Met  
                           35                          40                          45  
 Ser Glu Leu Leu Thr Lys Leu Ser Gln Asp Leu Val Ser Gln Ile Ala  
                           50                          55                          60  
 Leu Ile Gln Lys Ala Leu Lys Glu Gln Glu Glu Lys Ala Glu Lys Pro  
   65                          70                          75                          80  
 Leu Lys Ser Asn Ala Pro Ala Asn Lys Thr Pro Ser Leu Lys Ala Glu  
                           85                          90                          95  
 Ser Pro Lys Asn Gln Glu Gly Lys Thr Gln Glu Lys Ala Lys Ile Glu  
                          100                         105                         110  
 Phe Asp Lys Asp Leu Ser Lys Gln Lys Glu Ile Phe Gln Glu Ala Leu  
                          115                         120                         125  
 Ser Phe Lys Asn Lys Ser Tyr Ala Glu Ala Lys Glu Arg Leu Leu  
                          130                         135                         140  
 Trp Leu Glu Ala Asn Ser Tyr Arg Leu Tyr Tyr Val Arg Tyr Val Leu  
 145                         150                         155                         160  
 Gly Glu Val Ala Tyr Gly  
                          165  
 <210> 109  
 <211> 133  
 <212> DNA  
 <213> Helicobacter pylori  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(132)  
 <400> 109  
 cac act cta aaa gaa atg ctc acc att aaa tcc gat gat att aga ggc   48  
 His Thr Leu Lys Glu Met Leu Thr Ile Lys Ser Asp Asp Ile Arg Gly  
   1                          5                          10                          15  
 aga gag aac gct tat agg gct atc gct aaa ggt gag caa gtg ggc gag   96  
 Arg Glu Asn Ala Tyr Arg Ala Ile Ala Lys Gly Glu Gln Val Gly Glu  
                           20                          25                          30  
 agt gaa atc cct gag act ttc tat gtt ttg act aaa g                   133  
 Ser Glu Ile Pro Glu Thr Phe Tyr Val Leu Thr Lys  
                           35                          40  
 <210> 110  
 <211> 44  
 <212> PRT  
 <213> Helicobacter pylori  
 <400> 110  
 His Thr Leu Lys Glu Met Leu Thr Ile Lys Ser Asp Asp Ile Arg Gly  
   1                          5                          10                          15  
 Arg Glu Asn Ala Tyr Arg Ala Ile Ala Lys Gly Glu Gln Val Gly Glu  
                           20                          25                          30  
 Ser Glu Ile Pro Glu Thr Phe Tyr Val Leu Thr Lys  
                           35                          40  
 <210> 111  
 <211> 932

```

<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(930)
<400> 111
tta gcc caa atg cgt tta gcc att gaa gcg gct gaa ggc tct gat ttg 48
Leu Ala Gln Met Arg Leu Ala Ile Glu Ala Ala Glu Gly Ser Asp Leu
1 5 10 15
agc aac gct aac atg ctt ttt aaa gaa gct ttt tct aac gcc aaa gac 96
Ser Asn Ala Asn Met Leu Phe Lys Glu Ala Phe Ser Asn Ala Lys Asp
20 25 30
aaa gag agt gcg agt gaa atc gcg ctt aat tgg gct gaa gca gag ata 144
Lys Glu Ser Ala Ser Glu Ile Ala Leu Asn Trp Ala Glu Ala Glu Ile
35 40 45
aac tat caa aat ttt aat aac gct aaa tac ctc att gat aag gtg gtc 192
Asn Tyr Gln Asn Phe Asn Asn Ala Lys Tyr Leu Ile Asp Lys Val Val
50 55 60
caa tcc aac cct gat tat att tct acg cat agc gaa tca gcc cta gac 240
Gln Ser Asn Pro Asp Tyr Ile Ser Thr His Ser Glu Ser Ala Leu Asp
65 70 75 80
ttg ctc aag tta ttg aaa aaa aac cag atg aat gca agc gcg att gag 288
Leu Leu Lys Leu Leu Lys Lys Asn Gln Met Asn Ala Ser Ala Ile Glu
85 90 95
atc gct cac ttg ctc ctc aat caa gat gat gat ctg aaa gct aaa gag 336
Ile Ala His Leu Leu Leu Asn Gln Asp Asp Asp Leu Lys Ala Lys Glu
100 105 110
caa gcg ctt tat gat tta gga gcg ttg tat gca agg atc aag gac ttt 384
Gln Ala Leu Tyr Asp Leu Gly Ala Leu Tyr Ala Arg Ile Lys Asp Phe
115 120 125
aaa aac gcc cac ctt tac aat ctg caa tat ttg cag gac cat gcg gaa 432
Lys Asn Ala His Leu Tyr Asn Leu Gln Tyr Leu Gln Asp His Ala Glu
130 135 140
ctg gat aaa gct tct gtc gtt agg gcg cgc gat gaa aaa gcc ctt ttt 480
Leu Asp Lys Ala Ser Val Val Arg Ala Arg Asp Glu Lys Ala Leu Phe
145 150 155 160
tcc atg gag ggg aac acg caa gaa aaa atc gcc cac tat gac aaa atc 528
Ser Met Glu Gly Asn Thr Gln Glu Lys Ile Ala His Tyr Asp Lys Ile
165 170 175
att caa aat ttc cct aat tct aat gaa gcc cta aag gct tta gaa ttg 576
Ile Gln Asn Phe Pro Asn Ser Asn Glu Ala Leu Lys Ala Leu Glu Leu
180 185 190
aaa gcc caa cta ttg ttt gaa aac aag cgt tat gct gaa gtg tta agc 624
Lys Ala Gln Leu Leu Phe Glu Asn Lys Arg Tyr Ala Glu Val Leu Ser
195 200 205
atg caa aaa aat ttg cct aaa gat tcc cct ttg atc caa aaa acg ctc 672
Met Gln Lys Asn Leu Pro Lys Asp Ser Pro Leu Ile Gln Lys Thr Leu
210 215 220
aat gtc ctt gct aaa acc cca tta gag aac cat cgt tgt gaa gaa gcc 720
Asn Val Leu Ala Lys Thr Pro Leu Glu Asn His Arg Cys Glu Glu Ala
225 230 235 240
tta aaa tat tta tcc caa atc aca acc ttt gaa ttc agc ccc aaa gaa 768
Leu Lys Tyr Leu Ser Gln Ile Thr Thr Phe Glu Phe Ser Pro Lys Glu
245 250 255
gaa atc caa gcc ttt gat tgc ttg tat ttc gca tcg ctc aaa gaa aaa 816
Glu Ile Gln Ala Phe Asp Cys Leu Tyr Phe Ala Ser Leu Lys Glu Lys
260 265 270
gcg caa atc att gcc cta aac gct ttt aaa acg gct aaa gcc cct agc 864
Ala Gln Ile Ile Ala Leu Asn Ala Phe Lys Thr Ala Lys Ala Pro Ser
275 280 285
gag aaa tta ata tgg ctt tat cgt ttg ggg cgc aat tac tac cgc tta 912

```

Glu Lys Leu Ile Trp Leu Tyr Arg Leu Gly Arg Asn Tyr Tyr Arg Leu  
 290 295 300  
 ggg gat ttt aaa aat tcc ac 932  
 Gly Asp Phe Lys Asn Ser  
 305 310  
 <210> 112  
 <211> 310  
 <212> PRT  
 <213> *Helicobacter pylori*  
 <400> 112  
 Leu Ala Gln Met Arg Leu Ala Ile Glu Ala Ala Glu Gly Ser Asp Leu  
 1 5 10 15  
 Ser Asn Ala Asn Met Leu Phe Lys Glu Ala Phe Ser Asn Ala Lys Asp  
 20 25 30  
 Lys Glu Ser Ala Ser Glu Ile Ala Leu Asn Trp Ala Glu Ala Glu Ile  
 35 40 45  
 Asn Tyr Gln Asn Phe Asn Asn Ala Lys Tyr Leu Ile Asp Lys Val Val  
 50 55 60  
 Gln Ser Asn Pro Asp Tyr Ile Ser Thr His Ser Glu Ser Ala Leu Asp  
 65 70 75 80  
 Leu Leu Lys Leu Leu Lys Lys Asn Gln Met Asn Ala Ser Ala Ile Glu  
 85 90 95  
 Ile Ala His Leu Leu Leu Asn Gln Asp Asp Asp Leu Lys Ala Lys Glu  
 100 105 110  
 Gln Ala Leu Tyr Asp Leu Gly Ala Leu Tyr Ala Arg Ile Lys Asp Phe  
 115 120 125  
 Lys Asn Ala His Leu Tyr Asn Leu Gln Tyr Leu Gln Asp His Ala Glu  
 130 135 140  
 Leu Asp Lys Ala Ser Val Val Arg Ala Arg Asp Glu Lys Ala Leu Phe  
 145 150 155 160  
 Ser Met Glu Gly Asn Thr Gln Glu Lys Ile Ala His Tyr Asp Lys Ile  
 165 170 175  
 Ile Gln Asn Phe Pro Asn Ser Asn Glu Ala Leu Lys Ala Leu Glu Leu  
 180 185 190  
 Lys Ala Gln Leu Leu Phe Glu Asn Lys Arg Tyr Ala Glu Val Leu Ser  
 195 200 205  
 Met Gln Lys Asn Leu Pro Lys Asp Ser Pro Leu Ile Gln Lys Thr Leu  
 210 215 220  
 Asn Val Leu Ala Lys Thr Pro Leu Glu Asn His Arg Cys Glu Glu Ala  
 225 230 235 240  
 Leu Lys Tyr Leu Ser Gln Ile Thr Thr Phe Glu Phe Ser Pro Lys Glu  
 245 250 255  
 Glu Ile Gln Ala Phe Asp Cys Leu Tyr Phe Ala Ser Leu Lys Glu Lys  
 260 265 270  
 Ala Gln Ile Ile Ala Leu Asn Ala Phe Lys Thr Ala Lys Ala Pro Ser  
 275 280 285  
 Glu Lys Leu Ile Trp Leu Tyr Arg Leu Gly Arg Asn Tyr Tyr Arg Leu  
 290 295 300  
 Gly Asp Phe Lys Asn Ser  
 305 310  
 <210> 113  
 <211> 591  
 <212> DNA  
 <213> *Helicobacter pylori*  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(591)  
 <400> 113  
 gcg aac aaa aag aaa aaa aaa gac gaa tac aac aaa ccg gcg atc ttt 48  
 Ala Asn Lys Lys Lys Lys Lys Lys Asp Glu Tyr Asn Lys Pro Ala Ile Phe  
 1 5 10 15

|                                                                 |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|
| tgg tat caa ggg att ttg aga gaa atc ctt ttt gct aat tta gaa aca | 96  |
| Trp Tyr Gln Gly Ile Leu Arg Glu Ile Leu Phe Ala Asn Leu Glu Thr |     |
| 20 25 30                                                        |     |
| gcg gac aat tac tat tct tct tta caa agc gaa cac atc aat tcc ccc | 144 |
| Ala Asp Asn Tyr Tyr Ser Ser Leu Gln Ser Glu His Ile Asn Ser Pro |     |
| 35 40 45                                                        |     |
| ctt gtc cca gaa gcg atg cta gct tta ggg caa gcg cac atg aaa aag | 192 |
| Leu Val Pro Glu Ala Met Leu Ala Leu Gly Gln Ala His Met Lys Lys |     |
| 50 55 60                                                        |     |
| aaa gag tat gtt tta gcg tct ttt tac ttt gat gaa tac atc aag cgc | 240 |
| Lys Glu Tyr Val Leu Ala Ser Phe Tyr Phe Asp Glu Tyr Ile Lys Arg |     |
| 65 70 75 80                                                     |     |
| ttt ggg act aag gac aat gtg gat tat ttg act ttt tta aaa ttg caa | 288 |
| Phe Gly Thr Lys Asp Asn Val Asp Tyr Leu Thr Phe Leu Lys Leu Gln |     |
| 85 90 95                                                        |     |
| tcg cat tat tac gct ttc aaa aac cat tct aaa gac cag gaa ttt atc | 336 |
| Ser His Tyr Tyr Ala Phe Lys Asn His Ser Lys Asp Gln Glu Phe Ile |     |
| 100 105 110                                                     |     |
| tct aat tct att gtg agt tta ggc gaa ttt ata gaa aaa tac cct aac | 384 |
| Ser Asn Ser Ile Val Ser Leu Gly Glu Phe Ile Glu Lys Tyr Pro Asn |     |
| 115 120 125                                                     |     |
| agc cgt tac cgc ccc tat gta gaa tac atg caa atc aaa ttc att tta | 432 |
| Ser Arg Tyr Arg Pro Tyr Val Glu Tyr Met Gln Ile Lys Phe Ile Leu |     |
| 130 135 140                                                     |     |
| ggg caa aat gag ctc aat cgc gcg atc gcg aat gtc tat aaa aaa cgc | 480 |
| Gly Gln Asn Glu Leu Asn Arg Ala Ile Ala Asn Val Tyr Lys Lys Arg |     |
| 145 150 155 160                                                 |     |
| cac aag cct gag ggc gtg aaa cgc tat tta gaa agg ata gat gag act | 528 |
| His Lys Pro Glu Gly Val Lys Arg Tyr Leu Glu Arg Ile Asp Glu Thr |     |
| 165 170 175                                                     |     |
| tta gaa aaa gag act aaa ccc aaa cca tcg cac atg cct tgg tat gtg | 576 |
| Leu Glu Lys Glu Thr Lys Pro Lys Pro Ser His Met Pro Trp Tyr Val |     |
| 180 185 190                                                     |     |
| tta att ttt gat tgg                                             | 591 |
| Leu Ile Phe Asp Trp                                             |     |
| 195                                                             |     |
| <210> 114                                                       |     |
| <211> 197                                                       |     |
| <212> PRT                                                       |     |
| <213> Helicobacter pylori                                       |     |
| <400> 114                                                       |     |
| Ala Asn Lys Lys Lys Lys Lys Asp Glu Tyr Asn Lys Pro Ala Ile Phe |     |
| 1 5 10 15                                                       |     |
| Trp Tyr Gln Gly Ile Leu Arg Glu Ile Leu Phe Ala Asn Leu Glu Thr |     |
| 20 25 30                                                        |     |
| Ala Asp Asn Tyr Tyr Ser Ser Leu Gln Ser Glu His Ile Asn Ser Pro |     |
| 35 40 45                                                        |     |
| Leu Val Pro Glu Ala Met Leu Ala Leu Gly Gln Ala His Met Lys Lys |     |
| 50 55 60                                                        |     |
| Lys Glu Tyr Val Leu Ala Ser Phe Tyr Phe Asp Glu Tyr Ile Lys Arg |     |
| 65 70 75 80                                                     |     |
| Phe Gly Thr Lys Asp Asn Val Asp Tyr Leu Thr Phe Leu Lys Leu Gln |     |
| 85 90 95                                                        |     |
| Ser His Tyr Tyr Ala Phe Lys Asn His Ser Lys Asp Gln Glu Phe Ile |     |
| 100 105 110                                                     |     |
| Ser Asn Ser Ile Val Ser Leu Gly Glu Phe Ile Glu Lys Tyr Pro Asn |     |
| 115 120 125                                                     |     |
| Ser Arg Tyr Arg Pro Tyr Val Glu Tyr Met Gln Ile Lys Phe Ile Leu |     |
| 130 135 140                                                     |     |
| Gly Gln Asn Glu Leu Asn Arg Ala Ile Ala Asn Val Tyr Lys Lys Arg |     |
| 145 150 155 160                                                 |     |

| His   | Lys                 | Pro | Glu | Gly | Val | Lys | Arg | Tyr | Leu | Glu | Arg | Ile | Asp | Glu | Thr |     |
|-------|---------------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
|       |                     |     |     | 165 |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     | 175 |     |     |
| Leu   | Glu                 | Lys | Glu | Thr | Lys | Pro | Lys | Pro | Ser | His | Met | Pro | Trp | Tyr | Val |     |
|       |                     |     | 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     | 190 |     |     |     |
| Leu   | Ile                 | Phe | Asp | Trp |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|       |                     | 195 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <210> | 115                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <211> | 498                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <212> | DNA                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <213> | Helicobacter pylori |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <220> |                     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <221> | CDS                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <222> | (1)..(498)          |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <400> | 115                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| ttt   | aaa                 | ccc | ttt | aaa | gac | gct | ttt | tac | aga | gat | ttc | aat | cat | aat | gag | 48  |
| Phe   | Lys                 | Pro | Phe | Lys | Asp | Ala | Phe | Tyr | Arg | Asp | Phe | Asn | His | Asn | Glu |     |
| 1     |                     |     |     | 5   |     |     |     |     | 10  |     |     |     |     | 15  |     |     |
| caa   | aag                 | tta | ctg | ata | ggg | gca | gct | aaa | agc | ggg | tgc | att | caa | tct | agc | 96  |
| Gln   | Lys                 | Leu | Leu | Ile | Gly | Ala | Ala | Lys | Ser | Gly | Cys | Ile | Gln | Ser | Ser |     |
|       |                     |     | 20  |     |     |     |     | 25  |     |     |     |     | 30  |     |     |     |
| gct   | gat                 | aaa | ctg | gct | cag | tta | aaa | acg | cgc | tta | ctc | tac | tgg | caa | gac | 144 |
| Ala   | Asp                 | Lys | Leu | Ala | Gln | Leu | Lys | Thr | Arg | Leu | Leu | Tyr | Trp | Gln | Asp |     |
|       |                     |     | 35  |     |     |     | 40  |     |     |     |     | 45  |     |     |     |     |
| aaa   | tct                 | gtt | aaa | gtg | gat | tgg | gat | aaa | ccc | att | tta | atc | aag | gac | ttc | 192 |
| Lys   | Ser                 | Val | Lys | Val | Asp | Trp | Asp | Lys | Pro | Ile | Leu | Ile | Lys | Asp | Phe |     |
|       | 50                  |     |     |     |     | 55  |     |     |     |     | 60  |     |     |     |     |     |
| ttt   | aaa                 | ggc | aat | aat | tac | ctt | tat | agg | agg | ttt | tgt | ttt | tta | ttg | ggg | 240 |
| Phe   | Lys                 | Gly | Asn | Asn | Tyr | Leu | Tyr | Arg | Arg | Phe | Cys | Phe | Leu | Leu | Gly |     |
| 65    |                     |     |     |     | 70  |     |     |     |     | 75  |     |     |     |     | 80  |     |
| aag   | cat                 | ttt | atg | gac | aga | ttt | tta | aag | aat | aac | gct | aag | gcg | agc | gtg | 288 |
| Lys   | His                 | Phe | Met | Asp | Arg | Phe | Leu | Lys | Asn | Asn | Ala | Lys | Ala | Ser | Val |     |
|       |                     |     |     | 85  |     |     |     |     | 90  |     |     |     |     | 95  |     |     |
| aaa   | gac                 | ttt | atg | tct | agt | aag | gag | ttt | gtc | gct | aaa | tac | cga | tac | acc | 336 |
| Lys   | Asp                 | Phe | Met | Ser | Ser | Lys | Glu | Phe | Val | Ala | Lys | Tyr | Arg | Tyr | Thr |     |
|       |                     |     | 100 |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |     |     |     |
| ccc   | aag                 | caa | aat | aca | gaa | aga | gcg | aaa | aag | ctg | caa | tcg | tat | tta | gag | 384 |
| Pro   | Lys                 | Gln | Asn | Thr | Glu | Arg | Ala | Lys | Lys | Leu | Gln | Ser | Tyr | Leu | Glu |     |
|       |                     |     | 115 |     |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |     |     |     |     |
| aat   | aag                 | cgc | gat | ttt | ata | ggg | ttt | gtt | caa | gcg | ctt | aac | tct | tta | aaa | 432 |
| Asn   | Lys                 | Arg | Asp | Phe | Ile | Gly | Phe | Val | Gln | Ala | Leu | Asn | Ser | Leu | Lys |     |
|       |                     |     | 130 |     |     | 135 |     |     |     |     | 140 |     |     |     |     |     |
| gac   | aac                 | ccg | caa | gat | cct |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |

```

65          70          75          80
Lys His Phe Met Asp Arg Phe Leu Lys Asn Asn Ala Lys Ala Ser Val
      85          90          95
Lys Asp Phe Met Ser Ser Lys Glu Phe Val Ala Lys Tyr Arg Tyr Thr
      100         105         110
Pro Lys Gln Asn Thr Glu Arg Ala Lys Lys Leu Gln Ser Tyr Leu Glu
      115         120         125
Asn Lys Arg Asp Phe Ile Gly Phe Val Gln Ala Leu Asn Ser Leu Lys
      130         135         140
Asp Asn Pro Gln Asp Pro Phe Leu Pro Asn Glu Glu Thr Ser Phe Leu
      145         150         155         160
Val Phe Ala Asn Glu Pro
      165
<210> 117
<211> 399
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(399)
<400> 117
ctc gct ttg aat gag ttg aat ccg ggc gaa tgg gtg gtg cat gat gat 48
Leu Ala Leu Asn Glu Leu Asn Pro Gly Glu Trp Val Val His Asp Asp
  1          5          10          15
tat ggg gtg ggc gtg ttt tct caa tta gtc cag cac agc gtt tta ggg 96
Tyr Gly Val Gly Val Phe Ser Gln Leu Val Gln His Ser Val Leu Gly
      20          25          30
agc aag agg gat ttt tta gaa atc gct tat ttg ggc gaa gac aaa ctg 144
Ser Lys Arg Asp Phe Leu Glu Ile Ala Tyr Leu Gly Glu Asp Lys Leu
      35          40          45
ctg tta ccg gta gaa aac ttg cat ctc atc gct cgc tat gtg gcg caa 192
Leu Leu Pro Val Glu Asn Leu His Leu Ile Ala Arg Tyr Val Ala Gln
      50          55          60
agc gat agc gtg cca gct aaa gac cgg cta ggg aaa ggg agc ttt ctt 240
Ser Asp Ser Val Pro Ala Lys Asp Arg Leu Gly Lys Gly Ser Phe Leu
      65          70          75          80
aaa tta aaa gct aaa gtc agg act aag ctt tta gag att gct agc aag 288
Lys Leu Lys Ala Lys Val Arg Thr Lys Leu Leu Glu Ile Ala Ser Lys
      85          90          95
atc att gaa tta gcg gct gaa cgc aat ttg atc ttg ggt aaa aag atg 336
Ile Ile Glu Leu Ala Ala Glu Arg Asn Leu Ile Leu Gly Lys Lys Met
      100         105         110
gat gtg cat tta gcg gag ttg gaa gtc ttt aaa tcg cat gcg ggg ttt 384
Asp Val His Leu Ala Glu Leu Glu Val Phe Lys Ser His Ala Gly Phe
      115         120         125
gaa tac acc agc gat 399
Glu Tyr Thr Ser Asp
      130
<210> 118
<211> 133
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 118
Leu Ala Leu Asn Glu Leu Asn Pro Gly Glu Trp Val Val His Asp Asp
  1          5          10          15
Tyr Gly Val Gly Val Phe Ser Gln Leu Val Gln His Ser Val Leu Gly
      20          25          30
Ser Lys Arg Asp Phe Leu Glu Ile Ala Tyr Leu Gly Glu Asp Lys Leu
      35          40          45
Leu Leu Pro Val Glu Asn Leu His Leu Ile Ala Arg Tyr Val Ala Gln
      50          55          60

```

```

Ser Asp Ser Val Pro Ala Lys Asp Arg Leu Gly Lys Gly Ser Phe Leu
65          70          75          80
Lys Leu Lys Ala Lys Val Arg Thr Lys Leu Leu Glu Ile Ala Ser Lys
          85          90          95
Ile Ile Glu Leu Ala Ala Glu Arg Asn Leu Ile Leu Gly Lys Lys Met
          100          105          110
Asp Val His Leu Ala Glu Leu Glu Val Phe Lys Ser His Ala Gly Phe
          115          120          125
Glu Tyr Thr Ser Asp
          130
<210> 119
<211> 426
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(426)
<400> 119
gtt tta aac gca ccc atc act tta gaa gac att caa gaa tta agc tcc 48
Val Leu Asn Ala Pro Ile Thr Leu Glu Asp Ile Gln Glu Leu Ser Ser
1          5          10          15
aat gcg ggg gat atg gat ttg caa aag ctc att tta ggg ctt ttt tta 96
Asn Ala Gly Asp Met Asp Leu Gln Lys Leu Ile Leu Gly Leu Phe Leu
          20          25          30
aaa aaa agt gcg ctt gat att tat gat tat ttg tta aaa gag ggc aaa 144
Lys Lys Ser Ala Leu Asp Ile Tyr Asp Tyr Leu Leu Lys Glu Gly Lys
          35          40          45
aaa gat gcg gat att tta agg ggg tta gag cgc tat ttt tac caa ctt 192
Lys Asp Ala Asp Ile Leu Arg Gly Leu Glu Arg Tyr Phe Tyr Gln Leu
          50          55          60
ttt tta ttt ttc gct cat att aaa acg acc ggt tta atg gac gct aaa 240
Phe Leu Phe Phe Ala His Ile Lys Thr Thr Gly Leu Met Asp Ala Lys
          65          70          75          80
gag gtt tta ggc tac gct ccc cct aaa gaa att gcc gaa aat tac gct 288
Glu Val Leu Gly Tyr Ala Pro Pro Lys Glu Ile Ala Glu Asn Tyr Ala
          85          90          95
aaa aac gcc ttg cgt ttg aaa gaa gcc ggc tat aag agg gtt ttt gaa 336
Lys Asn Ala Leu Arg Leu Lys Glu Ala Gly Tyr Lys Arg Val Phe Glu
          100          105          110
att ttt agg tta tgg cac att caa agc atg caa ggg caa aag gaa ttg 384
Ile Phe Arg Leu Trp His Ile Gln Ser Met Gln Gly Gln Lys Glu Leu
          115          120          125
ggc ttt ttg tat ttg acc tcc att caa aaa atc att aac ccc 426
Gly Phe Leu Tyr Leu Thr Ser Ile Gln Lys Ile Ile Asn Pro
          130          135          140
<210> 120
<211> 142
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 120
Val Leu Asn Ala Pro Ile Thr Leu Glu Asp Ile Gln Glu Leu Ser Ser
1          5          10          15
Asn Ala Gly Asp Met Asp Leu Gln Lys Leu Ile Leu Gly Leu Phe Leu
          20          25          30
Lys Lys Ser Ala Leu Asp Ile Tyr Asp Tyr Leu Leu Lys Glu Gly Lys
          35          40          45
Lys Asp Ala Asp Ile Leu Arg Gly Leu Glu Arg Tyr Phe Tyr Gln Leu
          50          55          60
Phe Leu Phe Phe Ala His Ile Lys Thr Thr Gly Leu Met Asp Ala Lys
          65          70          75          80
Glu Val Leu Gly Tyr Ala Pro Pro Lys Glu Ile Ala Glu Asn Tyr Ala

```

```

      85      90      95
Lys Asn Ala Leu Arg Leu Lys Glu Ala Gly Tyr Lys Arg Val Phe Glu
      100      105      110
Ile Phe Arg Leu Trp His Ile Gln Ser Met Gln Gly Gln Lys Glu Leu
      115      120      125
Gly Phe Leu Tyr Leu Thr Ser Ile Gln Lys Ile Ile Asn Pro
      130      135      140
<210> 121
<211> 297
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(297)
<400> 121
gaa gaa tgc ggc acg ctt tta gaa ttg agg gaa aaa att tcg ttg ttt 48
Glu Glu Cys Gly Thr Leu Leu Glu Leu Arg Glu Lys Ile Ser Leu Phe
      1      5      10      15
tta gag cca aag gat att gtt aaa act tat gaa aat gaa gat ttt aaa 96
Leu Glu Pro Lys Asp Ile Val Lys Thr Tyr Glu Asn Glu Asp Phe Lys
      20      25      30
gag cgt tgt tta gcg ctt ttt aac gct cta aca agc atg gat ttt caa 144
Glu Arg Cys Leu Ala Leu Phe Asn Ala Leu Thr Ser Met Asp Phe Gln
      35      40      45
gcg tat aag gat ttt gaa agt ttt aaa aaa gaa gcc atg cga tta agc 192
Ala Tyr Lys Asp Phe Glu Ser Phe Lys Lys Glu Ala Met Arg Leu Ser
      50      55      60
cag ctt aag ggt aag gat ttt ttc aaa cct ttg cgc atc ctt tta acc 240
Gln Leu Lys Gly Lys Asp Phe Phe Lys Pro Leu Arg Ile Leu Leu Thr
      65      70      75      80
ggg aac tcg cat ggc gtt gaa ttg cct ttg att ttc ccc tat atc caa 288
Gly Asn Ser His Gly Val Glu Leu Pro Leu Ile Phe Pro Tyr Ile Gln
      85      90      95
agc cat cat 297
Ser His His
<210> 122
<211> 99
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 122
Glu Glu Cys Gly Thr Leu Leu Glu Leu Arg Glu Lys Ile Ser Leu Phe
      1      5      10      15
Leu Glu Pro Lys Asp Ile Val Lys Thr Tyr Glu Asn Glu Asp Phe Lys
      20      25      30
Glu Arg Cys Leu Ala Leu Phe Asn Ala Leu Thr Ser Met Asp Phe Gln
      35      40      45
Ala Tyr Lys Asp Phe Glu Ser Phe Lys Lys Glu Ala Met Arg Leu Ser
      50      55      60
Gln Leu Lys Gly Lys Asp Phe Phe Lys Pro Leu Arg Ile Leu Leu Thr
      65      70      75      80
Gly Asn Ser His Gly Val Glu Leu Pro Leu Ile Phe Pro Tyr Ile Gln
      85      90      95
Ser His His
<210> 123
<211> 42
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(42)
<400> 123

```

```

ccc caa atc gta gct aaa gat ttt tta gaa aga tta ggg tta      42
Pro Gln Ile Val Ala Lys Asp Phe Leu Glu Arg Leu Gly Leu
  1             5             10
<210> 124
<211> 14
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 124
Pro Gln Ile Val Ala Lys Asp Phe Leu Glu Arg Leu Gly Leu
  1             5             10
<210> 125
<211> 84
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(84)
<400> 125
aag aaa gcg att gaa aat aac cag tat aaa atc aac ttg cat gag act      48
Lys Lys Ala Ile Glu Asn Asn Gln Tyr Lys Ile Asn Leu His Glu Thr
  1             5             10             15
tct cac aaa atg gca aag gat tta ttg ggg ata agc                84
Ser His Lys Met Ala Lys Asp Leu Leu Gly Ile Ser
             20             25

<210> 126
<211> 28
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 126
Lys Lys Ala Ile Glu Asn Asn Gln Tyr Lys Ile Asn Leu His Glu Thr
  1             5             10             15
Ser His Lys Met Ala Lys Asp Leu Leu Gly Ile Ser
             20             25

<210> 127
<211> 356
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(354)
<400> 127
cac att tat gaa aaa gaa gtg gat gct agg gag ctt aag cat ggt gtg      48
His Ile Tyr Glu Lys Glu Val Asp Ala Arg Glu Leu Lys His Gly Val
  1             5             10             15
gaa gaa ttt acc gct gat att cct gat gtg aaa gaa gaa gcg ctc gct      96
Glu Glu Phe Thr Ala Asp Ile Pro Asp Val Lys Glu Glu Ala Leu Ala
             20             25             30
cat ctt gat gaa agc ggg atc gtt aaa gtc ggt act tat gtg agc gct      144
His Leu Asp Glu Ser Gly Ile Val Lys Val Gly Thr Tyr Val Ser Ala
             35             40             45
ggc atg att ttg gtg ggc aaa act tct cct aaa ggc gag att aaa agc      192
Gly Met Ile Leu Val Gly Lys Thr Ser Pro Lys Gly Glu Ile Lys Ser
             50             55             60
acg cct gaa gag cgg ctt tta agg gct att ttt ggg gat aaa gcc ggg      240
Thr Pro Glu Glu Arg Leu Leu Arg Ala Ile Phe Gly Asp Lys Ala Gly
             65             70             75             80
cat gtg gtc aat aag agt ttg tat tgc cct ccc agt ttg gaa ggc acg      288
His Val Val Asn Lys Ser Leu Tyr Cys Pro Pro Ser Leu Glu Gly Thr
             85             90             95
gtg att gat gtg aaa gtc ttc act aaa aaa ggc tat gag aaa gac gcg      336
Val Ile Asp Val Lys Val Phe Thr Lys Lys Gly Tyr Glu Lys Asp Ala

```

```

      100      105      110      356
cga gtt ttg agc gcg tat ga
Arg Val Leu Ser Ala Tyr
      115
<210> 128
<211> 118
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 128
His Ile Tyr Glu Lys Glu Val Asp Ala Arg Glu Leu Lys His Gly Val
  1           5           10           15
Glu Glu Phe Thr Ala Asp Ile Pro Asp Val Lys Glu Glu Ala Leu Ala
      20           25           30
His Leu Asp Glu Ser Gly Ile Val Lys Val Gly Thr Tyr Val Ser Ala
      35           40           45
Gly Met Ile Leu Val Gly Lys Thr Ser Pro Lys Gly Glu Ile Lys Ser
      50           55           60
Thr Pro Glu Glu Arg Leu Leu Arg Ala Ile Phe Gly Asp Lys Ala Gly
      65           70           75           80
His Val Val Asn Lys Ser Leu Tyr Cys Pro Pro Ser Leu Glu Gly Thr
      85           90           95
Val Ile Asp Val Lys Val Phe Thr Lys Lys Gly Tyr Glu Lys Asp Ala
      100          105          110
Arg Val Leu Ser Ala Tyr
      115
<210> 129
<211> 698
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(696)
<400> 129
tat aag ccc tac acc cca agc aga cgc ttc atg tcg gtg ttg gac tct 48
Tyr Lys Pro Tyr Thr Pro Ser Arg Arg Phe Met Ser Val Leu Asp Ser
  1           5           10           15
aaa gac att acc gca aaa agc agt gtc aaa ggc tta ctc act aag ctt 96
Lys Asp Ile Thr Ala Lys Ser Ser Val Lys Gly Leu Leu Thr Lys Leu
      20           25           30
aaa gca aca gca ggg aga aac aat aac ggc cgc atc acc agc cgc cac 144
Lys Ala Thr Ala Gly Arg Asn Asn Asn Gly Arg Ile Thr Ser Arg His
      35           40           45
aaa gag aga ggg gct aaa aaa ctc tat cgc att att gat ttc aag cgc 192
Lys Glu Arg Gly Ala Lys Lys Leu Tyr Arg Ile Ile Asp Phe Lys Arg
      50           55           60
aat aaa tac aat att gaa ggg aaa gtg gct gcg att gag tat gat cct 240
Asn Lys Tyr Asn Ile Glu Gly Lys Val Ala Ala Ile Glu Tyr Asp Pro
      65           70           75           80
tac aga aat gcg cgc atc gct ctt gta gtc tat cct gat ggg gac aaa 288
Tyr Arg Asn Ala Arg Ile Ala Leu Val Val Tyr Pro Asp Gly Asp Lys
      85           90           95
cgc tat att tta cag cca agc ggt ttg aaa gtg ggc gat agc gtt atc 336
Arg Tyr Ile Leu Gln Pro Ser Gly Leu Lys Val Gly Asp Ser Val Ile
      100          105          110
gct gct gaa ggc ggt ttg gat att aaa gtg ggc ttt gcg atg aag tta 384
Ala Ala Glu Gly Gly Leu Asp Ile Lys Val Gly Phe Ala Met Lys Leu
      115          120          125
aaa aat atc ccc ata gga acg gtg gtg cat aat att gaa atg cat cca 432
Lys Asn Ile Pro Ile Gly Thr Val Val His Asn Ile Glu Met His Pro
      130          135          140
ggg gct ggc ggg caa tta gcc aga agc gca gga atg agc gct caa atc 480

```

Gly Ala Gly Gly Gln Leu Ala Arg Ser Ala Gly Met Ser Ala Gln Ile  
 145 150 155 160  
 atg ggt aga gaa aat aaa tac acc att att agg atg cca agc tct gaa 528  
 Met Gly Arg Glu Asn Lys Tyr Thr Ile Ile Arg Met Pro Ser Ser Glu  
 165 170 175  
 atg cgc tac att cta agc gaa tgt atg gcg agt gtt ggc gtg gta ggg 576  
 Met Arg Tyr Ile Leu Ser Glu Cys Met Ala Ser Val Gly Val Val Gly  
 180 185 190  
 aat gag gat ttt atc aat gtc tct atc ggt aag gca ggg cgt aac cgc 624  
 Asn Glu Asp Phe Ile Asn Val Ser Ile Gly Lys Ala Gly Arg Asn Arg  
 195 200 205  
 cac aga ggg atc cgc cca caa act cgt ggt agc gcg atg aac cca gtg 672  
 His Arg Gly Ile Arg Pro Gln Thr Arg Gly Ser Ala Met Asn Pro Val  
 210 215 220  
 gat cac ccg cat ggt ggg ggt gag gg 698  
 Asp His Pro His Gly Gly Glu  
 225 230  
 <210> 130  
 <211> 232  
 <212> PRT  
 <213> Helicobacter pylori  
 <400> 130  
 Tyr Lys Pro Tyr Thr Pro Ser Arg Arg Phe Met Ser Val Leu Asp Ser  
 1 5 10 15  
 Lys Asp Ile Thr Ala Lys Ser Ser Val Lys Gly Leu Leu Thr Lys Leu  
 20 25 30  
 Lys Ala Thr Ala Gly Arg Asn Asn Asn Gly Arg Ile Thr Ser Arg His  
 35 40 45  
 Lys Glu Arg Gly Ala Lys Lys Leu Tyr Arg Ile Ile Asp Phe Lys Arg  
 50 55 60  
 Asn Lys Tyr Asn Ile Glu Gly Lys Val Ala Ala Ile Glu Tyr Asp Pro  
 65 70 75 80  
 Tyr Arg Asn Ala Arg Ile Ala Leu Val Val Tyr Pro Asp Gly Asp Lys  
 85 90 95  
 Arg Tyr Ile Leu Gln Pro Ser Gly Leu Lys Val Gly Asp Ser Val Ile  
 100 105 110  
 Ala Ala Glu Gly Gly Leu Asp Ile Lys Val Gly Phe Ala Met Lys Leu  
 115 120 125  
 Lys Asn Ile Pro Ile Gly Thr Val Val His Asn Ile Glu Met His Pro  
 130 135 140  
 Gly Ala Gly Gly Gln Leu Ala Arg Ser Ala Gly Met Ser Ala Gln Ile  
 145 150 155 160  
 Met Gly Arg Glu Asn Lys Tyr Thr Ile Ile Arg Met Pro Ser Ser Glu  
 165 170 175  
 Met Arg Tyr Ile Leu Ser Glu Cys Met Ala Ser Val Gly Val Val Gly  
 180 185 190  
 Asn Glu Asp Phe Ile Asn Val Ser Ile Gly Lys Ala Gly Arg Asn Arg  
 195 200 205  
 His Arg Gly Ile Arg Pro Gln Thr Arg Gly Ser Ala Met Asn Pro Val  
 210 215 220  
 Asp His Pro His Gly Gly Glu  
 225 230  
 <210> 131  
 <211> 528  
 <212> DNA  
 <213> Helicobacter pylori  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(528)  
 <400> 131  
 tac gat tgg atc aag gaa ttt gtg cgc gat caa gga gag ttt atc gcc 48

```

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

<210> 132
<211> 176
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 132
Tyr Asp Trp Ile Lys Glu Phe Val Arg Asp Gln Gly Glu Phe Ile Ala
 1      5      10      15
Gln Gln Ser Gly Trp Leu Glu Leu Glu Arg Ser Ser Tyr Ala Lys Leu
      20      25      30
Ile Ala Gln Thr Ile Ser His Val Leu Asn Gly Gly Ser Leu Leu Val
      35      40      45
Ser Ala Asp Ser Ser Arg His Trp Phe Leu Asn Tyr Ile Leu Ser Asn
      50      55      60
Leu Asn Pro Lys Asp Leu Lys Glu Arg Pro Leu Leu Ser Val Ile Asp
      65      70      75      80
Phe Asn Ala Ser Ser Phe Tyr Pro Lys Asn Asp Ala Asn Leu Ser Leu
      85      90      95
Ala Thr Ile Glu Met Thr Tyr Gln Asn Pro Met Phe Trp His Val Gly
      100      105      110
Lys Ile Glu Asn Glu Gly Leu Lys Thr Ile Leu Leu Ser Lys Ile Pro
      115      120      125
Ser Phe Leu Trp Leu Phe Glu Glu Leu Lys Glu Asp Cys Leu Leu Leu
      130      135      140
Lys Glu His Asp Ser Leu Leu Asp Tyr Lys Leu Leu Gln Leu Phe Lys
      145      150      155      160
Leu Phe Glu Asn Ala Leu Phe Ser Val Leu Tyr Asn Lys Val Thr Leu
      165      170      175

<210> 133
<211> 263

```

```

<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(261)
<400> 133
ttg gcg cta gtc aaa caa aat cct aaa gtt agt ctc ata gag tat gaa 48
Leu Ala Leu Val Lys Gln Asn Pro Lys Val Ser Leu Ile Glu Tyr Glu
1 5 10 15
aat tac ttt agc caa ctc aaa tac aac cct aac gca agc aag agc gat 96
Asn Tyr Phe Ser Gln Leu Lys Tyr Asn Pro Asn Ala Ser Lys Ser Asp
20 25 30
att gcc ttt ttt tat gcc ccc aac caa gtc tta tgc acc acg att aca 144
Ile Ala Phe Phe Tyr Ala Pro Asn Gln Val Leu Cys Thr Thr Ile Thr
35 40 45
gct aaa tac gcc gcg ttg ctt aaa gaa att tta agc cag aat aaa gtc 192
Ala Lys Tyr Gly Ala Leu Leu Lys Glu Ile Leu Ser Gln Asn Lys Val
50 55 60
ggc atg cat tta gcc cac agc gtg gat gtg cgt att gaa gta gcg cct 240
Gly Met His Leu Ala His Ser Val Asp Val Arg Ile Glu Val Ala Pro
65 70 75 80
aaa atc caa att aac gcc caa tc 263
Lys Ile Gln Ile Asn Ala Gln
85

<210> 134
<211> 87
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 134
Leu Ala Leu Val Lys Gln Asn Pro Lys Val Ser Leu Ile Glu Tyr Glu
1 5 10 15
Asn Tyr Phe Ser Gln Leu Lys Tyr Asn Pro Asn Ala Ser Lys Ser Asp
20 25 30
Ile Ala Phe Phe Tyr Ala Pro Asn Gln Val Leu Cys Thr Thr Ile Thr
35 40 45
Ala Lys Tyr Gly Ala Leu Leu Lys Glu Ile Leu Ser Gln Asn Lys Val
50 55 60
Gly Met His Leu Ala His Ser Val Asp Val Arg Ile Glu Val Ala Pro
65 70 75 80
Lys Ile Gln Ile Asn Ala Gln
85

<210> 135
<211> 447
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(447)
<400> 135
agc tat gcc aaa ctc atc gcg caa acc atc tcg cat gtg ctt aat ggc 48
Ser Tyr Ala Lys Leu Ile Ala Gln Thr Ile Ser His Val Leu Asn Gly
1 5 10 15
gga tcg ctg ttg gtg agc gcg gat tct tct agg cac tgg ttt tta aac 96
Gly Ser Leu Leu Val Ser Ala Asp Ser Ser Arg His Trp Phe Leu Asn
20 25 30
tac att ctt tct aac cta aac ccc aaa gat tta aaa gag cgc ccc tta 144
Tyr Ile Leu Ser Asn Leu Asn Pro Lys Asp Leu Lys Glu Arg Pro Leu
35 40 45
ttg tcc gtc att gat ttt aac gct tct tct ttc tac ccc aaa aac gat 192
Leu Ser Val Ile Asp Phe Asn Ala Ser Ser Phe Tyr Pro Lys Asn Asp
50 55 60

```

```

gcg aat ctc tct cta gcc acc ata gag atg act tat caa aac ccc atg 240
Ala Asn Leu Ser Leu Ala Thr Ile Glu Met Thr Tyr Gln Asn Pro Met
65 70 75 80
ttt tgg cat gtt ggg aaa att gaa aat gaa ggc tta aaa acg ata cta 288
Phe Trp His Val Gly Lys Ile Glu Asn Glu Gly Leu Lys Thr Ile Leu
85 90 95
ttg agt aaa atc oct agt ttt tta tgg ctt ttt gaa gag ctt aaa gaa 336
Leu Ser Lys Ile Pro Ser Phe Leu Trp Leu Phe Glu Glu Leu Lys Glu
100 105 110
gat tgc ttg ctt tta aaa gag cat gac agc ttg ctg gat tat aaa tta 384
Asp Cys Leu Leu Leu Lys Glu His Asp Ser Leu Leu Asp Tyr Lys Leu
115 120 125
ttg cag ctc ttc aaa ctc ttt gaa aac gcg ctt ttt agc gtg cta tac 432
Leu Gln Leu Phe Lys Leu Phe Glu Asn Ala Leu Phe Ser Val Leu Tyr
130 135 140
aat aag gtt act ctg 447
Asn Lys Val Thr Leu
145
<210> 136
<211> 149
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 136
Ser Tyr Ala Lys Leu Ile Ala Gln Thr Ile Ser His Val Leu Asn Gly
1 5 10 15
Gly Ser Leu Leu Val Ser Ala Asp Ser Ser Arg His Trp Phe Leu Asn
20 25 30
Tyr Ile Leu Ser Asn Leu Asn Pro Lys Asp Leu Lys Glu Arg Pro Leu
35 40 45
Leu Ser Val Ile Asp Phe Asn Ala Ser Ser Phe Tyr Pro Lys Asn Asp
50 55 60
Ala Asn Leu Ser Leu Ala Thr Ile Glu Met Thr Tyr Gln Asn Pro Met
65 70 75 80
Phe Trp His Val Gly Lys Ile Glu Asn Glu Gly Leu Lys Thr Ile Leu
85 90 95
Leu Ser Lys Ile Pro Ser Phe Leu Trp Leu Phe Glu Glu Leu Lys Glu
100 105 110
Asp Cys Leu Leu Leu Lys Glu His Asp Ser Leu Leu Asp Tyr Lys Leu
115 120 125
Leu Gln Leu Phe Lys Leu Phe Glu Asn Ala Leu Phe Ser Val Leu Tyr
130 135 140
Asn Lys Val Thr Leu
145
<210> 137
<211> 795
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(795)
<400> 137
gga ctt gga gga ggg act ggg act gga gcc acc cct act atc gtt aaa 48
Gly Leu Gly Gly Gly Thr Gly Thr Gly Ala Thr Pro Thr Ile Val Lys
1 5 10 15
atc gca aaa gaa gtg gga gcg ctc acg att gct atc gtt acc aag cct 96
Ile Ala Lys Glu Val Gly Ala Leu Thr Ile Ala Ile Val Thr Lys Pro
20 25 30
ttc aaa tac gaa ggg aat caa aaa aga aag agg gct gaa gag gga ttg 144
Phe Lys Tyr Glu Gly Asn Gln Lys Arg Lys Arg Ala Glu Glu Gly Leu
35 40 45
aaa gaa ttg gag cag tct agc gat tct att ttg gtt atc cct aat gac 192

```

```

Lys Glu Leu Glu Gln Ser Ser Asp Ser Ile Leu Val Ile Pro Asn Asp
  50          55          60
aaa atc ctt ctc acc atg aaa aaa aac gct agc acc acg gag tgt tat 240
Lys Ile Leu Leu Thr Met Lys Lys Asn Ala Ser Thr Thr Glu Cys Tyr
  65          70          75          80
agg gaa gtt gat gat gtc ttg gtt agg gct gtg agt ggc att tct act 288
Arg Glu Val Asp Asp Val Leu Val Arg Ala Val Ser Gly Ile Ser Thr
          85          90          95
atc atc act aaa ccc ggt aat atc aat gtt gat ttt gcc gat tta aag 336
Ile Ile Thr Lys Pro Gly Asn Ile Asn Val Asp Phe Ala Asp Leu Lys
          100          105          110
agc gct ctt ggt ttt aaa ggc ttt gcg tta atg ggt att ggt gaa gcc 384
Ser Ala Leu Gly Phe Lys Gly Phe Ala Leu Met Gly Ile Gly Glu Ala
          115          120          125
act ggc gaa gaa tcc gct aaa tta gcg gtg caa aat gcg atc caa tcg 432
Thr Gly Glu Glu Ser Ala Lys Leu Ala Val Gln Asn Ala Ile Gln Ser
          130          135          140
cct ctt ctt gat gac gct tct att gaa ggg gct aag agc att att gtc 480
Pro Leu Leu Asp Asp Ala Ser Ile Glu Gly Ala Lys Ser Ile Ile Val
          145          150          155          160
ttt ttt gag cac cac cct gat tat cct atg atg gct tat tct caa gcg 528
Phe Phe Glu His His Pro Asp Tyr Pro Met Met Ala Tyr Ser Gln Ala
          165          170          175
tgc gat ttt att caa gat caa gcc cat caa gat gtt gac gtt aag ttt 576
Cys Asp Phe Ile Gln Asp Gln Ala His Gln Asp Val Asp Val Lys Phe
          180          185          190
ggc caa cac acg agc gat aat atc cct att gat cat gtg cgc gtt act 624
Gly Gln His Thr Ser Asp Asn Ile Pro Ile Asp His Val Arg Val Thr
          195          200          205
atc att gca acc ggt gct gaa aga aac agc ggt gga gcg agt ttg gaa 672
Ile Ile Ala Thr Gly Ala Glu Arg Asn Ser Gly Gly Ala Ser Leu Glu
          210          215          220
tct atc gct acg ccc tct cag cct gtg gtg aaa caa acg aga aaa gtg 720
Ser Ile Ala Thr Pro Ser Gln Pro Val Val Lys Gln Thr Arg Lys Val
          225          230          235          240
ggt aat ggc gag tat tta aag atc cct act gaa gaa gag cta tcc ata 768
Gly Asn Gly Glu Tyr Leu Lys Ile Pro Thr Glu Glu Glu Leu Ser Ile
          245          250          255
ccc aca acc atg aga atc cag caa gac
Pro Thr Thr Met Arg Ile Gln Gln Asp
          260          265
<210> 138
<211> 265
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 138
Gly Leu Gly Gly Gly Thr Gly Thr Gly Ala Thr Pro Thr Ile Val Lys
  1          5          10          15
Ile Ala Lys Glu Val Gly Ala Leu Thr Ile Ala Ile Val Thr Lys Pro
          20          25          30
Phe Lys Tyr Glu Gly Asn Gln Lys Arg Lys Arg Ala Glu Glu Gly Leu
          35          40          45
Lys Glu Leu Glu Gln Ser Ser Asp Ser Ile Leu Val Ile Pro Asn Asp
          50          55          60
Lys Ile Leu Leu Thr Met Lys Lys Asn Ala Ser Thr Thr Glu Cys Tyr
          65          70          75          80
Arg Glu Val Asp Asp Val Leu Val Arg Ala Val Ser Gly Ile Ser Thr
          85          90          95
Ile Ile Thr Lys Pro Gly Asn Ile Asn Val Asp Phe Ala Asp Leu Lys
          100          105          110
Ser Ala Leu Gly Phe Lys Gly Phe Ala Leu Met Gly Ile Gly Glu Ala

```

```

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

<210> 139
<211> 342
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(342)
<400> 139
gcg gtt tct caa ctc att caa gtg gga gcg tta gtc aag ttt ttg tta 48
Ala Val Ser Gln Leu Ile Gln Val Gly Ala Leu Val Lys Phe Leu Leu
      1      5      10      15
gcg ttt caa aaa agc act caa gct aaa atc gtt caa gtg tgt ggt ttt 96
Ala Phe Gln Lys Ser Thr Gln Ala Lys Ile Val Gln Val Cys Gly Phe
      20      25      30
aac ccc cat gcg ggc gaa gag ggc tta ttt ggg gaa gaa gat gaa agg 144
Asn Pro His Ala Gly Glu Glu Gly Leu Phe Gly Glu Glu Asp Glu Arg
      35      40      45
att tta aaa gcc att caa aag agc aac caa acg cta ggc ttt gaa tgc 192
Ile Leu Lys Ala Ile Gln Lys Ser Asn Gln Thr Leu Gly Phe Glu Cys
      50      55      60
ttt ttg ggg cca ctg ccg gct gat agt gct ttt gcc ccc aat aaa cga 240
Phe Leu Gly Pro Leu Pro Ala Asp Ser Ala Phe Ala Pro Asn Lys Arg
      65      70      75      80
aaa ata acc cct ttt tat gtg agc atg agc cat gat gtg ggg cta gcc 288
Lys Ile Thr Pro Phe Tyr Val Ser Met Ser His Asp Val Gly Leu Ala
      85      90      95
cct tta aaa gcg ctc tat ttt gat gaa agc att aat gtg agt ttg aac 336
Pro Leu Lys Ala Leu Tyr Phe Asp Glu Ser Ile Asn Val Ser Leu Asn
      100      105      110
gcc ccc 342
Ala Pro
<210> 140
<211> 114
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 140
Ala Val Ser Gln Leu Ile Gln Val Gly Ala Leu Val Lys Phe Leu Leu
      1      5      10      15
Ala Phe Gln Lys Ser Thr Gln Ala Lys Ile Val Gln Val Cys Gly Phe
      20      25      30
Asn Pro His Ala Gly Glu Glu Gly Leu Phe Gly Glu Glu Asp Glu Arg
      35      40      45

```

```

Ile Leu Lys Ala Ile Gln Lys Ser Asn Gln Thr Leu Gly Phe Glu Cys
  50          55          60
Phe Leu Gly Pro Leu Pro Ala Asp Ser Ala Phe Ala Pro Asn Lys Arg
  65          70          75          80
Lys Ile Thr Pro Phe Tyr Val Ser Met Ser His Asp Val Gly Leu Ala
          85          90          95
Pro Leu Lys Ala Leu Tyr Phe Asp Glu Ser Ile Asn Val Ser Leu Asn
          100          105          110
Ala Pro
<210> 141
<211> 869
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(867)
<400> 141
ggc ggg att gcg tgc gcg aat ttg ttg cat aaa aat tca ggg atc acg 48
Gly Gly Ile Ala Cys Ala Asn Leu Leu His Lys Asn Ser Gly Ile Thr
  1          5          10          15
ata gat att gga ggg ggt agc acc gag tgc gcg ttg att gaa aaa ggc 96
Ile Asp Ile Gly Gly Gly Ser Thr Glu Cys Ala Leu Ile Glu Lys Gly
          20          25          30
aag att aag gac tta atc tcg ctt gat gtt ggg acg att cgc att aaa 144
Lys Ile Lys Asp Leu Ile Ser Leu Asp Val Gly Thr Ile Arg Ile Lys
          35          40          45
gaa atg ttt tta gac aaa gac tta gag gtc aaa ttg gct aaa gcc ttt 192
Glu Met Phe Leu Asp Lys Asp Leu Glu Val Lys Leu Ala Lys Ala Phe
          50          55          60
atc caa aaa gaa gtc tct aaa ctg ccc ttt aaa cac aaa aac gcc ttt 240
Ile Gln Lys Glu Val Ser Lys Leu Pro Phe Lys His Lys Asn Ala Phe
          65          70          75          80
ggg gtg ggg ggg acg atc aga gcg ttg agt aag gta ttg atg aaa cgc 288
Gly Val Gly Gly Thr Ile Arg Ala Leu Ser Lys Val Leu Met Lys Arg
          85          90          95
ttt tgt tac cct att gat tct ttg cat ggc tat gaa ata gat gca cat 336
Phe Cys Tyr Pro Ile Asp Ser Leu His Gly Tyr Glu Ile Asp Ala His
          100          105          110
aaa aat tta gcg ttc att gaa aaa atc gtc atg ctc aaa gaa gat caa 384
Lys Asn Leu Ala Phe Ile Glu Lys Ile Val Met Leu Lys Glu Asp Gln
          115          120          125
tta cgg ctt tta ggg gtg aat gaa gag cgt ttg gat agc atc agg agc 432
Leu Arg Leu Leu Gly Val Asn Glu Glu Arg Leu Asp Ser Ile Arg Ser
          130          135          140
ggg gcg ttg att tta tca gtc gtt ttg gag cat tta aaa act tct tta 480
Gly Ala Leu Ile Leu Ser Val Val Leu Glu His Leu Lys Thr Ser Leu
          145          150          155          160
atg atc act agt ggg gtg ggg gtg aga gaa ggc gtg ttt ttg agc gat 528
Met Ile Thr Ser Gly Val Gly Val Arg Glu Gly Val Phe Leu Ser Asp
          165          170          175
tta ttg cgc cat cat tac cat aaa ttc ccc ccc aat atc aac ccc tct 576
Leu Leu Arg His His Tyr His Lys Phe Pro Pro Asn Ile Asn Pro Ser
          180          185          190
ctc atc tct tta aaa gat cgc ttt ttg ccc cat gaa aag cac agc caa 624
Leu Ile Ser Leu Lys Asp Arg Phe Leu Pro His Glu Lys His Ser Gln
          195          200          205
aag gtc aaa aaa gaa tgc gtg aaa ttg ttt gaa gcc tta tcg cct ttg 672
Lys Val Lys Lys Glu Cys Val Lys Leu Phe Glu Ala Leu Ser Pro Leu
          210          215          220
cat aaa ata gat gaa aaa tac ctt ttc cat tta aag att gcg ggg gaa 720
His Lys Ile Asp Glu Lys Tyr Leu Phe His Leu Lys Ile Ala Gly Glu

```

```

225          230          235          240
tta gcg agc atg ggt aag att tta agc gtc tat tta gcc cac aag cac 768
Leu Ala Ser Met Gly Lys Ile Leu Ser Val Tyr Leu Ala His Lys His
          245          250          255
agc gcg tat ttt att tta aac gct ttg agt tat ggc ttt agc cac cag 816
Ser Ala Tyr Phe Ile Leu Asn Ala Leu Ser Tyr Gly Phe Ser His Gln
          260          265          270
gat aga gcg atc att tgc tta tta gcc caa ttc agc cat aaa aaa atc 864
Asp Arg Ala Ile Ile Cys Leu Leu Ala Gln Phe Ser His Lys Lys Ile
          275          280          285
cct aa 869
Pro
<210> 142
<211> 289
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 142
Gly Gly Ile Ala Cys Ala Asn Leu Leu His Lys Asn Ser Gly Ile Thr
  1          5          10          15
Ile Asp Ile Gly Gly Ser Thr Glu Cys Ala Leu Ile Glu Lys Gly
  20          25          30
Lys Ile Lys Asp Leu Ile Ser Leu Asp Val Gly Thr Ile Arg Ile Lys
  35          40          45
Glu Met Phe Leu Asp Lys Asp Leu Glu Val Lys Leu Ala Lys Ala Phe
  50          55          60
Ile Gln Lys Glu Val Ser Lys Leu Pro Phe Lys His Lys Asn Ala Phe
  65          70          75          80
Gly Val Gly Gly Thr Ile Arg Ala Leu Ser Lys Val Leu Met Lys Arg
  85          90          95
Phe Cys Tyr Pro Ile Asp Ser Leu His Gly Tyr Glu Ile Asp Ala His
  100          105          110
Lys Asn Leu Ala Phe Ile Glu Lys Ile Val Met Leu Lys Glu Asp Gln
  115          120          125
Leu Arg Leu Leu Gly Val Asn Glu Glu Arg Leu Asp Ser Ile Arg Ser
  130          135          140
Gly Ala Leu Ile Leu Ser Val Val Leu Glu His Leu Lys Thr Ser Leu
  145          150          155          160
Met Ile Thr Ser Gly Val Gly Val Arg Glu Gly Val Phe Leu Ser Asp
  165          170          175
Leu Leu Arg His His Tyr His Lys Phe Pro Pro Asn Ile Asn Pro Ser
  180          185          190
Leu Ile Ser Leu Lys Asp Arg Phe Leu Pro His Glu Lys His Ser Gln
  195          200          205
Lys Val Lys Lys Glu Cys Val Lys Leu Phe Glu Ala Leu Ser Pro Leu
  210          215          220
His Lys Ile Asp Glu Lys Tyr Leu Phe His Leu Lys Ile Ala Gly Glu
  225          230          235          240
Leu Ala Ser Met Gly Lys Ile Leu Ser Val Tyr Leu Ala His Lys His
  245          250          255
Ser Ala Tyr Phe Ile Leu Asn Ala Leu Ser Tyr Gly Phe Ser His Gln
  260          265          270
Asp Arg Ala Ile Ile Cys Leu Leu Ala Gln Phe Ser His Lys Lys Ile
  275          280          285
Pro
<210> 143
<211> 609
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(609)

```

<400> 143  
 agt ttg atc gca aac gcg ctt ttg caa tca agc ttt ttg ctc tat gcg 48  
 Ser Leu Ile Ala Asn Ala Leu Leu Gln Ser Ser Phe Leu Leu Tyr Ala  
 1 5 10 15  
 ttc atg cca aag agc gct gtg aaa tta gcg aat gct ttc aac aca gaa 96  
 Phe Met Pro Lys Ser Ala Val Lys Leu Ala Asn Ala Phe Asn Thr Glu  
 20 25 30  
 atc acg ccc gat aat tac gaa cgc ttt ttt aaa gct aaa aaa tta caa 144  
 Ile Thr Pro Asp Asn Tyr Glu Arg Phe Phe Lys Ala Lys Lys Leu Gln  
 35 40 45  
 gat atg att tta caa gac acc gag cct tta ttt tcc aaa atg gag aaa 192  
 Asp Met Ile Leu Gln Asp Thr Glu Pro Leu Phe Ser Lys Met Glu Lys  
 50 55 60  
 att gaa aag acg gaa aaa gcg gga gaa gcc tca cca gaa aaa aac gaa 240  
 Ile Glu Lys Thr Glu Lys Ala Gly Glu Ala Ser Pro Glu Lys Asn Glu  
 65 70 75 80  
 aaa gaa aaa aag gac gca aaa gaa aaa gcc cca cta aaa caa gaa aac 288  
 Lys Glu Lys Lys Asp Ala Lys Glu Lys Ala Pro Leu Lys Gln Glu Asn  
 85 90 95  
 tat atc ggc att gag gat ttc aaa aaa gta gag atc aaa gtg ggc ctt 336  
 Tyr Ile Gly Ile Glu Asp Phe Lys Lys Val Glu Ile Lys Val Gly Leu  
 100 105 110  
 atc aaa gaa gct caa agg att gaa aaa tcc aat aaa tta ctg cgc tta 384  
 Ile Lys Glu Ala Gln Arg Ile Glu Lys Ser Asn Lys Leu Leu Arg Leu  
 115 120 125  
 aaa gtg gat tta ggc gaa ggc cgt ttg agg cag att att tca ggg atc 432  
 Lys Val Asp Leu Gly Glu Gly Arg Leu Arg Gln Ile Ile Ser Gly Ile  
 130 135 140  
 gct ttg gat tat gag cct gaa agc ttg gtg ggt caa atg gtg tgc gtg 480  
 Ala Leu Asp Tyr Glu Pro Glu Ser Leu Val Gly Gln Met Val Cys Val  
 145 150 155 160  
 gtg gct aat tta aaa ccc gca aag ctt atg ggc gaa atg agt gag ggc 528  
 Val Ala Asn Leu Lys Pro Ala Lys Leu Met Gly Glu Met Ser Glu Gly  
 165 170 175  
 atg att tta gcg gtg cga gat agc gac aat cta gcc tta att agc ccc 576  
 Met Ile Leu Ala Val Arg Asp Ser Asp Asn Leu Ala Leu Ile Ser Pro  
 180 185 190  
 act aga gaa aaa att gca gga agt ttg atc agc 609  
 Thr Arg Glu Lys Ile Ala Gly Ser Leu Ile Ser  
 195 200

&lt;210&gt; 144

&lt;211&gt; 203

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Helicobacter pylori

&lt;400&gt; 144

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

Lys Val Asp Leu Gly Glu Gly Arg Leu Arg Gln Ile Ile Ser Gly Ile  
 130 135 140  
 Ala Leu Asp Tyr Glu Pro Glu Ser Leu Val Gly Gln Met Val Cys Val  
 145 150 155 160  
 Val Ala Asn Leu Lys Pro Ala Lys Leu Met Gly Glu Met Ser Glu Gly  
 165 170 175  
 Met Ile Leu Ala Val Arg Asp Ser Asp Asn Leu Ala Leu Ile Ser Pro  
 180 185 190  
 Thr Arg Glu Lys Ile Ala Gly Ser Leu Ile Ser  
 195 200  
 <210> 145  
 <211> 1458  
 <212> DNA  
 <213> *Helicobacter pylori*  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1458)  
 <400> 145  
 ttt gaa aac gca aaa gct gaa tgc agt tta gtt ttt att atc aat aag 48  
 Phe Glu Asn Ala Lys Ala Glu Cys Ser Leu Val Phe Ile Ile Asn Lys  
 1 5 10 15  
 gat ttt agc cac gct tgg gtc aaa aat aaa gag ttg cta gaa acc ttt 96  
 Asp Phe Ser His Ala Trp Val Lys Asn Lys Glu Leu Leu Glu Thr Phe  
 20 25 30  
 aaa tac gaa ggc gaa ggc gta ttt tta gac caa gaa aat aaa atc ctg 144  
 Lys Tyr Glu Gly Glu Gly Val Phe Leu Asp Gln Glu Asn Lys Ile Leu  
 35 40 45  
 tat gcg ggc gtt aaa gaa gat gat gtg cat tta ttg aga gag agc gcg 192  
 Tyr Ala Gly Val Lys Glu Asp Asp Val His Leu Leu Arg Glu Ser Ala  
 50 55 60  
 tgt tta gcc gtt cgc acc ctt aaa aaa ctc gct ttt aaa agc gtt aaa 240  
 Cys Leu Ala Val Arg Thr Leu Lys Lys Leu Ala Phe Lys Ser Val Lys  
 65 70 75 80  
 gtg ggc gtt tat act tgt ggt gca cat tct aaa gat aac gcg ctt tta 288  
 Val Gly Val Tyr Thr Cys Gly Ala His Ser Lys Asp Asn Ala Leu Leu  
 85 90 95  
 gaa aac ttg aaa gcg ctg ttt ttg ggc ttg aaa tta ggt ttg tat gaa 336  
 Glu Asn Leu Lys Ala Leu Phe Leu Gly Leu Lys Leu Gly Leu Tyr Glu  
 100 105 110  
 tac gac act ttt aaa tcc aac aaa aaa gaa agc gtt tta aaa gaa gcc 384  
 Tyr Asp Thr Phe Lys Ser Asn Lys Lys Glu Ser Val Leu Lys Glu Ala  
 115 120 125  
 att gtc gct tta gaa ttg cac aaa cct tgc gaa aaa act tgc gca aat 432  
 Ile Val Ala Leu Glu Leu His Lys Pro Cys Glu Lys Thr Cys Ala Asn  
 130 135 140  
 tct tta gaa aag agt gct aaa gaa gcg tta aaa tac gct gaa atc atg 480  
 Ser Leu Glu Lys Ser Ala Lys Glu Ala Leu Lys Tyr Ala Glu Ile Met  
 145 150 155 160  
 aca gaa agc ttg aat atc gtt aaa gat cta gtc aat acc ccc cct atg 528  
 Thr Glu Ser Leu Asn Ile Val Lys Asp Leu Val Asn Thr Pro Pro Met  
 165 170 175  
 att ggc act ccg gtt tat atg gct gaa gtg gcg caa aaa gtg gct aaa 576  
 Ile Gly Thr Pro Val Tyr Met Ala Glu Val Ala Gln Lys Val Ala Lys  
 180 185 190  
 gaa aac cat tta gaa atc cat gtt cat gat gaa aaa ttt tta gaa gaa 624  
 Glu Asn His Leu Glu Ile His Val His Asp Glu Lys Phe Leu Glu Glu  
 195 200 205  
 aag aaa atg aac gcc ttt tta gcg gtc aat aaa gcc tct ctt agc gtc 672  
 Lys Lys Met Asn Ala Phe Leu Ala Val Asn Lys Ala Ser Leu Ser Val  
 210 215 220  
 aat cct cct cgc ttg atc cat tta gtc tat aag cct aaa aaa gcg aag 720

|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |
|---------------------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|------|
| Asn                       | Pro | Pro | Arg | Leu | Ile | His | Leu | Val | Tyr | Lys | Pro | Lys | Lys | Ala | Lys |      |
| 225                       |     |     |     |     | 230 |     |     |     |     | 235 |     |     |     |     | 240 |      |
| aaa                       | aaa | atc | gct | tta | gtg | ggg | aag | ggc | ttg | act | tat | gat | tgt | ggg | ggg | 768  |
| Lys                       | Lys | Ile | Ala | Leu | Val | Gly | Lys | Gly | Leu | Thr | Tyr | Asp | Cys | Gly | Gly |      |
|                           |     |     |     | 245 |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     | 255 |     |      |
| ttg                       | agc | ttg | aaa | ccg | gcc | gat | tac | atg | gtt | act | atg | aaa | gcg | gat | aaa | 816  |
| Leu                       | Ser | Leu | Lys | Pro | Ala | Asp | Tyr | Met | Val | Thr | Met | Lys | Ala | Asp | Lys |      |
|                           |     |     | 260 |     |     |     | 265 |     |     |     |     |     | 270 |     |     |      |
| ggc                       | ggg | ggc | tct | gcg | gtg | att | ggg | ctt | tta | aac | gca | tta | gcc | aaa | cta | 864  |
| Gly                       | Gly | Gly | Ser | Ala | Val | Ile | Gly | Leu | Leu | Asn | Ala | Leu | Ala | Lys | Leu |      |
|                           |     | 275 |     |     |     |     | 280 |     |     |     |     | 285 |     |     |     |      |
| ggc                       | gtg | gag | gct | gaa | gtg | cat | ggc | att | att | ggg | gct | aca | gaa | aac | atg | 912  |
| Gly                       | Val | Glu | Ala | Glu | Val | His | Gly | Ile | Ile | Gly | Ala | Thr | Glu | Asn | Met |      |
|                           |     | 290 |     |     |     | 295 |     |     |     |     | 300 |     |     |     |     |      |
| ata                       | ggc | cca | gcc | gct | tat | aaa | cca | gat | gat | att | ttg | atc | tcc | aaa | gaa | 960  |
| Ile                       | Gly | Pro | Ala | Ala | Tyr | Lys | Pro | Asp | Asp | Ile | Leu | Ile | Ser | Lys | Glu |      |
| 305                       |     |     |     | 310 |     |     |     |     |     | 315 |     |     |     | 320 |     |      |
| ggc                       | aag | agc | ata | gag | gtc | cgt | aat | acc | gac | gct | gag | ggg | cgt | ttg | gtt | 1008 |
| Gly                       | Lys | Ser | Ile | Glu | Val | Arg | Asn | Thr | Asp | Ala | Glu | Gly | Arg | Leu | Val |      |
|                           |     |     | 325 |     |     |     |     |     | 330 |     |     |     | 335 |     |     |      |
| tta                       | gcg | gat | tgt | ttg | agc | tac | gct | caa | gat | tta | aac | cct | gat | gtg | atc | 1056 |
| Leu                       | Ala | Asp | Cys | Leu | Ser | Tyr | Ala | Gln | Asp | Leu | Asn | Pro | Asp | Val | Ile |      |
|                           |     |     | 340 |     |     |     |     | 345 |     |     |     |     | 350 |     |     |      |
| gtg                       | gat | ttt | gcg | acc | ctt | act | ggg | gca | tgc | gtt | gta | ggc | tta | ggc | gaa | 1104 |
| Val                       | Asp | Phe | Ala | Thr | Leu | Thr | Gly | Ala | Cys | Val | Val | Gly | Leu | Gly | Glu |      |
|                           |     | 355 |     |     |     |     | 360 |     |     |     |     | 365 |     |     |     |      |
| ttc                       | act | tca | gcg | atc | atg | ggg | cat | aat | gaa | gag | tta | aaa | aac | ctc | ttt | 1152 |
| Phe                       | Thr | Ser | Ala | Ile | Met | Gly | His | Asn | Glu | Glu | Leu | Lys | Asn | Leu | Phe |      |
|                           |     | 370 |     |     |     | 375 |     |     |     |     | 380 |     |     |     |     |      |
| gaa                       | act | tca | ggg | tta | gaa | tcc | ggc | gaa | tta | tta | gcc | aaa | ctc | ccc | ttt | 1200 |
| Glu                       | Thr | Ser | Gly | Leu | Glu | Ser | Gly | Glu | Leu | Leu | Ala | Lys | Leu | Pro | Phe |      |
| 385                       |     |     |     | 390 |     |     |     |     |     | 395 |     |     |     | 400 |     |      |
| aac                       | cgc | cat | tta | aag | aaa | ttg | att | gaa | tct | aaa | atc | gct | gat | gtg | tgc | 1248 |
| Asn                       | Arg | His | Leu | Lys | Lys | Leu | Ile | Glu | Ser | Lys | Ile | Ala | Asp | Val | Cys |      |
|                           |     |     | 405 |     |     |     |     | 410 |     |     |     |     | 415 |     |     |      |
| aat                       | att | tct | tct | tca | cgc | tat | ggc | ggg | gcg | atc | aca | gcg | ggc | ttg | ttt | 1296 |
| Asn                       | Ile | Ser | Ser | Ser | Arg | Tyr | Gly | Gly | Ala | Ile | Thr | Ala | Gly | Leu | Phe |      |
|                           |     |     | 420 |     |     |     | 425 |     |     |     |     |     | 430 |     |     |      |
| tta                       | aat | gaa | ttt | att | aga | gat | gag | ttt | aag | gat | aag | tgg | cta | cac | att | 1344 |
| Leu                       | Asn | Glu | Phe | Ile | Arg | Asp | Glu | Phe | Lys | Asp | Lys | Trp | Leu | His | Ile |      |
|                           |     | 435 |     |     |     |     | 440 |     |     |     |     | 445 |     |     |     |      |
| gac                       | att | gca | ggc | cct | gct | tat | gtg | gaa | aaa | gaa | tgg | gat | gtg | aat | agc | 1392 |
| Asp                       | Ile | Ala | Gly | Pro | Ala | Tyr | Val | Glu | Lys | Glu | Trp | Asp | Val | Asn | Ser |      |
|                           |     | 450 |     |     |     | 455 |     |     |     |     | 460 |     |     |     |     |      |
| ttt                       | gga | gcg | agt | ggg | gct | ggc | gtg | aga | gct | tgc | aca | gct | ttt | gtg | gaa | 1440 |
| Phe                       | Gly | Ala | Ser | Gly | Ala | Gly | Val | Arg | Ala | Cys | Thr | Ala | Phe | Val | Glu |      |
| 465                       |     |     |     | 470 |     |     |     |     |     | 475 |     |     |     | 480 |     |      |
| gag                       | ctt | ttg | aaa | aag | gct |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 1458 |
| Glu                       | Leu | Leu | Lys | Lys | Ala |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |
|                           |     |     |     | 485 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |
| <210> 146                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |
| <211> 486                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |
| <212> PRT                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |
| <213> Helicobacter pylori |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |
| <400> 146                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |
| Phe                       | Glu | Asn | Ala | Lys | Ala | Glu | Cys | Ser | Leu | Val | Phe | Ile | Ile | Asn | Lys |      |
| 1                         |     |     |     | 5   |     |     |     |     | 10  |     |     |     |     | 15  |     |      |
| Asp                       | Phe | Ser | His | Ala | Trp | Val | Lys | Asn | Lys | Glu | Leu | Leu | Glu | Thr | Phe |      |
|                           |     |     | 20  |     |     |     | 25  |     |     |     |     |     | 30  |     |     |      |
| Lys                       | Tyr | Glu | Gly | Glu | Gly | Val | Phe | Leu | Asp | Gln | Glu | Asn | Lys | Ile | Leu |      |
|                           |     | 35  |     |     |     |     | 40  |     |     |     |     | 45  |     |     |     |      |

Tyr Ala Gly Val Lys Glu Asp Asp Val His Leu Leu Arg Glu Ser Ala  
 50 55 60  
 Cys Leu Ala Val Arg Thr Leu Lys Lys Leu Ala Phe Lys Ser Val Lys  
 65 70 75 80  
 Val Gly Val Tyr Thr Cys Gly Ala His Ser Lys Asp Asn Ala Leu Leu  
 85 90 95  
 Glu Asn Leu Lys Ala Leu Phe Leu Gly Leu Lys Leu Gly Leu Tyr Glu  
 100 105 110  
 Tyr Asp Thr Phe Lys Ser Asn Lys Lys Glu Ser Val Leu Lys Glu Ala  
 115 120 125  
 Ile Val Ala Leu Glu Leu His Lys Pro Cys Glu Lys Thr Cys Ala Asn  
 130 135 140  
 Ser Leu Glu Lys Ser Ala Lys Glu Ala Leu Lys Tyr Ala Glu Ile Met  
 145 150 155 160  
 Thr Glu Ser Leu Asn Ile Val Lys Asp Leu Val Asn Thr Pro Pro Met  
 165 170 175  
 Ile Gly Thr Pro Val Tyr Met Ala Glu Val Ala Gln Lys Val Ala Lys  
 180 185 190  
 Glu Asn His Leu Glu Ile His Val His Asp Glu Lys Phe Leu Glu Glu  
 195 200 205  
 Lys Lys Met Asn Ala Phe Leu Ala Val Asn Lys Ala Ser Leu Ser Val  
 210 215 220  
 Asn Pro Pro Arg Leu Ile His Leu Val Tyr Lys Pro Lys Lys Ala Lys  
 225 230 235 240  
 Lys Lys Ile Ala Leu Val Gly Lys Gly Leu Thr Tyr Asp Cys Gly Gly  
 245 250 255  
 Leu Ser Leu Lys Pro Ala Asp Tyr Met Val Thr Met Lys Ala Asp Lys  
 260 265 270  
 Gly Gly Gly Ser Ala Val Ile Gly Leu Leu Asn Ala Leu Ala Lys Leu  
 275 280 285  
 Gly Val Glu Ala Glu Val His Gly Ile Ile Gly Ala Thr Glu Asn Met  
 290 295 300  
 Ile Gly Pro Ala Ala Tyr Lys Pro Asp Asp Ile Leu Ile Ser Lys Glu  
 305 310 315 320  
 Gly Lys Ser Ile Glu Val Arg Asn Thr Asp Ala Glu Gly Arg Leu Val  
 325 330 335  
 Leu Ala Asp Cys Leu Ser Tyr Ala Gln Asp Leu Asn Pro Asp Val Ile  
 340 345 350  
 Val Asp Phe Ala Thr Leu Thr Gly Ala Cys Val Val Gly Leu Gly Glu  
 355 360 365  
 Phe Thr Ser Ala Ile Met Gly His Asn Glu Glu Leu Lys Asn Leu Phe  
 370 375 380  
 Glu Thr Ser Gly Leu Glu Ser Gly Glu Leu Leu Ala Lys Leu Pro Phe  
 385 390 395 400  
 Asn Arg His Leu Lys Lys Leu Ile Glu Ser Lys Ile Ala Asp Val Cys  
 405 410 415  
 Asn Ile Ser Ser Ser Arg Tyr Gly Gly Ala Ile Thr Ala Gly Leu Phe  
 420 425 430  
 Leu Asn Glu Phe Ile Arg Asp Glu Phe Lys Asp Lys Trp Leu His Ile  
 435 440 445  
 Asp Ile Ala Gly Pro Ala Tyr Val Glu Lys Glu Trp Asp Val Asn Ser  
 450 455 460  
 Phe Gly Ala Ser Gly Ala Gly Val Arg Ala Cys Thr Ala Phe Val Glu  
 465 470 475 480  
 Glu Leu Leu Lys Lys Ala  
 485  
 <210> 147  
 <211> 960  
 <212> DNA  
 <213> *Helicobacter pylori*  
 <220>

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(960)

&lt;400&gt; 147

```

gat gtt att aaa aaa gtt acg acc cca aag ggt ggc att gaa atc tta 48
Asp Val Ile Lys Lys Val Thr Thr Pro Lys Gly Gly Ile Glu Ile Leu
1 5 10 15
agg act tta att gat ttt acg ccc aaa att gaa aac gcc ctg aat tta 96
Arg Thr Leu Ile Asp Phe Thr Pro Lys Ile Glu Asn Ala Leu Asn Leu
20 25 30
gcg gcc aaa agc cat aag ggg caa tac aga aaa agc ggc gag cct tat 144
Ala Ala Lys Ser His Lys Gly Gln Tyr Arg Lys Ser Gly Glu Pro Tyr
35 40 45
att gtc cat cct att tgc gtg gca agc ttg gta gcg ttt tgt ggg ggc 192
Ile Val His Pro Ile Cys Val Ala Ser Leu Val Ala Phe Cys Gly Gly
50 55 60
gat gag gcg atg gtg tgt gct gcg ctt ttg cat gat gtg gtg gaa gac 240
Asp Glu Ala Met Val Cys Ala Ala Leu Leu His Asp Val Val Glu Asp
65 70 75 80
acg cct tgt aag att gaa acg att gag caa gaa ttt ggg caa gat gtg 288
Thr Pro Cys Lys Ile Glu Thr Ile Glu Gln Glu Phe Gly Gln Asp Val
85 90 95
gct aat tta gtg gat gcg ctc act aaa atc act gaa atc agg aaa gaa 336
Ala Asn Leu Val Asp Ala Leu Thr Lys Ile Thr Glu Ile Arg Lys Glu
100 105 110
gaa tta gcc gtg agc tct caa gat ccc aga atg gtg gtt tca gcg ctc 384
Glu Leu Gly Val Ser Ser Gln Asp Pro Arg Met Val Val Ser Ala Leu
115 120 125
act ttc aga aag att tta att agc gcg ata caa gat cca aga gcc tta 432
Thr Phe Arg Lys Ile Leu Ile Ser Ala Ile Gln Asp Pro Arg Ala Leu
130 135 140
gtg gta aag att agc gac agg ttg cac aac atg ctc acc tta gac gcc 480
Val Val Lys Ile Ser Asp Arg Leu His Asn Met Leu Thr Leu Asp Ala
145 150 155 160
ttg cct cat gac aag caa gtg cgt att tct aaa gag act cta gcg gtg 528
Leu Pro His Asp Lys Gln Val Arg Ile Ser Lys Glu Thr Leu Ala Val
165 170 175
tat gcc cct ata gcg agc cga ttg ggc atg tct tca atc aaa aat gaa 576
Tyr Ala Pro Ile Ala Ser Arg Leu Gly Met Ser Ser Ile Lys Asn Glu
180 185 190
tta gaa gac aag agc ttt tat tat att tat cca gaa gag tat aaa aat 624
Leu Glu Asp Lys Ser Phe Tyr Tyr Ile Tyr Pro Glu Glu Tyr Lys Asn
195 200 205
atc aag gaa tat ttg cac aaa aac aag cag tct tta ctc tta aag ctc 672
Ile Lys Glu Tyr Leu His Lys Asn Lys Gln Ser Leu Leu Leu Lys Leu
210 215 220
aac gct ttt gcg agc aag tta gaa aaa aaa ctt ttt gat agt ggg ttt 720
Asn Ala Phe Ala Ser Lys Leu Glu Lys Lys Leu Phe Asp Ser Gly Phe
225 230 235 240
agc cat tcg gat ttt aaa ctc gtt aca agg gtg aaa cgc cct tat tct 768
Ser His Ser Asp Phe Lys Leu Val Thr Arg Val Lys Arg Pro Tyr Ser
245 250 255
atc tat ctt aag atg caa cga aag ggc gcg gtt aat att gat gaa att 816
Ile Tyr Leu Lys Met Gln Arg Lys Gly Ala Val Asn Ile Asp Glu Ile
260 265 270
ttg gac ttg tta gcc att agg att tta ttg aaa aac ccg att gat tgc 864
Leu Asp Leu Leu Ala Ile Arg Ile Leu Leu Lys Asn Pro Ile Asp Cys
275 280 285
tat aaa gtt tta ggg att atc cat ttg aat ttc aaa ccc att gtc tct 912
Tyr Lys Val Leu Gly Ile Ile His Leu Asn Phe Lys Pro Ile Val Ser
290 295 300
cgt ttt aaa gat tac atc gct ttg ccc aaa gaa aat ggc tat aag acg 960

```

Arg Phe Lys Asp Tyr Ile Ala Leu Pro Lys Glu Asn Gly Tyr Lys Thr  
305 310 315 320

<210> 148

<211> 320

<212> PRT

<213> Helicobacter pylori

<400> 148

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

<210> 149

<211> 324

<212> DNA

<213> Helicobacter pylori

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(324)

<400> 149

ttg cta gcg att gtg ttg agc att tct act ttt att gca caa ggt aag 48  
Leu Leu Ala Ile Val Leu Ser Ile Ser Thr Phe Ile Ala Gln Gly Lys  
1 5 10 15  
att aag gtc agt ctc cct aac gct aaa aat gcg gaa aaa tcc cag cca 96  
Ile Lys Val Ser Leu Pro Asn Ala Lys Asn Ala Glu Lys Ser Gln Pro  
20 25 30

```

aac gat caa aaa gtg gtg gtc atc tct gta gat gag cat gac aat att 144
Asn Asp Gln Lys Val Val Val Ile Ser Val Asp Glu His Asp Asn Ile
      35              40              45

ttc gta gat gac aaa ccg atg aat tta gaa gct ttg agc gct gta gtc 192
Phe Val Asp Asp Lys Pro Met Asn Leu Glu Ala Leu Ser Ala Val Val
      50              55              60

aaa caa aca gac cct aaa acc ctt ata gac tta aaa agc gac aaa agc 240
Lys Gln Thr Asp Pro Lys Thr Leu Ile Asp Leu Lys Ser Asp Lys Ser
      65              70              75              80

tct cgt ttt gaa act ttt atc agc att atg gat att tta aaa gag cat 288
Ser Arg Phe Glu Thr Phe Ile Ser Ile Met Asp Ile Leu Lys Glu His
      85              90              95

aat cat gaa aat ttc tcc atc tcc acg caa gct cag 324
Asn His Glu Asn Phe Ser Ile Ser Thr Gln Ala Gln
      100              105

<210> 150
<211> 108
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 150
Leu Leu Ala Ile Val Leu Ser Ile Ser Thr Phe Ile Ala Gln Gly Lys
 1      5      10      15
Ile Lys Val Ser Leu Pro Asn Ala Lys Asn Ala Glu Lys Ser Gln Pro
      20      25      30
Asn Asp Gln Lys Val Val Val Ile Ser Val Asp Glu His Asp Asn Ile
      35      40      45
Phe Val Asp Asp Lys Pro Met Asn Leu Glu Ala Leu Ser Ala Val Val
      50      55      60
Lys Gln Thr Asp Pro Lys Thr Leu Ile Asp Leu Lys Ser Asp Lys Ser
      65      70      75      80
Ser Arg Phe Glu Thr Phe Ile Ser Ile Met Asp Ile Leu Lys Glu His
      85      90      95
Asn His Glu Asn Phe Ser Ile Ser Thr Gln Ala Gln
      100      105

<210> 151
<211> 837
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(837)
<400> 151
gac agc aaa aaa gac gct tgc ggg ttc atc tat gag atc agc gag ttc 48
Asp Ser Lys Lys Asp Ala Cys Gly Phe Ile Tyr Glu Ile Ser Glu Phe
 1      5      10      15
atg aaa gcc tat acc gca ttg cta aaa aaa caa gac cga tac gtc tat 96
Met Lys Ala Tyr Thr Ala Leu Leu Lys Lys Gln Asp Arg Tyr Val Tyr
      20      25      30

tta ttg agg tat ctc ccc tct agg tat tgg gcc agc att tta acg act 144
Leu Leu Arg Tyr Leu Pro Ser Arg Tyr Trp Ala Ser Ile Leu Thr Thr
      35      40      45

gcc ctt tat gtc aaa tac cct gat ttt gac gct ttg aaa aag ctt ttg 192
Ala Leu Tyr Val Lys Tyr Pro Asp Phe Asp Ala Leu Lys Lys Leu Leu
      50      55      60

gtg tct tat tat tac caa act tgg att gca gga ggc acg atc acg cgc 240
Val Ser Tyr Tyr Tyr Gln Thr Trp Ile Ala Gly Gly Thr Ile Thr Arg
      65      70      75      80

atc aag caa acc agt atc aac att atc aaa aac gtt aaa agc aat aag 288
Ile Lys Gln Thr Ser Ile Asn Ile Ile Lys Asn Val Lys Ser Asn Lys
      85      90      95

agc gtt gaa acc atc aaa gag ctt ata ttg aat agc atc gac tct tat 336

```

|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|---------------------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Ser                       | Val | Glu | Thr | Ile | Lys | Glu | Leu | Ile | Leu | Asn | Ser | Ile | Asp | Ser | Tyr |     |
|                           |     |     | 100 |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |     |     |     |
| aac                       | acc | ttt | gat | caa | tac | ctc | tat | aac | tta | tgg | gat | agc | tct | tct | gtt | 384 |
| Asn                       | Thr | Phe | Asp | Gln | Tyr | Leu | Tyr | Asn | Leu | Trp | Asp | Ser | Ser | Ser | Val |     |
|                           |     | 115 |     |     |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |     |     |     |     |
| tat                       | cat | agc | aaa | tgg | gtg | cgt | cct | gtc | tta | gcc | cta | gct | aat | tat | ttc | 432 |
| Tyr                       | His | Ser | Lys | Trp | Val | Arg | Pro | Val | Leu | Ala | Leu | Ala | Asn | Tyr | Phe |     |
|                           |     | 130 |     |     |     | 135 |     |     |     |     |     | 140 |     |     |     |     |
| atg                       | gca | gat | gaa | gag | aaa | ccc | cat | ttt | atc | gct | atg | gat | gcc | gaa | acc | 480 |
| Met                       | Ala | Asp | Glu | Glu | Lys | Pro | His | Phe | Ile | Ala | Met | Asp | Ala | Glu | Thr |     |
|                           |     | 145 |     |     | 150 |     |     |     |     | 155 |     |     |     |     | 160 |     |
| caa                       | gtg | gag | cat | att | ttg | cca | caa | acg | ccc | aaa | aga | ggc | agt | caa | tgg | 528 |
| Gln                       | Val | Glu | His | Ile | Leu | Pro | Gln | Thr | Pro | Lys | Arg | Gly | Ser | Gln | Trp |     |
|                           |     |     | 165 |     |     |     |     |     | 170 |     |     |     | 175 |     |     |     |
| aac                       | gcg | gat | ttt | gac | aaa | gaa | aaa | aga | gaa | gaa | tgg | gta | aat | aat | atc | 576 |
| Asn                       | Ala | Asp | Phe | Asp | Lys | Glu | Lys | Arg | Glu | Glu | Trp | Val | Asn | Asn | Ile |     |
|                           |     | 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     |     | 190 |     |     |     |
| gcg                       | aat | tta | acc | ctt | tta | aag | cgt | aaa | aag | aac | gcg | cat | gct | tta | aac | 624 |
| Ala                       | Asn | Leu | Thr | Leu | Leu | Lys | Arg | Lys | Lys | Asn | Ala | His | Ala | Leu | Asn |     |
|                           |     | 195 |     |     |     | 200 |     |     |     |     |     | 205 |     |     |     |     |
| ggg                       | gat | ttt | gat | gaa | aaa | aga | aaa | att | tat | gga | ggc | aaa | gac | acg | agc | 672 |
| Gly                       | Asp | Phe | Asp | Glu | Lys | Arg | Lys | Ile | Tyr | Gly | Gly | Lys | Asp | Thr | Ser |     |
|                           |     | 210 |     |     |     | 215 |     |     |     |     | 220 |     |     |     |     |     |
| aaa                       | gtg | att | agc | tgt | tat | gac | atc | act | aaa | gaa | ttg | tat | agc | aat | tat | 720 |
| Lys                       | Val | Ile | Ser | Cys | Tyr | Asp | Ile | Thr | Lys | Glu | Leu | Tyr | Ser | Asn | Tyr |     |
|                           |     | 225 |     |     | 230 |     |     |     |     | 235 |     |     |     |     | 240 |     |
| agg                       | aag | tgg | aat | gag | aag | tcc | ctc | caa | gag | cga | tac | aaa | tct | ttg | tat | 768 |
| Arg                       | Lys | Trp | Asn | Glu | Lys | Ser | Leu | Gln | Glu | Arg | Tyr | Lys | Ser | Leu | Tyr |     |
|                           |     |     | 245 |     |     |     |     |     | 250 |     |     |     | 255 |     |     |     |
| aac                       | act | atc | acg | cct | gtt | tta | cac | ata | gag | ggg | caa | gaa | gat | gat | ttt | 816 |
| Asn                       | Thr | Ile | Thr | Pro | Val | Leu | His | Ile | Glu | Gly | Gln | Glu | Asp | Asp | Phe |     |
|                           |     | 260 |     |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     | 270 |     |     |     |
| gaa                       | gat | gat | ttt | gat | cta | gaa |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 837 |
| Glu                       | Asp | Asp | Phe | Asp | Leu | Glu |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|                           |     | 275 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <210> 152                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <211> 279                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <212> PRT                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <213> Helicobacter pylori |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <400> 152                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| Asp                       | Ser | Lys | Lys | Asp | Ala | Cys | Gly | Phe | Ile | Tyr | Glu | Ile | Ser | Glu | Phe |     |
|                           | 1   |     |     | 5   |     |     |     |     | 10  |     |     |     |     | 15  |     |     |
| Met                       | Lys | Ala | Tyr | Thr | Ala | Leu | Leu | Lys | Lys | Gln | Asp | Arg | Tyr | Val | Tyr |     |
|                           |     | 20  |     |     |     |     |     | 25  |     |     |     |     | 30  |     |     |     |
| Leu                       | Leu | Arg | Tyr | Leu | Pro | Ser | Arg | Tyr | Trp | Ala | Ser | Ile | Leu | Thr | Thr |     |
|                           |     | 35  |     |     |     |     | 40  |     |     |     |     | 45  |     |     |     |     |
| Ala                       | Leu | Tyr | Val | Lys | Tyr | Pro | Asp | Phe | Asp | Ala | Leu | Lys | Lys | Leu | Leu |     |
|                           | 50  |     |     |     |     | 55  |     |     |     |     | 60  |     |     |     |     |     |
| Val                       | Ser | Tyr | Tyr | Tyr | Gln | Thr | Trp | Ile | Ala | Gly | Gly | Thr | Ile | Thr | Arg |     |
|                           | 65  |     |     |     | 70  |     |     |     |     | 75  |     |     |     |     | 80  |     |
| Ile                       | Lys | Gln | Thr | Ser | Ile | Asn | Ile | Ile | Lys | Asn | Val | Lys | Ser | Asn | Lys |     |
|                           |     |     | 85  |     |     |     |     | 90  |     |     |     |     |     | 95  |     |     |
| Ser                       | Val | Glu | Thr | Ile | Lys | Glu | Leu | Ile | Leu | Asn | Ser | Ile | Asp | Ser | Tyr |     |
|                           |     | 100 |     |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |     |     |     |
| Asn                       | Thr | Phe | Asp | Gln | Tyr | Leu | Tyr | Asn | Leu | Trp | Asp | Ser | Ser | Ser | Val |     |
|                           |     | 115 |     |     |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |     |     |     |     |
| Tyr                       | His | Ser | Lys | Trp | Val | Arg | Pro | Val | Leu | Ala | Leu | Ala | Asn | Tyr | Phe |     |
|                           | 130 |     |     |     |     | 135 |     |     |     |     |     | 140 |     |     |     |     |
| Met                       | Ala | Asp | Glu | Glu | Lys | Pro | His | Phe | Ile | Ala | Met | Asp | Ala | Glu | Thr |     |
|                           | 145 |     |     |     | 150 |     |     |     |     | 155 |     |     |     |     | 160 |     |
| Gln                       | Val | Glu | His | Ile | Leu | Pro | Gln | Thr | Pro | Lys | Arg | Gly | Ser | Gln | Trp |     |

```

      165      170      175
Asn Ala Asp Phe Asp Lys Glu Lys Arg Glu Glu Trp Val Asn Asn Ile
      180      185      190
Ala Asn Leu Thr Leu Leu Lys Arg Lys Lys Asn Ala His Ala Leu Asn
      195      200      205
Gly Asp Phe Asp Glu Lys Arg Lys Ile Tyr Gly Gly Lys Asp Thr Ser
      210      215      220
Lys Val Ile Ser Cys Tyr Asp Ile Thr Lys Glu Leu Tyr Ser Asn Tyr
      225      230      235
Arg Lys Trp Asn Glu Lys Ser Leu Gln Glu Arg Tyr Lys Ser Leu Tyr
      245      250      255
Asn Thr Ile Thr Pro Val Leu His Ile Glu Gly Gln Glu Asp Phe
      260      265      270
Glu Asp Asp Phe Asp Leu Glu
      275
<210> 153
<211> 684
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(684)
<400> 153
ttg atg ctc cac tat gct gga gaa ttg gct aaa aaa cgc aaa gaa aaa 48
Leu Met Leu His Tyr Ala Gly Glu Leu Ala Lys Lys Arg Lys Glu Lys
  1          5          10          15
ggc att aag ctt aac tat gta gaa gcg gta gct ttg att agt gcc cat 96
Gly Ile Lys Leu Asn Tyr Val Glu Ala Val Ala Leu Ile Ser Ala His
      20      25      30
att atg gaa gaa gcg aga gct ggt aaa aag act gcg gct gaa ttg atg 144
Ile Met Glu Glu Ala Arg Ala Gly Lys Lys Thr Ala Ala Glu Leu Met
      35      40      45
caa gaa ggg cgc act ctt tta aaa ccg gat gat gtg atg gat ggc gtg 192
Gln Glu Gly Arg Thr Leu Lys Pro Asp Asp Val Met Asp Gly Val
      50      55      60
gca agc atg atc cat gaa gtg ggt att gaa gcg atg ttt cct gat ggg 240
Ala Ser Met Ile His Glu Val Gly Ile Glu Ala Met Phe Pro Asp Gly
      65      70      75      80
aca aaa ctc gta acc gtg cat acc cct att gag gcc aat ggt aaa tta 288
Thr Lys Leu Val Thr Val His Thr Pro Ile Glu Ala Asn Gly Lys Leu
      85      90      95
gtt cct ggt gag ttg ttc tta aaa aat gaa gac atc act atc aac gaa 336
Val Pro Gly Glu Leu Phe Leu Lys Asn Glu Asp Ile Thr Ile Asn Glu
      100      105      110
ggc aaa aaa gcc gtt agc gtg aaa gtt aaa aat gtt ggc gac aga ccg 384
Gly Lys Lys Ala Val Ser Val Lys Val Lys Asn Val Gly Asp Arg Pro
      115      120      125
gtt caa atc ggc tca cac ttc cat ttc ttt gaa gtg aat aga tgc tta 432
Val Gln Ile Gly Ser His Phe His Phe Phe Glu Val Asn Arg Cys Leu
      130      135      140
gac ttt gac aga gaa aaa act ttc ggt aaa cgc tta gac att gcg agc 480
Asp Phe Asp Arg Glu Lys Thr Phe Gly Lys Arg Leu Asp Ile Ala Ser
      145      150      155      160
ggg aca gcg gta agg ttt gag cct ggc gaa gaa aaa tcc gta gaa ttg 528
Gly Thr Ala Val Arg Phe Glu Pro Gly Glu Glu Lys Ser Val Glu Leu
      165      170      175
att gac att ggc ggt aac aga aga atc ttt gga ttt aac gcg ttg gtt 576
Ile Asp Ile Gly Gly Asn Arg Arg Ile Phe Gly Phe Asn Ala Leu Val
      180      185      190
gat agg caa gca gac aac gaa agc aaa aaa att gct tta cac aga gct 624
Asp Arg Gln Ala Asp Asn Glu Ser Lys Lys Ile Ala Leu His Arg Ala

```

```

195      200      205
aaa gag cgt ggt ttt cat ggc gct aaa agc gat gac aac tat gta aaa 672
Lys Glu Arg Gly Phe His Gly Ala Lys Ser Asp Asp Asn Tyr Val Lys
210      215      220
aca att aag gag 684
Thr Ile Lys Glu
225
<210> 154
<211> 228
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 154
Leu Met Leu His Tyr Ala Gly Glu Leu Ala Lys Lys Arg Lys Glu Lys
1 5 10 15
Gly Ile Lys Leu Asn Tyr Val Glu Ala Val Ala Leu Ile Ser Ala His
20 25 30
Ile Met Glu Glu Ala Arg Ala Gly Lys Lys Thr Ala Ala Glu Leu Met
35 40 45
Gln Glu Gly Arg Thr Leu Leu Lys Pro Asp Asp Val Met Asp Gly Val
50 55 60
Ala Ser Met Ile His Glu Val Gly Ile Glu Ala Met Phe Pro Asp Gly
65 70 75 80
Thr Lys Leu Val Thr Val His Thr Pro Ile Glu Ala Asn Gly Lys Leu
85 90 95
Val Pro Gly Glu Leu Phe Leu Lys Asn Glu Asp Ile Thr Ile Asn Glu
100 105 110
Gly Lys Lys Ala Val Ser Val Lys Val Lys Asn Val Gly Asp Arg Pro
115 120 125
Val Gln Ile Gly Ser His Phe His Phe Phe Glu Val Asn Arg Cys Leu
130 135 140
Asp Phe Asp Arg Glu Lys Thr Phe Gly Lys Arg Leu Asp Ile Ala Ser
145 150 155 160
Gly Thr Ala Val Arg Phe Glu Pro Gly Glu Glu Lys Ser Val Glu Leu
165 170 175
Ile Asp Ile Gly Gly Asn Arg Arg Ile Phe Gly Phe Asn Ala Leu Val
180 185 190
Asp Arg Gln Ala Asp Asn Glu Ser Lys Lys Ile Ala Leu His Arg Ala
195 200 205
Lys Glu Arg Gly Phe His Gly Ala Lys Ser Asp Asp Asn Tyr Val Lys
210 215 220
Thr Ile Lys Glu
225
<210> 155
<211> 486
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(486)
<400> 155
tta gaa gag caa aag gat aaa tct tac aag gtt gtt gaa gaa tac ccc 48
Leu Glu Glu Gln Lys Asp Lys Ser Tyr Lys Val Val Glu Glu Tyr Pro
1 5 10 15
agc tca aga acc cac att ata gtg cgc gat ttg caa ggc aat gaa cgc 96
Ser Ser Arg Thr His Ile Ile Val Arg Asp Leu Gln Gly Asn Glu Arg
20 25 30
gtg tta agc aat gaa gag att caa aag ctc atc aaa gaa gaa gaa gct 144
Val Leu Ser Asn Glu Glu Ile Gln Lys Leu Ile Lys Glu Glu Glu Ala
35 40 45
aaa att gat aac ggc acg agc aag ctt gtc cag cct aat aat gga ggg 192
Lys Ile Asp Asn Gly Thr Ser Lys Leu Val Gln Pro Asn Asn Gly Gly

```

```

      50      55      60
agt aat gaa ggc tca ggc ttt ggc ttg ggg agc gcg att tta ggg agc 240
Ser Asn Glu Gly Ser Gly Phe Gly Leu Gly Ser Ala Ile Leu Gly Ser
65      70      75      80
gcg gcg ggg gcg att tta ggg agt tat att ggt aat aag ctt ttc aat 288
Ala Ala Gly Ala Ile Leu Gly Ser Tyr Ile Gly Asn Lys Leu Phe Asn
85      90      95
aac cct aat tac cag caa aac gcc caa cgg acc tac aaa tcc cca caa 336
Asn Pro Asn Tyr Gln Gln Asn Ala Gln Arg Thr Tyr Lys Ser Pro Gln
100      105      110
gct tac caa cgc tct caa aat tcc ttt tct aaa agt gcg ccc agt gct 384
Ala Tyr Gln Arg Ser Gln Asn Ser Phe Ser Lys Ser Ala Pro Ser Ala
115      120      125
tca agc atg ggc gga gcg agt aag gga cag agc ggg ttt ttt ggc tct 432
Ser Ser Met Gly Gly Ala Ser Lys Gly Gln Ser Gly Phe Phe Gly Ser
130      135      140
agt agg cct act agt tca ccg gcg gta agc tct ggg aca agg ggc ttt 480
Ser Arg Pro Thr Ser Ser Pro Ala Val Ser Ser Gly Thr Arg Gly Phe
145      150      155      160
aac tca 486
Asn Ser
<210> 156
<211> 162
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 156
Leu Glu Glu Gln Lys Asp Lys Ser Tyr Lys Val Val Glu Glu Tyr Pro
1 5 10 15
Ser Ser Arg Thr His Ile Ile Val Arg Asp Leu Gln Gly Asn Glu Arg
20 25 30
Val Leu Ser Asn Glu Glu Ile Gln Lys Leu Ile Lys Glu Glu Glu Ala
35 40 45
Lys Ile Asp Asn Gly Thr Ser Lys Leu Val Gln Pro Asn Asn Gly Gly
50 55 60
Ser Asn Glu Gly Ser Gly Phe Gly Leu Gly Ser Ala Ile Leu Gly Ser
65 70 75 80
Ala Ala Gly Ala Ile Leu Gly Ser Tyr Ile Gly Asn Lys Leu Phe Asn
85 90 95
Asn Pro Asn Tyr Gln Gln Asn Ala Gln Arg Thr Tyr Lys Ser Pro Gln
100 105 110
Ala Tyr Gln Arg Ser Gln Asn Ser Phe Ser Lys Ser Ala Pro Ser Ala
115 120 125
Ser Ser Met Gly Gly Ala Ser Lys Gly Gln Ser Gly Phe Phe Gly Ser
130 135 140
Ser Arg Pro Thr Ser Ser Pro Ala Val Ser Ser Gly Thr Arg Gly Phe
145 150 155 160
Asn Ser
<210> 157
<211> 1032
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1032)
<400> 157
act ttt ttg caa gtt agg gtt caa ggg gaa gtg agt aat ttg act atc 48
Thr Phe Leu Gln Val Arg Val Gln Gly Glu Val Ser Asn Leu Thr Ile
1 5 10 15
cat aag gtg agc ggc cat gcg tat ttt tcg ctc aaa gac agc cag tcg 96
His Lys Val Ser Gly His Ala Tyr Phe Ser Leu Lys Asp Ser Gln Ser
20 25 30

```

|                                                                  |      |
|------------------------------------------------------------------|------|
| gtt att aaa tgc gtg ctg ttt aaa ggg aac gct aac agg ctc aaa ttc  | 144  |
| Val Ile Lys Cys Val Leu Phe Lys Gly Asn Ala Asn Arg Leu Lys Phe  |      |
| 35 40 45                                                         |      |
| gct tta aaa gaa ggg cag gaa gtg gtt gtt ttt ggg ggt att agc gtg  | 192  |
| Ala Leu Lys Glu Gly Gln Glu Val Val Val Phe Gly Gly Ile Ser Val  |      |
| 50 55 60                                                         |      |
| tat gtc cca agg ggg gat tat caa atc aat tgc ttt gaa ata gag cct  | 240  |
| Tyr Val Pro Arg Gly Asp Tyr Gln Ile Asn Cys Phe Glu Ile Glu Pro  |      |
| 65 70 75 80                                                      |      |
| aag gat ata ggt tca tta act tta gct tta gag caa ttg aaa gaa aaa  | 288  |
| Lys Asp Ile Gly Ser Leu Thr Leu Ala Leu Glu Gln Leu Lys Glu Lys  |      |
| 85 90 95                                                         |      |
| tta cgc ctt aaa ggc tat ttt gat gaa gaa aat aaa tta ccc aaa ccg  | 336  |
| Leu Arg Leu Lys Gly Tyr Phe Asp Glu Glu Asn Lys Leu Pro Lys Pro  |      |
| 100 105 110                                                      |      |
| cat ttt cct aaa cga gtg gca gtc atc act tct caa aat tca gcc gct  | 384  |
| His Phe Pro Lys Arg Val Ala Val Ile Thr Ser Gln Asn Ser Ala Ala  |      |
| 115 120 125                                                      |      |
| tggt ggc gac atg aaa aag atc gct tcc aaa cga tgg ccg atg tgt gaa | 432  |
| Trp Ala Asp Met Lys Lys Ile Ala Ser Lys Arg Trp Pro Met Cys Glu  |      |
| 130 135 140                                                      |      |
| tta gtt tgt atc aac acc tta atg caa ggg gag ggc tgc gtt caa agc  | 480  |
| Leu Val Cys Ile Asn Thr Leu Met Gln Gly Glu Gly Cys Val Gln Ser  |      |
| 145 150 155 160                                                  |      |
| gtg gtg gaa agc atc gtt tat gcg gat agt ttt cat gac aca aaa aac  | 528  |
| Val Val Glu Ser Ile Val Tyr Ala Asp Ser Phe His Asp Thr Lys Asn  |      |
| 165 170 175                                                      |      |
| gct ttt gat gcg att gta gtg gct agg ggt ggg ggg agc atg gag gat  | 576  |
| Ala Phe Asp Ala Ile Val Val Ala Arg Gly Gly Gly Ser Met Glu Asp  |      |
| 180 185 190                                                      |      |
| ttg tat tct ttc aat gat gaa aaa atc gct gat gct ctg tat ttg gcc  | 624  |
| Leu Tyr Ser Phe Asn Asp Glu Lys Ile Ala Asp Ala Leu Tyr Leu Ala  |      |
| 195 200 205                                                      |      |
| aaa acc ttc agc atg tca gct att ggg cat gag agc gat ttt tta ttg  | 672  |
| Lys Thr Phe Ser Met Ser Ala Ile Gly His Glu Ser Asp Phe Leu Leu  |      |
| 210 215 220                                                      |      |
| agc gat tta gtg gcg gat tta agg gct tct acg cct tca aac gcg atg  | 720  |
| Ser Asp Leu Val Ala Asp Leu Arg Ala Ser Thr Pro Ser Asn Ala Met  |      |
| 225 230 235 240                                                  |      |
| gaa att tta ctc ccc agc agc gat gaa tgg ttg caa aga ctt gat ggg  | 768  |
| Glu Ile Leu Leu Pro Ser Ser Asp Glu Trp Leu Gln Arg Leu Asp Gly  |      |
| 245 250 255                                                      |      |
| ttt aat gtg aaa ttg cac cgc tgc ttt aaa act ttg ctc cac caa aaa  | 816  |
| Phe Asn Val Lys Leu His Arg Ser Phe Lys Thr Leu Leu His Gln Lys  |      |
| 260 265 270                                                      |      |
| aag gcg cat tta gag cat tta gtg gct tct tta aaa cga ttg agt ttt  | 864  |
| Lys Ala His Leu Glu His Leu Val Ala Ser Leu Lys Arg Leu Ser Phe  |      |
| 275 280 285                                                      |      |
| gaa aac aag cac cat tta aac gct tta aaa cta gaa aaa tta aaa atc  | 912  |
| Glu Asn Lys His His Leu Asn Ala Leu Lys Leu Glu Lys Leu Lys Ile  |      |
| 290 295 300                                                      |      |
| gcc cta gaa aat aaa act cta gaa ttt tta cgc ttt aaa aaa acg ctt  | 960  |
| Ala Leu Glu Asn Lys Thr Leu Glu Phe Leu Arg Phe Lys Lys Thr Leu  |      |
| 305 310 315 320                                                  |      |
| tta gaa aaa atc tct act caa aca tta aca agc cct ttt tta caa act  | 1008 |
| Leu Glu Lys Ile Ser Thr Gln Thr Leu Thr Ser Pro Phe Leu Gln Thr  |      |
| 325 330 335                                                      |      |
| aaa aca gag cga ttg aac agg cta                                  | 1032 |
| Lys Thr Glu Arg Leu Asn Arg Leu                                  |      |
| 340                                                              |      |

&lt;210&gt; 158

<211> 344  
 <212> PRT  
 <213> Helicobacter pylori  
 <400> 158  
 Thr Phe Leu Gln Val Arg Val Gln Gly Glu Val Ser Asn Leu Thr Ile  
 1 5 10 15  
 His Lys Val Ser Gly His Ala Tyr Phe Ser Leu Lys Asp Ser Gln Ser  
 20 25 30  
 Val Ile Lys Cys Val Leu Phe Lys Gly Asn Ala Asn Arg Leu Lys Phe  
 35 40 45  
 Ala Leu Lys Glu Gly Gln Glu Val Val Val Phe Gly Gly Ile Ser Val  
 50 55 60  
 Tyr Val Pro Arg Gly Asp Tyr Gln Ile Asn Cys Phe Glu Ile Glu Pro  
 65 70 75 80  
 Lys Asp Ile Gly Ser Leu Thr Leu Ala Leu Glu Gln Leu Lys Glu Lys  
 85 90 95  
 Leu Arg Leu Lys Gly Tyr Phe Asp Glu Asn Lys Leu Pro Lys Pro  
 100 105 110  
 His Phe Pro Lys Arg Val Ala Val Ile Thr Ser Gln Asn Ser Ala Ala  
 115 120 125  
 Trp Ala Asp Met Lys Lys Ile Ala Ser Lys Arg Trp Pro Met Cys Glu  
 130 135 140  
 Leu Val Cys Ile Asn Thr Leu Met Gln Gly Glu Gly Cys Val Gln Ser  
 145 150 155 160  
 Val Val Glu Ser Ile Val Tyr Ala Asp Ser Phe His Asp Thr Lys Asn  
 165 170 175  
 Ala Phe Asp Ala Ile Val Val Ala Arg Gly Gly Gly Ser Met Glu Asp  
 180 185 190  
 Leu Tyr Ser Phe Asn Asp Glu Lys Ile Ala Asp Ala Leu Tyr Leu Ala  
 195 200 205  
 Lys Thr Phe Ser Met Ser Ala Ile Gly His Glu Ser Asp Phe Leu Leu  
 210 215 220  
 Ser Asp Leu Val Ala Asp Leu Arg Ala Ser Thr Pro Ser Asn Ala Met  
 225 230 235 240  
 Glu Ile Leu Leu Pro Ser Ser Asp Glu Trp Leu Gln Arg Leu Asp Gly  
 245 250 255  
 Phe Asn Val Lys Leu His Arg Ser Phe Lys Thr Leu Leu His Gln Lys  
 260 265 270  
 Lys Ala His Leu Glu His Leu Val Ala Ser Leu Lys Arg Leu Ser Phe  
 275 280 285  
 Glu Asn Lys His His Leu Asn Ala Leu Lys Leu Glu Lys Leu Lys Ile  
 290 295 300  
 Ala Leu Glu Asn Lys Thr Leu Glu Phe Leu Arg Phe Lys Lys Thr Leu  
 305 310 315 320  
 Leu Glu Lys Ile Ser Thr Gln Thr Leu Thr Ser Pro Phe Leu Gln Thr  
 325 330 335  
 Lys Thr Glu Arg Leu Asn Arg Leu  
 340

<210> 159  
 <211> 363  
 <212> DNA  
 <213> Helicobacter pylori  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(363)  
 <400> 159  
 atc atc aaa ggc ggg ttc att gcg ttg agt caa atg ggt gac gcg aac 48  
 Ile Ile Lys Gly Gly Phe Ile Ala Leu Ser Gln Met Gly Asp Ala Asn  
 1 5 10 15  
 gct tct atc cct acc cca caa cca gtt tat tac aga gaa atg ttc gct 96  
 Ala Ser Ile Pro Thr Pro Gln Pro Val Tyr Tyr Arg Glu Met Phe Ala

```

      20      25      30
cat cat ggt aaa gcc aaa tac gat gca aac atc act ttt gtg tct caa 144
His His Gly Lys Ala Lys Tyr Asp Ala Asn Ile Thr Phe Val Ser Gln
      35      40      45
gcg gct tat gac aaa ggc att aaa gaa gaa tta ggg ctt gaa aga caa 192
Ala Ala Tyr Asp Lys Gly Ile Lys Glu Glu Leu Gly Leu Glu Arg Gln
      50      55      60
gtg ttg ccg gta aaa aat tgc aga aac atc act aaa gac atg caa 240
Val Leu Pro Val Lys Asn Cys Arg Asn Ile Thr Lys Lys Asp Met Gln
      65      70      75      80
ttc aac gac act acc gct cac att gaa gtc aat cct gaa act tac cat 288
Phe Asn Asp Thr Thr Ala His Ile Glu Val Asn Pro Glu Thr Tyr His
      85      90      95
gtg ttc gtg gat ggc aaa gaa gta act tct aaa cca gcc aat aaa gtg 336
Val Phe Val Asp Gly Lys Glu Val Thr Ser Lys Pro Ala Asn Lys Val
      100      105      110
agc ttg gcg caa ctc ttt agc att ttc 363
Ser Leu Ala Gln Leu Phe Ser Ile Phe
      115      120
<210> 160
<211> 121
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 160
Ile Ile Lys Gly Gly Phe Ile Ala Leu Ser Gln Met Gly Asp Ala Asn
 1      5      10      15
Ala Ser Ile Pro Thr Pro Gln Pro Val Tyr Tyr Arg Glu Met Phe Ala
      20      25      30
His His Gly Lys Ala Lys Tyr Asp Ala Asn Ile Thr Phe Val Ser Gln
      35      40      45
Ala Ala Tyr Asp Lys Gly Ile Lys Glu Glu Leu Gly Leu Glu Arg Gln
      50      55      60
Val Leu Pro Val Lys Asn Cys Arg Asn Ile Thr Lys Lys Asp Met Gln
      65      70      75      80
Phe Asn Asp Thr Thr Ala His Ile Glu Val Asn Pro Glu Thr Tyr His
      85      90      95
Val Phe Val Asp Gly Lys Glu Val Thr Ser Lys Pro Ala Asn Lys Val
      100      105      110
Ser Leu Ala Gln Leu Phe Ser Ile Phe
      115      120
<210> 161
<211> 717
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(717)
<400> 161
cgg act aat aaa gcc ttg tat caa ttc att ttg aga ata gct caa aaa 48
Arg Thr Asn Lys Ala Leu Tyr Gln Phe Ile Leu Arg Ile Ala Gln Lys
 1      5      10      15
gac aat ttt gct tca gcg tat cta aca gtc aaa tta gaa tac cca caa 96
Asp Asn Phe Ala Ser Ala Tyr Leu Thr Val Lys Leu Glu Tyr Pro Gln
      20      25      30
aga cac gaa gtc tct agc gtt att gaa gag gag tta aaa aag aga gaa 144
Arg His Glu Val Ser Ser Val Ile Glu Glu Glu Leu Lys Lys Arg Glu
      35      40      45
gaa gca aag agg cag aaa gaa ttg att aag caa gaa aat ctt aac acc 192
Glu Ala Lys Arg Gln Lys Glu Leu Ile Lys Gln Glu Asn Leu Asn Thr
      50      55      60
aca gcc tac atc aat aga gtg atg atg gcg agc aat gaa cag att atc 240

```

|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|---------------------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Thr                       | Ala | Tyr | Ile | Asn | Arg | Val | Met | Met | Ala | Ser | Asn | Glu | Gln | Ile | Ile |     |
| 65                        |     |     |     |     | 70  |     |     |     |     | 75  |     |     |     |     | 80  |     |
| aac                       | aaa | gaa | aaa | ata | aga | gaa | gaa | aag | caa | aaa | att | atc | tta | gat | caa | 288 |
| Asn                       | Lys | Glu | Lys | Ile | Arg | Glu | Glu | Lys | Gln | Lys | Ile | Ile | Leu | Asp | Gln |     |
|                           |     |     |     | 85  |     |     |     |     | 90  |     |     |     |     | 95  |     |     |
| gca                       | aag | gcg | cta | gag | act | caa | tat | gtg | cat | aat | gcc | tta | aaa | aga | aac | 336 |
| Ala                       | Lys | Ala | Leu | Glu | Thr | Gln | Tyr | Val | His | Asn | Ala | Leu | Lys | Arg | Asn |     |
|                           |     |     | 100 |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |     |     |     |
| ccc                       | gtg | cct | aga | aac | tac | aac | tac | tac | caa | gcg | cct | gaa | aaa | cgc | tct | 384 |
| Pro                       | Val | Pro | Arg | Asn | Tyr | Asn | Tyr | Tyr | Gln | Ala | Pro | Glu | Lys | Arg | Ser |     |
|                           |     | 115 |     |     |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |     |     |     |     |
| aaa                       | cat | att | atg | ccc | tct | gaa | att | ttt | gat | gat | ggc | aca | ttc | act | tat | 432 |
| Lys                       | His | Ile | Met | Pro | Ser | Glu | Ile | Phe | Asp | Asp | Gly | Thr | Phe | Thr | Tyr |     |
|                           | 130 |     |     |     |     | 135 |     |     |     |     | 140 |     |     |     |     |     |
| ttt                       | ggt | ttc | aaa | aac | atc | act | ctc | caa | cct | gct | att | ttt | gtg | gtt | caa | 480 |
| Phe                       | Gly | Phe | Lys | Asn | Ile | Thr | Leu | Gln | Pro | Ala | Ile | Phe | Val | Val | Gln |     |
| 145                       |     |     |     |     | 150 |     |     |     |     | 155 |     |     |     |     | 160 |     |
| cct                       | gat | ggg | aaa | ttg | agc | atg | act | gat | gcc | gcc | att | gat | cct | aac | atg | 528 |
| Pro                       | Asp | Gly | Lys | Leu | Ser | Met | Thr | Asp | Ala | Ala | Ile | Asp | Pro | Asn | Met |     |
|                           |     |     | 165 |     |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     | 175 |     |     |
| acc                       | aat | tca | gga | ttg | aga | tgg | tat | aga | gtt | aat | gaa | att | gca | gaa | aaa | 576 |
| Thr                       | Asn | Ser | Gly | Leu | Arg | Trp | Tyr | Arg | Val | Asn | Glu | Ile | Ala | Glu | Lys |     |
|                           |     |     | 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     | 190 |     |     |     |
| ttt                       | aag | ctc | att | aaa | gac | aaa | gcc | ctt | gta | aca | gta | atc | aat | aaa | ggc | 624 |
| Phe                       | Lys | Leu | Ile | Lys | Asp | Lys | Ala | Leu | Val | Thr | Val | Ile | Asn | Lys | Gly |     |
|                           | 195 |     |     |     |     |     | 200 |     |     |     |     | 205 |     |     |     |     |
| tat                       | ggg | aaa | aat | cca | ttg | aca | aaa | aat | tac | aat | atc | aaa | aac | tat | ggt | 672 |
| Tyr                       | Gly | Lys | Asn | Pro | Leu | Thr | Lys | Asn | Tyr | Asn | Ile | Lys | Asn | Tyr | Gly |     |
|                           | 210 |     |     |     |     | 215 |     |     |     |     | 220 |     |     |     |     |     |
| gaa                       | ttg | gag | cgt | gtg | att | aaa | aag | ctc | cct | ctt | gtc | aga | gat | aaa |     | 717 |
| Glu                       | Leu | Glu | Arg | Val | Ile | Lys | Lys | Leu | Pro | Leu | Val | Arg | Asp | Lys |     |     |
| 225                       |     |     |     |     | 230 |     |     |     |     | 235 |     |     |     |     |     |     |
| <210> 162                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <211> 239                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <212> PRT                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <213> Helicobacter pylori |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <400> 162                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| Arg                       | Thr | Asn | Lys | Ala | Leu | Tyr | Gln | Phe | Ile | Leu | Arg | Ile | Ala | Gln | Lys |     |
| 1                         |     |     |     | 5   |     |     |     |     | 10  |     |     |     |     | 15  |     |     |
| Asp                       | Asn | Phe | Ala | Ser | Ala | Tyr | Leu | Thr | Val | Lys | Leu | Glu | Tyr | Pro | Gln |     |
|                           |     |     | 20  |     |     |     |     | 25  |     |     |     |     | 30  |     |     |     |
| Arg                       | His | Glu | Val | Ser | Ser | Val | Ile | Glu | Glu | Glu | Leu | Lys | Lys | Arg | Glu |     |
|                           |     | 35  |     |     |     |     | 40  |     |     |     |     | 45  |     |     |     |     |
| Glu                       | Ala | Lys | Arg | Gln | Lys | Glu | Leu | Ile | Lys | Gln | Glu | Asn | Leu | Asn | Thr |     |
|                           | 50  |     |     |     | 55  |     |     |     |     |     | 60  |     |     |     |     |     |
| Thr                       | Ala | Tyr | Ile | Asn | Arg | Val | Met | Met | Ala | Ser | Asn | Glu | Gln | Ile | Ile |     |
| 65                        |     |     |     | 70  |     |     |     |     |     | 75  |     |     |     | 80  |     |     |
| Asn                       | Lys | Glu | Lys | Ile | Arg | Glu | Glu | Lys | Gln | Lys | Ile | Ile | Leu | Asp | Gln |     |
|                           |     |     | 85  |     |     |     |     |     | 90  |     |     |     | 95  |     |     |     |
| Ala                       | Lys | Ala | Leu | Glu | Thr | Gln | Tyr | Val | His | Asn | Ala | Leu | Lys | Arg | Asn |     |
|                           |     | 100 |     |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |     |     |     |
| Pro                       | Val | Pro | Arg | Asn | Tyr | Asn | Tyr | Tyr | Gln | Ala | Pro | Glu | Lys | Arg | Ser |     |
|                           |     | 115 |     |     |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |     |     |     |     |
| Lys                       | His | Ile | Met | Pro | Ser | Glu | Ile | Phe | Asp | Asp | Gly | Thr | Phe | Thr | Tyr |     |
|                           | 130 |     |     |     |     | 135 |     |     |     |     | 140 |     |     |     |     |     |
| Phe                       | Gly | Phe | Lys | Asn | Ile | Thr | Leu | Gln | Pro | Ala | Ile | Phe | Val | Val | Gln |     |
| 145                       |     |     |     | 150 |     |     |     |     | 155 |     |     |     |     |     | 160 |     |
| Pro                       | Asp | Gly | Lys | Leu | Ser | Met | Thr | Asp | Ala | Ala | Ile | Asp | Pro | Asn | Met |     |
|                           |     |     | 165 |     |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     | 175 |     |     |
| Thr                       | Asn | Ser | Gly | Leu | Arg | Trp | Tyr | Arg | Val | Asn | Glu | Ile | Ala | Glu | Lys |     |
|                           |     | 180 |     |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     |     | 190 |     |     |

Phe Lys Leu Ile Lys Asp Lys Ala Leu Val Thr Val Ile Asn Lys Gly  
 195 200 205  
 Tyr Gly Lys Asn Pro Leu Thr Lys Asn Tyr Asn Ile Lys Asn Tyr Gly  
 210 215 220  
 Glu Leu Glu Arg Val Ile Lys Lys Leu Pro Leu Val Arg Asp Lys  
 225 230 235  
 <210> 163  
 <211> 1077  
 <212> DNA  
 <213> Helicobacter pylori  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1077)  
 <400> 163  
 gaa ggc act aaa gag ctt ggt gcg gtg ggg ttt gcg caa ctt tta gag 48  
 Glu Gly Thr Lys Glu Leu Gly Ala Val Gly Phe Ala Gln Leu Leu Glu  
 1 5 10 15  
 caa aaa gcg atc agt ttg aat gtg gat acc agc aca gaa gat ttg caa 96  
 Gln Lys Ala Ile Ser Leu Asn Val Asp Thr Ser Thr Glu Asp Leu Gln  
 20 25 30  
 atc act tta gaa ttt tta aaa gaa tac gaa gat gaa gcc att acg cgc 144  
 Ile Thr Leu Glu Phe Leu Lys Glu Tyr Glu Asp Glu Ala Ile Thr Arg  
 35 40 45  
 tta aaa gag ctt tta aaa tcc cct aat ttc acg caa aac gct tta gaa 192  
 Leu Lys Glu Leu Leu Lys Ser Pro Asn Phe Thr Gln Asn Ala Leu Glu  
 50 55 60  
 aaa gtc aaa acc caa atg tta gcc gca ctt tta caa aaa gaa agc gat 240  
 Lys Val Lys Thr Gln Met Leu Ala Ala Leu Leu Gln Lys Glu Ser Asp  
 65 70 75 80  
 ttt gac tat ttg gct aaa ttg act tta aag caa gag ctt ttt gct aac 288  
 Phe Asp Tyr Leu Ala Lys Leu Thr Leu Lys Gln Glu Leu Phe Ala Asn  
 85 90 95  
 acc cct tta gct aac gca gcc tta ggc act aaa gag agc att caa aaa 336  
 Thr Pro Leu Ala Asn Ala Ala Leu Gly Thr Lys Glu Ser Ile Gln Lys  
 100 105 110  
 atc aag cta gac gat ttg aaa cag caa ttt gct aag gtc ttt gaa ctc 384  
 Ile Lys Leu Asp Asp Leu Lys Gln Gln Phe Ala Lys Val Phe Glu Leu  
 115 120 125  
 aat aag ctc gtg gtg gtg ctt ggg ggc gat ttg aaa atc gat caa acc 432  
 Asn Lys Leu Val Val Val Leu Gly Gly Asp Leu Lys Ile Asp Gln Thr  
 130 135 140  
 ctt aag cgt ttg aat aac gcc ctt aat ttc ttg cca caa ggt aaa gcg 480  
 Leu Lys Arg Leu Asn Asn Ala Leu Asn Phe Leu Pro Gln Gly Lys Ala  
 145 150 155 160  
 tat gaa gag cct tat ttt gaa acg agc gat aaa aaa agc gaa aaa gtc 528  
 Tyr Glu Glu Pro Tyr Phe Glu Thr Ser Asp Lys Lys Ser Glu Lys Val  
 165 170 175  
 ctc tat aaa gac act gag cag gct ttc gtg tat ttt ggt gcg ccc ttt 576  
 Leu Tyr Lys Asp Thr Glu Gln Ala Phe Val Tyr Phe Gly Ala Pro Phe  
 180 185 190  
 aaa atc aag gat tta aaa cag gat tta gcg aaa tct aaa gtc atg atg 624  
 Lys Ile Lys Asp Leu Lys Gln Asp Leu Ala Lys Ser Lys Val Met Met  
 195 200 205  
 ttt gtg ctt ggt ggg ggg ttt ggc tct cgt tta atg gaa aaa atc agg 672  
 Phe Val Leu Gly Gly Gly Phe Gly Ser Arg Leu Met Glu Lys Ile Arg  
 210 215 220  
 gtt caa gag gga tta gct tat agc gtg tat atc cgc tcc aat ttt tct 720  
 Val Gln Glu Gly Leu Ala Tyr Ser Val Tyr Ile Arg Ser Asn Phe Ser  
 225 230 235 240  
 aaa gtg gcg cat ttt gcg agc ggg tat ttg caa acc aag ctc agc act 768  
 Lys Val Ala His Phe Ala Ser Gly Tyr Leu Gln Thr Lys Leu Ser Thr

|                                                                 |     |     |     |      |
|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|-----|------|
| caa act aaa agc gtt gcc tta gtt aaa                             | 245 | 250 | 255 | 816  |
| Gln Thr Lys Ser Val Ala Leu Val Lys Lys Ile Val Lys Glu Phe Ile | 260 | 265 | 270 |      |
| gaa aaa ggc atg acg caa caa gaa tta gac gac gct aaa aag ttt tta | 275 | 280 | 285 | 864  |
| Glu Lys Gly Met Thr Gln Gln Glu Leu Asp Asp Ala Lys Lys Phe Leu | 290 | 295 | 300 |      |
| cta ggc tct gag cct tta agg aat gaa acg atc tct agc cgc ttg aac | 305 | 310 | 315 | 912  |
| Leu Gly Ser Glu Pro Leu Arg Asn Glu Thr Ile Ser Ser Arg Leu Asn | 320 | 325 | 330 |      |
| acc act tac aat tat ttt tat tta ggt ttg cct tta aat ttt aac caa | 335 | 340 | 345 | 960  |
| Thr Thr Tyr Asn Tyr Phe Tyr Leu Gly Leu Pro Leu Asn Phe Asn Gln | 350 | 355 | 360 |      |
| acg ctg ctc aat caa atc caa aaa atg agt ttg aaa gaa atc aat gat | 365 | 370 | 375 | 1008 |
| Thr Leu Leu Asn Gln Ile Gln Lys Met Ser Leu Lys Glu Ile Asn Asp | 380 | 385 | 390 |      |
| ttc att aaa gcc cac acc gaa atc aac gac ttg act ttt gct att gtg | 395 | 400 | 405 | 1056 |
| Phe Ile Lys Ala His Thr Glu Ile Asn Asp Leu Thr Phe Ala Ile Val | 410 | 415 | 420 |      |
| agc aat aaa aag aag gac aaa                                     | 425 | 430 | 435 | 1077 |
| Ser Asn Lys Lys Lys Asp Lys                                     | 440 | 445 | 450 |      |
| <210> 164                                                       |     |     |     |      |
| <211> 359                                                       |     |     |     |      |
| <212> PRT                                                       |     |     |     |      |
| <213> Helicobacter pylori                                       |     |     |     |      |
| <400> 164                                                       |     |     |     |      |
| Glu Gly Thr Lys Glu Leu Gly Ala Val Gly Phe Ala Gln Leu Leu Glu | 1   | 5   | 10  | 15   |
| Gln Lys Ala Ile Ser Leu Asn Val Asp Thr Ser Thr Glu Asp Leu Gln | 20  | 25  | 30  |      |
| Ile Thr Leu Glu Phe Leu Lys Glu Tyr Glu Asp Glu Ala Ile Thr Arg | 35  | 40  | 45  |      |
| Leu Lys Glu Leu Leu Lys Ser Pro Asn Phe Thr Gln Asn Ala Leu Glu | 50  | 55  | 60  |      |
| Lys Val Lys Thr Gln Met Leu Ala Ala Leu Leu Gln Lys Glu Ser Asp | 65  | 70  | 75  | 80   |
| Phe Asp Tyr Leu Ala Lys Leu Thr Leu Lys Gln Glu Leu Phe Ala Asn | 85  | 90  | 95  |      |
| Thr Pro Leu Ala Asn Ala Ala Leu Gly Thr Lys Glu Ser Ile Gln Lys | 100 | 105 | 110 |      |
| Ile Lys Leu Asp Asp Leu Lys Gln Gln Phe Ala Lys Val Phe Glu Leu | 115 | 120 | 125 |      |
| Asn Lys Leu Val Val Val Leu Gly Gly Asp Leu Lys Ile Asp Gln Thr | 130 | 135 | 140 |      |
| Leu Lys Arg Leu Asn Asn Ala Leu Asn Phe Leu Pro Gln Gly Lys Ala | 145 | 150 | 155 | 160  |
| Tyr Glu Glu Pro Tyr Phe Glu Thr Ser Asp Lys Lys Ser Glu Lys Val | 165 | 170 | 175 |      |
| Leu Tyr Lys Asp Thr Glu Gln Ala Phe Val Tyr Phe Gly Ala Pro Phe | 180 | 185 | 190 |      |
| Lys Ile Lys Asp Leu Lys Gln Asp Leu Ala Lys Ser Lys Val Met Met | 195 | 200 | 205 |      |
| Phe Val Leu Gly Gly Gly Phe Gly Ser Arg Leu Met Glu Lys Ile Arg | 210 | 215 | 220 |      |
| Val Gln Glu Gly Leu Ala Tyr Ser Val Tyr Ile Arg Ser Asn Phe Ser | 225 | 230 | 235 | 240  |
| Lys Val Ala His Phe Ala Ser Gly Tyr Leu Gln Thr Lys Leu Ser Thr | 245 | 250 | 255 |      |
| Gln Thr Lys Ser Val Ala Leu Val Lys Lys Ile Val Lys Glu Phe Ile | 260 | 265 | 270 |      |

Glu Lys Gly Met Thr Gln Gln Glu Leu Asp Asp Ala Lys Lys Phe Leu  
 275 280 285  
 Leu Gly Ser Glu Pro Leu Arg Asn Glu Thr Ile Ser Ser Arg Leu Asn  
 290 295 300  
 Thr Thr Tyr Asn Tyr Phe Tyr Leu Gly Leu Pro Leu Asn Phe Asn Gln  
 305 310 315 320  
 Thr Leu Leu Asn Gln Ile Gln Lys Met Ser Leu Lys Glu Ile Asn Asp  
 325 330 335  
 Phe Ile Lys Ala His Thr Glu Ile Asn Asp Leu Thr Phe Ala Ile Val  
 340 345 350  
 Ser Asn Lys Lys Lys Asp Lys  
 355  
 <210> 165  
 <211> 882  
 <212> DNA  
 <213> Helicobacter pylori  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(882)  
 <400> 165  
 gaa gag gat ggg aat gaa agt att gcc tat gat ttt tca agc gct aag 48  
 Glu Glu Asp Gly Asn Glu Ser Ile Ala Tyr Asp Phe Ser Ser Ala Lys  
 1 5 10 15  
 gag ttg cta gaa ttg tgc caa aaa cac caa aaa agc atc gct gaa atc 96  
 Glu Leu Leu Glu Leu Cys Gln Lys His Gln Lys Ser Ile Ala Glu Ile  
 20 25 30  
 gtg cgt ttg aga gaa aac gcc ctg aaa aac cac cct gat gca acg atg 144  
 Val Arg Leu Arg Glu Asn Ala Leu Lys Asn His Pro Asp Ala Thr Met  
 35 40 45  
 gtt aaa att tat cat gcg atg ctt gag tgt tat gat aat ggg gct aat 192  
 Val Lys Ile Tyr His Ala Met Leu Glu Cys Tyr Asp Asn Gly Ala Asn  
 50 55 60  
 tct aaa gaa agg tat ctg cct ggt tct ttg aaa gta aca cga ttg gcc 240  
 Ser Lys Glu Arg Tyr Leu Pro Gly Ser Leu Lys Val Thr Arg Leu Ala  
 65 70 75 80  
 cca agc att aaa acg cgc cta gaa aaa cac ccc aca agc ggg aaa gac 288  
 Pro Ser Ile Lys Thr Arg Leu Glu Lys His Pro Thr Ser Gly Lys Asp  
 85 90 95  
 ccc tta gcc ttg att gat tac att tcg ctt tac gct cgc gcc att gct 336  
 Pro Leu Ala Leu Ile Asp Tyr Ile Ser Leu Tyr Ala Arg Ala Ile Ala  
 100 105 110  
 gaa gaa aac gct agc gga ggc aag gtg gta acc gcc ccc act aat ggg 384  
 Glu Glu Asn Ala Ser Gly Gly Lys Val Val Thr Ala Pro Thr Asn Gly  
 115 120 125  
 gcg tgc gcg gtg gtg cca agc gtg ctt tta tac gct aaa aac cat ttg 432  
 Ala Cys Ala Val Val Pro Ser Val Leu Leu Tyr Ala Lys Asn His Leu  
 130 135 140  
 ttt gaa aat tta tcg caa aag gct atc aat gat ttt tta ctc act agt 480  
 Phe Glu Asn Leu Ser Gln Lys Ala Ile Asn Asp Phe Leu Leu Thr Ser  
 145 150 155 160  
 gcg gcg att ggc tat ctt tac aag aaa aac gct tcc ttg agt ggc gca 528  
 Ala Ala Ile Gly Tyr Leu Tyr Lys Lys Asn Ala Ser Leu Ser Gly Ala  
 165 170 175  
 gaa gcc ggg tgt cag gct gaa att ggc gtg gca agc tct atg gct gcg 576  
 Glu Ala Gly Cys Gln Ala Glu Ile Gly Val Ala Ser Ser Met Ala Ala  
 180 185 190  
 ggg ggg tta gct cat ttg tgc caa gcg acc acg caa cag gtt ttg atc 624  
 Gly Gly Leu Ala His Leu Cys Gln Ala Thr Thr Gln Gln Val Leu Ile  
 195 200 205  
 gct agt gaa atc gct atg gaa cac cat tta gga ttg aca tgc gat ccg 672  
 Ala Ser Glu Ile Ala Met Glu His His Leu Gly Leu Thr Cys Asp Pro

```

      210      215      220
gtg ggg ggc ttg gtg caa atc cct tgc att gaa cgc aat gtt tta ggg 720
Val Gly Gly Leu Val Gln Ile Pro Cys Ile Glu Arg Asn Val Leu Gly
225      230      235      240
gcg att aaa gcg atc agc gct tct aaa cta gcc tta gaa gat gaa tac 768
Ala Ile Lys Ala Ile Ser Ala Ser Lys Leu Ala Leu Glu Asp Glu Tyr
      245      250      255
aag cct aaa gtg agt ctg gat gaa gtg atc gct aca atg tat gcg acc 816
Lys Pro Lys Val Ser Leu Asp Glu Val Ile Ala Thr Met Tyr Ala Thr
      260      265      270
gga aaa gac atg aat gaa aaa tac aaa gag act tcg tta ggg ggg tta 864
Gly Lys Asp Met Asn Glu Lys Tyr Lys Glu Thr Ser Leu Gly Gly Leu
      275      280      285
gcc aaa acc tta aaa tgc 882
Ala Lys Thr Leu Lys Cys
      290
<210> 166
<211> 294
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 166
Glu Glu Asp Gly Asn Glu Ser Ile Ala Tyr Asp Phe Ser Ser Ala Lys
1 5 10 15
Glu Leu Leu Glu Leu Cys Gln Lys His Gln Lys Ser Ile Ala Glu Ile
20 25 30
Val Arg Leu Arg Glu Asn Ala Leu Lys Asn His Pro Asp Ala Thr Met
35 40 45
Val Lys Ile Tyr His Ala Met Leu Glu Cys Tyr Asp Asn Gly Ala Asn
50 55 60
Ser Lys Glu Arg Tyr Leu Pro Gly Ser Leu Lys Val Thr Arg Leu Ala
65 70 75 80
Pro Ser Ile Lys Thr Arg Leu Glu Lys His Pro Thr Ser Gly Lys Asp
85 90 95
Pro Leu Ala Leu Ile Asp Tyr Ile Ser Leu Tyr Ala Arg Ala Ile Ala
100 105 110
Glu Glu Asn Ala Ser Gly Gly Lys Val Val Thr Ala Pro Thr Asn Gly
115 120 125
Ala Cys Ala Val Val Pro Ser Val Leu Leu Tyr Ala Lys Asn His Leu
130 135 140
Phe Glu Asn Leu Ser Gln Lys Ala Ile Asn Asp Phe Leu Leu Thr Ser
145 150 155 160
Ala Ala Ile Gly Tyr Leu Tyr Lys Lys Asn Ala Ser Leu Ser Gly Ala
165 170 175
Glu Ala Gly Cys Gln Ala Glu Ile Gly Val Ala Ser Ser Met Ala Ala
180 185 190
Gly Gly Leu Ala His Leu Cys Gln Ala Thr Thr Gln Gln Val Leu Ile
195 200 205
Ala Ser Glu Ile Ala Met Glu His His Leu Gly Leu Thr Cys Asp Pro
210 215 220
Val Gly Gly Leu Val Gln Ile Pro Cys Ile Glu Arg Asn Val Leu Gly
225 230 235 240
Ala Ile Lys Ala Ile Ser Ala Ser Lys Leu Ala Leu Glu Asp Glu Tyr
245 250 255
Lys Pro Lys Val Ser Leu Asp Glu Val Ile Ala Thr Met Tyr Ala Thr
260 265 270
Gly Lys Asp Met Asn Glu Lys Tyr Lys Glu Thr Ser Leu Gly Gly Leu
275 280 285
Ala Lys Thr Leu Lys Cys
      290
<210> 167
<211> 177

```

```

<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(177)
<400> 167
gag caa gcg gtt aaa atc gtg gaa aaa cgc ttg aaa aaa gag ggc atg 48
Glu Gln Ala Val Lys Ile Val Glu Lys Arg Leu Lys Lys Glu Gly Met
1 5 10 15
aaa ttg agc gat ttt aac gaa gaa gaa ttg aaa atc atg ttt gaa gcg 96
Lys Leu Ser Asp Phe Asn Glu Glu Glu Leu Lys Ile Met Phe Glu Ala
20 25 30
gaa gag aaa agg ctt tta gaa caa atc caa act aag cat ttt aaa gaa 144
Glu Glu Lys Arg Leu Leu Glu Gln Ile Gln Thr Lys His Phe Lys Glu
35 40 45
gtt tgg gaa aag ggc gac aat gag caa gga aaa 177
Val Trp Glu Lys Gly Asp Asn Glu Gln Gly Lys
50 55
<210> 168
<211> 59
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 168
Glu Gln Ala Val Lys Ile Val Glu Lys Arg Leu Lys Lys Glu Gly Met
1 5 10 15
Lys Leu Ser Asp Phe Asn Glu Glu Glu Leu Lys Ile Met Phe Glu Ala
20 25 30
Glu Glu Lys Arg Leu Leu Glu Gln Ile Gln Thr Lys His Phe Lys Glu
35 40 45
Val Trp Glu Lys Gly Asp Asn Glu Gln Gly Lys
50 55
<210> 169
<211> 971
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(969)
<400> 169
gtt atc act aat cgt gga ggg cgc act tgc cat gcc gct att gtg gcg 48
Val Ile Thr Asn Arg Gly Gly Arg Thr Cys His Ala Ala Ile Val Ala
1 5 10 15
aga gaa att ggc gtg cca gct atc gtt ggg gtg agc ggg gcg act gat 96
Arg Glu Ile Gly Val Pro Ala Ile Val Gly Val Ser Gly Ala Thr Asp
20 25 30
agc ctt tat acc ggc atg gaa atc acg gtt tct tgc gct gag ggc gaa 144
Ser Leu Tyr Thr Gly Met Glu Ile Thr Val Ser Cys Ala Glu Gly Glu
35 40 45
gag ggc tat gtg tat gcg ggc att tat gag cat gaa att gaa agg gtg 192
Glu Gly Tyr Val Tyr Ala Gly Ile Tyr Glu His Glu Ile Glu Arg Val
50 55 60
gag ctt tct aac atg caa gaa act caa aca aaa att tac atc aat att 240
Glu Leu Ser Asn Met Gln Glu Thr Gln Thr Lys Ile Tyr Ile Asn Ile
65 70 75 80
gga aac cct gaa aaa gcc ttt ggc ttt tct caa ctc cct aat cac ggc 288
Gly Asn Pro Glu Lys Ala Phe Gly Phe Ser Gln Leu Pro Asn His Gly
85 90 95
gta ggg cta gcc agg atg gaa atg att att tta aat caa atc aaa gcc 336
Val Gly Leu Ala Arg Met Glu Met Ile Ile Leu Asn Gln Ile Lys Ala
100 105 110
cac cct tta gct tta gtg gat ttg cac cac aaa aaa agc gtg aaa gaa 384

```

|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|---------------------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| His                       | Pro | Leu | Ala | Leu | Val | Asp | Leu | His | His | Lys | Lys | Ser | Val | Lys | Glu |     |
|                           |     | 115 |     |     |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |     |     |     |     |
| aaa                       | aat | gaa | att | gaa | aac | ctc | atg | gca | ggc | tat | gct | aac | cct | aaa | gat | 432 |
| Lys                       | Asn | Glu | Ile | Glu | Asn | Leu | Met | Ala | Gly | Tyr | Ala | Asn | Pro | Lys | Asp |     |
|                           |     | 130 |     |     |     | 135 |     |     |     |     | 140 |     |     |     |     |     |
| ttt                       | ttt | gtg | aaa | aaa | atc | gct | gaa | ggc | att | ggc | atg | atc | agt | gca | gcg | 480 |
| Phe                       | Phe | Val | Lys | Lys | Ile | Ala | Glu | Gly | Ile | Gly | Met | Ile | Ser | Ala | Ala |     |
|                           |     | 145 |     |     | 150 |     |     |     |     | 155 |     |     |     |     | 160 |     |
| ttt                       | tac | cct | aaa | cct | gtc | att | gtg | aga | acg | agc | gat | ttc | aaa | tcc | aat | 528 |
| Phe                       | Tyr | Pro | Lys | Pro | Val | Ile | Val | Arg | Thr | Ser | Asp | Phe | Lys | Ser | Asn |     |
|                           |     |     |     | 165 |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     | 175 |     |     |
| gaa                       | tac | atg | cgc | atg | ctt | ggc | ggc | tct | agc | tat | gag | cct | aat | gaa | gaa | 576 |
| Glu                       | Tyr | Met | Arg | Met | Leu | Gly | Gly | Ser | Ser | Tyr | Glu | Pro | Asn | Glu | Glu |     |
|                           |     |     | 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     | 190 |     |     |     |
| aac                       | ccc | atg | ctt | ggc | tat | agg | ggg | gct | agt | cgg | tat | tat | tca | gag | agc | 624 |
| Asn                       | Pro | Met | Leu | Gly | Tyr | Arg | Gly | Ala | Ser | Arg | Tyr | Tyr | Ser | Glu | Ser |     |
|                           |     | 195 |     |     |     |     | 200 |     |     |     |     | 205 |     |     |     |     |
| tat                       | aat | gaa | gcg | ttt | tcg | tgg | gag | tgt | gaa | gcc | tta | gcg | tta | gtg | agg | 672 |
| Tyr                       | Asn | Glu | Ala | Phe | Ser | Trp | Glu | Cys | Glu | Ala | Leu | Ala | Leu | Val | Arg |     |
|                           |     | 210 |     |     |     | 215 |     |     |     |     | 220 |     |     |     |     |     |
| gaa                       | gaa | atg | gga | tta | acc | aac | atg | aaa | gtg | atg | atc | cct | ttt | ttg | cga | 720 |
| Glu                       | Glu | Met | Gly | Leu | Thr | Asn | Met | Lys | Val | Met | Ile | Pro | Phe | Leu | Arg |     |
|                           |     | 225 |     |     | 230 |     |     |     |     | 235 |     |     |     | 240 |     |     |
| acc                       | att | gaa | gag | ggt | aaa | aaa | gtc | cta | gaa | atc | tta | aga | aaa | aac | aat | 768 |
| Thr                       | Ile | Glu | Glu | Gly | Lys | Lys | Val | Leu | Glu | Ile | Leu | Arg | Lys | Asn | Asn |     |
|                           |     |     |     | 245 |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     | 255 |     |     |
| tta                       | gaa | tcc | ggt | aaa | aac | ggg | ctt | gaa | att | tat | atc | atg | tgc | gaa | ttg | 816 |
| Leu                       | Glu | Ser | Gly | Lys | Asn | Gly | Leu | Glu | Ile | Tyr | Ile | Met | Cys | Glu | Leu |     |
|                           |     |     | 260 |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     | 270 |     |     |     |
| ccg                       | gtg | aat | gtc | att | ttg | gct | gat | gat | ttc | ttg | agc | ttg | ttt | gat | ggc | 864 |
| Pro                       | Val | Asn | Val | Ile | Leu | Ala | Asp | Asp | Phe | Leu | Ser | Leu | Phe | Asp | Gly |     |
|                           |     | 275 |     |     |     |     | 280 |     |     |     |     | 285 |     |     |     |     |
| ttt                       | tct | att | gga | tca | aac | gat | tta | acc | cag | ctc | act | tta | ggc | gtg | gat | 912 |
| Phe                       | Ser | Ile | Gly | Ser | Asn | Asp | Leu | Thr | Gln | Leu | Thr | Leu | Gly | Val | Asp |     |
|                           |     | 290 |     |     |     | 295 |     |     |     |     | 300 |     |     |     |     |     |
| aga                       | gac | agc | gaa | ttg | gtc | agc | cat | gtc | ttt | gat | gaa | agg | aat | gaa | gcg | 960 |
| Arg                       | Asp | Ser | Glu | Leu | Val | Ser | His | Val | Phe | Asp | Glu | Arg | Asn | Glu | Ala |     |
|                           |     | 305 |     |     | 310 |     |     |     |     | 315 |     |     |     |     | 320 |     |
| atg                       | cta | aag | at  |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 971 |
| Met                       | Leu | Lys |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <210> 170                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <211> 323                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <212> PRT                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <213> Helicobacter pylori |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <400> 170                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| Val                       | Ile | Thr | Asn | Arg | Gly | Gly | Arg | Thr | Cys | His | Ala | Ala | Ile | Val | Ala |     |
|                           |     |     |     |     | 5   |     |     |     | 10  |     |     |     |     | 15  |     |     |
| Arg                       | Glu | Ile | Gly | Val | Pro | Ala | Ile | Val | Gly | Val | Ser | Gly | Ala | Thr | Asp |     |
|                           |     |     | 20  |     |     |     |     | 25  |     |     |     |     | 30  |     |     |     |
| Ser                       | Leu | Tyr | Thr | Gly | Met | Glu | Ile | Thr | Val | Ser | Cys | Ala | Glu | Gly | Glu |     |
|                           |     | 35  |     |     |     |     | 40  |     |     |     |     | 45  |     |     |     |     |
| Glu                       | Gly | Tyr | Val | Tyr | Ala | Gly | Ile | Tyr | Glu | His | Glu | Ile | Glu | Arg | Val |     |
|                           |     | 50  |     |     |     | 55  |     |     |     |     | 60  |     |     |     |     |     |
| Glu                       | Leu | Ser | Asn | Met | Gln | Glu | Thr | Gln | Thr | Lys | Ile | Tyr | Ile | Asn | Ile |     |
|                           |     |     |     |     | 70  |     |     |     |     | 75  |     |     |     |     | 80  |     |
| Gly                       | Asn | Pro | Glu | Lys | Ala | Phe | Gly | Phe | Ser | Gln | Leu | Pro | Asn | His | Gly |     |
|                           |     |     |     | 85  |     |     |     |     | 90  |     |     |     |     | 95  |     |     |
| Val                       | Gly | Leu | Ala | Arg | Met | Glu | Met | Ile | Ile | Leu | Asn | Gln | Ile | Lys | Ala |     |
|                           |     |     | 100 |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |     |     |     |
| His                       | Pro | Leu | Ala | Leu | Val | Asp | Leu | His | His | Lys | Lys | Ser | Val | Lys | Glu |     |
|                           |     | 115 |     |     |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |     |     |     |     |

Lys Asn Glu Ile Glu Asn Leu Met Ala Gly Tyr Ala Asn Pro Lys Asp  
 130 135 140  
 Phe Phe Val Lys Lys Ile Ala Glu Gly Ile Gly Met Ile Ser Ala Ala  
 145 150 155 160  
 Phe Tyr Pro Lys Pro Val Ile Val Arg Thr Ser Asp Phe Lys Ser Asn  
 165 170 175  
 Glu Tyr Met Arg Met Leu Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Pro Asn Glu Glu  
 180 185 190  
 Asn Pro Met Leu Gly Tyr Arg Gly Ala Ser Arg Tyr Tyr Ser Glu Ser  
 195 200 205  
 Tyr Asn Glu Ala Phe Ser Trp Glu Cys Glu Ala Leu Ala Leu Val Arg  
 210 215 220  
 Glu Glu Met Gly Leu Thr Asn Met Lys Val Met Ile Pro Phe Leu Arg  
 225 230 235 240  
 Thr Ile Glu Glu Gly Lys Lys Val Leu Glu Ile Leu Arg Lys Asn Asn  
 245 250 255  
 Leu Glu Ser Gly Lys Asn Gly Leu Glu Ile Tyr Ile Met Cys Glu Leu  
 260 265 270  
 Pro Val Asn Val Ile Leu Ala Asp Asp Phe Leu Ser Leu Phe Asp Gly  
 275 280 285  
 Phe Ser Ile Gly Ser Asn Asp Leu Thr Gln Leu Thr Leu Gly Val Asp  
 290 295 300  
 Arg Asp Ser Glu Leu Val Ser His Val Phe Asp Glu Arg Asn Glu Ala  
 305 310 315 320  
 Met Leu Lys  
 <210> 171  
 <211> 459  
 <212> DNA  
 <213> Helicobacter pylori  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(459)  
 <400> 171  
 att tta gcg gac gac aga gcc acg act tta gag gtg atg gcc tat cac 48  
 Ile Leu Ala Asp Asp Arg Ala Thr Thr Leu Glu Val Met Ala Tyr His  
 1 5 10 15  
 atg gaa gaa tta gaa tta aaa gat gaa gat att gcg tgt tgt ttg tat 96  
 Met Glu Glu Leu Glu Leu Lys Asp Glu Asp Ile Ala Cys Cys Leu Tyr  
 20 25 30  
 ggc gct tca gcg ctt tta caa gaa aag cat tta aaa aac gct ttt gaa 144  
 Gly Ala Ser Ala Leu Leu Gln Glu Lys His Leu Lys Asn Ala Phe Glu  
 35 40 45  
 act tta aac aaa aac caa aat acg gat tat gtt ttc aca tgc tct cca 192  
 Thr Leu Asn Lys Asn Gln Asn Thr Asp Tyr Val Phe Thr Cys Ser Pro  
 50 55 60  
 ttt agc gct tcg ccc tat cgt tct ttt agt ctt gaa aac ggc gtt caa 240  
 Phe Ser Ala Ser Pro Tyr Arg Ser Phe Ser Leu Glu Asn Gly Val Gln  
 65 70 75 80  
 atg gct ttt aaa gag cat tca aac acg cgc acg caa gat tta aaa acg 288  
 Met Ala Phe Lys Glu His Ser Asn Thr Arg Thr Gln Asp Leu Lys Thr  
 85 90 95  
 ctc tat cat gac gcg ggg ttg ctt tat atg ggg aag gct caa gcc ttt 336  
 Leu Tyr His Asp Ala Gly Leu Leu Tyr Met Gly Lys Ala Gln Ala Phe  
 100 105 110  
 aaa gaa atg cgg cct att ttt agt caa aat tct atc gct tta gaa tta 384  
 Lys Glu Met Arg Pro Ile Phe Ser Gln Asn Ser Ile Ala Leu Glu Leu  
 115 120 125  
 tcg ccc tta gaa gtc caa gat att gca cac ttt aga aga ttt aga att 432  
 Ser Pro Leu Glu Val Gln Asp Ile Ala His Phe Arg Arg Phe Arg Ile  
 130 135 140  
 agc caa gct caa ata cag ccg ttt gaa 459

```

Ser Gln Ala Gln Ile Gln Pro Phe Glu
145                      150
<210> 172
<211> 153
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 172
Ile Leu Ala Asp Asp Arg Ala Thr Thr Leu Glu Val Met Ala Tyr His
 1          5          10          15
Met Glu Glu Leu Glu Leu Lys Asp Glu Asp Ile Ala Cys Cys Leu Tyr
          20          25          30
Gly Ala Ser Ala Leu Leu Gln Glu Lys His Leu Lys Asn Ala Phe Glu
          35          40          45
Thr Leu Asn Lys Asn Gln Asn Thr Asp Tyr Val Phe Thr Cys Ser Pro
          50          55          60
Phe Ser Ala Ser Pro Tyr Arg Ser Phe Ser Leu Glu Asn Gly Val Gln
          65          70          75          80
Met Ala Phe Lys Glu His Ser Asn Thr Arg Thr Gln Asp Leu Lys Thr
          85          90          95
Leu Tyr His Asp Ala Gly Leu Leu Tyr Met Gly Lys Ala Gln Ala Phe
          100          105          110
Lys Glu Met Arg Pro Ile Phe Ser Gln Asn Ser Ile Ala Leu Glu Leu
          115          120          125
Ser Pro Leu Glu Val Gln Asp Ile Ala His Phe Arg Arg Phe Arg Ile
          130          135          140
Ser Gln Ala Gln Ile Gln Pro Phe Glu
145                      150
<210> 173
<211> 432
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(432)
<400> 173
gag cag aaa ttc act gaa tct aag agt tac atg gaa tgg att aaa ggc 48
Glu Gln Lys Phe Thr Glu Ser Lys Ser Tyr Met Glu Trp Ile Lys Gly
 1          5          10          15
ctt tat gaa aaa agc gat ggc cct act ttg aaa tcg ttt gat cag ttt 96
Leu Tyr Glu Lys Ser Asp Gly Pro Thr Leu Lys Ser Phe Asp Gln Phe
          20          25          30
tgg agg gat ggt ttt gtg gag ttt gaa atc cct gaa aat gcg aga aag 144
Trp Arg Asp Gly Phe Val Glu Phe Glu Ile Pro Glu Asn Ala Arg Lys
          35          40          45
ttt gtg cgt cat gcg aaa ttc agg caa gac cct att aac aat aag ctg 192
Phe Val Arg His Ala Lys Phe Arg Gln Asp Pro Ile Asn Asn Lys Leu
          50          55          60
gat aca gag agt ggg aaa att caa att ttt tct caa aaa tgc gcg gat 240
Asp Thr Glu Ser Gly Lys Ile Gln Ile Phe Ser Gln Lys Cys Ala Asp
          65          70          75          80
ttt aaa ctg gcc gat ttt aaa ggg cat cct act tgg ttt gag cca gct 288
Phe Lys Leu Ala Asp Phe Lys Gly His Pro Thr Trp Phe Glu Pro Ala
          85          90          95
gag tgg cta ggc tct aaa atg gct gag att tat ccg ttc cat tta atc 336
Glu Trp Leu Gly Ser Lys Met Ala Glu Ile Tyr Pro Phe His Leu Ile
          100          105          110
tct ccg cac cca aaa tac cgt gtc aat tca cag ctt gat aac act tgg 384
Ser Pro His Pro Lys Tyr Arg Val Asn Ser Gln Leu Asp Asn Thr Trp
          115          120          125
gtt agg aat gtg tat aaa att caa ggc aga gag cct gta atg atc aat 432
Val Arg Asn Val Tyr Lys Ile Gln Gly Arg Glu Pro Val Met Ile Asn

```

130 135 140  
 <210> 174  
 <211> 144  
 <212> PRT  
 <213> Helicobacter pylori  
 <400> 174  
 Glu Gln Lys Phe Thr Glu Ser Lys Ser Tyr Met Glu Trp Ile Lys Gly  
 1 5 10 15  
 Leu Tyr Glu Lys Ser Asp Gly Pro Thr Leu Lys Ser Phe Asp Gln Phe  
 20 25 30  
 Trp Arg Asp Gly Phe Val Glu Phe Glu Ile Pro Glu Asn Ala Arg Lys  
 35 40 45  
 Phe Val Arg His Ala Lys Phe Arg Gln Asp Pro Ile Asn Asn Lys Leu  
 50 55 60  
 Asp Thr Glu Ser Gly Lys Ile Gln Ile Phe Ser Gln Lys Cys Ala Asp  
 65 70 75 80  
 Phe Lys Leu Ala Asp Phe Lys Gly His Pro Thr Trp Phe Glu Pro Ala  
 85 90 95  
 Glu Trp Leu Gly Ser Lys Met Ala Glu Ile Tyr Pro Phe His Leu Ile  
 100 105 110  
 Ser Pro His Pro Lys Tyr Arg Val Asn Ser Gln Leu Asp Asn Thr Trp  
 115 120 125  
 Val Arg Asn Val Tyr Lys Ile Gln Gly Arg Glu Pro Val Met Ile Asn  
 130 135 140  
 <210> 175  
 <211> 1117  
 <212> DNA  
 <213> Helicobacter pylori  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1116)  
 <400> 175  
 cgc acg ctt gaa ttg agc ggc tat gaa gtg atg cta gta agg aat ttc 48  
 Arg Thr Leu Glu Leu Ser Gly Tyr Glu Val Met Leu Val Arg Asn Phe  
 1 5 10 15  
 aca gat att gac gat aag atc atc aac aaa gcc cta aaa gaa aac aaa 96  
 Thr Asp Ile Asp Asp Lys Ile Ile Asn Lys Ala Leu Lys Glu Asn Lys  
 20 25 30  
 agc att caa gaa tta agc agc att tat att gaa tct tac acg agg gat 144  
 Ser Ile Gln Glu Leu Ser Ser Ile Tyr Ile Glu Ser Tyr Thr Arg Asp  
 35 40 45  
 ttg aac gct ttg aac gtg aaa aaa ccc agc cta gag cct aaa gcg agc 192  
 Leu Asn Ala Leu Asn Val Lys Lys Pro Ser Leu Glu Pro Lys Ala Ser  
 50 55 60  
 gag tat tta gac gct atg gtg ggc atg att gaa acg ctt tta gaa aaa 240  
 Glu Tyr Leu Asp Ala Met Val Gly Met Ile Glu Thr Leu Leu Glu Lys  
 65 70 75 80  
 aat atc gct tat cag gtc tct aat ggg gat att tat tta gac acg agc 288  
 Asn Ile Ala Tyr Gln Val Ser Asn Gly Asp Ile Tyr Leu Asp Thr Ser  
 85 90 95  
 aag gat aaa gat tac ggc tct ttg agc gtg cat aat agc agc att gaa 336  
 Lys Asp Lys Asp Tyr Gly Ser Leu Ser Val His Asn Ser Ser Ile Glu  
 100 105 110  
 ttt ggc cgt att ggt ttg gtg caa gaa aaa cgg ctt gag cag gat ttt 384  
 Phe Gly Arg Ile Gly Leu Val Gln Glu Lys Arg Leu Glu Gln Asp Phe  
 115 120 125  
 gtg tta tgg aaa agc tat aag ggg gat aat gat gtg ggc ttt gat agc 432  
 Val Leu Trp Lys Ser Tyr Lys Gly Asp Asn Asp Val Gly Phe Asp Ser  
 130 135 140  
 cct tta ggc aaa ggg cgc cct ggc tgg cat ata gaa tgc tct agc atg 480  
 Pro Leu Gly Lys Gly Arg Pro Gly Trp His Ile Glu Cys Ser Ser Met

|                                                                 |     |     |     |      |
|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|-----|------|
| 145                                                             | 150 | 155 | 160 |      |
| ggt ttt gaa act tta gcg ctc act aac acc ccc tat caa att gat atc |     |     |     | 528  |
| Val Phe Glu Thr Leu Ala Leu Thr Asn Thr Pro Tyr Gln Ile Asp Ile |     |     |     |      |
|                                                                 | 165 | 170 | 175 |      |
| cat gca ggc gga gcg gat ttg tta ttc ccc cac cat gaa aat gaa gcg |     |     |     | 576  |
| His Ala Gly Gly Ala Asp Leu Leu Phe Pro His His Glu Asn Glu Ala |     |     |     |      |
|                                                                 | 180 | 185 | 190 |      |
| tgc caa acc cgt tgc gcc ttt ggc gtg gag ctt gcc aaa tat tgg atg |     |     |     | 624  |
| Cys Gln Thr Arg Cys Ala Phe Gly Val Glu Leu Ala Lys Tyr Trp Met |     |     |     |      |
|                                                                 | 195 | 200 | 205 |      |
| cat aac ggc ttt gtg aat atc aat aac gaa aaa atg tct aaa agt ttg |     |     |     | 672  |
| His Asn Gly Phe Val Asn Ile Asn Asn Glu Lys Met Ser Lys Ser Leu |     |     |     |      |
|                                                                 | 210 | 215 | 220 |      |
| ggg aat agc ttt ttt gtt aaa gac gct ctc aaa aac tat gat ggc gaa |     |     |     | 720  |
| Gly Asn Ser Phe Phe Val Lys Asp Ala Leu Lys Asn Tyr Asp Gly Glu |     |     |     |      |
|                                                                 | 225 | 230 | 235 | 240  |
| att ttg cgc aat tac tta cta ggg gtg cat tat cgc tct gtt ttg aat |     |     |     | 768  |
| Ile Leu Arg Asn Tyr Leu Leu Gly Val His Tyr Arg Ser Val Leu Asn |     |     |     |      |
|                                                                 | 245 | 250 | 255 |      |
| ttc aat gaa gaa gac ttg tta gtg agt aaa aaa cgc ttg gat aaa atc |     |     |     | 816  |
| Phe Asn Glu Glu Asp Leu Leu Val Ser Lys Lys Arg Leu Asp Lys Ile |     |     |     |      |
|                                                                 | 260 | 265 | 270 |      |
| tat cgt tta aaa cag cgc gtt tta ggg act ctt gga gga ata aat cca |     |     |     | 864  |
| Tyr Arg Leu Lys Gln Arg Val Leu Gly Thr Leu Gly Gly Ile Asn Pro |     |     |     |      |
|                                                                 | 275 | 280 | 285 |      |
| aac ttt aaa aaa gaa att tta gag tgc atg caa gat gat tta aac gtt |     |     |     | 912  |
| Asn Phe Lys Lys Glu Ile Leu Glu Cys Met Gln Asp Asp Leu Asn Val |     |     |     |      |
|                                                                 | 290 | 295 | 300 |      |
| tct aaa gcg ttg agc gtt tta gaa agc atg ctt tct tcc act aat gaa |     |     |     | 960  |
| Ser Lys Ala Leu Ser Val Leu Glu Ser Met Leu Ser Ser Thr Asn Glu |     |     |     |      |
|                                                                 | 305 | 310 | 315 | 320  |
| aaa ttg gat caa aac cct aaa aac aag gct tta aag ggc gaa att tta |     |     |     | 1008 |
| Lys Leu Asp Gln Asn Pro Lys Asn Lys Ala Leu Lys Gly Glu Ile Leu |     |     |     |      |
|                                                                 | 325 | 330 | 335 |      |
| gcg aat ttg aaa ttc ata gaa gaa ctg ctt ggc atc ggg ttt aaa gac |     |     |     | 1056 |
| Ala Asn Leu Lys Phe Ile Glu Glu Leu Leu Gly Ile Gly Phe Lys Asp |     |     |     |      |
|                                                                 | 340 | 345 | 350 |      |
| cct agc gcc tat ttc caa tta ggc gtg agt gaa agc gaa aaa caa gaa |     |     |     | 1104 |
| Pro Ser Ala Tyr Phe Gln Leu Gly Val Ser Glu Ser Glu Lys Gln Glu |     |     |     |      |
|                                                                 | 355 | 360 | 365 |      |
| att gaa aac aag a                                               |     |     |     | 1117 |
| Ile Glu Asn Lys                                                 |     |     |     |      |
|                                                                 | 370 |     |     |      |
| <210> 176                                                       |     |     |     |      |
| <211> 372                                                       |     |     |     |      |
| <212> PRT                                                       |     |     |     |      |
| <213> Helicobacter pylori                                       |     |     |     |      |
| <400> 176                                                       |     |     |     |      |
| Arg Thr Leu Glu Leu Ser Gly Tyr Glu Val Met Leu Val Arg Asn Phe |     |     |     |      |
| 1 5 10 15                                                       |     |     |     |      |
| Thr Asp Ile Asp Asp Lys Ile Ile Asn Lys Ala Leu Lys Glu Asn Lys |     |     |     |      |
| 20 25 30                                                        |     |     |     |      |
| Ser Ile Gln Glu Leu Ser Ser Ile Tyr Ile Glu Ser Tyr Thr Arg Asp |     |     |     |      |
| 35 40 45                                                        |     |     |     |      |
| Leu Asn Ala Leu Asn Val Lys Lys Pro Ser Leu Glu Pro Lys Ala Ser |     |     |     |      |
| 50 55 60                                                        |     |     |     |      |
| Glu Tyr Leu Asp Ala Met Val Gly Met Ile Glu Thr Leu Leu Glu Lys |     |     |     |      |
| 65 70 75 80                                                     |     |     |     |      |
| Asn Ile Ala Tyr Gln Val Ser Asn Gly Asp Ile Tyr Leu Asp Thr Ser |     |     |     |      |
| 85 90 95                                                        |     |     |     |      |
| Lys Asp Lys Asp Tyr Gly Ser Leu Ser Val His Asn Ser Ser Ile Glu |     |     |     |      |

|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|---------------------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
|                           |     |     | 100 |     |     |     |     | 105 |     |     |     | 110 |     |     |     |
| Phe                       | Gly | Arg | Ile | Gly | Leu | Val | Gln | Glu | Lys | Arg | Leu | Glu | Gln | Asp | Phe |
|                           |     |     | 115 |     |     |     |     | 120 |     |     |     | 125 |     |     |     |
| Val                       | Leu | Trp | Lys | Ser | Tyr | Lys | Gly | Asp | Asn | Asp | Val | Gly | Phe | Asp | Ser |
|                           |     |     | 130 |     |     |     |     | 135 |     |     |     | 140 |     |     |     |
| Pro                       | Leu | Gly | Lys | Gly | Arg | Pro | Gly | Trp | His | Ile | Glu | Cys | Ser | Ser | Met |
| 145                       |     |     |     |     | 150 |     |     |     |     | 155 |     |     |     |     | 160 |
| Val                       | Phe | Glu | Thr | Leu | Ala | Leu | Thr | Asn | Thr | Pro | Tyr | Gln | Ile | Asp | Ile |
|                           |     |     |     | 165 |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     | 175 |     |
| His                       | Ala | Gly | Gly | Ala | Asp | Leu | Leu | Phe | Pro | His | His | Glu | Asn | Glu | Ala |
|                           |     |     | 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     | 190 |     |     |
| Cys                       | Gln | Thr | Arg | Cys | Ala | Phe | Gly | Val | Glu | Leu | Ala | Lys | Tyr | Trp | Met |
|                           |     |     | 195 |     |     |     |     | 200 |     |     |     | 205 |     |     |     |
| His                       | Asn | Gly | Phe | Val | Asn | Ile | Asn | Asn | Glu | Lys | Met | Ser | Lys | Ser | Leu |
|                           | 210 |     |     |     | 215 |     |     |     |     |     | 220 |     |     |     |     |
| Gly                       | Asn | Ser | Phe | Phe | Val | Lys | Asp | Ala | Leu | Lys | Asn | Tyr | Asp | Gly | Glu |
| 225                       |     |     |     |     | 230 |     |     |     |     | 235 |     |     |     |     | 240 |
| Ile                       | Leu | Arg | Asn | Tyr | Leu | Leu | Gly | Val | His | Tyr | Arg | Ser | Val | Leu | Asn |
|                           |     |     |     | 245 |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     | 255 |     |
| Phe                       | Asn | Glu | Glu | Asp | Leu | Leu | Val | Ser | Lys | Lys | Arg | Leu | Asp | Lys | Ile |
|                           |     |     | 260 |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     | 270 |     |     |
| Tyr                       | Arg | Leu | Lys | Gln | Arg | Val | Leu | Gly | Thr | Leu | Gly | Gly | Ile | Asn | Pro |
|                           |     | 275 |     |     |     | 280 |     |     |     |     |     | 285 |     |     |     |
| Asn                       | Phe | Lys | Lys | Glu | Ile | Leu | Glu | Cys | Met | Gln | Asp | Asp | Leu | Asn | Val |
|                           | 290 |     |     |     | 295 |     |     |     |     | 300 |     |     |     |     |     |
| Ser                       | Lys | Ala | Leu | Ser | Val | Leu | Glu | Ser | Met | Leu | Ser | Ser | Thr | Asn | Glu |
| 305                       |     |     |     |     | 310 |     |     |     |     | 315 |     |     |     |     | 320 |
| Lys                       | Leu | Asp | Gln | Asn | Pro | Lys | Asn | Lys | Ala | Leu | Lys | Gly | Glu | Ile | Leu |
|                           |     |     |     | 325 |     |     |     |     | 330 |     |     |     |     | 335 |     |
| Ala                       | Asn | Leu | Lys | Phe | Ile | Glu | Glu | Leu | Leu | Gly | Ile | Gly | Phe | Lys | Asp |
|                           |     |     | 340 |     |     |     |     | 345 |     |     |     |     | 350 |     |     |
| Pro                       | Ser | Ala | Tyr | Phe | Gln | Leu | Gly | Val | Ser | Glu | Ser | Glu | Lys | Gln | Glu |
|                           |     | 355 |     |     |     | 360 |     |     |     |     |     | 365 |     |     |     |
| Ile                       | Glu | Asn | Lys |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|                           |     | 370 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <210> 177                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <211> 673                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <212> DNA                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <213> Helicobacter pylori |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <220>                     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <221> CDS                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <222> (1)..(672)          |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <400> 177                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| gag                       | gct | aat | aag | caa | gac | gct | tta | ttg | caa | gct | tta | aaa | gat | gaa | gcc |
| Glu                       | Ala | Asn | Lys | Gln | Asp | Ala | Leu | Leu | Gln | Ala | Leu | Lys | Asp | Glu | Ala |
| 1                         |     |     |     | 5   |     |     |     |     | 10  |     |     |     | 15  |     |     |
| aac                       | cat | aaa | aaa | gaa | aga | gaa | aaa | aga | gaa | gtt | aaa | caa | gaa | gaa | gaa |
| Asn                       | His | Lys | Lys | Glu | Arg | Glu | Lys | Arg | Glu | Val | Lys | Gln | Glu | Glu | Glu |
|                           |     |     | 20  |     |     |     |     | 25  |     |     |     | 30  |     |     |     |
| att                       | aaa | gac | atc | aat | ctg | caa | tta | agc | aaa | atc | aga | gac | agc | ctg | aaa |
| Ile                       | Lys | Asp | Ile | Asn | Leu | Gln | Leu | Ser | Lys | Ile | Arg | Asp | Ser | Leu | Lys |
|                           |     | 35  |     |     |     | 40  |     |     |     |     | 45  |     |     |     |     |
| ctc                       | att | caa | aac | atg | ttt | tgg | gat | gag | aaa | aac | ccc | aat | tct | att | aat |
| Leu                       | Ile | Gln | Asn | Met | Phe | Trp | Asp | Glu | Lys | Asn | Pro | Asn | Ser | Ile | Asn |
|                           |     | 50  |     |     |     | 55  |     |     |     |     | 60  |     |     |     |     |
| atc                       | cct | caa | gaa | ttt | gca | gaa | att | tac | aaa | ctg | gcc | aaa | caa | agt | ggg |
| Ile                       | Pro | Gln | Glu | Phe | Ala | Glu | Ile | Tyr | Lys | Leu | Ala | Lys | Gln | Ser | Gly |
|                           |     | 65  |     |     | 70  |     |     |     | 75  |     |     |     |     | 80  |     |
| atg                       | aaa | ccc | agc | cat | tta | gat | gaa | atc | atg | caa | ttg | agc | ctg | gaa | ttg |
| Met                       | Lys | Pro | Ser | His | Leu | Asp | Glu | Ile | Met | Gln | Leu | Ser | Leu | Glu | Leu |
|                           |     |     |     | 85  |     |     |     |     | 90  |     |     |     |     | 95  |     |

```

atg cct tta cgc atg cgc gaa aat tcc gta acg att aag cgt tat ttt 336
Met Pro Leu Arg Met Arg Glu Asn Ser Val Thr Ile Lys Arg Tyr Phe
      100      105      110
aga gaa gtg ttg cgc aaa atg atc ttg tgt tgc cct gaa gat ttg aat 384
Arg Glu Val Leu Arg Lys Met Ile Leu Cys Cys Pro Glu Asp Leu Asn
      115      120      125
tta agg caa aaa cgc atc tta atg ctt gta ggg cca aca ggc gtg ggg 432
Leu Arg Gln Lys Arg Ile Leu Met Leu Val Gly Pro Thr Gly Val Gly
      130      135      140
aaa acg acg act tta gct aaa tta gcc gcg cgc tat tct agg atg tta 480
Lys Thr Thr Thr Leu Ala Lys Leu Ala Ala Arg Tyr Ser Arg Met Leu
145      150      155      160
gct aaa aaa tac aag gtg ggc att atc act tta gac aat tat cgc att 528
Ala Lys Lys Tyr Lys Val Gly Ile Ile Thr Leu Asp Asn Tyr Arg Ile
      165      170      175
ggg gct ttg gag caa tta agc tgg tat gct aat aaa atg aaa atg agt 576
Gly Ala Leu Glu Gln Leu Ser Trp Tyr Ala Asn Lys Met Lys Met Ser
      180      185      190
ata gaa gcg gtg att gac gct aag gat ttt gct aaa gaa att gaa gcg 624
Ile Glu Ala Val Ile Asp Ala Lys Asp Phe Ala Lys Glu Ile Glu Ala
      195      200      205
ttg gaa tac tgc gat ttt att tta gtg gat acg aca ggg cat tcg caa t 673
Leu Glu Tyr Cys Asp Phe Ile Leu Val Asp Thr Thr Gly His Ser Gln
      210      215      220
<210> 178
<211> 224
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 178
Glu Ala Asn Lys Gln Asp Ala Leu Leu Gln Ala Leu Lys Asp Glu Ala
 1      5      10      15
Asn His Lys Lys Glu Arg Glu Lys Arg Glu Val Lys Gln Glu Glu
      20      25      30
Ile Lys Asp Ile Asn Leu Gln Leu Ser Lys Ile Arg Asp Ser Leu Lys
      35      40      45
Leu Ile Gln Asn Met Phe Trp Asp Glu Lys Asn Pro Asn Ser Ile Asn
      50      55      60
Ile Pro Gln Glu Phe Ala Glu Ile Tyr Lys Leu Ala Lys Gln Ser Gly
      65      70      75      80
Met Lys Pro Ser His Leu Asp Glu Ile Met Gln Leu Ser Leu Glu Leu
      85      90      95
Met Pro Leu Arg Met Arg Glu Asn Ser Val Thr Ile Lys Arg Tyr Phe
      100      105      110
Arg Glu Val Leu Arg Lys Met Ile Leu Cys Cys Pro Glu Asp Leu Asn
      115      120      125
Leu Arg Gln Lys Arg Ile Leu Met Leu Val Gly Pro Thr Gly Val Gly
      130      135      140
Lys Thr Thr Thr Leu Ala Lys Leu Ala Ala Arg Tyr Ser Arg Met Leu
145      150      155      160
Ala Lys Lys Tyr Lys Val Gly Ile Ile Thr Leu Asp Asn Tyr Arg Ile
      165      170      175
Gly Ala Leu Glu Gln Leu Ser Trp Tyr Ala Asn Lys Met Lys Met Ser
      180      185      190
Ile Glu Ala Val Ile Asp Ala Lys Asp Phe Ala Lys Glu Ile Glu Ala
      195      200      205
Leu Glu Tyr Cys Asp Phe Ile Leu Val Asp Thr Thr Gly His Ser Gln
      210      215      220
<210> 179
<211> 43
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori

```

```

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(42)
<400> 179
gac tat aaa gat tta gac atg ctc aag cac acg cta tca gag c      43
Asp Tyr Lys Asp Leu Asp Met Leu Lys His Thr Leu Ser Glu
  1             5             10
<210> 180
<211> 14
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 180
Asp Tyr Lys Asp Leu Asp Met Leu Lys His Thr Leu Ser Glu
  1             5             10
<210> 181
<211> 238
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(237)
<400> 181
gag cgc cta gaa aaa gaa att gaa gtc att acg aac atg aaa ttc cca      48
Glu Arg Leu Glu Lys Glu Ile Glu Val Ile Thr Asn Met Lys Phe Pro
  1             5             10             15
ggg tat atg ctg att gtg tgg gat ttt atc cgt tat gct aag gaa atg      96
Gly Tyr Met Leu Ile Val Trp Asp Phe Ile Arg Tyr Ala Lys Glu Met
             20             25             30
ggc att cct gta ggg cct ggt agg ggg agt gcg gcc ggg agc ttg gtg      144
Gly Ile Pro Val Gly Pro Gly Arg Gly Ser Ala Ala Gly Ser Leu Val
             35             40             45
gct ttt gct tta aaa atc acg gat att gac cct ttg aaa tac gat ttg      192
Ala Phe Ala Leu Lys Ile Thr Asp Ile Asp Pro Leu Lys Tyr Asp Leu
             50             55             60
ctc ttt gaa agg ttt tta aac ccc gaa aga atc agc atg cct gat a      238
Leu Phe Glu Arg Phe Leu Asn Pro Glu Arg Ile Ser Met Pro Asp
             65             70             75
<210> 182
<211> 79
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 182
Glu Arg Leu Glu Lys Glu Ile Glu Val Ile Thr Asn Met Lys Phe Pro
  1             5             10             15
Gly Tyr Met Leu Ile Val Trp Asp Phe Ile Arg Tyr Ala Lys Glu Met
             20             25             30
Gly Ile Pro Val Gly Pro Gly Arg Gly Ser Ala Ala Gly Ser Leu Val
             35             40             45
Ala Phe Ala Leu Lys Ile Thr Asp Ile Asp Pro Leu Lys Tyr Asp Leu
             50             55             60
Leu Phe Glu Arg Phe Leu Asn Pro Glu Arg Ile Ser Met Pro Asp
             65             70             75
<210> 183
<211> 1588
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1587)
<400> 183
aat tta ggg aat gca aac aac acc att tac tat tac gac aag agc att      48

```

|          |     |            |            |            |           |            |            |            |            |            |            |            |            |           |            |      |
|----------|-----|------------|------------|------------|-----------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|-----------|------------|------|
| Asn<br>1 | Leu | Gly        | Asn        | Ala<br>5   | Asn       | Asn        | Thr        | Ile        | Tyr<br>10  | Tyr        | Tyr        | Asp        | Lys        | Ser<br>15 | Ile        |      |
| gat      | ttt | tat        | gcg        | agc        | ggg       | aaa        | act        | cta        | ttc        | act        | aaa        | gcg        | gaa        | ttt       | tct        | 96   |
| Asp      | Phe | Tyr        | Ala<br>20  | Ser        | Gly       | Lys        | Thr        | Leu<br>25  | Phe        | Thr        | Lys        | Ala        | Glu<br>30  | Phe       | Ser        |      |
| caa      | aca | ttc        | acc        | ggg        | caa       | aac        | agc        | gcg        | atc        | gtt        | ttt        | ggg        | gct        | aaa       | agc        | 144  |
| Gln      | Thr | Phe        | Thr        | Gly        | Gln       | Asn        | Ser<br>40  | Ala        | Ile        | Val        | Phe        | Gly<br>45  | Ala        | Lys       | Ser        |      |
| ata      | tgg | acg        | agc        | tta        | agc       | gat        | gca        | ccg        | cag        | tct        | aac        | acc        | atc        | att       | cgc        | 192  |
| Ile      | Trp | Thr        | Ser        | Leu        | Ser       | Asp<br>55  | Ala        | Pro        | Gln        | Ser        | Asn<br>60  | Thr        | Ile        | Ile       | Arg        |      |
| ttt      | ggg | gac        | aat        | aag        | gga       | gca        | ggg        | agt        | aat        | gat        | gcg        | agc        | ggg        | cat       | tgc        | 240  |
| Phe      | Gly | Asp        | Asn        | Lys        | Gly<br>70 | Ala        | Gly        | Ser        | Asn<br>75  | Asp        | Ala        | Ser        | Gly        | His<br>80 | Cys        |      |
| tgg      | aat | ttg        | caa        | tgc        | ata       | ggc        | ttt        | att        | aca        | ggg        | cat        | tat        | gaa        | gcg       | caa        | 288  |
| Trp      | Asn | Leu        | Gln        | Cys<br>85  | Ile       | Gly        | Phe        | Ile        | Thr<br>90  | Gly        | His        | Tyr        | Glu        | Ala<br>95 | Gln        |      |
| aag      | att | tac        | atc        | acc        | ggt       | agc        | att        | gaa        | agc        | ggg        | aat        | cgc        | att        | tct       | agc        | 336  |
| Lys      | Ile | Tyr        | Ile<br>100 | Thr        | Gly       | Ser        | Ile        | Glu<br>105 | Ser        | Gly        | Asn        | Arg        | Ile<br>110 | Ser       | Ser        |      |
| ggt      | ggg | ggc        | gcg        | agc        | ctt       | aat        | ttt        | aac        | ggg        | ctt        | caa        | ggc        | att        | ctt       | tta        | 384  |
| Gly      | Gly | Gly<br>115 | Ala        | Ser        | Leu       | Asn        | Phe<br>120 | Asn        | Gly        | Leu        | Gln<br>125 | Gly        | Ile        | Leu       | Leu        |      |
| acg      | aac | gcg        | act        | ttg        | tat       | aac        | cgc        | gcc        | gct        | ggc        | acg        | caa        | agc        | tcg       | tct        | 432  |
| Thr      | Asn | Ala<br>130 | Thr        | Leu        | Tyr       | Asn<br>135 | Arg        | Ala        | Ala        | Gly        | Thr<br>140 | Gln        | Ser        | Ser       | Ser        |      |
| atg      | aat | ttt        | atc        | tct        | aac       | agc        | gcg        | aac        | att        | cag        | gct        | caa        | aac        | tcc       | tat        | 480  |
| Met      | Asn | Phe        | Ile        | Ser<br>150 | Asn       | Ser        | Ala        | Asn        | Ile        | Gln        | Ala<br>155 | Gln        | Asn        | Ser       | Tyr<br>160 |      |
| ttt      | ata | gac        | gat        | acc        | gca       | caa        | aat        | ggc        | ggt        | aac        | cct        | aat        | ttc        | agt       | ttc        | 528  |
| Phe      | Ile | Asp        | Asp        | Thr<br>165 | Ala       | Gln        | Asn        | Gly<br>170 | Gly        | Asn        | Pro        | Asn        | Phe<br>175 | Ser       | Phe        |      |
| aac      | gct | ttg        | aat        | ctg        | gat       | ttt        | tct        | aac        | agc        | tct        | ttt        | aga        | ggc        | tat       | gtg        | 576  |
| Asn      | Ala | Leu<br>180 | Asn        | Leu        | Asp       | Phe        | Ser        | Asn<br>185 | Ser        | Ser        | Phe        | Arg        | Gly<br>190 | Tyr       | Val        |      |
| ggg      | aaa | acg        | caa        | tct        | gtt       | ttt        | aaa        | ttc        | aat        | gcc        | aag        | aat        | gcg        | atc       | agt        | 624  |
| Gly      | Lys | Thr<br>195 | Gln        | Ser        | Val       | Phe        | Lys<br>200 | Phe        | Asn        | Ala        | Lys<br>205 | Asn        | Ala        | Ile       | Ser        |      |
| ttc      | acc | aac        | agc        | acg        | aat       | tta        | agc        | tct        | ggt        | ttg        | tat        | caa        | atg        | caa       | gct        | 672  |
| Phe      | Thr | Asn<br>210 | Ser        | Thr        | Asn       | Leu<br>215 | Ser        | Ser        | Gly        | Leu        | Tyr<br>220 | Gln        | Met        | Gln       | Ala        |      |
| aaa      | agc | gtg        | ttg        | ttt        | gac       | aat        | tcc        | aat        | tta        | agc        | gtt        | tca        | gtg        | ggg       | aca        | 720  |
| Lys      | Ser | Val        | Leu        | Phe<br>230 | Asp       | Asn        | Ser        | Asn        | Leu        | Ser<br>235 | Val        | Ser        | Val        | Gly       | Thr<br>240 |      |
| agc      | agt | att        | aaa        | gcc        | aat       | gcg        | atc        | aat        | ctt        | tct        | caa        | aat        | gcc        | tct       | att        | 768  |
| Ser      | Ser | Ile        | Lys<br>245 | Ala        | Asn       | Ala        | Ile        | Asn<br>250 | Leu        | Ser        | Gln        | Asn        | Ala<br>255 | Ser       | Ile        |      |
| aat      | gcg | agc        | aac        | cat        | tca       | acc        | tta        | gaa        | ctt        | caa        | ggc        | gat        | ttg        | aat       | gtg        | 816  |
| Asn      | Ala | Ser<br>260 | Asn        | His        | Ser       | Thr        | Leu        | Glu<br>265 | Leu        | Gln        | Gly        | Asp        | Leu<br>270 | Asn       | Val        |      |
| aac      | gac | acc        | agc        | tcg        | ctc       | aac        | ctc        | aac        | caa        | agc        | acg        | att        | aat        | gtt       | tcc        | 864  |
| Asn      | Asp | Thr<br>275 | Ser        | Ser        | Leu       | Asn        | Leu<br>280 | Asn        | Gln        | Ser        | Thr        | Ile<br>285 | Asn        | Val       | Ser        |      |
| aat      | aac | gcc        | acg        | atc        | aac       | gat        | tat        | gcg        | agc        | ttg        | att        | gcg        | agt        | aat       | ggc        | 912  |
| Asn      | Asn | Ala<br>290 | Thr        | Ile        | Asn       | Asp        | Tyr<br>295 | Ala        | Ser        | Leu        | Ile<br>300 | Ala        | Ser        | Asn       | Gly        |      |
| tct      | cac | ctt        | aat        | ttt        | aac       | ggg        | gcg        | gtt        | aat        | ttc        | aat        | tca        | gcg        | aat       | att        | 960  |
| Ser      | His | Leu        | Asn        | Phe<br>310 | Asn       | Gly        | Ala        | Val        | Asn<br>315 | Phe        | Asn        | Ser        | Ala        | Asn       | Ile<br>320 |      |
| act      | acg | agtttg     | aat        | aat        | tcc       | tct        | atc        | gtg        | ttt        | aag        | ggg        | gcg        | gtc        | tct       |            | 1008 |
| Thr      | Thr | Ser        | Leu        | Asn        | Asn       | Ser        | Ser        | Ile        | Val        | Phe        | Lys        | Gly        | Ala        | Val       | Ser        |      |

|                                                                 |      |     |      |
|-----------------------------------------------------------------|------|-----|------|
| 325                                                             | 330  | 335 |      |
| tta gga ggg cag ttt aat tta agc aat aac tct tct tta gat ttc caa | 1056 |     |      |
| Leu Gly Gly Gln Phe Asn Leu Ser Asn Asn Ser Ser Leu Asp Phe Gln |      |     |      |
| 340                                                             | 345  | 350 |      |
| ggc tct agc gct atc acc tct aac acg gcg ttt aat ttc tat gat aac | 1104 |     |      |
| Gly Ser Ser Ala Ile Thr Ser Asn Thr Ala Phe Asn Phe Tyr Asp Asn |      |     |      |
| 355                                                             | 360  | 365 |      |
| gct ttt tct caa agc ccc atc act ttc cat caa gcc ctt gac att aaa | 1152 |     |      |
| Ala Phe Ser Gln Ser Pro Ile Thr Phe His Gln Ala Leu Asp Ile Lys |      |     |      |
| 370                                                             | 375  | 380 |      |
| gcg ccc tta agt ttg gga ggc aac ctt tta aac cct aac aac agc agc | 1200 |     |      |
| Ala Pro Leu Ser Leu Gly Gly Asn Leu Leu Asn Pro Asn Asn Ser Ser |      |     |      |
| 385                                                             | 390  | 395 | 400  |
| gtg ctg gat tta aaa aac agc cag ctt gtt ttt ggc gat caa ggg agt | 1248 |     |      |
| Val Leu Asp Leu Lys Asn Ser Gln Leu Val Phe Gly Asp Gln Gly Ser |      |     |      |
| 405                                                             | 410  | 415 |      |
| ttg aat atc gct aac att gat tta cta agc gat cta aat gat aat aaa | 1296 |     |      |
| Leu Asn Ile Ala Asn Ile Asp Leu Leu Ser Asp Leu Asn Asp Asn Lys |      |     |      |
| 420                                                             | 425  | 430 |      |
| aat cgt gtg tat aac atc att caa gcg gac atg aat agt aat tgg tat | 1344 |     |      |
| Asn Arg Val Tyr Asn Ile Ile Gln Ala Asp Met Asn Ser Asn Trp Tyr |      |     |      |
| 435                                                             | 440  | 445 |      |
| gag cgt atc agc ttc ttt ggc atg cac atc aat gac ggg att tat gat | 1392 |     |      |
| Glu Arg Ile Ser Phe Phe Gly Met His Ile Asn Asp Gly Ile Tyr Asp |      |     |      |
| 450                                                             | 455  | 460 |      |
| gct aaa aac caa act tat agt ttc act aac ccc ctt aat aac gcc cta | 1440 |     |      |
| Ala Lys Asn Gln Thr Tyr Ser Phe Thr Asn Pro Leu Asn Asn Ala Leu |      |     |      |
| 465                                                             | 470  | 475 | 480  |
| aaa atc acc gag agc ttt aaa gac aac caa cta agc gtt acg ctc tct | 1488 |     |      |
| Lys Ile Thr Glu Ser Phe Lys Asp Asn Gln Leu Ser Val Thr Leu Ser |      |     |      |
| 485                                                             | 490  | 495 |      |
| caa atc ccg ggt att aaa aac acg ctc tat aac att ggc tct gaa att | 1536 |     |      |
| Gln Ile Pro Gly Ile Lys Asn Thr Leu Tyr Asn Ile Gly Ser Glu Ile |      |     |      |
| 500                                                             | 505  | 510 |      |
| ttt aac tac caa aaa gtt tat aac aac gct aat ggc gtg tat tct tat | 1584 |     |      |
| Phe Asn Tyr Gln Lys Val Tyr Asn Asn Ala Asn Gly Val Tyr Ser Tyr |      |     |      |
| 515                                                             | 520  | 525 |      |
| agc g                                                           |      |     | 1588 |
| Ser                                                             |      |     |      |
| <210> 184                                                       |      |     |      |
| <211> 529                                                       |      |     |      |
| <212> PRT                                                       |      |     |      |
| <213> Helicobacter pylori                                       |      |     |      |
| <400> 184                                                       |      |     |      |
| Asn Leu Gly Asn Ala Asn Asn Thr Ile Tyr Tyr Tyr Asp Lys Ser Ile |      |     |      |
| 1                                                               | 5    | 10  | 15   |
| Asp Phe Tyr Ala Ser Gly Lys Thr Leu Phe Thr Lys Ala Glu Phe Ser |      |     |      |
| 20                                                              | 25   | 30  |      |
| Gln Thr Phe Thr Gly Gln Asn Ser Ala Ile Val Phe Gly Ala Lys Ser |      |     |      |
| 35                                                              | 40   | 45  |      |
| Ile Trp Thr Ser Leu Ser Asp Ala Pro Gln Ser Asn Thr Ile Ile Arg |      |     |      |
| 50                                                              | 55   | 60  |      |
| Phe Gly Asp Asn Lys Gly Ala Gly Ser Asn Asp Ala Ser Gly His Cys |      |     |      |
| 65                                                              | 70   | 75  | 80   |
| Trp Asn Leu Gln Cys Ile Gly Phe Ile Thr Gly His Tyr Glu Ala Gln |      |     |      |
| 85                                                              | 90   | 95  |      |
| Lys Ile Tyr Ile Thr Gly Ser Ile Glu Ser Gly Asn Arg Ile Ser Ser |      |     |      |
| 100                                                             | 105  | 110 |      |
| Gly Gly Gly Ala Ser Leu Asn Phe Asn Gly Leu Gln Gly Ile Leu Leu |      |     |      |
| 115                                                             | 120  | 125 |      |
| Thr Asn Ala Thr Leu Tyr Asn Arg Ala Ala Gly Thr Gln Ser Ser Ser |      |     |      |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| 130 | Met | Asn | Phe | Ile | Ser | Asn | Ser | Ala | Asn | Ile | Gln | Ala | Gln | Asn | Ser | Tyr |
| 145 |     |     |     |     |     | 150 |     |     |     |     |     | 155 |     |     |     | 160 |
|     | Phe | Ile | Asp | Asp | Thr | Ala | Gln | Asn | Gly | Gly | Asn | Pro | Asn | Phe | Ser | Phe |
|     |     |     |     |     | 165 |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     |     | 175 |
|     | Asn | Ala | Leu | Asn | Leu | Asp | Phe | Ser | Asn | Ser | Ser | Phe | Arg | Gly | Tyr | Val |
|     |     |     |     | 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     |     | 190 |     |
|     | Gly | Lys | Thr | Gln | Ser | Val | Phe | Lys | Phe | Asn | Ala | Lys | Asn | Ala | Ile | Ser |
|     |     |     | 195 |     |     |     |     | 200 |     |     |     |     | 205 |     |     |     |
|     | Phe | Thr | Asn | Ser | Thr | Asn | Leu | Ser | Ser | Gly | Leu | Tyr | Gln | Met | Gln | Ala |
|     |     |     | 210 |     |     | 215 |     |     |     |     |     | 220 |     |     |     |     |
|     | Lys | Ser | Val | Leu | Phe | Asp | Asn | Ser | Asn | Leu | Ser | Val | Ser | Val | Gly | Thr |
| 225 |     |     |     |     |     | 230 |     |     |     |     |     | 235 |     |     |     | 240 |
|     | Ser | Ser | Ile | Lys | Ala | Asn | Ala | Ile | Asn | Leu | Ser | Gln | Asn | Ala | Ser | Ile |
|     |     |     |     | 245 |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     |     | 255 |     |
|     | Asn | Ala | Ser | Asn | His | Ser | Thr | Leu | Glu | Leu | Gln | Gly | Asp | Leu | Asn | Val |
|     |     |     | 260 |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     |     | 270 |     |     |
|     | Asn | Asp | Thr | Ser | Ser | Leu | Asn | Leu | Asn | Gln | Ser | Thr | Ile | Asn | Val | Ser |
|     |     |     | 275 |     |     |     | 280 |     |     |     |     | 285 |     |     |     |     |
|     | Asn | Asn | Ala | Thr | Ile | Asn | Asp | Tyr | Ala | Ser | Leu | Ile | Ala | Ser | Asn | Gly |
|     |     | 290 |     |     |     | 295 |     |     |     |     |     | 300 |     |     |     |     |
|     | Ser | His | Leu | Asn | Phe | Asn | Gly | Ala | Val | Asn | Phe | Asn | Ser | Ala | Asn | Ile |
| 305 |     |     |     |     |     | 310 |     |     |     |     | 315 |     |     |     |     | 320 |
|     | Thr | Thr | Ser | Leu | Asn | Asn | Ser | Ser | Ile | Val | Phe | Lys | Gly | Ala | Val | Ser |
|     |     |     |     | 325 |     |     |     |     | 330 |     |     |     |     |     | 335 |     |
|     | Leu | Gly | Gly | Gln | Phe | Asn | Leu | Ser | Asn | Asn | Ser | Ser | Leu | Asp | Phe | Gln |
|     |     |     | 340 |     |     |     |     | 345 |     |     |     |     | 350 |     |     |     |
|     | Gly | Ser | Ser | Ala | Ile | Thr | Ser | Asn | Thr | Ala | Phe | Asn | Phe | Tyr | Asp | Asn |
|     |     |     | 355 |     |     |     | 360 |     |     |     |     | 365 |     |     |     |     |
|     | Ala | Phe | Ser | Gln | Ser | Pro | Ile | Thr | Phe | His | Gln | Ala | Leu | Asp | Ile | Lys |
|     |     | 370 |     |     |     | 375 |     |     |     |     | 380 |     |     |     |     |     |
|     | Ala | Pro | Leu | Ser | Leu | Gly | Gly | Asn | Leu | Leu | Asn | Pro | Asn | Asn | Ser | Ser |
| 385 |     |     |     |     |     | 390 |     |     |     | 395 |     |     |     |     |     | 400 |
|     | Val | Leu | Asp | Leu | Lys | Asn | Ser | Gln | Leu | Val | Phe | Gly | Asp | Gln | Gly | Ser |
|     |     |     | 405 |     |     |     |     | 410 |     |     |     |     |     | 415 |     |     |
|     | Leu | Asn | Ile | Ala | Asn | Ile | Asp | Leu | Leu | Ser | Asp | Leu | Asn | Asp | Asn | Lys |
|     |     |     | 420 |     |     |     |     | 425 |     |     |     |     | 430 |     |     |     |
|     | Asn | Arg | Val | Tyr | Asn | Ile | Ile | Gln | Ala | Asp | Met | Asn | Ser | Asn | Trp | Tyr |
|     |     | 435 |     |     |     |     | 440 |     |     |     |     | 445 |     |     |     |     |
|     | Glu | Arg | Ile | Ser | Phe | Phe | Gly | Met | His | Ile | Asn | Asp | Gly | Ile | Tyr | Asp |
|     |     | 450 |     |     |     | 455 |     |     |     |     |     | 460 |     |     |     |     |
|     | Ala | Lys | Asn | Gln | Thr | Tyr | Ser | Phe | Thr | Asn | Pro | Leu | Asn | Asn | Ala | Leu |
| 465 |     |     |     |     |     | 470 |     |     |     |     | 475 |     |     |     |     | 480 |
|     | Lys | Ile | Thr | Glu | Ser | Phe | Lys | Asp | Asn | Gln | Leu | Ser | Val | Thr | Leu | Ser |
|     |     |     | 485 |     |     |     |     | 490 |     |     |     |     |     | 495 |     |     |
|     | Gln | Ile | Pro | Gly | Ile | Lys | Asn | Thr | Leu | Tyr | Asn | Ile | Gly | Ser | Glu | Ile |
|     |     |     | 500 |     |     |     |     | 505 |     |     |     |     | 510 |     |     |     |
|     | Phe | Asn | Tyr | Gln | Lys | Val | Tyr | Asn | Asn | Ala | Asn | Gly | Val | Tyr | Ser | Tyr |
|     |     | 515 |     |     |     |     | 520 |     |     |     |     | 525 |     |     |     |     |

Ser

&lt;210&gt; 185

&lt;211&gt; 1735

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Helicobacter pylori

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(1734)

&lt;400&gt; 185

gct gat cgc acc acg aga gtg gat ttc aac gct aaa aat atc tta att 48  
 Ala Asp Arg Thr Thr Arg Val Asp Phe Asn Ala Lys Asn Ile Leu Ile

|                                                                 |      |     |     |  |
|-----------------------------------------------------------------|------|-----|-----|--|
| 1                                                               | 5    | 10  | 15  |  |
| gat aat ttt tta gaa atc aat aat cgt gtg ggt tct gga gcc ggg agg | 96   |     |     |  |
| Asp Asn Phe Leu Glu Ile Asn Asn Arg Val Gly Ser Gly Ala Gly Arg |      |     |     |  |
| 20                                                              | 25   | 30  |     |  |
| aaa gcc agc tct acg gtt tta act ttg caa gct tca gaa ggg att act | 144  |     |     |  |
| Lys Ala Ser Ser Thr Val Leu Thr Leu Gln Ala Ser Glu Gly Ile Thr |      |     |     |  |
| 35                                                              | 40   | 45  |     |  |
| agc agt aaa aat gcg gaa att tct ctt tat gat ggc gcc acg ctc aat | 192  |     |     |  |
| Ser Ser Lys Asn Ala Glu Ile Ser Leu Tyr Asp Gly Ala Thr Leu Asn |      |     |     |  |
| 50                                                              | 55   | 60  |     |  |
| ttg gct tca aac agc gtt aaa tta atg ggt aat gtg tgg atg ggc cgt | 240  |     |     |  |
| Leu Ala Ser Asn Ser Val Lys Leu Met Gly Asn Val Trp Met Gly Arg |      |     |     |  |
| 65                                                              | 70   | 75  | 80  |  |
| ttg caa tat gtg gga gcg tat ttg gcc cct tca tac agc acg ata aac | 288  |     |     |  |
| Leu Gln Tyr Val Gly Ala Tyr Leu Ala Pro Ser Tyr Ser Thr Ile Asn |      |     |     |  |
| 85                                                              | 90   | 95  |     |  |
| act tca aaa gtg aca ggg gaa gtg aat ttt aac cat ctc act gtg ggc | 336  |     |     |  |
| Thr Ser Lys Val Thr Gly Glu Val Asn Phe Asn His Leu Thr Val Gly |      |     |     |  |
| 100                                                             | 105  | 110 |     |  |
| gat cac aac gcc gct caa gca ggc att atc gct agt aac aag act cat | 384  |     |     |  |
| Asp His Asn Ala Ala Gln Ala Gly Ile Ile Ala Ser Asn Lys Thr His |      |     |     |  |
| 115                                                             | 120  | 125 |     |  |
| att ggc aca ctg gat ttg tgg caa agc gcg gga cta aac att atc gcc | 432  |     |     |  |
| Ile Gly Thr Leu Asp Leu Trp Gln Ser Ala Gly Leu Asn Ile Ile Ala |      |     |     |  |
| 130                                                             | 135  | 140 |     |  |
| cct cca gaa ggc ggt tat aag gat aaa cct aag gat aaa cct agt aac | 480  |     |     |  |
| Pro Pro Glu Gly Gly Tyr Lys Asp Lys Pro Lys Asp Lys Pro Ser Asn |      |     |     |  |
| 145                                                             | 150  | 155 | 160 |  |
| acc acg caa aat aat gct aac aac aac caa caa aac agc gct caa aac | 528  |     |     |  |
| Thr Thr Gln Asn Asn Ala Asn Asn Asn Gln Gln Asn Ser Ala Gln Asn |      |     |     |  |
| 165                                                             | 170  | 175 |     |  |
| aat agt aac act cag gtt att aac cca ccc aat agc gcg caa aaa aca | 576  |     |     |  |
| Asn Ser Asn Thr Gln Val Ile Asn Pro Pro Asn Ser Ala Gln Lys Thr |      |     |     |  |
| 180                                                             | 185  | 190 |     |  |
| gaa att caa ccc acg caa gtc att gat ggg cct ttt gct ggt ggc aaa | 624  |     |     |  |
| Glu Ile Gln Pro Thr Gln Val Ile Asp Gly Pro Phe Ala Gly Gly Lys |      |     |     |  |
| 195                                                             | 200  | 205 |     |  |
| gac acg gtt gtc aat att gat cgc atc aac act aac gct gat ggc acg | 672  |     |     |  |
| Asp Thr Val Val Asn Ile Asp Arg Ile Asn Thr Asn Ala Asp Gly Thr |      |     |     |  |
| 210                                                             | 215  | 220 |     |  |
| att aaa gtg gga ggg tat aaa gct tct ctt acc acc aat gcg gct cat | 720  |     |     |  |
| Ile Lys Val Gly Gly Tyr Lys Ala Ser Leu Thr Thr Asn Ala Ala His |      |     |     |  |
| 225                                                             | 230  | 235 | 240 |  |
| ttg cat atc ggc aaa ggc ggt atc aat ctg tcc aat caa gcg agc ggg | 768  |     |     |  |
| Leu His Ile Gly Lys Gly Gly Ile Asn Leu Ser Asn Gln Ala Ser Gly |      |     |     |  |
| 245                                                             | 250  | 255 |     |  |
| cgc acc ctt tta gtg gaa aat cta acc ggg aat atc acc gtt gat ggg | 816  |     |     |  |
| Arg Thr Leu Leu Val Glu Asn Leu Thr Gly Asn Ile Thr Val Asp Gly |      |     |     |  |
| 260                                                             | 265  | 270 |     |  |
| cct tta aga gtg aat aat caa gtg ggt tat gct ttg gca gga tca     | 864  |     |     |  |
| Pro Leu Arg Val Asn Asn Gln Val Gly Gly Tyr Ala Leu Ala Gly Ser |      |     |     |  |
| 275                                                             | 280  | 285 |     |  |
| agc gcg aat ttt gag ttt aag gct ggt acg gat acc aaa aac ggc aca | 912  |     |     |  |
| Ser Ala Asn Phe Glu Phe Lys Ala Gly Thr Asp Thr Lys Asn Gly Thr |      |     |     |  |
| 290                                                             | 295  | 300 |     |  |
| gcc act ttt aat aac gat att agt ttg gga aga ttt gtg aat tta aaa | 960  |     |     |  |
| Ala Thr Phe Asn Asn Asp Ile Ser Leu Gly Arg Phe Val Asn Leu Lys |      |     |     |  |
| 305                                                             | 310  | 315 | 320 |  |
| gtg gat gct cat aca gct aat ttt aaa ggt att gat act ggt aat ggt | 1008 |     |     |  |
| Val Asp Ala His Thr Ala Asn Phe Lys Gly Ile Asp Thr Gly Asn Gly |      |     |     |  |
| 325                                                             | 330  | 335 |     |  |

```

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

ttc aaa g 1735
Phe Lys
<210> 186
<211> 578
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 186
Ala Asp Arg Thr Thr Arg Val Asp Phe Asn Ala Lys Asn Ile Leu Ile
 1      5      10      15
Asp Asn Phe Leu Glu Ile Asn Asn Arg Val Gly Ser Gly Ala Gly Arg
      20      25      30
Lys Ala Ser Ser Thr Val Leu Thr Leu Gln Ala Ser Glu Gly Ile Thr
      35      40      45
Ser Ser Lys Asn Ala Glu Ile Ser Leu Tyr Asp Gly Ala Thr Leu Asn
      50      55      60
Leu Ala Ser Asn Ser Val Lys Leu Met Gly Asn Val Trp Met Gly Arg

```

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| 65  |     |     |     |     | 70  |     |     |     |     | 75  |     |     |     |     | 80  |
| Leu | Gln | Tyr | Val | Gly | Ala | Tyr | Leu | Ala | Pro | Ser | Tyr | Ser | Thr | Ile | Asn |
|     |     |     |     | 85  |     |     |     |     | 90  |     |     |     |     | 95  |     |
| Thr | Ser | Lys | Val | Thr | Gly | Glu | Val | Asn | Phe | Asn | His | Leu | Thr | Val | Gly |
|     |     |     | 100 |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |     |     |
| Asp | His | Asn | Ala | Ala | Gln | Ala | Gly | Ile | Ile | Ala | Ser | Asn | Lys | Thr | His |
|     |     | 115 |     |     |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |     |     |     |
| Ile | Gly | Thr | Leu | Asp | Leu | Trp | Gln | Ser | Ala | Gly | Leu | Asn | Ile | Ile | Ala |
|     | 130 |     |     |     | 135 |     |     |     |     |     | 140 |     |     |     |     |
| Pro | Pro | Glu | Gly | Gly | Tyr | Lys | Asp | Lys | Pro | Lys | Asp | Lys | Pro | Ser | Asn |
| 145 |     |     |     |     | 150 |     |     |     |     | 155 |     |     |     |     | 160 |
| Thr | Thr | Gln | Asn | Asn | Ala | Asn | Asn | Asn | Gln | Gln | Asn | Ser | Ala | Gln | Asn |
|     |     |     | 165 |     |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     | 175 |     |
| Asn | Ser | Asn | Thr | Gln | Val | Ile | Asn | Pro | Pro | Asn | Ser | Ala | Gln | Lys | Thr |
|     |     |     | 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     | 190 |     |     |
| Glu | Ile | Gln | Pro | Thr | Gln | Val | Ile | Asp | Gly | Pro | Phe | Ala | Gly | Gly | Lys |
|     |     | 195 |     |     |     |     |     | 200 |     |     |     | 205 |     |     |     |
| Asp | Thr | Val | Val | Asn | Ile | Asp | Arg | Ile | Asn | Thr | Asn | Ala | Asp | Gly | Thr |
|     | 210 |     |     |     | 215 |     |     |     |     |     | 220 |     |     |     |     |
| Ile | Lys | Val | Gly | Gly | Tyr | Lys | Ala | Ser | Leu | Thr | Thr | Asn | Ala | Ala | His |
| 225 |     |     |     |     | 230 |     |     |     |     | 235 |     |     |     |     | 240 |
| Leu | His | Ile | Gly | Lys | Gly | Gly | Ile | Asn | Leu | Ser | Asn | Gln | Ala | Ser | Gly |
|     |     |     | 245 |     |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     | 255 |     |
| Arg | Thr | Leu | Leu | Val | Glu | Asn | Leu | Thr | Gly | Asn | Ile | Thr | Val | Asp | Gly |
|     |     | 260 |     |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     | 270 |     |     |
| Pro | Leu | Arg | Val | Asn | Asn | Gln | Val | Gly | Gly | Tyr | Ala | Leu | Ala | Gly | Ser |
|     |     | 275 |     |     |     |     | 280 |     |     |     |     | 285 |     |     |     |
| Ser | Ala | Asn | Phe | Glu | Phe | Lys | Ala | Gly | Thr | Asp | Thr | Lys | Asn | Gly | Thr |
|     | 290 |     |     |     |     | 295 |     |     |     |     | 300 |     |     |     |     |
| Ala | Thr | Phe | Asn | Asn | Asp | Ile | Ser | Leu | Gly | Arg | Phe | Val | Asn | Leu | Lys |
| 305 |     |     |     |     | 310 |     |     |     |     | 315 |     |     |     |     | 320 |
| Val | Asp | Ala | His | Thr | Ala | Asn | Phe | Lys | Gly | Ile | Asp | Thr | Gly | Asn | Gly |
|     |     |     | 325 |     |     |     |     |     | 330 |     |     |     |     | 335 |     |
| Gly | Phe | Asn | Thr | Leu | Asp | Phe | Ser | Gly | Val | Thr | Gly | Lys | Val | Asn | Ile |
|     |     |     | 340 |     |     |     |     | 345 |     |     |     |     | 350 |     |     |
| Asn | Lys | Leu | Ile | Thr | Ala | Ser | Thr | Asn | Val | Ala | Val | Lys | Asn | Phe | Asn |
|     |     | 355 |     |     |     |     |     | 360 |     |     |     | 365 |     |     |     |
| Ile | Asn | Glu | Leu | Val | Val | Lys | Thr | Asn | Gly | Val | Ser | Val | Gly | Glu | Tyr |
|     | 370 |     |     |     |     | 375 |     |     |     |     |     | 380 |     |     |     |
| Thr | His | Phe | Ser | Glu | Asp | Ile | Gly | Ser | Gln | Ser | Arg | Ile | Asn | Thr | Val |
| 385 |     |     |     |     | 390 |     |     |     |     | 395 |     |     |     |     | 400 |
| Arg | Leu | Glu | Thr | Gly | Thr | Arg | Ser | Ile | Phe | Ser | Gly | Gly | Val | Lys | Phe |
|     |     |     | 405 |     |     |     |     |     | 410 |     |     |     |     | 415 |     |
| Lys | Ser | Gly | Glu | Lys | Leu | Val | Ile | Asp | Glu | Phe | Tyr | Tyr | Ser | Pro | Trp |
|     |     |     | 420 |     |     |     |     | 425 |     |     |     |     | 430 |     |     |
| Asn | Tyr | Phe | Asp | Ala | Arg | Asn | Ile | Lys | Asn | Val | Glu | Ile | Thr | Arg | Lys |
|     |     | 435 |     |     |     |     |     | 440 |     |     |     | 445 |     |     |     |
| Phe | Ala | Ser | Ser | Thr | Pro | Glu | Asn | Pro | Trp | Gly | Thr | Ser | Lys | Leu | Met |
|     | 450 |     |     |     |     | 455 |     |     |     |     | 460 |     |     |     |     |
| Phe | Asn | Asn | Leu | Thr | Leu | Gly | Gln | Asn | Ala | Val | Met | Asp | Tyr | Ser | Gln |
| 465 |     |     |     |     | 470 |     |     |     |     | 475 |     |     |     |     | 480 |
| Phe | Ser | Asn | Leu | Thr | Ile | Gln | Gly | Asp | Phe | Ile | Asn | Asn | Gln | Gly | Thr |
|     |     |     | 485 |     |     |     |     |     | 490 |     |     |     | 495 |     |     |
| Ile | Asn | Tyr | Leu | Val | Arg | Gly | Gly | Gln | Val | Ala | Thr | Leu | Asn | Val | Gly |
|     |     |     | 500 |     |     |     |     | 505 |     |     |     |     | 510 |     |     |
| Asn | Ala | Ala | Ala | Met | Phe | Phe | Ser | Asn | Asn | Val | Asp | Ser | Ala | Thr | Gly |
|     |     | 515 |     |     |     |     | 520 |     |     |     |     | 525 |     |     |     |
| Phe | Tyr | Gln | Pro | Leu | Met | Lys | Ile | Asn | Ser | Ala | Gln | Asp | Leu | Ile | Lys |
|     | 530 |     |     |     |     | 535 |     |     |     |     | 540 |     |     |     |     |
| Asn | Lys | Glu | His | Val | Leu | Leu | Lys | Ala | Lys | Ile | Ile | Gly | Tyr | Gly | Asn |
| 545 |     |     |     |     | 550 |     |     |     |     | 555 |     |     |     |     | 560 |

Val Ser Leu Gly Thr Asn Ser Ile Ser Asn Val Asn Leu Ile Glu Gln  
565 570 575  
Phe Lys  
<210> 187  
<211> 666  
<212> DNA  
<213> *Helicobacter pylori*  
<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(666)  
<400> 187  
agt ttt ttg gta agc ttt ttg gtt gct gaa aac gct cat gag cca gaa 48  
Ser Phe Leu Val Ser Phe Leu Val Ala Glu Asn Ala His Glu Pro Glu  
1 5 10 15  
gaa atc aag gct aaa gtg gct tat gtg aaa atc ccc caa tta gaa gat 96  
Glu Ile Lys Ala Lys Val Ala Tyr Val Lys Ile Pro Gln Leu Glu Asp  
20 25 30  
ttg gaa aac aac ccg gtt tat atc ggt caa att ata ggc gta act tat 144  
Leu Glu Asn Asn Pro Val Tyr Ile Gly Gln Ile Ile Gly Val Thr Tyr  
35 40 45  
gat tta ttg ctg ttt gac gct gag ttt ttg gaa gcc aaa atc aaa gac 192  
Asp Leu Leu Leu Phe Asp Ala Glu Phe Leu Glu Ala Lys Ile Lys Asp  
50 55 60  
ggg ttg gat aaa acc caa att gag ctt tta aac aag atg cct aaa tgg 240  
Gly Leu Asp Lys Thr Gln Ile Glu Leu Leu Asn Lys Met Pro Lys Trp  
65 70 75 80  
aaa aag gtg gaa aaa gag ctt ttc aga gcg act tat tat tac aag att 288  
Lys Lys Val Glu Lys Glu Leu Phe Arg Ala Thr Tyr Tyr Tyr Lys Ile  
85 90 95  
aag ggc ata aaa gcg att att ccg tcc tta gaa gtg agc gcg ttt tcc 336  
Lys Gly Ile Lys Ala Ile Ile Pro Ser Leu Glu Val Ser Ala Phe Ser  
100 105 110  
aat aaa gac aaa tac ata gat cat tcc ata gcc cca aaa gtt act ttg 384  
Asn Lys Asp Lys Tyr Ile Asp His Ser Ile Ala Pro Lys Val Thr Leu  
115 120 125  
cag gta acg gat ttg tcc aaa aac cct cgt tat gcg aat gtc atg gct 432  
Gln Val Thr Asp Leu Ser Lys Asn Pro Arg Tyr Ala Asn Val Met Ala  
130 135 140  
aaa gat tta caa gtc ttg caa tac aaa acc aaa gat tat gac gat aaa 480  
Lys Asp Leu Gln Val Leu Gln Tyr Lys Thr Lys Asp Tyr Asp Asp Lys  
145 150 155 160  
aac aat att ttg gtg atg gaa ata gcg ttc aaa gaa gcc act tgg gaa 528  
Asn Asn Ile Leu Val Met Glu Ile Ala Phe Lys Glu Ala Thr Trp Glu  
165 170 175  
gat ttt cac atc aaa gaa gcg atc aag caa ggg ttt gat aac gcc tct 576  
Asp Phe His Ile Lys Glu Ala Ile Lys Gln Gly Phe Asp Asn Ala Ser  
180 185 190  
tta aac cag atc aag gct aaa gaa ggg agc gtt ttt tat tat tgc gtg 624  
Leu Asn Gln Ile Lys Ala Lys Glu Gly Ser Val Phe Tyr Tyr Cys Val  
195 200 205  
ttg cct aag act att caa aac ctt tct ttt gat tat ttc tcg 666  
Leu Pro Lys Thr Ile Gln Asn Leu Ser Phe Asp Tyr Phe Ser  
210 215 220  
<210> 188  
<211> 222  
<212> PRT  
<213> *Helicobacter pylori*  
<400> 188  
Ser Phe Leu Val Ser Phe Leu Val Ala Glu Asn Ala His Glu Pro Glu  
1 5 10 15

Glu Ile Lys Ala Lys Val Ala Tyr Val Lys Ile Pro Gln Leu Glu Asp  
                   20                  25                  30  
 Leu Glu Asn Asn Pro Val Tyr Ile Gly Gln Ile Ile Gly Val Thr Tyr  
                   35                  40                  45  
 Asp Leu Leu Leu Phe Asp Ala Glu Phe Leu Glu Ala Lys Ile Lys Asp  
                   50                  55                  60  
 Gly Leu Asp Lys Thr Gln Ile Glu Leu Leu Asn Lys Met Pro Lys Trp  
                   65                  70                  75                  80  
 Lys Lys Val Glu Lys Glu Leu Phe Arg Ala Thr Tyr Tyr Tyr Lys Ile  
                   85                  90                  95  
 Lys Gly Ile Lys Ala Ile Ile Pro Ser Leu Glu Val Ser Ala Phe Ser  
                   100                  105                  110  
 Asn Lys Asp Lys Tyr Ile Asp His Ser Ile Ala Pro Lys Val Thr Leu  
                   115                  120                  125  
 Gln Val Thr Asp Leu Ser Lys Asn Pro Arg Tyr Ala Asn Val Met Ala  
                   130                  135                  140  
 Lys Asp Leu Gln Val Leu Gln Tyr Lys Thr Lys Asp Tyr Asp Asp Lys  
                   145                  150                  155                  160  
 Asn Asn Ile Leu Val Met Glu Ile Ala Phe Lys Glu Ala Thr Trp Glu  
                   165                  170                  175  
 Asp Phe His Ile Lys Glu Ala Ile Lys Gln Gly Phe Asp Asn Ala Ser  
                   180                  185                  190  
 Leu Asn Gln Ile Lys Ala Lys Glu Gly Ser Val Phe Tyr Tyr Cys Val  
                   195                  200                  205  
 Leu Pro Lys Thr Ile Gln Asn Leu Ser Phe Asp Tyr Phe Ser  
                   210                  215                  220  
 <210> 189  
 <211> 186  
 <212> DNA  
 <213> Helicobacter pylori  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(186)  
 <400> 189  
 gga gcc aag agc gtt cta gtc gct aat atc atg gtc gtt caa acc ccc 48  
 Gly Ala Lys Ser Val Leu Val Ala Asn Ile Met Val Val Gln Thr Pro  
   1                  5                  10                  15  
 att gag ctt tcc acc gtg aat tat tta gcc cct tta att ttc aat ttg 96  
 Ile Glu Leu Ser Thr Val Asn Tyr Leu Ala Pro Leu Ile Phe Asn Leu  
                   20                  25                  30  
 gac aag cag ctc atg ggg caa gtg gtt ttg gat tct aac aaa tac cca 144  
 Asp Lys Gln Leu Met Gly Gln Val Val Leu Asp Ser Asn Lys Tyr Pro  
                   35                  40                  45  
 cac tac cat tta aga gag aat att cta agc cac acg cat gaa 186  
 His Tyr His Leu Arg Glu Asn Ile Leu Ser His Thr His Glu  
                   50                  55                  60  
 <210> 190  
 <211> 62  
 <212> PRT  
 <213> Helicobacter pylori  
 <400> 190  
 Gly Ala Lys Ser Val Leu Val Ala Asn Ile Met Val Val Gln Thr Pro  
   1                  5                  10                  15  
 Ile Glu Leu Ser Thr Val Asn Tyr Leu Ala Pro Leu Ile Phe Asn Leu  
                   20                  25                  30  
 Asp Lys Gln Leu Met Gly Gln Val Val Leu Asp Ser Asn Lys Tyr Pro  
                   35                  40                  45  
 His Tyr His Leu Arg Glu Asn Ile Leu Ser His Thr His Glu  
                   50                  55                  60  
 <210> 191  
 <211> 864

&lt;212&gt; DNA

<213> *Helicobacter pylori*

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(864)

&lt;400&gt; 191

```

gat aag gga tta aaa aag gtg ttc aaa gac agc aaa aaa gac gct tgc 48
Asp Lys Gly Leu Lys Lys Val Phe Lys Asp Ser Lys Lys Asp Ala Cys
 1          5          10          15
ggg ttc atc tat gag atc agc gag ttc atg aaa gcc tat acc gca ttg 96
Gly Phe Ile Tyr Glu Ile Ser Glu Phe Met Lys Ala Tyr Thr Ala Leu
          20          25          30
cta aaa aaa caa gac cga tac gtc tat tta ttg agg tat ctc ccc tct 144
Leu Lys Lys Gln Asp Arg Tyr Val Tyr Leu Leu Arg Tyr Leu Pro Ser
          35          40          45
agg tat tgg gcc agc att tta acg act gcc ctt tat gtc aaa tac cct 192
Arg Tyr Trp Ala Ser Ile Leu Thr Thr Ala Leu Tyr Val Lys Tyr Pro
          50          55          60
gat ttt gac gct ttg aaa aag ctt ttg gtg tct tat tat tac caa act 240
Asp Phe Asp Ala Leu Lys Lys Leu Leu Val Ser Tyr Tyr Tyr Gln Thr
          65          70          75          80
tgg att gca gga ggc acg atc acg cgc atc aag caa acc agt atc aac 288
Trp Ile Ala Gly Gly Thr Ile Thr Arg Ile Lys Gln Thr Ser Ile Asn
          85          90          95
att atc aaa aac gtt aaa agc aat aag agc gtt gaa acc atc aaa gag 336
Ile Ile Lys Asn Val Lys Ser Asn Lys Ser Val Glu Thr Ile Lys Glu
          100          105          110
ctt ata ttg aat agc atc gac tct tat aac acc ttt gat caa tac ctc 384
Leu Ile Leu Asn Ser Ile Asp Ser Tyr Asn Thr Phe Asp Gln Tyr Leu
          115          120          125
tat aac tta tgg gat agc tct tct gtt tat cat agc aaa tgg gtg cgt 432
Tyr Asn Leu Trp Asp Ser Ser Ser Val Tyr His Ser Lys Trp Val Arg
          130          135          140
cct gtc tta gcc cta gct aat tat ttc atg gca gat gaa gag aaa ccc 480
Pro Val Leu Ala Leu Ala Asn Tyr Phe Met Ala Asp Glu Glu Lys Pro
          145          150          155          160
cat ttt atc gct atg gat gcc gaa acc caa gtg gag cat att ttg cca 528
His Phe Ile Ala Met Asp Ala Glu Thr Gln Val Glu His Ile Leu Pro
          165          170          175
caa acg ccc aaa aga ggc agt caa tgg aac gcg gat ttt gac aaa gaa 576
Gln Thr Pro Lys Arg Gly Ser Gln Trp Asn Ala Asp Phe Asp Lys Glu
          180          185          190
aaa aga gaa gaa tgg gta aat aat atc gcg aat tta acc ctt tta aag 624
Lys Arg Glu Glu Trp Val Asn Asn Ile Ala Asn Leu Thr Leu Leu Lys
          195          200          205
cgt aaa aag aac gcg cat gct tta aac ggg gat ttt gat gaa aaa aga 672
Arg Lys Lys Asn Ala His Ala Leu Asn Gly Asp Phe Asp Glu Lys Arg
          210          215          220
aaa att tat gga ggc aaa gac acg agc aaa gtg att agc tgt tat gac 720
Lys Ile Tyr Gly Gly Lys Asp Thr Ser Lys Val Ile Ser Cys Tyr Asp
          225          230          235          240
atc act aaa gaa ttg tat agc aat tat agg aag tgg aat gag aag tcc 768
Ile Thr Lys Glu Leu Tyr Ser Asn Tyr Arg Lys Trp Asn Glu Lys Ser
          245          250          255
ctc caa gag cga tac aaa tct ttg tat aac act atc acg cct gtt tta 816
Leu Gln Glu Arg Tyr Lys Ser Leu Tyr Asn Thr Ile Thr Pro Val Leu
          260          265          270
cac ata gag ggg caa gaa gat gat ttt gaa gat gat ttt gat cta gaa 864
His Ile Glu Gly Gln Glu Asp Asp Phe Glu Asp Asp Phe Asp Leu Glu
          275          280          285

```

&lt;210&gt; 192

<211> 288  
 <212> PRT  
 <213> Helicobacter pylori  
 <400> 192  
 Asp Lys Gly Leu Lys Lys Val Phe Lys Asp Ser Lys Lys Asp Ala Cys  
 1 5 10 15  
 Gly Phe Ile Tyr Glu Ile Ser Glu Phe Met Lys Ala Tyr Thr Ala Leu  
 20 25 30  
 Leu Lys Lys Gln Asp Arg Tyr Val Tyr Leu Leu Arg Tyr Leu Pro Ser  
 35 40 45  
 Arg Tyr Trp Ala Ser Ile Leu Thr Thr Ala Leu Tyr Val Lys Tyr Pro  
 50 55 60  
 Asp Phe Asp Ala Leu Lys Lys Leu Leu Val Ser Tyr Tyr Tyr Gln Thr  
 65 70 75 80  
 Trp Ile Ala Gly Gly Thr Ile Thr Arg Ile Lys Gln Thr Ser Ile Asn  
 85 90 95  
 Ile Ile Lys Asn Val Lys Ser Asn Lys Ser Val Glu Thr Ile Lys Glu  
 100 105 110  
 Leu Ile Leu Asn Ser Ile Asp Ser Tyr Asn Thr Phe Asp Gln Tyr Leu  
 115 120 125  
 Tyr Asn Leu Trp Asp Ser Ser Ser Val Tyr His Ser Lys Trp Val Arg  
 130 135 140  
 Pro Val Leu Ala Leu Ala Asn Tyr Phe Met Ala Asp Glu Glu Lys Pro  
 145 150 155 160  
 His Phe Ile Ala Met Asp Ala Glu Thr Gln Val Glu His Ile Leu Pro  
 165 170 175  
 Gln Thr Pro Lys Arg Gly Ser Gln Trp Asn Ala Asp Phe Asp Lys Glu  
 180 185 190  
 Lys Arg Glu Trp Val Asn Asn Ile Ala Asn Leu Thr Leu Leu Lys  
 195 200 205  
 Arg Lys Lys Asn Ala His Ala Leu Asn Gly Asp Phe Asp Glu Lys Arg  
 210 215 220  
 Lys Ile Tyr Gly Gly Lys Asp Thr Ser Lys Val Ile Ser Cys Tyr Asp  
 225 230 235 240  
 Ile Thr Lys Glu Leu Tyr Ser Asn Tyr Arg Lys Trp Asn Glu Lys Ser  
 245 250 255  
 Leu Gln Glu Arg Tyr Lys Ser Leu Tyr Asn Thr Ile Thr Pro Val Leu  
 260 265 270  
 His Ile Glu Gly Gln Glu Asp Asp Phe Glu Asp Asp Phe Asp Leu Glu  
 275 280 285  
 <210> 193  
 <211> 417  
 <212> DNA  
 <213> Helicobacter pylori  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(417)  
 <400> 193  
 agt gca gaa att ttt gac aag agg gcg ata gac tat gag agc ctc ttt 48  
 Ser Ala Glu Ile Phe Asp Lys Arg Ala Ile Asp Tyr Glu Ser Leu Phe  
 1 5 10 15  
 tca cgc aaa aat agg gcg cga aat ttt atg cca aga atg cca aaa gat 96  
 Ser Arg Lys Asn Arg Ala Arg Asn Phe Met Pro Arg Met Pro Lys Asp  
 20 25 30  
 tcg cac tcg caa ggc ttt gag act tta agc att aat ttt gaa ggc acg 144  
 Ser His Ser Gln Gly Phe Glu Thr Leu Ser Ile Asn Phe Glu Gly Thr  
 35 40 45  
 atg gag tgg agc gcg ttt ggg att tgg ctg agt ttg tta ttg cat caa 192  
 Met Glu Trp Ser Ala Phe Gly Ile Trp Leu Ser Leu Leu Leu His Gln  
 50 55 60  
 tac ggc aca cag att tta cgc atc aag ggg att att gac att gga agc 240

```

Tyr Gly Thr Gln Ile Leu Arg Ile Lys Gly Ile Ile Asp Ile Gly Ser
65      70      75      80
ggc ttt ttg gtg agt att aac ggc gtg atg cat gtc att tac ccg cct 288
Gly Phe Leu Val Ser Ile Asn Gly Val Met His Val Ile Tyr Pro Pro
      85      90      95
aag cat att tta aag gat caa aac ggc tct aac ctc gtt ttt atc atg 336
Lys His Ile Leu Lys Asp Gln Asn Gly Ser Asn Leu Val Phe Ile Met
      100      105      110
cgc cat tta gag cgt gaa aaa atc tta aat tcc tta aag ggt ttt aag 384
Arg His Leu Glu Arg Glu Lys Ile Leu Asn Ser Leu Lys Gly Phe Lys
      115      120      125
gat ttt ctc ggc atc aag ggt ttt gaa acc caa
Asp Phe Leu Gly Ile Lys Gly Phe Glu Thr Gln 417
      130      135
<210> 194
<211> 139
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 194
Ser Ala Glu Ile Phe Asp Lys Arg Ala Ile Asp Tyr Glu Ser Leu Phe
1      5      10      15
Ser Arg Lys Asn Arg Ala Arg Asn Phe Met Pro Arg Met Pro Lys Asp
      20      25      30
Ser His Ser Gln Gly Phe Glu Thr Leu Ser Ile Asn Phe Glu Gly Thr
      35      40      45
Met Glu Trp Ser Ala Phe Gly Ile Trp Leu Ser Leu Leu Leu His Gln
      50      55      60
Tyr Gly Thr Gln Ile Leu Arg Ile Lys Gly Ile Ile Asp Ile Gly Ser
65      70      75      80
Gly Phe Leu Val Ser Ile Asn Gly Val Met His Val Ile Tyr Pro Pro
      85      90      95
Lys His Ile Leu Lys Asp Gln Asn Gly Ser Asn Leu Val Phe Ile Met
      100      105      110
Arg His Leu Glu Arg Glu Lys Ile Leu Asn Ser Leu Lys Gly Phe Lys
      115      120      125
Asp Phe Leu Gly Ile Lys Gly Phe Glu Thr Gln
      130      135
<210> 195
<211> 615
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(615)
<400> 195
cat tct ttt ggg cta gaa act tac atc cag caa aaa aag gtt acc aat 48
His Ser Phe Gly Leu Glu Thr Tyr Ile Gln Gln Lys Lys Val Thr Asn
1      5      10      15
aaa gaa agc gct tta gaa tat tta aaa gcc aat ctc tct agc cag ttc 96
Lys Glu Ser Ala Leu Glu Tyr Leu Lys Ala Asn Leu Ser Ser Gln Phe
      20      25      30
ctt tac acg gaa atg ctg agc ttg aaa tta acc tat gaa agc gcc ctc 144
Leu Tyr Thr Glu Met Leu Ser Leu Lys Leu Thr Tyr Glu Ser Ala Leu
      35      40      45
caa caa gat tta aaa aag atc tta ggg gtt gaa gaa gtc att atg cta 192
Gln Gln Asp Leu Lys Lys Ile Leu Gly Val Glu Glu Val Ile Met Leu
      50      55      60
tcc aca agc ccc atg gaa tta cga tta gcc aat caa aag ctg ggc aat 240
Ser Thr Ser Pro Met Glu Leu Arg Leu Ala Asn Gln Lys Leu Gly Asn
      65      70      75      80
cgt ttc att aaa acc tta caa gcc atg aac gaa tta gac atg ggc gaa 288

```

```

Arg Phe Ile Lys Thr Leu Gln Ala Met Asn Glu Leu Asp Met Gly Glu
      85      90      95
ttt ttt aac gct tac gct caa aaa acc aaa gat ccc acc cat gcc act 336
Phe Phe Asn Ala Tyr Ala Gln Lys Thr Lys Asp Pro Thr His Ala Thr
      100      105      110
agc tat ggc gtt ttt gcg gca agt ttg ggg att gaa ttg aaa aag gct 384
Ser Tyr Gly Val Phe Ala Ala Ser Leu Gly Ile Glu Leu Lys Lys Ala
      115      120      125
tta agg cat tat ctt tat gcg caa act tct aac atg gtg atc aac tgc 432
Leu Arg His Tyr Leu Tyr Ala Gln Thr Ser Asn Met Val Ile Asn Cys
      130      135      140
gtt aaa agc gtc cct tta tct caa aac gac ggg caa aaa atc tta ttg 480
Val Lys Ser Val Pro Leu Ser Gln Asn Asp Gly Gln Lys Ile Leu Leu
      145      150      155      160
agc ttg caa agc cct ttt aac cag ctc ata gaa aaa acc cta gaa cta 528
Ser Leu Gln Ser Pro Phe Asn Gln Leu Ile Glu Lys Thr Leu Glu Leu
      165      170      175
gac gaa agc cac ctg tgc acg gca agc gtt caa aac gac att aag gcg 576
Asp Glu Ser His Leu Cys Thr Ala Ser Val Gln Asn Asp Ile Lys Ala
      180      185      190
atg cag cat gag agt tta tac tcg cgc ctt tat atg tct 615
Met Gln His Glu Ser Leu Tyr Ser Arg Leu Tyr Met Ser
      195      200      205
<210> 196
<211> 205
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 196
His Ser Phe Gly Leu Glu Thr Tyr Ile Gln Gln Lys Lys Val Thr Asn
  1      5      10      15
Lys Glu Ser Ala Leu Glu Tyr Leu Lys Ala Asn Leu Ser Ser Gln Phe
      20      25      30
Leu Tyr Thr Glu Met Leu Ser Leu Lys Leu Thr Tyr Glu Ser Ala Leu
      35      40      45
Gln Gln Asp Leu Lys Lys Ile Leu Gly Val Glu Glu Val Ile Met Leu
      50      55      60
Ser Thr Ser Pro Met Glu Leu Arg Leu Ala Asn Gln Lys Leu Gly Asn
      65      70      75      80
Arg Phe Ile Lys Thr Leu Gln Ala Met Asn Glu Leu Asp Met Gly Glu
      85      90      95
Phe Phe Asn Ala Tyr Ala Gln Lys Thr Lys Asp Pro Thr His Ala Thr
      100      105      110
Ser Tyr Gly Val Phe Ala Ala Ser Leu Gly Ile Glu Leu Lys Lys Ala
      115      120      125
Leu Arg His Tyr Leu Tyr Ala Gln Thr Ser Asn Met Val Ile Asn Cys
      130      135      140
Val Lys Ser Val Pro Leu Ser Gln Asn Asp Gly Gln Lys Ile Leu Leu
      145      150      155      160
Ser Leu Gln Ser Pro Phe Asn Gln Leu Ile Glu Lys Thr Leu Glu Leu
      165      170      175
Asp Glu Ser His Leu Cys Thr Ala Ser Val Gln Asn Asp Ile Lys Ala
      180      185      190
Met Gln His Glu Ser Leu Tyr Ser Arg Leu Tyr Met Ser
      195      200      205
<210> 197
<211> 1121
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1119)

```

&lt;400&gt; 197

|                                                                 |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|
| cct tgg gct aat ggc agc atc cct aaa tct aac agc acg gtg cgt ttt | 48  |
| Pro Trp Ala Asn Gly Ser Ile Pro Lys Ser Asn Ser Thr Val Arg Phe |     |
| 1 5 10 15                                                       |     |
| ggg ggg tat gag gga gtc aat tgg ggg aaa acg ggc tat att act ggc | 96  |
| Gly Gly Tyr Glu Gly Val Asn Trp Gly Lys Thr Gly Tyr Ile Thr Gly |     |
| 20 25 30                                                        |     |
| act ttc aca gcc gat agg gtt tat atc acc ggt aac atg atg act ggt | 144 |
| Thr Phe Thr Ala Asp Arg Val Tyr Ile Thr Gly Asn Met Met Thr Gly |     |
| 35 40 45                                                        |     |
| aac ggc gct caa acc ggt ggg ggg gcg act ttg aat ttt gtg ggc gcg | 192 |
| Asn Gly Ala Gln Thr Gly Gly Gly Ala Thr Leu Asn Phe Val Gly Ala |     |
| 50 55 60                                                        |     |
| act gaa att aat atc gct gga gcc act ttt aaa aac cta aaa acc act | 240 |
| Thr Glu Ile Asn Ile Ala Gly Ala Thr Phe Lys Asn Leu Lys Thr Thr |     |
| 65 70 75 80                                                     |     |
| tca caa aac tct tac atg act ttt atg gca tta ggg gat agc tct ggg | 288 |
| Ser Gln Asn Ser Tyr Met Thr Phe Met Ala Leu Gly Asp Ser Ser Gly |     |
| 85 90 95                                                        |     |
| agc gct aag atc aat gtt tct caa tct gat ttt tac gat tgg acg ggt | 336 |
| Ser Ala Lys Ile Asn Val Ser Gln Ser Asp Phe Tyr Asp Trp Thr Gly |     |
| 100 105 110                                                     |     |
| ggg ggg tat gat ttt acc ggt aat ggc gtt ttt gat agc gtg aat ttc | 384 |
| Gly Gly Tyr Asp Phe Thr Gly Asn Gly Val Phe Asp Ser Val Asn Phe |     |
| 115 120 125                                                     |     |
| aac aag gct tat tac aaa ttt caa ggc act gaa aat tct tac aat ttt | 432 |
| Asn Lys Ala Tyr Tyr Lys Phe Gln Gly Thr Glu Asn Ser Tyr Asn Phe |     |
| 130 135 140                                                     |     |
| aaa aac acg aac ttt tta gca ggg aat ttt aag ttt cag ggc aag acc | 480 |
| Lys Asn Thr Asn Phe Leu Ala Gly Asn Phe Lys Phe Gln Gly Lys Thr |     |
| 145 150 155 160                                                 |     |
| acc att gaa aaa tcc gtt tta agc gac gct tct tac act ttt gat ggc | 528 |
| Thr Ile Glu Lys Ser Val Leu Ser Asp Ala Ser Tyr Thr Phe Asp Gly |     |
| 165 170 175                                                     |     |
| acg aat aac acc ttt act gaa gac aag ttt aat aat ggc tcg ttt aat | 576 |
| Thr Asn Asn Thr Phe Thr Glu Asp Lys Phe Asn Asn Gly Ser Phe Asn |     |
| 180 185 190                                                     |     |
| ttt agt cat gca gag cag aca gac gct ttt aat aac aac tcg ttt aat | 624 |
| Phe Ser His Ala Glu Gln Thr Asp Ala Phe Asn Asn Asn Ser Phe Asn |     |
| 195 200 205                                                     |     |
| ggc ggt tcg ttt agt ttt aac gcc aag caa gta aat ttt agt ggg aac | 672 |
| Gly Gly Ser Phe Ser Phe Asn Ala Lys Gln Val Asn Phe Ser Gly Asn |     |
| 210 215 220                                                     |     |
| tcg ttc aat ggg ggc gtg ttt aat ttc aat aat acc cct aaa gtc agt | 720 |
| Ser Phe Asn Gly Gly Val Phe Asn Phe Asn Asn Thr Pro Lys Val Ser |     |
| 225 230 235 240                                                 |     |
| ttc act gat gac act ttt aat gtg aat aac caa ttc aaa ata aat ggt | 768 |
| Phe Thr Asp Asp Thr Phe Asn Val Asn Asn Gln Phe Lys Ile Asn Gly |     |
| 245 250 255                                                     |     |
| act caa aca act ttc act ttc aat aag ggc gtt gtt ttc aac atg caa | 816 |
| Thr Gln Thr Thr Phe Thr Phe Asn Lys Gly Val Val Phe Asn Met Gln |     |
| 260 265 270                                                     |     |
| ggg ctt ttg agc agt tta agc gta ggc acg act tat caa ttg ctt aac | 864 |
| Gly Leu Leu Ser Ser Leu Ser Val Gly Thr Thr Tyr Gln Leu Leu Asn |     |
| 275 280 285                                                     |     |
| gct aaa agc gtg gat tat aag gat aat aac gct ttg tat caa atg ctg | 912 |
| Ala Lys Ser Val Asp Tyr Lys Asp Asn Asn Ala Leu Tyr Gln Met Leu |     |
| 290 295 300                                                     |     |
| cgt tgg att agt ggg gaa aac cct agc ggc acg cta gta aat aag gat | 960 |
| Arg Trp Ile Ser Gly Glu Asn Pro Ser Gly Thr Leu Val Asn Lys Asp |     |
| 305 310 315 320                                                 |     |

```

cag tcc gcg cca aac agc gct aaa att tat aat gtc cat ttc acc gat 1008
Gln Ser Ala Pro Asn Ser Ala Lys Ile Tyr Asn Val His Phe Thr Asp
325 330 335
aac ggc ttg act tac tac atc aaa gaa aat ttt aat aat ggg atc acg 1056
Asn Gly Leu Thr Tyr Tyr Ile Lys Glu Asn Phe Asn Asn Gly Ile Thr
340 345 350
ctc act cgt tta tgc act cta ggc tat acg cat tgc gtg aat att gat 1104
Leu Thr Arg Leu Cys Thr Leu Gly Tyr Thr His Cys Val Asn Ile Asp
355 360 365
aac gat gcg ttt aat ct 1121
Asn Asp Ala Phe Asn
370
<210> 198
<211> 373
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 198
Pro Trp Ala Asn Gly Ser Ile Pro Lys Ser Asn Ser Thr Val Arg Phe
1 5 10 15
Gly Gly Tyr Glu Gly Val Asn Trp Gly Lys Thr Gly Tyr Ile Thr Gly
20 25 30
Thr Phe Thr Ala Asp Arg Val Tyr Ile Thr Gly Asn Met Met Thr Gly
35 40 45
Asn Gly Ala Gln Thr Gly Gly Gly Ala Thr Leu Asn Phe Val Gly Ala
50 55 60
Thr Glu Ile Asn Ile Ala Gly Ala Thr Phe Lys Asn Leu Lys Thr Thr
65 70 75 80
Ser Gln Asn Ser Tyr Met Thr Phe Met Ala Leu Gly Asp Ser Ser Gly
85 90 95
Ser Ala Lys Ile Asn Val Ser Gln Ser Asp Phe Tyr Asp Trp Thr Gly
100 105 110
Gly Gly Tyr Asp Phe Thr Gly Asn Gly Val Phe Asp Ser Val Asn Phe
115 120 125
Asn Lys Ala Tyr Tyr Lys Phe Gln Gly Thr Glu Asn Ser Tyr Asn Phe
130 135 140
Lys Asn Thr Asn Phe Leu Ala Gly Asn Phe Lys Phe Gln Gly Lys Thr
145 150 155 160
Thr Ile Glu Lys Ser Val Leu Ser Asp Ala Ser Tyr Thr Phe Asp Gly
165 170 175
Thr Asn Asn Thr Phe Thr Glu Asp Lys Phe Asn Asn Gly Ser Phe Asn
180 185 190
Phe Ser His Ala Glu Gln Thr Asp Ala Phe Asn Asn Asn Ser Phe Asn
195 200 205
Gly Gly Ser Phe Ser Phe Asn Ala Lys Gln Val Asn Phe Ser Gly Asn
210 215 220
Ser Phe Asn Gly Gly Val Phe Asn Phe Asn Asn Thr Pro Lys Val Ser
225 230 235 240
Phe Thr Asp Asp Thr Phe Asn Val Asn Asn Gln Phe Lys Ile Asn Gly
245 250 255
Thr Gln Thr Thr Phe Thr Phe Asn Lys Gly Val Val Phe Asn Met Gln
260 265 270
Gly Leu Leu Ser Ser Leu Ser Val Gly Thr Thr Tyr Gln Leu Leu Asn
275 280 285
Ala Lys Ser Val Asp Tyr Lys Asp Asn Asn Ala Leu Tyr Gln Met Leu
290 295 300
Arg Trp Ile Ser Gly Glu Asn Pro Ser Gly Thr Leu Val Asn Lys Asp
305 310 315 320
Gln Ser Ala Pro Asn Ser Ala Lys Ile Tyr Asn Val His Phe Thr Asp
325 330 335
Asn Gly Leu Thr Tyr Tyr Ile Lys Glu Asn Phe Asn Asn Gly Ile Thr
340 345 350

```

Leu Thr Arg Leu Cys Thr Leu Gly Tyr Thr His Cys Val Asn Ile Asp  
           355                          360                          365  
 Asn Asp Ala Phe Asn  
           370  
 <210> 199  
 <211> 679  
 <212> DNA  
 <213> Helicobacter pylori  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(678)  
 <400> 199  
 cac gct tac aat aaa gaa gtg gag tta gtt tta agc act aat ggt ttt 48  
 His Ala Tyr Asn Lys Glu Val Glu Leu Val Leu Ser Thr Asn Gly Phe  
   1                  5                  10                  15  
 tta ctc aaa aaa atg gct aag gat tta aaa aat gcc ggg tta gcg caa 96  
 Leu Leu Lys Lys Met Ala Lys Asp Leu Lys Asn Ala Gly Leu Ala Gln  
           20                  25                  30  
 gtg aat gtt tca ttg gat tct tta aaa agc gat agg gtt tta aaa atc 144  
 Val Asn Val Ser Leu Asp Ser Leu Lys Ser Asp Arg Val Leu Lys Ile  
           35                  40                  45  
 tct caa aaa gac gct ctt aaa aac acg cta gaa ggg att gaa gag tct 192  
 Ser Gln Lys Asp Ala Leu Lys Asn Thr Leu Glu Gly Ile Glu Glu Ser  
           50                  55                  60  
 ttg aaa gtg ggt tta aaa ctc aaa tta aac acg gtt gtg ata aaa agc 240  
 Leu Lys Val Gly Leu Lys Leu Lys Leu Asn Thr Val Val Ile Lys Ser  
           65                  70                  75                  80  
 gtt aat gat gat gaa atc tta gag ctt tta gaa tac gca aaa aat agg 288  
 Val Asn Asp Asp Glu Ile Leu Glu Leu Leu Glu Tyr Ala Lys Asn Arg  
                   85                  90                  95  
 cat ata caa atc cgc tac att gaa ttt atg gaa aac acg cat gct aaa 336  
 His Ile Gln Ile Arg Tyr Ile Glu Phe Met Glu Asn Thr His Ala Lys  
           100                  105                  110  
 agt ttg gtt aaa ggc ttg aaa gag cga gaa att tta gat ttg atc gct 384  
 Ser Leu Val Lys Gly Leu Lys Glu Arg Glu Ile Leu Asp Leu Ile Ala  
           115                  120                  125  
 caa aaa tat caa atc att gag gca gaa aaa ccc aaa caa ggg tct tct 432  
 Gln Lys Tyr Gln Ile Ile Glu Ala Glu Lys Pro Lys Gln Gly Ser Ser  
           130                  135                  140  
 aaa atc tac acg cta gaa aat ggc tat caa ttt ggc att atc gct ccg 480  
 Lys Ile Tyr Thr Leu Glu Asn Gly Tyr Gln Phe Gly Ile Ile Ala Pro  
           145                  150                  155                  160  
 cat agc gat gat ttt tgc caa tct tgc aat cgt atc cgt ttg gct tct 528  
 His Ser Asp Asp Phe Cys Gln Ser Cys Asn Arg Ile Arg Leu Ala Ser  
           165                  170                  175  
 gat ggt aag att tgc cca tgt tta tac tat caa gac gcc ata gac gct 576  
 Asp Gly Lys Ile Cys Pro Cys Leu Tyr Tyr Gln Asp Ala Ile Asp Ala  
           180                  185                  190  
 aaa gag gcg atc atc aat aag gat aca aaa aat ata aaa agg ctt tta 624  
 Lys Glu Ala Ile Ile Asn Lys Asp Thr Lys Asn Ile Lys Arg Leu Leu  
           195                  200                  205  
 aag caa tct gtc atc aat aaa cca gaa aaa aac atg tgg aat gat aaa 672  
 Lys Gln Ser Val Ile Asn Lys Pro Glu Lys Asn Met Trp Asn Asp Lys  
           210                  215                  220  
 aac agc g  
 Asn Ser  
   225  
 <210> 200  
 <211> 226  
 <212> PRT  
 <213> Helicobacter pylori

<400> 200  
 His Ala Tyr Asn Lys Glu Val Glu Leu Val Leu Ser Thr Asn Gly Phe  
 1 5 10 15  
 Leu Leu Lys Lys Met Ala Lys Asp Leu Lys Asn Ala Gly Leu Ala Gln  
 20 25 30  
 Val Asn Val Ser Leu Asp Ser Leu Lys Ser Asp Arg Val Leu Lys Ile  
 35 40 45  
 Ser Gln Lys Asp Ala Leu Lys Asn Thr Leu Glu Gly Ile Glu Glu Ser  
 50 55 60  
 Leu Lys Val Gly Leu Lys Leu Lys Leu Asn Thr Val Val Ile Lys Ser  
 65 70 75 80  
 Val Asn Asp Asp Glu Ile Leu Glu Leu Leu Glu Tyr Ala Lys Asn Arg  
 85 90 95  
 His Ile Gln Ile Arg Tyr Ile Glu Phe Met Glu Asn Thr His Ala Lys  
 100 105 110  
 Ser Leu Val Lys Gly Leu Lys Glu Arg Glu Ile Leu Asp Leu Ile Ala  
 115 120 125  
 Gln Lys Tyr Gln Ile Ile Glu Ala Glu Lys Pro Lys Gln Gly Ser Ser  
 130 135 140  
 Lys Ile Tyr Thr Leu Glu Asn Gly Tyr Gln Phe Gly Ile Ile Ala Pro  
 145 150 155 160  
 His Ser Asp Asp Phe Cys Gln Ser Cys Asn Arg Ile Arg Leu Ala Ser  
 165 170 175  
 Asp Gly Lys Ile Cys Pro Cys Leu Tyr Gln Asp Ala Ile Asp Ala  
 180 185 190  
 Lys Glu Ala Ile Ile Asn Lys Asp Thr Lys Asn Ile Lys Arg Leu Leu  
 195 200 205  
 Lys Gln Ser Val Ile Asn Lys Pro Glu Lys Asn Met Trp Asn Asp Lys  
 210 215 220  
 Asn Ser  
 225  
 <210> 201  
 <211> 486  
 <212> DNA  
 <213> Helicobacter pylori  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(486)  
 <400> 201  
 ttt ttt gtc ttg gct ttt ata gat tta gcg atc aaa cgc cgc caa tac 48  
 Phe Phe Val Leu Ala Phe Ile Asp Leu Ala Ile Lys Arg Arg Gln Tyr  
 1 5 10 15  
 acc aac tct tta aaa atg act aaa caa gaa gtt aag gac gaa tac aaa 96  
 Thr Asn Ser Leu Lys Met Thr Lys Gln Glu Val Lys Asp Glu Tyr Lys  
 20 25 30  
 cag caa gaa ggg aac cca gaa atc aaa gcc aaa atc cgc caa atg atg 144  
 Gln Gln Glu Gly Asn Pro Glu Ile Lys Ala Lys Ile Arg Gln Met Met  
 35 40 45  
 cta aaa aac gcc acg aat aaa atg atg caa gaa atc cct aaa gcc aat 192  
 Leu Lys Asn Ala Thr Asn Lys Met Met Gln Glu Ile Pro Lys Ala Asn  
 50 55 60  
 gtc gtg gtt act aac ccc acc cat tac gcc gtc gct ctc aaa ttt gat 240  
 Val Val Val Thr Asn Pro Thr His Tyr Ala Val Ala Leu Lys Phe Asp  
 65 70 75 80  
 gaa gaa cac cct gtg cct gtg gta gtg gct aaa ggc acg gat tat tta 288  
 Glu Glu His Pro Val Pro Val Val Val Lys Gly Thr Asp Tyr Leu  
 85 90 95  
 gcc att agg att aag ggc atc gct aga gag cat gac ata gaa att ata 336  
 Ala Ile Arg Ile Lys Gly Ile Ala Arg Glu His Asp Ile Glu Ile Ile  
 100 105 110  
 gaa aat aaa acg ctc gcc aga gag ott tat aga gat gtg aaa tta aac 384

Glu Asn Lys Thr Leu Ala Arg Glu Leu Tyr Arg Asp Val Lys Leu Asn  
 115 120 125  
 gct gcc ata cca gaa gaa ttg ttt gaa gcc gtg gcg ata gtc ttc gct 432  
 Ala Ala Ile Pro Glu Glu Leu Phe Glu Ala Val Ala Ile Val Phe Ala  
 130 135 140  
 caa gtg gct aaa tta gag caa gaa cgc caa aaa caa aag atc att aaa 480  
 Gln Val Ala Lys Leu Glu Gln Glu Arg Gln Lys Gln Lys Ile Ile Lys  
 145 150 155 160  
 cct ctt 486  
 Pro Leu  
 <210> 202  
 <211> 162  
 <212> PRT  
 <213> Helicobacter pylori  
 <400> 202  
 Phe Phe Val Leu Ala Phe Ile Asp Leu Ala Ile Lys Arg Arg Gln Tyr  
 1 5 10 15  
 Thr Asn Ser Leu Lys Met Thr Lys Gln Glu Val Lys Asp Glu Tyr Lys  
 20 25 30  
 Gln Gln Glu Gly Asn Pro Glu Ile Lys Ala Lys Ile Arg Gln Met Met  
 35 40 45  
 Leu Lys Asn Ala Thr Asn Lys Met Met Gln Glu Ile Pro Lys Ala Asn  
 50 55 60  
 Val Val Val Thr Asn Pro Thr His Tyr Ala Val Ala Leu Lys Phe Asp  
 65 70 75 80  
 Glu Glu His Pro Val Pro Val Val Val Ala Lys Gly Thr Asp Tyr Leu  
 85 90 95  
 Ala Ile Arg Ile Lys Gly Ile Ala Arg Glu His Asp Ile Glu Ile Ile  
 100 105 110  
 Glu Asn Lys Thr Leu Ala Arg Glu Leu Tyr Arg Asp Val Lys Leu Asn  
 115 120 125  
 Ala Ala Ile Pro Glu Glu Leu Phe Glu Ala Val Ala Ile Val Phe Ala  
 130 135 140  
 Gln Val Ala Lys Leu Glu Gln Glu Arg Gln Lys Gln Lys Ile Ile Lys  
 145 150 155 160  
 Pro Leu  
 <210> 203  
 <211> 174  
 <212> DNA  
 <213> Helicobacter pylori  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(174)  
 <400> 203  
 acc gga aga acc cat caa atc aga gtc cat tta aag cat atc aac cac 48  
 Thr Gly Arg Thr His Gln Ile Arg Val His Leu Lys His Ile Asn His  
 1 5 10 15  
 ccc att ata ggc gat acg ctt tat aat aac gag cca agt tta gcc aaa 96  
 Pro Ile Ile Gly Asp Thr Leu Tyr Asn Asn Glu Pro Ser Leu Ala Lys  
 20 25 30  
 cgc ttg atg ctc cat gca cat aaa atc gcg cta cta ggg tat gaa ttt 144  
 Arg Leu Met Leu His Ala His Lys Ile Ala Leu Leu Gly Tyr Glu Phe  
 35 40 45  
 gaa gcg atc gct cct aaa gaa ttt gaa att 174  
 Glu Ala Ile Ala Pro Lys Glu Phe Glu Ile  
 50 55  
 <210> 204  
 <211> 58  
 <212> PRT  
 <213> Helicobacter pylori

```

<400> 204
Thr Gly Arg Thr His Gln Ile Arg Val His Leu Lys His Ile Asn His
 1           5           10           15
Pro Ile Ile Gly Asp Thr Leu Tyr Asn Asn Glu Pro Ser Leu Ala Lys
      20           25           30
Arg Leu Met Leu His Ala His Lys Ile Ala Leu Leu Gly Tyr Glu Phe
      35           40           45
Glu Ala Ile Ala Pro Lys Glu Phe Glu Ile
      50           55
<210> 205
<211> 69
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(69)
<400> 205
caa gaa atg cac att ctt atg atc cac atc tta tgc gat tgc att gaa 48
Gln Glu Met His Ile Leu Met Ile His Ile Leu Cys Asp Cys Ile Glu
 1           5           10           15
agg cat ttc gct cat aaa aat
Arg His Phe Ala His Lys Asn
      20
<210> 206
<211> 23
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 206
Gln Glu Met His Ile Leu Met Ile His Ile Leu Cys Asp Cys Ile Glu
 1           5           10           15
Arg His Phe Ala His Lys Asn
      20
<210> 207
<211> 423
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(423)
<400> 207
agg cat tat gaa acg atg ttt att ctc aaa cct act tta gta gaa gaa 48
Arg His Tyr Glu Thr Met Phe Ile Leu Lys Pro Thr Leu Val Glu Glu
 1           5           10           15
gag att aaa tcc aag att gag ttt tat aaa gaa gtg atc act aag cat 96
Glu Ile Lys Ser Lys Ile Glu Phe Tyr Lys Glu Val Ile Thr Lys His
      20           25           30
cac ggc gtg att gaa acg agc ctg gat atg ggc atg cgt aat tta gct 144
His Gly Val Ile Glu Thr Ser Leu Asp Met Gly Met Arg Asn Leu Ala
      35           40           45
tat gaa atc aaa aag cac aaa aga ggc tat tat tat gtg gcg tat ttc 192
Tyr Glu Ile Lys Lys His Lys Arg Gly Tyr Tyr Tyr Val Ala Tyr Phe
      50           55           60
aaa gcg gag ccg tca atg att gta gag ctt gaa cga ttg tat cgc atc 240
Lys Ala Glu Pro Ser Met Ile Val Glu Leu Glu Arg Leu Tyr Arg Ile
      65           70           75           80
aat gaa gac gtg ttg cgt ttc att gtg atc aaa tac gaa agc aag aaa 288
Asn Glu Asp Val Leu Arg Phe Ile Val Ile Lys Tyr Glu Ser Lys Lys
      85           90           95
gaa gtg gaa gcg tgg cat gcg ttg gtg gat agg gct aat aaa aag cca 336
Glu Val Glu Ala Trp His Ala Leu Val Asp Arg Ala Asn Lys Lys Pro
      100           105           110

```

```

tcg cac gcc aaa gaa aaa cac gaa aaa acc gaa cac acg cat tct cac 384
Ser His Ala Lys Glu Lys His Glu Lys Thr Glu His Thr His Ser His
      115      120      125
cac aca gag gaa gca gaa agc gta gga tct cat agc gaa 423
His Thr Glu Glu Ala Glu Ser Val Gly Ser His Ser Glu
      130      135      140
<210> 208
<211> 141
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 208
Arg His Tyr Glu Thr Met Phe Ile Leu Lys Pro Thr Leu Val Glu Glu
  1      5      10      15
Glu Ile Lys Ser Lys Ile Glu Phe Tyr Lys Glu Val Ile Thr Lys His
      20      25      30
His Gly Val Ile Glu Thr Ser Leu Asp Met Gly Met Arg Asn Leu Ala
      35      40      45
Tyr Glu Ile Lys Lys His Lys Arg Gly Tyr Tyr Tyr Val Ala Tyr Phe
      50      55      60
Lys Ala Glu Pro Ser Met Ile Val Glu Leu Glu Arg Leu Tyr Arg Ile
      65      70      75      80
Asn Glu Asp Val Leu Arg Phe Ile Val Ile Lys Tyr Glu Ser Lys Lys
      85      90      95
Glu Val Glu Ala Trp His Ala Leu Val Asp Arg Ala Asn Lys Lys Pro
      100      105      110
Ser His Ala Lys Glu Lys His Glu Lys Thr Glu His Thr His Ser His
      115      120      125
His Thr Glu Glu Ala Glu Ser Val Gly Ser His Ser Glu
      130      135      140
<210> 209
<211> 212
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)...(210)
<400> 209
tca agc gat aac ccg cta gcc gat gag ccg gat ttg gat tac gct aac 48
Ser Ser Asp Asn Pro Leu Ala Asp Glu Pro Asp Leu Asp Tyr Ala Asn
  1      5      10      15
atg agc gct gaa gaa gtg gaa gca gag att gaa cgg ctg ctg aac aaa 96
Met Ser Ala Glu Glu Val Glu Ala Glu Ile Glu Arg Leu Leu Asn Lys
      20      25      30
cgc caa gaa gcc gat aaa gaa cga aga gct caa aaa aaa caa gaa gcc 144
Arg Gln Glu Ala Asp Lys Glu Arg Arg Ala Gln Lys Lys Gln Glu Ala
      35      40      45
aaa ccc aaa caa gaa gtt acc cca aca aaa gaa acc ccc aaa gcc cct 192
Lys Pro Lys Gln Glu Val Thr Pro Thr Lys Glu Thr Pro Lys Ala Pro
      50      55      60
aaa acc gaa act aaa gct aa 212
Lys Thr Glu Thr Lys Ala
      65      70
<210> 210
<211> 70
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 210
Ser Ser Asp Asn Pro Leu Ala Asp Glu Pro Asp Leu Asp Tyr Ala Asn
  1      5      10      15
Met Ser Ala Glu Glu Val Glu Ala Glu Ile Glu Arg Leu Leu Asn Lys
      20      25      30

```

Arg Gln Glu Ala Asp Lys Glu Arg Arg Ala Gln Lys Lys Gln Glu Ala  
                   35                  40                  45  
 Lys Pro Lys Lys Gln Glu Val Thr Pro Thr Lys Glu Thr Pro Lys Ala Pro  
                   50                  55                  60  
 Lys Thr Glu Thr Lys Ala  
                   65                  70  
 <210> 211  
 <211> 798  
 <212> DNA  
 <213> Helicobacter pylori  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(798)  
 <400> 211  
 gca gaa gaa agt aaa ggg agt gtt gca aaa tat aaa ata gaa gct caa 48  
 Ala Glu Glu Ser Lys Gly Ser Val Ala Lys Tyr Lys Ile Glu Ala Gln  
   1                  5                  10                  15  
 tac agc att gat ttt gat tct gca gaa cac act tca ctt ttc att ccc 96  
 Tyr Ser Ile Asp Phe Asp Ser Ala Glu His Thr Ser Leu Phe Ile Pro  
                   20                  25                  30  
 atg ccg agt gtt gta gcg agc aat gtg cat tta caa ggc aat cat gct 144  
 Met Pro Ser Val Val Ala Ser Asn Val His Leu Gln Gly Asn His Ala  
                   35                  40                  45  
 agc tat aaa agc atg ctc aat ttt gga gtg cct tat ttg caa gtg gat 192  
 Ser Tyr Lys Ser Met Leu Asn Phe Gly Val Pro Tyr Leu Gln Val Asp  
                   50                  55                  60  
 ttt tta aaa agc act caa aaa aag caa gtc cat ttg tct tat gag atc 240  
 Phe Leu Lys Ser Thr Gln Lys Lys Gln Val His Leu Ser Tyr Glu Ile  
                   65                  70                  75                  80  
 gct agc tat caa ttg aat gag cgt ttg ttt gaa acg agc gat ttt gta 288  
 Ala Ser Tyr Gln Leu Asn Glu Arg Leu Phe Glu Thr Ser Asp Phe Val  
                   85                  90                  95  
 gca atg ggg cgt tat gaa aga gac gat gcg agc gtg gct aac att gcc 336  
 Ala Met Gly Arg Tyr Glu Arg Asp Asp Ala Ser Val Ala Asn Ile Ala  
                   100                  105                  110  
 aac cag ctt aag gga aca acc cct aaa gaa agc gtt cgc aat ttt tat 384  
 Asn Gln Leu Lys Gly Thr Thr Pro Lys Glu Ser Val Arg Asn Phe Tyr  
                   115                  120                  125  
 gcg ttc atc aag cat gag atg cct aag aga cag aag gct tta gag ggt 432  
 Ala Phe Ile Lys His Glu Met Pro Lys Arg Gln Lys Ala Leu Glu Gly  
                   130                  135                  140  
 aaa gaa aat tta cct aag cgt gag agt ttg ccc tgg ttt gca acc att 480  
 Lys Glu Asn Leu Pro Lys Arg Glu Ser Leu Pro Trp Phe Ala Thr Ile  
                   145                  150                  155                  160  
 tca aaa gag agc atg ttt gtg tcc tta tgc cat gcg tgc ggg att aaa 528  
 Ser Lys Glu Ser Met Phe Val Ser Leu Cys His Ala Cys Gly Ile Lys  
                   165                  170                  175  
 agc gct gaa gtg caa ggc ttg aaa ctg ggt caa aac agc gtg gtg aaa 576  
 Ser Ala Glu Val Gln Gly Leu Lys Leu Gly Gln Asn Ser Val Val Lys  
                   180                  185                  190  
 aac gct cct aga gtg gaa gtg tat ttg aaa gat tca ttt cta gcg ttt 624  
 Asn Ala Pro Arg Val Glu Val Tyr Leu Lys Asp Ser Phe Leu Ala Phe  
                   195                  200                  205  
 gat ttt caa aat aat cac aag gaa gtt ttt atc ccg ttg aat cgt cat 672  
 Asp Phe Gln Asn Asn His Lys Glu Val Phe Ile Pro Leu Asn Arg His  
                   210                  215                  220  
 aaa gac atg cag tta gat tct gcc tta ttg gcg act ttt ggc gat gct 720  
 Lys Asp Met Gln Leu Asp Ser Ala Leu Leu Ala Thr Phe Gly Asp Ala  
                   225                  230                  235                  240  
 ttt gcc ctt gtg gat ggt agg gat tta ggc aat tac gag agc aaa ctt 768  
 Phe Ala Leu Val Asp Gly Arg Asp Leu Gly Asn Tyr Glu Ser Lys Leu

```

                245                250                255
ttt gaa aaa aga gtg tcc tat acg att gtc
Phe Glu Lys Arg Val Ser Tyr Thr Ile Val
                260                265
<210> 212
<211> 266
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 212
Ala Glu Glu Ser Lys Gly Ser Val Ala Lys Tyr Lys Ile Glu Ala Gln
  1          5          10          15
Tyr Ser Ile Asp Phe Asp Ser Ala Glu His Thr Ser Leu Phe Ile Pro
  20          25          30
Met Pro Ser Val Val Ala Ser Asn Val His Leu Gln Gly Asn His Ala
  35          40          45
Ser Tyr Lys Ser Met Leu Asn Phe Gly Val Pro Tyr Leu Gln Val Asp
  50          55          60
Phe Leu Lys Ser Thr Gln Lys Lys Gln Val His Leu Ser Tyr Glu Ile
  65          70          75          80
Ala Ser Tyr Gln Leu Asn Glu Arg Leu Phe Glu Thr Ser Asp Phe Val
  85          90          95
Ala Met Gly Arg Tyr Glu Arg Asp Asp Ala Ser Val Ala Asn Ile Ala
  100         105         110
Asn Gln Leu Lys Gly Thr Thr Pro Lys Glu Ser Val Arg Asn Phe Tyr
  115         120         125
Ala Phe Ile Lys His Glu Met Pro Lys Arg Gln Lys Ala Leu Glu Gly
  130         135         140
Lys Glu Asn Leu Pro Lys Arg Glu Ser Leu Pro Trp Phe Ala Thr Ile
  145         150         155         160
Ser Lys Glu Ser Met Phe Val Ser Leu Cys His Ala Cys Gly Ile Lys
  165         170         175
Ser Ala Glu Val Gln Gly Leu Lys Leu Gly Gln Asn Ser Val Val Lys
  180         185         190
Asn Ala Pro Arg Val Glu Val Tyr Leu Lys Asp Ser Phe Leu Ala Phe
  195         200         205
Asp Phe Gln Asn Asn His Lys Glu Val Phe Ile Pro Leu Asn Arg His
  210         215         220
Lys Asp Met Gln Leu Asp Ser Ala Leu Leu Ala Thr Phe Gly Asp Ala
  225         230         235         240
Phe Ala Leu Val Asp Gly Arg Asp Leu Gly Asn Tyr Glu Ser Lys Leu
  245         250         255
Phe Glu Lys Arg Val Ser Tyr Thr Ile Val
  260         265
<210> 213
<211> 170
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(168)
<400> 213
tgc atg ttt gat ggc tat acg cat tat ttg aat ttg gtg ctt gtc aat 48
Cys Met Phe Asp Gly Tyr Thr His Tyr Leu Asn Leu Val Leu Val Asn
  1          5          10          15
tgc ccc ata gag ctc tct ggt gtg cga gaa tgc att gaa gaa agc gaa 96
Cys Pro Ile Glu Leu Ser Gly Val Arg Glu Cys Ile Glu Glu Ser Glu
  20          25          30
ggg gtg gat ggg gca gtg agt gaa acc gct agt tct cat tta tgc gtg 144
Gly Val Asp Gly Ala Val Ser Glu Thr Ala Ser Ser His Leu Cys Val
  35          40          45
aaa gct tta gcg aaa ggc tca gaa cc 170

```

Lys Ala Leu Ala Lys Gly Ser Glu  
 50 55  
 <210> 214  
 <211> 56  
 <212> PRT  
 <213> Helicobacter pylori  
 <400> 214  
 Cys Met Phe Asp Gly Tyr Thr His Tyr Leu Asn Leu Val Leu Val Asn  
 1 5 10 15  
 Cys Pro Ile Glu Leu Ser Gly Val Arg Glu Cys Ile Glu Glu Ser Glu  
 20 25 30  
 Gly Val Asp Gly Ala Val Ser Glu Thr Ala Ser Ser His Leu Cys Val  
 35 40 45  
 Lys Ala Leu Ala Lys Gly Ser Glu  
 50 55  
 <210> 215  
 <211> 717  
 <212> DNA  
 <213> Helicobacter pylori  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(717)  
 <400> 215  
 ggc ggg att gcg tgc gcg aat ttg ttg cat aaa aat tca ggg atc acg 48  
 Gly Gly Ile Ala Cys Ala Asn Leu Leu His Lys Asn Ser Gly Ile Thr  
 1 5 10 15  
 ata gat att gga ggg ggt agc acc gag tgc gcg ttg att gaa aaa ggc 96  
 Ile Asp Ile Gly Gly Gly Ser Thr Glu Cys Ala Leu Ile Glu Lys Gly  
 20 25 30  
 aag att aag gac tta atc tcg ctt gat gtt ggg acg att cgc att aaa 144  
 Lys Ile Lys Asp Leu Ile Ser Leu Asp Val Gly Thr Ile Arg Ile Lys  
 35 40 45  
 gaa atg ttt tta gac aaa gac tta gag gtc aaa ttg gct aaa gcc ttt 192  
 Glu Met Phe Leu Asp Lys Asp Leu Glu Val Lys Leu Ala Lys Ala Phe  
 50 55 60  
 atc caa aaa gaa gtc tct aaa ctg ccc ttt aaa cac aaa aac gcc ttt 240  
 Ile Gln Lys Glu Val Ser Lys Leu Pro Phe Lys His Lys Asn Ala Phe  
 65 70 75 80  
 ggg gtg ggg ggg acg atc aga gcg ttg agt aag gta ttg atg aaa cgc 288  
 Gly Val Gly Gly Thr Ile Arg Ala Leu Ser Lys Val Leu Met Lys Arg  
 85 90 95  
 ttt tgt tac cct att gat tct ttg cat ggc tat gaa ata gat gca cat 336  
 Phe Cys Tyr Pro Ile Asp Ser Leu His Gly Tyr Glu Ile Asp Ala His  
 100 105 110  
 aaa aat tta gcg ttc att gaa aaa atc gtc atg ctc aaa gaa gat caa 384  
 Lys Asn Leu Ala Phe Ile Glu Lys Ile Val Met Leu Lys Glu Asp Gln  
 115 120 125  
 tta cgg ctt tta ggg gtg aat gaa gag cgt ttg gat agc atc agg agc 432  
 Leu Arg Leu Leu Gly Val Asn Glu Glu Arg Leu Asp Ser Ile Arg Ser  
 130 135 140  
 ggg gcg ttg att tta tca gtc gtt ttg gag cat tta aaa act tct tta 480  
 Gly Ala Leu Ile Leu Ser Val Val Leu Glu His Leu Lys Thr Ser Leu  
 145 150 155 160  
 atg atc act agt ggg gtg ggg gtg aga gaa ggc gtg ttt ttg agc gat 528  
 Met Ile Thr Ser Gly Val Gly Val Arg Glu Gly Val Phe Leu Ser Asp  
 165 170 175  
 tta ttg cgc cat cat tac cat aaa ttc ccc ccc aat atc aac ccc tct 576  
 Leu Leu Arg His His Tyr His Lys Phe Pro Pro Asn Ile Asn Pro Ser  
 180 185 190  
 ctc atc tct tta aaa gat cgc ttt ttg ccc cat gaa aag cac agc caa 624  
 Leu Ile Ser Leu Lys Asp Arg Phe Leu Pro His Glu Lys His Ser Gln

```

195          200          205
aag gtc aaa aaa gaa tgc gtg aaa ttg ttt gaa gcc tta tcg cct ttg 672
Lys Val Lys Lys Glu Cys Val Lys Leu Phe Glu Ala Leu Ser Pro Leu
210          215          220
cat aaa ata gat gaa aaa tac ctt ttc cat tta aag att gcg ggg 717
His Lys Ile Asp Glu Lys Tyr Leu Phe His Leu Lys Ile Ala Gly
225          230          235
<210> 216
<211> 239
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 216
Gly Gly Ile Ala Cys Ala Asn Leu Leu His Lys Asn Ser Gly Ile Thr
1 5 10 15
Ile Asp Ile Gly Gly Gly Ser Thr Glu Cys Ala Leu Ile Glu Lys Gly
20 25 30
Lys Ile Lys Asp Leu Ile Ser Leu Asp Val Gly Thr Ile Arg Ile Lys
35 40 45
Glu Met Phe Leu Asp Lys Asp Leu Glu Val Lys Leu Ala Lys Ala Phe
50 55 60
Ile Gln Lys Glu Val Ser Lys Leu Pro Phe Lys His Lys Asn Ala Phe
65 70 75 80
Gly Val Gly Gly Thr Ile Arg Ala Leu Ser Lys Val Leu Met Lys Arg
85 90 95
Phe Cys Tyr Pro Ile Asp Ser Leu His Gly Tyr Glu Ile Asp Ala His
100 105 110
Lys Asn Leu Ala Phe Ile Glu Lys Ile Val Met Leu Lys Glu Asp Gln
115 120 125
Leu Arg Leu Leu Gly Val Asn Glu Glu Arg Leu Asp Ser Ile Arg Ser
130 135 140
Gly Ala Leu Ile Leu Ser Val Val Leu Glu His Leu Lys Thr Ser Leu
145 150 155 160
Met Ile Thr Ser Gly Val Gly Val Arg Glu Gly Val Phe Leu Ser Asp
165 170 175
Leu Leu Arg His His Tyr His Lys Phe Pro Pro Asn Ile Asn Pro Ser
180 185 190
Leu Ile Ser Leu Lys Asp Arg Phe Leu Pro His Glu Lys His Ser Gln
195 200 205
Lys Val Lys Lys Glu Cys Val Lys Leu Phe Glu Ala Leu Ser Pro Leu
210 215 220
His Lys Ile Asp Glu Lys Tyr Leu Phe His Leu Lys Ile Ala Gly
225 230 235
<210> 217
<211> 480
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(480)
<400> 217
tct tct tta caa agc gaa cac atc aat tcc ccc ctt gtc cca gaa gcg 48
Ser Ser Leu Gln Ser Glu His Ile Asn Ser Pro Leu Val Pro Glu Ala
1 5 10 15
atg cta gct tta ggg caa gcg cac atg aaa aag aaa gag tat gtt tta 96
Met Leu Ala Leu Gly Gln Ala His Met Lys Lys Lys Glu Tyr Val Leu
20 25 30
gcg tct ttt tac ttt gat gaa tac atc aag cgc ttt ggg act aag gac 144
Ala Ser Phe Tyr Phe Asp Glu Tyr Ile Lys Arg Phe Gly Thr Lys Asp
35 40 45
aat gtg gat tat ttg act ttt tta aaa ttg caa tcg cat tat tac gct 192
Asn Val Asp Tyr Leu Thr Phe Leu Lys Leu Gln Ser His Tyr Tyr Ala

```

```

      50      55      60
ttc aaa aac cat tct aaa gac cag gaa ttt atc tct aat tct att gtg 240
Phe Lys Asn His Ser Lys Asp Gln Glu Phe Ile Ser Asn Ser Ile Val
      65      70      75      80
agt tta ggc gaa ttt ata gaa aaa tac cct aac agc cgt tac cgc ccc 288
Ser Leu Gly Glu Phe Ile Glu Lys Tyr Pro Asn Ser Arg Tyr Arg Pro
      85      90      95
tat gta gaa tac atg caa atc aaa ttc att tta ggg caa aat gag ctc 336
Tyr Val Glu Tyr Met Gln Ile Lys Phe Ile Leu Gly Gln Asn Glu Leu
      100      105      110
aat cgc gcg atc gcg aat gtc tat aaa aaa cgc cac aag cct gag ggc 384
Asn Arg Ala Ile Ala Asn Val Tyr Lys Lys Arg His Lys Pro Glu Gly
      115      120      125
gtg aaa cgc tat tta gaa agg ata gat gag act tta gaa aaa gag act 432
Val Lys Arg Tyr Leu Glu Arg Ile Asp Glu Thr Leu Glu Lys Glu Thr
      130      135      140
aaa ccc aaa cca tcg cac atg cct tgg tat gtg tta att ttt gat tgg 480
Lys Pro Lys Pro Ser His Met Pro Trp Tyr Val Leu Ile Phe Asp Trp
      145      150      155      160
<210> 218
<211> 160
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 218
Ser Ser Leu Gln Ser Glu His Ile Asn Ser Pro Leu Val Pro Glu Ala
  1      5      10      15
Met Leu Ala Leu Gly Gln Ala His Met Lys Lys Lys Glu Tyr Val Leu
      20      25      30
Ala Ser Phe Tyr Phe Asp Glu Tyr Ile Lys Arg Phe Gly Thr Lys Asp
      35      40      45
Asn Val Asp Tyr Leu Thr Phe Leu Lys Leu Gln Ser His Tyr Tyr Ala
      50      55      60
Phe Lys Asn His Ser Lys Asp Gln Glu Phe Ile Ser Asn Ser Ile Val
      65      70      75      80
Ser Leu Gly Glu Phe Ile Glu Lys Tyr Pro Asn Ser Arg Tyr Arg Pro
      85      90      95
Tyr Val Glu Tyr Met Gln Ile Lys Phe Ile Leu Gly Gln Asn Glu Leu
      100      105      110
Asn Arg Ala Ile Ala Asn Val Tyr Lys Lys Arg His Lys Pro Glu Gly
      115      120      125
Val Lys Arg Tyr Leu Glu Arg Ile Asp Glu Thr Leu Glu Lys Glu Thr
      130      135      140
Lys Pro Lys Pro Ser His Met Pro Trp Tyr Val Leu Ile Phe Asp Trp
      145      150      155      160
<210> 219
<211> 814
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(813)
<400> 219
gac agc aaa aaa gac gct tgc ggg ttc atc tat gag atc agc gag ttc 48
Asp Ser Lys Lys Asp Ala Cys Gly Phe Ile Tyr Glu Ile Ser Glu Phe
  1      5      10      15
atg aaa gcc tat acc gca ttg cta aaa aaa caa gac cga tac gtc tat 96
Met Lys Ala Tyr Thr Ala Leu Leu Lys Lys Gln Asp Arg Tyr Val Tyr
      20      25      30
tta ttg agg tat ctc ccc tct agg tat tgg gcc agc att tta acg act 144
Leu Leu Arg Tyr Leu Pro Ser Arg Tyr Trp Ala Ser Ile Leu Thr Thr
      35      40      45

```

gcc ctt tat gtc aaa tac cct gat ttt gac gct ttg aaa aag ctt ttg 192  
 Ala Leu Tyr Val Lys Tyr Pro Asp Phe Asp Ala Leu Lys Lys Leu Leu  
 50 55 60  
 gtg tct tat tat tac caa act tgg att gca gga ggc acg atc acg cgc 240  
 Val Ser Tyr Tyr Tyr Gln Thr Trp Ile Ala Gly Gly Thr Ile Thr Arg  
 65 70 75 80  
 atc aag caa acc agt atc aac att atc aaa aac gtt aaa agc aat aag 288  
 Ile Lys Gln Thr Ser Ile Asn Ile Ile Lys Asn Val Lys Ser Asn Lys  
 85 90 95  
 agc gtt gaa acc atc aaa gag ctt ata ttg aat agc atc gac tct tat 336  
 Ser Val Glu Thr Ile Lys Glu Leu Ile Leu Asn Ser Ile Asp Ser Tyr  
 100 105 110  
 aac acc ttt gat caa tac ctc tat aac tta tgg gat agc tct tct gtt 384  
 Asn Thr Phe Asp Gln Tyr Leu Tyr Asn Leu Trp Asp Ser Ser Val  
 115 120 125  
 tat cat agc aaa tgg gtg cgt cct gtc tta gcc cta gct aat tat ttc 432  
 Tyr His Ser Lys Trp Val Arg Pro Val Leu Ala Leu Ala Asn Tyr Phe  
 130 135 140  
 atg gca gat gaa gag aaa ccc cat ttt atc gct atg gat gcc gaa acc 480  
 Met Ala Asp Glu Glu Lys Pro His Phe Ile Ala Met Asp Ala Glu Thr  
 145 150 155 160  
 caa gtg gag cat att ttg cca caa acg ccc aaa aga ggc agt caa tgg 528  
 Gln Val Glu His Ile Leu Pro Gln Thr Pro Lys Arg Gly Ser Gln Trp  
 165 170 175  
 aac gcg gat ttt gac aaa gaa aaa aga gaa gaa tgg gta aat aat atc 576  
 Asn Ala Asp Phe Asp Lys Glu Lys Arg Glu Glu Trp Val Asn Asn Ile  
 180 185 190  
 gcg aat tta acc ctt tta aag cgt aaa aag aac gcg cat gct tta aac 624  
 Ala Asn Leu Thr Leu Leu Lys Arg Lys Lys Asn Ala His Ala Leu Asn  
 195 200 205  
 ggg gat ttt gat gaa aaa aga aaa att tat gga ggc aaa gac acg agc 672  
 Gly Asp Phe Asp Glu Lys Arg Lys Ile Tyr Gly Gly Lys Asp Thr Ser  
 210 215 220  
 aaa gtg att agc tgt tat gac atc act aaa gaa ttg tat agc aat tat 720  
 Lys Val Ile Ser Cys Tyr Asp Ile Thr Lys Glu Leu Tyr Ser Asn Tyr  
 225 230 235 240  
 agg aag tgg aat gag aag tcc ctc caa gag cga tac aaa tct ttg tat 768  
 Arg Lys Trp Asn Glu Lys Ser Leu Gln Glu Arg Tyr Lys Ser Leu Tyr  
 245 250 255  
 aac act atc acg cct gtt tta cac ata gag ggg caa gaa gat gat t 814  
 Asn Thr Ile Thr Pro Val Leu His Ile Glu Gly Gln Glu Asp Asp  
 260 265 270

&lt;210&gt; 220

&lt;211&gt; 271

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Helicobacter pylori

&lt;400&gt; 220

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

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

&lt;210&gt; 221

&lt;211&gt; 648

&lt;212&gt; DNA

<213> *Helicobacter pylori*

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(648)

&lt;400&gt; 221

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

```

agc gaa tac aag ccc tta atc gct acc ctt ttg caa gcg cct ttg cat 576
Ser Glu Tyr Lys Pro Leu Ile Ala Thr Leu Leu Gln Ala Pro Leu His
      180      185      190
gtt tta ggg att aga gag cga gtc tct ttt cag cct ttt tac ccc aaa 624
Val Leu Gly Ile Arg Glu Arg Val Ser Phe Gln Pro Phe Tyr Pro Lys
      195      200      205
aca gaa aaa ccc aat cgc cct caa 648
Thr Glu Lys Pro Asn Arg Pro Gln
      210      215
<210> 222
<211> 216
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 222
Lys Tyr Ile Asn Ser Pro Gln Ser Lys Leu Phe Asp Lys Ser Ser Leu
  1      5      10      15
Leu Tyr Gly Tyr His Leu Ala Lys Glu His Ile Tyr Lys Gln Lys Gln
      20      25      30
Val Ile Val Thr Glu Gly Tyr Leu Asp Val Ile Leu Leu His Gln Ala
      35      40      45
Gly Phe Lys Asn Ala Ile Ala Thr Leu Gly Thr Ala Leu Thr Pro Ser
      50      55      60
His Leu Pro Leu Leu Lys Lys Gly Asp Pro Glu Ile Leu Leu Ser Tyr
      65      70      75      80
Asp Gly Asp Lys Ala Gly Arg Asn Ala Ala Tyr Lys Ala Ser Leu Met
      85      90      95
Leu Ala Lys Glu Gln Arg Arg Gly Gly Val Ile Leu Phe Glu Asn Asn
      100      105      110
Leu Asp Pro Ala Asp Met Ile Ala Asn Gly Gln Ile Glu Thr Leu Lys
      115      120      125
Asn Trp Leu Ser His Pro Met Ala Phe Ile Glu Phe Val Leu Arg Arg
      130      135      140
Met Ala Asp Ser Tyr Leu Leu Asp Asp Pro Leu Glu Lys Asp Lys Ala
      145      150      155      160
Leu Lys Glu Met Leu Gly Phe Leu Lys Asn Phe Ser Leu Leu Leu Gln
      165      170      175
Ser Glu Tyr Lys Pro Leu Ile Ala Thr Leu Leu Gln Ala Pro Leu His
      180      185      190
Val Leu Gly Ile Arg Glu Arg Val Ser Phe Gln Pro Phe Tyr Pro Lys
      195      200      205
Thr Glu Lys Pro Asn Arg Pro Gln
      210      215
<210> 223
<211> 864
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(864)
<400> 223
act caa atg gct ttt gat ttt aat acg ccc ttg ttg caa gtc cag cac 48
Thr Gln Met Ala Phe Asp Phe Asn Thr Pro Leu Leu Gln Val Gln His
  1      5      10      15
cac cat gcc cac ttt tta gcg agc gtc tta gac gca ttg tta caa gat 96
His His Ala His Phe Leu Ala Ser Val Leu Asp Ala Leu Leu Gln Asp
      20      25      30
ccg cat tta aat cac ccc ttt ata ggc att gtc tgg gat ggg agt ggg 144
Pro His Leu Asn His Pro Phe Ile Gly Ile Val Trp Asp Gly Ser Gly
      35      40      45
gct tat gaa aat aag att tat ggg gcg gag tgt ttt gtg ggg gat ttg 192
Ala Tyr Glu Asn Lys Ile Tyr Gly Ala Glu Cys Phe Val Gly Asp Leu

```

|                                                                 |     |     |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|-----|
| 50                                                              | 55  | 60  |     |
| gaa cgc att gaa gaa acc gcc agg ttt gaa gaa ttt tgg ctt tta ggg |     |     | 240 |
| Glu Arg Ile Glu Glu Thr Ala Arg Phe Glu Glu Phe Trp Leu Leu Gly |     |     |     |
| 65                                                              | 70  | 75  | 80  |
| ggg caa aaa gcg atc aaa gag cct aga cgc ctg gtt tta gaa atc gct |     |     | 288 |
| Gly Gln Lys Ala Ile Lys Glu Pro Arg Arg Leu Val Leu Glu Ile Ala |     |     |     |
| 85                                                              | 90  | 95  |     |
| tta aaa cac caa ctc aac aag ctt tta aag cgc gtt caa aag cat ttt |     |     | 336 |
| Leu Lys His Gln Leu Asn Lys Leu Lys Arg Val Gln Lys His Phe     |     |     |     |
| 100                                                             | 105 | 110 |     |
| aaa gaa gac gaa tta gaa att ttc caa caa atg cat gac aaa aaa att |     |     | 384 |
| Lys Glu Asp Glu Leu Glu Ile Phe Gln Gln Met His Asp Lys Lys Ile |     |     |     |
| 115                                                             | 120 | 125 |     |
| caa agc ata gcc acc aat tcc ata ggg cgt ttg ttt gat ata gta gcg |     |     | 432 |
| Gln Ser Ile Ala Thr Asn Ser Ile Gly Arg Leu Phe Asp Ile Val Ala |     |     |     |
| 130                                                             | 135 | 140 |     |
| ttt agt ttg gat tta aca gga acg att agc ttt gaa gca gag agc ggg |     |     | 480 |
| Phe Ser Leu Asp Leu Thr Gly Thr Ile Ser Phe Glu Ala Glu Ser Gly |     |     |     |
| 145                                                             | 150 | 155 | 160 |
| cag gtt tta gaa aat cta gcc tta caa agc gat gag atc gct ttt tac |     |     | 528 |
| Gln Val Leu Glu Asn Leu Ala Leu Gln Ser Asp Glu Ile Ala Phe Tyr |     |     |     |
| 165                                                             | 170 | 175 |     |
| cct ttt gaa atc aaa aac agc gtg gtg tgt ttg aaa gaa ttt tat caa |     |     | 576 |
| Pro Phe Glu Ile Lys Asn Ser Val Val Cys Leu Lys Glu Phe Tyr Gln |     |     |     |
| 180                                                             | 185 | 190 |     |
| gcg ttt gaa aag gat ttg ggc gtt tta gag cct gaa cgc atc gct aag |     |     | 624 |
| Ala Phe Glu Lys Asp Leu Gly Val Leu Glu Pro Glu Arg Ile Ala Lys |     |     |     |
| 195                                                             | 200 | 205 |     |
| aaa ttt ttt aac agc cta gta gaa atc att acc gct tta atc gtg cct |     |     | 672 |
| Lys Phe Phe Asn Ser Leu Val Glu Ile Ile Thr Ala Leu Ile Val Pro |     |     |     |
| 210                                                             | 215 | 220 |     |
| ttt aaa gag cat gtg gtg gtg tgc agt ggg ggc gtg ttt tgc aac caa |     |     | 720 |
| Phe Lys Glu His Val Val Val Cys Ser Gly Gly Val Phe Cys Asn Gln |     |     |     |
| 225                                                             | 230 | 235 | 240 |
| tta tta tgc gaa caa tta gcc aaa cga ttg aga ggg cta aag agg cag |     |     | 768 |
| Leu Leu Cys Glu Gln Leu Ala Lys Arg Gly Leu Lys Arg Gln         |     |     |     |
| 245                                                             | 250 | 255 |     |
| tat ttt ttc cac aag cat ttc ccc cct aat gac agc agt atc cct atc |     |     | 816 |
| Tyr Phe Phe His Lys His Phe Pro Pro Asn Asp Ser Ser Ile Pro Ile |     |     |     |
| 260                                                             | 265 | 270 |     |
| ggg caa gcc tta atg gcg tat ttc aac cct aca atc atc aaa aaa gga |     |     | 864 |
| Gly Gln Ala Leu Met Ala Tyr Phe Asn Pro Thr Ile Ile Lys Lys Gly |     |     |     |
| 275                                                             | 280 | 285 |     |
| <210> 224                                                       |     |     |     |
| <211> 288                                                       |     |     |     |
| <212> PRT                                                       |     |     |     |
| <213> Helicobacter pylori                                       |     |     |     |
| <400> 224                                                       |     |     |     |
| Thr Gln Met Ala Phe Asp Phe Asn Thr Pro Leu Leu Gln Val Gln His |     |     |     |
| 1                                                               | 5   | 10  | 15  |
| His His Ala His Phe Leu Ala Ser Val Leu Asp Ala Leu Leu Gln Asp |     |     |     |
| 20                                                              | 25  | 30  |     |
| Pro His Leu Asn His Pro Phe Ile Gly Ile Val Trp Asp Gly Ser Gly |     |     |     |
| 35                                                              | 40  | 45  |     |
| Ala Tyr Glu Asn Lys Ile Tyr Gly Ala Glu Cys Phe Val Gly Asp Leu |     |     |     |
| 50                                                              | 55  | 60  |     |
| Glu Arg Ile Glu Glu Thr Ala Arg Phe Glu Glu Phe Trp Leu Leu Gly |     |     |     |
| 65                                                              | 70  | 75  | 80  |
| Gly Gln Lys Ala Ile Lys Glu Pro Arg Arg Leu Val Leu Glu Ile Ala |     |     |     |
| 85                                                              | 90  | 95  |     |
| Leu Lys His Gln Leu Asn Lys Leu Leu Lys Arg Val Gln Lys His Phe |     |     |     |

```

      100      105      110
Lys Glu Asp Glu Leu Glu Ile Phe Gln Gln Met His Asp Lys Lys Ile
      115      120      125
Gln Ser Ile Ala Thr Asn Ser Ile Gly Arg Leu Phe Asp Ile Val Ala
      130      135      140
Phe Ser Leu Asp Leu Thr Gly Thr Ile Ser Phe Glu Ala Glu Ser Gly
145      150      155      160
Gln Val Leu Glu Asn Leu Ala Leu Gln Ser Asp Glu Ile Ala Phe Tyr
      165      170      175
Pro Phe Glu Ile Lys Asn Ser Val Val Cys Leu Lys Glu Phe Tyr Gln
      180      185      190
Ala Phe Glu Lys Asp Leu Gly Val Leu Glu Pro Glu Arg Ile Ala Lys
      195      200      205
Lys Phe Phe Asn Ser Leu Val Glu Ile Ile Thr Ala Leu Ile Val Pro
      210      215      220
Phe Lys Glu His Val Val Val Cys Ser Gly Gly Val Phe Cys Asn Gln
225      230      235      240
Leu Leu Cys Glu Gln Leu Ala Lys Arg Leu Arg Gly Leu Lys Arg Gln
      245      250      255
Tyr Phe Phe His Lys His Phe Pro Pro Asn Asp Ser Ser Ile Pro Ile
      260      265      270
Gly Gln Ala Leu Met Ala Tyr Phe Asn Pro Thr Ile Ile Lys Lys Gly
      275      280      285
<210> 225
<211> 159
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(159)
<400> 225
caa gga atc tta cct cct acc atc aat caa gaa atg cct gac cca gaa 48
Gln Gly Ile Leu Pro Pro Thr Ile Asn Gln Glu Met Pro Asp Pro Glu
      1      5      10      15
tgc gat ttg gat tat atc cct aat gcg gcc aga gaa aag cga gtg gat 96
Cys Asp Leu Asp Tyr Ile Pro Asn Ala Ala Arg Glu Lys Arg Val Asp
      20      25      30
gca gtg atg agt aac tca ttt ggt ttt ggt ggc act aat ggt gtt gtg 144
Ala Val Met Ser Asn Ser Phe Gly Phe Gly Gly Thr Asn Gly Val Val
      35      40      45
att ttc aaa aaa gcc 159
Ile Phe Lys Lys Ala
      50
<210> 226
<211> 53
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 226
Gln Gly Ile Leu Pro Pro Thr Ile Asn Gln Glu Met Pro Asp Pro Glu
      1      5      10      15
Cys Asp Leu Asp Tyr Ile Pro Asn Ala Ala Arg Glu Lys Arg Val Asp
      20      25      30
Ala Val Met Ser Asn Ser Phe Gly Phe Gly Gly Thr Asn Gly Val Val
      35      40      45
Ile Phe Lys Lys Ala
      50
<210> 227
<211> 1293
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>

```

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(1293)

&lt;400&gt; 227

```

ttt ggg aat aag cag ttg caa ctt caa atc agt cag aaa gat tct gag 48
Phe Gly Asn Lys Gln Leu Gln Leu Gln Ile Ser Gln Lys Asp Ser Glu
1 5 10 15
att gcg gag tta aaa aaa gaa gtc aat ctt tat caa agc ctt tta aat 96
Ile Ala Glu Leu Lys Lys Glu Val Asn Leu Tyr Gln Ser Leu Leu Asn
20 25 30
ttg tgc ttg cat gag ggt ttt gta ggt att aaa aac aat aaa gtc gtt 144
Leu Cys Leu His Glu Gly Phe Val Gly Ile Lys Asn Asn Lys Val Val
35 40 45
ttt aaa agt ggg aat ctt gca agc ttg aac aat tta gaa gaa caa agc 192
Phe Lys Ser Gly Asn Leu Ala Ser Leu Asn Asn Leu Glu Glu Gln Ser
50 55 60
gtt cat ttt aaa gaa aat gca gag agc gtt aat tta caa ggg gtt tct 240
Val His Phe Lys Glu Asn Ala Glu Ser Val Asn Leu Gln Gly Val Ser
65 70 75 80
tat tct tta aaa agc caa aat att gat ggc gtg cag tat ttt tca ttg 288
Tyr Ser Leu Lys Ser Gln Asn Ile Asp Gly Val Gln Tyr Phe Ser Leu
85 90 95
gct aaa aac aca agt tgt gtg ggg gaa tac cat aaa aat gat ttg ttt 336
Ala Lys Asn Thr Ser Cys Val Gly Glu Tyr His Lys Asn Asp Leu Phe
100 105 110
aag act ttt tgc gcg agc tta aaa gaa ggc tta gag aac gcg caa gaa 384
Lys Thr Phe Cys Ala Ser Leu Lys Glu Gly Leu Glu Asn Ala Gln Glu
115 120 125
agc atg cag tat ttc cat caa gaa acc ggt gct ctt tta aat gca gct 432
Ser Met Gln Tyr Phe His Gln Glu Thr Gly Ala Leu Leu Asn Ala Ala
130 135 140
aaa aat ggc gaa gcg cat tct act gaa gga ttg ggg acg gtt aat aaa 480
Lys Asn Gly Glu Ala His Ser Thr Glu Gly Leu Gly Thr Val Asn Lys
145 150 155 160
acg ggg caa gac att gaa tcg ctt tat gaa aag atg caa aac gcc act 528
Thr Gly Gln Asp Ile Glu Ser Leu Tyr Glu Lys Met Gln Asn Ala Thr
165 170 175
tcg cta gcg gac tct ctc aac caa cgg agc aat gaa atc act caa gtc 576
Ser Leu Ala Asp Ser Leu Asn Gln Arg Ser Asn Glu Ile Thr Gln Val
180 185 190
att tct ttg att gat gat att gca gaa caa acc aat cta tta gcc cta 624
Ile Ser Leu Ile Asp Asp Ile Ala Glu Gln Thr Asn Leu Leu Ala Leu
195 200 205
aat gcc gct att gag gcc gcg cga gcg ggc gag cat ggg aga ggg ttt 672
Asn Ala Ala Ile Glu Ala Ala Arg Ala Gly Glu His Gly Arg Gly Phe
210 215 220
gcg gtg gtg gct gat gag gtg aga aaa ctc gct gaa aaa acc caa aaa 720
Ala Val Val Ala Asp Glu Val Arg Lys Leu Ala Glu Lys Thr Gln Lys
225 230 235 240
gcc act aaa gaa atc gct gtt gtc gtt aaa agc atg caa caa gaa gcg 768
Ala Thr Lys Glu Ile Ala Val Val Val Lys Ser Met Gln Gln Glu Ala
245 250 255
aac gat att caa acc aat acc cac gat att aat tct att gta agc tct 816
Asn Asp Ile Gln Thr Asn Thr His Asp Ile Asn Ser Ile Val Ser Ser
260 265 270
att aag ggc gat gtg gaa gag ctt aaa tcc acc gta aaa aat aac atg 864
Ile Lys Gly Asp Val Glu Glu Leu Lys Ser Thr Val Lys Asn Asn Met
275 280 285
att gtt gcg caa gcg gca aaa tac acc atc tac aat atc aat aac cgg 912
Ile Val Ala Gln Ala Ala Lys Tyr Thr Ile Tyr Asn Ile Asn Asn Arg
290 295 300
gtg ttt tgc ggt ttg gcc aaa ctt gat cat gtg gtc ttt aaa aac aat 960

```

```

Val Phe Cys Gly Leu Ala Lys Leu Asp His Val Val Phe Lys Asn Asn
305          310          315          320
ctt tat ggc atg gtt ttt ggt ctc aat tcc ttt gat att acc agc cat 1008
Leu Tyr Gly Met Val Phe Gly Leu Asn Ser Phe Asp Ile Thr Ser His
          325          330          335
aag aat tgc cgt tta ggc aaa tgg tat tat gag ggc gcg ggc aaa gag 1056
Lys Asn Cys Arg Leu Gly Lys Trp Tyr Tyr Glu Gly Ala Gly Lys Glu
          340          345          350
aat ttt tcc aac act tca ggc tat aga gct tta gaa agc cac cat gca 1104
Asn Phe Ser Asn Thr Ser Gly Tyr Arg Ala Leu Glu Ser His His Ala
          355          360          365
agc gtg cat gct gaa gct aat gat ttg gtt aaa gcc gtt caa gaa gac 1152
Ser Val His Ala Glu Ala Asn Asp Leu Val Lys Ala Val Gln Glu Asp
          370          375          380
cac att acc gat tca aaa tac cta gag cat aaa gtg cat tta atg gaa 1200
His Ile Thr Asp Ser Lys Tyr Leu Glu His Lys Val His Leu Met Glu
          385          390          395          400
gat agt gct aaa cat gtt aga gaa aat att gat aag atg ttt tac gaa 1248
Asp Ser Ala Lys His Val Arg Glu Asn Ile Asp Lys Met Phe Tyr Glu
          405          410          415
aaa caa gat gaa ctc aat aaa atc att gaa aaa att caa aaa ggc 1293
Lys Gln Asp Glu Leu Asn Lys Ile Ile Glu Lys Ile Gln Lys Gly
          420          425          430

<210> 228
<211> 431
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 228
Phe Gly Asn Lys Gln Leu Gln Leu Gln Ile Ser Gln Lys Asp Ser Glu
1 5 10 15
Ile Ala Glu Leu Lys Lys Glu Val Asn Leu Tyr Gln Ser Leu Leu Asn
20 25 30
Leu Cys Leu His Glu Gly Phe Val Gly Ile Lys Asn Asn Lys Val Val
35 40 45
Phe Lys Ser Gly Asn Leu Ala Ser Leu Asn Asn Leu Glu Glu Gln Ser
50 55 60
Val His Phe Lys Glu Asn Ala Glu Ser Val Asn Leu Gln Gly Val Ser
65 70 75 80
Tyr Ser Leu Lys Ser Gln Asn Ile Asp Gly Val Gln Tyr Phe Ser Leu
85 90 95
Ala Lys Asn Thr Ser Cys Val Gly Glu Tyr His Lys Asn Asp Leu Phe
100 105 110
Lys Thr Phe Cys Ala Ser Leu Lys Glu Gly Leu Glu Asn Ala Gln Glu
115 120 125
Ser Met Gln Tyr Phe His Gln Glu Thr Gly Ala Leu Leu Asn Ala Ala
130 135 140
Lys Asn Gly Glu Ala His Ser Thr Glu Gly Leu Gly Thr Val Asn Lys
145 150 155 160
Thr Gly Gln Asp Ile Glu Ser Leu Tyr Glu Lys Met Gln Asn Ala Thr
165 170 175
Ser Leu Ala Asp Ser Leu Asn Gln Arg Ser Asn Glu Ile Thr Gln Val
180 185 190
Ile Ser Leu Ile Asp Asp Ile Ala Glu Gln Thr Asn Leu Leu Ala Leu
195 200 205
Asn Ala Ala Ile Glu Ala Ala Arg Ala Gly Glu His Gly Arg Gly Phe
210 215 220
Ala Val Val Ala Asp Glu Val Arg Lys Leu Ala Glu Lys Thr Gln Lys
225 230 235 240
Ala Thr Lys Glu Ile Ala Val Val Val Lys Ser Met Gln Gln Glu Ala
245 250 255
Asn Asp Ile Gln Thr Asn Thr His Asp Ile Asn Ser Ile Val Ser Ser

```

```

      260      265      270
Ile Lys Gly Asp Val Glu Glu Leu Lys Ser Thr Val Lys Asn Asn Met
      275      280      285
Ile Val Ala Gln Ala Ala Lys Tyr Thr Ile Tyr Asn Ile Asn Asn Arg
      290      295      300
Val Phe Cys Gly Leu Ala Lys Leu Asp His Val Val Phe Lys Asn Asn
305      310      315      320
Leu Tyr Gly Met Val Phe Gly Leu Asn Ser Phe Asp Ile Thr Ser His
      325      330      335
Lys Asn Cys Arg Leu Gly Lys Trp Tyr Tyr Glu Gly Ala Gly Lys Glu
      340      345      350
Asn Phe Ser Asn Thr Ser Gly Tyr Arg Ala Leu Glu Ser His His Ala
      355      360      365
Ser Val His Ala Glu Ala Asn Asp Leu Val Lys Ala Val Gln Glu Asp
370      375      380
His Ile Thr Asp Ser Lys Tyr Leu Glu His Lys Val His Leu Met Glu
385      390      395      400
Asp Ser Ala Lys His Val Arg Glu Asn Ile Asp Lys Met Phe Tyr Glu
      405      410      415
Lys Gln Asp Glu Leu Asn Lys Ile Ile Glu Lys Ile Gln Lys Gly
      420      425      430
<210> 229
<211> 286
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(285)
<400> 229
gat ttg aat gcg att tta gaa gat ctc aac agc aaa cag cta ttg cca 48
Asp Leu Asn Ala Ile Leu Glu Asp Leu Asn Ser Lys Gln Leu Leu Pro
1 5 10 15
gaa tac gct tac aag gtt tat ggc gca gtg gtg agt caa aat aaa gac 96
Glu Tyr Ala Tyr Lys Val Tyr Gly Ala Val Val Ser Gln Asn Lys Asp
20 25 30
ggc gtg tgg gtc ggc gat gaa gcc aaa acg aaa gcc aga aga aaa gaa 144
Gly Val Trp Val Gly Asp Glu Ala Lys Thr Lys Ala Arg Arg Lys Glu
35 40 45
att ctt gaa aac aga aag gct aga tcc ata ccg gta aaa caa tgg atg 192
Ile Leu Glu Asn Arg Lys Ala Arg Ser Ile Pro Val Lys Gln Trp Met
50 55 60
gag caa gaa aga aac gct atc ctt gaa aaa gag gct tcc aaa cag gtt 240
Glu Gln Glu Arg Asn Ala Ile Leu Glu Lys Glu Ala Ser Lys Gln Val
65 70 75 80
aag cac atg tat gcg act agc ttt gat ctc tcg cct aag ttt ttg a 286
Lys His Met Tyr Ala Thr Ser Phe Asp Leu Ser Pro Lys Phe Leu
85 90 95
<210> 230
<211> 95
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 230
Asp Leu Asn Ala Ile Leu Glu Asp Leu Asn Ser Lys Gln Leu Leu Pro
1 5 10 15
Glu Tyr Ala Tyr Lys Val Tyr Gly Ala Val Val Ser Gln Asn Lys Asp
20 25 30
Gly Val Trp Val Gly Asp Glu Ala Lys Thr Lys Ala Arg Arg Lys Glu
35 40 45
Ile Leu Glu Asn Arg Lys Ala Arg Ser Ile Pro Val Lys Gln Trp Met
50 55 60
Glu Gln Glu Arg Asn Ala Ile Leu Glu Lys Glu Ala Ser Lys Gln Val

```

|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |     |
|---------------------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--|--|--|-----|
| 65                        |     |     |     |     |     | 70  |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  | 80  |
| Lys                       | His | Met | Tyr | Ala | Thr | Ser | Phe | Asp | Leu | Ser | Pro | Lys | Phe | Leu |     |  |  |  |     |
|                           |     |     |     | 85  |     |     |     |     | 90  |     |     |     |     | 95  |     |  |  |  |     |
| <210> 231                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |     |
| <211> 163                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |     |
| <212> DNA                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |     |
| <213> Helicobacter pylori |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |     |
| <220>                     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |     |
| <221> CDS                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |     |
| <222> (1)..(162)          |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |     |
| <400> 231                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |     |
| aga                       | cgc | aat | caa | aaa | agc | gca | tca | aag | ttt | atc | aac | tat | ccc | tct | aag |  |  |  | 48  |
| Arg                       | Arg | Asn | Gln | Lys | Ser | Ala | Ser | Lys | Phe | Ile | Asn | Tyr | Pro | Ser | Lys |  |  |  |     |
| 1                         |     |     |     | 5   |     |     |     |     | 10  |     |     |     |     | 15  |     |  |  |  |     |
| ttc                       | ttc | act | cta | tgc | tat | aat | ctc | tgt | ttt | aaa | aca | tta | tgg | aat | gtt |  |  |  | 96  |
| Phe                       | Phe | Thr | Leu | Cys | Tyr | Asn | Leu | Cys | Phe | Lys | Thr | Leu | Trp | Asn | Val |  |  |  |     |
|                           |     |     | 20  |     |     |     |     | 25  |     |     |     |     | 30  |     |     |  |  |  |     |
| aga                       | aga | tat | tca | gca | aaa | ccc | ttc | caa | acc | aac | caa | tct | aaa | gaa | aga |  |  |  | 144 |
| Arg                       | Arg | Tyr | Ser | Ala | Lys | Pro | Phe | Gln | Thr | Asn | Gln | Ser | Lys | Glu | Arg |  |  |  |     |
|                           |     |     | 35  |     |     |     | 40  |     |     |     |     | 45  |     |     |     |  |  |  |     |
| aac                       | cat | tca | agg | aac | gca | t   |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  | 163 |
| Asn                       | His | Ser | Arg | Asn | Ala |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |     |
|                           |     |     |     | 50  |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |     |
| <210> 232                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |     |
| <211> 54                  |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |     |
| <212> PRT                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |     |
| <213> Helicobacter pylori |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |     |
| <400> 232                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |     |
| Arg                       | Arg | Asn | Gln | Lys | Ser | Ala | Ser | Lys | Phe | Ile | Asn | Tyr | Pro | Ser | Lys |  |  |  |     |
| 1                         |     |     |     | 5   |     |     |     |     | 10  |     |     |     |     | 15  |     |  |  |  |     |
| Phe                       | Phe | Thr | Leu | Cys | Tyr | Asn | Leu | Cys | Phe | Lys | Thr | Leu | Trp | Asn | Val |  |  |  |     |
|                           |     |     | 20  |     |     |     |     | 25  |     |     |     |     | 30  |     |     |  |  |  |     |
| Arg                       | Arg | Tyr | Ser | Ala | Lys | Pro | Phe | Gln | Thr | Asn | Gln | Ser | Lys | Glu | Arg |  |  |  |     |
|                           |     |     | 35  |     |     |     | 40  |     |     |     |     | 45  |     |     |     |  |  |  |     |
| Asn                       | His | Ser | Arg | Asn | Ala |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |     |
|                           |     |     |     | 50  |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |     |
| <210> 233                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |     |
| <211> 222                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |     |
| <212> DNA                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |     |
| <213> Helicobacter pylori |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |     |
| <220>                     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |     |
| <221> CDS                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |     |
| <222> (1)..(222)          |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |     |
| <400> 233                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |     |
| gac                       | gat | cgc | tcg | ttt | ttt | atc | act | gat | tct | cgc | tac | act | caa | gaa | gct |  |  |  | 48  |
| Asp                       | Asp | Arg | Ser | Phe | Phe | Ile | Thr | Asp | Ser | Arg | Tyr | Thr | Gln | Glu | Ala |  |  |  |     |
| 1                         |     |     |     | 5   |     |     |     |     | 10  |     |     |     |     | 15  |     |  |  |  |     |
| aaa                       | gaa | agc | gtt | cag | cct | aaa | aat | ggc | gtt | tta | gcg | gaa | gtg | gta | gaa |  |  |  | 96  |

```

<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 234
Asp Asp Arg Ser Phe Phe Ile Thr Asp Ser Arg Tyr Thr Gln Glu Ala
 1           5           10           15
Lys Glu Ser Val Gln Pro Lys Asn Gly Val Leu Ala Glu Val Val Glu
          20           25           30
Ser Ser Asp Leu Val Gln Ser Ala Ile Asp Leu Ile Val Lys Ser Ser
          35           40           45
Val Lys Lys Leu Phe Phe Asp Pro Asn Gln Val Asn Leu Gln Thr Tyr
          50           55           60
Lys Arg Leu Asn Ser Ala Leu Gly Asp Lys
          65           70
<210> 235
<211> 108
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(108)
<400> 235
ctt ggc tac aac atg gct tta atg gcg atg gtc aat att tta gcc gaa 48
Leu Gly Tyr Asn Met Ala Leu Met Ala Met Val Asn Ile Leu Ala Glu
 1           5           10           15
atg aaa gcg ttc caa gaa gcc caa aaa aac aac cct aat aac ccc att 96
Met Lys Ala Phe Gln Glu Ala Gln Lys Asn Asn Pro Asn Asn Pro Ile
          20           25           30
aac aat caa aaa
Asn Asn Gln Lys
          35
<210> 236
<211> 36
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 236
Leu Gly Tyr Asn Met Ala Leu Met Ala Met Val Asn Ile Leu Ala Glu
 1           5           10           15
Met Lys Ala Phe Gln Glu Ala Gln Lys Asn Asn Pro Asn Asn Pro Ile
          20           25           30
Asn Asn Gln Lys
          35
<210> 237
<211> 381
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(381)
<400> 237
tct aaa gag agc ttg atg cat gcc att aat tca att aga gtg ggc atg 48
Ser Lys Glu Ser Leu Met His Ala Ile Asn Ser Ile Arg Val Gly Met
 1           5           10           15
cat ttt aaa gag ttg agt cag att tta gag agc act att aca gaa agg 96
His Phe Lys Glu Leu Ser Gln Ile Leu Glu Ser Thr Ile Thr Glu Arg
          20           25           30
ggc ttt gtg cct ttg aaa gga ttt tgc ggg cat ggc att ggt aaa aaa 144
Gly Phe Val Pro Leu Lys Gly Phe Cys Gly His Gly Ile Gly Lys Lys
          35           40           45
ccc cat gaa gag cca gag atc ccc aac tac cta gaa aaa ggc gtc aaa 192
Pro His Glu Glu Pro Glu Ile Pro Asn Tyr Leu Glu Lys Gly Val Lys
          50           55           60

```

```

cct aat agc ggc cct aaa atc aaa gag ggc atg gta ttt tgc tta gag 240
Pro Asn Ser Gly Pro Lys Ile Lys Glu Gly Met Val Phe Cys Leu Glu
65 70 75 80
cct atg gtg tgt caa aaa cag ggc gag cct aaa ata cta gcg gat aag 288
Pro Met Val Cys Gln Lys Gln Gly Glu Pro Lys Ile Leu Ala Asp Lys
85 90 95
tgg agc gtg gtt tca gtg gat ggg ctt aac aca agc cac cat gag cat 336
Trp Ser Val Val Ser Val Asp Gly Leu Asn Thr Ser His His Glu His
100 105 110
act atc gcc ata gtt ggc aat aaa gca gtg att ctt acg gag cgt 381
Thr Ile Ala Ile Val Gly Asn Lys Ala Val Ile Leu Thr Glu Arg
115 120 125
<210> 238
<211> 127
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 238
Ser Lys Glu Ser Leu Met His Ala Ile Asn Ser Ile Arg Val Gly Met
1 5 10 15
His Phe Lys Glu Leu Ser Gln Ile Leu Glu Ser Thr Ile Thr Glu Arg
20 25 30
Gly Phe Val Pro Leu Lys Gly Phe Cys Gly His Gly Ile Gly Lys Lys
35 40 45
Pro His Glu Glu Pro Glu Ile Pro Asn Tyr Leu Glu Lys Gly Val Lys
50 55 60
Pro Asn Ser Gly Pro Lys Ile Lys Glu Gly Met Val Phe Cys Leu Glu
65 70 75 80
Pro Met Val Cys Gln Lys Gln Gly Glu Pro Lys Ile Leu Ala Asp Lys
85 90 95
Trp Ser Val Val Ser Val Asp Gly Leu Asn Thr Ser His His Glu His
100 105 110
Thr Ile Ala Ile Val Gly Asn Lys Ala Val Ile Leu Thr Glu Arg
115 120 125
<210> 239
<211> 242
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(240)
<400> 239
cag ctc agc ggt ggg caa aaa caa cga gtg gcg atc gct agg agt tta 48
Gln Leu Ser Gly Gly Gln Lys Gln Arg Val Ala Ile Ala Arg Ser Leu
1 5 10 15
gcg aat tgc cct gat tta ttg ctt tgc gat gaa gcc aca tcc gcg cta 96
Ala Asn Cys Pro Asp Leu Leu Leu Cys Asp Glu Ala Thr Ser Ala Leu
20 25 30
gat tct aaa acc acg cat tct att tta acg ctt tta agc ggc att caa 144
Asp Ser Lys Thr Thr His Ser Ile Leu Thr Leu Leu Ser Gly Ile Gln
35 40 45
aaa aag ctt gat ttg agc atc gtt ttc atc acg cat gaa att gaa gtg 192
Lys Lys Leu Asp Leu Ser Ile Val Phe Ile Thr His Glu Ile Glu Val
50 55 60
gtt aaa gaa ttg tgc aat caa atg tgc gtg atc agc agc ggc gaa atc 240
Val Lys Glu Leu Cys Asn Gln Met Cys Val Ile Ser Ser Gly Glu Ile
65 70 75 80
gt 242
<210> 240
<211> 80
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori

```

```

<400> 240
Gln Leu Ser Gly Gly Gln Lys Gln Arg Val Ala Ile Ala Arg Ser Leu
 1           5           10           15
Ala Asn Cys Pro Asp Leu Leu Leu Cys Asp Glu Ala Thr Ser Ala Leu
          20           25           30
Asp Ser Lys Thr Thr His Ser Ile Leu Thr Leu Leu Ser Gly Ile Gln
          35           40           45
Lys Lys Leu Asp Leu Ser Ile Val Phe Ile Thr His Glu Ile Glu Val
          50           55           60
Val Lys Glu Leu Cys Asn Gln Met Cys Val Ile Ser Ser Gly Glu Ile
          65           70           75           80
<210> 241
<211> 471
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(471)
<400> 241
tat ggc aag caa agc ttg agt tct ttt gcc aat aat ttt gtg cct gga 48
Tyr Gly Lys Gln Ser Leu Ser Ser Phe Ala Asn Asn Phe Val Pro Gly
 1           5           10           15
ggc ttg aat caa gcc ctt gat aaa ata ggc tct agc tct gat gcc aaa 96
Gly Leu Asn Gln Ala Leu Asp Lys Ile Gly Ser Ser Ser Asp Ala Lys
          20           25           30
gac tta cag aac ttc ttg gat aaa acg act ttt ggg gat att tta aat 144
Asp Leu Gln Asn Phe Leu Asp Lys Thr Thr Phe Gly Asp Ile Leu Asn
          35           40           45
caa atg att gaa caa gcc ccc tta atc aat aaa ctc att tct tgg ctg 192
Gln Met Ile Glu Gln Ala Pro Leu Ile Asn Lys Leu Ile Ser Trp Leu
          50           55           60
ggt ccg cag gat ttg agc gtt tta gtg aat atc gct tta aat agc atc 240
Gly Pro Gln Asp Leu Ser Val Leu Val Asn Ile Ala Leu Asn Ser Ile
          65           70           75           80
act aac cct agt aaa gag ctg act agc acc att tct agc ata ggt gaa 288
Thr Asn Pro Ser Lys Glu Leu Thr Ser Thr Ile Ser Ser Ile Gly Glu
          85           90           95
aaa gcg tta aat gac tta tta ggc gat ggc gta gtg aat aaa atc atg 336
Lys Ala Leu Asn Asp Leu Leu Gly Asp Gly Val Val Asn Lys Ile Met
          100          105          110
agc aat caa gtc tta ggg caa atg atc aat aaa atc att gct gat aag 384
Ser Asn Gln Val Leu Gly Gln Met Ile Asn Lys Ile Ile Ala Asp Lys
          115          120          125
ggc ttt gga ggc gtt tat cag caa ggt tta ggc tcc ata ctg cct caa 432
Gly Phe Gly Gly Val Tyr Gln Gln Gly Leu Gly Ser Ile Leu Pro Gln
          130          135          140
tct tta caa gat gaa ttg aag aaa ttg ggc atg ggc tct 471
Ser Leu Gln Asp Glu Leu Lys Lys Leu Gly Met Gly Ser
          145          150          155
<210> 242
<211> 157
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 242
Tyr Gly Lys Gln Ser Leu Ser Ser Phe Ala Asn Asn Phe Val Pro Gly
 1           5           10           15
Gly Leu Asn Gln Ala Leu Asp Lys Ile Gly Ser Ser Ser Asp Ala Lys
          20           25           30
Asp Leu Gln Asn Phe Leu Asp Lys Thr Thr Phe Gly Asp Ile Leu Asn
          35           40           45
Gln Met Ile Glu Gln Ala Pro Leu Ile Asn Lys Leu Ile Ser Trp Leu

```

```

      50      55      60
Gly Pro Gln Asp Leu Ser Val Leu Val Asn Ile Ala Leu Asn Ser Ile
 65      70      75      80
Thr Asn Pro Ser Lys Glu Leu Thr Ser Thr Ile Ser Ser Ile Gly Glu
      85      90      95
Lys Ala Leu Asn Asp Leu Leu Gly Asp Gly Val Val Asn Lys Ile Met
      100      105      110
Ser Asn Gln Val Leu Gly Gln Met Ile Asn Lys Ile Ile Ala Asp Lys
      115      120      125
Gly Phe Gly Gly Val Tyr Gln Gln Gly Leu Gly Ser Ile Leu Pro Gln
      130      135      140
Ser Leu Gln Asp Glu Leu Lys Lys Leu Gly Met Gly Ser
      145      150      155
<210> 243
<211> 278
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(276)
<400> 243
ggg aat atc acc gtt gat ggg cct tta aga gtg aat aat caa gtg ggt 48
Gly Asn Ile Thr Val Asp Gly Pro Leu Arg Val Asn Asn Gln Val Gly
 1      5      10      15
ggt tat gct ttg gca gga tca agc gcg aat ttt gag ttt aag gct ggt 96
Gly Tyr Ala Leu Ala Gly Ser Ser Ala Asn Phe Glu Phe Lys Ala Gly
      20      25      30
acg gat acc aaa aac ggc aca gcc act ttt aat aac gat att agt ttg 144
Thr Asp Thr Lys Asn Gly Thr Ala Thr Phe Asn Asn Asp Ile Ser Leu
      35      40      45
gga aga ttt gtg aat tta aaa gtg gat gct cat aca gct aat ttt aaa 192
Gly Arg Phe Val Asn Leu Lys Val Asp Ala His Thr Ala Asn Phe Lys
      50      55      60
ggt att gat act ggt aat ggt ggt ttc aac acc tta gat ttt agt ggc 240
Gly Ile Asp Thr Gly Asn Gly Gly Phe Asn Thr Leu Asp Phe Ser Gly
      65      70      75      80
gtt aca ggt aag gtc aat atc aac aag ctc att acg gc 278
Val Thr Gly Lys Val Asn Ile Asn Lys Leu Ile Thr
      85      90
<210> 244
<211> 92
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 244
Gly Asn Ile Thr Val Asp Gly Pro Leu Arg Val Asn Asn Gln Val Gly
 1      5      10      15
Gly Tyr Ala Leu Ala Gly Ser Ser Ala Asn Phe Glu Phe Lys Ala Gly
      20      25      30
Thr Asp Thr Lys Asn Gly Thr Ala Thr Phe Asn Asn Asp Ile Ser Leu
      35      40      45
Gly Arg Phe Val Asn Leu Lys Val Asp Ala His Thr Ala Asn Phe Lys
      50      55      60
Gly Ile Asp Thr Gly Asn Gly Gly Phe Asn Thr Leu Asp Phe Ser Gly
      65      70      75      80
Val Thr Gly Lys Val Asn Ile Asn Lys Leu Ile Thr
      85      90
<210> 245
<211> 901
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>

```

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(900)

&lt;400&gt; 245

```

aat ggc gcg agt ggt aca ggc agt ggg aat ggc acc agt caa atc aac 48
Asn Gly Ala Ser Gly Thr Gly Ser Gly Asn Gly Thr Ser Gln Ile Asn
1 5 10 15
aca gcc tac cag atg ctc aca gac gcc agc gat ggg aaa tta ggg act 96
Thr Ala Tyr Gln Met Leu Thr Asp Ala Ser Asp Gly Lys Leu Gly Thr
20 25 30
tat agt agt agt agt ggc agt aat aac ggc tat acg cca tgc aat agc 144
Tyr Ser Ser Ser Ser Gly Ser Asn Asn Gly Tyr Thr Pro Cys Asn Ser
35 40 45
acc aat ggg agc aat aaa acg agt ggg aac aat tgt tat gaa ccc aac 192
Thr Asn Gly Ser Asn Lys Thr Ser Gly Asn Asn Cys Tyr Glu Pro Asn
50 55 60
aaa caa caa aac gcc acc acc gca acc gcc aca acc gac agc aat tta 240
Lys Gln Gln Asn Ala Thr Thr Ala Thr Ala Thr Thr Asp Ser Asn Leu
65 70 75 80
caa aaa gtc tat aat gac gcc caa aaa ata gcc aac att atc gcc agc 288
Gln Lys Val Tyr Asn Asp Ala Gln Lys Ile Ala Asn Ile Ile Ala Ser
85 90 95
tct ggg aac aat aaa ggc gtt gaa aac ggc tta aaa caa ttc ttt gaa 336
Ser Gly Asn Asn Lys Gly Val Glu Asn Gly Leu Lys Gln Phe Phe Glu
100 105 110
gcg tta aaa aat aat agc agc agt ctc agt aat tta tgt ggt aat ggt 384
Ala Leu Lys Asn Asn Ser Ser Ser Leu Ser Asn Leu Cys Gly Asn Gly
115 120 125
agt agc ggt agt agt ggc act act tgc tcc ggt tgg ctt atc aac ctt 432
Ser Ser Gly Ser Ser Gly Thr Thr Cys Ser Gly Trp Leu Ile Asn Leu
130 135 140
tta ggg gca atc ccc acc aat gga gtg agc gat acg aat aat tta att 480
Leu Gly Ala Ile Pro Thr Asn Gly Val Ser Asp Thr Asn Asn Leu Ile
145 150 155 160
aat ctg ctc act gaa ttc att aaa acc gcc ggg ttt atc caa aat aat 528
Asn Leu Leu Thr Glu Phe Ile Lys Thr Ala Gly Phe Ile Gln Asn Asn
165 170 175
gat agt agt gta tct act agt ctt aca agc gct ttt caa gcc att acg 576
Asp Ser Ser Val Ser Thr Ser Leu Thr Ser Ala Phe Gln Ala Ile Thr
180 185 190
agc gct att tct caa ggg ttt caa gcc tta caa aac gat att agc cct 624
Ser Ala Ile Ser Gln Gly Phe Gln Ala Leu Gln Asn Asp Ile Ser Pro
195 200 205
aat gcg att tta acc ttg ctc caa gag att act tct aac acc acc acc 672
Asn Ala Ile Leu Thr Leu Leu Gln Glu Ile Thr Ser Asn Thr Thr Thr
210 215 220
att cag tca ttc tcg caa acc tta cgg cag ctt tta ggg gat aaa aca 720
Ile Gln Ser Phe Ser Gln Thr Leu Arg Gln Leu Leu Gly Asp Lys Thr
225 230 235 240
ttc ttt atg gcg caa caa aag ctc att gat gcg atg att aac gcc aga 768
Phe Phe Met Ala Gln Gln Lys Leu Ile Asp Ala Met Ile Asn Ala Arg
245 250 255
aat cag gtt caa aac gcg caa aat caa gcc aat aac tac ggc tct caa 816
Asn Gln Val Gln Asn Ala Gln Asn Gln Ala Asn Asn Tyr Gly Ser Gln
260 265 270
ccc gtt tta agc cag tat gcg gcc gct aaa agc acc caa cat ggc atg 864
Pro Val Leu Ser Gln Tyr Ala Ala Ala Lys Ser Thr Gln His Gly Met
275 280 285
agc aat ggt tta ggg gtt ggt ttg ggc tat aaa tac t 901
Ser Asn Gly Leu Gly Val Gly Leu Gly Tyr Lys Tyr
290 295 300

```

&lt;210&gt; 246

<211> 300  
 <212> PRT  
 <213> Helicobacter pylori  
 <400> 246  
 Asn Gly Ala Ser Gly Thr Gly Ser Gly Asn Gly Thr Ser Gln Ile Asn  
 1 5 10 15  
 Thr Ala Tyr Gln Met Leu Thr Asp Ala Ser Asp Gly Lys Leu Gly Thr  
 20 25 30  
 Tyr Ser Ser Ser Ser Gly Ser Asn Asn Gly Tyr Thr Pro Cys Asn Ser  
 35 40 45  
 Thr Asn Gly Ser Asn Lys Thr Ser Gly Asn Asn Cys Tyr Glu Pro Asn  
 50 55 60  
 Lys Gln Gln Asn Ala Thr Thr Ala Thr Thr Asp Ser Asn Leu  
 65 70 75 80  
 Gln Lys Val Tyr Asn Asp Ala Gln Lys Ile Ala Asn Ile Ile Ala Ser  
 85 90 95  
 Ser Gly Asn Asn Lys Gly Val Glu Asn Gly Leu Lys Gln Phe Phe Glu  
 100 105 110  
 Ala Leu Lys Asn Asn Ser Ser Ser Leu Ser Asn Leu Cys Gly Asn Gly  
 115 120 125  
 Ser Ser Gly Ser Ser Gly Thr Thr Cys Ser Gly Trp Leu Ile Asn Leu  
 130 135 140  
 Leu Gly Ala Ile Pro Thr Asn Gly Val Ser Asp Thr Asn Asn Leu Ile  
 145 150 155 160  
 Asn Leu Leu Thr Glu Phe Ile Lys Thr Ala Gly Phe Ile Gln Asn Asn  
 165 170 175  
 Asp Ser Ser Val Ser Thr Ser Leu Thr Ser Ala Phe Gln Ala Ile Thr  
 180 185 190  
 Ser Ala Ile Ser Gln Gly Phe Gln Ala Leu Gln Asn Asp Ile Ser Pro  
 195 200 205  
 Asn Ala Ile Leu Thr Leu Leu Gln Glu Ile Thr Ser Asn Thr Thr Thr  
 210 215 220  
 Ile Gln Ser Phe Ser Gln Thr Thr Leu Arg Gln Leu Leu Gly Asp Lys Thr  
 225 230 235 240  
 Phe Phe Met Ala Gln Gln Lys Leu Ile Asp Ala Met Ile Asn Ala Arg  
 245 250 255  
 Asn Gln Val Gln Asn Ala Gln Asn Gln Ala Asn Asn Tyr Gly Ser Gln  
 260 265 270  
 Pro Val Leu Ser Gln Tyr Ala Ala Ala Lys Ser Thr Gln His Gly Met  
 275 280 285  
 Ser Asn Gly Leu Gly Val Gly Leu Gly Tyr Lys Tyr  
 290 295 300

<210> 247  
 <211> 147  
 <212> DNA  
 <213> Helicobacter pylori  
 <220>

<221> CDS  
 <222> (1)..(147)  
 <400> 247

|                                                                 |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|
| caa tac gac ttt aag gcg atg ttt act ccc ttg atc atg caa gcg cag | 48  |
| Gln Tyr Asp Phe Lys Ala Met Phe Thr Pro Leu Ile Met Gln Ala Gln |     |
| 1 5 10 15                                                       |     |
| ttg agc tta aga aac att gat aat ttt gtg gaa aaa ggc tct gct ttg | 96  |
| Leu Ser Leu Arg Asn Ile Asp Asn Phe Val Glu Lys Gly Ser Ala Leu |     |
| 20 25 30                                                        |     |
| ata gat aaa ttt gac gct aac ccc tat aaa acg att ttt gga gaa agg | 144 |
| Ile Asp Lys Phe Asp Ala Asn Pro Tyr Lys Thr Ile Phe Gly Glu Arg |     |
| 35 40 45                                                        |     |
| aaa                                                             | 147 |
| Lys                                                             |     |

```

<210> 248
<211> 49
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 248
Gln Tyr Asp Phe Lys Ala Met Phe Thr Pro Leu Ile Met Gln Ala Gln
 1           5           10           15
Leu Ser Leu Arg Asn Ile Asp Asn Phe Val Glu Lys Gly Ser Ala Leu
           20           25           30
Ile Asp Lys Phe Asp Ala Asn Pro Tyr Lys Thr Ile Phe Gly Glu Arg
           35           40           45
Lys
<210> 249
<211> 249
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(249)
<400> 249
tcc aag ctg gat ttg aaa gac att tat gcg ttt tta aaa aat tta gac 48
Ser Lys Leu Asp Leu Lys Asp Ile Tyr Ala Phe Leu Lys Asn Leu Asp
 1           5           10           15
aaa gaa aat ttt gat tcc aga gaa aat cag agg gaa agg att gaa agc 96
Lys Glu Asn Phe Asp Ser Arg Glu Asn Gln Arg Glu Arg Ile Glu Ser
           20           25           30
ctg tta gag agc gtt aac agg cat aag atc ccc tta aac gag caa gaa 144
Leu Leu Glu Ser Val Asn Arg His Lys Ile Pro Leu Asn Glu Gln Glu
           35           40           45
ttg caa gcc ttt gat tta gcg atc aag gct aac agc tct tat tac aag 192
Leu Gln Ala Phe Asp Leu Ala Ile Lys Ala Asn Ser Ser Tyr Tyr Lys
           50           55           60
ctc agc tat aat ctt tta ccc ctg ctt tta agc ctt tta tcc aaa aag 240
Leu Ser Tyr Asn Leu Leu Pro Leu Leu Leu Ser Leu Leu Ser Lys Lys
           65           70           75           80
aaa acg cca
Lys Thr Pro
<210> 250
<211> 83
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 250
Ser Lys Leu Asp Leu Lys Asp Ile Tyr Ala Phe Leu Lys Asn Leu Asp
 1           5           10           15
Lys Glu Asn Phe Asp Ser Arg Glu Asn Gln Arg Glu Arg Ile Glu Ser
           20           25           30
Leu Leu Glu Ser Val Asn Arg His Lys Ile Pro Leu Asn Glu Gln Glu
           35           40           45
Leu Gln Ala Phe Asp Leu Ala Ile Lys Ala Asn Ser Ser Tyr Tyr Lys
           50           55           60
Leu Ser Tyr Asn Leu Leu Pro Leu Leu Leu Ser Leu Leu Ser Lys Lys
           65           70           75           80
Lys Thr Pro
<210> 251
<211> 618
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(618)
<400> 251

```

|                                                                 |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|
| gag ttt aga agt ttt ata gac aag cat tat aac cac tct ttt gag ccg | 48  |
| Glu Phe Arg Ser Phe Ile Asp Lys His Tyr Asn His Ser Phe Glu Pro |     |
| 1 5 10 15                                                       |     |
| cta gag gtt tta ggc tat att tat ggc tta ttg tat tcc cca aac tac | 96  |
| Leu Glu Val Leu Gly Tyr Ile Tyr Ala Leu Leu Tyr Ser Pro Asn Tyr |     |
| 20 25 30                                                        |     |
| cgc aag cgt tat gaa gac ttc ctt aaa aac gat tac cct aaa atc ctt | 144 |
| Arg Lys Arg Tyr Glu Asp Phe Leu Lys Asn Asp Tyr Pro Lys Ile Leu |     |
| 35 40 45                                                        |     |
| ttc aca aac aat aaa gat ttg ttt agg gct tta agc ctt tta ggg att | 192 |
| Phe Thr Asn Asn Lys Asp Leu Phe Arg Ala Leu Ser Leu Leu Gly Ile |     |
| 50 55 60                                                        |     |
| gaa cta atc ggc ttg cat gtc tta aac caa gaa agc ctg aat tac agc | 240 |
| Glu Leu Ile Gly Leu His Val Leu Asn Gln Glu Ser Leu Asn Tyr Ser |     |
| 65 70 75 80                                                     |     |
| ttt gga aaa tta aaa gac gcc acc ata ggc gaa tcc tgc tat aaa gaa | 288 |
| Phe Gly Lys Leu Lys Asp Ala Thr Ile Gly Glu Ser Cys Tyr Lys Glu |     |
| 85 90 95                                                        |     |
| gag cat aac ccc atc atc aaa aaa ccc tct cat aac gag cca gac caa | 336 |
| Glu His Asn Pro Ile Ile Lys Lys Pro Ser His Asn Glu Pro Asp Gln |     |
| 100 105 110                                                     |     |
| cgg ctt tat atc aac cat agc gct tat ttt agg ggg gtg agt caa gaa | 384 |
| Arg Leu Tyr Ile Asn His Ser Ala Tyr Phe Arg Gly Val Ser Gln Glu |     |
| 115 120 125                                                     |     |
| att tat gat tat aga ata ggg ggg tat ggc gtt tta gac aaa tat tta | 432 |
| Ile Tyr Asp Tyr Arg Ile Gly Gly Tyr Gly Val Leu Asp Lys Tyr Leu |     |
| 130 135 140                                                     |     |
| aaa agc cat aaa aac gag cct tgc gac ttt gat cat gta act aat atc | 480 |
| Lys Ser His Lys Asn Glu Pro Cys Asp Phe Asp His Val Thr Asn Ile |     |
| 145 150 155 160                                                 |     |
| att aaa gtc atc gca cgc acg att gaa atc caa aaa acg ctt gga ttt | 528 |
| Ile Lys Val Ile Ala Arg Thr Ile Glu Ile Gln Lys Thr Leu Gly Phe |     |
| 165 170 175                                                     |     |
| tta acg agc gat ttg ccc cat tta aaa ggg aat gac agc aaa gcc tta | 576 |
| Leu Thr Ser Asp Leu Pro His Leu Lys Gly Asn Asp Ser Lys Ala Leu |     |
| 180 185 190                                                     |     |
| atg caa gaa atc ttg caa aat cca ccc ccc ccc ccc ccc att         | 618 |
| Met Gln Glu Ile Leu Gln Asn Pro Pro Pro Pro Pro Pro Ile         |     |
| 195 200 205                                                     |     |
| <210> 252                                                       |     |
| <211> 206                                                       |     |
| <212> PRT                                                       |     |
| <213> Helicobacter pylori                                       |     |
| <400> 252                                                       |     |
| Glu Phe Arg Ser Phe Ile Asp Lys His Tyr Asn His Ser Phe Glu Pro |     |
| 1 5 10 15                                                       |     |
| Leu Glu Val Leu Gly Tyr Ile Tyr Ala Leu Leu Tyr Ser Pro Asn Tyr |     |
| 20 25 30                                                        |     |
| Arg Lys Arg Tyr Glu Asp Phe Leu Lys Asn Asp Tyr Pro Lys Ile Leu |     |
| 35 40 45                                                        |     |
| Phe Thr Asn Asn Lys Asp Leu Phe Arg Ala Leu Ser Leu Leu Gly Ile |     |
| 50 55 60                                                        |     |
| Glu Leu Ile Gly Leu His Val Leu Asn Gln Glu Ser Leu Asn Tyr Ser |     |
| 65 70 75 80                                                     |     |
| Phe Gly Lys Leu Lys Asp Ala Thr Ile Gly Glu Ser Cys Tyr Lys Glu |     |
| 85 90 95                                                        |     |
| Glu His Asn Pro Ile Ile Lys Lys Pro Ser His Asn Glu Pro Asp Gln |     |
| 100 105 110                                                     |     |
| Arg Leu Tyr Ile Asn His Ser Ala Tyr Phe Arg Gly Val Ser Gln Glu |     |
| 115 120 125                                                     |     |
| Ile Tyr Asp Tyr Arg Ile Gly Gly Tyr Gly Val Leu Asp Lys Tyr Leu |     |

```

130          135          140
Lys Ser His Lys Asn Glu Pro Cys Asp Phe Asp His Val Thr Asn Ile
145          150          155          160
Ile Lys Val Ile Ala Arg Thr Ile Glu Ile Gln Lys Thr Leu Gly Phe
165          170          175
Leu Thr Ser Asp Leu Pro His Leu Lys Gly Asn Asp Ser Lys Ala Leu
180          185          190
Met Gln Glu Ile Leu Gln Asn Pro Pro Pro Pro Pro Ile
195          200          205
<210> 253
<211> 1269
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1269)
<400> 253
ttt gac aga gaa aga atc cct gaa agg gtg gtg cat gct aaa gga agc 48
Phe Asp Arg Glu Arg Ile Pro Glu Arg Val Val His Ala Lys Gly Ser
1 5 10 15
gga gct tat ggc act ttc act gtg act aaa gac atc act aaa tac act 96
Gly Ala Tyr Gly Thr Phe Thr Val Thr Lys Asp Ile Thr Lys Tyr Thr
20 25 30
aaa gcg aaa att ttc tct aaa gtg ggc aaa aaa acc gaa tgc ttc ttc 144
Lys Ala Lys Ile Phe Ser Lys Val Gly Lys Lys Thr Glu Cys Phe Phe
35 40 45
aga ttt tct act gtg gct ggt gaa aga ggc agt gcg gat gcg gtg aga 192
Arg Phe Ser Thr Val Ala Gly Glu Arg Gly Ser Ala Asp Ala Val Arg
50 55 60
gac cct aga ggt ttt gcg atg aag tat tac act gaa gaa ggt aac tgg 240
Asp Pro Arg Gly Phe Ala Met Lys Tyr Tyr Thr Glu Glu Gly Asn Trp
65 70 75 80
gat tta gtg ggg aac aac acg cct gtt ttc ttt atc cgt gat gcg atc 288
Asp Leu Val Gly Asn Thr Pro Val Phe Phe Ile Arg Asp Ala Ile
85 90 95
aaa ttc cct gat ttc atc cac act caa aaa cga gat cct caa acc aat 336
Lys Phe Pro Asp Phe Ile His Thr Gln Lys Arg Asp Pro Gln Thr Asn
100 105 110
ttg cct aac cat gac atg gta tgg gat ttt tgg agt aat gtt cct gaa 384
Leu Pro Asn His Asp Met Val Trp Asp Phe Trp Ser Asn Val Pro Glu
115 120 125
agc tta tac caa gta aca tgg gtt atg agc gat agg ggt att cct aaa 432
Ser Leu Tyr Gln Val Thr Trp Val Met Ser Asp Arg Gly Ile Pro Lys
130 135 140
tct ttc cgc cac atg gat ggt ttt ggc agc cac act ttc agt ctt atc 480
Ser Phe Arg His Met Asp Gly Phe Gly Ser His Thr Phe Ser Leu Ile
145 150 155 160
aac gcg aaa ggc gaa cgc ttt tgg gtg aaa ttc cac ttt cac acc atg 528
Asn Ala Lys Gly Glu Arg Phe Trp Val Lys Phe His Phe His Thr Met
165 170 175
caa ggc gtt aag cat ttg act aac gaa gaa gcc gca gaa gtt agg aag 576
Gln Gly Val Lys His Leu Thr Asn Glu Glu Ala Ala Glu Val Arg Lys
180 185 190
tat gat ccg gat tcc aat caa agg gat tta ttc aat gcg atc gct aga 624
Tyr Asp Pro Asp Ser Asn Gln Arg Asp Leu Phe Asn Ala Ile Ala Arg
195 200 205
ggg gat ttc cca aaa tgg aaa tta agc att caa gtg atg cca gaa gaa 672
Gly Asp Phe Pro Lys Trp Lys Leu Ser Ile Gln Val Met Pro Glu Glu
210 215 220
gat gct aag aag tat cga ttc cat ccg ttt gat gta act aaa att tgg 720
Asp Ala Lys Lys Tyr Arg Phe His Pro Phe Asp Val Thr Lys Ile Trp

```

|     |                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |
|-----|---------------------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|------|
| 225 | tat                       | ctc | caa | gat | tat | cca | ttg | atg | gaa | gtg | ggc | att | gtg | gag | ttg | aat | 768  |
|     | Tyr                       | Leu | Gln | Asp | Tyr | Pro | Leu | Met | Glu | Val | Gly | Ile | Val | Glu | Leu | Asn |      |
|     |                           |     |     |     | 245 |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     | 255 |     |      |
|     | aaa                       | aat | cct | gaa | aac | tat | ttc | gca | gaa | gtg | gaa | caa | gcg | gca | ttc | agt | 816  |
|     | Lys                       | Asn | Pro | Glu | Asn | Tyr | Phe | Ala | Glu | Val | Glu | Gln | Ala | Ala | Phe | Ser |      |
|     |                           |     |     | 260 |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     | 270 |     |     |      |
|     | ccg                       | gct | aat | gtc | gtt | cct | gga | att | ggc | tat | agc | cct | gat | agg | atg | tta | 864  |
|     | Pro                       | Ala | Asn | Val | Val | Pro | Gly | Ile | Gly | Tyr | Ser | Pro | Asp | Arg | Met | Leu |      |
|     |                           |     |     | 275 |     |     |     | 280 |     |     |     |     | 285 |     |     |     |      |
|     | caa                       | ggg | cgc | ttg | ttc | tct | tat | gga | gac | aca | cac | cgc | tac | cgc | tta | ggc | 912  |
|     | Gln                       | Gly | Arg | Leu | Phe | Ser | Tyr | Gly | Asp | Thr | His | Arg | Tyr | Arg | Leu | Gly |      |
|     |                           | 290 |     |     |     |     | 295 |     |     |     | 300 |     |     |     |     |     |      |
|     | gtt                       | aat | tat | cct | caa | ata | ccg | gtt | aat | aaa | cca | aga | tgc | cca | ttc | cac | 960  |
|     | Val                       | Asn | Tyr | Pro | Gln | Ile | Pro | Val | Asn | Lys | Pro | Arg | Cys | Pro | Phe | His |      |
|     |                           | 305 |     |     |     | 310 |     |     |     | 315 |     |     |     |     | 320 |     |      |
|     | tct                       | tct | agc | aga | gat | ggt | tac | atg | caa | aac | gga | tac | tac | ggc | tct | tta | 1008 |
|     | Ser                       | Ser | Ser | Arg | Asp | Gly | Tyr | Met | Gln | Asn | Gly | Tyr | Tyr | Gly | Ser | Leu |      |
|     |                           |     |     |     | 325 |     |     |     | 330 |     |     |     |     | 335 |     |     |      |
|     | caa                       | aac | tat | acg | cct | agc | tca | ttg | cct | ggc | tat | aaa | gaa | gat | aag | agc | 1056 |
|     | Gln                       | Asn | Tyr | Thr | Pro | Ser | Ser | Leu | Pro | Gly | Tyr | Lys | Glu | Asp | Lys | Ser |      |
|     |                           |     |     | 340 |     |     |     | 345 |     |     |     |     | 350 |     |     |     |      |
|     | gcg                       | aga | gat | cct | aag | ttc | aac | tta | gct | cat | att | gag | aaa | gag | ttt | gaa | 1104 |
|     | Ala                       | Arg | Asp | Pro | Lys | Phe | Asn | Leu | Ala | His | Ile | Glu | Lys | Glu | Phe | Glu |      |
|     |                           |     | 355 |     |     |     | 360 |     |     |     |     | 365 |     |     |     |     |      |
|     | gtg                       | tgg | aat | tgg | gat | tac | aga | gct | gat | gat | agc | gat | tac | tac | acc | caa | 1152 |
|     | Val                       | Trp | Asn | Trp | Asp | Tyr | Arg | Ala | Asp | Asp | Ser | Asp | Tyr | Tyr | Thr | Gln |      |
|     |                           | 370 |     |     |     | 375 |     |     |     | 380 |     |     |     |     |     |     |      |
|     | cca                       | ggt | gat | tac | tac | cgc | tca | ttg | cca | gct | gat | gaa | aaa | gaa | agg | ttg | 1200 |
|     | Pro                       | Gly | Asp | Tyr | Tyr | Arg | Ser | Leu | Pro | Ala | Asp | Glu | Lys | Glu | Arg | Leu |      |
|     |                           | 385 |     |     |     | 390 |     |     |     | 395 |     |     |     |     | 400 |     |      |
|     | cat                       | gac | act | att | gga | gag | tct | tta | gct | cat | gtt | acc | cat | aag | gaa | att | 1248 |
|     | His                       | Asp | Thr | Ile | Gly | Glu | Ser | Leu | Ala | His | Val | Thr | His | Lys | Glu | Ile |      |
|     |                           |     |     | 405 |     |     |     | 410 |     |     |     |     | 415 |     |     |     |      |
|     | gtg                       | gat | aaa | caa | ttg | gag | cat |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 1269 |
|     | Val                       | Asp | Lys | Gln | Leu | Glu | His |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |
|     |                           |     |     | 420 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |
|     | <210> 254                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |
|     | <211> 423                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |
|     | <212> PRT                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |
|     | <213> Helicobacter pylori |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |
|     | <400> 254                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |
|     | Phe                       | Asp | Arg | Glu | Arg | Ile | Pro | Glu | Arg | Val | Val | His | Ala | Lys | Gly | Ser |      |
|     | 1                         |     |     |     | 5   |     |     |     |     | 10  |     |     |     |     | 15  |     |      |
|     | Gly                       | Ala | Tyr | Gly | Thr | Phe | Thr | Val | Thr | Lys | Asp | Ile | Thr | Lys | Tyr | Thr |      |
|     |                           |     |     | 20  |     |     |     |     | 25  |     |     |     |     | 30  |     |     |      |
|     | Lys                       | Ala | Lys | Ile | Phe | Ser | Lys | Val | Gly | Lys | Lys | Thr | Glu | Cys | Phe | Phe |      |
|     |                           |     | 35  |     |     |     |     | 40  |     |     |     |     | 45  |     |     |     |      |
|     | Arg                       | Phe | Ser | Thr | Val | Ala | Gly | Glu | Arg | Gly | Ser | Ala | Asp | Ala | Val | Arg |      |
|     |                           | 50  |     |     |     | 55  |     |     |     |     | 60  |     |     |     |     |     |      |
|     | Asp                       | Pro | Arg | Gly | Phe | Ala | Met | Lys | Tyr | Tyr | Thr | Glu | Glu | Gly | Asn | Trp |      |
|     |                           | 65  |     |     |     | 70  |     |     |     |     | 75  |     |     |     | 80  |     |      |
|     | Asp                       | Leu | Val | Gly | Asn | Asn | Thr | Pro | Val | Phe | Phe | Ile | Arg | Asp | Ala | Ile |      |
|     |                           |     |     | 85  |     |     |     |     |     | 90  |     |     |     | 95  |     |     |      |
|     | Lys                       | Phe | Pro | Asp | Phe | Ile | His | Thr | Gln | Lys | Arg | Asp | Pro | Gln | Thr | Asn |      |
|     |                           |     | 100 |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     |     | 110 |     |     |      |
|     | Leu                       | Pro | Asn | His | Asp | Met | Val | Trp | Asp | Phe | Trp | Ser | Asn | Val | Pro | Glu |      |
|     |                           | 115 |     |     |     |     | 120 |     |     |     |     |     | 125 |     |     |     |      |
|     | Ser                       | Leu | Tyr | Gln | Val | Thr | Trp | Val | Met | Ser | Asp | Arg | Gly | Ile | Pro | Lys |      |
|     |                           | 130 |     |     |     | 135 |     |     |     |     | 140 |     |     |     |     |     |      |
|     | Ser                       | Phe | Arg | His | Met | Asp | Gly | Phe | Gly | Ser | His | Thr | Phe | Ser | Leu | Ile |      |

|                           |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|---------------------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| 145                       | Asn | Ala | Lys | Gly | Glu | Arg | Phe | Trp | Val | Lys | Phe | His | Phe | His | Thr | Met | 160 |
|                           |     |     |     |     | 165 |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     |     | 175 |     |
| Gln                       | Gly | Val | Lys | His | Leu | Thr | Asn | Glu | Glu | Ala | Ala | Glu | Val | Arg | Lys |     |     |
|                           |     |     | 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     | 190 |     |     |     |     |
| Tyr                       | Asp | Pro | Asp | Ser | Asn | Gln | Arg | Asp | Leu | Phe | Asn | Ala | Ile | Ala | Arg |     |     |
|                           |     | 195 |     |     |     |     | 200 |     |     |     |     | 205 |     |     |     |     |     |
| Gly                       | Asp | Phe | Pro | Lys | Trp | Lys | Leu | Ser | Ile | Gln | Val | Met | Pro | Glu | Glu |     |     |
|                           | 210 |     |     |     |     | 215 |     |     |     |     | 220 |     |     |     |     |     |     |
| Asp                       | Ala | Lys | Lys | Tyr | Arg | Phe | His | Pro | Phe | Asp | Val | Thr | Lys | Ile | Trp |     |     |
| 225                       |     |     |     |     | 230 |     |     |     |     | 235 |     |     |     |     | 240 |     |     |
| Tyr                       | Leu | Gln | Asp | Tyr | Pro | Leu | Met | Glu | Val | Gly | Ile | Val | Glu | Leu | Asn |     |     |
|                           |     |     | 245 |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     |     | 255 |     |     |     |
| Lys                       | Asn | Pro | Glu | Asn | Tyr | Phe | Ala | Glu | Val | Glu | Gln | Ala | Ala | Phe | Ser |     |     |
|                           |     | 260 |     |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     | 270 |     |     |     |     |
| Pro                       | Ala | Asn | Val | Val | Pro | Gly | Ile | Gly | Tyr | Ser | Pro | Asp | Arg | Met | Leu |     |     |
|                           |     | 275 |     |     |     |     | 280 |     |     |     |     | 285 |     |     |     |     |     |
| Gln                       | Gly | Arg | Leu | Phe | Ser | Tyr | Gly | Asp | Thr | His | Arg | Tyr | Arg | Leu | Gly |     |     |
|                           | 290 |     |     |     |     | 295 |     |     |     |     | 300 |     |     |     |     |     |     |
| Val                       | Asn | Tyr | Pro | Gln | Ile | Pro | Val | Asn | Lys | Pro | Arg | Cys | Pro | Phe | His |     |     |
| 305                       |     |     |     |     | 310 |     |     |     |     | 315 |     |     |     |     | 320 |     |     |
| Ser                       | Ser | Ser | Arg | Asp | Gly | Tyr | Met | Gln | Asn | Gly | Tyr | Tyr | Gly | Ser | Leu |     |     |
|                           |     |     | 325 |     |     |     |     | 330 |     |     |     |     |     | 335 |     |     |     |
| Gln                       | Asn | Tyr | Thr | Pro | Ser | Ser | Leu | Pro | Gly | Tyr | Lys | Glu | Asp | Lys | Ser |     |     |
|                           |     | 340 |     |     |     |     |     | 345 |     |     |     |     | 350 |     |     |     |     |
| Ala                       | Arg | Asp | Pro | Lys | Phe | Asn | Leu | Ala | His | Ile | Glu | Lys | Glu | Phe | Glu |     |     |
|                           |     | 355 |     |     |     |     | 360 |     |     |     |     | 365 |     |     |     |     |     |
| Val                       | Trp | Asn | Trp | Asp | Tyr | Arg | Ala | Asp | Asp | Ser | Asp | Tyr | Tyr | Thr | Gln |     |     |
|                           | 370 |     |     |     |     | 375 |     |     |     |     | 380 |     |     |     |     |     |     |
| Pro                       | Gly | Asp | Tyr | Tyr | Arg | Ser | Leu | Pro | Ala | Asp | Glu | Lys | Glu | Arg | Leu |     |     |
| 385                       |     |     |     |     | 390 |     |     |     |     | 395 |     |     |     |     | 400 |     |     |
| His                       | Asp | Thr | Ile | Gly | Glu | Ser | Leu | Ala | His | Val | Thr | His | Lys | Glu | Ile |     |     |
|                           |     |     | 405 |     |     |     |     | 410 |     |     |     |     |     | 415 |     |     |     |
| Val                       | Asp | Lys | Gln | Leu | Glu | His |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|                           |     |     | 420 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <210> 255                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <211> 1005                |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <212> DNA                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <213> Helicobacter pylori |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <220>                     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <221> CDS                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <222> (1)..(1005)         |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <400> 255                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| agc                       | att | att | tat | ccc | ctt | tat | atg | ggt | ggg | gca | aga | ttc | acg | atg | gtg | 48  |     |
| Ser                       | Ile | Ile | Tyr | Pro | Leu | Tyr | Met | Gly | Gly | Ala | Arg | Phe | Thr | Met | Val |     |     |
|                           | 1   |     |     | 5   |     |     |     |     | 10  |     |     |     | 15  |     |     |     |     |
| cgc                       | att | gcg | gat | ttg | atg | caa | aaa | gat | gct | aat | gaa | gtg | tat | cgt | ttg | 96  |     |
| Arg                       | Ile | Ala | Asp | Leu | Met | Gln | Lys | Asp | Ala | Asn | Glu | Val | Tyr | Arg | Leu |     |     |
|                           |     |     | 20  |     |     |     |     | 25  |     |     |     | 30  |     |     |     |     |     |
| aaa                       | aag | ctt | tcc | act | ttt | caa | gag | ctt | gtg | agc | gtg | tat | tac | ggc | atg | 144 |     |
| Lys                       | Lys | Leu | Ser | Thr | Phe | Gln | Glu | Leu | Val | Ser | Val | Tyr | Tyr | Gly | Met |     |     |
|                           |     | 35  |     |     |     | 40  |     |     |     |     | 45  |     |     |     |     |     |     |
| gtg                       | tta | aac | gca | gaa | gtg | gct | gaa | act | tta | gaa | gag | gtg | gaa | aaa | ggc | 192 |     |
| Val                       | Leu | Asn | Ala | Glu | Val | Ala | Glu | Thr | Leu | Glu | Glu | Val | Glu | Lys | Gly |     |     |
|                           | 50  |     |     |     |     | 55  |     |     |     |     | 60  |     |     |     |     |     |     |
| cat                       | tat | aag | cat | ttc | caa | aac | gct | ttg | aaa | atg | caa | aaa | gtg | ggg | caa | 240 |     |
| His                       | Tyr | Lys | His | Phe | Gln | Asn | Ala | Leu | Lys | Met | Gln | Lys | Val | Gly | Gln |     |     |
|                           | 65  |     |     |     | 70  |     |     |     |     | 75  |     |     |     | 80  |     |     |     |
| atc                       | gct | agg | gta | gaa | acc | tta | ggc | gct | caa | gtg | gct | tat | gat | aag | gcc | 288 |     |
| Ile                       | Ala | Arg | Val | Glu | Thr | Leu | Gly | Ala | Gln | Val | Ala | Tyr | Asp | Lys | Ala |     |     |
|                           |     |     |     | 85  |     |     |     | 90  |     |     |     |     |     | 95  |     |     |     |

|                                                                 |      |
|-----------------------------------------------------------------|------|
| cat atc gct agc gtt aag gct aaa gac gtg tta gaa gtt tcg cag ctc | 336  |
| His Ile Ala Ser Val Lys Ala Lys Asp Val Leu Glu Val Ser Gln Leu |      |
| 100 105 110                                                     |      |
| tcg ttc aat tcc att tta tct agc aag gac gat tta gtg cct tca agc | 384  |
| Ser Phe Asn Ser Ile Leu Ser Ser Lys Asp Asp Leu Val Pro Ser Ser |      |
| 115 120 125                                                     |      |
| aaa tta gag atc cgc acg gag aaa aat ctg ccc gat ctg agc ttt ttt | 432  |
| Lys Leu Glu Ile Arg Thr Glu Lys Asn Leu Pro Asp Leu Ser Phe Phe |      |
| 130 135 140                                                     |      |
| gtt tct tcc acg ctc aat tcc tac ccg gtt tta aag act tta gaa aat | 480  |
| Val Ser Ser Thr Leu Asn Ser Tyr Pro Val Leu Lys Thr Leu Glu Asn |      |
| 145 150 155 160                                                 |      |
| cag att caa atc tct aaa gaa aac acg aaa tta cag atc gct aaa ttc | 528  |
| Gln Ile Gln Ile Ser Lys Glu Asn Thr Lys Leu Gln Ile Ala Lys Phe |      |
| 165 170 175                                                     |      |
| ttg ccc caa gtg agt ttt ttt ggc tct tat att atg aag caa aac aat | 576  |
| Leu Pro Gln Val Ser Phe Phe Gly Ser Tyr Ile Met Lys Gln Asn Asn |      |
| 180 185 190                                                     |      |
| tcg gtg ttt gaa gac atg atc cct agt tgg ttt gtg ggc gtg gcc ggg | 624  |
| Ser Val Phe Glu Asp Met Ile Pro Ser Trp Phe Val Gly Val Ala Gly |      |
| 195 200 205                                                     |      |
| cgc atg cct att ctt tct ccc aca ggc cgc att caa aaa tac caa gcg | 672  |
| Arg Met Pro Ile Leu Ser Pro Thr Gly Arg Ile Gln Lys Tyr Gln Ala |      |
| 210 215 220                                                     |      |
| agc aaa tta gcg gag ttg caa gtg agt agc gaa caa atc cag gct aaa | 720  |
| Ser Lys Leu Ala Glu Leu Gln Val Ser Ser Glu Gln Ile Gln Ala Lys |      |
| 225 230 235 240                                                 |      |
| aaa aac atg gaa tta tta gtg aat aag act tat aaa gag acg ctt tct | 768  |
| Lys Asn Met Glu Leu Leu Val Asn Lys Thr Tyr Lys Glu Thr Leu Ser |      |
| 245 250 255                                                     |      |
| tat ttg aaa gaa tac aaa agc ttg ctt tct agc gtg gaa tta gcc aag | 816  |
| Tyr Leu Lys Glu Tyr Lys Ser Leu Leu Ser Ser Val Glu Leu Ala Lys |      |
| 260 265 270                                                     |      |
| gaa aac tta aaa ctc caa gag cag gct ttt tta caa ggc tta agc acg | 864  |
| Glu Asn Leu Lys Leu Gln Glu Ala Phe Leu Gln Gly Leu Ser Thr     |      |
| 275 280 285                                                     |      |
| aac gct caa gtc att gat gcg agg aac acg ctt tct tct atc gtc gtg | 912  |
| Asn Ala Gln Val Ile Asp Ala Arg Asn Thr Leu Ser Ser Ile Val Val |      |
| 290 295 300                                                     |      |
| gag caa aaa agc gtg gct tat aaa tac atc gtt tca tta gcg aat tta | 960  |
| Glu Gln Lys Ser Val Ala Tyr Lys Tyr Ile Val Ser Leu Ala Asn Leu |      |
| 305 310 315 320                                                 |      |
| atg gcg tta agc gat cat att gat tta ttt tat gaa ttt gtt tat     | 1005 |
| Met Ala Leu Ser Asp His Ile Asp Leu Phe Tyr Glu Phe Val Tyr     |      |
| 325 330 335                                                     |      |
| <210> 256                                                       |      |
| <211> 335                                                       |      |
| <212> PRT                                                       |      |
| <213> Helicobacter pylori                                       |      |
| <400> 256                                                       |      |
| Ser Ile Ile Tyr Pro Leu Tyr Met Gly Gly Ala Arg Phe Thr Met Val |      |
| 1 5 10 15                                                       |      |
| Arg Ile Ala Asp Leu Met Gln Lys Asp Ala Asn Glu Val Tyr Arg Leu |      |
| 20 25 30                                                        |      |
| Lys Lys Leu Ser Thr Phe Gln Glu Leu Val Ser Val Tyr Tyr Gly Met |      |
| 35 40 45                                                        |      |
| Val Leu Asn Ala Glu Val Ala Glu Thr Leu Glu Glu Val Glu Lys Gly |      |
| 50 55 60                                                        |      |
| His Tyr Lys His Phe Gln Asn Ala Leu Lys Met Gln Lys Val Gly Gln |      |
| 65 70 75 80                                                     |      |
| Ile Ala Arg Val Glu Thr Leu Gly Ala Gln Val Ala Tyr Asp Lys Ala |      |

```

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

```

&lt;210&gt; 257

&lt;211&gt; 296

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Helicobacter pylori

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(294)

&lt;400&gt; 257

```

gaa atc att aga gat att gct gat caa acc aat ctt tta gcc tta aac 48
Glu Ile Ile Arg Asp Ile Ala Asp Gln Thr Asn Leu Leu Ala Leu Asn
  1          5          10          15
gcc gct att gaa gcc gca agg gcc ggc gag cat ggc aga ggc ttt gcg 96
Ala Ala Ile Glu Ala Ala Arg Ala Gly Glu His Gly Arg Gly Phe Ala
      20          25          30
gtg gtg gct gat gag gta aga aag ctc gct gaa agg acg caa aaa tcg 144
Val Val Ala Asp Glu Val Arg Lys Leu Ala Glu Arg Thr Gln Lys Ser
      35          40          45
ctc agc gag att gaa gcc aat atc aat att tta gtg caa agc att tca 192
Leu Ser Glu Ile Glu Ala Asn Ile Asn Ile Leu Val Gln Ser Ile Ser
      50          55          60
gac acg agc gaa agc att aaa aac cag gtt aaa gaa gtg gaa gaa atc 240
Asp Thr Ser Glu Ser Ile Lys Asn Gln Val Lys Glu Val Glu Glu Ile
      65          70          75          80
aac gct tct att gaa gcc tta aga tcg gtt act gag ggc aat cta aaa 288
Asn Ala Ser Ile Glu Ala Leu Arg Ser Val Thr Glu Gly Asn Leu Lys
      85          90          95
atc gct ag
Ile Ala
<210> 258
<211> 98

```

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Helicobacter pylori

&lt;400&gt; 258

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

Ile Ala

&lt;210&gt; 259

&lt;211&gt; 430

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Helicobacter pylori

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(429)

&lt;400&gt; 259

att caa gct tta ctc gtg ggc gtt caa gaa gaa tat tac gct atc ccg 48  
 Ile Gln Ala Leu Leu Val Gly Val Gln Glu Glu Tyr Tyr Ala Ile Pro  
 1 5 10 15  
 ctt tct tca gtg tta gaa acc gtg cgc atc agc cag gat gaa att tac 96  
 Leu Ser Ser Val Leu Glu Thr Val Arg Ile Ser Gln Asp Glu Ile Tyr  
 20 25 30  
 acc gtt gat ggc aag agc gtg ttg cgt ttg aga gat gag gtg ctt tct 144  
 Thr Val Asp Gly Lys Ser Val Leu Arg Leu Arg Asp Glu Val Leu Ser  
 35 40 45  
 ttg gtg cgc ctt tct gat att ttt aaa gta gat gct att ttg gaa tcc 192  
 Leu Val Arg Leu Ser Asp Ile Phe Lys Val Asp Ala Ile Leu Glu Ser  
 50 55 60  
 aac tca gat gtg tat gtg gtt atc att ggc ttg gct gat caa aaa att 240  
 Asn Ser Asp Val Tyr Val Val Ile Ile Gly Leu Ala Asp Gln Lys Ile  
 65 70 75 80  
 ggc gtg atc gtg gat tat tta atc ggt caa gaa gaa gtg gtc att aaa 288  
 Gly Val Ile Val Asp Tyr Leu Ile Gly Gln Glu Glu Val Val Ile Lys  
 85 90 95  
 tct tta ggt tac tat ctt aaa aac act aga ggc att gct ggt gct acg 336  
 Ser Leu Gly Tyr Tyr Leu Lys Asn Thr Arg Gly Ile Ala Gly Ala Thr  
 100 105 110  
 gtg aga ggc gat ggg aaa atc acc ctt att gta gat gtg ggg gcg atg 384  
 Val Arg Gly Asp Gly Lys Ile Thr Leu Ile Val Asp Val Gly Ala Met  
 115 120 125  
 atg gat atg gca aaa agc atc aag gtc aat atc act acc tta atg a 430  
 Met Asp Met Ala Lys Ser Ile Lys Val Asn Ile Thr Thr Leu Met  
 130 135 140

&lt;210&gt; 260

&lt;211&gt; 143

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Helicobacter pylori

&lt;400&gt; 260

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

```

      35          40          45
Leu Val Arg Leu Ser Asp Ile Phe Lys Val Asp Ala Ile Leu Glu Ser
  50          55          60
Asn Ser Asp Val Tyr Val Ile Ile Gly Leu Ala Asp Gln Lys Ile
  65          70          75          80
Gly Val Ile Val Asp Tyr Leu Ile Gly Gln Glu Glu Val Val Ile Lys
      85          90          95
Ser Leu Gly Tyr Tyr Leu Lys Asn Thr Arg Gly Ile Ala Gly Ala Thr
      100          105          110
Val Arg Gly Asp Gly Lys Ile Thr Leu Ile Val Asp Val Gly Ala Met
      115          120          125
Met Asp Met Ala Lys Ser Ile Lys Val Asn Ile Thr Thr Leu Met
      130          135          140
<210> 261
<211> 497
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(495)
<400> 261
aaa att gga gtt tgt ggt cct gta gga agc ggt aaa acc gcc ttg att 48
Lys Ile Gly Val Cys Gly Pro Val Gly Ser Gly Lys Thr Ala Leu Ile
  1          5          10          15
gaa gct tta acg cgc cac atg tca aaa gat tat gac atg gcg gtc atc 96
Glu Ala Leu Thr Arg His Met Ser Lys Asp Tyr Asp Met Ala Val Ile
      20          25          30
act aat gat att tac acg aaa gaa gac gca gag ttt atg tgt aaa aat 144
Thr Asn Asp Ile Tyr Thr Lys Glu Asp Ala Glu Phe Met Cys Lys Asn
      35          40          45
tcg gtg atg cca cga gag agg atc att ggc gta gaa aca gga ggc tgt 192
Ser Val Met Pro Arg Glu Arg Ile Ile Gly Val Glu Thr Gly Gly Cys
      50          55          60
ccg cac acg gct att aga gaa gac gct tct atg aat tta gaa gcc gta 240
Pro His Thr Ala Ile Arg Glu Asp Ala Ser Met Asn Leu Glu Ala Val
      65          70          75          80
gaa gaa atg cat ggc cgt ttc cct aat ttg gaa ttg ctt ttg att gaa 288
Glu Glu Met His Gly Arg Phe Pro Asn Leu Glu Leu Leu Leu Ile Glu
      85          90          95
agc gga ggc gat aac ctt tca gcg aca ttc aac cca gag cta gcg gac 336
Ser Gly Gly Asp Asn Leu Ser Ala Thr Phe Asn Pro Glu Leu Ala Asp
      100          105          110
ttt acg atc ttt gtg att gat gtg gct gag ggc gat aaa atc ccc cga 384
Phe Thr Ile Phe Val Ile Asp Val Ala Glu Gly Asp Lys Ile Pro Arg
      115          120          125
aaa ggc ggg cca gga atc acg cgc tca gac ttg ctt gtc atc aat aag 432
Lys Gly Gly Pro Gly Ile Thr Arg Ser Asp Leu Leu Val Ile Asn Lys
      130          135          140
att gat tta gcc ccc tat gtg gga gcg gac ttg aaa gtc atg gaa agg 480
Ile Asp Leu Ala Pro Tyr Val Gly Ala Asp Leu Lys Val Met Glu Arg
      145          150          155          160
gat tct aaa aaa atg cg 497
Asp Ser Lys Lys Met
      165
<210> 262
<211> 165
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 262
Lys Ile Gly Val Cys Gly Pro Val Gly Ser Gly Lys Thr Ala Leu Ile
  1          5          10          15

```

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

&lt;210&gt; 263

&lt;211&gt; 402

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Helicobacter pylori

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(402)

&lt;400&gt; 263

ttt aaa acc agg caa ggc aaa gac ata gcc ata cgc ctt aaa gac gct 48  
 Phe Lys Thr Arg Gln Gly Lys Asp Ile Ala Ile Arg Leu Lys Asp Ala  
   1                          5                          10                          15  
 ccc aag ttg ggg ctc tct caa ggg gat att tta ttt aaa gaa gag aag 96  
 Pro Lys Leu Gly Leu Ser Gln Gly Asp Ile Leu Phe Lys Glu Glu Lys  
                           20                          25                          30  
 gaa att atc gcc gtt aat atc ttg gat tct gaa gtc att cac atc caa 144  
 Glu Ile Ile Ala Val Asn Ile Leu Asp Ser Glu Val Ile His Ile Gln  
                           35                          40                          45  
 gcc aag agc gtg gca gaa gta gcg aaa ata tgc tat gaa ata gga aac 192  
 Ala Lys Ser Val Ala Glu Val Ala Lys Ile Cys Tyr Glu Ile Gly Asn  
                           50                          55                          60  
 cgc cat gcg gct tta tac tat ggc gag tct caa ttt gaa ttt aaa aca 240  
 Arg His Ala Ala Leu Tyr Tyr Gly Glu Ser Gln Phe Glu Phe Lys Thr  
                           65                          70                          75                          80  
 cca ttt gaa aag ccc acg cta gcg tta tta gaa aag cta ggg gtt caa 288  
 Pro Phe Glu Lys Pro Thr Leu Ala Leu Leu Glu Lys Leu Gly Val Gln  
                           85                          90                          95  
 aat cgt gtt tta agt tca aaa ttg gat tcc aaa gaa cgc tta acc gtg 336  
 Asn Arg Val Leu Ser Ser Lys Leu Asp Ser Lys Glu Arg Leu Thr Val  
                           100                          105                          110  
 agc atg ccc cat agt gag cct aat ttt aag gtc tca cta gcg agc gat 384  
 Ser Met Pro His Ser Glu Pro Asn Phe Lys Val Ser Leu Ala Ser Asp  
                           115                          120                          125  
 ttt aaa gtg gtc gta aaa 402  
 Phe Lys Val Val Val Lys  
                           130

&lt;210&gt; 264

&lt;211&gt; 134

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Helicobacter pylori

&lt;400&gt; 264

Phe Lys Thr Arg Gln Gly Lys Asp Ile Ala Ile Arg Leu Lys Asp Ala

|                                                                 |     |     |    |
|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|----|
| 1                                                               | 5   | 10  | 15 |
| Pro Lys Leu Gly Leu Ser Gln Gly Asp Ile Leu Phe Lys Glu Glu Lys |     |     |    |
| 20                                                              | 25  | 30  |    |
| Glu Ile Ile Ala Val Asn Ile Leu Asp Ser Glu Val Ile His Ile Gln |     |     |    |
| 35                                                              | 40  | 45  |    |
| Ala Lys Ser Val Ala Glu Val Ala Lys Ile Cys Tyr Glu Ile Gly Asn |     |     |    |
| 50                                                              | 55  | 60  |    |
| Arg His Ala Ala Leu Tyr Tyr Gly Glu Ser Gln Phe Glu Phe Lys Thr |     |     |    |
| 65                                                              | 70  | 75  | 80 |
| Pro Phe Glu Lys Pro Thr Leu Ala Leu Leu Glu Lys Leu Gly Val Gln |     |     |    |
| 85                                                              | 90  | 95  |    |
| Asn Arg Val Leu Ser Ser Lys Leu Asp Ser Lys Glu Arg Leu Thr Val |     |     |    |
| 100                                                             | 105 | 110 |    |
| Ser Met Pro His Ser Glu Pro Asn Phe Lys Val Ser Leu Ala Ser Asp |     |     |    |
| 115                                                             | 120 | 125 |    |
| Phe Lys Val Val Val Lys                                         |     |     |    |
| 130                                                             |     |     |    |
| <210> 265                                                       |     |     |    |
| <211> 606                                                       |     |     |    |
| <212> DNA                                                       |     |     |    |
| <213> Helicobacter pylori                                       |     |     |    |
| <220>                                                           |     |     |    |
| <221> CDS                                                       |     |     |    |
| <222> (1)..(606)                                                |     |     |    |
| <400> 265                                                       |     |     |    |
| att aaa aga gcg gca aag gaa ttg aaa gag ggc atg tat gtg aat tta | 48  |     |    |
| Ile Lys Arg Ala Ala Lys Glu Leu Lys Glu Gly Met Tyr Val Asn Leu |     |     |    |
| 1 5 10 15                                                       |     |     |    |
| ggg ata ggc ttg ccc acg ctt gtg gct aat gaa gtg agc ggg atg aat | 96  |     |    |
| Gly Ile Gly Leu Pro Thr Leu Val Ala Asn Glu Val Ser Gly Met Asn |     |     |    |
| 20 25 30                                                        |     |     |    |
| atc gtt ttc caa agc gag aac ggg ctg tta ggg att ggc gct tac cct | 144 |     |    |
| Ile Val Phe Gln Ser Glu Asn Gly Leu Leu Gly Ile Gly Ala Tyr Pro |     |     |    |
| 35 40 45                                                        |     |     |    |
| tta gag ggg agc gtt gat gcg gat ctt atc aac gca gga aag gaa acc | 192 |     |    |
| Leu Glu Gly Ser Val Asp Ala Asp Leu Ile Asn Ala Gly Lys Glu Thr |     |     |    |
| 50 55 60                                                        |     |     |    |
| ata acc gtg gtg ccg ggc gct tcg ttt ttc aat agc gcg gat tcg ttt | 240 |     |    |
| Ile Thr Val Val Pro Gly Ala Ser Phe Phe Asn Ser Ala Asp Ser Phe |     |     |    |
| 65 70 75 80                                                     |     |     |    |
| gcg atg att cgt ggg ggg cat att gat tta gcg att tta ggg ggg atg | 288 |     |    |
| Ala Met Ile Arg Gly Gly His Ile Asp Leu Ala Ile Leu Gly Gly Met |     |     |    |
| 85 90 95                                                        |     |     |    |
| gaa gtc tca caa aat ggg gat ttg gct aat tgg atg atc cct aaa aag | 336 |     |    |
| Glu Val Ser Gln Asn Gly Asp Leu Ala Asn Trp Met Ile Pro Lys Lys |     |     |    |
| 100 105 110                                                     |     |     |    |
| ctc ata aag ggc atg gga ggg gct atg gat ttg gtg cat ggc gct aaa | 384 |     |    |
| Leu Ile Lys Gly Met Gly Gly Ala Met Asp Leu Val His Gly Ala Lys |     |     |    |
| 115 120 125                                                     |     |     |    |
| aaa gtg att gtg atc atg gag cat tgc aac aaa tac ggg gag tct aaa | 432 |     |    |
| Lys Val Ile Val Ile Met Glu His Cys Asn Lys Tyr Gly Glu Ser Lys |     |     |    |
| 130 135 140                                                     |     |     |    |
| gtg aaa aag gaa tgc tca ttg ccc tta aca gga aaa ggc gtg gtg cat | 480 |     |    |
| Val Lys Lys Glu Cys Ser Leu Pro Leu Thr Gly Lys Gly Val Val His |     |     |    |
| 145 150 155 160                                                 |     |     |    |
| caa ttg ata acg gat tta gcg gtg ttt gag ttt tcc aat aac gcc atg | 528 |     |    |
| Gln Leu Ile Thr Asp Leu Ala Val Phe Glu Phe Ser Asn Asn Ala Met |     |     |    |
| 165 170 175                                                     |     |     |    |
| aaa tta gtg gaa ttg caa gag ggg gtc agc ctt gat caa gtg aaa gaa | 576 |     |    |
| Lys Leu Val Glu Leu Gln Glu Gly Val Ser Leu Asp Gln Val Lys Glu |     |     |    |
| 180 185 190                                                     |     |     |    |

aag aca gaa gct gaa ttt gag gtg cgc tta  
 Lys Thr Glu Ala Glu Phe Glu Val Arg Leu  
 195 200  
 <210> 266  
 <211> 202  
 <212> PRT  
 <213> Helicobacter pylori  
 <400> 266  
 Ile Lys Arg Ala Ala Lys Glu Leu Lys Glu Gly Met Tyr Val Asn Leu  
 1 5 10 15  
 Gly Ile Gly Leu Pro Thr Leu Val Ala Asn Glu Val Ser Gly Met Asn  
 20 25 30  
 Ile Val Phe Gln Ser Glu Asn Gly Leu Leu Gly Ile Gly Ala Tyr Pro  
 35 40 45  
 Leu Glu Gly Ser Val Asp Ala Asp Leu Ile Asn Ala Gly Lys Glu Thr  
 50 55 60  
 Ile Thr Val Val Pro Gly Ala Ser Phe Phe Asn Ser Ala Asp Ser Phe  
 65 70 75 80  
 Ala Met Ile Arg Gly Gly His Ile Asp Leu Ala Ile Leu Gly Gly Met  
 85 90 95  
 Glu Val Ser Gln Asn Gly Asp Leu Ala Asn Trp Met Ile Pro Lys Lys  
 100 105 110  
 Leu Ile Lys Gly Met Gly Gly Ala Met Asp Leu Val His Gly Ala Lys  
 115 120 125  
 Lys Val Ile Val Ile Met Glu His Cys Asn Lys Tyr Gly Glu Ser Lys  
 130 135 140  
 Val Lys Lys Glu Cys Ser Leu Pro Leu Thr Gly Lys Gly Val Val His  
 145 150 155 160  
 Gln Leu Ile Thr Asp Leu Ala Val Phe Glu Phe Ser Asn Asn Ala Met  
 165 170 175  
 Lys Leu Val Glu Leu Gln Glu Gly Val Ser Leu Asp Gln Val Lys Glu  
 180 185 190  
 Lys Thr Glu Ala Glu Phe Glu Val Arg Leu  
 195 200  
 <210> 267  
 <211> 336  
 <212> DNA  
 <213> Helicobacter pylori  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(336)  
 <400> 267  
 ggg att gaa caa gac gct gat att gtt tta ttt tta tat aga ggc tat 48  
 Gly Ile Glu Gln Asp Ala Asp Ile Val Leu Phe Leu Tyr Arg Gly Tyr  
 1 5 10 15  
 atc tat caa atg agg gct gaa gac aac aaa ata gac aaa ctc aaa aaa 96  
 Ile Tyr Gln Met Arg Ala Glu Asp Asn Lys Ile Asp Lys Leu Lys Lys  
 20 25 30  
 gaa ggt aaa att gaa gag gcg caa gag ttg tac tta aaa gtt aat gaa 144  
 Glu Gly Lys Ile Glu Glu Ala Gln Glu Leu Tyr Leu Lys Val Asn Glu  
 35 40 45  
 gaa agg cgt atc cac aag caa aat ggc agc att gaa gag gct gaa atc 192  
 Glu Arg Arg Ile His Lys Gln Asn Gly Ser Ile Glu Glu Ala Glu Ile  
 50 55 60  
 att gtg gct aaa aac agg aat ggg gct aca gga acg gtt tat acg cgc 240  
 Ile Val Ala Lys Asn Arg Asn Gly Ala Thr Gly Thr Val Tyr Thr Arg  
 65 70 75 80  
 ttt aac gct cct ttc acg cgc tat gaa gac atg ccc ata gat tcc cat 288  
 Phe Asn Ala Pro Phe Thr Arg Tyr Glu Asp Met Pro Ile Asp Ser His  
 85 90 95  
 tta gaa gaa ggg caa gaa act aaa gtg gat tat gat ata gtt aca act 336

Leu Glu Glu Gly Gln Glu Thr Lys Val Asp Tyr Asp Ile Val Thr Thr  
 100 105 110

<210> 268

<211> 112

<212> PRT

<213> Helicobacter pylori

<400> 268

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

<210> 269

<211> 240

<212> DNA

<213> Helicobacter pylori

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(240)

<400> 269

aat gcg att gag caa gat gaa atc act aaa aaa att gaa gca gaa gag 48  
 Asn Ala Ile Glu Gln Asp Glu Ile Thr Lys Lys Ile Glu Ala Glu Glu  
 1 5 10 15  
 ttg tta gag cat gtc caa aaa gcg ctg aat caa atg agc gaa aga gag 96  
 Leu Leu Glu His Val Gln Lys Ala Leu Asn Gln Met Ser Glu Arg Glu  
 20 25 30  
 caa atc ctt atc cag ctt tat tac ttt gaa gag ttg aat ttg agc gag 144  
 Gln Ile Leu Ile Gln Leu Tyr Tyr Phe Glu Glu Leu Asn Leu Ser Glu  
 35 40 45  
 att aaa gag att tta ggc att act gaa tcg cgc att tct caa atc att 192  
 Ile Lys Glu Ile Leu Gly Ile Thr Glu Ser Arg Ile Ser Gln Ile Ile  
 50 55 60  
 aaa gaa gtg att aaa aag gtg cgt aaa tcc tta gga gtg gat cat ggc 240  
 Lys Glu Val Ile Lys Lys Val Arg Lys Ser Leu Gly Val Asp His Gly  
 65 70 75 80

<210> 270

<211> 80

<212> PRT

<213> Helicobacter pylori

<400> 270

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

<210> 271

<211> 219

```

<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(219)
<400> 271
gtt gat gaa aaa aag ggt cat ttg att tta ggg gag gtg gag cag gat 48
Val Asp Glu Lys Lys Gly His Leu Ile Leu Gly Glu Val Glu Gln Asp
1 5 10 15
aat ggc gtg ttt gaa agc agt ggg ggg agg gtg atc ttt gcc att ggt 96
Asn Gly Val Phe Glu Ser Ser Gly Gly Arg Val Ile Phe Ala Ile Gly
20 25 30
agg gga aaa tcc tta tta gaa gcc aga aac cat gct tat gaa atc gct 144
Arg Gly Lys Ser Leu Leu Glu Ala Arg Asn His Ala Tyr Glu Ile Ala
35 40 45
caa aag gtg cat ttt gaa ggc atg ttt tat cgc aag gat att ggt ttt 192
Gln Lys Val His Phe Glu Gly Met Phe Tyr Arg Lys Asp Ile Gly Phe
50 55 60
aag gtg tta gat ttg aaa gaa tat tct 219
Lys Val Leu Asp Leu Lys Glu Tyr Ser
65 70
<210> 272
<211> 73
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 272
Val Asp Glu Lys Lys Gly His Leu Ile Leu Gly Glu Val Glu Gln Asp
1 5 10 15
Asn Gly Val Phe Glu Ser Ser Gly Gly Arg Val Ile Phe Ala Ile Gly
20 25 30
Arg Gly Lys Ser Leu Leu Glu Ala Arg Asn His Ala Tyr Glu Ile Ala
35 40 45
Gln Lys Val His Phe Glu Gly Met Phe Tyr Arg Lys Asp Ile Gly Phe
50 55 60
Lys Val Leu Asp Leu Lys Glu Tyr Ser
65 70
<210> 273
<211> 672
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(672)
<400> 273
aaa gac gat tta gcg gaa atc atg ctt tta gcg gta agc cct ggc atg 48
Lys Asp Asp Leu Ala Glu Ile Met Leu Leu Ala Val Ser Pro Gly Met
1 5 10 15
atg agg ggc gat gcg caa gat gtg caa tta aac atc ggt cca aat tgc 96
Met Arg Gly Asp Ala Gln Asp Val Gln Leu Asn Ile Gly Pro Asn Cys
20 25 30
aag tta agg atc act tcg caa tcc ttt gaa aaa atc cat aac act gaa 144
Lys Leu Arg Ile Thr Ser Gln Ser Phe Glu Lys Ile His Asn Thr Glu
35 40 45
gat ggg ttt gcc agc aga gac atg cat att gtt gtg ggg gaa aac gct 192
Asp Gly Phe Ala Ser Arg Asp Met His Ile Val Val Gly Glu Asn Ala
50 55 60
ttt tta gat ttt gcg cct ttc ccg tta atc ccc ttt gaa aac gcg cat 240
Phe Leu Asp Phe Ala Pro Phe Pro Leu Ile Pro Phe Glu Asn Ala His
65 70 75 80
ttt aag ggc aac acc acg att tct ttg cgc tct agc tct caa ttg ctc 288
Phe Lys Gly Asn Thr Thr Ile Ser Leu Arg Ser Ser Ser Gln Leu Leu

```

|                                                                 |     |    |    |  |
|-----------------------------------------------------------------|-----|----|----|--|
|                                                                 | 85  | 90 | 95 |  |
| tat agt gaa atc att gtc gca ggg cga gtg gcg cgc aat gag ttg ttt | 336 |    |    |  |
| Tyr Ser Glu Ile Ile Val Ala Gly Arg Val Ala Arg Asn Glu Leu Phe |     |    |    |  |
| 100 105 110                                                     |     |    |    |  |
| aaa ttc aac cgc ttg cac acc aaa atc tct att tta caa gat gag aaa | 384 |    |    |  |
| Lys Phe Asn Arg Leu His Thr Lys Ile Ser Ile Leu Gln Asp Glu Lys |     |    |    |  |
| 115 120 125                                                     |     |    |    |  |
| ccc atc tat tat gac aac acg att tta gat ccc aaa acc acc gac tta | 432 |    |    |  |
| Pro Ile Tyr Tyr Asp Asn Thr Ile Leu Asp Pro Lys Thr Thr Asp Leu |     |    |    |  |
| 130 135 140                                                     |     |    |    |  |
| aat aac atg tgc atg ttt gat ggc tat acg cat tat ttg aat ttg gtg | 480 |    |    |  |
| Asn Asn Met Cys Met Phe Asp Gly Tyr Thr His Tyr Leu Asn Leu Val |     |    |    |  |
| 145 150 155 160                                                 |     |    |    |  |
| ctt gtc aat tgc ccc ata gag ctc tct ggt gtg cga gaa tgc att gaa | 528 |    |    |  |
| Leu Val Asn Cys Pro Ile Glu Leu Ser Gly Val Arg Glu Cys Ile Glu |     |    |    |  |
| 165 170 175                                                     |     |    |    |  |
| gaa agc gaa ggg gtg gat ggg gca gtg agt gaa acc gct agt tct cat | 576 |    |    |  |
| Glu Ser Glu Gly Val Asp Gly Ala Val Ser Glu Thr Ala Ser Ser His |     |    |    |  |
| 180 185 190                                                     |     |    |    |  |
| tta tgc gtg aaa gct tta gcg aaa ggc tca gaa ccc tta ttg cat tta | 624 |    |    |  |
| Leu Cys Val Lys Ala Leu Ala Lys Gly Ser Glu Pro Leu Leu His Leu |     |    |    |  |
| 195 200 205                                                     |     |    |    |  |
| aga gaa aaa atc gct cgc ttg gtt acg caa acc acc acg caa aag gtt | 672 |    |    |  |
| Arg Glu Lys Ile Ala Arg Leu Val Thr Gln Thr Thr Thr Gln Lys Val |     |    |    |  |
| 210 215 220                                                     |     |    |    |  |
| <210> 274                                                       |     |    |    |  |
| <211> 224                                                       |     |    |    |  |
| <212> PRT                                                       |     |    |    |  |
| <213> Helicobacter pylori                                       |     |    |    |  |
| <400> 274                                                       |     |    |    |  |
| Lys Asp Asp Leu Ala Glu Ile Met Leu Leu Ala Val Ser Pro Gly Met |     |    |    |  |
| 1 5 10 15                                                       |     |    |    |  |
| Met Arg Gly Asp Ala Gln Asp Val Gln Leu Asn Ile Gly Pro Asn Cys |     |    |    |  |
| 20 25 30                                                        |     |    |    |  |
| Lys Leu Arg Ile Thr Ser Gln Ser Phe Glu Lys Ile His Asn Thr Glu |     |    |    |  |
| 35 40 45                                                        |     |    |    |  |
| Asp Gly Phe Ala Ser Arg Asp Met His Ile Val Val Gly Glu Asn Ala |     |    |    |  |
| 50 55 60                                                        |     |    |    |  |
| Phe Leu Asp Phe Ala Pro Phe Pro Leu Ile Pro Phe Glu Asn Ala His |     |    |    |  |
| 65 70 75 80                                                     |     |    |    |  |
| Phe Lys Gly Asn Thr Thr Ile Ser Leu Arg Ser Ser Ser Gln Leu Leu |     |    |    |  |
| 85 90 95                                                        |     |    |    |  |
| Tyr Ser Glu Ile Ile Val Ala Gly Arg Val Ala Arg Asn Glu Leu Phe |     |    |    |  |
| 100 105 110                                                     |     |    |    |  |
| Lys Phe Asn Arg Leu His Thr Lys Ile Ser Ile Leu Gln Asp Glu Lys |     |    |    |  |
| 115 120 125                                                     |     |    |    |  |
| Pro Ile Tyr Tyr Asp Asn Thr Ile Leu Asp Pro Lys Thr Thr Asp Leu |     |    |    |  |
| 130 135 140                                                     |     |    |    |  |
| Asn Asn Met Cys Met Phe Asp Gly Tyr Thr His Tyr Leu Asn Leu Val |     |    |    |  |
| 145 150 155 160                                                 |     |    |    |  |
| Leu Val Asn Cys Pro Ile Glu Leu Ser Gly Val Arg Glu Cys Ile Glu |     |    |    |  |
| 165 170 175                                                     |     |    |    |  |
| Glu Ser Glu Gly Val Asp Gly Ala Val Ser Glu Thr Ala Ser Ser His |     |    |    |  |
| 180 185 190                                                     |     |    |    |  |
| Leu Cys Val Lys Ala Leu Ala Lys Gly Ser Glu Pro Leu Leu His Leu |     |    |    |  |
| 195 200 205                                                     |     |    |    |  |
| Arg Glu Lys Ile Ala Arg Leu Val Thr Gln Thr Thr Thr Gln Lys Val |     |    |    |  |
| 210 215 220                                                     |     |    |    |  |
| <210> 275                                                       |     |    |    |  |
| <211> 477                                                       |     |    |    |  |
| <212> DNA                                                       |     |    |    |  |

&lt;213&gt; Helicobacter pylori

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(477)

&lt;400&gt; 275

```

caa aag gat aaa tct tac aag gtt gtt gaa gaa tac ccc agc tca aga 48
Gln Lys Asp Lys Ser Tyr Lys Val Val Glu Glu Tyr Pro Ser Ser Arg
 1          5          10          15
acc cac att ata gtg cgc gat ttg caa ggc aat gaa cgc gtg tta agc 96
Thr His Ile Ile Val Arg Asp Leu Gln Gly Asn Glu Arg Val Leu Ser
          20          25          30
aat gaa gag att caa aag ctc atc aaa gaa gaa gaa gct aaa att gat 144
Asn Glu Glu Ile Gln Lys Leu Ile Lys Glu Glu Glu Ala Lys Ile Asp
          35          40          45
aac ggc acg agc aag ctt gtc cag cct aat aat gga ggg agt aat gaa 192
Asn Gly Thr Ser Lys Leu Val Gln Pro Asn Asn Gly Gly Ser Asn Glu
          50          55          60
ggc tca ggc ttt ggc ttg ggg agc gcg att tta ggg agc gcg gcg ggg 240
Gly Ser Gly Phe Gly Leu Gly Ser Ala Ile Leu Gly Ser Ala Ala Gly
          65          70          75          80
gcg att tta ggg agt tat att ggt aat aag ctt ttc aat aac cct aat 288
Ala Ile Leu Gly Ser Tyr Ile Gly Asn Lys Leu Phe Asn Asn Pro Asn
          85          90          95
tac cag caa aac gcc caa cgg acc tac aaa tcc cca caa gct tac caa 336
Tyr Gln Gln Asn Ala Gln Arg Thr Tyr Lys Ser Pro Gln Ala Tyr Gln
          100          105          110
cgc tct caa aat tcc ttt tct aaa agt gcg ccc agt gct tca agc atg 384
Arg Ser Gln Asn Ser Phe Ser Lys Ser Ala Pro Ser Ala Ser Ser Met
          115          120          125
ggc gga gcg agt aag gga cag agc ggg ttt ttt ggc tct agt agg cct 432
Gly Gly Ala Ser Lys Gly Gln Ser Gly Phe Phe Gly Ser Ser Arg Pro
          130          135          140
act agt tca ccg gcg gta agc tct ggg aca agg ggc ttt aac tca 477
Thr Ser Ser Pro Ala Val Ser Ser Gly Thr Arg Gly Phe Asn Ser
          145          150          155

```

&lt;210&gt; 276

&lt;211&gt; 159

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Helicobacter pylori

&lt;400&gt; 276

```

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

```

&lt;210&gt; 277

```

<211> 685
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(684)
<400> 277
acc gct caa acc ctt tta aac cat gct aaa aaa act caa agc ttg aat 48
Thr Ala Gln Thr Leu Leu Asn His Ala Lys Lys Thr Gln Ser Leu Asn
1 5 10 15
ggg gtg gag att gta ggg ttg gag cat ttg gat aaa gtg att tat tta 96
Gly Val Glu Ile Val Gly Leu Glu His Leu Asp Lys Val Ile Tyr Leu
20 25 30
gat caa gcc ccc ata ggc aaa acc cca cga agc aac cct gcc act tac 144
Asp Gln Ala Pro Ile Gly Lys Thr Pro Arg Ser Asn Pro Ala Thr Tyr
35 40 45
acg gga gtg atg gat gaa atc agg att tta ttt gcc gag caa aaa gaa 192
Thr Gly Val Met Asp Glu Ile Arg Ile Leu Phe Ala Glu Gln Lys Glu
50 55 60
gct aaa att tta ggc tat agt gcg agc cgt ttt agc ttt aat gtt aaa 240
Ala Lys Ile Leu Gly Tyr Ser Ala Ser Arg Phe Ser Phe Asn Val Lys
65 70 75 80
gga ggg cgg tgc gag aaa tgc caa ggc gat ggg gac att aaa ata gaa 288
Gly Gly Arg Cys Glu Lys Cys Gln Gly Asp Gly Asp Ile Lys Ile Glu
85 90 95
atg cac ttt ttg cct gat gtg tta gtc caa tgc gat agc tgt aag ggc 336
Met His Phe Leu Pro Asp Val Leu Val Gln Cys Asp Ser Cys Lys Gly
100 105 110
gct aaa tac aac ccc caa act tta gaa atc aag gtg aaa ggc aaa tcc 384
Ala Lys Tyr Asn Pro Gln Thr Leu Glu Ile Lys Val Lys Gly Lys Ser
115 120 125
att gcc gat gtg ttg aac atg agc gtg gaa gag gct tat gaa ttt ttt 432
Ile Ala Asp Val Leu Asn Met Ser Val Glu Glu Ala Tyr Glu Phe Phe
130 135 140
gct aaa ttc cct aaa atc gcc gtg aag tta aaa acg ctt atg gat gtg 480
Ala Lys Phe Pro Lys Ile Ala Val Lys Leu Lys Thr Leu Met Asp Val
145 150 155 160
ggc tta ggc tat atc act tta ggg caa aac gct acg act tta agt ggg 528
Gly Leu Gly Tyr Ile Thr Leu Gly Gln Asn Ala Thr Thr Leu Ser Gly
165 170 175
ggg gag gct caa agg atc aaa tta gct aaa gaa ttg agt aaa aaa gac 576
Gly Glu Ala Gln Arg Ile Lys Leu Ala Lys Glu Leu Ser Lys Lys Asp
180 185 190
aca ggc aaa acc ctt tat att tta gat gag cct act acc ggt ttg cat 624
Thr Gly Lys Thr Leu Tyr Ile Leu Asp Glu Pro Thr Thr Gly Leu His
195 200 205
ttt gaa gac gtg aat cat ctt tta caa gtc ttg cat tct tta gtg gcg 672
Phe Glu Asp Val Asn His Leu Leu Gln Val Leu His Ser Leu Val Ala
210 215 220
tta ggc aat tct a 685
Leu Gly Asn Ser
225
<210> 278
<211> 228
<212> PRT
<213> Helicobacter pylori
<400> 278
Thr Ala Gln Thr Leu Leu Asn His Ala Lys Lys Thr Gln Ser Leu Asn
1 5 10 15
Gly Val Glu Ile Val Gly Leu Glu His Leu Asp Lys Val Ile Tyr Leu
20 25 30

```

```

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

```

# 【図面の簡単な説明】

## 【図1】

酵母ツーハイブリッド系に使用できるプラスミドpAS2ΔΔの制限地図。

## 【図2】

酵母ツーハイブリッド系に使用できるプラスミドpASCTIIst の制限地図。

## 【図3】

細菌ツーハイブリッド系に使用できるプラスミドpUT18 の制限地図。本図では、各マルチクロニング部位(MCS) を詳細に示す。

## 【図4】

細菌ツーハイブリッド系に使用できるプラスミドpUT18Cの制限地図。本図では、各マルチクロニング部位(MCS) を詳細に示す。

## 【図5】

細菌ツーハイブリッド系に使用できるプラスミドpT25の制限地図。本図では、各マルチクロニング部位(MCS) を詳細に示す。

## 【図6】

細菌ツーハイブリッド系に使用できるプラスミドpKT25 の制限地図。本図では、各マルチクロニング部位(MCS) を詳細に示す。

SID™同定法の説明図。本図では、「全長preyタンパク質」は同定されたpreyポリペプチドが含まれるオープンリーディングフレームであり、選択相互作用ドメイン SID™は、すべてのpreyポリペプチド断片の比較により決定される。

酵母ツーハイブリッド系に使用できるプラスミドpP6 の制限地図。

pAS2ΔΔ

7159塩基対  
ユニーク部位

287 *Bfr*BI  
287 *Nsi*I  
287 *Ppu*10I

ScaI 6720

BpmI 6327

AlwNI 5760

SapI 5226

PstI 4776  
SalI 4770  
BamHI 4764  
XmaI 4759  
SmaI 4759  
StyI 4749  
NcoI 4749  
BstDSI 4749  
SfiI 4747  
MscI 4746  
HpaI 4570

BstBI 4026  
BsaBI 3797

3515 *Rle*AI  
3465 *Ppu*MI  
3384 *Mlu*I

3293 *Sac*I  
3293 *Ecd*136II  
3289 *Nru*I

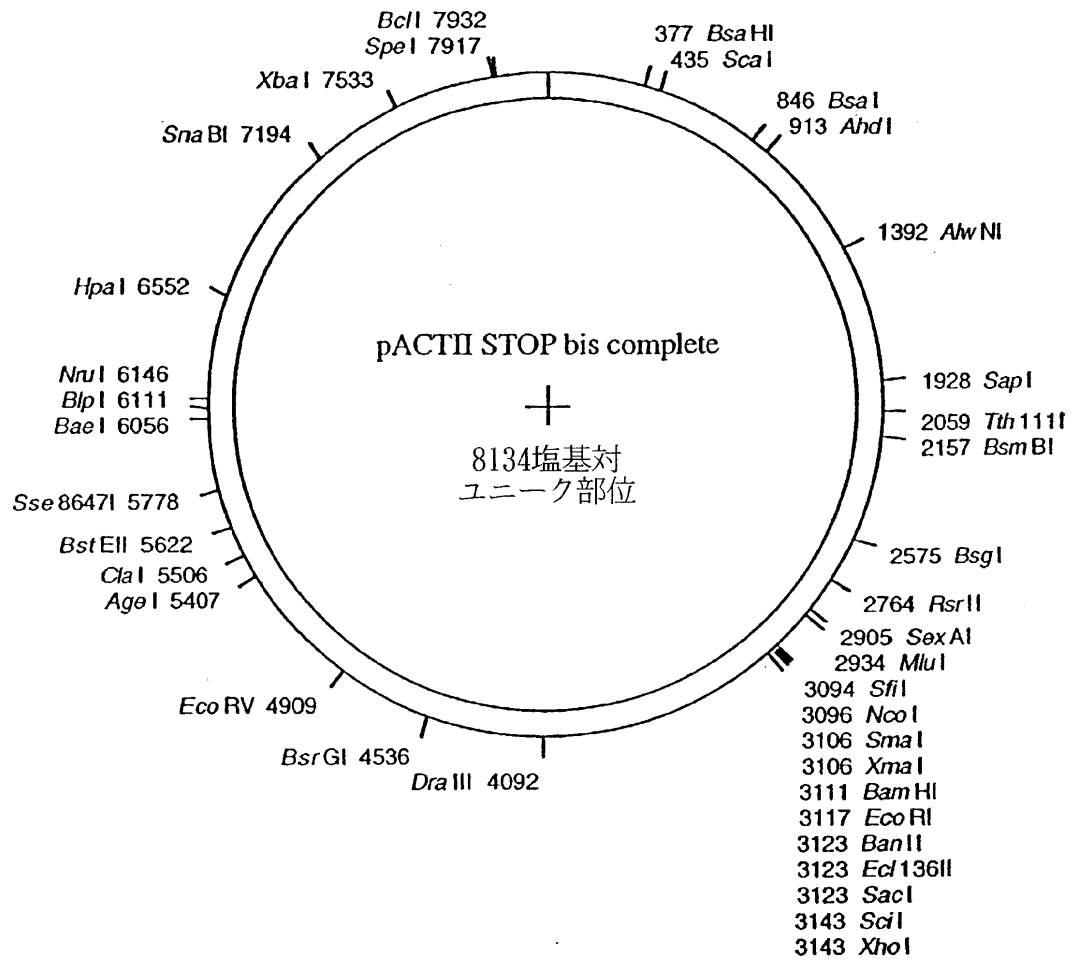
2986 *Nae*I  
2986 *Ngo*MI

2880 *Dra*III

2174 *Bst*XI  
2124 *Bsu*36I  
1956 *Bst*API  
1956 *Apa*BI  
1841 *Pml*I  
1748 *Bsp*EI

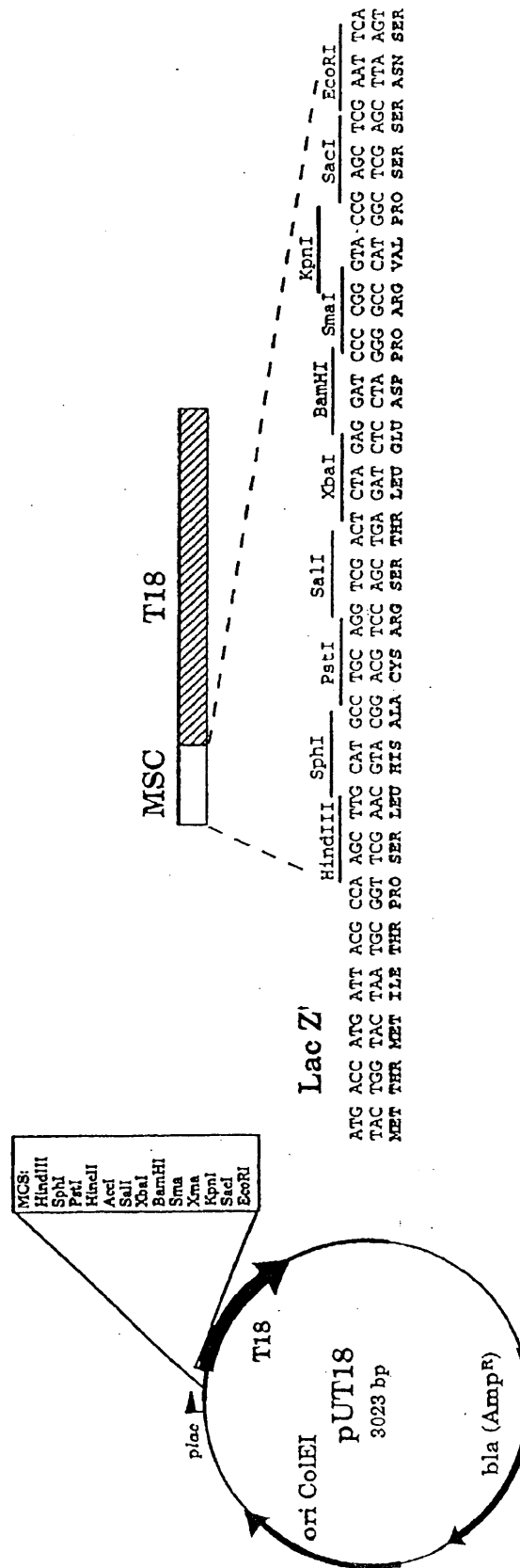
1288 *Bse*RI  
1285 *Xcm*I

【図2】



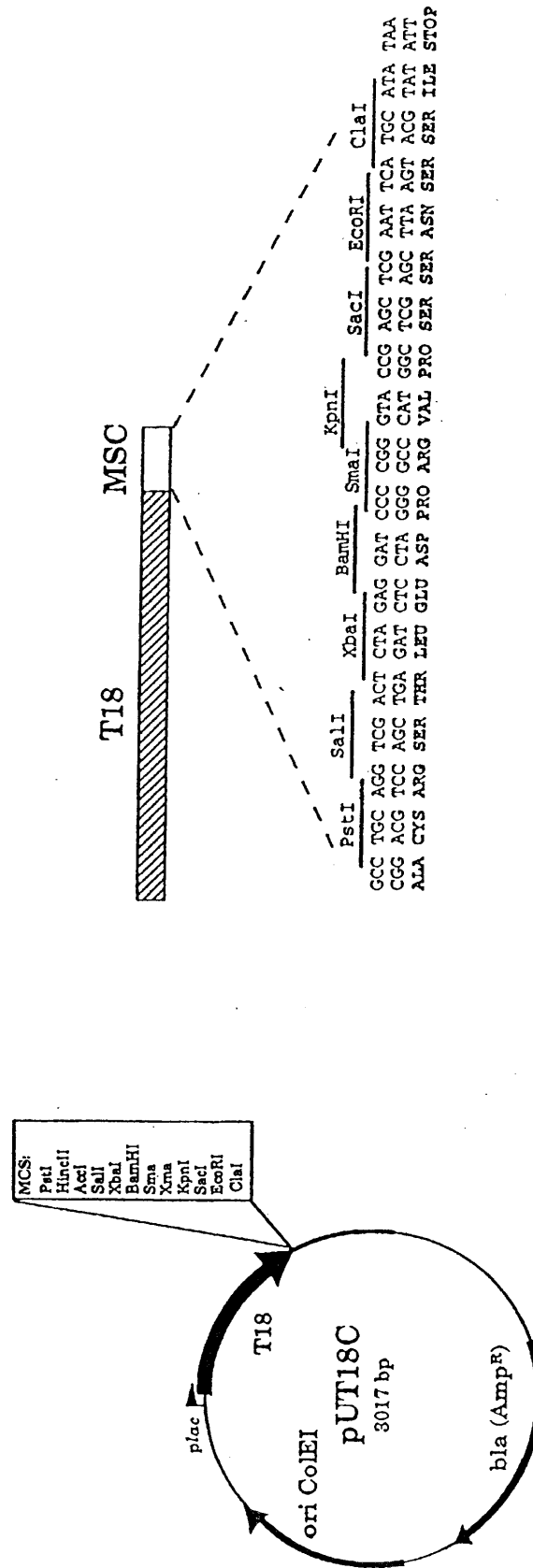
【図3】

T18断片との融合タンパク質を形成するためのベクター



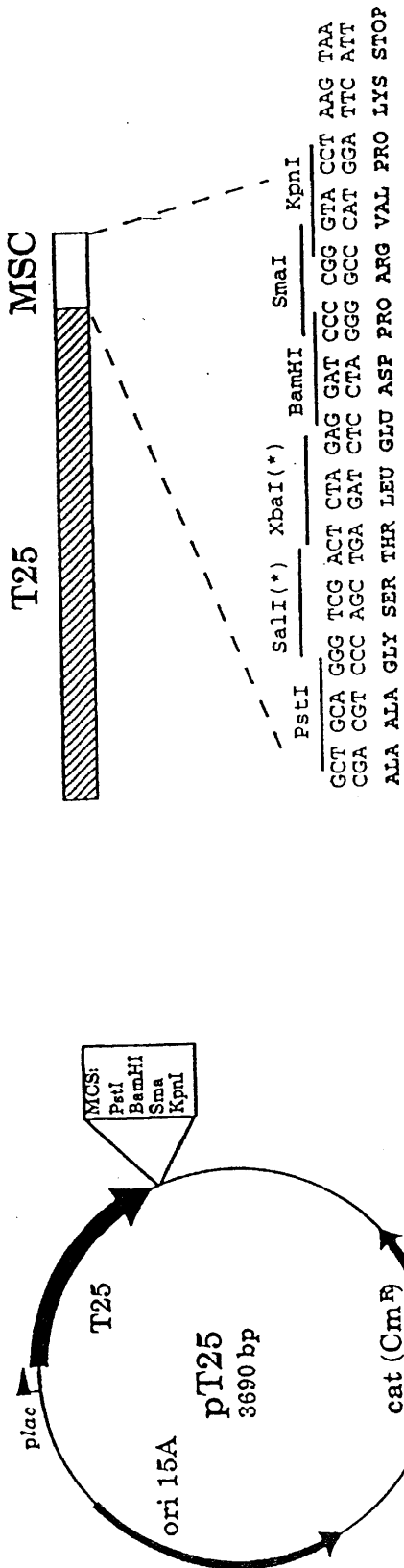
【図4】

T18断片との融合タンパク質を形成するためのベクター



【図5】

T25断片との融合タンパク質を形成するためのベクター

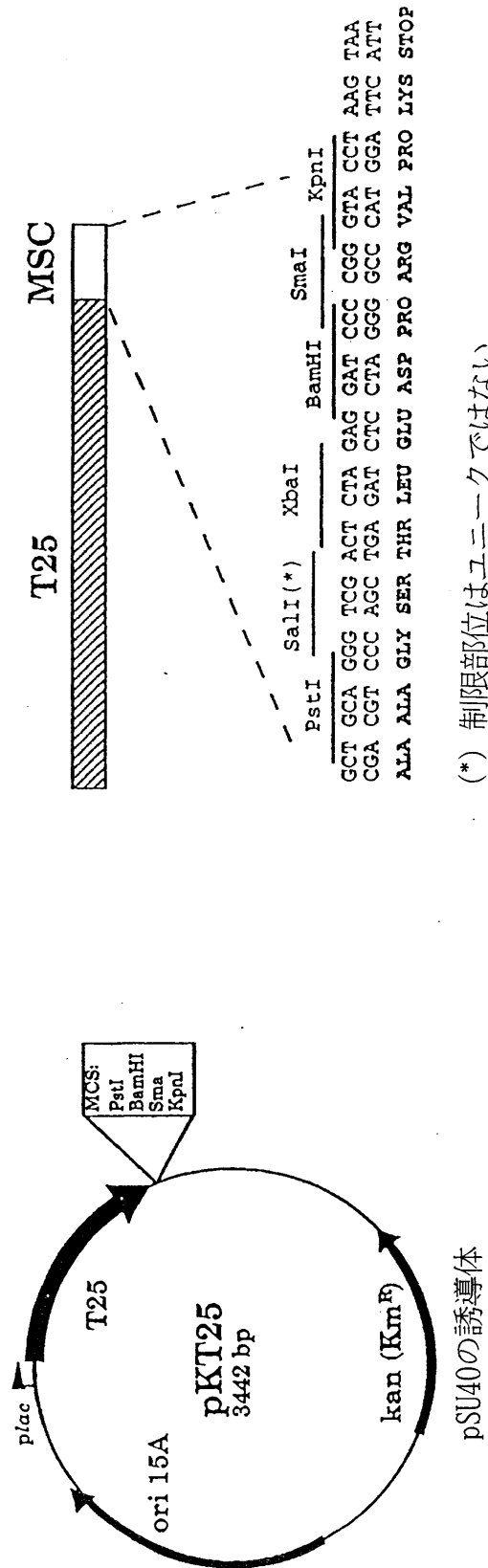


(\*) 制限部位はユニークではない

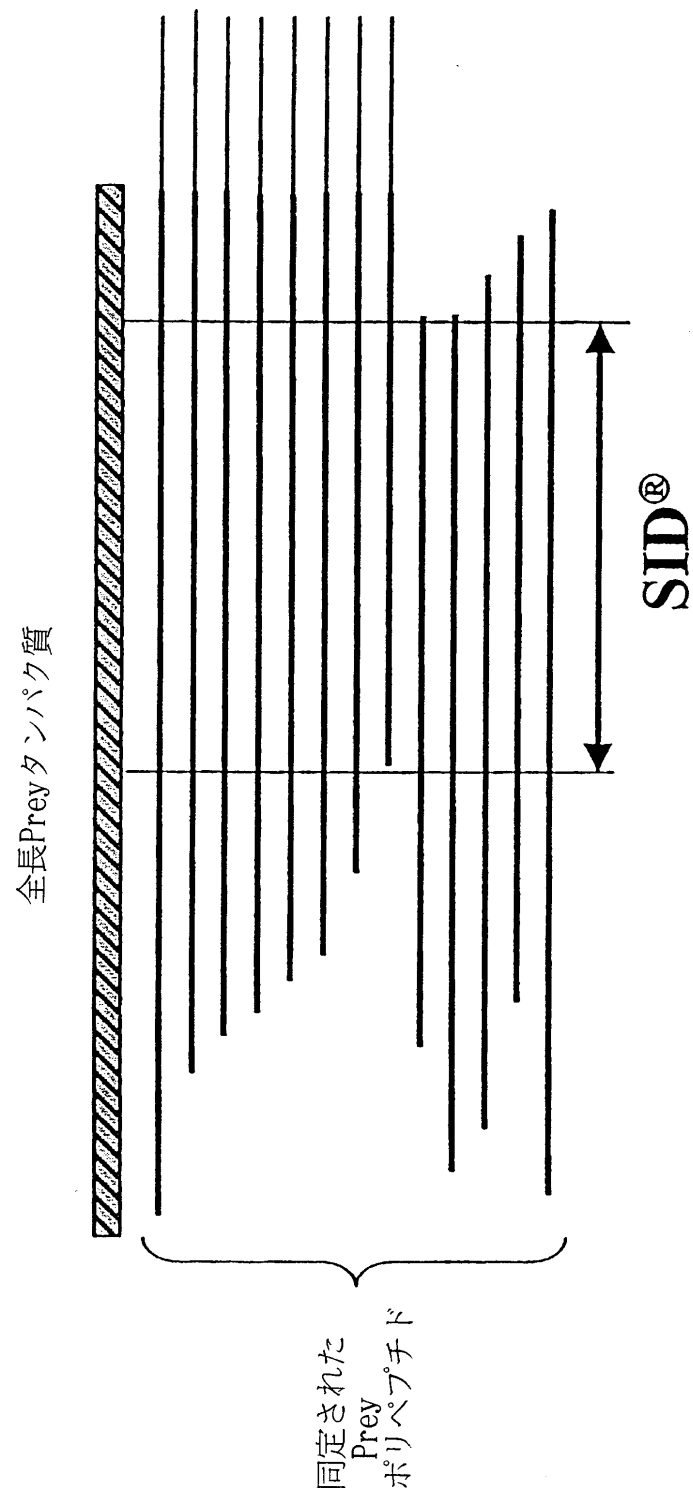
pACYC184 の誘導体

【図6】

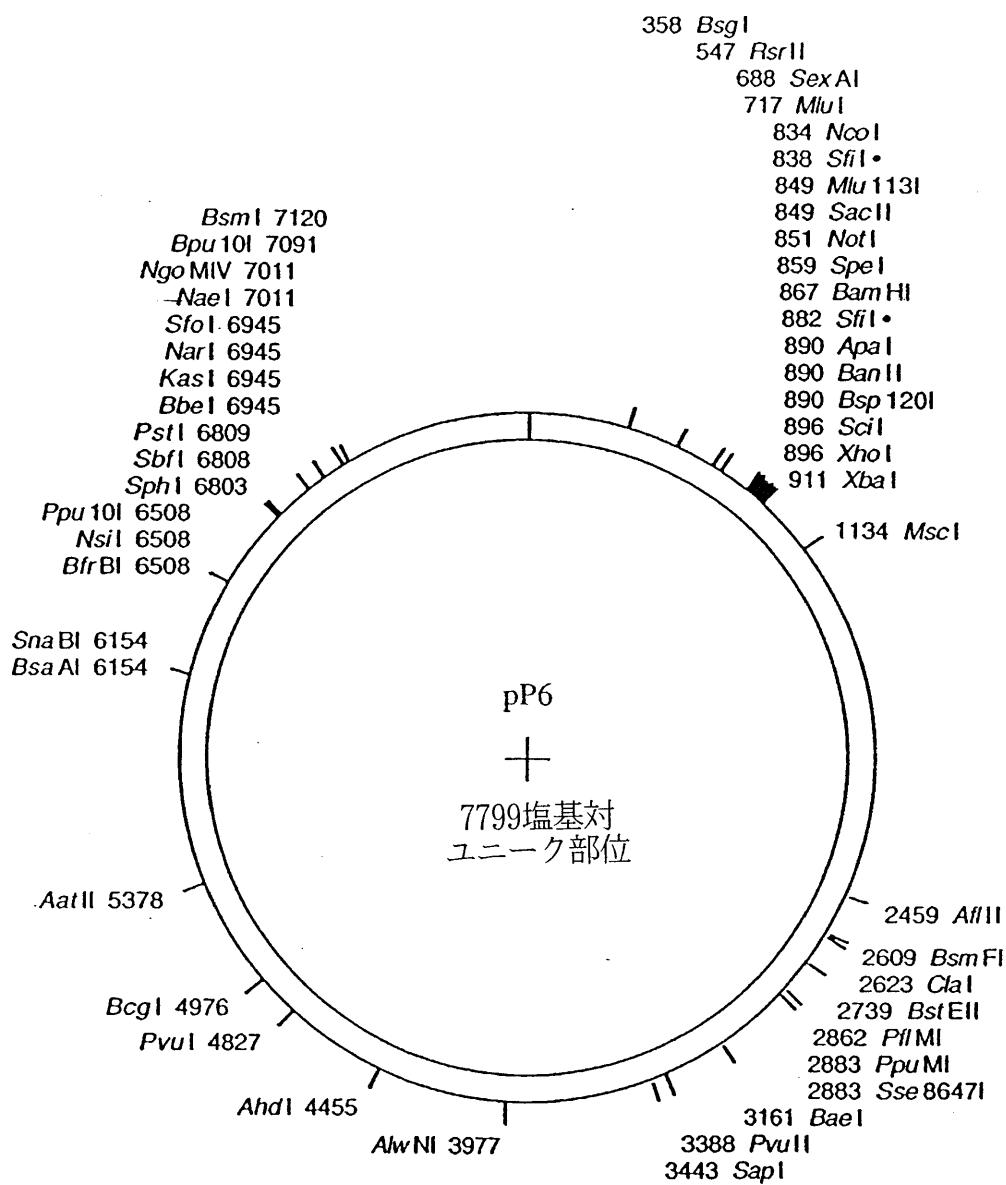
T25断片との融合タンパク質を形成するためのベクター



【図7】



【図8】



## 【国際調査報告】

| INTERNATIONAL SEARCH REPORT                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |                                                                                                                                                                                                                                                      | International Application No.<br>PCT/IB 00/00603                     |            |                                                                                    |                       |   |                                                                                                                                                                                                                                                      |      |
|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------|------------|------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------|---|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------|
| <b>A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER</b><br>IPC 7 C12N15/10 C12Q1/68 C07K14/205 C12N15/31 C12N1/19<br>C12N1/21 G06F17/00 C12N15/86 C07K16/12 A61K48/00<br>A61K39/106 A61K39/40                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       |                                                                                                                                                                                                                                                      |                                                                      |            |                                                                                    |                       |   |                                                                                                                                                                                                                                                      |      |
| According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      |                                                                                                                                                                                                                                                      |                                                                      |            |                                                                                    |                       |   |                                                                                                                                                                                                                                                      |      |
| <b>B. FIELDS SEARCHED</b><br>Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)<br>IPC 7 C12N C12Q C07K G06F A61K                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                               |                                                                                                                                                                                                                                                      |                                                                      |            |                                                                                    |                       |   |                                                                                                                                                                                                                                                      |      |
| Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |                                                                                                                                                                                                                                                      |                                                                      |            |                                                                                    |                       |   |                                                                                                                                                                                                                                                      |      |
| Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)<br>EPO-Internal, WPI Data, MEDLINE, CHEM ABS Data, BIOSIS, EMBL                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |                                                                                                                                                                                                                                                      |                                                                      |            |                                                                                    |                       |   |                                                                                                                                                                                                                                                      |      |
| <b>C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT</b> <table border="1"> <thead> <tr> <th>Category *</th> <th>Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages</th> <th>Relevant to claim No.</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Y</td> <td>           JAMES R. HUDSON ET AL.: "The complete set of predicted genes from <i>Saccharomyces cerevisiae</i> in a readily usable form" GENOME RESEARCH, vol. 7, no. 12, December 1997 (1997-12), pages 1169-1173, XP002127444 the whole document<br/>           ---<br/>           -/--         </td> <td>1-43</td> </tr> </tbody> </table>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |                                                                                                                                                                                                                                                      |                                                                      | Category * | Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages | Relevant to claim No. | Y | JAMES R. HUDSON ET AL.: "The complete set of predicted genes from <i>Saccharomyces cerevisiae</i> in a readily usable form" GENOME RESEARCH, vol. 7, no. 12, December 1997 (1997-12), pages 1169-1173, XP002127444 the whole document<br>---<br>-/-- | 1-43 |
| Category *                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             | Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages                                                                                                                                                                   | Relevant to claim No.                                                |            |                                                                                    |                       |   |                                                                                                                                                                                                                                                      |      |
| Y                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      | JAMES R. HUDSON ET AL.: "The complete set of predicted genes from <i>Saccharomyces cerevisiae</i> in a readily usable form" GENOME RESEARCH, vol. 7, no. 12, December 1997 (1997-12), pages 1169-1173, XP002127444 the whole document<br>---<br>-/-- | 1-43                                                                 |            |                                                                                    |                       |   |                                                                                                                                                                                                                                                      |      |
| <input checked="" type="checkbox"/> Further documents are listed in the continuation of box C. <input checked="" type="checkbox"/> Patent family members are listed in annex.                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |                                                                                                                                                                                                                                                      |                                                                      |            |                                                                                    |                       |   |                                                                                                                                                                                                                                                      |      |
| * Special categories of cited documents:<br>"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance<br>"E" earlier document but published on or after the international filing date<br>"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)<br>"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means<br>"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed<br>"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention<br>"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone<br>"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.<br>"Z" document member of the same patent family |                                                                                                                                                                                                                                                      |                                                                      |            |                                                                                    |                       |   |                                                                                                                                                                                                                                                      |      |
| Date of the actual completion of the international search<br><br>27 September 2000                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     |                                                                                                                                                                                                                                                      | Date of mailing of the international search report<br><br>11. 10. 00 |            |                                                                                    |                       |   |                                                                                                                                                                                                                                                      |      |
| Name and mailing address of the ISA<br>European Patent Office, P.B. 5618 Patentaan 2<br>NL - 2280 HV Rijswijk<br>Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,<br>Fax: (+31-70) 340-3018                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                  |                                                                                                                                                                                                                                                      | Authorized officer<br><br>Montero Lopez, B                           |            |                                                                                    |                       |   |                                                                                                                                                                                                                                                      |      |

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No  
PCT/IB 00/00603

| C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT |                                                                                                                                                                                                                                                                                              |                                                                                 |
|------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------|
| Category *                                           | Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages                                                                                                                                                                                                           | Relevant to claim No.                                                           |
| Y                                                    | <p>WO 97 37044 A (ASTRA AKTIEBOLAG)<br/>9 October 1997 (1997-10-09)</p> <p>page 2, line 11 - line 25<br/>page 3, line 12 -page 16, line 15<br/>page 16, line 21 -page 18, line 10<br/>page 33, line 33 -page 34, line 14<br/>page 64, line 22 - line 30</p>                                  | <p>1-3,<br/>7-10,<br/>14-20,<br/>25,26,<br/>30-38,<br/>42,43</p>                |
| Y                                                    | <p>WO 98 26072 A (ELI LILLY AND COMPANY)<br/>18 June 1998 (1998-06-18)</p> <p>page 2, line 1 - line 25<br/>page 8, line 10 -page 9, line 2</p>                                                                                                                                               | <p>1,2,5,<br/>7-9,12,<br/>14-19,<br/>22,25,<br/>28,<br/>30-37,<br/>40,42,43</p> |
| Y                                                    | <p>EP 0 786 519 A (HUMAN GENOME SCIENCES,<br/>INC.) 30 July 1997 (1997-07-30)</p> <p>page 5, line 41 -page 7, line 7</p>                                                                                                                                                                     | <p>1,2,4,<br/>7-9,11,<br/>14-19,<br/>21,25,<br/>27,<br/>30-37,<br/>39,42,43</p> |
| Y                                                    | <p>BARTEL ET AL: "A PROTEIN LINKAGE MAP OF<br/>ESCHERICHIA COLI BACTERIOPHAGE T7"<br/>NATURE GENETICS,US,NEW YORK, NY,<br/>vol. 12, no. 12, January 1996 (1996-01),<br/>pages 72-77, XP002119798<br/>ISSN: 1061-4036<br/>the whole document</p>                                              | <p>1,2,6-9,<br/>13-19,<br/>23-25,<br/>28-37,<br/>41-43</p>                      |
| A                                                    | <p>MICHELINE FROMONT-RACINE ET AL.: "Toward<br/>a functional analysis of the yeast genome<br/>through exhaustive two-hybrid screens"<br/>NATURE GENETICS,<br/>vol. 16, July 1997 (1997-07), pages<br/>277-282, XP002100296<br/>the whole document</p> <p style="text-align: center;">-/-</p> | <p>1-43</p>                                                                     |

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No  
PCT/IB 00/00603

| C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                           |                                     |
|------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------|
| Category *                                           | Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages                                                                                                                                                                                                                                                                                                        | Relevant to claim No.               |
| A                                                    | ROBERT M FREDERCKSON: "Macromolecular matchmaking: advances in two-hybrid and related technologies"<br>CURRENT OPINION IN BIOTECHNOLOGY, vol. 9, no. 1, February 1998 (1998-02), pages 90-96, XP002127445<br>abstract<br>page 90, left-hand column, paragraph 2<br>-right-hand column, paragraph 1<br>page 93, right-hand column, paragraph 2<br>-page 94, right-hand column, paragraph 1 | 1-43                                |
| A                                                    | WO 96 32503 A (THE GENERAL HOSPITAL CORPORATION) 17 October 1996 (1996-10-17)<br>page 4, line 10 -page 7, line 23<br>page 18, line 28 -page 20, line 33<br>page 28, line 28 - line 34<br>page 29, line 14 -page 30, line 16<br>page 38, line 29 -page 39, line 25<br>page 43, line 34 -page 45, line 9<br>page 57, line 18 -page 62, line 4<br>page 78, line 19 -page 79, line 4          | 1-43                                |
| A                                                    | JEAN-F. TOMB ET AL. : "The complete genome sequence of the gastric pathogen Helicobacter pylori"<br>NATURE, vol. 388, 7 August 1997 (1997-08-07), pages 539-547, XP002062106<br>LONDON GB<br>cited in the application<br>table 2                                                                                                                                                          | 44-47,<br>55-58,<br>76,77,<br>79-87 |
| X                                                    | -& DATABASE EMBL 'Online!<br>Accession number 025047,<br>1 January 1998 (1998-01-01)<br>XP002148640<br>the whole document                                                                                                                                                                                                                                                                 | 59-75,<br>83-87                     |

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.  
PCT/IB 00/00603**Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)**

This International Search Report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:  
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:
  
2. ☐ Claims Nos.:  
because they relate to parts of the International Application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful International Search can be carried out, specifically:
  
3. ☐ Claims Nos.:  
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

**Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of Item 2 of first sheet)**

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

see additional sheet

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this International Search Report covers all searchable claims.
  
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
  
3. ☒ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this International Search Report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:  
1-43, 53, 54, 79, 80 and partially 44-47, 51, 55-57, 81-87 (inventions 1, 30, 32 and 33)
  
4. ☐ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this International Search Report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

**Remark on Protest**

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
- ☒ No protest accompanied the payment of additional search fees.

## FURTHER INFORMATION CONTINUED FROM PCT/ISA/ 210

This International Searching Authority found multiple (groups of) inventions in this international application, as follows:

## 1. Claims: 1-43

Method for producing a collection of recombinant cell clones usable for two-hybrid systems using genomic DNA from a prokaryotic micro-organism; collection of cell clones so produced; use thereof in yeast two-hybrid systems, kit therefore and recombinant diploid yeast cell so obtained.

## 2. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Set of two polynucleotide and fragments thereof encoding polypeptide HP0047 of the left column of table I and polynucleotides and fragments thereof encoding interacting ORFs HP0047, HP0048 and HP0695 of the right column of table I; set of two corresponding polypeptides, protein-protein interaction and corresponding complex; computable readable medium having stored such interaction; use of such interacting polypeptides for identifying "selecting interacting domains SID" and SID of SEQ ID NO:68, 70, 72 of Table II and encoding polynucleotides of SEQ ID NO:67, 69, 71 of Table III and homologs thereof; uses thereof as primer or probe; vectors and host cells comprising the same; uses thereof for producing the polypeptides and polypeptides so obtained; uses of the polypeptides in screening assays for for identifying agents capable of modulating such protein-protein interaction; kit therefore and modulator agent so obtained; use of the polypeptides for the modulation of *Helicobacter pylori*'s protein interaction; use for the production of antibodies and antibody so obtained; pharmaceutical compositions comprising any of the above mentioned polynucleotides, polypeptides, vectors, host cells, modulators and antibodies.

## 3. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP0061 of the left column of table I and polypeptides HP0066, HP0978, and HP1409 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:82, 84 and 86 of Table II and encoding polynucleotides of SEQ ID NO:81, 83 and 85 of Table III

## 4. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP0064 of the left column of table I and polypeptide HP0063 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:88 of Table II and encoding polynucleotide of SEQ ID NO:87 of Table III

## FURTHER INFORMATION CONTINUED FROM PCT/ISA/ 210

## 5. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP0066 of the left column of table I and polypeptide HP0066 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:76 of Table II and encoding polynucleotide of SEQ ID NO:75 of Table III

## 6. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP0067 of the left column of table I and polypeptides HP0069, HP0609, HP0768, HP0770 and HP0956 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:196, 198, 200, 202 and 204 of Table II and encoding polynucleotides of SEQ ID NO:195, 197, 199, 201 and 203 of Table III

## 7. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP0068 of the left column of table I and polypeptides HP0070 and HP0118 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:64 and 66 of Table II and encoding polynucleotides of SEQ ID NO:63 and 65 of Table III

## 8. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP0069 of the left column of table I and polypeptide HP0067 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:74 of Table II and encoding polynucleotide of SEQ ID NO:73 of Table III

## 9. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP0070 of the left column of table I and polypeptides HP0068 and HP0070 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:262 and 264 of Table II and encoding polynucleotides of SEQ ID NO:261 and 263 of Table III

## 10. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP0071 of the left column of table I and polypeptides HP0278, HP0417, HP0570, HP0775, HP1340 and HP1409 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:142, 144, 146, 148, 150 and 152 of Table II and encoding polynucleotides of SEQ ID NO:141, 143, 145, 147, 149 and 151 of Table III

## 11. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

## FURTHER INFORMATION CONTINUED FROM PCT/ISA/ 210

Idem as subject 2 for polypeptide HP0072 of the left column of table I and polypeptide HP1489 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:256 of Table II and encoding polynucleotide of SEQ ID NO:255 of Table III

## 12. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP0073 of the left column of table I and polypeptides HP0073, HP0232, HP0259, HP0067, HP0232 and HP0705 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:154, 156, 158, 274, 276 and 278 of Table II and encoding polynucleotides of SEQ ID NO:153, 155, 157, 273, 275 and 277 of Table III

## 13. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP0268 of the left column of table I and polypeptide HP1198 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:78 of Table II and encoding polynucleotide of SEQ ID NO:77 of Table III

## 14. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP0289 of the left column of table I and polypeptides HP0289, HP0887, HP0922, HP1038, HP1543, HP0610 and HP1355 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:44, 46, 48, 50, 52, 54, 56, 58, 60 and 62 of Table II and encoding polynucleotides of SEQ ID NO:43, 45, 47, 49, 51, 53, 55, 57 and 61 of Table III

## 15. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP0311 of the left column of table I and polypeptide HP0312 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:194 of Table II and encoding polynucleotide of SEQ ID NO:193 of Table III

## 16. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP0338 of the left column of table I and polypeptides HP0132 and HP0337 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:166 and 168 of Table II and encoding polynucleotides of SEQ ID NO:165 and 167 of Table III

## 17. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP0391 of the left column

## FURTHER INFORMATION CONTINUED FROM PCT/ISA/ 210

of table I and polypeptides HP0392 and HP0392 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:258 and 260 of Table II and encoding polynucleotides of SEQ ID NO:257 and 259 of Table III

## 18. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP0691 of the left column of table I and polypeptides HP0692 and HP1362 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:266 and 268 of Table II and encoding polynucleotides of SEQ ID NO:265 and 267 of Table III

## 19. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP0697 of the left column of table I and polypeptides HP0012, HP0048, HP0558, HP0599, HP0696, HP0684, HP1037, HP1038, HP1299 and HP1576 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:222, 224, 226, 228, 230, 232, 234, 236, 238 and 240 of Table II and encoding polynucleotides of SEQ ID NO:221, 223, 225, 227, 229, 231, 233, 235, 237 and 239 of Table III

## 20. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP0776 of the left column of table I and polypeptides HP0067, HP0278, HP1378, and HP1409 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:214, 216, 218 and 220 of Table II and encoding polynucleotides of SEQ ID NO:213, 215, 217 and 219 of Table III

## 21. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP0797 of the left column of table I and polypeptides HP0289, HP0887, HP1349, HP1377 and HP1409 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:184, 186, 188, 190 and 192 of Table II and encoding polynucleotides of SEQ ID NO:183, 185, 187, 189 and 191 of Table III

## 22. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP0800 of the left column of table I and polypeptides HP0433, HP0687, HP0800, HP0801, HP0924, HP1267 and HP1460 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:10, 12, 14, 16, 18, 20 and 22 of Table II and encoding polynucleotides of SEQ ID NO:9, 11, 13, 15, 17, 19 and 21 of Table III

## FURTHER INFORMATION CONTINUED FROM PCT/ISA/ 210

23. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP0801 of the left column of table I and polypeptides HP0152, HP0800 and HP1513 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:24, 26, and 28 of Table II and encoding polynucleotides of SEQ ID NO:23, 25 and 27 of Table III

24. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP0868 of the left column of table I and polypeptides HP0088, HP0327, HP0869, and HP1142 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:2, 4, 6 and 8 of Table II and encoding polynucleotides of SEQ ID NO:1, 3, 5 and 7 of Table III

25. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP0874 of the left column of table I and polypeptide HP0875 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:254 of Table II and encoding polynucleotide of SEQ ID NO:253 of Table III

26. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP0875 of the left column of table I and polypeptide HP0874 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:212 of Table II and encoding polynucleotide of SEQ ID NO:211 of Table III

27. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP0887 of the left column of table I and polypeptides HP0459, HP0610, HP0699, HP0887, HP1157, HP1460, and HP1464 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 242, 244, 246 and 248 of Table II and encoding polynucleotides of SEQ ID NO:29, 31, 33, 35, 37, 39, 40, 41, 241, 243, 245 and 247 of Table III

28. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP0935 of the left column of table I and polypeptides HP0072, HP0528 and HP0657 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:160, 162 and 164 of Table II and encoding polynucleotides of SEQ ID NO:159, 161 and 163 of Table III

29. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

## FURTHER INFORMATION CONTINUED FROM PCT/ISA/ 210

Idem as subject 2 for polypeptide HP0978 of the left column of table I and polypeptides HP0979 and HP1583 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:138 and 140 of Table II and encoding polynucleotides of SEQ ID NO:137 and 139 of Table III

30. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP1032 of the left column of table I and polypeptides HP0643, HP0818, HP1122, HP1198 and HP1316 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:122, 124, 126, 128 and 130 of Table II and encoding polynucleotides of SEQ ID NO:121, 123, 125, 127 and 129 of Table III

31. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP1067 of the left column of table I and polypeptide HP0392 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:210 of Table II and encoding polynucleotide of SEQ ID NO:209 of Table III

32. Claims: 53, 54, 79, 80 and partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP1198 of the left column of table I and polypeptides HP0088, HP0268, HP0293, HP0452, HP0705, HP0775, HP0965, HP1032, HP1114, HP1124, HP1198, HP1274, HP1378, HP1411, HP1541 and HP1218 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:90, 92, 94, 96, 98, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 270 and 272 of Table II and encoding polynucleotides of SEQ ID NO:89, 91, 93, 95, 97, 99, 101, 103, 105, 107, 109, 111, 113, 115, 117, 269 and 271 of Table III

33. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP1230 of the left column of table I and polypeptides HP1230 and HP1529 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:132, 134 and 136 of Table II and encoding polynucleotides of SEQ ID NO:131, 133 and 135 of Table III

34. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP1231 of the left column of table I and polypeptide HP1247 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:120 of Table II and encoding

## FURTHER INFORMATION CONTINUED FROM PCT/ISA/ 210

polynucleotide of SEQ ID NO:119 of Table III

35. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP1244 of the left column of table I and polypeptides HP0857 and HP1246 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:206 and 208 of Table II and encoding polynucleotides of SEQ ID NO:205 and 207 of Table III

36. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP1246 of the left column of table I and polypeptides HP0121, HP0326, HP0407, HP0886, HP1035, HP1244 and HP1460 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:170, 172, 174, 176, 178, 180 and 182 of Table II and encoding polynucleotides of SEQ ID NO:169, 171, 173, 175, 177, 179 and 181 of Table III

37. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP1247 of the left column of table I and polypeptides HP1231 and HP1353 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:250 and 252 of Table II and encoding polynucleotides of SEQ ID NO:249 and 251 of Table III

38. Claims: 52, 78 and partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 for polypeptide HP1293 of the left column of table I and polypeptide HP1198 of the right column of Table I; SID of SEQ ID NO:80 of Table II and encoding polynucleotide of SEQ ID NO:79 of Table III

39. Claims: 48 and partially 44-46, 51, 55-57-59, 76, 77, 81, 82, 84-87

Set of two polynucleotides and fragments thereof encoding two Staphylococcus polypeptides; set of two corresponding polypeptides, protein-protein interaction and corresponding complex; computable readable medium having stored such interaction; use of such interacting polypeptides for identifying "selecting interacting domains SID" and polynucleotide encoding SID; uses of the polypeptides in screening assays for identifying agents capable of modulating such protein-protein interaction; kit therefore and modulator agent so obtained; use of the polypeptides in the preparation of antibodies; antibodies so produced and pharmaceutical compositions comprising any of the above

## FURTHER INFORMATION CONTINUED FROM PCT/ISA/ 210

mentioned polypeptides, polynucleotides, modulators or antibodies.

40. Claims: 49 and partially 44-46, 51, 55-57-59, 76, 77, 81, 82, 84-87

Idem as subject 39 for Streptococcus pneumoniae polypeptides and polynucleotides.

41. Claims: 50 and partially 44-46, 51, 55-57-59, 76, 77, 81, 82, 84-87

Idem as subject 39 for Escherichia coli polypeptides and polynucleotides.

42. Claims: Partially 44-47, 51, 55-77, 81-87

Idem as subject 2 interacting polypeptides not covered by the above mentioned subjects

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No  
PCT/IB 00/00603

| Patent document<br>cited in search report | Publication<br>date | Patent family<br>member(s) | Publication<br>date |
|-------------------------------------------|---------------------|----------------------------|---------------------|
| WO 9737044 A                              | 09-10-1997          | AU 2598497 A               | 22-10-1997          |
|                                           |                     | BR 9708456 A               | 03-08-1999          |
|                                           |                     | CA 2248985 A               | 09-10-1997          |
|                                           |                     | CN 1220703 A               | 23-06-1999          |
|                                           |                     | CZ 9802976 A               | 17-02-1999          |
|                                           |                     | EP 0901530 A               | 17-03-1999          |
|                                           |                     | JP 2000501621 T            | 15-02-2000          |
|                                           |                     | NO 984517 A                | 25-11-1998          |
|                                           |                     | PL 329045 A                | 01-03-1999          |
|                                           |                     | SK 130598 A                | 11-06-1999          |
| WO 9826072 A                              | 18-06-1998          | AU 5793798 A               | 03-07-1998          |
|                                           |                     | EP 0950108 A               | 20-10-1999          |
|                                           |                     | US 5958730 A               | 28-09-1999          |
|                                           |                     | US 5910580 A               | 08-06-1999          |
|                                           |                     | US 5981281 A               | 09-11-1999          |
| EP 786519 A                               | 30-07-1997          | CA 2194411 A               | 06-07-1997          |
|                                           |                     | JP 9322781 A               | 16-12-1997          |
| WO 9632503 A                              | 17-10-1996          | AU 716893 B                | 09-03-2000          |
|                                           |                     | AU 5541296 A               | 30-10-1996          |
|                                           |                     | CA 2217545 A               | 17-10-1996          |
|                                           |                     | EP 0830459 A               | 25-03-1998          |
|                                           |                     | JP 11502717 T              | 09-03-1999          |
|                                           |                     | US 5955280 A               | 21-09-1999          |
|                                           |                     | US 5965368 A               | 12-10-1999          |

## フロントページの続き

| (51)Int.Cl. <sup>7</sup> | 識別記号                  | F I     | テーマコード <sup>*</sup> (参考) |           |
|--------------------------|-----------------------|---------|--------------------------|-----------|
| A 6 1 K                  | 45/00                 | C 0 7 K | 14/195                   | 4 C 0 8 5 |
|                          | 48/00                 |         | 14/245                   | 4 C 0 8 7 |
| C 0 7 K                  | 14/195                |         | 14/315                   | 4 H 0 4 5 |
|                          | 14/245                |         | 16/12                    |           |
|                          | 14/315                |         | 19/00                    |           |
|                          | 16/12                 | C 1 2 N | 1/15                     |           |
|                          | 19/00                 |         | 1/19                     |           |
| C 1 2 N                  | 1/15                  |         | 1/21                     |           |
|                          | 1/19                  | C 1 2 P | 21/02                    | C         |
|                          | 1/21                  |         | 21/08                    |           |
|                          | 5/10                  | G 0 1 N | 33/15                    | Z         |
| C 1 2 P                  | 21/02                 |         | 33/50                    | Z         |
|                          | 21/08                 |         | 33/53                    | D         |
| G 0 1 N                  | 33/15                 |         |                          | M         |
|                          | 33/50                 |         | 33/566                   |           |
|                          | 33/53                 | C 1 2 N | 15/00                    | Z N A A   |
|                          |                       |         | 5/00                     | A         |
|                          | 33/566                | A 6 1 K | 37/02                    |           |
| (72)発明者                  | レン、ジャンークリストフ          |         |                          |           |
|                          | フランス国、92800ピュト、ジャルダン・ |         |                          |           |
|                          | ブワデュー、32              |         |                          |           |

Fターム(参考) 2G045 AA40 DA12 DA13 DA36 FB02  
4B024 AA01 AA11 BA41 BA80 CA01  
CA04 DA06 DA12 EA04 GA11  
HA15 HA20  
4B064 AG01 AG27 CA19 CC24 DA01  
DA13  
4B065 AA01X AA01Y AA26X AA26Y  
AA49X AA49Y AA53X AA53Y  
AA80X AB01 AC14 BA02  
CA24 CA25 CA44 CA46  
4C084 AA01 AA02 AA03 AA07 AA13  
AA17 BA35 BA44 CA62 MA13  
MA17 MA22 MA23 MA31 MA35  
MA36 MA37 MA41 MA43 MA52  
MA56 MA59 MA60 MA66 ZA682  
ZB352 ZC412  
4C085 AA14 AA16 BA09 BB41 BB43  
CC13 DD62 DD88 EE01 GG02  
GG03 GG04 GG05 GG06 GG08  
4C087 AA01 AA02 BC83 CA09 CA12  
CA20 MA13 MA17 MA22 MA23  
MA31 MA35 MA36 MA37 MA41  
MA43 MA52 MA56 MA57 MA59  
MA60 MA66 NA14 ZA68 ZB35  
ZC41  
4H045 AA10 AA11 AA30 BA40 CA11  
DA76 EA20 EA50 FA74

|                |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |         |            |
|----------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------|------------|
| 专利名称(译)        | 双杂交系统的原核DNA收集，幽门螺杆菌的蛋白质 - 蛋白质相互作用及其用途                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        |         |            |
| 公开(公告)号        | <a href="#">JP2002542821A</a>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                | 公开(公告)日 | 2002-12-17 |
| 申请号            | JP2000615746                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                 | 申请日     | 2000-04-14 |
| [标]申请(专利权)人(译) | 混合基因股份公司                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     |         |            |
| 申请(专利权)人(译)    | 转基因混合醋兴业ANONYME                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |         |            |
| [标]发明人         | ルグレンピエール<br>セリーグリュク<br>レンジャンクリストフ                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |         |            |
| 发明人            | ルグレン、ピエール<br>セリーグ、リュク<br>レン、ジャン-クリストフ                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        |         |            |
| IPC分类号         | G01N33/50 A61K35/76 A61K38/00 A61K39/106 A61K39/395 A61K39/40 A61K45/00 A61K48/00<br>C07K14/195 C07K14/205 C07K14/245 C07K14/315 C07K16/12 C07K19/00 C12N1/15 C12N1/19<br>C12N1/21 C12N5/10 C12N15/09 C12N15/10 C12N15/31 C12N15/86 C12P21/02 C12P21/08 C12Q1<br>/68 G01N33/15 G01N33/53 G01N33/566 G06F17/00                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                |         |            |
| CPC分类号         | C12N15/1055 C07K14/205                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       |         |            |
| FI分类号          | A61K35/76 A61K39/395.D A61K39/395.R A61K45/00 A61K48/00 C07K14/195 C07K14/245 C07K14<br>/315 C07K16/12 C07K19/00 C12N1/15 C12N1/19 C12N1/21 C12P21/02.C C12P21/08 G01N33/15.Z<br>G01N33/50.Z G01N33/53.D G01N33/53.M G01N33/566 C12N15/00.ZNA.A C12N5/00.A A61K37/02                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |         |            |
| F-TERM分类号      | 2G045/AA40 2G045/DA12 2G045/DA13 2G045/DA36 2G045/FB02 4B024/AA01 4B024/AA11 4B024<br>/BA41 4B024/BA80 4B024/CA01 4B024/CA04 4B024/DA06 4B024/DA12 4B024/EA04 4B024/GA11<br>4B024/HA15 4B024/HA20 4B064/AG01 4B064/AG27 4B064/CA19 4B064/CC24 4B064/DA01 4B064<br>/DA13 4B065/AA01X 4B065/AA01Y 4B065/AA26X 4B065/AA26Y 4B065/AA49X 4B065/AA49Y 4B065<br>/AA53X 4B065/AA53Y 4B065/AA80X 4B065/AB01 4B065/AC14 4B065/BA02 4B065/CA24 4B065<br>/CA25 4B065/CA44 4B065/CA46 4C084/AA01 4C084/AA02 4C084/AA03 4C084/AA07 4C084/AA13<br>4C084/AA17 4C084/BA35 4C084/BA44 4C084/CA62 4C084/MA13 4C084/MA17 4C084/MA22 4C084<br>/MA23 4C084/MA31 4C084/MA35 4C084/MA36 4C084/MA37 4C084/MA41 4C084/MA43 4C084/MA52<br>4C084/MA56 4C084/MA59 4C084/MA60 4C084/MA66 4C084/ZA682 4C084/ZB352 4C084/ZC412<br>4C085/AA14 4C085/AA16 4C085/BA09 4C085/BB41 4C085/BB43 4C085/CC13 4C085/DD62 4C085<br>/DD88 4C085/EE01 4C085/GG02 4C085/GG03 4C085/GG04 4C085/GG05 4C085/GG06 4C085/GG08<br>4C087/AA01 4C087/AA02 4C087/BC83 4C087/CA09 4C087/CA12 4C087/CA20 4C087/MA13 4C087<br>/MA17 4C087/MA22 4C087/MA23 4C087/MA31 4C087/MA35 4C087/MA36 4C087/MA37 4C087/MA41<br>4C087/MA43 4C087/MA52 4C087/MA56 4C087/MA57 4C087/MA59 4C087/MA60 4C087/MA66 4C087<br>/NA14 4C087/ZA68 4C087/ZB35 4C087/ZC41 4H045/AA10 4H045/AA11 4H045/AA30 4H045/BA40<br>4H045/CA11 4H045/DA76 4H045/EA20 4H045/EA50 4H045/FA74 |         |            |
| 优先权            | 1999401066 1999-04-30 EP                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     |         |            |
| 外部链接           | <a href="#">Espacenet</a>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |         |            |

#### 摘要(译)

本发明涉及可用于双杂交系统的，源自原核基因组，更具体地源自幽门螺杆菌基因组的重组细胞克隆的收集物，以及产生该收集物的方法。 本发明进一步涉及幽门螺杆菌蛋白质-蛋白质相互作用的鉴定，以及所述重组细胞克隆的收集，以及这些鉴定的蛋白质相互作用在医学和诊断学领域中的应用。

| Baitポリペプチド<br>(Tomb et al. によるORF 参照番号) | 相互作用ORF<br>(Tomb et al. によるORF 参照番号) |
|-----------------------------------------|--------------------------------------|
| HP0047                                  | HP0047                               |
| HP0047                                  | HP0048                               |
| HP0047                                  | HP0695                               |
| HP0061                                  | HP0066                               |
| HP0061                                  | HP0978                               |
| HP0061                                  | HP1409                               |
| HP0064                                  | HP0063                               |
| HP0066                                  | HP0066                               |
| HP0067                                  | HP0069                               |
| HP0067                                  | HP0609                               |
| HP0067                                  | HP0768                               |
| HP0067                                  | HP0770                               |
| HP0067                                  | HP0956                               |
| HP0068                                  | HP0070                               |
| HP0068                                  | HP0118                               |
| HP0069                                  | HP0067                               |
| HP0070                                  | HP0068                               |
| HP0070                                  | HP0070                               |
| HP0071                                  | HP0278                               |
| HP0071                                  | HP0417                               |
| HP0071                                  | HP0570                               |
| HP0071                                  | HP0775                               |
| HP0071                                  | HP1340                               |
| HP0071                                  | HP1409                               |
| HP0072                                  | HP1489                               |
| HP0073                                  | HP0073                               |
| HP0073                                  | HP0232                               |