

BT



Organizacion CSA Ltda

Industria y Comercio
SUPERINTENDENCIA

OK 12



SOLICITUD
PATENTE DE INVENCION

07-111670

21. EXPEDIENTE No. 07-111670

54. TITULO "VACUNAS CONTRA INFECCIÓN POR CHLAMYDIA"

51. CLASIFICACION INTERNACIONAL A61K 39/118

71. SOLICITANTE GLAXOSMITHKLINE BIOLOGICALS S.A. y
CORIXA CORPORATION

DOMICILIO RIXENSART, BELGICA y WILMINGTON. ESTADO
DE DELAWARE, ESTADOS UNIDOS DE AMERICA

74. REPRESENTANTE LEGAL ALICIA LLOREDA RICAURTE
T.P. 53.215

72. BOGOTA, D.C. 23 OCT 2007

(FORMA P 10)



PETITORIO



SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO



No. 07-111670- -00000-0000

Fecha: 2007-10-23 16:58:39 Dep. 2020 NUECREACIONE
Tra. 11 PATENTEIYII Eve: 378 FASENACIONALI
Act. 411 PRESENTACION Folios: 597FORMULARIO UNICO DE SOLICITUD DE PATENTE
PCT
ENTRADA EN FASE NACIONAL

31 oct - 2007

①

SOLICITUD DE:

☒ Patente de Invención☐ Patente de Modelo de Utilidad☒ Capítulo I.☐ Capítulo II.

②

SOLICITANTE
(71)Nombre: GLAXOSMITHKLINE BIOLOGICALS
S.A. y CORIXA CORPORATIONDirección: Rue de l'Institut 89, B-1330
Rixensart, Bélgica y 2711 Centerville
Road, Wilmington, Delaware 19808,
Estados Unidos de América.Nacionalidad o Domicilio: Rixensart,
Bélgica y Wilmington, Estado de Delaware,
Estados Unidos de América.

Lugar de Constitución: Bélgica

Teléfono: 3264270 Fax: 6069701

E-mail: jllcco@lloredacamacho.com

IDENTIFICACION

C.C.

☐

NIT

☐

C.E.

☐

Otro

☐

Cual

Número

③

REPRESENTANTE
O APODERADO

Nombre: ALICIA LLOREDA RICAURTE

Dirección: Calle 72 No. 5-83 Piso 5º,
Bogotá, Colombia

Teléfono: 3264270 Fax: 6069701

E-mail: jllcco@lloredacamacho.com

C.C.

☒

NIT

☐

C.E.

☐

Otro

☐

Cual

Número 39.690.713 TP 53.215

④

INVENTOR(ES)
(72)Nombre: BARTH, Brenda; BHATIA, Ajay; ALDERSON, Mark; MAISONNEUVE,
Jean-Francois, L.; LOBET, Yves; NOZAY, Florence, Bernadette; MARCHAND,
Martine; METTENS, Pascal; SKEIKY, Yasir, A. y PROBST, Peter.Dirección: GlaxoSmithKline Biologicals S.A., rue de l'Institut 89, B-1330
Rixensart, Bélgica y 1124 Columbia Street, Suite 464, Seattle, Washington
98104, Estados Unidos de América.

Nacionalidad o Domicilio: Bélgica y Estados Unidos de América

⑤

PCT (86)

Solicitud Internacional No. PCT/US2006/010793

Fecha: 24/03/06

Publicación Internacional No. WO 2006/104890 A3

Fecha: 05/10/06

⑥

Título (54) "VACUNAS CONTRA INFECCIÓN POR CHLAMYDIA"

⑦

Clasificación Internacional (51) A61K 39/118

⑧

Prioridad

SI ☒ NO ☐

(33) País de Origen

US

(32) Fecha

31/03/05

(31) Número de Solicitud

60/667,331

⑨

Comprobante de Pago No. 07 - 83.518

Fecha: 10/10/07

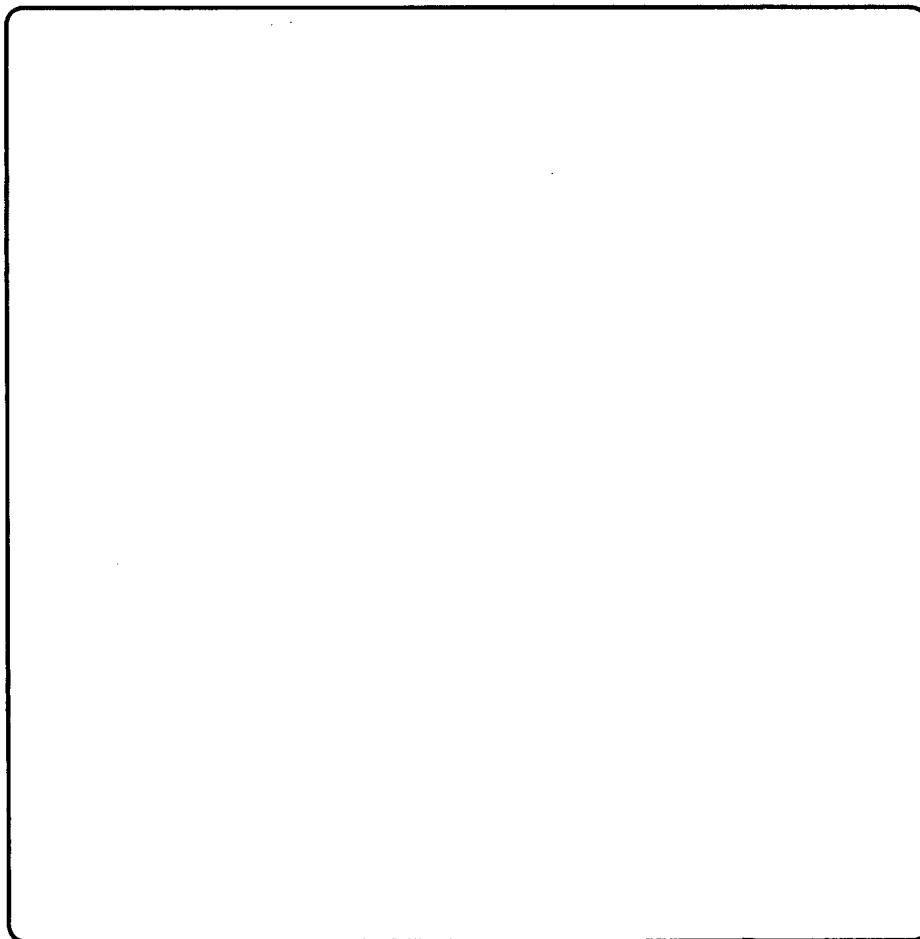
10

ANEXOS

- ☒ Comprobante de pago de la tasa de presentación de la solicitud.
- ☒ Documentos que acreditan la existencia y representación legal cuando los solicitantes sean personas jurídicas.
- ☒ Documentos de Representación Legal (Glaxosmithkline Biologicals S.A.).
- ☐ Documento de cesión del inventor al solicitante o a su causante.
- ☐ Declaraciones
- ☐ Copia de la solicitud internacional. (Resumen, descripción, reivindicaciones, dibujos)
- ☒ Traducción de la solicitud internacional al castellano. (Resumen, descripción, reivindicaciones, dibujos, listado de secuencias)
- ☐ Copia del examen preliminar internacional efectuado por la Autoridad Internacional de Examen Preliminar (IPEA).
- ☐ Traducción del examen preliminar internacional efectuado por la IPEA.
- ☐ De ser el caso, copia del contrato de acceso.
- ☐ De ser el caso, documento que acredite la licencia o autorización de uso de conocimientos tradicionales de las comunidades indígenas.
- ☐ Arte Final 12X12.
- ☐ De ser el caso, información sobre otras solicitudes de patente o títulos obtenidos en el extranjero por el mismo titular o su causante, relacionados parcial o totalmente con la invención de esta solicitud.
- ☐ De ser el caso, modificaciones efectuadas a la solicitud internacional.
- ☒ Otros: Reporte de búsqueda Internacional con su traducción, publicación con su traducción, notificación de cambio de dirección del solicitante con su traducción y opinión escrita con su traducción.

11

FIGURA CARACTERISTICA:



12

Solicito la concesión de la patente,

NOMBRE: ALICIA LLOREDA RICAURTE

FIRMA:

C.C. 39.690.713

T.P. 53.215

SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO

NIT : 800176089-2

RECIBO OFICIAL DE CAJA : 07 - 83,518
FECHA : OCTUBRE 10 DE 2007

SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO



No. 07-111670- -00000-0000

Fecha: 2007-10-23 16:58:39
Tra. 11 PATENTEIYII
Act. 411 PRESENTACION

Dep. 2020 NUECREACIONE
Eve: 378 FASENACIONALI
Folios: 597

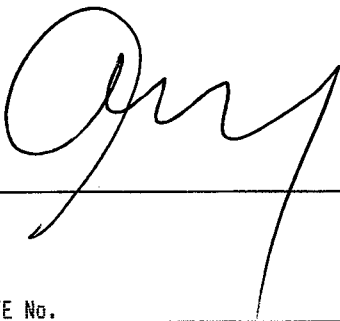
***** CONSIGNACION *****

DEPOSITANTE	TIPO PAGO	BANCO	CUENTA	No. PAGO	FECHA PGO	Vr. PAGO
LOREDA Y CIA S. A	CONSIGNACION	BANCO POPULAR	050-00110-6	47999515	10/10/2007	6,510,000.00

***** CONCEPTO *****

CANT.	RENTISTICO	CONCEPTO	TOTAL CONCEPTO
1	50005-01-01	SOLICITUDES	
		1 TRAMITES DE SOL. DE PATENTE DE IN	482,000.00
		TOTAL :	\$ 482,000.00

SON: CUATROCIENTOS OCHENTA Y DOS MIL PESOS

RESPONSABLE : 

RECIBO DE CAJA APLICADO AL EXPEDIENTE No. _____

ANEXO

El documento que acredita la calidad de REPRESENTANTES LEGALES en Bogotá de los doctores **ALICIA LLOREDA** y/o **GUSTAVO TAMAYO** y/o **IGNACIO SANTAMARIA** y/o **ENRIQUE ALVAREZ** para TODOS LOS ASUNTOS RELACIONADOS CON LA PROPIEDAD INDUSTRIAL de la sociedad peticionaria, que faculta a cada uno de dichos abogados para actuar individualmente, se está presentando con esta solicitud. En consecuencia, ruego a usted reconocer la personería de cada uno de dichos Representantes Legales para actuar dentro del presente expediente, a fin de que cualquiera de ellos pueda intervenir en cualquier tiempo respecto de la solicitud en él contenida.


ALICIA LLOREDA RICAURTE

T.P. No. 53.215

TRADUCCION OFICIAL No. 2004-09-09-466
DE LAS PARTES PERTINENTES DE UN DOCUMENTO
PRESENTADO EN INGLES

PODER

Legalización de un Poder de Representación Legal, documento escrito en inglés y en español.

Certificado Notarial (Sociedad) documento también escrito en inglés y en español.

Notarización, documento escrito en español.

APOSTILLA

(Convención de La Haya del 5 de Octubre de 1961)

Reino Unido de la Gran Bretaña e Irlanda del Norte

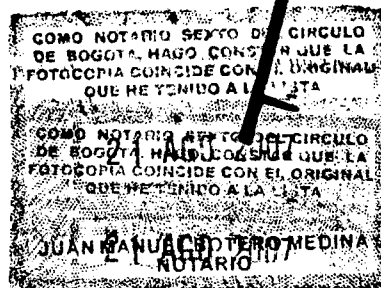
1. País: Reino Unido de la Gran Bretaña e Irlanda del Norte
- Este documento público
2. ha sido firmado James Kerr Milligan
3. actuando como Notario Público
4. lleva el sello/estampilla de dicho Notario Publico

CERTIFICADO

5. en Londres
6. el 01 de septiembre de 2004
7. por el Secretario de Estado Principal de Su Majestad para Asuntos Exteriores y del Commonwealth
8. Número: G 749037
9. Sello/Estampilla:
10. Firma: (ilegible)

TRADUCTOR OFICIAL
RESOLUCION 2177

ANITA ESCOBAR DE TAMAYO

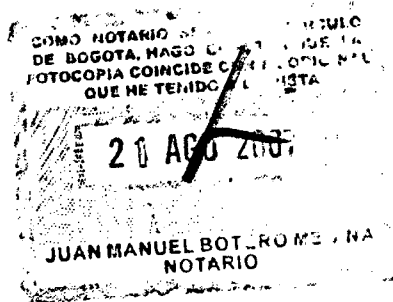


MINISTERIO DE
RELACIONES EXTERIORES

NO SE ASUME
RESPONSABILIDAD DEL TEXTO

260567
Anita Esobar
CUYA FIRMA APROBADA EN EL
DOCUMENTO DESEMPEÑA
LAS FUNCIONES INDICADAS

2004 SET 10 A 10:47
JES
JEFE DE LEGALIZACIONES
BOGOTÁ D.C.



Sello de la Oficina de Asuntos
Exteriores y del Commonwealth

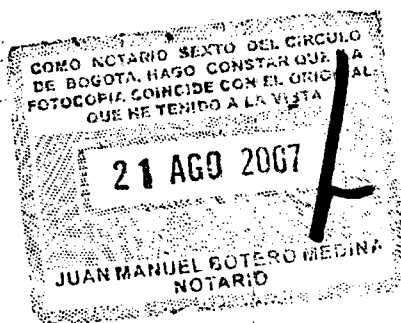
W. Glass
Por el Secretario de Estado

Si este documento se va a usar en un país que no es parte de la Convención de La Haya del 5 de octubre de 1961, debe presentarse a la sección consular de la misión que representa a ese país. Una apostilla o certificado de legalización únicamente confirma que la firma, sello o estampilla sobre el documento es autentica. No significa que los contenidos del documento sean correctos o que la Oficina de Asuntos Exteriores y del Commonwealth apruebe los contenidos.

Traducido según mi mejor saber y entender, este día 9 de septiembre de 2004, en la ciudad de Bogotá, D.C., por Anita Escobar de Tamayo, Traductora Oficial, Res. 2177 de 1989, Ministerio de Justicia, República de Colombia.

TRADUCTOR OFICIAL
RESOLUCION 2177

Anita Escobar de Tamayo
ANITA ESCOBAR DE TAMAYO



Yo, el infrascrito, **JAMES KERR MILLIGAN**, Notario Público de la Ciudad de Londres, Inglaterra, por la Autoridad Real debidamente admitido y juramentado,

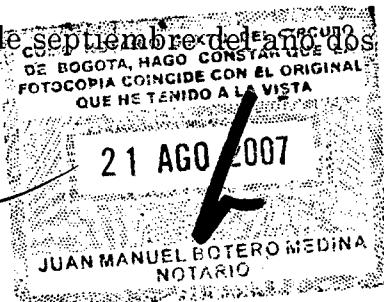
C E R T I F I C O:

QUE es auténtica la firma suscrita al pie del adjunto Poder, por ser del puño y letra del Señor Don **MARCUS JONATHAN WILLIAM DALTON**, cuya identidad me consta, Apoderado de la Sociedad denominada "**GLAXOSMITHKLINE BIOLOGICALS S.A.**" (anteriormente denominada "**Smithkline Beecham Biologicals s.a.**"), Sociedad legalmente constituida y existente de acuerdo con las leyes de Bélgica, con domicilio social en Rue de l'Institut 89, B-1330 Rixensart, Bélgica;

QUE el citado Señor Don **MARCUS JONATHAN WILLIAM DALTON** está debida y suficientemente autorizado para firmar documentos de esta clase, en virtud del Poder otorgado en su favor por la referida Sociedad fechado el 12 de junio de 2002, cuyo original he tenido a la vista.

Y QUE los objetos para los cuales se otorgó dicho Poder se encuentran dentro de los objetos o actividades de la citada Sociedad, de acuerdo con la Escritura Constitutiva y los Estatutos Sociales, los cuales he tenido a la vista.

Y PARA QUE CONSTE y obre los efectos conducentes expido la presente que firmo y sello en Londres, el día de hoy primero de septiembre del año dos mil cuatro.



JAMES KERR MILLIGAN
Notario Público de Londres, Inglaterra

SCRIPHER
NOTARIES



APOSTILLE

(Hague Convention of 5 October 1961/Convention de La Haye du 5 octob

1. Country: United Kingdom of Great Britain and Northern Ireland
Pays: Royaume-Uni de Grande-Bretagne et d'Irlande du Nord

This public document/Le présent acte public

2. has been signed by James Keef Milligan
a été signé par
3. acting in the capacity of Notary Public
agissant en qualité de
4. bears the seal/stamp of Notary Public
est revêtu du sceau/timbre de

Certified/Attesté

5. at London/à Londres
6. the/le
7. by Her Majesty's Principal Secretary of State for Foreign and Commonwealth Affairs/
par le Secrétaire d'Etat Principal de Sa Majesté aux Affaires Etrangères et du Commonwealth.

8. Number/sous No **G 749037**

9. Stamp:
timbre:



10. Signature: W GLASS

For the Secretary of State/Pour le Secrétaire d'Etat

If this document is to be used in a country which is
not party to the Hague Convention of 5 October 1961,
it should be presented to the consular section of the
mission representing that country.

os abajo firmados, **GLAXOSMITHKLINE BIOLOGICALS S.A.**, una sociedad organizada y existente de conformidad con las leyes de Bélgica.

on domicilio en **rue de l'Institut 89, B-1330 Rixensart, Bélgica**

nombramos por el presente a **ALICIA LLOREDA y/o GUSTAVO TAMAYO y/o IGNACIO SANTAMARIA y/o ENRIQUE ALVAREZ**, domiciliados en Bogotá, Colombia, con oficinas en dicha ciudad, Calle 72 No. 5-83, piso 6o., nuestros representantes legales y verdaderos en Bogotá, con facultades para recibir notificaciones y nombrar apoderados judiciales o extrajudiciales, con el fin de dar cumplimiento al parágrafo 1o. del artículo 543 del decreto 410 de 1971.

Los doctores **ALICIA LLOREDA y/o GUSTAVO TAMAYO y/o IGNACIO SANTAMARIA y/o ENRIQUE ALVAREZ**, o los apoderados que cualquiera de ellos designe, quedan especialmente facultados para representarnos ante las autoridades colombianas, administrativas, judiciales o de policía, en todos los trámites relativos a la propiedad industrial, a cuyo efecto les facultamos para dar ante dichas autoridades todos los pasos necesarios al objeto indicado; elevar solicitudes, declaraciones, reclamos, recursos y presentar desistimientos; formular descripciones, enmiendas, limitar el alcance de las solicitudes, presentar oposiciones y apelaciones; instaurar cancelaciones, renunciar total o parcialmente a los registros, abonar todos los impuestos y cuotas y efectuar todo otro pago determinado por la ley; recibir todos los documentos y valores, dando el descargo respectivo; llenar cualesquiera otros requisitos y tomar, en fin, todas las medidas que creyeren conducentes al resguardo de nuestros intereses; y en caso de producirse oposición, pasando los antecedentes a los tribunales, quedan facultados para tomar intervención como demandantes o demandados ante los jueces que sean competentes, pudiendo transar, someter a árbitros, desistir, percibir y apelar, con todas las demás facultades que resulten necesarias, y por el presente declaramos desde ahora válido y bueno cuanto dichos representantes y/o los apoderados que cualquiera de ellos nombre hicieren en nuestro beneficio.

Asimismo, facultamos a los doctores **ALICIA LLOREDA y/o GUSTAVO TAMAYO y/o IGNACIO SANTAMARIA y/o ENRIQUE ALVAREZ**, para solicitar en la Oficina de Propiedad Industrial la protocolización de este documento y de cualquier poder que cualquiera de ellos otorgue a nombre nuestro.

Dado y firmado

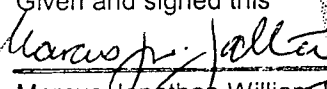
The undersigned, **GLAXOSMITHKLINE BIOLOGICALS S.A.**, a corporation organized and existing under the laws of Belgium.

domiciled at **rue de l'Institut 89, B-1330 Rixensart, Belgium**

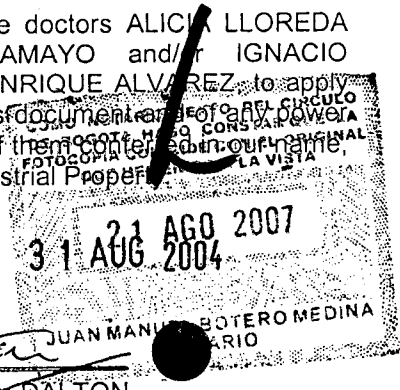
hereby appoint, **ALICIA LLOREDA and/or GUSTAVO TAMAYO and/or IGNACIO SANTAMARIA and/or ENRIQUE ALVAREZ**, of Bogota, Colombia, with offices in said town, Calle 72 No. 5-83, Sixth Floor, our true and legal representatives in Bogotá, with power to receive notifications and to appoint judicial or extrajudicial agents, so as to comply with paragraph 1o. of article 543 of decree 410 of 1971.

Doctors **ALICIA LLOREDA and/or GUSTAVO TAMAYO and/or IGNACIO SANTAMARIA and/or ENRIQUE ALVAREZ**, or the agents by any one of them appointed, are especially empowered to represent us before the administrative, judicial or police authorities of Colombia, in all proceedings pertaining to industrial property, for which purpose we authorize them to take before the said authorities all the necessary steps for the said end; to file petitions, declarations, claims, recourses and withdrawals, to draw up specifications; to file amendments, to limit the scope of applications, file oppositions; file cancellations total or partially waive registrations, to pay all installments and effect all other payments prescribed by law; to receive proper receipts, to comply with all other requirements and, in short, to take all those measures which they may deem fit for the protection of our interests; and in case of opposition, where the proceedings be passed over to the courts, we authorize said agents to act on our behalf, as complainants as well as defendants, before the competent judges, with full powers to make arrangements, to submit to arbitrators, to desist, to collect, to appeal and, in short, with all such further powers as may be required, and we hereby declare from now on as valid and good all that said representatives and/or the agents by any one of them appointed may do for our benefit.

We also authorize doctors **ALICIA LLOREDA and/or GUSTAVO TAMAYO and/or IGNACIO SANTAMARIA and/or ENRIQUE ALVAREZ** to apply for protocolization of this document and to confer power of attorney by any one of them before the Office of Industrial Property.

Given and signed this

Marcus Jonathan William DALTON
Attorney and Authorised Official

NOTARY SHOULD EXECUTE OTHER SIDE



CERTIFICADO NOTARIAL (SOCIEDAD)

Bélgica

{ss

Hoy de de 200 , compareció , a quien conozco y de quien me consta que firmó el anterior documento, y quien debidamente juramentado declaró y dijo que él es de **GLAXOSMITHKLINE BIOLOGICALS S.A.**, la compañía nombrada en el documento que antecede, una sociedad debidamente organizada y existente conforme a las leyes de **Bélgica**, domiciliada en la ciudad de **Rixensart, Bélgica**, legalmente constituida para un período de duración que aún no ha terminado, que ejerce su objeto social; conforme a las leyes de

que el declarante está autorizado por dicha Compañía para conferir este poder; que el sello estampado por él al pie de tal poder, en nombre y en representación de la expresada Compañía, es el sello oficial de ella; y que el objeto para el cual se confiere este instrumento está comprendido dentro del de la sociedad.

El suscrito Notario ha visto los Estatutos de incorporación firmados en , con fecha , y certifica que de conformidad con la legislación de dicho País, la anterior declaración juramentada es prueba suficiente de que los hechos sobre que ella versa son ciertos o verdaderos, de lo cual da fe.

Notary Public (Notario Público).

NOTARIAL CERTIFICATE (CORPORATION)

Belgium

{ss

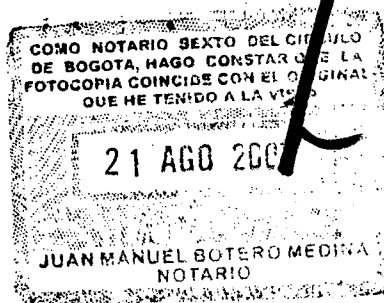
On this day of , 200 , personally came to me known, and known to me to be the person who signed the foregoing instrument, who being by me duly sworn did depose and say that he is the

of **GLAXOSMITHKLINE BIOLOGICALS S.A.**, the company named within, a Corporation organized and existing under the laws of the **Belgium**, domiciled at the City of **Rixensart, Belgium**, legally constituted for a period of tenure not yet expired, which exercises its corporate purposes according to the laws of

, that the deponent is authorized by said Company to confer this power of attorney; that the seal affixed hereunto by the deponent in the name and on behalf of said Corporation is the corporate seal thereof; and that the purpose for which this instrument is granted is included within the corporate purposes of the Company.

The undersigned Notary Public has seen the articles of Incorporation of said Corporation executed at , under date of

and hereby certifies that under the laws of said Country the foregoing acknowledgment is sufficient proof that the facts therein contained are true, which he attests.



(21) N° de solicitud:	(51) Int Cl:	A61K 39/118
(22) Fecha de solicitud:	23-10-07	(71) Solicitante(s) GLAXOSMITHKLINE BIOLOGICALS S.A. y CORIXA CORPORATION
(30) Prioridad	(31) No. Prioridad 60/667,331	(32) Fecha 31-03-05
		(33) País US
	(72) Inventor(es)	BARTH, Brenda; BHATIA, Ajay; ALDERSON, Mark; MAISONNEUVE, Jean-Francois, L.; LOBET, Yves; NOZAY, Florence, Bernadette; MARCHAND, Martine; METTENS, Pascal; SKEIKY, Yasir, A. y PROBST, Peter.
	(74) Apoderado:	ALICIA LLOREDA RICAURTE
(85) Fecha limite inicio fase nacional:	31-10-07	(87) Publicación internacional
(86) Datos relativos a la presentación de la solicitud PCT		Fecha: 05-10-06
Fecha de presentación de la solicitud:	24-03-06	N° publicación: WO 2006/104890 A3
No. de solicitud	PCT/US2006/010793	
(54) Titulo:	VACUNAS CONTRA INFECCIÓN POR CHLAMYDIA	

Resumen - Reivindicación(es):

Reivindicación número 1.-

Una composición que comprende una combinación de dos o más proteínas de Chlamydia o fragmentos inmunogénicos de las mismas, o un polinucleótido o polinucleótidos que las codifiquen, seleccionándose estas dos o más proteínas o fragmentos inmunogénicos a partir de Swib, Momp, Ct-858, Ct-875, Ct-622, Ct-089, dominio pasajero de PmpG (PmpGpd), y dominio pasajero de PmpD (PmpDpd).

TRATADO DE COOPERACION DE PATENTES
PCT
REPORTE DE BUSQUEDA INTERNACIONAL

(PCT Artículo 18 y Reglas 43 y 44)

Registro de referencia del solicitante o agente VB61508	PARA FUTURAS ACCIONES ver Notificación o Transmisión del Reporte de Búsqueda Internacional (Forma PCT/ISA/220) así como, donde aplique, el ítem 5 a continuación.	
Solicitud internacional No. PCT/US2006/010793	Fecha de registro internacional (día/mes/año) 24/03/2006	Fecha de Prioridad (Primera) (día/mes/año) 31/03/2005
Solicitante GLAXOSMITHKLINE BIOLOGICALS SA		

Este Reporte de Búsqueda Internacional ha sido preparado por esta Autoridad de Búsqueda Internacional y es transmitido al solicitante Según el Artículo 18. Una copia será transmitida a la Oficina Internacional.

Este Reporte de Búsqueda Internacional consta de un total de 9 hojas.

☐ También está acompañado de una copia de cada documento técnico anterior citado en este reporte.

1. Bases del reporte

a. Respecto al lenguaje, la búsqueda internacional se llevó a cabo según la solicitud internacional en el lenguaje en el cual se presentó, a menos que se indique de otro modo en este ítem.

☒ la solicitud internacional en el lenguaje en el cual se presentó,

☐ una traducción de la solicitud internacional al _____, el cual es el idioma de la traducción presentada para la búsqueda internacional (Reglas 12.3(a) y 23.1(b))

b. ☒ Respecto a una secuencia de ácido nucleótido y/o amino revelado en la solicitud internacional, ver Recuadro No. I.

2. ☒ Ciertas reivindicaciones no pudieron localizarse (Ver Recuadro II).

3. ☒ Falta unidad de invención (ver Recuadro III).

4. Respecto al título,

☒ El texto es aprobado según lo presenta el solicitante.

☐ Esta Autoridad ha establecido que el texto se lea así:

5. Respecto al resumen,

☒ El texto es aprobado según lo presenta el solicitante.

☐ Esta Autoridad ha establecido el texto de acuerdo con la Norma 38.2(b), según aparece en el Recuadro III. El solicitante puede, un mes después de la fecha de haber enviado por correo este reporte de búsqueda internacional, presentar comentarios a esta Autoridad.

6. Respecto a los dibujos,

a. La figura de los dibujos que se publicará con el resumen es la Figura No. ____

☐ como lo sugirió el solicitante.

☐ como lo seleccionó esta Autoridad, porque el solicitante no sugirió una figura.

☐ como lo seleccionó esta Autoridad, porque esta figura caracteriza mejor a la invención-

b. ☒ Ninguna de las figuras es para ser publicada con el resumen.

REPORTE DE BUSQUEDA INTERNACIONAL

Solicitud Internacional No.
PCT/US2006/010793

Casilla I Nucleótido y/o secuencia(s) aminoácida (Continuación del Ítem 1.b de la primera hoja)

1. Respecto a cualquier **nucleótido y/o secuencia aminoácida** revelada en la solicitud internacional y necesaria para la invención reivindicada, esta opinión se ha establecido según:
 - a. tipo de material:
 - ☒ un listado de secuencia
 - ☐ tabla(s) relacionada con el listado de secuencia
 - b. formato de material:
 - ☒ en formato escrito
 - ☒ en formato legible por computador
 - c. tiempo de presentación/suministro:
 - ☒ contenido en la solicitud internacional según se registró
 - ☒ registrada junto con la solicitud internacional en formato legible por computador
 - ☐ proporcionada subsiguientemente a esta Autoridad para la búsqueda.
2. ☐ Además, en el caso en que más de una versión o copia de un listado de secuencia y/o tabla relacionada con ello se haya registrado o proporcionado, las declaraciones requeridas de que la información en las copias subsiguientes o adicionales es idéntica a aquella en la solicitud según se presentó o no va más allá de la solicitud según se registró, según lo apropiado, fueron suministradas.
3. Comentarios adicionales:

REPORTE DE BUSQUEDA INTERNACIONAL

Solicitud Internacional No.
PCT/US2006/010793

A. CLASIFICACION DE MATERIA
 INV. A61K39/118

Según la Clasificación de Patentes Internacional (CPI) o según la clasificación nacional y la CPI

B. CAMPOS BUSCADOS

Documentación mínima buscada (sistema de clasificación seguido de símbolos de clasificación)

A61K

Documentación buscada fuera de documentación mínima hasta donde dichos documentos se incluyan en los campos buscados

Base de datos electrónica consultada durante la búsqueda internacional (nombre de la base de datos y, donde sea práctico, buscar términos usados)

EPO-Interno, Dato de WPI, PAJ, BIOSIS, Búsqueda de Secuencia

C. DOCUMENTOS CONSIDERADOS RELEVANTES

Categoría °	Citación de documento, con indicación, donde sea apropiado, de los textos relevantes	Relevante a la reivindicación No.
X	US 6 555 115 B1 (PROBST PETER ET AL) 29 de Abril de 2003 (2003-04-29) columna 1, línea 1 -línea 67 reivindicaciones; ejemplos secuencias 27, 28, 35, 36, 39-53, 78, 89, 93-103 ----- -/--	1, 3-27, 55, 62-68

☒ En el recuadro C se enumeran más documentos.

☒ En el anexo se enumeran miembros de la familia de patentes.

° Categorías especiales de documentos citados:

'A' documento que define el estado general de la técnica el cual no se considera de relevancia particular

'E' documento anterior pero publicado en o después de la fecha de presentación internacional

'L' documento que puede arrojar dudas sobre reivindicaciones de prioridad o que se cita para establecer la fecha de publicación de otra citación u otra razón especial (según se especifica)

'O' documento que se refiere a una revelación oral, uso, exhibición u otros medios

'P' documento publicado antes de la fecha de presentación internacional pero después de la fecha de prioridad reivindicada

'T' documento posterior publicado después de la fecha de presentación internacional o fecha de prioridad y que no está en conflicto con la solicitud pero citado para entender el principio o teoría que sustenta la invención

'X' documento de relevancia particular; la invención reivindicada no puede considerarse nueva o no puede considerarse que comprende un paso inventivo cuando el documento se toma solo

'Y' documento de relevancia particular; la invención reivindicada no puede considerarse que comprende un paso inventivo cuando el documento se combina con uno o más documentos, siendo dicha combinación obvia para una persona experta en la técnica

'&' documento miembro de la misma familia de patentes

Fecha de la terminación real de la búsqueda internacional

15 de Septiembre de 2006

Fecha de envío por correo del reporte de búsqueda internacional

31/01/2007

Nombre y dirección de correo de ISA
 European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
 NL-2280 HV Rijswijk
 Tel. No. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
 Fax No. (+31-70) 340-3016

Funcionario autorizado

 Rankin, Robert

REPORTE DE BUSQUEDA INTERNACIONAL

Solicitud Internacional No.
PCT/US2006/010793

C. DOCUMENTOS CONSIDERADOS RELEVANTES

Categoría °	Citación de documento, con indicación, donde sea apropiado, de los textos relevantes	Relevante a la reivindicación No.
X	LU HANG ET AL: "El adyuvante basado en el transgen GM-CSF permite establecer inmunidad mucosa protectora tras la vacunación con chlamydia trachomatis inactivada" JOURNAL OF IMMUNOLOGY (BALTIMORE, MD. : 1950) 1 de DIC de 2002, vol. 169, no. 11, 1 de Diciembre de 2002 (2002-12-01), páginas 6324-6331, XP002399132 ISSN: 0022-1767 todo el documento	1, 3-27, 55, 62-68
Y	----- BRUNHAM R C ET AL: "IMMUNOLOGIA DE LA INFECCION POR CHLAMYDIA: IMPLICACIONES PARA UNA VACUNA DE CHLAMYDIA TRACHOMATIS" NATURE REVIEWS. IMMUNOLOGY, vol. 5, no. 2, Febrero de 2005 (2005-02), páginas 149-161, XP009051839 ISSN: 1474-1733 todo el documento	1, 3-27, 55, 62-68
A	----- US 2005/065106 A1 (MURDIN ANDREW D ET AL) 24 de Marzo de 2005 (2005-03-24) paragrafo [0021] - paragrafo [0023] reivindicaciones; ejemplos	1, 3-27, 55, 62-68
X	----- WO 02/062380 A (SMITHKLINE BEECHAM BIOLOGICALS S.A; BERTHET, FRANCOIS-XAVIER JACQUES;) 15 de Agosto de 2002 (2002-08-15) página 3, línea 26 - página 4, línea 10 ejemplos reivindicaciones	1, 3-27, 55, 62-68
Y	----- WO 96/31236 A (SMITHKLINE BEECHAM BIOLOGICALS S.A; PRIEELS, JEAN-PAUL; SLAOU, MONCEF) página 1, línea 1 - línea 5 reivindicaciones; ejemplos	1, 3-27, 55, 62-68
Y	----- WO 98/28005 A (SMITHKLINE BEECHAM BIOLOGICALS S.A; MAISONNEUVE, JEAN-FRANCOIS, LUCIEN) 2 de Julio de 1998 (1998-07-02) página 1, línea 1 - línea 6 reivindicaciones; ejemplos	1, 3-27, 55, 62-68

REPORTE DE BUSQUEDA INTERNACIONAL

Solicitud Internacional No.
PCT/US2006/010793

C. DOCUMENTOS CONSIDERADOS RELEVANTES

Categoría °	Citación de documento, con indicación, donde sea apropiado, de los textos relevantes	Relevante a la reivindicación No.
P, X	PAL ET AL: "La vacuna en ratones recién nacidos induce una fuerte respuesta inmune protectora contra los desafíos respiratorios y genitales con Chlamydia trachomatis" VACCINE, BUTTERWORTH SCIENTIFIC. GUILDFORD, GB, vol. 23, no. 46-47, 16 de Noviembre de 2005 (2005-11-16), páginas 5351-5358, XP005158041 ISSN: 0264-410X todo el documento -----	1, 3-27, 55, 62-68

INFORMACION ADICIONAL QUE CONTINUA DE PCT/ISA/ 210

Continuación de la Casilla II.1

Aunque las reivindicaciones 25-27 y 29-54 están dirigidas a un método de tratamiento del cuerpo humano, se ha llevado a cabo la búsqueda y con base en los supuestos efectos de la composición.

Aunque las reivindicaciones 55-68 están dirigidas a un método de diagnóstico practicado en el cuerpo humano, se ha llevado a cabo la búsqueda y con base en los supuestos efectos de la composición.

REPORTE DE BUSQUEDA INTERNACIONAL

Solicitud Internacional No.
PCT/US2006/010793

Casilla II Observaciones donde ciertas reivindicaciones fueron inescrutables (Continuación del Item 2 de la primera hoja)

Este reporte de búsqueda internacional no ha sido establecido respecto a ciertas reivindicaciones bajo el Artículo 17(2)(a) por las siguientes razones:

1. ☒ Reivindicaciones Nos.:

porque se relacionan con un asunto que no es necesario que esta Autoridad busque, a saber:
ver INFORMACION ADICIONAL hoja PCT/ISA/210

2. ☐ Reivindicaciones Nos.:

porque se relacionan con partes de la solicitud internacional que no cumplen con los requisitos prescritos hasta tal grado que no se puede llevar a cabo una búsqueda internacional significativa, específicamente:

3. ☐ Reivindicaciones No.:

porque son reivindicaciones dependientes y no están diseñadas de acuerdo con la segunda y tercera oración de la Regla 6.4(a).

Casilla III Observaciones donde falta unidad de invención (Continuación del Item 3 de la primera hoja)

Esta Autoridad de Búsqueda Internacional encontró invenciones múltiples en esta solicitud internacional, así:

ver hoja adicional

1. ☐ Puesto que todos los derechos de búsqueda adicionales requeridos fueron pagados oportunamente por el solicitante, este informe de búsqueda internacional cubre todas las reivindicaciones investigables.
2. ☐ Puesto que todas las reivindicaciones investigables pudieron investigarse sin esfuerzo que justifique derechos adicionales, esta Autoridad no solicitó pago de derechos adicionales.
3. ☐ Puesto que sólo algunos de los derechos de búsqueda adicionales fueron pagados oportunamente por el solicitante, este informe de búsqueda internacional cubre únicamente aquellas reivindicaciones para las cuales se pagaron derechos, específicamente las reivindicaciones Nos.:
4. ☒ El solicitante no pagó oportunamente los derechos de búsqueda adicionales requeridos. Por consiguiente, este informe de búsqueda internacional se restringe a la primera invención mencionada en las reivindicaciones; está cubierto por las reivindicaciones Nos.:
1, 3-27, 55, 62-68 (parcialmente)

Comentario sobre Protesta

☐ Los derechos de búsqueda adicionales estuvieron acompañados por la protesta del solicitante.

☐ El pago de los derechos de búsqueda adicionales no estuvo acompañado por una protesta.

INFORMACION ADICIONAL QUE CONTINUA DE PCT/ISA/ 210

Esta Autoridad de Búsqueda Internacional encontró múltiples (grupos de) invenciones en esta solicitud internacional, como sigue:

1. reivindicaciones: 1, 3-27, 55, 62-68 (parcialmente)
Composiciones que comprenden Swib y métodos para usarlas.
2. reivindicaciones: 1-68 (parcialmente)
Composiciones que comprenden Momp y métodos para usarlas.
3. reivindicaciones: 1, 3-68 (parcialmente)
Composiciones que comprenden Ct-858 y métodos para usarlas.
4. reivindicaciones: 1, 3-27, 55, 62-68 (parcialmente)
Composiciones que comprenden Ct-858 y métodos para usarlas.
5. reivindicaciones: 1-68 (parcialmente)
Composiciones que comprenden Ct-622 y métodos para usarlas.
6. reivindicaciones: 1, 3-68
Composiciones que comprenden Ct-089 y métodos para usarlas.
7. reivindicaciones: 1, 3-27, 55, 62-68
Composiciones que comprenden PmpGpd y métodos para usarlas.
8. reivindicaciones: 1, 3-27, 55, 62-68
Composiciones que comprenden PmpDpd y métodos para usarlas.

REPORTE DE BUSQUEDA INTERNACIONAL

Informe sobre miembros de familia de patentes

Solicitud Internacional No.

PCT/US2006/010793

Documento de patente citado en el reporte de búsqueda	Fecha de publicación	Miembro(s) de la familia de patentes	Fecha de publicación
US 6555115	B1	29-04-2003	NINGUNO
US 2005065106	A1	24-03-2005	US 6811783 B1 02-11-2004
WO 02062380	A	15-08-2002	AU 2002244710 A1 19-08-2002 CA 2436435 A1 15-08-2002 EP 1383534 A2 28-01-2004 JP 2004527480 T 09-09-2004 US 2005281847 A1 22-12-2005 US 2004131625 A1 08-07-2004
WO 9631236	A	10-10-1996	AT 193974 T 15-07-2000 AU 700548 B2 07-01-1999 AU 5499996 A 23-10-1996 BR 9604853 A 16-06-1998 CA 2215520 A1 10-10-1996 CN 1185740 A 24-06-1998 CZ 9703134 A3 18-03-1998 DE 69608959 D1 27-07-2000 DE 69608959 T2 16-11-2000 DK 820304 T3 28-08-2000 EP 0820304 A1 28-01-1998 ES 2149466 T3 01-11-2000 GR 3033764 T3 31-10-2000 HK 1008495 A1 09-03-2001 HU 9801572 A2 28-10-1998 JP 11503142 T 23-03-1999 NO 974561 A 26-11-1997 NZ 306443 A 25-02-1999 PL 322620 A1 02-02-1998 PT 820304 T 30-11-2000 TR 9701113 T1 21-03-1998 ZA 9602616 A 27-11-1996
WO 9828005	A	02-07-1998	AU 5763998 A 17-07-1998 CA 2275896 A1 02-07-1998 EP 0948352 A1 13-10-1999 JP 2001507004 T 29-05-2001 ZA 9711565 A 27-08-1998

PATENT COOPERATION TREATY

PCT

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

(PCT Article 18 and Rules 43 and 44)

Applicant's or agent's file reference VB61508	FOR FURTHER ACTION see Form PCT/ISA/220 as well as, where applicable, item 5 below.	
International application No. PCT/US2006/010793	International filing date (day/month/year) 24/03/2006	(Earliest) Priority Date (day/month/year) 31/03/2005
Applicant GLAXOSMITHKLINE BIOLOGICALS SA		

This international search report has been prepared by this International Searching Authority and is transmitted to the applicant according to Article 18. A copy is being transmitted to the International Bureau.

This international search report consists of a total of 9 sheets.

☐ It is also accompanied by a copy of each prior art document cited in this report.

1. Basis of the report

a. With regard to the language, the international search was carried out on the basis of:

- ☒ the international application in the language in which it was filed
☐ a translation of the international application into _____, which is the language of a translation furnished for the purposes of international search (Rules 12.3(a) and 23.1(b))

b. ☒ With regard to any nucleotide and/or amino acid sequence disclosed in the international application, see Box No. I.

2. ☒ Certain claims were found unsearchable (See Box No. II)

3. ☒ Unity of invention is lacking (see Box No III)

4. With regard to the title,

- ☒ the text is approved as submitted by the applicant
☐ the text has been established by this Authority to read as follows:

5. With regard to the abstract,

- ☒ the text is approved as submitted by the applicant
☐ the text has been established, according to Rule 38.2(b), by this Authority as it appears in Box No. IV. The applicant may, within one month from the date of mailing of this international search report, submit comments to this Authority

6. With regard to the drawings,

- a. the figure of the drawings to be published with the abstract is Figure No. _____
☐ as suggested by the applicant
☐ as selected by this Authority, because the applicant failed to suggest a figure
☐ as selected by this Authority, because this figure better characterizes the invention
b. ☒ none of the figures is to be published with the abstract

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/US2006/010793

Box No. I Nucleotide and/or amino acid sequence(s) (Continuation of item 1.b of the first sheet)

1. With regard to any nucleotide and/or amino acid sequence disclosed in the international application and necessary to the claimed invention, the international search was carried out on the basis of:
 - a. type of material
 - ☒ a sequence listing
 - ☐ table(s) related to the sequence listing
 - b. format of material
 - ☒ on paper
 - ☒ in electronic form
 - c. time of filing/furnishing
 - ☒ contained in the international application as filed
 - ☒ filed together with the international application in electronic form
 - ☐ furnished subsequently to this Authority for the purpose of search
2. ☐ In addition, in the case that more than one version or copy of a sequence listing and/or table relating thereto has been filed or furnished, the required statements that the information in the subsequent or additional copies is identical to that in the application as filed or does not go beyond the application as filed, as appropriate, were furnished.
3. Additional comments:

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No
PCT/US2006/010793

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER INV. A61K39/118		
According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC		
B. FIELDS SEARCHED Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols) 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) EPO-Internal, WPI Data, PAJ, BIOSIS, Sequence Search		
C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	US 6 555 115 B1 (PROBST PETER ET AL) 29 April 2003 (2003-04-29) column 1, line 1 - line 67 claims; examples sequences 27, 28, 35, 36, 39-53, 78, 89, 93-103 ----- -/--	1,3-27, 55,62-68
☒ Further documents are listed in the continuation of Box C. ☒ See patent family annex.		
* Special categories of cited documents : *A* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance *E* earlier document but published on or after the international filing date *L* document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified) *O* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means *P* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed *T* later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention *X* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone *Y* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art. *Z* document member of the same patent family		
Date of the actual completion of the international search 15 September 2006		Date of mailing of the international search report 31. 01. 2007
Name and mailing address of the ISA/ European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2 NL - 2280 HV Rijswijk Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl, Fax: (+31-70) 340-3016		Authorized officer Rankin, Robert

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No
PCT/US2006/010793

C(Continuation). DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	LU HANG ET AL: "GM-CSF transgene-based adjuvant allows the establishment of protective mucosal immunity following vaccination with inactivated Chlamydia trachomatis." JOURNAL OF IMMUNOLOGY (BALTIMORE, MD. : 1950) 1 DEC 2002, vol. 169, no. 11, 1 December 2002 (2002-12-01), pages 6324-6331, XP002399132 ISSN: 0022-1767 the whole document	1,3-27, 55,62-68
Y	BRUNHAM R C ET AL: "IMMUNOLOGY OF CHLAMYDIA INFECTION: IMPLICATIONS FOR A CHLAMYDIA TRACHOMATIS VACCINE" NATURE REVIEWS. IMMUNOLOGY, vol. 5, no. 2, February 2005 (2005-02), pages 149-161, XP009051839 ISSN: 1474-1733 the whole document	1,3-27, 55,62-68
A	US 2005/065106 A1 (MURDIN ANDREW D ET AL) 24 March 2005 (2005-03-24) paragraph [0021] - paragraph [0023] claims; examples	1,3-27, 55,62-68
X	WO 02/062380 A (SMITHKLINE BEECHAM BIOLOGICALS S.A; BERTHET, FRANCOIS-XAVIER JACQUES;) 15 August 2002 (2002-08-15) page 3, line 26 - page 4, line 10 examples claims	1,3-27, 55,62-68
Y	WO 96/31236 A (SMITHKLINE BEECHAM BIOLOGICALS S.A; PRIEELS, JEAN-PAUL; SLAUI, MONCEF) 10 October 1996 (1996-10-10) page 1, line 1 - line 5 claims; examples	1,3-27, 55,62-68
Y	WO 98/28005 A (SMITHKLINE BEECHAM BIOLOGICALS S.A; MAISONNEUVE, JEAN-FRANCOIS, LUCIEN) 2 July 1998 (1998-07-02) page 1, line 1 - line 6 claims; examples	1,3-27, 55,62-68
	----- -/--	

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No

PCT/US2006/010793

C(Continuation). DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
P,X	PAL ET AL: "Vaccination of newborn mice induces a strong protective immune response against respiratory and genital challenges with Chlamydia trachomatis" VACCINE, BUTTERWORTH SCIENTIFIC. GUILDFORD, GB, vol. 23, no. 46-47, 16 November 2005 (2005-11-16), pages 5351-5358, XP005158041 ISSN: 0264-410X the whole document -----	1,3-27, 55,62-68

FURTHER INFORMATION CONTINUED FROM PCT/ISA/ 210

Continuation of Box II.1

Although claims 25-27 and 29-54 are directed to a method of treatment of the human body, the search has been carried out and based on the alleged effects of the composition.

Although claims 55-68 are directed to a diagnostic method practised on the animal body, the search has been carried out and based on the alleged effects of the composition.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.
PCT/US2006/010793

Box II Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 2 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:
see FURTHER INFORMATION sheet PCT/ISA/210
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 III Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 3 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.:
4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this International Search Report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:
1, 3-27, 55, 62-68 (partially)

Remark on Protest

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

FURTHER INFORMATION CONTINUED FROM PCT/ISA/ 210

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

1. claims: 1, 3-27, 55, 62-68 (partially)

Compositions comprising Swib and methods of using them.

2. claims: 1-68 (partially)

Compositions comprising Momp and method of using them

3. claims: 1, 3-68 (partially)

Compositions comprising Ct-858 and methods of using them.

4. claims: 1, 3-27, 55, 62-68 (partially)

Compositions comprising Ct-875 and methods of using them.

5. claims: 1-68 (partially)

Compositions comprising Ct-622 and methods of using them.

6. claims: 1, 3-68

Compositions comprising Ct-089 and methods of using them.

7. claims: 1, 3-27, 55, 62-68

Compositions comprising PmpGpd and methods of using them.

8. claims: 1, 3-27, 55, 62-68

Compositions comprising PmpDpd and methods of using them.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International application No

PCT/US2006/010793

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
US 6555115	B1	29-04-2003	NONE
US 2005065106	A1	24-03-2005	US 6811783 B1 02-11-2004
WO 02062380	A	15-08-2002	AU 2002244710 A1 19-08-2002 CA 2436435 A1 15-08-2002 EP 1383534 A2 28-01-2004 JP 2004527480 T 09-09-2004 US 2005281847 A1 22-12-2005 US 2004131625 A1 08-07-2004
WO 9631236	A	10-10-1996	AT 193974 T 15-07-2000 AU 700548 B2 07-01-1999 AU 5499996 A 23-10-1996 BR 9604853 A 16-06-1998 CA 2215520 A1 10-10-1996 CN 1185740 A 24-06-1998 CZ 9703134 A3 18-03-1998 DE 69608959 D1 27-07-2000 DE 69608959 T2 16-11-2000 DK 820304 T3 28-08-2000 EP 0820304 A1 28-01-1998 ES 2149466 T3 01-11-2000 GR 3033764 T3 31-10-2000 HK 1008495 A1 09-03-2001 HU 9801572 A2 28-10-1998 JP 11503142 T 23-03-1999 NO 974561 A 26-11-1997 NZ 306443 A 25-02-1999 PL 322620 A1 02-02-1998 PT 820304 T 30-11-2000 TR 9701113 T1 21-03-1998 ZA 9602616 A 27-11-1996
WO 9828005	A	02-07-1998	AU 5763998 A 17-07-1998 CA 2275896 A1 02-07-1998 EP 0948352 A1 13-10-1999 JP 2001507004 T 29-05-2001 ZA 9711565 A 27-08-1998

(12) SOLICITUD INTERNACIONAL PUBLICADA SEGÚN EL TRATADO DE COOPERACION DE PATENTES (PCT)

(19) Organización Mundial de Propiedad Intelectual
Oficina Internacional



(43) Fecha de Publicación Internacional

5 de Octubre de 2006 (05.10.2006)

(10) Número de Publicación Internacional

PCT

WO 2006/104890 A3

(51) Clasificación Internacional de Patentes⁷:
A61K 39/118 (2006.01)

(74) Agentes: HAN, William, T. y sus col.; GlaxoSmithKline, Corporate Intellectual Property, UW2220, 709 Swedeland Road, P.O. Box 1539, King of Prussia, PA 19406-0939 (US).

(21) Número de Solicitud Internacional: PCT/US2006/010793

(22) Fecha de Registro Internacional: 24 de Marzo de 2006
(24.03.2006)

(25) Idioma de registro: INGLES

(26) Idioma de Publicación: INGLES

(30) Información de Prioridad:
60/667,331 31 de Marzo de 2005 (31.03.2005) US

(81) Estados Designados (salvo que de otro modo indicado para cada clase de la protección nacional disponible): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BW, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EC, EE, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KM, KN, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, LY, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NA, NG, NI, NO, NZ, OM, PG, PH, PL, PT, RO, RU, SC, SD, SE, SG, SK, SL, SM, SY, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, YU, ZA, ZM, ZW.

(71) Solicitante: (para todos los estados designados, excepto Estados Unidos de América): GLAXOSMITHKLINE BIOLOGICALS S.A. [BE/BE]; Rue de l'Institut 89, B-1330 Rixensart (BE). CORIXA CORPORATION [US/US]; 1124 Columbia Street, Suite 464, Seattle, WA 98104 (US).

(84) Estados Designados (salvo que de otro modo indicado para cada clase de la protección regional disponible): ARIPO (BW, GH, GM, KE, LS, MW, MZ, NA, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), euroasiática (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM) europea (AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HU, IE, IS, IT, LT, LU, LV, MC, NL, PL, PT, RO, SE, SI, SK, TR) OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

(72) Inventores: e

(75) Inventores/Solicitantes (para los Estados Unidos de América únicamente): BARTH, Brenda [US/US]; 1124 Columbia Street, Suite 464, Seattle, WA 98104 (US). BHATIA, Ajay [IN/US]; 1124 Columbia Street, Suite 464, Seattle, WA 98104 (US). ALDERSON, Mark [US/US]; 1124 Columbia Street, Suite 464, Seattle, WA 98104 (US). MAISONNEUVE, Jean-Francois, L. [BE/US]; 1124 Columbia Street, Suite 464, Seattle, WA 98104 (US). LOBET, Yves [BE/BE]; Rue de l'Institut 89, B-1330 Rixensart (BE). NOZAY, Florence, Bernadette [FR/BE]; Rue de l'Institut 89, B-1330 Rixensart (BE). MARCHAND, Martine [BE/BE]; Rue de l'Institut 89, B-1330 Rixensart (BE). METTENS, Pascal [BE/BE]; Rue de l'Institut 89, B-1330 Rixensart (BE). SKEIKY, Yasir, A. [CA/US]; 1124 Columbia Street, Suite 464, Seattle, WA 98104 (US). PROBST, Peter [DE/US]; 1124 Columbia Street, Suite 464, Seattle, WA 98104 (US).

Publicado:

— con reporte de Búsqueda Internacional
— antes de la expiración del límite de tiempo para modificar las reivindicaciones y ser publicada de nuevo en el caso de recibo de modificaciones

(88) Fecha de la publicación del reporte de búsqueda internacional:
29 de Marzo de 2007

Para los códigos de dos letras y otras abreviaturas, refiérase a "Las Notas Guías sobre Códigos y Abreviaturas" que aparecen al comienzo de cada emisión regular de la Gaceta PCT.

(54) Título: VACUNAS CONTRA INFECCIÓN POR *CHLAMYDIA*.

(57) Resumen: La presente invención se refiere a composiciones que comprenden proteínas o polinucleótidos de *Chlamydia sp.*, en particular a combinaciones de proteínas o polinucleótidos que los codifican, y a métodos para el uso de las proteínas o polinucleótidos en el tratamiento, la prevención, y el diagnóstico de infección por *Chlamydia*.

(19) World Intellectual Property Organization
International Bureau



(43) International Publication Date
5 October 2006 (05.10.2006)

PCT

(10) International Publication Number
WO 2006/104890 A3

(51) International Patent Classification:
A61K 39/118 (2006.01)

(74) Agents: HAN, William, T. et al.; GlaxoSmithKline,
Corporate Intellectual Property, UW2220, 709 Swedeland
Road, P.O. Box 1539, King of Prussia, PA 19406-0939
(US).

(21) International Application Number:
PCT/US2006/010793

(22) International Filing Date: 24 March 2006 (24.03.2006)

(25) Filing Language: English

(26) Publication Language: English

(30) Priority Data:
60/667,331 31 March 2005 (31.03.2005) US

(71) Applicants (for all designated States except US): GLAX-
OSMITHKLINE BIOLOGICALS SA [BE/BE]; Rue de
l'Institute 89, B-1330 Rixensart (BE). CORIXA CORPO-
RATION [US/US]; 1124 Columbia Street, Suite 464, Seat-
tle, WA 98104 (US).

(81) Designated States (unless otherwise indicated, for every
kind of national protection available): AE, AG, AL, AM,
AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BW, BY, BZ, CA, CH, CN,
CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EC, EE, EG, ES, FI,
GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE,
KG, KM, KN, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV,
LY, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NA, NG, NI,
NO, NZ, OM, PG, PH, PL, PT, RO, RU, SC, SD, SE, SG,
SK, SL, SM, SY, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US,
UZ, VC, VN, YU, ZA, ZM, ZW.

(84) Designated States (unless otherwise indicated, for every
kind of regional protection available): ARIPO (BW, GH,
GM, KE, LS, MW, MZ, NA, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM,
ZW), Eurasian (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM),
European (AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI,
FR, GB, GR, HU, IE, IS, IT, LT, LU, LV, MC, NL, PL, PT,
RO, SE, SI, SK, TR), OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA,
GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

(72) Inventors; and

(75) Inventors/Applicants (for US only): BARTH, Brenda
[US/US]; 1124 Columbia Street, Suite 464, Seattle, WA
98104 (US). BHATIA, Ajay [IN/US]; 1124 Columbia
Street, Suite 464, Seattle, WA 98104 (US). ALDERSON,
Mark [US/US]; 1124 Columbia Street, Suite 464, Seattle,
WA 98104 (US). MAISONNEUVE, Jean-Francois, L.
[BE/US]; 1124 Columbia Street, Suite 464, Seattle, WA
98104 (US). LOBET, Yves [BE/BE]; Rue de l'Institute 89,
B-1330 Rixensart (BE). NOZAY, Florence, Bernadette
[FR/BE]; Rue de l'Institute 89, B-1330 Rixensart (BE).
MARCHAND, Martine [BE/BE]; Rue de l'Institute 89,
B-1330 Rixensart (BE). METTENS, Pascal [BE/BE];
Rue de l'Institute 89, B-1330 Rixensart (BE). SKEIKY,
Yasir, A. [CA/US]; 1124 Columbia Street, Suite 464,
Seattle, WA 98104 (US). PROBST, Peter [DE/US]; 1124
Columbia Street, Suite 464, Seattle, WA 98104 (US).

Published:

- with international search report
- before the expiration of the time limit for amending the
claims and to be republished in the event of receipt of
amendments

(88) Date of publication of the international search report:
29 March 2007

For two-letter codes and other abbreviations, refer to the "Guid-
ance Notes on Codes and Abbreviations" appearing at the begin-
ning of each regular issue of the PCT Gazette.

(54) Title: VACCINES AGAINST CHLAMYDIAL INFECTION

(57) Abstract: The present invention relates to compositions comprising proteins or polynucleotides of Chlamydia sp., in partic-
ular combinations of proteins or polynucleotides encoding them, and methods for the use of the proteins or polynucleotides in the
treatment, prevention and diagnosis of Chlamydia infection.

WO 2006/104890 A3

TRATADO DE COOPERACION DE PATENTES

PCT

De la OFICINA INTERNACIONAL

NOTIFICACION DE REGISTRO
DE UN CAMBIO(Regla 92 bis. 1 del PCT e
Instrucciones Administrativas, Sección 422)

Fecha de envío por correo (día/mes/año) 2 de Octubre de 2007 (02.10.2007)	Para: HAN, William, T. GlaxoSmithKline Corporate Intellectual Property, UW2220 709 Swedeland Road P.O. Box 1539 King of Prussia, PA 19406-0939 Estados Unidos de América
Archivo de referencia del solicitante o agente VB61508	NOTIFICACION IMPORTANTE
Solicitud Internacional No. PCT/US2006/010793	Fecha de registro internacional (día/mes/año) 24 de Marzo de 2006 (24.03.06)

1. Las siguientes indicaciones aparecieron en el registro en relación con:

☒ el solicitante ☐ el inventor ☐ el agente ☐ el representante común

Nombre y Dirección CORIXA CORPORATION 1124 Columbia Street Suite 464 Seattle, WA 98104 Estados Unidos de América	País de Nacionalidad US	País de Residencia US
	No. Teléfono	
	No. Facsímile	
	No. Teleprinter	

2. La Oficina Internacional por el presente notifica al solicitante que el siguiente cambio se ha registrado en relación con:

☐ la persona ☐ el nombre ☒ la dirección ☐ la nacionalidad ☐ la residencia

Nombre y Dirección CORIXA CORPORATION 2711 Centerville Road Wilmington, DE 19808 Estados Unidos de América	País de Nacionalidad US	País de Residencia US
	No. Teléfono	
	No. Facsímile	
	No. Teleprinter	

3. Otras observaciones, si fuese necesario:

4. Se ha enviado una copia de esta notificación a:

☒ la Oficina que recibe	☒ las Oficinas designadas relacionadas
☐ la Autoridad de Búsqueda Internacional	☐ las Oficinas seleccionadas relacionadas
☐ la Autoridad de Examen Preliminar Internacional	☐ otros:

The International Bureau of WIPO 34, chemin des Colombettes 1211 Geneva 20, Switzerland	Funcionario autorizado Ndome MAKAKE Michelle
Facsímile No.: +41 22 338 82 70	e-mail pt12.pct@wipo.int Teléfono No.: +41 22 338 74 12

From the INTERNATIONAL BUREAU

PCTNOTIFICATION OF THE RECORDING
OF A CHANGE(PCT Rule 92bis.1 and
Administrative Instructions, Section 422)

To:

HAN, William, T.
GlaxoSmithKline
Corporate Intellectual Property, UW2220
709 Swedeland Road
P.O. Box 1539
King of Prussia, PA 19406-0939
ETATS-UNIS D'AMERIQUE

Date of mailing (day/month/year) 02 October 2007 (02.10.2007)	
Applicant's or agent's file reference VB61508	IMPORTANT NOTIFICATION
International application No. PCT/US2006/010793	International filing date (day/month/year) 24 March 2006 (24.03.2006)

1. The following indications appeared on record concerning:				
☒ the applicant	☐ the inventor	☐ the agent	☐ the common representative	
Name and Address CORIXA CORPORATION 1124 Columbia Street Suite 464 Seattle, WA 98104 United States of America		State of Nationality US	State of Residence US	
		Telephone No.		
		Facsimile No.		
		Teleprinter No.		
2. The International Bureau hereby notifies the applicant that the following change has been recorded concerning:				
☐ the person	☐ the name	☒ the address	☐ the nationality	☐ the residence
Name and Address CORIXA CORPORATION 2711 Centerville Road Wilmington, DE 19808 United States of America		State of Nationality US	State of Residence US	
		Telephone No.		
		Facsimile No.		
		Teleprinter No.		
3. Further observations, if necessary:				
4. A copy of this notification has been sent to:				
☒ the receiving Office	☒ the designated Offices concerned			
☐ the International Searching Authority	☐ the elected Offices concerned			
☐ the International Preliminary Examining Authority	☐ other:			

The International Bureau of WIPO 34, chemin des Colombettes 1211 Geneva 20, Switzerland	Authorized officer Ndome MAKAKE Michelle e-mail pt12.pct@wipo.int Telephone No. +41 22 338 74 12
---	---

Facsimile No. +41 22 338 70 90

Form PCT/IB/306 (October 2005)

1/DENX5MBQ0

TRATADO DE COOPERACION DE PATENTES

De la
AUTORIDAD DE BUSQUEDA INTERNACIONAL

Para:		PCT																									
ver forma PCT/ISA/220		OPINION ESCRITA DE LA AUTORIDAD DE BUSQUEDA INTERNACIONAL (PCT Regla 43bis.1)																									
		Fecha de envío por correo (día/mes/año) ver forma PCT/ISA/210 (segunda página)																									
Registro de referencia del solicitante o agente ver forma PCT/ISA/220		PARA FUTURAS ACCIONES Ver el párrafo 2 a continuación																									
Solicitud Internacional No.	Fecha de registro internacional (día/mes/año)	Fecha de prioridad (día/mes/año)																									
PCT/US2006/010793	24.03.2006	31.03.2005																									
Clasificación Internacional de Patentes (IPC) o clasificación nacional e IPC INV. A61K39/118																											
Solicitante GLAXOSMITHKLINE BIOLOGICALS SA																											
1. Esta opinión contiene indicaciones relacionadas con los siguientes ítems: <table border="0"> <tr> <td>☒</td> <td>Casilla No. I</td> <td>Bases del Reporte</td> </tr> <tr> <td>☐</td> <td>Casilla No. II</td> <td>Prioridad</td> </tr> <tr> <td>☒</td> <td>Casilla No. III</td> <td>No establecimiento de opinión respecto a novedad, nivel inventivo y aplicabilidad Industrial.</td> </tr> <tr> <td>☒</td> <td>Casilla No. IV</td> <td>Falta de unidad de invención</td> </tr> <tr> <td>☒</td> <td>Casilla No. V</td> <td>Afirmación razonada de conformidad con la Regla 43bis.1(a)(i) con respecto a novedad, nivel inventivo o aplicabilidad industrial; citas y explicaciones que sustentan dicha afirmación.</td> </tr> <tr> <td>☐</td> <td>Casilla No. VI</td> <td>Ciertos documentos citados</td> </tr> <tr> <td>☐</td> <td>Casilla No. VII</td> <td>Ciertos defectos en la solicitud internacional</td> </tr> <tr> <td>☒</td> <td>Casilla No. VIII</td> <td>Ciertas observaciones sobre la solicitud internacional</td> </tr> </table> 2. ACCIONES FUTURAS Si se hace una demanda para examen preliminar internacional, esta opinión generalmente será considerada como una opinión escrita de la Autoridad Examinadora Preliminar ("IPEA"). Sin embargo, esto no aplica cuando el solicitante escoge una Autoridad diferente a ésta para que sea la IPEA y la IPEA escogida le ha notificado a la Oficina Internacional de conformidad con la Regla 66.1bis(b) que no se considerarán las opiniones escritas de esta Autoridad Examinadora Preliminar. Si esta opinión es, según se estipula anteriormente, considerada una opinión escrita de la IPEA, se invita al solicitante a presentar ante la IPEA una respuesta escrita junto, cuando sea apropiado, con modificaciones, antes de la fecha de expiración de tres meses desde la fecha de envío por correo de la Forma PCT/ISA/220 o antes de la fecha de expiración de 22 meses desde la fecha de prioridad, la que expire más tarde. Para opciones futuras, ver la Forma PCT/ISA/220 3. Para detalles adicionales, ver las notas a la Forma PCT/ISA/220				☒	Casilla No. I	Bases del Reporte	☐	Casilla No. II	Prioridad	☒	Casilla No. III	No establecimiento de opinión respecto a novedad, nivel inventivo y aplicabilidad Industrial.	☒	Casilla No. IV	Falta de unidad de invención	☒	Casilla No. V	Afirmación razonada de conformidad con la Regla 43bis.1(a)(i) con respecto a novedad, nivel inventivo o aplicabilidad industrial; citas y explicaciones que sustentan dicha afirmación.	☐	Casilla No. VI	Ciertos documentos citados	☐	Casilla No. VII	Ciertos defectos en la solicitud internacional	☒	Casilla No. VIII	Ciertas observaciones sobre la solicitud internacional
☒	Casilla No. I	Bases del Reporte																									
☐	Casilla No. II	Prioridad																									
☒	Casilla No. III	No establecimiento de opinión respecto a novedad, nivel inventivo y aplicabilidad Industrial.																									
☒	Casilla No. IV	Falta de unidad de invención																									
☒	Casilla No. V	Afirmación razonada de conformidad con la Regla 43bis.1(a)(i) con respecto a novedad, nivel inventivo o aplicabilidad industrial; citas y explicaciones que sustentan dicha afirmación.																									
☐	Casilla No. VI	Ciertos documentos citados																									
☐	Casilla No. VII	Ciertos defectos en la solicitud internacional																									
☒	Casilla No. VIII	Ciertas observaciones sobre la solicitud internacional																									
Nombre y dirección de correo de ISA:		Fecha de la terminación de esta opinión	Funcionario Autorizado																								
Oficina de Patentes Europea D-80298 Munich Tel. (+49-89) 2399 - 0, Tx: 523656 epmu d Fax: (+49- 89) 2399- 4465		ver forma PCT/ISA/210	Rankin, Robert																								
			Teléfono No. +49 89 2399-2659																								

Casilla No. I. Bases de la opinión

1. Respecto al **idioma**, esta opinión se ha establecido según la solicitud internacional en el idioma en el cual se presentó, a menos que se indique de otro modo bajo este ítem.
☒ la solicitud internacional en el idioma en el cual se presentó
☐ una traducción de la solicitud internacional en , la cual es el idioma de una traducción proporcionada para los propósitos de búsqueda internacional (Reglas 12.3(a) y 23.1(b)).
2. Respecto a cualquier **nucleótido y/o secuencia aminoácida** revelada en la solicitud internacional y necesaria para la invención reivindicada, esta opinión se ha establecido según:
 - a. tipo de material:
☒ un listado de secuencia
☐ tabla(s) relacionada con el listado de secuencia
 - b. formato de material:
☒ en formato escrito
☒ en formato legible por computador
 - c. tiempo de presentación/suministro:
☒ contenido en la solicitud internacional según se registró
☒ registrada junto con la solicitud internacional en formato legible por computador
☐ proporcionada subsiguientemente a esta Autoridad para la búsqueda.
3. ☐ Además, en el caso en que más de una versión o copia de un listado de secuencia y/o tabla relacionada con ello se haya registrado o proporcionado, las declaraciones requeridas de que la información en las copias subsiguientes o adicionales es idéntica a aquella en la solicitud según se presentó o no va más allá de la solicitud según se registró, según lo apropiado, fueron suministradas.
4. Comentarios adicionales:

Casilla No. III No establecimiento de opinión respecto a novedad, nivel inventivo o aplicabilidad industrial

Las preguntas de si la invención reivindicada parece ser novedosa, comprender un paso inventivo (ser no obvia) o ser aplicable industrialmente no se han examinado respecto a:

- ☐ toda la solicitud internacional,
- ☒ reivindicaciones Nos. 2, 28-54, 56-61 (completamente), 25, 27, 55, 62-68 (por razones de aplicabilidad industrial)

porque:

- ☒ dicha solicitud internacional, o dichas reivindicaciones Nos. 25, 27, 55, 62-68 (por razones de aplicabilidad industrial) se relacionan con la siguiente materia objeto que no requiere un examen preliminar internacional (*especifique*):

Ver hoja separada

- ☐ la descripción, reivindicaciones o dibujos (*indique los elementos particulares a continuación*) de dichas reivindicaciones Nos. son tan poco claros que no se podría formar una opinión significativa (*especifique*):
- ☐ las reivindicaciones, o dichas reivindicaciones Nos. son sustentadas tan inadecuadamente por la descripción que no se podría formar una opinión significativa.
- ☒ no se ha establecido ningún reporte de búsqueda internacional para toda la solicitud o para dichas reivindicaciones Nos. 2, 28-54, 56-61
- ☐ no pudo establecerse una opinión significativa sin el listado de secuencia; el solicitante, dentro del límite de tiempo prescrito, no:
 - ☐ suministró un listado de secuencias en papel para cumplir con el estándar para ello provisto en el Anexo C de las Instrucciones Administrativas, y dicho listado no estuvo disponible para la Autoridad Internacional de Examen Preliminar de forma y manera aceptable para ésta.
 - ☐ suministró un listado de secuencias en formato electrónico para cumplir en el estándar para ello provisto en el Anexo C de las Instrucciones Administrativas y tal listado no estuvo disponible para la Autoridad Internacional de Examen Preliminar de forma y manera aceptable para ésta.
 - ☐ pagó la tarifa de suministro tardío para el suministro de un listado de secuencia en respuesta a una invitación de acuerdo con las Reglas 13^{ter}.1(a) o (b).
- ☐ no pudo establecerse una opinión significativa sin las tablas relacionadas con los listados de secuencias; el solicitante, dentro del límite de tiempo prescrito, no suministró dichas tablas en formato electrónico para cumplir con los requisitos técnicos para ello provistos en el Anexo C-bis de las Instrucciones Administrativas y dichas tablas no estuvieron disponibles para la Autoridad Internacional de Examen Preliminar de forma y manera aceptable para ésta.
- ☐ las tablas relacionadas con el nucleótido y/o lista de secuencia aminoácida, si están en formato legible por computador únicamente, no cumplen con los requerimientos técnicos proporcionados en el Anexo C-bis de las Instrucciones Administrativas.
- ☐ Ver la hoja separada para más detalles.

Casilla No. IV Falta de Unidad en la invención

1. ☒ En respuesta a la invitación (Forma PCT/ISA/206) para pagar tasas adicionales, el solicitante ha:
- ☐ Pagado tasas adicionales
 - ☐ Pagado tasas adicionales bajo protesta y, si es el caso, la tasa de protesta
 - ☐ Pagado tasas adicionales bajo protesta pero la tasa de protesta que aplica no fue pagada
 - ☒ Ni pagado tasas adicionales
2. ☐ Esta Autoridad encontró que el requisito de unidad de invención no se cumple y decidió, no invitar al solicitante a pagar tasas adicionales.
3. Esta Autoridad considera que el requisito de unidad de invención de acuerdo con las Reglas 13.1, 13.2 y 13.3 es:
- ☐ Cumplido
 - ☒ No cumplido por las siguientes razones:
ver hoja separada
4. En consecuencia, este reporte ha sido establecido con respecto a las siguientes partes de la solicitud internacional:
- ☐ Todas la partes
 - ☒ Las partes que se relacionan a las reivindicaciones Nos. 1, 3-27, 55, 62-68

Casilla No. V Afirmación razonada bajo el Artículo 43bis.1 (a) (i) respecto a novedad, nivel inventivo o aplicabilidad industrial; citaciones y explicaciones que sustentan dicha afirmación

1. Afirmación

Novedad (N)	Sí: Reivindicaciones	11-16, 68
	No: Reivindicaciones	1, 3-10, 17-27, 55, 62-67
Nivel inventivo (IS)	Si: Reivindicaciones	
	No: Reivindicaciones	1, 3-27, 55, 62-68
Aplicabilidad industrial (IA)	Si: Reivindicaciones	1, 3-26
	No: Reivindicaciones	

2. Citaciones y explicaciones

ver hoja separada

Casilla No. VIII Ciertas observaciones sobre la solicitud internacional

Los siguientes observaciones sobre la claridad de las reivindicaciones, descripción, y los dibujos o acerca de las preguntas cuando las reivindicaciones están totalmente soportadas en la descripción, se hacen:

ver hoja separada

Re Item III.

Las reivindicaciones 25-27, 55, 62-68 se relacionan con la materia objeto que esta Autoridad considera que está cubierta por las disposiciones de la Regla 67.1(iv) del PCT. Por consiguiente, no se formulará ninguna opinión respecto a la aplicabilidad industrial de la materia objeto de estas reivindicaciones (Artículo 34(4)(a)(I) del PCT).

Re Item IV.

Las invenciones separadas son identificadas así:

1. Reivindicaciones: 1, 3-27, 55, 62-68 (parcialmente)
Composiciones que comprenden Swib y métodos para usarlas.
2. Reivindicaciones: 1-68 (parcialmente)
Composiciones que comprenden Momp y métodos para usarlas.
3. Reivindicaciones: 1, 3-68 (parcialmente)
Composiciones que comprenden Ct-858 y métodos para usarlas.
4. Reivindicaciones: 1, 3-27, 55, 62-68 (parcialmente)
Composiciones que comprenden Ct-858 y métodos para usarlas.
5. Reivindicaciones: 1-68 (parcialmente)
Composiciones que comprenden Ct-622 y métodos para usarlas.
6. Reivindicaciones: 1, 3-68 (parcialmente)
Composiciones que comprenden Ct-089 y métodos para usarlas.
7. Reivindicaciones: 1, 3-27, 55, 62-68 (parcialmente)
Composiciones que comprenden PmpGpd y métodos para usarlas.
8. Reivindicaciones: 1, 3-27, 55, 62-68 (parcialmente)
Composiciones que comprenden PmpDpd y métodos para usarlas.

Estas invenciones separadas no están tan unidas como para formar un solo concepto inventivo general

(Regla 13.1 PCT) por las siguientes razones:

El problema que hay que solucionar por medio de la presente solicitud es el suministro de una vacuna contra la Clamidia.

El solicitante propone solucionar este problema proporcionando composiciones inmunogénicas que comprenden dos o más proteínas de Clamidia o fragmentos inmunogénicos de la misma o polinucleótidos que las codifican.

La técnica anterior revela lo siguiente:

Lu et al (Journal of Immunology, 2002) revela vacunas que contienen cuerpos elementales de Clamidia que por lo tanto contienen varios antígenos (ver resumen). Los documentos US6555115, WO02062380 y US2005/0065106 revelan composiciones de vacunas de Clamidia que contienen diferentes combinaciones de antígenos.

En vista de la técnica anterior, el problema que la presente solicitud soluciona puede definirse como el suministro de composiciones inmunogénicas alternativas para inmunizar contra la Clamidia. El solicitante proporciona ocho soluciones diferentes a este problema que se enumeran a continuación.

La ISA por lo tanto tiene la opinión de que no hay un solo concepto inventivo implícito en la pluralidad de invenciones reivindicadas en el sentido de la Regla 13.1 del PCT. Además, no hay características estructurales y funcionales comunes a los antígenos mencionados anteriormente.

Por consiguiente, hay una falta de unidad y las diferentes invenciones, que no pertenecen a un concepto inventivo común son formuladas como los diferentes sujetos en la comunicación según el Artículo 17(3)(a) PCT.

Únicamente la primera invención ha sido buscada y por consiguiente únicamente la primera invención será examinada.

Re Item V.

Para la evaluación de las presentes reivindicaciones 25-27, 55, 62-68 respecto a la pregunta de si son

aplicables industrialmente, no existen criterios unificados dentro de los Estados Contratantes del PCT. La patentabilidad también puede depender de la formulación de las reivindicaciones. La EPO, por ejemplo, no reconoce como aplicable industrialmente la materia objeto de las reivindicaciones en cuanto al uso de un compuesto en el tratamiento médico, pero puede permitir, sin embargo, el uso de dicho compuesto para la fabricación de un medicamento para un nuevo tratamiento médico.

Documentos Citados

Se hace referencia a los siguientes documentos:

- D1: LU HANG ET AL: "GM-CSF transgene-based adjuvant allows the establishment of protective mucosal immunity following vaccination with inactivated *Chlamydia trachomatis*." JOURNAL OF IMMUNOLOGY (BALTIMORE, MD. : 1950) 1 DEC 2002, vol. 169, no. 11, 1 de diciembre de 2002 (2002-12-01), páginas 6324-6331, XP002399132 ISSN: 0022-1767
- D2: WO 96/31236 A (SMITHKLINE BEECHAM BIOLOGICALS S.A.; PRIEELS, JEAN-PAUL; SLAOUI, MONCEF) 10 de octubre de 1996 (1996-10-10)
- D3: US-B1-6 555 (PROBST PETER ET AL) 29 de abril de 2003 (2003-04-29)
- D4: WO 02/062380 A (SMITHKLINE BEECHAM BIOLOGICALS S.A.; BERTHET, FRANCOIS-XAVIER JACQUES) 15 de agosto de 2002 (2002-08-15)
- D5: US 2005/065106 A1 (MURDIN ANDREW D ET AL) 24 de marzo 2005 (2005-03-24)

Artículo 34(4)(a)(I) del PCT

La materia objeto de las reivindicaciones 1, 3-10, 17-27 y 55, 62-67 no es novedosa respecto a la técnica anterior (Artículo 33(2) PCT).

El documento D1 revela la inmunización de ratones con todos los cuerpos elementales *Chlamidia trachomatis* y determinación subsiguiente de respuestas inmunes generadas usando el mismo antígeno en una ELISA. Las respuestas inmunes contra el antígeno pueden mejorarse por administración simultánea de GMCSF. Como consecuencia de ello, la materia objeto de las reivindicaciones 1, 3-10, 17-27, 55 y 62-67 no son novedosa respecto a este documento (Artículo 33(2) PCT).

La materia objeto de las reivindicaciones 11-16 y 68 es novedosa respecto a la técnica anterior.

Artículo 33(3) PCT

La materia objeto de las reivindicaciones 11-16 y 68 no es inventiva (Artículo 33(3) PCT).

La persona versada consideraría obvio usar sangre completa en un ensayo para determinar inmunidad previa a un patógeno, por lo tanto la materia objeto de la reivindicación 68 no es inventiva. Similarmente, la persona versada consideraría obvio usar adyuvantes con base en 3D-MPL y QS21 en vacunas contra la Clamidia (ver D2 resumen & reivindicaciones) y por lo tanto la materia objeto de las reivindicaciones 13-15 no se considera inventiva. El uso de las proteínas de fusión también es una práctica estándar en la producción de vacunas y por lo tanto la materia objeto de la reivindicación 16 no se considera inventiva (Artículo 33(3) PCT).

Re Item VIII

Las reivindicaciones 1, 16-21 y 55 se refieren al uso del término "fragmentos". Este término no sustenta el alcance de la descripción, en contravención del Artículo 6 PCT.

PATENT COOPERATION TREATY

From the
INTERNATIONAL SEARCHING AUTHORITY

PCT

WRITTEN OPINION OF THE
INTERNATIONAL SEARCHING AUTHORITY
(PCT Rule 43bis.1)

To:

see form PCT/ISA/220

Date of mailing
(day/month/year) see form PCT/ISA/210 (second sheet)

Applicant's or agent's file reference
see form PCT/ISA/220

FOR FURTHER ACTION
See paragraph 2 below

International application No. PCTUS2006/010793	International filing date (day/month/year) 24.03.2006	Priority date (day/month/year) 31.03.2005
---	--	--

International Patent Classification (IPC) or both national classification and IPC
INV. A61K39/118

Applicant
GLAXOSMITHKLINE BIOLOGICALS SA

1. This opinion contains indications relating to the following items:

- ☒ Box No. I Basis of the opinion
- ☐ Box No. II Priority
- ☒ Box No. III Non-establishment of opinion with regard to novelty, inventive step and industrial applicability
- ☒ Box No. IV Lack of unity of invention
- ☒ Box No. V Reasoned statement under Rule 43bis.1(a)(i) with regard to novelty, inventive step or industrial applicability; citations and explanations supporting such statement
- ☐ Box No. VI Certain documents cited
- ☐ Box No. VII Certain defects in the international application
- ☒ Box No. VIII Certain observations on the international application

2. FURTHER ACTION

If a demand for international preliminary examination is made, this opinion will usually be considered to be a written opinion of the International Preliminary Examining Authority ("IPEA") except that this does not apply where the applicant chooses an Authority other than this one to be the IPEA and the chosen IPEA has notified the International Bureau under Rule 66.1bis(b) that written opinions of this International Searching Authority will not be so considered.

If this opinion is, as provided above, considered to be a written opinion of the IPEA, the applicant is invited to submit to the IPEA a written reply together, where appropriate, with amendments, before the expiration of 3 months from the date of mailing of Form PCT/ISA/220 or before the expiration of 22 months from the priority date, whichever expires later.

For further options, see Form PCT/ISA/220.

3. For further details, see notes to Form PCT/ISA/220.

Name and mailing address of the ISA:  European Patent Office D-80298 Munich Tel. +49 89 2399 - 0 Tx: 523656 epmu d Fax: +49 89 2399 - 4465	Date of completion of this opinion see form PCT/ISA/210	Authorized Officer Rankin, Robert Telephone No. +49 89 2399-2659
--	--	--



**WRITTEN OPINION OF THE
INTERNATIONAL SEARCHING AUTHORITY**

International application No.
PCT/US2006/010793

Box No. I Basis of the opinion

1. With regard to the **language**, this opinion has been established on the basis of:
 - ☒ the international application in the language in which it was filed
 - ☐ a translation of the international application into , which is the language of a translation furnished for the purposes of international search (Rules 12.3(a) and 23.1 (b)).
2. With regard to any **nucleotide and/or amino acid sequence** disclosed in the international application and necessary to the claimed invention, this opinion has been established on the basis of:
 - a. type of material:
 - ☒ a sequence listing
 - ☐ table(s) related to the sequence listing
 - b. format of material:
 - ☒ on paper
 - ☒ in electronic form
 - c. time of filing/furnishing:
 - ☒ contained in the international application as filed.
 - ☒ filed together with the international application in electronic form.
 - ☐ furnished subsequently to this Authority for the purposes of search.
3. ☐ In addition, in the case that more than one version or copy of a sequence listing and/or table relating thereto has been filed or furnished, the required statements that the information in the subsequent or additional copies is identical to that in the application as filed or does not go beyond the application as filed, as appropriate, were furnished.
4. Additional comments:

**WRITTEN OPINION OF THE
INTERNATIONAL SEARCHING AUTHORITY**

International application No.
PCT/US2006/010793

Box No. III Non-establishment of opinion with regard to novelty, inventive step and industrial applicability

The questions whether the claimed invention appears to be novel, to involve an inventive step (to be non obvious), or to be industrially applicable have not been examined in respect of

- ☐ the entire international application
- ☒ claims Nos. 2, 28-54, 56-61 (completely), 25, 27, 55, 62-68 (for reasons of industrial applicability)

because:

- ☒ the said international application, or the said claims Nos. 25, 27, 55, 62-68 (for reasons of industrial applicability) relate to the following subject matter which does not require an international search (*specify*):

see separate sheet

- ☐ the description, claims or drawings (*indicate particular elements below*) or said claims Nos. are so unclear that no meaningful opinion could be formed (*specify*):
- ☐ the claims, or said claims Nos. are so inadequately supported by the description that no meaningful opinion could be formed (*specify*):
- ☒ no international search report has been established for the whole application or for said claims Nos. 2, 28-54, 56-61
- ☐ a meaningful opinion could not be formed without the sequence listing; the applicant did not, within the prescribed time limit:
- ☐ furnish a sequence listing on paper complying with the standard provided for in Annex C of the Administrative Instructions, and such listing was not available to the International Searching Authority in a form and manner acceptable to it.
- ☐ furnish a sequence listing in electronic form complying with the standard provided for in Annex C of the Administrative Instructions, and such listing was not available to the International Searching Authority in a form and manner acceptable to it.
- ☐ pay the required late furnishing fee for the furnishing of a sequence listing in response to an invitation under Rules 13 *ter*.1(a) or (b).
- ☐ a meaningful opinion could not be formed without the tables related to the sequence listings; the applicant did not, within the prescribed time limit, furnish such tables in electronic form complying with the technical requirements provided for in Annex C-*bis* of the Administrative Instructions, and such tables were not available to the International Searching Authority in a form and manner acceptable to it.
- ☐ the tables related to the nucleotide and/or amino acid sequence listing, if in electronic form only, do not comply with the technical requirements provided for in Annex C-*bis* of the Administrative Instructions.
- ☐ See Supplemental Box for further details

Box No. IV Lack of unity of invention

1. ☒ In response to the invitation (Form PCT/ISA/206) to pay additional fees, the applicant has, within the applicable time limit:
- ☐ paid additional fees
 - ☐ paid additional fees under protest and, where applicable, the protest fee
 - ☐ paid additional fees under protest but the applicable protest fee was not paid
 - ☒ not paid additional fees
2. ☐ This Authority found that the requirement of unity of invention is not complied with and chose not to invite the applicant to pay additional fees.
3. This Authority considers that the requirement of unity of invention in accordance with Rule 13.1, 13.2 and 13.3 is
- ☐ complied with
 - ☒ not complied with for the following reasons:
see separate sheet
4. Consequently, this report has been established in respect of the following parts of the international application:
- ☐ all parts.
 - ☒ the parts relating to claims Nos. 1, 3-27, 55, 62-68

Box No. V Reasoned statement under Rule 43bis.1(a)(i) with regard to novelty, inventive step or industrial applicability; citations and explanations supporting such statement

1. Statement

Novelty (N)	Yes: Claims	11-16, 68
	No: Claims	1, 3-10, 17-27, 55, 62-67
Inventive step (IS)	Yes: Claims	
	No: Claims	1, 3-27, 55, 62-68
Industrial applicability (IA)	Yes: Claims	1, 3-26
	No: Claims	

2. Citations and explanations

see separate sheet

Box No. VIII Certain observations on the international application

The following observations on the clarity of the claims, description, and drawings or on the question whether the claims are fully supported by the description, are made:

see separate sheet

Re Item III.

Claims 25-27, 55, 62-68 relate to subject matter considered by this Authority to be covered by the provisions of Rule 67.1(iv) PCT. Consequently, no opinion will be formulated with respect to the industrial applicability of the subject matter of these claims (Article 34(4)(a)(i) PCT)

Re Item IV.

The separate inventions are identified as follows:

1. Claims 1, 3-27, 55, 62-68 (partially)
Compositions comprising Swib and methods of using them.
2. Claims 1-68 (partially)
Compositions comprising Momp and method of using them
3. Claims 1, 3-68 (partially)
Compositions comprising Ct-858 and methods of using them.
4. Claims 1, 3-27, 55, 62-68 (partially)
Compositions comprising Ct-875 and methods of using them.
5. Claims 1-68 (partially)
Compositions comprising Ct-622 and methods of using them.
6. Claims 1, 3-68 (partially)
Compositions comprising Ct-089 and methods of using them.
7. Claims 1, 3-27, 55, 62-68 (partially)
Compositions comprising PmpGpd and methods of using them.
8. Claims 1, 3-27, 55, 62-68 (partially)
Compositions comprising PmpDpd and methods of using them.

These separate inventions are not so linked as to form a single general inventive concept

(Rule 13.1 PCT) for the following reasons:

The problem to be solved by the present application is the provision of a vaccine against Chlamidia.

The applicant proposes to solve this problem by providing immunogenic compositions comprising two or more Chlamidia proteins or immunogenic fragments thereof or polynucleotides encoding them.

The prior art discloses the following:

Lu et al (Journal of Immunology, 2002) disclose vaccines containing Chlamydia elementary bodies which therefore contain several antigens (see abstract). Documents US6555115, WO02062380, and US2005/0065106 disclose combinations of Chlamydia vaccines containing different antigen combinations

In view of the prior art, the problem solved by the present application can be defined as the provision of alternate immunogenic compositions for immunising against Chlamidia. The applicant provides eight different solutions to this problem which are listed above.

The ISA is therefore of the opinion that there is no single inventive concept underlying the plurality of claimed inventions in the sense of Rule 13.1 PCT. Furthermore, there are no structural and functional features common to the antigens mentioned above.

Consequently there is a lack of unity and the different inventions, not belonging to a common inventive concept are formulated as the different subjects in the communication pursuant to Article 17(3)(a) PCT.

Only the first invention has been searched and consequently only the first invention shall be examined.

Re Item V.

For the assessment of the present claims 25-27, 55, 62-68 on the question whether they

are industrially applicable, no unified criteria exist within the PCT Contracting States. The patentability can also be dependent upon the formulation of the claims. The EPO, for example, does not recognise as industrially applicable the subject matter of claims to the use of a compound in medical treatment, but may allow, however, the use of such a compound for the manufacture of a medicament for a new medical treatment.

Cited Documents

Reference is made to the following documents:

- D1: LU HANG ET AL: "GM-CSF transgene-based adjuvant allows the establishment of protective mucosal immunity following vaccination with inactivated *Chlamydia trachomatis*." JOURNAL OF IMMUNOLOGY (BALTIMORE, MD. : 1950) 1 DEC 2002, vol. 169, no. 11, 1 December 2002 (2002-12-01), pages 6324-6331, XP002399132 ISSN: 0022-1767
- D2: WO 96/31236 A (SMITHKLINE BEECHAM BIOLOGICALS S.A; PRIEELS, JEAN-PAUL; SLAOUI, MONCEF) 10 October 1996 (1996-10-10)
- D3: US-B1-6 555 115 (PROBST PETER ET AL) 29 April 2003 (2003-04-29)
- D4: WO 02/062380 A (SMITHKLINE BEECHAM BIOLOGICALS S.A; BERTHET, FRANCOIS-XAVIER JACQUES;) 15 August 2002 (2002-08-15)
- D5: US 2005/065106 A1 (MURDIN ANDREW D ET AL) 24 March 2005 (2005-03-24)

Article 33(2) PCT

The subject matter of claims 1, 3-10, 17-27 and 55, 62-67 is not novel with regard to the prior art (Article 33(2) PCT).

Document D1 discloses the immunisation of mice with whole *Chlamydia trachomatis* elementary bodies and subsequent determination of immune responses generated using the same antigen in an ELISA. Immune responses against the antigen may be enhanced by simultaneous administration of GMCSF. As a consequence thereof, the subject matter of claims 1, 3-10, 17-27, 55 and 62-67 are not novel with regard to this document (Article 33(2) PCT).

The subject matter of claims 11-16 and 68 are novel with regard to the prior art.

Article 33(3) PCT

The subject matter of claims 11-16 and 68 is not inventive (Article 33(3) PCT).

The skilled person would view it as obvious to use whole blood in an assay to determine prior immunity to a pathogen, hence the subject matter of claim 68 is not inventive. Likewise, the skilled person would view it as obvious to use adjuvants based on 3D-MPL and QS21 in vaccines against Chlamydia (see D2 abstract & claims) and thus the subject matter of claims 13-15 is not considered inventive. The use of fusion proteins is also standard practice in the production of vaccines and therefore the subject matter of claim 16 is not considered inventive (Article 33(3) PCT).

Re Item VIII

Claims 1, 16-21 and 55 refer to use the term "fragments". This term is not supported escrows its scope by the description, in contravention of Article 6 PCT.

VACUNAS CONTRA INFECCIÓN POR *CHLAMYDIA*

RESUMEN-OBJETO Y FINALIDAD DE LA INVENCION

5

La presente invención se refiere a composiciones que comprenden proteínas o polinucleótidos de *Chlamydia sp.*, en particular a combinaciones de proteínas o polinucleótidos que los codifican, y a métodos para el uso de las proteínas o polinucleótidos en el tratamiento, la prevención, y el diagnóstico de infección por *Chlamydia*.

* * * * *

15

20

25

VACUNAS CONTRA INFECCIÓN POR *CHLAMYDIA*

CAMPO DE LA INVENCIÓN

La presente invención se refiere en general al tratamiento o a
5 la prevención de infección por *Chlamydia*. En particular, la invención
se refiere a composiciones de polipéptidos que comprenden un
antígeno de *Chlamydia* y combinaciones del mismo, y a
composiciones de polinucleótidos que codifican un antígeno de
10 *Chlamydia* y combinaciones del mismo, y al uso de estas
composiciones para el tratamiento profiláctico o terapéutico de
infección por *Chlamydia*.

ANTECEDENTES DE LA INVENCIÓN

Las *Chlamydiae* son los patógenos bacterianos intracelulares
que son responsables de una amplia variedad de infecciones
15 humanas y animales importantes. *Chlamydia trachomatis* se
transmite entre los seres humanos a través del contacto social o
sexual. Existen un número de serotipos de *Chlamydia trachomatis*, y,
aunque continúa evolucionando la identificación y clasificación de los
serotipos, se han reportado cuando menos 18 hasta la fecha. Los
20 serotipos A a C están primordialmente asociados con tracoma ocular,
los serotipos D a K con enfermedad oculogenital, y los serotipos L1 a
L3 con linfogranuloma venéreo (LGV) (Brunham, R. C. y
colaboradores, *J. Nat. Rev. Immunol.* 20055:149-161).

Chlamydia trachomatis es una de las causas más comunes de
25 las enfermedades sexualmente transmitidas, y puede conducir a

enfermedad inflamatoria pélvica (PID), dando como resultado obstrucción tubal e infertilidad. *Chlamydia trachomatis* también puede tener un papel en la infertilidad masculina. En 1990, se estimó que el costo de tratar la enfermedad inflamatoria pélvica en los
5 Estados Unidos fue de \$4 miles de millones de dólares. La Organización Mundial de la Salud estimó que en 1999, se presentaron más de 90 millones de casos nuevos de *Chlamydia trachomatis* sexualmente transmitida en todo el mundo (Global Prevalence and Incidence of Selected Curable Sexually Transmitted
10 Infections, Organización Mundial de la Salud, Ginebra, 2001). Adicionalmente, las enfermedades ulcerativas sexualmente transmitidas, tales como la infección por *Chlamydia trachomatis*, son un importante factor de riesgo para la adquisición de VIH (Brunham, R. C. y colaboradores, *J. Nat. Rev. Immunol.* 2005 5:149-161; Igiertseme, J. U. y colaboradores, *Expert Rev. Vaccines* 2003
15 2(1):129-146).

El tracoma, debido a la infección ocular con *Chlamydia trachomatis*, es la principal causa de ceguera que se puede prevenir en todo el mundo, y se estima que afecta a 300 a 500 millones de
20 personas (West, S. K. *Prog. Ret. Eye Res.* 2004 23:381-401). El tratamiento actual involucra el uso de antibióticos, tales como tetraciclina (diariamente durante un período de 4 a 6 semanas) o azitromicina (una sola dosis). Aunque es efectivo para combatir la infección, en general se presenta una re-infección debido a la
25 naturaleza endémica de la infección. La infección repetida durante

muchos años conduce a formación de tejido fibroso en el párpado, distorsión del margen del párpado, y frotamiento de las pestañas del ojo contra la córnea (triquiasis). El trauma constante a la córnea es tanto doloroso como conduce a opacidad de la córnea y ceguera
5 (Mabey, D. C. W. y colaboradores, *The Lancet* 2003 362:223-229)

Chlamydia pneumoniae es una importante causa de las infecciones agudas del tracto respiratorio en los seres humanos, y también se cree que tiene un papel en la patogénesis de la aterosclerosis, y en particular, en la enfermedad cardíaca
10 coronaria. Se ha demostrado que los individuos con una alta titulación de anticuerpos para *Chlamydia pneumoniae* tienen el doble de probabilidades de sufrir de enfermedad cardíaca coronaria que los individuos seronegativos.

Con frecuencia, la infección por *Chlamydia* es asintomática y
15 subclínica, de tal manera que se pueden presentar complicaciones severas y con frecuencia irreversibles como los primeros síntomas de la infección genital. Los bebés nacidos de una madre con una infección por *Chlamydia* genital pueden desarrollar neumonía, y se considera que la *Chlamydia trachomatis* es el agente causativo más
20 común de neumonía durante los primeros seis meses de vida (de la Maza, L. M. y colaboradores, *Curr. Opin. Investig. Drugs* 2002 3(7):980-986).

Por consiguiente, las infecciones por *Chlamydia* constituyen un problema de salud significativo, tanto en los países desarrollados
25 como en desarrollo. A la luz de las preocupaciones por la salud

pública, y al hecho de que el costo de los tratamientos actuales es excesivo en muchos países en desarrollo, el desarrollo de vacunas para las especies de *Chlamydia* ha sido un objetivo de investigación importante. Debido a que la formación genómica de *Chlamydia*
5 *trachomatis* es relativamente estable, y debido a que la presencia de depósitos animales es negligible, inclusive las vacunas con una eficacia limitada pueden tener un impacto significativo sobre la prevalencia de las infecciones.

Por consiguiente, sigue existiendo una necesidad en la técnica
10 de mejores vacunas y composiciones farmacéuticas para la prevención y el tratamiento de infecciones por *Chlamydia*. También sigue existiendo una necesidad en la técnica de vacunas multivalentes para la prevención y el tratamiento de infecciones por *Chlamydia trachomatis* que sean efectivas contra un rango de
15 serotipos. La presente invención satisface estas necesidades, y además proporciona otras ventajas relacionadas.

BREVE DESCRIPCIÓN DE LA INVENCIÓN

La presente invención se refiere a composiciones que comprenden antígenos de patógenos bacterianos de *Chlamydia*.
20 Estos patógenos bacterianos incluyen *Chlamydia trachomatis*, *Chlamydia psittaci*, *Chlamydia pneumonia*, y *Chlamydia muridarum*. Los antígenos de *Chlamydia* pueden derivarse a partir de cualquier número de serotipos dentro de una especie de *Chlamydia*.

Se debe observar que la *Chlamydia muridarum* previamente se
25 conocía como la cepa de neumonitis de ratón de *Chlamydia*

trachomatis (MoPn), y ambos nombres todavía están en uso común, aunque se refieren a la misma bacteria. Para mayor consistencia, en la presente solamente se utiliza el nombre de *Chlamydia muridarum*.

La presente invención se basa, en parte, en el descubrimiento de los inventores de que los polipéptidos de *Chlamydia* poseen propiedades inmunogénicas y antigénicas, y pueden ofrecer protección contra la infección por *Chlamydia* cuando se administran como vacunas profilácticas. Se puede ver algún nivel de reactividad cruzada entre los antígenos de diferentes serotipos y especies, y por consiguiente, se predice que los antígenos de *Chlamydia* proporcionarán una respuesta inmune protectora contra una especie o serotipo diferente de aquélla a partir de la cual se obtenga el antígeno.

De una manera más específica, los inventores han descubierto que ciertas combinaciones de polipéptidos de *Chlamydia* proporcionan una buena respuesta inmune. Se ha demostrado que ciertas combinaciones de polipéptidos de *Chlamydia* proporcionan protección contra la infección por *Chlamydia* en modelos de ratón.

En una modalidad específica, los polipéptidos de *Chlamydia* aislados o purificados de la invención se pueden formular como composiciones farmacéuticas para su administración a un sujeto en la prevención y/o el tratamiento de infección por *Chlamydia*. La inmunogenicidad de la composición de proteína se puede mejorar mediante la inclusión de un adyuvante.

En una modalidad específica, los polipéptidos de *Chlamydia*

aislados o purificados se administran como combinaciones de antígenos individuales, opcionalmente en combinación con un adyuvante. De una manera alternativa, los polipéptidos de *Chlamydia* se administran en la forma de una proteína de fusión, opcionalmente en combinación con un adyuvante.

En otro aspecto de la invención, se utilizan polinucleótidos aislados o purificados para producir antígenos de polipéptidos recombinantes *in vitro*. De una manera alternativa, los polinucleótidos se pueden administrar a un sujeto como vacunas de polinucleótidos para provocar la expresión del antígeno en el sujeto, y la subsiguiente inducción de una respuesta inmune anti-*Chlamydia*.

En un aspecto adicional de la invención, ciertas combinaciones de polipéptidos de *Chlamydia* de acuerdo con la presente invención, fragmentos inmunogénicos de los mismos, o polinucleótidos que los codifican, que se derivan a partir de un primer serotipo de *Chlamydia trachomatis*, se pueden administrar a un sujeto para el tratamiento o la prevención de infección por *Chlamydia* a partir de un segundo serotipo de *Chlamydia trachomatis*.

También es un objeto de la invención que se utilicen los polipéptidos en ensayos *in vitro* para detectar anticuerpos humorales o inmunidad mediada por células contra *Chlamydia* para el diagnóstico de la infección o el monitoreo del progreso de la enfermedad. De una manera alternativa, los polipéptidos se pueden utilizar como inmunógenos para generar anticuerpos anti-*Chlamydia* en un animal no humano. Los anticuerpos se pueden utilizar para

detectar los antígenos objetivo *in vivo* e *in vitro*.

BREVE DESCRIPCIÓN DE LAS FIGURAS

La Figura 1 muestra los datos de dispersión bacteriana en el Día 7 en ratones Balb/c, que representan los datos de tres experimentos en donde se inmunizaron grupos de cinco ratones Balb/c con las combinaciones indicadas de antígenos en AS01B. La gráfica representa datos de tres experimentos en donde se inmunizaron grupos de cinco ratones Balb/c con la combinación indicada de antígenos en el adyuvante AS01B. UVEB del serotipo E formulado con AS01B sirvió como un control positivo de protección, y se utilizaron ratones falsamente inmunizados con AS01B como el control positivo de la infección. Los ratones tratados con progesterona se estimularon con una dosis intra-vaginal de 5×10^5 IFU del serotipo K. La dispersión bacteriana se cuantificó tomando absorciones en el Día 7 después de la infección, y determinando la IFU utilizando células McCoy. Se reservaron los datos de un experimento respaldo con respaldo.

La Figura 2 muestra la dispersión de *Chlamydia* en LGT, y el estímulo posterior de carga de *Chlamydia* con *Chlamydia trachomatis* serotipo K en el UGT de ratones Balb/c inmunizados con combinaciones de antígenos. Las gráficas representan los datos de los experimentos respaldo con respaldo, en donde se inmunizaron grupos de 8 ratones Balb/c con la combinación indicada de antígenos en el adyuvante AS01B. El UVEB del serotipo E formulado con AS01B sirvió como un control positivo de protección, y se utilizaron

ratones falsamente inmunizados con AS01B como el control de la infección. Los ratones tratados con progesterona se estimularon con una dosis intra-vaginal de 5×10^5 IFU del serotipo K. La dispersión bacteriana se cuantificó tomando absorciones en el Día 7 después del estímulo, y determinando las IFU utilizando células McCoy. Los ratones se sacrificaron 10 días después de la infección para determinar la carga de *Chlamydia* en el tracto genital superior mediante la homogeneización de la mitad del tracto genital superior, y determinando las IFU utilizando células McCoy. Se debe observar que el límite de detección fue de 10 con respecto a las dos gráficas anteriores.

La Figura 3 muestra los datos de dispersión bacteriana en el Día 7 en ratones C57Bl/6 inmunizados con las combinaciones indicadas de antígenos en AS01B. Las gráficas representan los datos de los experimentos respaldo con respaldo, en donde se inmunizaron grupos de 8 ratones C57Bl/6 con la combinación indicada de antígenos en AS01B. El UVEB del serotipo E formulado con AS01B sirvió como un control positivo de protección, y se utilizaron ratones falsamente inmunizados con AS01B como el control de infección. Los ratones tratados con progesterona se estimularon con una dosis intra-vaginal de 5×10^5 IFU del serotipo K. La dispersión bacteriana se cuantificó tomando absorciones en el Día 7 después del estímulo, y determinando las IFU utilizando células McCoy.

La Figura 4 muestra los datos de dispersión bacteriana en el Día 7 en ratones Balb/c inmunizados con las combinaciones

indicadas de antígenos en AS01B. Las gráficas representan los datos reservados de cinco experimentos, en donde se inmunizaron grupos de 5 a 8 ratones Balb/c con la combinación indicada de antígenos en AS01B. El UVEB del serotipo E formulado con AS01B sirvió como un control positivo de protección, y se utilizaron ratones falsamente inmunizados con AS01B como el control de la infección. Los ratones tratados con progesterona se estimularon con una dosis intravaginal de 5×10^5 IFU del serotipo K. La dispersión bacteriana se cuantificó tomando absorciones en el Día 7 después del estímulo, y determinando las IFU utilizando células McCoy.

La Figura 5 muestra los datos de dispersión bacteriana en el Día 7 en ratones C57Bl/6 inmunizados con las combinaciones indicadas de antígenos en AS01B. Las gráficas representan los datos reservados de tres experimentos en donde se inmunizaron grupos de 5 a 8 ratones C57Bl/6 con la combinación indicada de antígenos en AS01B. El UVEB del serotipo E formulado con AS01B sirvió como un control positivo de protección, y se utilizaron ratones falsamente inmunizados con AS01B como el control de la infección. Los ratones tratados con progesterona se estimularon con una dosis intra-vaginal de 5×10^5 IFU del serotipo K. La dispersión bacteriana se cuantificó tomando absorciones en el Día 7 después del estímulo, y determinando las IFU utilizando células McCoy.

La Figura 6 muestra la alineación de secuencias para Ct-089 de *Chlamydia trachomatis* serotipo E, con Ct-089 de un rango de otros serotipos de *Chlamydia trachomatis*.

Las Figuras 7a y 7b muestran la alineación de secuencias para Ct-858 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo E, con Ct-858 de un rango de otros serotipos de *Chlamydia trachomatis*.

Las Figuras 8a y 8b muestran la alineación de secuencias para
5 Ct-875 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo E, con Ct-875 de un rango de otros serotipos de *Chlamydia trachomatis*.

La Figura 9 muestra los resultados de una comparación de identidades de secuencias de aminoácidos de Ct-089 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo E, con Ct-089 de un rango de otros serotipos
10 de *Chlamydia trachomatis*.

La Figura 10 muestra los resultados de una comparación de identidades de secuencias de aminoácidos de Ct-858 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo E, con Ct-858 de un rango de otros serotipos de *Chlamydia trachomatis*.

15 La Figura 11 muestra los resultados de una comparación de identidades de secuencias de aminoácidos de Ct-875 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo E, con Ct-875 de un rango de otros serotipos de *Chlamydia trachomatis*.

La Figura 12 muestra la alineación de secuencias para Ct-089
20 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo E, con proteínas equivalentes de otros serotipos de *Chlamydia trachomatis* y especies de *Chlamydia*.

La Figura 13 muestra la alineación de secuencias para Ct-858 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo E, con proteínas equivalentes de otros serotipos de *Chlamydia trachomatis* y especies de *Chlamydia*.

25 La Figura 14 muestra la alineación de secuencias para Ct-875

de *Chlamydia trachomatis*, serotipo E, con proteínas equivalentes de otros serotipos de *Chlamydia trachomatis* y especies de *Chlamydia*.

La Figura 15 muestra los resultados de la absorción tomada de ratones inmunizados con Ct-089, Ct-858, y Ct-875 del serotipo E de *Chlamydia trachomatis*, 4 días después del estímulo con *Chlamydia trachomatis*, serotipos D, K, ó J. Los UVEB en cada caso se derivan del mismo serotipo utilizado para el estímulo (es decir, J, D, y K, respectivamente). Ambos UVEB y el tratamiento de combinación se llevan a cabo en la presencia del adyuvante (es decir, AS01B).

La Figura 16 muestra los resultados de la absorción tomada de los ratones inmunizados con Ct-089, Ct-858, y Ct-875 del serotipo E de *Chlamydia trachomatis*, 7 días después del estímulo con *Chlamydia trachomatis*, serotipos D, K, ó J. Los UVEB en cada caso se derivan a partir del mismo serotipo utilizado para el estímulo (es decir, J, D, y K, respectivamente). Ambos UVEB y el tratamiento de combinación se llevan a cabo en la presencia del adyuvante (es decir, AS01B).

La Figura 17 muestra la colonización del tracto genital superior de los ratones inmunizados con Ct-089, Ct-858, y Ct-875 del serotipo E de *Chlamydia trachomatis*, 10 días después del estímulo con *Chlamydia trachomatis*, serotipos D, K, ó J. Los UVEB en cada caso se derivan a partir del mismo serotipo utilizado para el estímulo (es decir, J, D, y K, respectivamente). Ambos UVEB y el tratamiento de combinación se llevan a cabo en la presencia del adyuvante (es decir, AS01B).

La Figura 18 muestra los resultados de la absorción tomada de los ratones inmunizados con Ct-089, Ct-858, y Ct-875 del serotipo E de *Chlamydia trachomatis*, 4 días después del estímulo con *Chlamydia trachomatis*, serotipos K ó J. Los UVEB en cada caso se derivan a partir del mismo serotipo utilizado para el estímulo (es decir, J y K, respectivamente). Ambos UVEB y el tratamiento de combinación se llevan a cabo en la presencia del adyuvante (es decir, AS01B).

La Figura 19 muestra los resultados de la absorción tomada de los ratones inmunizados con Ct-089, Ct-858, y Ct-875 del serotipo E de *Chlamydia trachomatis*, 7 días después del estímulo con *Chlamydia trachomatis*, serotipos K ó J. Los UVEB en cada caso se derivan a partir del mismo serotipo utilizado para el estímulo (es decir, J y K, respectivamente). Ambos UVEB y el tratamiento de combinación se llevan a cabo en la presencia del adyuvante (es decir, AS01B).

La Figura 20 muestra la colonización del tracto genital superior de los ratones inmunizados con Ct-089, Ct-858, y Ct-875 del serotipo E de *Chlamydia trachomatis*, 10 días después del estímulo con *Chlamydia trachomatis*, serotipos K ó J. Los UVEB en cada caso se derivan a partir del mismo serotipo utilizado para el estímulo (es decir, J y K, respectivamente). Ambos UVEB y el tratamiento de combinación se llevan a cabo en la presencia del adyuvante (es decir, AS01B).

La Figura 21 muestra la proporción de respondentes de CD4

(para un corte de la señal a ruido S/N de cuando menos 2:1) al estímulo con un rango de antígenos para un número de grupos de sujetos seropositivos.

La Figura 22 muestra la proporción de respondentes de CD4 (para un corte de la señal a ruido de cuando menos 3:1) al estímulo con un rango de antígenos para un número de grupos de sujetos seropositivos.

La Figura 23 muestra la proporción de respondentes de CD4 (para un corte de la señal a ruido de cuando menos 2:1) al estímulo con un rango de antígenos y combinaciones de los mismos para un número de grupos de sujetos seropositivos.

DESCRIPCIÓN DE LAS MODALIDADES ESPECÍFICAS

La presente invención se refiere a composiciones que comprenden combinaciones de antígenos útiles para el diagnóstico, la prevención, y el tratamiento de infección por *Chlamydia*, a polinucleótidos que codifican estos antígenos, y a métodos para su uso. Los antígenos de la presente invención son polipéptidos, de antígenos de *Chlamydia* y fragmentos inmunogénicos de los mismos.

En particular, las composiciones de la presente invención pueden comprender una combinación de dos o más proteínas de *Chlamydia* o fragmentos inmunogénicos de las mismas. Estas proteínas se pueden seleccionar a partir de Swib (también conocida como Ct-460), Momp (proteína de membrana externa mayor, también conocida como Ct-681), Ct-858, Ct-875, Ct-622, Ct-089 (también conocidas como CopN), dominio de pasajero de PmpG (PmpGpd,

también conocida como Ct-871), y dominio de pasajero de PmpD (PmpDpd, también conocida como Ct-812).

Por ejemplo, la composición de la presente invención puede comprender Ct-089 y Ct-858 o fragmentos inmunogénicos de los mismos, y opcionalmente antígenos adicionales, los cuales se pueden seleccionar, por ejemplo, a partir de Momp, Ct-875, Ct-622, PmpGpd, y PmpDpd. En un ejemplo adicional, la composición de la presente invención puede comprender Ct-875 y Ct-858, o fragmentos inmunogénicos de los mismos, y opcionalmente antígenos adicionales, los cuales se pueden seleccionar, por ejemplo, a partir de Momp, Ct-622, Ct-089, PmpGpd, y PmpDpd.

Por ejemplo, la composición de la presente invención puede comprender una de las siguientes combinaciones de polipéptidos de *Chlamydia* o fragmentos inmunogénicos de los mismos:

1. Momp, PmpDpd, Ct-858, Ct-089, Swib
- 1'. PmpDpd, Ct-858, Ct-089, Swib
2. Momp, PmpDpd, Ct-858, Ct-622, Ct-089, Swib
3. Momp, PmpDpd, Ct-858, PmpGpd, Ct-622, Ct-089
4. Ct-858, Ct-875, Ct-622, Ct-089
5. Ct-858, Ct-875, Ct-089
- 5'. PmpDpd, Ct-858, Ct-875, Ct-089
6. Momp, PmpD, Ct-858, PmpGpd, Ct-089

Todas las combinaciones anteriores comprenden Ct-089 y Ct-858.

En un conjunto adicional de ejemplos, la composición de la

presente invención comprende una de las siguientes combinaciones, en el entendido de que todas las combinaciones comprenden Ct-089 y Ct-858:

- 1a. Los cinco de: Momp, PmpDpd, Ct-858, PmpGpd, y Ct-089.
- 5 1'a. Tres de: PmpDpd, Ct-858, Ct-089, Swib
- 2a. Cinco de: Momp, PmpDpd, Ct-858, Ct-622, Ct-089, y Swib
- 3a. Cinco de: Momp, PmpDpd, Ct-858, PmpGpd, Ct-622, y Ct-089
- 4a. Tres de: Ct-858, Ct-875, Ct-622, y Ct-089
- 10 5a. Dos de: Ct-858, Ct-875, y Ct-089
- 5'a. Tres de: PmpDpd, Ct-858, Ct-875, Ct-089
- 6a. Cuatro de: Momp, PmpD, Ct-858, PmpGpd, y Ct-089

o de una manera alternativa:

- 15 1a". Cinco de: Swib, Momp, PmpDpd, Ct-858, PmpGpd, y Ct-089.

Otras composiciones de ejemplo de la presente invención pueden comprender una de las siguientes combinaciones de polipéptidos de *Chlamydia*, o fragmentos inmunogénicos de los mismos:

- 20 1b. Momp, PmpDpd, Ct-858, Ct-875, Swib, Ct-089
- 1b'. PmpDpd, Ct-858, Ct-875, Swib, Ct-089
- 2b. Momp, PmpDpd, Ct-858, Ct-622, Ct-875, Swib, Ct-089
- 3b. Momp, PmpDpd, Ct-858, PmpGpd, Ct-622, Ct-875, Ct-089
- 4b. Ct-858, Ct-875
- 25 5b. Momp, Ct-858, Ct-875, Ct-089

5b'. Momp, Ct-858, Ct-875

6b. Momp, PmpD, Ct-858, PmpGpd, Ct-875, Ct-089

Todas las combinaciones anteriores comprenden Ct-875 y Ct-858.

5 En un conjunto adicional de ejemplos, la composición de la presente invención comprende una de las siguientes combinaciones, en el entendido de que todas las combinaciones comprenden Ct-875 y Ct-858:

10 1c. Cinco de: Swib, Momp, PmpDpd, Ct-858, PmpGpd, y Ct-875

1c'. Tres de: PmpDpd, Ct-858, Ct-0875, Swib

2c. Cinco de: Momp, PmpDpd, Ct-858, Ct-622, Ct-875, y Swib

3c. Cinco de: Momp, PmpDpd, Ct-858, PmpGpd, Ct-622, y Ct-875

15 4c. Tres de: Ct-858, Ct-875, Ct-622, y Ct-089

5c'. Tres de: PmpDpd, Ct-858, Ct-875, Ct-089

6c. Cuatro de: Momp, PmpD, Ct-858, PmpGpd, y Ct-875.

Las composiciones de acuerdo con la invención comprenden dos o más proteínas de *Chlamydia* o fragmentos inmunogénicos, por ejemplo 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, ó 10 proteínas o fragmentos inmunogénicos. Para una composición que comprenda cada una de las combinaciones enlistadas anteriormente bajo los números 1-6, 1a-6a, 1b-6b, y 1c-6c (por ejemplo, 1-6 y 1a-6a), la combinación puede incluir otros antígenos de *Chlamydia*, por ejemplo un antígeno adicional de *Chlamydia*, o puede no contener más antígenos de

Chlamydia que los enlistados. Por ejemplo, la composición 1a" puede contener solamente cinco antígenos que sean una combinación de los antígenos de *Chlamydia* enlistados y ningún otro antígeno, o la composición 1a" puede comprender una combinación de cinco de los antígenos de *Chlamydia* enlistados (tales como los seis antígenos enlistados, o cinco de los seis antígenos enlistados más otro antígeno de *Chlamydia*), y así sucesivamente para las composiciones 2-6, 2a-6a, 1 b-6b, y 1c-6c (por ejemplo, 2-6 y 2a-6a).

Será evidente que, en el caso de los dominios pasajeros de PmpD y PmpG, éstos pueden estar presentes en el contexto de una porción más grande del antígeno o polinucleótido de PmpD ó PmpG, por ejemplo PmpD ó PmpG de longitud completa, o un fragmento de los mismos, en el entendido de que el fragmento comprenda al dominio pasajero.

Las proteínas o fragmentos inmunogénicos de Momp y Swib pueden ser, por ejemplo, de *Chlamydia trachomatis*, o pueden ser de otras especies de *Chlamydia*. Los antígenos anteriormente designados como "Ct" pueden ser proteínas o fragmentos inmunogénicos de *Chlamydia*, o, donde sea posible, pueden ser las proteínas equivalentes de diferentes especies de *Chlamydia* (es decir, una especie de *Chlamydia* diferente de *Chlamydia trachomatis*). En un ejemplo, todos los antígenos de la composición de acuerdo con la invención son de *Chlamydia trachomatis*.

Las composiciones de la presente invención pueden comprender alternativamente polinucleótidos que codifiquen la

combinación de dos o más proteínas o fragmentos inmunogénicos de *Chlamydia*, los cuales se pueden seleccionar a partir de Swib (también conocido como Ct-460), Momp (proteína de membrana externa mayor, también conocida como Ct-681), Ct-858, Ct-875, Ct-622, Ct-089, dominio pasajero de PmpG (PmpGpd, también conocido como Ct-871), y dominio pasajero de PmpD (PmpDpd, también conocido como Ct-812), por ejemplo las combinaciones de antígenos enlistadas anteriormente como 1-6, 1a-6a, y 1c-6c (por ejemplo, 1-6). Las composiciones de polinucleótidos de acuerdo con la invención incluyen aquéllas que codifiquen las combinaciones de antígenos de acuerdo con la invención, como se describen en la presente (por ejemplo, Ct-858 y Ct-875). Los polinucleótidos que codifiquen los diferentes antígenos pueden estar presentes como ácidos nucleicos separados, o pueden estar presentes juntos en un solo ácido nucleico, o una combinación de ácidos nucleicos separados y combinados.

Lo siguiente proporciona secuencias de polinucleótidos y polipéptidos para algunos de los antígenos, que se pueden utilizar en las composiciones de la invención, y que se han enlistado anteriormente.

BREVE DESCRIPCIÓN DE LOS IDENTIFICADORES DE SECUENCIAS

SEQ ID NO:1 es la secuencia de ADNc de Ct-460, también conocido como Swib de *Chlamydia trachomatis*, serotipo LGVII (el serotipo LGVII también es referido como el serotipo LII).

SEQ ID NO:2 es la secuencia de proteína de Ct-460, también

conocida como Swib de *Chlamydia trachomatis*, serotipo LGVII, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:1.

SEQ ID NO:3 es la secuencia de ADNc del antígeno de *Chlamydia* conocido como Proteína de Membrana Externa Mayor (Momp) de *Chlamydia trachomatis*, serotipo F.

SEQ ID NO:4 es la secuencia de proteína del antígeno de *Chlamydia* conocido como Proteína de Membrana Externa Mayor (Momp) de *Chlamydia trachomatis*, serotipo F, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:3.

SEQ ID NO:5 es la secuencia de ADNc de Ct-858 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo E.

SEQ ID NO:6 es la secuencia de proteína de Ct-858 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo E, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:5.

SEQ ID NO:7 es la secuencia de ADNc de Ct-875 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo E.

SEQ ID NO:8 es la secuencia de proteína de Ct-875 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo E, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:7.

SEQ ID NO:9 es la secuencia de ADNc de Ct-622 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo E.

SEQ ID NO:10 es la secuencia de proteína de Ct-622 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo E, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:9.

SEQ ID NO:11 es la secuencia de ADNc del dominio pasajero

de PmpG, también conocido como Ct-871 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo LGVII.

SEQ ID NO:12 es la secuencia de proteína del dominio pasajero de PmpG, también conocido como Ct-871 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo LGVII, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:11.

SEQ ID NO:13 es la secuencia de ADNc del dominio pasajero de PmpD, también conocido como Ct-812, de *Chlamydia trachomatis*, serotipo LGVII.

SEQ ID NO:14 es la secuencia de proteína del dominio pasajero de PmpD, también conocido como Ct-812, de *Chlamydia trachomatis*, serotipo LGVII, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:13.

SEQ ID NO:15 es la secuencia de ADNc del Ct-089 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo E.

SEQ ID NO:16 es la secuencia de proteína de Ct-089 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo E, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:15.

SEQ ID NO:17 es la secuencia de ADNc del antígeno de *Chlamydia* conocido como la Proteína de Membrana Externa Mayor (Momp) de *Chlamydia psittaci*.

SEQ ID NO:18 es la secuencia de proteína del antígeno de *Chlamydia* conocido como Proteína de Membrana Externa Mayor (Momp) de *Chlamydia psittaci*, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:17.

SEQ ID NO:19 es la secuencia de ADNc del antígeno de *Chlamydia* conocido como Proteína de Membrana Externa Mayor (Momp) de *Chlamydia pneumoniae*.

5 SEQ ID NO:20 es la secuencia de proteína del antígeno de *Chlamydia* conocido como Proteína de Membrana Externa Mayor (Momp) de *Chlamydia pneumoniae*, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:19.

SEQ ID NO:21 es la secuencia de ADNc de Ct-875 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo D.

10 SEQ ID NO:22 es la secuencia de proteína de Ct-875 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo D, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:21.

SEQ ID NO:23 es la secuencia de ADNc de Ct-875 de *Chlamydia muridarum*.

15 SEQ ID NO:24 es la secuencia de proteína de Ct-875 de *Chlamydia muridarum*, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:23.

SEQ ID NO:25 es la secuencia de ADNc de Ct-875 de *Chlamydia psitacci*.

20 SEQ ID NO:26 es la secuencia de proteína de Ct-875 de *Chlamydia psitacci*, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:25.

SEQ ID NO:27 es la secuencia de ADNc de PmpG, también conocido como Ct-871, de *Chlamydia trachomatis*, serotipo D.

25 SEQ ID NO:28 es la secuencia de proteína de PmpG, también

conocido como Ct-871 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo D, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:27.

SEQ ID NO:29 es la secuencia de ADNc de PmpG, también conocido como Ct-871, de *Chlamydia muridarum*.

5 SEQ ID NO:30 es la secuencia de proteína de PmpG, también conocido como Ct-871 de *Chlamydia muridarum*, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:29.

SEQ ID NO:31 es la secuencia de ADNc de PmpG, también conocido como Ct-871 de *Chlamydia psitacci*.

10 SEQ ID NO:32 es la secuencia de proteína de PmpG, también conocido como Ct-871 de *Chlamydia psitacci*, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:31.

SEQ ID NO:33 es la secuencia de ADNc de Ct-871 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo D.

15 SEQ ID NO:34 es la secuencia de proteína de Ct-858 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo D, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:33.

SEQ ID NO:35 es la secuencia de ADNc de Ct-858 de *Chlamydia muridarum*.

20 SEQ ID NO:36 es la secuencia de proteína de Ct-858 de *Chlamydia muridarum*, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:35.

SEQ ID NO:37 es la secuencia de ADNc de Ct-858 de *Chlamydia psitacci*.

25 SEQ ID NO:38 es la secuencia de proteína de Ct-858 de

Chlamydia psitacci, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:37.

SEQ ID NO:39 es la secuencia de ADNc de Ct-858 de *Chlamydia pneumoniae*.

5 SEQ ID NO:40 es la secuencia de proteína de Ct-858 de *Chlamydia pneumoniae*, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:39.

SEQ ID NO:41 es la secuencia de ADNc de PmpD, también conocido como Ct-812, de *Chlamydia trachomatis*, serotipo D.

10 SEQ ID NO:42 es la secuencia de proteína de PmpD, también conocido como Ct-812, de *Chlamydia trachomatis*, serotipo D, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:41. El dominio pasajero se extiende en los aminoácidos 31 a 1,203.

SEQ ID NO:43 es la secuencia de ADNc de PmpD, también conocido como Ct-812, de *Chlamydia muridarum*.

SEQ ID NO:44 es la secuencia de proteína de PmpD, también conocido como Ct-812, de *Chlamydia muridarum*, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:43.

SEQ ID NO:45 es la secuencia de ADNc de PmpD, también conocido como Ct-812, de *Chlamydia psitacci*.

SEQ ID NO:46 es la secuencia de proteína de PmpD, también conocido como Ct-812, de *Chlamydia psitacci*, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:45.

SEQ ID NO:47 es la secuencia de ADNc del antígeno de *Chlamydia* conocido como Proteína de Membrana Externa Mayor

(Momp), también conocido como Ct-681 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo LGVII.

5 SEQ ID NO:48 es la secuencia de proteína del antígeno de *Chlamydia* conocido como Proteína de Membrana Externa Mayor (Momp), también conocido como Ct-681 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo LGVII, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:47.

10 SEQ ID NO:49 es la secuencia de ADNc del antígeno de *Chlamydia* conocido como Proteína de Membrana Externa Mayor (Momp), también conocido como Ct-681 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo J.

SEQ ID NO:50 es la secuencia de proteína del antígeno de *Chlamydia* conocido como proteína de membrana externa mayor (Momp), también conocido como Ct-681 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo J, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:49.

15 SEQ ID NO:51 es la secuencia de ADNc del antígeno de *Chlamydia* conocido como Proteína de Membrana Externa Mayor (Momp), también conocido como Ct-681 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo H.

20 SEQ ID NO:52 es la secuencia de proteína del antígeno de *Chlamydia* conocido como Proteína de Membrana Externa Mayor (Momp), también conocido como Ct-681 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo H, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:51.

25 SEQ ID NO:53 es la secuencia de ADNc del antígeno de *Chlamydia* conocido como Proteína de Membrana Externa Mayor (Momp), también conocido como Ct-681 de *Chlamydia trachomatis*,

serotipo E.

SEQ ID NO:54 es la secuencia de proteína del antígeno de *Chlamydia* conocido como Proteína de Membrana Externa Mayor (Momp), también conocido como Ct-681 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo E, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:53.

SEQ ID NO:55 es la secuencia de ADNc del antígeno de *Chlamydia* conocido como Proteína de Membrana Externa Mayor (Momp), también conocido como Ct-681 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo D.

10 SEQ ID NO:56 es la secuencia de proteína del antígeno de *Chlamydia* conocido como Proteína de Membrana Externa Mayor (Momp), también conocido como Ct-681 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo D, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:55.

15 SEQ ID NO:57 es la secuencia de ADNc de Ct-622 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo D.

SEQ ID NO:58 es la secuencia de proteína de Ct-622 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo D, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:57.

20 SEQ ID NO:59 es la secuencia de ADNc de Ct-622 de *Chlamydia psittaci*.

SEQ ID NO:60 es la secuencia de proteína de Ct-622 de *Chlamydia psittaci*, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:59.

25 SEQ ID NO:61 es la secuencia de ADNc de Ct-622 de *Chlamydia pneumoniae*.

SEQ ID NO:62 es la secuencia de proteína de Ct-622 de *Chlamydia pneumoniae*, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:61.

5 SEQ ID NO:63 es la secuencia de ADNc de Ct-460, también conocido como Swib de *Chlamydia trachomatis*, serotipo D.

SEQ ID NO:64 es la secuencia de proteína de Ct-460, también conocido como Swib de *Chlamydia trachomatis*, serotipo D, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:63.

10 SEQ ID NO:65 es la secuencia de ADNc de Ct-460, también conocido como Swib de *Chlamydia muridarum*.

SEQ ID NO:66 es la secuencia de proteína de Ct-460, también conocido como Swib de *Chlamydia muridarum*, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:65.

15 SEQ ID NO:67 es la secuencia de ADNc de Ct-460, también conocido como Swib de *Chlamydia psittaci*.

SEQ ID NO:68 es la secuencia de proteína de Ct-460, también conocido como Swib de *Chlamydia psittaci*, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:67.

20 SEQ ID NO:69 es la secuencia de ADNc de Ct-460, también conocido como Swib de *Chlamydia pneumoniae*.

SEQ ID NO:70 es la secuencia de proteína de Ct-460, también conocido como Swib de *Chlamydia pneumoniae*, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:69.

25 SEQ ID NO:71 es la secuencia de ADNc de Ct-089 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo D.

SEQ ID NO:72 es la secuencia de proteína de Ct-089 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo D, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:71.

5 SEQ ID NO:73 es la secuencia de ADNc de Ct-089 de *Chlamydia muridarum*.

SEQ ID NO:74 es la secuencia de proteína de Ct-089 de *Chlamydia muridarum*, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:73.

10 SEQ ID NO:75 es la secuencia de ADNc de Ct-089 de *Chlamydia psitacci*.

SEQ ID NO:76 es la secuencia de proteína de Ct-089 de *Chlamydia psitacci*, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:75.

15 SEQ ID NO:77 es la secuencia de ADNc de Ct-089 de *Chlamydia pneumoniae*.

SEQ ID NO:78 es la secuencia de proteína de Ct-089 de *Chlamydia pneumoniae*, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:77.

20 SEQ ID NO:79 es la secuencia de ADNc de Ct-089 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo A.

SEQ ID NO:80 es la secuencia de proteína de Ct-089 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo A, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:79.

25 SEQ ID NO:81 es la secuencia de ADNc de Ct-089 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo B.

SEQ ID NO:82 es la secuencia de proteína de Ct-089 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo B, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:81.

5 SEQ ID NO:83 es la secuencia de ADNc de Ct-089 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo G.

SEQ ID NO:84 es la secuencia de proteína de Ct-089 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo G, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:83.

10 SEQ ID NO:85 es la secuencia de ADNc de Ct-089 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo H.

SEQ ID NO:86 es la secuencia de proteína de Ct-089 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo H, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:85.

15 SEQ ID NO:87 es la secuencia de ADNc de Ct-089 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo I.

SEQ ID NO:88 es la secuencia de proteína de Ct-089 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo I, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:87.

20 SEQ ID NO:89 es la secuencia de ADNc de Ct-089 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo J.

SEQ ID NO:90 es la secuencia de proteína de Ct-089 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo J, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:89.

25 SEQ ID NO:91 es la secuencia de ADNc de Ct-089 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo K.

SEQ ID NO:92 es la secuencia de proteína de Ct-089 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo K, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:91.

5 SEQ ID NO:93 es la secuencia de ADNc de Ct-089 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo L2.

SEQ ID NO:94 es la secuencia de proteína de Ct-089 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo L2, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:93.

10 SEQ ID NO:95 es la secuencia de ADNc de Ct-858 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo A.

SEQ ID NO:96 es la secuencia de proteína de Ct-858 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo A, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:95.

15 SEQ ID NO:97 es la secuencia de ADNc de Ct-858 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo B.

SEQ ID NO:98 es la secuencia de proteína de Ct-858 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo B, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:97.

20 SEQ ID NO:99 es la secuencia de ADNc de Ct-858 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo G.

SEQ ID NO:100 es la secuencia de proteína de Ct-858 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo G, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:99.

25 SEQ ID NO:101 es la secuencia de ADNc de Ct-858 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo H.

SEQ ID NO:102 es la secuencia de proteína de Ct-858 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo H, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:101.

5 SEQ ID NO:103 es la secuencia de ADNc de Ct-858 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo I.

SEQ ID NO:104 es la secuencia de proteína de Ct-858 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo I, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:103.

10 SEQ ID NO:105 es la secuencia de ADNc de Ct-858 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo J.

SEQ ID NO:106 es la secuencia de proteína de Ct-858 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo J, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:105.

15 SEQ ID NO:107 es la secuencia de ADNc de Ct-858 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo K.

SEQ ID NO:108 es la secuencia de proteína de Ct-858 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo K, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:107.

20 SEQ ID NO:109 es la secuencia de ADNc de Ct-858 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo L2.

SEQ ID NO:110 es la secuencia de proteína de Ct-858 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo L2, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:109.

25 SEQ ID NO:111 es la secuencia de ADNc de Ct-875 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo A.

SEQ ID NO:112 es la secuencia de proteína de Ct-875 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo A, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:111.

5 SEQ ID NO:113 es la secuencia de ADNc de Ct-875 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo B.

SEQ ID NO:114 es la secuencia de proteína de Ct-875 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo B, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:113.

10 SEQ ID NO:115 es la secuencia de ADNc de Ct-875 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo G.

SEQ ID NO:116 es la secuencia de proteína de Ct-875 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo G, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:115.

15 SEQ ID NO:117 es la secuencia de ADNc de Ct-875 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo H.

SEQ ID NO:118 es la secuencia de proteína de Ct-875 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo H, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:117.

20 SEQ ID NO:119 es la secuencia de ADNc de Ct-875 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo I.

SEQ ID NO:120 es la secuencia de proteína de Ct-875 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo I, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:119.

25 SEQ ID NO:121 es la secuencia de ADNc de Ct-875 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo J.

SEQ ID NO:122 es la secuencia de proteína de Ct-875 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo J, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:121.

5 SEQ ID NO:123 es la secuencia de ADNc de Ct-875 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo K.

SEQ ID NO:124 es la secuencia de proteína de Ct-875 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo K, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:123.

10 SEQ ID NO:125 es la secuencia de ADNc de Ct-875 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo L2.

SEQ ID NO:126 es la secuencia de proteína de Ct-875 de *Chlamydia trachomatis*, serotipo L2, cuya proteína es codificada por la SEQ ID NO:125.

15 Algunas de las secuencias anteriores y otros polipéptidos y polinucleótidos de *Chlamydia* relacionados a partir de un número de serotipos, son conocidos y están disponibles en este campo. Otras secuencias relacionadas se pueden encontrar en las Patentes de los Estados Unidos de Norteamérica expedidas Números 6,447,779; 6,166,177; 6,565,856; 6,555,115; 6,432,916; y 6,448,234, y también
20 se dan a conocer en las Solicitudes de Patente de los Estados Unidos de Norteamérica Números 10/197,220, 10/762,058, y 10/872,155, cada una de las cuales se incorpora a la presente como referencia.

25 La secuencia de Ct-089 del serotipo D, y la aplicación potencial de esta proteína como un antígeno, se ha dado a conocer

públicamente, por ejemplo, en la Publicación Internacional Número WO02/08267 (Corixa Corporation). La secuencia de Ct-089 del serotipo L2 se dio a conocer en la Publicación Internacional Número WO99/28475 (Genset). El papel de CopN (también conocido como
 5 Ct-089) como un regulador exportado supuesto de los sistemas de secreción de proteínas tipo III, se discute en Fields, K. A. y Hackstadt, *T Mol. Microbiol.* 2000 38(5): 1048-1060.

Las secuencias de Ct-0858 y Ct-875 del serotipo D están disponibles en la base de datos Swiss-Prot, con números de acceso
 10 primarios O84866 y O84883, respectivamente. Para mayor información véase Stephens, R. S. y colaboradores, *Science* 1998 282:754-759.

El uso de Ct-858 como un antígeno, se da a conocer, por ejemplo, en la Publicación Internacional Número WO02/08267
 15 (Corixa Corporation).

La secuencia de Ct-875 del serotipo E (que incorpora una marca His) y su uso como un antígeno, se da a conocer, por ejemplo, en la Patente de los Estados Unidos de Norteamérica Número US 20040137007. Sin embargo, el documento se refiere de una manera
 20 incorrecta a la Secuencia 139 como Ct-875, cuando de hecho es la Secuencia 140 de la misma.

Los individuos que se han expuesto a *Chlamydia trachomatis* han demostrado desarrollar algún grado de inmunidad natural a la re-infección, cuando menos en el caso del mismo serotipo (Katz, B. P. y
 25 colaboradores, *Sex Transm. Dis.* 1987 14:160-164), aunque el grado

de protección puede depender del tiempo transcurrido desde que se presentó la infección anterior. También se ha demostrado que la edad es importante en la duración de la infección, demostrando los individuos más viejos una duración más corta de la infección por la

5 *Chlamydia trachomatis* ocular (Bailey, R. y colaboradores, *Epidemiol. Infect.* 1999 123:479-486), sugiriendo nuevamente la existencia de una protección inmunológica adaptable. Se ha sugerido que el uso de antibióticos de hecho puede impedir el desarrollo de la inmunidad natural a *Chlamydia trachomatis* (Brunham, R. C. y colaboradores, *J.*

10 *Nat. Rev. Immunol.* 2005 5:149-161).

La proteína de membrana externa mayor (Momp) constituye aproximadamente el 60 por ciento de la masa de proteína de la membrana externa bacteriana, y se cree que es importante en la determinación de la especificidad del serotipo. La secuencia de

15 aminoácidos contiene cuatro regiones que están externamente expuestas, y en donde se presentan la mayoría de las variaciones de secuencia. De los aproximadamente 400 aminoácidos de la secuencia de Momp, hasta 70 aminoácidos difieren entre Momp de diferentes serotipos. Es particularmente sorprendente el

20 descubrimiento de que la agrupación de serotipos basada en la identidad de secuencias de aminoácidos no corresponde a la agrupación de serotipos basada en el estado de la enfermedad (es decir, ocular, oculogenital, y linfogranuloma venéreo) (Stothard, D. R. y colaboradores, *Infect. Immun.* 1998 66(8):3618-3625). De una

25 manera similar, las comparaciones de identidades de secuencias de

nucleótidos para el gen *ompA* que codifica Momp no corresponden a los estados de la enfermedad (Meijer, A. y colaboradores, *J. Bacteriol.* 1999 181 (15):4469-4475; Lysen, M. y colaboradores, *J. Clin. Microbiol.* 2004 42(4):1641-1647). Los anticuerpos monoclonales
5 para Momp son efectivos en cultivo y en algunos modelos animales; sin embargo, la protección puede estar limitada y en general es específica del serotipo.

Los ratones inmunizados subcutáneamente u oralmente con un anticuerpo monoclonal anti-idiotípico para el antígeno de
10 exoglicolípido desarrollaron una respuesta protectora al serotipo C, aunque siguieron siendo susceptibles a la agresión con el serotipo K (Whittum-Hudson, J. A. y colaboradores, *Nat. Med.* 1996 2(10):1116-1121).

Una proteína que se ha dado a conocer hasta la fecha y que
15 muestra un alto nivel de homología de secuencias entre diferentes serotipos, es decir, la proteína-1 accesible clase I (referida como Cap1 ó Ct-529), tiene un uso potencial en el desarrollo de vacunas que estimulen protección contra más de un serotipo (Fling, S. P. y colaboradores, *PNAS* 2001 98(3):1160-1165). Sin embargo, en
20 adición al requerimiento de altos niveles de homología de secuencias entre los serotipos, las proteínas de uso en vacunas también deben provocar suficiente respuesta inmune.

De una manera sorprendente, se ha encontrado que las proteínas Ct-089, Ct-858, y Ct-875 de *Chlamydia trachomatis*, son en
25 particular tanto altamente antigénicas como tienen un alto grado de

identidad de secuencias a través de los diferentes serotipos de *Chlamydia trachomatis*. Existe una conservación particularmente alta en la región de los epítomos predichos. A la luz de este descubrimiento, existe la posibilidad del desarrollo de vacunas de

5 *Chlamydia* que sean efectivas contra un amplio rango de serotipos de *Chlamydia trachomatis* (es decir, que pueden ser útiles en la protección cruzada).

De conformidad con este aspecto de la presente invención, se proporciona el uso de una o más proteínas de *Chlamydia*, fragmentos

10 inmunogénicos de las mismas, o polinucleótidos que las codifican, seleccionadas a partir de la lista que consiste en Ct-089, Ct-858, y Ct-875, y que se derivan a partir de un primer serotipo de *Chlamydia trachomatis*, en la fabricación de una vacuna para el tratamiento o la prevención de infección por *Chlamydia* por un segundo serotipo de

15 *Chlamydia trachomatis*.

En un aspecto adicional de la presente invención, se proporciona un método para el tratamiento o la prevención de infección por *Chlamydia*, por un segundo serotipo de *Chlamydia trachomatis*, el cual comprende la administración de una vacuna que

20 comprenda una o más proteínas de *Chlamydia*, fragmentos inmunogénicos de las mismas, o polinucleótidos que las codifiquen, seleccionadas a partir de la lista que consiste en Ct-089, Ct-858, y Ct-875, y que se deriven a partir de un primer serotipo de *Chlamydia trachomatis*.

25 En una modalidad de la invención, la vacuna de protección

cruzada comprende una proteína, un fragmento inmunogénico de la misma, o un polinucleótido que la codifique, seleccionada a partir de la lista que consiste en Ct-089, Ct-858, y Ct-875. Las vacunas que comprendan solamente una proteína, fragmento inmunogénico de la misma, o polinucleótido que la codifique, seleccionadas a partir de la lista que consiste en Ct-089, Ct-858, y Ct-875, adecuadamente comprenderá además cuando menos un antígeno de *Chlamydia* adicional (por ejemplo, 1 ó 2 antígenos adicionales).

En una segunda modalidad de la invención, la vacuna de protección cruzada comprende dos proteínas, fragmentos inmunogénicos de las mismas, o polinucleótidos que las codifiquen, seleccionadas a partir de la lista que consiste en Ct-089, Ct-858, y Ct-875. Por ejemplo: Ct-089 y Ct-858; Ct-089 y Ct-875; ó Ct-858 y Ct-875.

En una tercera modalidad de la invención, la vacuna de protección cruzada comprende Ct-089, Ct-858, y Ct-875, fragmentos inmunogénicos de los mismos, o polinucleótidos que los codifican.

El primer serotipo de *Chlamydia trachomatis* puede ser cualquier serotipo de *Chlamydia trachomatis*. El segundo serotipo de *Chlamydia trachomatis* puede ser cualquier serotipo de *Chlamydia trachomatis*, excluyendo al primer serotipo de *Chlamydia trachomatis*.

En una modalidad de la invención, el primer serotipo de *Chlamydia trachomatis* se selecciona a partir de la lista que consiste en los serotipos de *Chlamydia trachomatis* A, B, Ba, C, D, Da, E, F,

G, H, I, Ia, J, Ja, K, L1, L2, y L3. En una segunda modalidad de la invención, el primer serotipo de *Chlamydia trachomatis* se selecciona a partir de los serotipos oculares de *Chlamydia trachomatis* (por ejemplo, A, B, Ba, y C). En otra modalidad de la invención, el primer serotipo de *Chlamydia trachomatis* se selecciona a partir de los serotipos oculogenitales de *Chlamydia trachomatis* (por ejemplo, D, Da, E, F, G, H, I, Ia, J, Ja, y K). En una modalidad adicional de la invención, el primer serotipo de *Chlamydia trachomatis* se selecciona a partir de los serotipos de linfogranuloma venéreo de *Chlamydia trachomatis* (por ejemplo, L1, L2, y L3).

En una modalidad de la invención, el segundo serotipo de *Chlamydia trachomatis* se selecciona a partir de la lista que consiste en los serotipos de *Chlamydia trachomatis* A, B, Ba, C, D, Da, E, F, G, H, I, Ia, J, Ja, K, L1, L2, y L3. En una segunda modalidad de la invención, el segundo serotipo de *Chlamydia trachomatis* se selecciona a partir de los serotipos oculares de *Chlamydia trachomatis* (por ejemplo, A, B, Ba, y C). En otra modalidad de la invención, el segundo serotipo de *Chlamydia trachomatis* se selecciona a partir de los serotipos oculogenitales de *Chlamydia trachomatis* (por ejemplo, D, Da, E, F, G, H, I, Ia, J, Ja, y K). En una modalidad adicional de la invención, el segundo serotipo de *Chlamydia trachomatis* se selecciona a partir de los serotipos de linfogranuloma venéreo de *Chlamydia trachomatis* (por ejemplo, L1, L2, y L3).

Con el objeto de maximizar la amplitud de acción del método y

uso de la presente invención, puede ser deseable que el primer serotipo de *Chlamydia trachomatis* se seleccione de tal manera que haya un alto nivel de identidad de secuencias (por ejemplo, una identidad de secuencia de cuando menos el 90 por ciento, en especial del 95 por ciento, en particular del 98 por ciento, más particularmente del 99 por ciento) con la mayoría de los otros serotipos de *Chlamydia trachomatis* (por ejemplo, cuando menos el 50 por ciento, en especial el 70 por ciento, en particular el 80 por ciento, más particularmente el 90 por ciento de otros serotipos de *Chlamydia trachomatis*).

Con el objeto de maximizar la aplicación práctica del método y uso de la presente invención, puede ser deseable que el primer serotipo de *Chlamydia trachomatis* se seleccione de tal manera que haya un alto nivel de identidad de secuencias (por ejemplo, una identidad de secuencia de cuando menos el 90 por ciento, en especial del 95 por ciento, en particular del 98 por ciento, más particularmente del 99 por ciento) con la mayoría (por ejemplo, cuando menos el 50 por ciento, en especial el 70 por ciento, en particular el 80 por ciento, más particularmente el 90 por ciento) de los serotipos comunes de *Chlamydia trachomatis* (tales como los serotipos oculares comunes, los serotipos oculogenitales comunes, los serotipos de linfogranuloma venéreo comunes, o una combinación de cualesquiera dos de estos grupos de serotipos, por ejemplo, los serotipos oculares y oculogenitales comunes). Los serotipos oculares comunes de *Chlamydia trachomatis* incluyen A y B. Los serotipos

oculogenitales comunes de *Chlamydia trachomatis* incluyen D, E, F, e I (Lan, J. y colaboradores, *J. Clin. Microbiol.* 1995 33(12):3194-3197; Singh, V. y colaboradores, *J. Clin. Microbiol.* 2003 41(6):2700-2702). Los serotipos de linfogranuloma venéreo comunes de
5 *Chlamydia trachomatis* incluyen L2.

En una modalidad de la presente invención, el primer serotipo de *Chlamydia trachomatis* es el serotipo E de *Chlamydia trachomatis*. En una segunda modalidad de la invención, el primer serotipo de *Chlamydia trachomatis* es el serotipo K de *Chlamydia trachomatis*.

10 En una modalidad de la invención, el segundo serotipo de *Chlamydia trachomatis* se selecciona a partir de los serotipos D, J, y K de *Chlamydia trachomatis* (por ejemplo, serotipos K ó J de *Chlamydia trachomatis*).

En otra modalidad de la invención, el primer serotipo de
15 *Chlamydia trachomatis* es el serotipo E de *Chlamydia trachomatis*, y el segundo serotipo de *Chlamydia trachomatis* se selecciona a partir de los serotipos D, J, y K de *Chlamydia trachomatis* (por ejemplo, los serotipos K ó J de *Chlamydia trachomatis*).

En un ejemplo de la presente invención, cuando la vacuna
20 comprende Ct-089, un fragmento inmunogénico del mismo, o un polinucleótido que lo codifique, derivado a partir del serotipo E de *Chlamydia trachomatis*, la vacuna se puede utilizar en el tratamiento o en la profilaxis de infecciones que se presenten de los serotipos A, B, D, G, H, I, J, K, ó L2 de *Chlamydia trachomatis*; en particular A, B,
25 D, G, H, I, ó K; en especial A ó B.

En un segundo ejemplo de la presente invención, cuando la vacuna comprende Ct-858, un fragmento inmunogénico del mismo, o un polinucleótido que lo codifique, derivado a partir del serotipo E de *Chlamydia trachomatis*, la vacuna se puede utilizar en el tratamiento o en la profilaxis de infecciones que se presenten de los serotipos A, B, D, G, H, I, J, K, ó L2 de *Chlamydia trachomatis*; en particular J ó L2.

En un ejemplo adicional de la presente invención, cuando la vacuna comprende Ct-875, un fragmento inmunogénico del mismo, o un polinucleótido que lo codifique, derivado a partir del serotipo E de *Chlamydia trachomatis*, la vacuna se puede utilizar en el tratamiento o la profilaxis de infecciones que se presenten de los serotipos A, B, D, G, H, I, J, K ó L2 de *Chlamydia trachomatis*; en particular A, B, D, G, H, I ó K.

Los primero y segundo serotipos de *Chlamydia trachomatis* pueden estar asociados con el mismo estado de enfermedad (por ejemplo, pueden ser ambos serotipos oculares o ambos serotipos oculogenitales), o los primero y segundos serotipos de *Chlamydia trachomatis* pueden estar asociados con diferentes estados de enfermedad (por ejemplo, el primer serotipo de *Chlamydia trachomatis* puede ser un serotipo oculogenital, y el segundo serotipo de *Chlamydia trachomatis* puede ser un serotipo ocular, o viceversa).

En el caso de que la vacuna utilizada en la presente invención comprenda más de una proteína, fragmento inmunogénico de la

misma, o polinucleótido que la codifique, seleccionada a partir de la lista que consiste en Ct-089, Ct-858, y Ct-875, se debe observar que cada proteína, fragmento inmunogénico de la misma, o polinucleótido que la codifique, se puede derivar opcionalmente a partir de un
5 primer serotipo de *Chlamydia trachomatis* diferente, el cual se puede seleccionar de una manera independiente.

Las vacunas de protección cruzada útiles en la presente invención también pueden comprender antígenos adicionales de *Chlamydia* (es decir, antígenos diferentes de las proteínas Ct-089,
10 Ct-858, y Ct-875, fragmentos inmunogénicos de las mismas, o polinucleótidos que las codifiquen), por ejemplo, 1, 2, 3, 4, ó 5 antígenos diferentes (seleccionados, por ejemplo, a partir de Momp, Ct-622, PmpGpd, y PmpDpd). Los antígenos adicionales en las vacunas de protección cruzada también pueden incluir las proteínas
15 Ct-089, Ct-858, y Ct-875, fragmentos inmunogénicos de las mismas, o polinucleótidos que las codifiquen, que se deriven a partir del segundo serotipo.

En una modalidad adicional de la invención, los polipéptidos y polinucleótidos de *Chlamydia* que se pueden utilizar de acuerdo con
20 la invención incluyen aquéllos de los serotipos asociados con tracoma, tales como los serotipos A, B, Ba, y C.

Por consiguiente, las composiciones de acuerdo con la invención pueden emplear las secuencias de polipéptidos dadas anteriormente, o fragmentos inmunogénicos de los mismos, o las
25 secuencias de polinucleótidos que los codifiquen, que pueden ser,

por ejemplo, las secuencias de polinucleótidos dadas anteriormente, o fragmentos de estos fragmentos inmunogénicos codificantes de los polipéptidos.

En las modalidades particulares:

5 (i) Los componentes Ct-089 y Ct-858 de la composición de acuerdo con la invención pueden ser un polipéptido que tenga cuando menos una homología del 95 por ciento con el polipéptido de la SEQ ID NO:16 (*C. trachomatis*, serotipo E), o un fragmento inmunogénico del mismo, o un polipéptido que tenga cuando menos
10 una homología del 95 por ciento con el polipéptido de la SEQ ID NO:6 (*C. trachomatis*, serotipo E), o un fragmento inmunogénico del mismo, respectivamente, o los polinucleótidos que los codifiquen. De una manera alternativa, los componentes Ct-089 y Ct-858 de la composición pueden mostrar una homología de cuando menos el 95
15 por ciento con cualquiera de las secuencias de polipéptidos y polinucleótidos de Ct-089 y Ct-858 de otros serotipos de *C. trachomatis* que se describan en la presente.

 (ii) Un componente Ct-875 puede ser un polipéptido que tenga una homología de cuando menos el 95 por ciento con el
20 polipéptido de la SEQ ID NO:8 (*C. trachomatis*, serotipo E), o un fragmento inmunogénico del mismo, o polinucleótidos que los codifiquen. De una manera alternativa, el componente Ct-875 de la composición puede mostrar una homología de cuando menos el 95 por ciento con cualquiera de las secuencias de polipéptidos y
25 polinucleótidos de Ct-875 de otros serotipos de *C. trachomatis* que

se describan en la presente.

(iii) Un componente PmpDpd puede ser un polipéptido que tenga una homología de cuando menos el 95 por ciento con el polipéptido de la SEQ ID NO:14 (*C. trachomatis*, serotipo LII), o un
5 fragmento inmunogénico del mismo, o polinucleótidos que los codifiquen.

(iv) Un componente PmpGpd puede ser un polipéptido que tenga una homología de cuando menos el 95 por ciento con el polipéptido de la SEQ ID NO:12 (*C. trachomatis*, serotipo LII), o un
10 fragmento inmunogénico del mismo, o polinucleótidos que los codifiquen.

(v) Un componente Momp puede ser un polipéptido que tenga una homología de cuando menos el 95 por ciento con el polipéptido de la SEQ ID NO:4 (*C. trachomatis*, serotipo F), o un fragmento
15 inmunogénico del mismo, o polinucleótidos que los codifiquen.

(vi) Un componente Swib puede ser un polipéptido que tenga una homología de cuando menos el 95 por ciento con el polipéptido de la SEQ ID NO:8 (*C. trachomatis*, serotipo LII), o un fragmento
inmunogénico del mismo, o polinucleótidos que los codifiquen.

20 Los antígenos descritos en la presente incluyen las variantes polimórficas y las variaciones conservadoramente modificadas, así como los homólogos de *Chlamydia* inter-cepas e inter-especies. En adición, los antígenos descritos en la presente incluyen sub-secuencias o secuencias truncadas.

25 Los antígenos descritos en la presente pueden estar en la

forma de proteínas de fusión. Las proteínas de fusión también pueden contener polipéptidos adicionales, opcionalmente péptidos heterólogos de *Chlamydia* u otras fuentes. Estos antígenos se pueden modificar, por ejemplo, mediante la adición de secuencias peptídicas enlazadoras, como se describen más adelante. Estos péptidos enlazadores se pueden insertar entre uno o más polipéptidos que formen cada una de las proteínas de fusión.

Los antígenos descritos en la presente también pueden estar en la forma de conjugados químicos.

La invención se refiere además a composiciones inmunogénicas y a composiciones de vacuna que comprenden a las composiciones de antígenos de *Chlamydia* de acuerdo con la invención, junto con un vehículo farmacéuticamente aceptable, y opcionalmente un inmunoestimulante. Las composiciones de la presente invención pueden comprender además otros componentes diseñados para mejorar la antigenicidad de los antígenos, o para mejorar estos antígenos en otros aspectos, por ejemplo, el aislamiento de estos antígenos a través de la adición de un estiramiento de residuos de histidina en un extremo del antígeno. La adición de un estiramiento de residuos de histidina en un extremo del antígeno también puede mejorar la expresión. Las composiciones de la invención pueden comprender copias adicionales de antígenos, o polipéptidos o polinucleótidos adicionales de *Chlamydia sp.*. Las composiciones de la invención también pueden comprender polipéptidos o polinucleótidos heterólogos adicionales de otras fuentes que no sean

de *Chlamydia*. Por ejemplo, las composiciones de la invención pueden incluir polipéptidos o ácidos nucleicos que codifiquen polipéptidos, en donde el polipéptido mejore la expresión del antígeno, por ejemplo NS1, una proteína de virus de influenza, o una
5 porción inmunogénica de la misma (véase, por ejemplo, las Publicaciones Internacionales Números WO99/40188 y WO93/04175). Los ácidos nucleicos de la invención se pueden diseñar basándose en la preferencia de codones en una especie de elección, por ejemplo en seres humanos.

10 Las composiciones de la invención pueden comprender además adyuvantes, por ejemplo MPL, 3D-MPL, IFA, ENHANZYN (Detox), QS21, CWS, TDM, AGP, CPG, Leif, saponina, y miméticos de saponina, y derivados de los mismos. De una manera alternativa o en adición, las composiciones de la invención pueden comprender
15 BCG ó Pvac como un adyuvante.

DEFINICIONES

“Polipéptido de fusión” o “proteína de fusión” se refiere a una proteína que tiene cuando menos dos polipéptidos de *Chlamydia* (que pueden ser iguales o pueden ser diferentes) covalentemente
20 enlazados, ya sea directamente o por medio de un enlazador de aminoácidos. Los polipéptidos que forman la proteína de fusión típicamente son el término C enlazado al término N, aunque también pueden ser el término C enlazado al término C, el término N enlazado al término N, o el término N enlazado al término C. Los
25 polipéptidos de las proteínas de fusión pueden estar en cualquier

orden. Este término también se refiere a las variantes conservadoramente modificadas, las variantes polimórficas, alelos, mutantes, sub-secuencias, homólogos inter-especies, y fragmentos inmunogénicos de los antígenos que formen la proteína de fusión.

5 Las proteínas de fusión de la invención también pueden comprender copias adicionales de un antígeno componente o un fragmento inmunogénico del mismo.

Una secuencia de polinucleótido que codifique una proteína de fusión de la invención, se hibrida bajo condiciones restringentes con
 10 cuando menos dos secuencias de nucleótidos, cada una codificando un polipéptido de antígeno seleccionado a partir del grupo que consiste en Ct-681 (Momp) o un fragmento inmunogénico del mismo, Ct-871 (PmpG) o un fragmento inmunogénico del mismo, Ct-812 (PmpD) o un fragmento inmunogénico del mismo, Ct-089 ó un
 15 fragmento inmunogénico del mismo, Ct-858 ó un fragmento inmunogénico del mismo, Ct-875 ó un fragmento inmunogénico del mismo, Ct-460 (swib) o un fragmento inmunogénico del mismo, y Ct-622 ó un fragmento inmunogénico del mismo. Las secuencias de polinucleótidos que codifican los antígenos individuales del
 20 polipéptido de fusión, por consiguiente, incluyen variantes conservadoramente modificadas, variantes polimórficas, alelos, mutantes, sub-secuencias, fragmentos inmunogénicos, y homólogos inter-especies de Ct-681 (Momp), Ct-871 (PmpG), Ct-812 (PmpD), Ct-089, Ct-858, Ct-875, Ct-460 (swib), y Ct-622. Las secuencias de
 25 polinucleótidos que codifican los polipéptidos individuales de la

proteína de fusión pueden estar en cualquier orden.

En algunas modalidades, los polipéptidos individuales de la proteína de fusión están en orden (término N a C) desde grandes hasta pequeños. Los antígenos grandes son de un tamaño de
 5 aproximadamente 30 a 150 kD, los antígenos medianos son de un tamaño de aproximadamente 10 a 30 kD, y los antígenos pequeños son de un tamaño de aproximadamente menos de 10 kD. La secuencia que codifique el polipéptido individual puede ser tan pequeña como, por ejemplo, un fragmento inmunogénico, tal como un
 10 epítipo CTL individual que codifique de aproximadamente 8 a 9 aminoácidos, o, por ejemplo, un epítipo de HTL ó de células-B. El fragmento también puede incluir múltiples epítipos.

Una proteína de fusión de la invención se enlaza específicamente con los anticuerpos reproducidos contra cuando
 15 menos dos polipéptidos de antígeno seleccionados a partir de Ct-681 (Momp) o un fragmento inmunogénico del mismo, Ct-871 (PmpG) o un fragmento inmunogénico del mismo, Ct-812 (PmpD) o un fragmento inmunogénico del mismo, Ct-089 ó un fragmento inmunogénico del mismo, Ct-858 ó un fragmento inmunogénico del
 20 mismo, Ct-875 ó un fragmento inmunogénico del mismo, Ct-460 (swib) o un fragmento inmunogénico del mismo, y Ct-622 ó un fragmento inmunogénico del mismo. Los anticuerpos pueden ser policlonales o monoclonales. Opcionalmente, el polipéptido de fusión se enlaza específicamente con los anticuerpos reproducidos contra
 25 la unión de fusión de los antígenos, cuyos anticuerpos no se enlazan

con los antígenos individualmente, es decir, cuando no son parte de una proteína de fusión. Los polipéptidos de fusión opcionalmente comprenden polipéptidos adicionales, por ejemplo 3,4, 5, 6, o más polipéptidos, y hasta aproximadamente 25 polipéptidos, 5 opcionalmente polipéptidos heterólogos o polipéptidos homólogos repetidos, fusionados a cuando menos dos antígenos. Los polipéptidos adicionales de la proteína de fusión se derivan opcionalmente a partir de *Chlamydia*, así como de otras fuentes, tales como otras fuentes bacterianas, virales, o de invertebrados, 10 vertebrados, o mamíferos. Los polipéptidos individuales de la proteína de fusión pueden estar en cualquier orden. Como se describe en la presente, la proteína de fusión también se puede enlazar a otras moléculas, incluyendo polipéptidos adicionales. Las composiciones de la invención también pueden comprender 15 polipéptidos adicionales que no se enlacen con las proteínas de fusión de la invención. Estos polipéptidos adicionales pueden ser polipéptidos heterólogos u homólogos.

El término "fusionado" se refiere al enlace covalente entre dos polipéptidos en una proteína de fusión. Los polipéptidos típicamente 20 se unen mediante un enlace peptídico, ya sea directamente unos con otros, o por medio de un enlazador de aminoácidos. Opcionalmente, los péptidos se pueden unir por medio de enlaces covalentes no peptídicos conocidos por los expertos en este campo.

"FL" se refiere a longitud completa, es decir, un polipéptido que 25 es de la misma longitud que el polipéptido de tipo silvestre.

El término "fragmento inmunogénico del mismo" se refiere a un polipéptido que comprende un epítipo que es reconocido por los linfocitos-T citotóxicos, los linfocitos-T auxiliares, o las células-B. Los métodos para determinar las regiones de epítipos de una
5 secuencia se describen en cualquier otra parte de la presente. Adecuadamente, el fragmento inmunogénico comprenderá cuando menos el 30 por ciento, adecuadamente cuando menos el 50 por ciento, en especial cuando menos el 75 por ciento, y en particular cuando menos el 90 por ciento (por ejemplo, el 95 por ciento o el 98
10 por ciento) de los aminoácidos de la secuencia de referencia. El fragmento inmunogénico adecuadamente comprenderá todas las regiones de epítipos de la secuencia de referencia.

Un adyuvante se refiere a los componentes en una vacuna o composición terapéutica que aumentan la respuesta inmune
15 específica al antígeno (véase, por ejemplo, Edelman, *AIDS Res. Hum Retroviruses* 8:1409-1411 (1992)). Los adyuvantes inducen respuestas inmunes del tipo Th1 y del tipo Th2. Las citoquinas del tipo Th1 (por ejemplo, IFN- γ , IL-2, e IL-12) tienden a favorecer la inducción de la respuesta inmune mediada por células a un antígeno
20 administrado, mientras que las citoquinas tipo Th2 (por ejemplo, IL-4, IL-5, IL-6, IL-10, y TNF β) tienden a favorecer la inducción de las respuestas inmunes humorales. Se puede emplear cualquiera de una variedad de adyuvantes en las vacunas de esta invención para mejorar la respuesta inmune. Algunos adyuvantes contienen una
25 sustancia diseñada para proteger al antígeno del catabolismo rápido,

tal como hidróxido de aluminio o aceite mineral, y un estimulante específico o no específico de las respuestas inmunes, tal como lípido A, *Bordetella pertussis* ó *Mycobacterium tuberculosis*. Los adyuvantes adecuados están comercialmente disponibles e incluyen, por ejemplo, Adyuvante Incompleto de Freund y Adyuvante Completo de Freund (Difco Laboratories), y Adyuvante Merck 65 (Merck and Company, Inc., Rahway, N. J.). Otros adyuvantes adecuados incluyen alum, microesferas biodegradables, monofosforil-lípido A, quil A, SBAS1c, SBAS2 (Ling y colaboradores, 1997, *Vaccine* 15:1562-1567), SBAS7, $Al(OH)_3$, y oligonucleótido CpG (Publicación Internacional Número WO96/02555). Los adyuvantes adecuados para utilizarse en la invención se discuten con mayor detalle más adelante.

“Ácido nucleico” se refiere a los desoxirribonucleótidos o ribonucleótidos y polímeros de los mismos ya sea en forma de una sola cadena o de doble cadena. El término abarca los ácidos nucleicos que contienen análogos de nucleótidos conocidos o residuos de estructura base modificados o enlaces, que son sintéticos, que se presentan naturalmente, y que no se presentan naturalmente, que tienen propiedades de enlace similares a las del ácido nucleico de referencia, y que se metabolizan de una manera similar a los nucleótidos de referencia. Los ejemplos de estos análogos incluyen, sin limitación, fosforotioatos, fosforamidatos, fosfonatos de metilo, fosfonatos de metilo quirales, ribonucleótidos de 2-O-metilo, ácidos nucleicos peptídicos (PNAs).

A menos que se indique de otra manera, una secuencia de ácido nucleico particular también abarca implícitamente las variantes conservadoramente modificadas de la misma (por ejemplo, sustituciones de codones degenerados) y secuencias complementarias, así como la secuencia explícitamente indicada. De una manera específica, se pueden lograr sustituciones de codones degenerados mediante la generación de secuencias en donde la tercera posición de uno o más seleccionados (o todos) está sustituida con residuos de bases mixtas y/o de desoxi-inosina (Batzer y colaboradores, *Nucleic Acid Res.* 19:5081 (1991); Ohtsuka y colaboradores, *J. Biol. Chem.* 260:2605-2608 (1985); Rossolini y colaboradores, *Mol. Cell. Probes* 8:91-98 (1994)). El término "ácido nucleico" se utiliza de una manera intercambiable con gen, ADNc, ARNm, oligonucleótido, y polinucleótido.

Los términos "polipéptido", "péptido", y "proteína", se utilizan de una manera intercambiable en la presente para referirse a un polímero de residuos de aminoácidos. Los términos también se aplican a los polímeros de aminoácidos en donde uno o más residuos de aminoácidos son un mimético químico artificial de un aminoácido que se presente naturalmente correspondiente, así como a los polímeros de aminoácidos que se presenten naturalmente y a los polímeros de aminoácidos que no se presenten naturalmente.

El término "aminoácido" se refiere a los aminoácidos que se presentan naturalmente y sintéticos, así como a los análogos de aminoácidos y a los miméticos de aminoácidos que funcionen de una

manera similar a los aminoácidos que se presenten naturalmente. Los aminoácidos que se presentan naturalmente son aquéllos codificados por el código genético, así como los aminoácidos que se modifican posteriormente, por ejemplo hidroxiprolina, γ -carboxi-glutamato, y O-fosfoserina. Análogos de aminoácidos se refieren a los compuestos que tienen la misma estructura química básica que el aminoácido que se presenta naturalmente, es decir, un átomo de carbono- α que se enlaza con un hidrógeno, un grupo carboxilo, un grupo amino, y un grupo R, por ejemplo homoserina, norleucina, sulfóxido de metionina, metionina-metil-sulfonio. Estos análogos tienen grupos R modificados (por ejemplo, norleucina) o estructuras base peptídicas modificadas, pero retienen la misma estructura química básica que el aminoácido que se presenta naturalmente. Los miméticos de aminoácidos se refieren a los compuestos químicos que tienen una estructura que es diferente de la estructura química general de un aminoácido, pero que funcionan de una manera similar a un aminoácido que se presenta naturalmente.

Los aminoácidos pueden ser referidos en la presente ya sea por sus símbolos de tres letras comúnmente conocidos, o bien por los símbolos de una letra recomendados por la Comisión de Nomenclatura Bioquímica de IUPAC-IUB. De la misma manera, los nucleótidos pueden ser referidos por sus códigos de una sola letra comúnmente aceptados.

"Variantes conservadoramente modificadas" se aplica tanto a las secuencias de aminoácidos como de ácidos nucleicos. Con

respecto a las secuencias de ácidos nucleicos particulares, las variantes conservadoramente modificadas se refieren a los ácidos nucleicos que codifican secuencias de aminoácidos idénticas o esencialmente idénticas, o en donde el ácido nucleico no codifica una secuencia de aminoácidos, hasta las secuencias esencialmente idénticas. Debido a la degeneración del código genético, un gran número de ácidos nucleicos funcionalmente idénticos codifican cualquier proteína dada. Por ejemplo, los codones GCA, GCC, GCG, y GCU codifican todos el aminoácido alanina. Por consiguiente, en cada posición en donde una alanina sea especificada por un codón, el codón se puede alterar hasta cualquiera de los codones correspondientes descritos sin alterar el polipéptido codificado. Estas variaciones de ácidos nucleicos son "variaciones silenciosas", las cuales son una especie de variaciones conservadoramente modificadas. Cada secuencia de ácido nucleico de la presente que codifique un polipéptido, también describe cada variación silenciosa posible del ácido nucleico. Un experto reconocerá que cada codón en un ácido nucleico (excepto AUG, que ordinariamente es el único codón para metionina, y TGG, que ordinariamente es el único codón para triptófano) se puede modificar para producir una molécula funcionalmente idéntica. De conformidad con lo anterior, cada variación silenciosa de un ácido nucleico que codifique un polipéptido es implícita en cada secuencia descrita.

Un polinucleótido de la invención puede contener un número de variaciones silenciosas (por ejemplo, se pueden alterar de 1-5, en

particular 1 ó 2, y en especial un codón), al compararse con la secuencia de referencia. Un polinucleótido de la invención puede contener un número de variaciones conservadoras no silenciosas (por ejemplo, se pueden alterar de 1 a 5, en particular 1 ó 2, y en
5 en especial un codón) al compararse con la secuencia de referencia. Los expertos en este campo reconocerán que una secuencia de polinucleótido particular puede contener variaciones conservadoras tanto silenciosas como no silenciosas.

Con respecto a las secuencias de aminoácidos, un experto
10 reconocerá que las sustituciones, supresiones, o adiciones individuales a un ácido nucleico, péptido, polipéptido, o secuencia de proteína, que alteren, agreguen, o supriman un solo aminoácido o un pequeño porcentaje de aminoácidos en la secuencia codificada, son una "variante conservadoramente modificada", en donde la alteración
15 dé como resultado la sustitución de un aminoácido con un aminoácido químicamente similar. Las tablas de sustituciones conservadoras que proporcionan aminoácidos funcionalmente similares son bien conocidas en la materia. Estas variantes conservadoramente modificadas son en adición a, y no excluyen, las
20 variantes polimórficas, los homólogos inter-especies, y los alelos de la invención.

Un polipéptido de la invención puede contener un número de variaciones conservadoras (por ejemplo, se pueden alterar de 1 a 5, en particular 1 ó 2, y en especial un residuo de aminoácido), al
25 compararse con la secuencia de referencia. En general, estas

sustituciones conservadoras caerán dentro de una de las agrupaciones de aminoácidos especificadas en seguida, aunque, en algunas circunstancias, son posibles otras sustituciones sin afectar sustancialmente las propiedades inmunogénicas del antígeno. Los
 5 siguientes ocho grupos contienen cada uno los aminoácidos que son sustituciones conservadoras unos por otros:

- 1) Alanina (A), Glicina (G);
- 2) Ácido aspártico (D), Ácido glutámico (E);
- 3) Asparagina (N), Glutamina (Q);
- 10 4) Arginina (R), Lisina (K);
- 5) Isoleucina (I), Leucina (L), Metionina (M), Valina (V);
- 6) Fenilalanina (F), Tirosina (Y), Triptófano (W);
- 7) Serina (S), Treonina (T); y
- 8) Cisteína (C), Metionina (M)
- 15 (véase, por ejemplo, Creighton, *Proteins* (1984)).

Adecuadamente, las sustituciones de aminoácidos están restringidas a las regiones que no son epítomos de un antígeno.

Las variantes de secuencias de polipéptidos también pueden incluir aquéllas en donde se inserten aminoácidos adicionales, comparándose con la secuencia de referencia, por ejemplo, estas
 20 inserciones pueden presentarse en una o dos localizaciones (adecuadamente una), y pueden involucrar la adición de 50 o menos aminoácidos (tal como 20 ó menos, en particular 10 ó menos, en especial 5 ó menos) en cada localización. Adecuadamente, estas
 25 inserciones no se presentan en la región de un epítomo, y por

consiguiente, no tienen un impacto significativo sobre las propiedades inmunogénicas del antígeno. Un ejemplo de inserciones incluye un estiramiento corto de residuos de histidina (por ejemplo, de 1 a 6 residuos), para ayudar a la expresión y/o purificación del antígeno en cuestión.

Otras variantes de polipéptidos incluyen aquéllas en donde se han suprimido aminoácidos, comparándose con la secuencia de referencia, por ejemplo, estas supresiones pueden presentarse en una o dos localizaciones (adecuadamente una), y, por ejemplo, pueden involucrar la supresión de 50 ó menos aminoácidos (tal como 20 ó menos, en particular 10 ó menos, en especial 5 ó menos) en cada localización. Adecuadamente, estas inserciones no se presentan en la región de un epítipo, y por consiguiente, no tienen un impacto significativo sobre las propiedades inmunogénicas del antígeno.

Los métodos para determinar las regiones de epítopos de un antígeno se describen y se ejemplifican en cualquier otra parte de la presente.

El término "heterólogo", cuando se utiliza con referencia a porciones de un ácido nucleico, indica que el ácido nucleico comprende dos o más sub-secuencias que no se encuentran en la misma relación una con la otra en la naturaleza. Por ejemplo, el ácido nucleico típicamente se produce de una manera recombinante, teniendo dos o más secuencias a partir de genes no relacionados configurados para formar un nuevo ácido nucleico funcional, por

ejemplo un promotor a partir de una fuente, y una región codificante a partir de otra fuente. De una manera similar, una proteína heteróloga indica que la proteína comprende dos o más subsecuencias que no se encuentran en la misma relación una con la otra en la naturaleza (por ejemplo, una proteína de fusión).

La frase "se hibrida selectivamente (o específicamente) a", se refiere al enlace, duplexión, o hibridación de una molécula solamente a una secuencia de nucleótidos particular bajo condiciones de hibridación restringentes, cuando esa secuencia está presente en una mezcla compleja (por ejemplo, ADN ó ARN celular total o de biblioteca).

La frase "condiciones de hibridación restringentes" se refiere a las condiciones bajo las cuales una sonda se hibridará a su subsecuencia objetivo, típicamente en una mezcla compleja de ácido nucleico, pero no a otras secuencias. Las condiciones restringentes dependen de la secuencia, y serán diferentes en diferentes circunstancias. Las secuencias más largas se hibridarán específicamente a temperaturas más altas. Se encuentra una guía extensa de la hibridación de ácidos nucleicos en Tijssen, *Techniques in Biochemistry and Molecular Biology-Hybridization with Nucleic Probes*, "Overview of principles of hybridization and the strategy of nucleic acid assays" (1993). En términos generales, las condiciones restringentes se seleccionan para ser de aproximadamente 5 a 10°C más bajos que el punto de fusión térmica (T_m) para la secuencia específica a un pH de concentración iónica definida. La T_m es la

temperatura (bajo una concentración iónica, pH, y concentración de ácido nucleico definidos) a la cual el 50 por ciento de las sondas complementarias para el objetivo se hibridan a la secuencia objetivo en equilibrio (debido a que las secuencias objetivo están presentes en exceso, a la T_m , el 50 por ciento de las sondas están ocupadas en equilibrio). Las condiciones restringentes serán aquéllas en donde la concentración de sal es menor de aproximadamente 1.0M de ión de sodio, típicamente de aproximadamente 0.01 a 1.0M de concentración de ión de sodio (o de otras sales) a un pH de 7.0 a 8.3, y la temperatura es de cuando menos aproximadamente 30°C para las sondas cortas (por ejemplo, de 10 a 50 nucleótidos), y de cuando menos aproximadamente 60°C para las sondas largas (por ejemplo, mayores de 50 nucleótidos). También se pueden lograr las condiciones restringentes con la adición de agentes desestabilizantes, tales como formamida. Para la hibridación selectiva o específica, una señal positiva es cuando menos de dos veces el fondo, opcionalmente una hibridación de 10 veces el fondo. Las condiciones de hibridación restringentes de ejemplo pueden ser como sigue: 50 por ciento de formamida, SSC 5x, y SDS al 1 por ciento, incubación a 42°C, ó SSC 5x, SDS al 1 por ciento, incubación a 65°C, con lavado en SSC 0.2x, y SDS al 0.1 por ciento a 65°C.

Los ácidos nucleicos que no se hibriden unos a otros bajo condiciones restringentes, todavía son sustancialmente idénticos si los polipéptidos que codifican son sustancialmente idénticos. Esto ocurre, por ejemplo, cuando se crea una copia de un ácido nucleico

utilizando la máxima degeneración de codones permitida por el código genético. En estos casos, los ácidos nucleicos típicamente se hibridan bajo condiciones de hibridación moderadamente restringentes. Las "condiciones de hibridación moderadamente restringentes" incluyen una hibridación en un regulador de formamida al 40 por ciento, NaCl 1M, SDS al 1 por ciento, a 37°C, y un lavado en SSC 1X a 45°C. Una hibridación positiva es cuando menos el doble del fondo. Los expertos ordinarios reconocerán fácilmente que se pueden utilizar condiciones de hibridación y de lavado alternativas para proporcionar condiciones de restringencia similar.

"Anticuerpo" se refiere a un polipéptido que comprende una región de estructura a partir de un gen de inmunoglobulina o fragmentos del mismo, que se enlace específicamente con, y reconozca, un antígeno. Los genes de inmunoglobulina reconocidos incluyen los genes de región constante kappa, lambda, alfa, gamma, delta, épsilon, y mu, así como la miríada de genes de región variable de inmunoglobulina. Las cadenas ligeras se clasifican como kappa o lambda. Las cadenas pesadas se clasifican como gamma, mu, alfa, delta, o épsilon, que a su vez define las clases de inmunoglobulina, IgG, IgM, IgA, IgD, e IgE, respectivamente.

Una unidad estructural de inmunoglobulina de ejemplo (anticuerpo) comprende un tetrámero. Cada tetrámero está compuesto de dos pares idénticos de cadenas de polipéptido, teniendo cada par una cadena "ligera" de aproximadamente 25 kDa) y una cadena "pesada" (de aproximadamente 50 a 70 kDa). El

término N de cada cadena define una región variable de aproximadamente 100 a 110 ó más aminoácidos primordialmente responsables del reconocimiento del antígeno. Los términos "cadena ligera variable" (V_L) y "cadena pesada variable" (V_H) se refieren a estas cadenas ligera y pesada, respectivamente.

Los anticuerpos existen, por ejemplo, como inmunoglobulinas intactas, o como un número de fragmentos bien caracterizados producidos por la digestión con diferentes peptidasas. Por consiguiente, por ejemplo, la pepsina digiere un anticuerpo debajo de los enlaces de disulfuro en la región de articulación para producir $F(ab)'_2$, un dímero de Fab que por sí mismo es una cadena ligera unida a V_H-C_H1 por un enlace de disulfuro. El $F(ab)'_2$ se puede reducir bajo condiciones ligeras para romper el enlace de disulfuro en la región de articulación, convirtiendo de esta manera el dímero de $F(ab)'_2$ en un monómero de Fab'. El monómero de Fab' es esencialmente Fab con parte de la región de articulación (véase *Fundamental Immunology* (Paul, editor, Tercera Edición, 1993)). Aunque se definen diferentes fragmentos de anticuerpos en términos de la digestión de un anticuerpo intacto, un experto apreciará que estos fragmentos se pueden sintetizar *de novo*, ya sea químicamente, o bien utilizando metodología de ADN recombinante. Por consiguiente, el término "anticuerpo", como se utiliza en la presente, también incluye fragmentos de anticuerpos, ya sea producidos mediante la modificación de anticuerpos enteros, o aquéllos sintetizados *de novo* utilizando metodologías de ADN

recombinante (por ejemplo, Fv de una sola cadena), o aquéllos identificados utilizando bibliotecas de exhibición de fagos (véase, por ejemplo, McCafferty y colaboradores, *Nature* 348:552-554 (1990)).

5 Para la preparación de anticuerpos monoclonales o policlonales, se puede emplear cualquier técnica conocida en este campo (véase, por ejemplo, Kohler y Milstein, *Nature* 256:495-497 (1975); Kozbor y colaboradores, *Immunology Today* 4:72 (1983); Cole y colaboradores, páginas 77-96 en *Monoclonal Antibodies and Cancer Therapy* (1985)). Las técnicas para la producción de anticuerpos de una sola cadena (Patente de los Estados Unidos de Norteamérica Número 4,946,778) se pueden adaptar para producir anticuerpos para los polipéptidos de esta invención. También, se pueden utilizar ratones transgénicos u otros organismos, tales como otros mamíferos, para expresar anticuerpos humanizados. De una
10 manera alternativa, se puede emplear la tecnología de exhibición de fagos para identificar los anticuerpos y los fragmentos Fab heteroméricos que se enlacen específicamente con antígenos seleccionados (véase, por ejemplo, McCafferty y colaboradores, *Nature* 348:552-554 (1990); Marks y colaboradores, *Biotechnology* 10:779-783 (1992)).
20

La frase "se enlaza específicamente (o selectivamente)" a un anticuerpo, o "es específicamente (o selectivamente) inmuno-reactivo con", cuando se refiere a una proteína o péptido, se refiere a una reacción de enlace que es determinante de la presencia de la
25 proteína en una población heterogénea de proteínas y otros

productos biológicos. Por consiguiente, bajo las condiciones del inmunoensayo diseñadas, los anticuerpos especificados se enlazan con una proteína particular cuando menos dos veces el fondo, y no se enlazan sustancialmente en una cantidad significativa con otras proteínas presentes en la muestra. El enlace específico con un anticuerpo bajo estas condiciones puede requerir que un anticuerpo se seleccione por su especificidad para una proteína particular. Por ejemplo, se pueden seleccionar los anticuerpos policlonales reproducidos para proteínas de fusión con el fin de obtener solamente los anticuerpos policlonales que sean específicamente inmuno-reactivos con la proteína de fusión y no con los componentes individuales de las proteínas de fusión. Esta selección se puede lograr sustrayendo los anticuerpos que reaccionen cruzadamente con los antígenos individuales. Se pueden utilizar una variedad de formatos de inmunoensayo para seleccionar los anticuerpos específicamente inmuno-reactivos con una proteína particular. Por ejemplo, se utilizan rutinariamente los inmunoensayos ELISA en fase sólida para seleccionar los anticuerpos específicamente inmuno-reactivos con una proteína (véase, por ejemplo, Harlow y Lane, *Antibodies, A Laboratory Manual* (1988), para una descripción de los formatos y condiciones de inmunoensayo que se pueden utilizar para determinar la inmuno-reactividad específica). Típicamente, una reacción específica o selectiva será cuando menos el doble de la señal de fondo o ruido, y más típicamente será más de 10 a 100 veces el fondo.

Los polinucleótidos pueden comprender una secuencia nativa (es decir, una secuencia endógena que codifique un antígeno individual o una porción del mismo), o pueden comprender una variante de esta secuencia. Las variantes de polinucleótidos pueden
5 contener una o más sustituciones, adiciones, supresiones, y/o inserciones, de tal manera que no se disminuya la actividad biológica del polipéptido de fusión codificado, en relación con un polipéptido de fusión que comprenda antígenos nativos. Las variantes de preferencia exhiben una identidad de cuando menos
10 aproximadamente el 70 por ciento, más preferiblemente una identidad de cuando menos aproximadamente el 80 por ciento, y muy preferiblemente una identidad de cuando menos aproximadamente el 90 por ciento con una secuencia de polinucleótido que codifique un polipéptido nativo o una porción del mismo.

15 Los términos "idéntico" o porcentaje de "identidad", en el contexto de dos o más ácidos nucleicos o secuencias de polipéptidos, se refieren a dos o más secuencias o sub-secuencias que son iguales o tienen un porcentaje especificado de residuos de aminoácidos o nucleótidos que son iguales (es decir, identidad del
20 70 por ciento, opcionalmente identidad del 75 por ciento, del 80 por ciento, del 85 por ciento, del 90 por ciento, o del 95 por ciento (por ejemplo, del 98 por ciento) sobre una región especificada), al compararse y alinearse para una máxima correspondencia sobre una ventana de comparación, o una región diseñada como se mida
25 utilizando uno de los siguientes algoritmos de comparación de

secuencias, o mediante alineación manual e inspección visual. Entonces se dice que estas secuencias son “sustancialmente idénticas”. Esta definición también se refiere al complemento de una secuencia de prueba. Opcionalmente, la identidad existe sobre una
 5 región que sea de cuando menos aproximadamente 25 a aproximadamente 50 aminoácidos o nucleótidos de longitud, u opcionalmente sobre una región que sea de 75 a 100 aminoácidos o nucleótidos de longitud.

Para la comparación de secuencias, típicamente una secuencia
 10 actúa como una secuencia de referencia, con la cual se comparan las secuencias de prueba. Cuando se utiliza un algoritmo de comparación de secuencias, las secuencias de prueba y de referencia se introducen en una computadora, se designan las coordenadas de la sub-secuencia, si es necesario, y se designan los
 15 parámetros del programa del algoritmo de secuencias. Se pueden utilizar los parámetros del programa por omisión, o se pueden designar parámetros alternativos. Entonces el algoritmo de comparación de secuencias calcula el porcentaje de identidad de secuencias para las secuencias de prueba en relación con la
 20 secuencia de referencia, basándose en los parámetros del programa.

Una “ventana de comparación”, como se utiliza en la presente, incluye la referencia a un segmento de cualquiera del número de posiciones contiguas seleccionadas a partir del grupo que consiste en 25 a 500, usualmente de aproximadamente 50 a aproximadamente
 25 200, más usualmente de aproximadamente 100 a aproximadamente

150, en donde se puede comparar una secuencia con una secuencia de referencia del mismo número de posiciones contiguas después de que se alinean óptimamente las dos secuencias. Los métodos de alineación de secuencias para comparación son bien conocidos en la técnica. La alineación óptima de secuencias para comparación se puede conducir, por ejemplo, mediante el algoritmo de homología local de Smith y Waterman, *Adv. Appl. Math.* 2:482 (1981), mediante el algoritmo de alineación de homología de Needleman y Wunsch, *J. Mol. Biol.* 48:443 (1970), mediante el método de búsqueda de similitudes de Pearson y Lipman, *Proc. Nat'l. Acad. Sci. EUA* 85:2444 (1988), mediante implementaciones computarizadas de estos algoritmos (GAP, BESTFIT, FASTA, y TFASTA en el Wisconsin Genetics Software Package, Genetics Computer Group, 575 Science Dr., Madison, WI), o mediante alineación manual e inspección visual (véase, por ejemplo, *Current Protocols in Molecular Biology* (Ausubel y colaboradores, editores, suplemento 1995)).

Un ejemplo de un algoritmo útil es el PILEUP. PILEUP crea una alineación de múltiples secuencias a partir de un grupo de secuencias relacionadas, utilizando alineaciones progresivas por pares, para mostrar la relación y el porcentaje de identidad de secuencias. También grafica un árbol o dendograma que muestra las relaciones de agrupación utilizadas para crear la alineación. PILEUP utiliza una simplificación del método de alineación progresiva de Feng y Doolittle, *J. Mol. Evol.* 35:351-360 (1987). El método empleado es similar al método descrito por Higgins y Sharp, *CABIOS*

5:151-153 (1989). El programa puede alinear hasta 300 secuencias, cada una de una longitud máxima de 5,000 nucleótidos o aminoácidos. El procedimiento de alineación múltiple empieza con la alineación por pares de las dos secuencias más similares, produciendo un racimo de dos secuencias alineadas. Este racimo se alinea entonces con la siguiente secuencia más relacionada o racimo de secuencias alineadas. Dos racimos de secuencias se alinean mediante una extensión simple de la alineación por pares de dos secuencias individuales. La alineación final se logra mediante una serie de alineaciones progresivas por pares. El programa se ejecuta mediante la designación de secuencias específicas y sus coordenadas de aminoácidos o nucleótidos para las regiones de comparación de secuencias, y mediante la designación de los parámetros del programa. Utilizando PILEUP, se compara una secuencia de referencia con otras secuencias de prueba para determinar la relación del porcentaje de identidad de secuencias, utilizando los siguientes parámetros: peso de hueco por omisión (3.00), peso de longitud de hueco por omisión (0.10), y huecos de extremo ponderados. PILEUP se puede obtener del paquete de software de análisis de secuencias GCG, por ejemplo, versión 7.0 (Devereaux y colaboradores, *Nuc. Acids Res.* 12:387-395 (1984)).

Otro ejemplo de algoritmos que son adecuados para determinar el porcentaje de identidad de secuencias y de similitud de secuencias, son los algoritmos BLAST y BLAST 2.0, que se describen en Altschul y colaboradores, *Nuc. Acids Res.* 25:3389-

3402 (1977), y Altschul y colaboradores, *J. Mol. Biol.* 215:403-410 (1990), respectivamente. El software para llevar a cabo los análisis BLAST está públicamente disponible a través del National Center for Biotechnology Information (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>). Este

5 algoritmo involucra identificar primeramente los pares de secuencias de alto puntaje (HSPs), mediante la identificación de palabras cortas de una longitud W en la secuencia requerida, que concuerden o satisfagan algún puntaje umbral de valor positivo T al alinearse con una palabra de la misma longitud en una secuencia de una base de

10 datos. T es referido como el umbral de puntaje de palabra vecina (Altschul y colaboradores, *supra*). Estos impactos de palabra vecina iniciales actúan como semillas para iniciar las búsquedas con el fin de encontrar HSPs más largos que las contengan. Los impactos de palabra se extienden en ambas direcciones a lo largo de cada

15 secuencia por tanto como se pueda aumentar el puntaje de alineación acumulativo. Los puntajes acumulativos se calculan utilizando, para las secuencias de nucleótidos, los parámetros M (puntaje de recompensa para un par de residuos emparejados; siempre >0) y N (puntaje de multa para los residuos mal emparejados; siempre <0).

20 Para las secuencias de aminoácidos, se utiliza una matriz de puntaje para calcular el puntaje acumulativo. La extensión de los impactos de palabra en cada dirección se detienen cuando: el puntaje de alineación acumulativo cae fuera por la cantidad X desde su máximo valor alcanzado; el puntaje acumulativo

25 llega a cero o menos, debido a la acumulación de una o más

alineaciones de residuos de puntaje negativo; o se alcanza el final de cualquier secuencia. Los parámetros W, T, y X del algoritmo BLAST determinan la sensibilidad y velocidad de la alineación. El programa BLASTN (para secuencias de nucleótidos) utiliza por omisión una longitud de palabra (W) de 11, una expectativa (E) de 10, M=5, N=-4, y una comparación de ambas cadenas. Para las secuencias de aminoácidos, el programa BLASTP utiliza por omisión una longitud de palabra de 3, y una expectativa (E) de 10, y la matriz de puntaje BLOSUM62 (ver Henikoff y Henikoff, *Proc. Natl. Acad. Sci. EUA* 89:10915 (1989)), alineaciones (B) de 50, expectativa (E) de 10, M=5, N=-4, y una comparación de ambas cadenas.

El algoritmo BLAST también lleva a cabo un análisis estadístico de la similitud entre dos secuencias (véase, por ejemplo, Karlin y Altschul, *Proc. Natl. Acad. Sci. EUA* 90:5873-5787 (1993)). Una medida de similitud proporcionada por el algoritmo BLAST es la probabilidad de suma más pequeña ($P(N)$), que proporciona una indicación de la probabilidad por la cual ocurriría un emparejamiento entre dos secuencias de nucleótidos o de aminoácidos por azar. Por ejemplo, un ácido nucleico se considera similar a una secuencia de referencia si la probabilidad de suma más pequeña en una comparación del ácido nucleico de prueba con el ácido nucleico de referencia es menor de aproximadamente 0.2, más preferiblemente menor de aproximadamente 0.01 y de una manera muy preferible menor de aproximadamente 0.001.



COMPOSICIONES DE POLINUCLEÓTIDOS

Como se utilizan en la presente, los términos "segmento de ADN" y "polinucleótido" se refieren a una molécula de ADN que se ha aislado para liberarse del ADN genómico total de una especie particular. Por consiguiente, un segmento de ADN que codifique un polipéptido se refiere a un segmento de ADN que contiene una o más secuencias de codificación, y no obstante, está sustancialmente aislado de, o purificado para liberarse de, el ADN genómico total de la especie a partir de la cual se obtenga el segmento de ADN. Dentro de los términos "segmento de ADN" y "polinucleótido" se incluyen los segmentos de ADN y los fragmentos más pequeños de estos segmentos, y también vectores recombinantes, incluyendo, por ejemplo, plásmidos, cósmidos, fagémidos, fagos, virus, y similares.

Como será entendido por los expertos en este campo, los segmentos de ADN de esta invención pueden incluir secuencias genómicas, secuencias extra-genómicas y codificadas por plásmidos, y segmentos genéticos diseñados más pequeños que expresen, o que se puedan adaptar para expresar, proteínas, polipéptidos, péptidos, y similares. Estos segmentos se pueden aislar naturalmente, o pueden ser modificados sintéticamente por la mano del hombre.

Los términos "aislado", "purificado", o "biológicamente puro", por consiguiente, se refieren al material que está sustancialmente o esencialmente libre de los componentes que lo acompañan normalmente como se encuentra en su estado nativo. Desde luego,

esto se refiere al segmento de ADN como se aísla originalmente, y no excluye a otras proteínas aisladas, genes, o regiones codificantes posteriormente agregadas a la composición por la mano del hombre. La pureza y homogeneidad se determinan típicamente utilizando técnicas de química analítica, tales como electroforesis en gel de poliacrilamida o cromatografía de líquidos de alto rendimiento. Una proteína que sea la especie predominante presente en una preparación, está sustancialmente purificada. Un ácido nucleico aislado se separa de otros marcos de lectura abierta que flanqueen el gen, y que codifiquen proteínas diferentes del gen.

Como será reconocido por el experto, los polinucleótidos pueden ser de una sola cadena (codificantes o anti-sentido) o de doble cadena, y pueden ser moléculas de ADN (genómico, ADNc, o sintético) o de ARN. Las moléculas de ARN incluyen las moléculas de ARNHn, que contienen intrones, y corresponden a una molécula de ADN de una manera de uno a uno, y moléculas de ARNm, que no contienen intrones. Puede haber presentes, aunque no necesitan estar, secuencias codificantes o no codificantes adicionales dentro de un polinucleótido de la presente invención, y un polinucleótido se puede enlazar, pero no necesita enlazarse, a otras moléculas y/o materiales de soporte.

Los polinucleótidos pueden comprender una secuencia nativa (es decir, una secuencia endógena que codifique un antígeno de *Chlamydia* o una porción del mismo), o pueden comprender una variante, o un equivalente funcional biológico o antigénico de esta

secuencia. Las variantes de polinucleótidos pueden contener una o más sustituciones, adiciones, supresiones, y/o inserciones, como se describe adicionalmente más adelante, de preferencia de tal manera que no se disminuya la inmunogenicidad del polipéptido codificado, en relación con una proteína de tumor nativa. El efecto sobre la inmunogenicidad del polipéptido codificado se puede evaluar en general como se describe en la presente. El término "variantes" también abarca los genes homólogos de origen xenogénico.

En las modalidades adicionales, la presente invención proporciona polinucleótidos y polipéptidos aislados que comprenden diferentes longitudes de estiramientos contiguos de secuencias idénticas a, o complementarias para, una o más de las secuencias dadas a conocer en la presente. Por ejemplo, la presente invención proporciona polinucleótidos que comprenden cuando menos aproximadamente 15, 20, 30, 40, 50, 75, 100, 150, 200, 300, 400, 500 ó 1,000 o más nucleótidos contiguos de una o más de las secuencias dadas a conocer en la presente, así como todas las longitudes intermedias entre los mismos. Se entenderá fácilmente que "longitudes intermedias", en este contexto, significa cualquier longitud entre los valores citados, tales como 16, 17, 18, 19, etc.; 21, 22, 23, etc.; 30, 31, 32, etc.; 50, 51, 52, 53, etc.; 100, 102, 102, 103, etc.; 150, 151, 152, 153, etc.; incluyendo todos los enteros hasta 200-500; 500-1,000, y similares.

Los polinucleótidos de la presente invención, o fragmentos de los mismos, independientemente de la longitud de la secuencia de

codificación misma, se pueden combinar con otras secuencias de ADN, tales como promotores, señales de poliadenilación, sitios de enzimas de restricción adicionales, sitios de clonación múltiple, otros segmentos codificantes, y similares, de tal manera que su longitud total puede variar considerablemente. Por consiguiente, se contempla que se puede emplear un fragmento de ácido nucleico de casi cualquier longitud, estando la longitud total de preferencia limitada por la facilidad de preparación y uso en el protocolo de ADN recombinante pretendido. Por ejemplo, los segmentos de ADN ilustrativos con longitudes totales de aproximadamente 10,000, de aproximadamente 5,000, de aproximadamente 3,000, de aproximadamente 2,000, de aproximadamente 1,000, de aproximadamente 500, de aproximadamente 200, de aproximadamente 100, de aproximadamente 50 pares de bases de longitud, y similares (incluyendo todas las longitudes intermedias) son contemplados como útiles en muchas implementaciones de esta invención.

Más aún, será apreciado por los expertos ordinarios en este campo que, como resultado de la degeneración del código genético, puede haber muchas secuencias de nucleótidos que codifiquen un polipéptido como se describe en la presente. Algunos de estos polinucleótidos llevan una homología mínima con la secuencia de nucleótidos de cualquier gen nativo. No obstante, la presente invención contempla específicamente polinucleótidos que varíen debido a las diferencias en el uso de codones, por ejemplo

polinucleótidos que se optimicen para la selección de codones humanos y/o de primates. Además, los alelos de los genes que comprendan las secuencias de polinucleótidos proporcionadas en la presente, están dentro del alcance de la presente invención. Los
 5 alelos son genes endógenos que se alteran como un resultado de una o más mutaciones, tales como supresiones, adiciones, y/o sustituciones de nucleótidos. El ARNm y la proteína resultante puede tener, pero no necesita tener, una estructura o función alterada. Los alelos se pueden identificar empleando técnicas convencionales
 10 (tales como hibridación, amplificación, y/o comparación de secuencias de bases de datos).

IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE POLINUCLEÓTIDOS

Los polinucleótidos se pueden identificar, preparar, y/o manipular empleando cualquiera de una variedad de técnicas bien
 15 establecidas. Por ejemplo, un polinucleótido se puede identificar, como se describe con mayor detalle más adelante, mediante el rastreo de un microarreglo de ADNcs. Estos rastreos se pueden llevar a cabo, por ejemplo, utilizando un microarreglo Synteni (Palo Alto, CA) de acuerdo con las instrucciones del fabricante (y
 20 esencialmente como es descrito por Schena y colaboradores, *Proc. Natl. Acad. Sci. EUA* 93:10614-10619 (1996), y Heller y colaboradores, *Proc. Natl. Acad. Sci. EUA* 94:2150-2155 (1997)). De una manera alternativa, los polinucleótidos se pueden amplificar a partir del ADNc preparado a partir de células que expresen las
 25 proteínas descritas en la presente, tales como células de C.

trachomatis. Estos polinucleótidos se pueden amplificar mediante reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Para este planteamiento, se pueden diseñar cebadores específicos de la secuencia basándose en las secuencias proporcionadas en la presente, y se pueden adquirir o sintetizar.

Se puede utilizar una porción amplificada de un polinucleótido de la presente invención para aislar un gen de longitud completa a partir de una biblioteca adecuada (por ejemplo, una biblioteca de ADNc de *C. trachomatis*), empleando técnicas bien conocidas. Dentro de estas técnicas, se rastrea una biblioteca (ADNc o genómica) utilizando una o más sondas de polinucleótidos o cebadores adecuados para la amplificación. De preferencia, una biblioteca se selecciona por tamaño para incluir moléculas más grandes. También se pueden preferir las bibliotecas de cebado aleatorio para identificar las regiones 5' y corriente arriba de los genes. Se prefieren las bibliotecas genómicas para obtener intrones y para extender las secuencias 5'.

Para las técnicas de hibridación, una secuencia parcial se puede marcar (por ejemplo, mediante traducción de apriete o marca de extremo con ^{32}P) empleando técnicas bien conocidas. Entonces se rastrea generalmente una biblioteca bacteriana o de bacteriófagos mediante la hibridación de filtros que contengan colonias bacterianas desnaturalizadas (o pistas que contengan placas de fagos) con la sonda marcada (véase Sambrook y colaboradores, *Molecular Cloning: A Laboratory Manual* (1989)). Las colonias o placas de

hibridación se seleccionan y se expanden, y se aísla el ADN para un análisis adicional. Los clones de ADNc se pueden analizar para determinar la cantidad de secuencia adicional mediante, por ejemplo, reacción en cadena de la polimerasa, utilizando un cebador a partir de la secuencia parcial, y un cebador a partir del vector. Se pueden generar mapas de restricción y secuencias parciales para identificar uno o más clones traslapados. Entonces se puede determinar la secuencia completa empleando técnicas convencionales, que pueden involucrar la generación de una serie de clones de supresión. Las secuencias traslapadas resultantes se pueden ensamblar entonces en una sola secuencia contigua. Se puede generar una molécula de ADNc de longitud completa mediante el ligamiento de fragmentos adecuados, utilizando técnicas bien conocidas.

De una manera alternativa, existen numerosas técnicas de amplificación para obtener una secuencia de codificación de longitud completa a partir de una secuencia de ADNc parcial. Dentro de estas técnicas, la amplificación se lleva a cabo en general por medio de reacción en cadena de la polimerasa. Se puede utilizar cualquiera de una variedad de los kits comercialmente disponibles para llevar a cabo el paso de amplificación. Se pueden diseñar cebadores utilizando, por ejemplo, el software bien conocido en este campo. Los cebadores son de preferencia de 22 a 30 nucleótidos de longitud, y tienen un contenido de GC de cuando menos el 50 por ciento, y se templan a la secuencia objetivo a temperaturas de aproximadamente 68°C a 72°C. La región amplificada se puede

secuenciar como se describe anteriormente, y se ensamblan las secuencias traslapadas en una secuencia contigua.

Una de estas técnicas de amplificación es la reacción en cadena de la polimerasa inversa (véase Triglia y colaboradores, 5 *Nucl. Acids Res.* 16:8186 (1988)), la cual utiliza enzimas de restricción para generar un fragmento en la región conocida del gen. Entonces se circulariza el fragmento mediante ligamiento intramolecular, y se utiliza como una plantilla para la reacción en cadena de la polimerasa, con cebadores divergentes derivados a 10 partir de la región conocida. Dentro de un planteamiento alternativo, se pueden recuperar las secuencias adyacentes a una secuencia parcial mediante amplificación con un cebador para una secuencia enlazadora, y un cebador específico para una región conocida. Las secuencias amplificadas típicamente se someten a una segunda 15 ronda de amplificación con el mismo cebador enlazador y un segundo cebador específico para la región conocida. Una variación de este procedimiento, que emplea dos cebadores que inician la extensión en direcciones opuestas desde la secuencia conocida, se describe en la Publicación Internacional Número WO 96/38591. Otra de estas 20 técnicas se conoce como "amplificación rápida de extremos de ADNc" o "RACE". Esta técnica involucra el uso de un cebador interno y un cebador externo, que se hibrida a una región poliA o secuencia de vector, para identificar secuencias que estén a 5' y 3' de una secuencia conocida. Las técnicas adicionales incluyen reacción en 25 cadena de la polimerasa de captura (Lagerstrom y colaboradores,

PCR Methods Applic. 1:111-19 (1991)), y reacción en cadena de la polimerasa encaminada (Parker y colaboradores, *Nucl. Acids. Res.* 19:3055-60 (1991)). También se pueden emplear otros métodos que empleen amplificación para obtener una secuencia de ADNc de longitud completa.

En ciertas instancias, es posible obtener una secuencia de ADNc de longitud completa mediante el análisis de las secuencias proporcionadas en una base de datos de marca de secuencia expresada (EST), tal como la que está disponible en GenBank. Las búsquedas de las ESTs traslapadas se pueden llevar en general a cabo empleando programas bien conocidos (por ejemplo, búsquedas de NCBI BLAST), y estas ESTs se pueden utilizar para generar una secuencia de longitud completa contigua. También se pueden obtener secuencias de ADN de longitud completa mediante el análisis de fragmentos genómicos.

EXPRESIÓN DE POLINUCLEÓTIDOS EN CÉLULAS HUÉSPED

En otras modalidades de la invención, se pueden utilizar secuencias de polinucleótidos o fragmentos de las mismas que codifiquen los polipéptidos de la invención, o proteínas de fusión o sus equivalentes funcionales, en las moléculas de ADN recombinantes, para dirigir la expresión de un polipéptido en células huésped apropiadas. Debido a la degeneración inherente del código genético, se pueden producir otras secuencias de ADN que codifiquen sustancialmente la misma, o una secuencia de aminoácidos funcionalmente equivalente, y estas secuencias se

pueden utilizar para clonar y expresar un polipéptido dado.

Como será entendido por los expertos en la materia, puede ser conveniente, en algunos casos, producir secuencias de nucleótidos que codifiquen el polipéptido que posean codones que no se presenten naturalmente. Por ejemplo, los codones preferidos por un huésped procariótico o eucariótico particular se pueden seleccionar para aumentar el índice de expresión de proteína, o para producir una transcripción de ARN recombinante que tenga las propiedades deseables, tales como una vida media que sea más larga que aquélla de una transcripción generada a partir de la secuencia que se presente naturalmente.

Más aún, las secuencias de polinucleótidos de la presente invención se pueden diseñar empleando métodos generalmente conocidos en la técnica, con el objeto de alterar las secuencias de codificación del polipéptido por una variedad de razones, incluyendo, pero no limitándose a, alteraciones que modifiquen la clonación, procesamiento, y/o expresión del producto genético. Por ejemplo, se puede emplear mezcla de ADN mediante fragmento aleatoria y reensamble con reacción en cadena de la polimerasa de los fragmentos genéticos y los oligonucleótidos sintéticos, para diseñar las secuencias de nucleótidos. En adición, se puede emplear mutagénesis dirigida al sitio para insertar nuevos sitios de restricción, alterar los patrones de glicosilación, cambiar la preferencia de codones, producir variantes de empalme, o introducir mutaciones, y así sucesivamente.

En otra modalidad de la invención, se pueden ligar secuencias de ácidos nucleicos naturales, modificadas, o recombinantes, a una secuencia heteróloga, para codificar una proteína de fusión. Por ejemplo, con el fin de rastrear bibliotecas de péptidos para
5 determinar inhibidores de actividad de polipéptido, puede ser útil codificar una proteína quimérica que pueda ser reconocida por un anticuerpo comercialmente disponible. También se puede diseñar una proteína de fusión para que contenga un sitio de disociación localizado entre la secuencia que codifique el polipéptido y la
10 secuencia de proteína heteróloga, de tal manera que se pueda disociar el polipéptido y se pueda purificar para separarse de la fracción heteróloga.

Se pueden sintetizar secuencias que codifiquen un polipéptido deseado, del todo o en parte, empleando métodos químicos bien
15 conocidos en este campo (véase Caruthers, M. H. y colaboradores, *Nucl. Acids Res. Symp. Ser.* páginas 215-223 (1980), Horn y colaboradores, *Nucl. Acids Res. Symp. Ser.* páginas 225-232 (1980)). De una manera alternativa, la proteína misma se puede producir empleando métodos químicos para sintetizar la secuencia
20 de aminoácidos de un polipéptido, o una porción de la misma. Por ejemplo, se puede llevar a cabo la síntesis del péptido empleando diferentes técnicas en fase sólida (Roberge y colaboradores, *Science* 269:202-204 (1995)), y se puede lograr la síntesis automatizada, por ejemplo, utilizando el Sintetizador de Péptidos ABI 431A (Perkin
25 Elmer, Palo Alto, CA).

Un péptido recién sintetizado se puede purificar sustancialmente mediante cromatografía de líquidos de alto rendimiento de preparación (por ejemplo, Creighton, *Proteins, Structures and Molecular Principles* (1983)), u otras técnicas comparables disponibles en la materia. La composición de los péptidos sintéticos se puede confirmar mediante análisis de aminoácidos o secuenciación (por ejemplo, el procedimiento de degradación de Edman). Adicionalmente, se puede alterar la secuencia de aminoácidos de un polipéptido, o cualquier parte de la misma, durante la síntesis directa, y/o se puede combinar empleando métodos químicos con secuencias de otras proteínas, o cualquier parte de las mismas, para producir un polipéptido variante.

Con el objeto de expresar un polipéptido deseado, se pueden insertar las secuencias de nucleótidos que codifiquen el polipéptido, o equivalentes funcionales, en un vector de expresión apropiado, es decir, un vector que contenga los elementos necesarios para la transcripción y traducción de la secuencia de codificación insertada. Se pueden emplear los métodos que son bien conocidos por los expertos en la técnica, para construir los vectores de expresión que contengan secuencias que codifiquen un polipéptido de interés, y los elementos de control de transcripción y traducción apropiados. Estos métodos incluyen técnicas de ADN recombinante *in vitro*, técnicas sintéticas, y recombinación genética *in vivo*. Estas técnicas se describen en Sambrook y colaboradores, *Molecular Cloning, A Laboratory Manual* (1989), y en Ausubel y colaboradores, *Current*

Protocols in Molecular Biology (1989).

Se pueden utilizar una variedad de vectores/sistemas huéspedes de expresión para contener y expresar secuencias de polinucleótidos. Éstos incluyen, pero no se limitan a, microorganismos, tales como bacterias transformadas con bacteriófagos recombinantes, plásmidos, o vectores de expresión de ADN de cósmidos; levadura transformada con vectores de expresión de levadura; sistemas de células de insectos infectados con vectores de expresión de virus (por ejemplo, baculovirus); sistemas de células de plantas transformados con vectores de expresión de virus (por ejemplo, virus de mosaico de coliflor, CaMV; virus de mosaico de tabaco, TMV), o con vectores de expresión bacterianos (por ejemplo, plásmidos Ti ó pBR322); o sistemas de células de animales.

Los “elementos de control” o “secuencias reguladoras” presentes en un vector de expresión, son las regiones no traducidas del vector - potenciadores, promotores, regiones no traducidas 5' y 3' - que interactúan con las proteínas celulares huésped para llevar a cabo la transcripción y la traducción. Estos elementos pueden variar en su fuerza y especificidad. Dependiendo del sistema de vector y del huésped utilizado, se pueden emplear cualquier número de elementos de transcripción y traducción adecuados, incluyendo promotores constitutivos e inducibles. Por ejemplo, cuando se hace la clonación en sistemas bacterianos, se pueden utilizar promotores inducibles, tales como el promotor híbrido lacZ del fagémido PBLUESCRIPT (Stratagene, La Jolla, Calif.), o el plásmido PSPORT1

(Gibco BRL, Gaithersburg, MD), y similares. En los sistemas de células de mamífero, en general se prefieren promotores de genes de mamífero o de virus de mamífero. Es necesario generar una línea celular que contenga múltiples copias de la secuencia que codifique un polipéptido, y convenientemente se pueden utilizar vectores basados en SV40 ó EBV con un marcador seleccionable apropiado.

En los sistemas bacterianos, se pueden seleccionar un número de vectores de expresión, dependiendo del uso pretendido para el polipéptido expresado. Por ejemplo, cuando se necesitan grandes cantidades, por ejemplo, para la inducción de anticuerpos, se pueden utilizar vectores que dirijan una expresión de alto nivel de las proteínas de fusión que se purifiquen fácilmente. Estos vectores incluyen, pero no se limitan a, los vectores de clonación y expresión de *E. coli* multifuncionales, tales como BLUESCRIPT (Stratagene), en donde la secuencia que codifique el polipéptido de interés se puede ligar en el vector dentro del marco, con secuencias para el Met amino-terminal y los siguientes siete residuos de β -galactosidasa, de tal manera que se produzca una proteína híbrida; vectores pIN (Van Heeke y Schuster, *J. Biol. Chem.* 264:5503-5509 (1989)); y similares. También se pueden utilizar los vectores pGEX (Promega, Madison, Wis.) para expresar polipéptidos extraños como proteínas de fusión con S-transferasa de glutatona (GST). En general, estas proteínas de fusión son solubles, y se pueden purificar fácilmente a partir de las células lisadas mediante adsorción en perlas de glutatona-agarosa, seguida por elución en la presencia

de glutatona libre. Las proteínas hechas en estos sistemas se pueden diseñar para incluir heparina, trombina, o sitios de disociación de proteasa de factor XA, de tal manera que se pueda liberar el polipéptido clonado de interés a partir de la fracción GST al
5 gusto.

En la levadura, *Saccharomyces cerevisiae*, se pueden utilizar un número de vectores que contengan promotores constitutivos o inducibles, tales como el factor alfa, oxidasa de alcohol, y PGH. Otros vectores que contienen promotores constitutivos o inducibles
10 incluyen GAP, PGK, GAL, y ADH. Para las revisiones, véase Ausubel y colaboradores (*supra*), Grant y colaboradores, *Methods Enzymol.* 153:516-544 (1987), y Romas y colaboradores, *Yeast* 8 423-88 (1992).

En los casos en donde se utilizan vectores de expresión de
15 plantas, la expresión de las secuencias que codifiquen los polipéptidos se pueden impulsar mediante cualquiera de un número de promotores. Por ejemplo, se pueden utilizar los promotores virales, tales como los promotores 35S y 19S de CaMV solos o en combinación con la secuencia líder omega de TMV (Takamatsu,
20 *EMBO J.* 6:307-311 (1987)). De una manera alternativa, los promotores de plantas, tales como la subunidad pequeña de RUBISCO, o promotores de choque por calor (Coruzzi y colaboradores, *EMBO J.* 3:1671-1680 (1984); Broglie y colaboradores, *Science* 224:838-843 (1984); y Winter y
25 colaboradores, *Results Probl. Cell Differ.* 17:85-105 (1991)). Estas

construcciones se pueden introducir en las células de plantas mediante transformación de ADN directa o transfección mediada por patógeno. Estas técnicas se describen en un número de revisiones generalmente disponibles (véase, por ejemplo, Hobbs en McGraw Hill
5 *Yearbook of Science and Technology* páginas 191-196 (1992)).

También se puede utilizar un sistema de insecto para expresar un polipéptido de interés. Por ejemplo, en este sistema, se utiliza el virus de polihedrosis nuclear de *Autographa californica* (AcNPV) como un vector para expresar genes extraños en células de
10 *Spodoptera frugiperda* o en larvas de *Trichoplusia larvae*. Las secuencias que codifiquen el polipéptido se pueden clonar en una región no esencial del virus, tal como el gen de polihedrina, y se colocan bajo el control del promotor de polihedrina. La inserción con éxito de la secuencia que codifique el polipéptido hará que el gen de
15 polihedrina se inactive, y produzca el virus recombinante que carezca de la proteína de recubrimiento. Entonces se pueden utilizar los virus recombinantes para infectar, por ejemplo, las células de *S. frugiperda* o *Trichoplusia larvae*, en donde se puede expresar el polipéptido de interés (Engelhard y colaboradores, *Proc. Natl. Acad.*
20 *Sci. EUA*, 91:3224-3227 (1994)).

En las células huésped de mamífero, en general se dispone de un número de sistemas de expresión basados en virus. Por ejemplo, en los casos en donde se utiliza un adenovirus como un vector de expresión, las secuencias que codifiquen un polipéptido de interés se
25 pueden ligar en un complejo de transcripción/traducción de

adenovirus consistente en el promotor tardío y en la secuencia líder tripartita. Se puede utilizar la inserción en una región E1 ó E3 no esencial del genoma viral para obtener un virus viable que sea capaz de expresar el polipéptido en las células huésped infectadas (Logan y Shenk, *Proc. Natl. Acad. Sci. EUA*, 81:3655-3659 (1984)). En
5 adición, se pueden utilizar potenciadores de transcripción, tales como el potenciador de virus de sarcoma de Rous (RSV), para aumentar la expresión en células huésped de mamífero.

También se pueden utilizar señales de inicio específicas para
10 lograr una traducción más eficiente de las secuencias que codifiquen un polipéptido de interés. Estas señales incluyen el codón de inicio ATG y las secuencias adyacentes. En los casos en donde las secuencias que codifiquen el polipéptido, su codón de inicio, y las secuencias corriente arriba se insertan en el vector de expresión
15 apropiado, pueden no necesitarse señales de control de transcripción o de traducción adicionales. Sin embargo, en los casos en donde solamente se inserte la secuencia de codificación, o una porción de la misma, se deben proporcionar señales de control de traducción exógenas, incluyendo el codón de inicio ATG. Adicionalmente, el
20 codón de inicio debe estar en el marco de lectura correcto para asegurar la traducción del inserto entero. Los elementos de traducción exógenos y los codones de inicio pueden ser de diferentes orígenes, tanto naturales como sintéticos. La eficiencia de la expresión se puede mejorar mediante la inclusión de
25 potenciadores que sean apropiados para el sistema celular particular

que se utilice, tales como los descritos en la literatura (Scharf y colaboradores, *Results Probl. Cell Differ.* 20:125-162 (1994)).

En adición, se puede seleccionar una cepa celular huésped por su capacidad para modular la expresión de las secuencias insertadas, o para procesar la proteína expresada en la forma deseada. Estas modificaciones del polipéptido incluyen, pero no se limitan a, acetilación, carboxilación, glicosilación, fosforilación, lipidación, y acilación. También se puede emplear el procesamiento posterior a la traducción que disocie una forma "prepro" de la proteína, para facilitar la inserción, pliegue, y/o función correctos. Se pueden seleccionar diferentes células huésped, tales como CHO, HeLa, MDCK, HEK293, y WI38, que tengan la maquinaria celular específica y los mecanismos característicos para estas actividades posteriores a la traducción, con el fin de asegurar la modificación y el procesamiento correcto de la proteína extraña.

Para la producción de alto rendimiento a largo plazo de proteínas recombinantes, en general se prefiere la expresión estable. Por ejemplo, las líneas celulares que expresen establemente un polinucleótido de interés se pueden transformar utilizando los vectores de expresión que puedan contener orígenes de réplica virales y/o elementos de expresión endógena, y un marcador seleccionable sobre el mismo vector o sobre un vector separado. En seguida de la introducción del vector, se puede dejar que las células crezcan durante 1 a 2 días en un medio enriquecido antes de cambiarse al medio selectivo. El propósito del marcador

seleccionable es conferir resistencia a la selección, y su presencia permite el crecimiento y la recuperación de las células, que expresan con éxito las secuencias introducidas. Los clones resistentes de células establemente transformadas pueden proliferar empleando técnicas de cultivo de tejido apropiadas para el tipo de célula.

Se puede emplear cualquier número de sistemas de selección para recuperar las líneas celulares transformadas. Éstos incluyen, pero no se limitan a, los genes de cinasa de timidina de virus de herpes simplex (Wigler y colaboradores, *Cell* 11:223-32 (1977)), y la fosfo-ribosil-transferasa de adenina (Lowy y colaboradores, *Cell* 22:817-23 (1990)), los cuales se pueden emplear en células tk.sup.- ó aprt.sup.-, respectivamente. También, se puede utilizar resistencia a anti-metabolitos, antibióticos, o herbicidas como la base para la selección; por ejemplo, dhfr que confiere resistencia al metotrexato (Wigler y colaboradores, *Proc. Natl. Acad. Sci. EUA*, 77:3567-70 (1980)); npt, que confiere resistencia a los aminoglicósidos, neomicina y G-418 (Colbere-Garapin y colaboradores, *J. Mol. Biol.* 150:1-14 (1981)); y als ó pat, que confieren resistencia al clorsulfurón y a la acetil-transferasa de fosfinotricina, respectivamente (Murry, *supra*). Se han descrito genes seleccionables adicionales, por ejemplo, trpB, que permite que las células utilicen indol en lugar de triptófano, ó hisD, que permite que las células utilicen histinol en lugar de histidina (Hartman y Mulligan, *Proc. Natl. Acad. Sci. EUA*, 85:8047-51 (1988)). Recientemente, el uso de marcadores visibles ha ganado popularidad con marcadores

tales como antocianinas, β -glucuronidasa, y su sustrato GUS, y luciferasa y su sustrato luciferina, utilizándose ampliamente no sólo para identificar transformantes, sino también para cuantificar la cantidad de expresión de proteína transitoria o estable atribuible a un sistema de vector específico (Rhodes y colaboradores, *Methods Mol. Biol.* 55:121-131 (1995)).

Aunque la presencia/ausencia de expresión del gen marcador sugiere que el gen de interés también está presente, se puede necesitar confirmar su presencia y expresión. Por ejemplo, si se inserta la secuencia que codifica un polipéptido dentro de una secuencia del gen marcador, se pueden identificar las células recombinantes que contengan las secuencias por la ausencia de la función del gen marcador. De una manera alternativa, se puede colocar un gen marcador en fila con una secuencia de codificación de polipéptido bajo el control de un solo promotor. La expresión del gen marcador en respuesta a la inducción o a la selección, usualmente indica la expresión del gen en fila también.

De una manera alternativa, las células huésped que contengan y expresen una secuencia de polinucleótido deseada, se pueden identificar mediante una variedad de procedimientos conocidos por los expertos en este campo. Estos procedimientos incluyen, pero no se limitan a, hibridaciones de ADN-ADN ó de ADN-ARN, y técnicas de bioensayo de proteína o inmunoensayo que incluyan tecnologías basadas en membrana, solución, o chip para la detección y/o cuantificación del ácido nucleico o de la proteína.

En la técnica se conocen una variedad de protocolos para detectar y medir la expresión de los productos codificados por polinucleótidos, utilizando anticuerpos policlonales o monoclonales específicos para el producto. Los ejemplos incluyen el ensayo
5 inmunosorbente enlazado con enzima (ELISA), el radioinmunoensayo (RIA), y la selección de células activada por fluorescencia (FACS). Se puede preferir para algunas aplicaciones un inmunoensayo basado en monoclonal, de dos sitios, que utiliza anticuerpos monoclonales que reaccionan con dos epítomos no interferentes
10 sobre un polipéptido dado, pero también se puede emplear un ensayo de enlace competitivo. Estos y otros ensayos se describen, entre otros lugares, en Hampton y colaboradores, *Serological Methods, a Laboratory Manual* (1990), y Maddox y colaboradores, *J. Exp. Med.* 158:1211-1216 (1983).

15 Los expertos en la materia conocen una amplia variedad de marcas y técnicas de conjugación, y se pueden utilizar en diferentes ensayos de ácidos nucleicos y aminoácidos. Los medios para producir sondas de hibridación marcadas o de reacción en cadena de la polimerasa para detectar secuencias relacionadas con
20 polinucleótidos incluyen oligomarcado, traducción de apriete, marcado de extremo, o amplificación con reacción en cadena de la polimerasa utilizando un nucleótido marcado. De una manera alternativa, las secuencias, o cualesquiera porciones de las mismas, se pueden clonar en un vector para la producción de una sonda de
25 ARNm. Estos vectores se conocen en la materia, están

comercialmente disponibles, y se pueden utilizar para sintetizar sondas de ARN *in vitro*, mediante la adición de una polimerasa de ARN apropiada, tal como T7, T3, ó SP6, y nucleótidos marcados. Estos procedimientos se pueden conducir empleando una variedad
5 de kits comercialmente disponibles. Las moléculas reporteras o marcas adecuadas que se pueden utilizar incluyen radionúclidos, enzimas, agentes fluorescentes, quimiluminescentes, o cromogénicos, así como sustratos, co-factores, inhibidores, partículas magnéticas, y similares.

10 Las células huésped transformadas con una secuencia de polinucleótido de interés, se pueden cultivar bajo condiciones adecuadas para la expresión y recuperación de la proteína a partir del cultivo celular. La proteína producida por una célula recombinante se puede secretar o puede estar contenida
15 intracelularmente, dependiendo de la secuencia y/o del vector utilizado. Como será entendido por los expertos en la técnica, se pueden diseñar vectores de expresión que contengan los polinucleótidos de la invención, para contener secuencias de señales que dirijan la secreción del polipéptido codificado a través de una
20 membrana celular procariótica o eucariótica. Se pueden utilizar otras construcciones recombinantes para unir las secuencias que codifiquen un polipéptido de interés a la secuencia de nucleótidos que codifique un dominio de polipéptido que facilite la purificación de las proteínas solubles. Estos dominios que facilitan la purificación
25 incluyen, pero no se limitan a, péptidos quelantes de metales, tales

como módulos de histidina-triptófano que permiten la purificación sobre metales inmovilizados, dominios de proteína A que permiten la purificación sobre inmunoglobulina inmovilizada, y el dominio utilizado en el sistema de purificación por afinidad/extensión FLAGS (Immunex Corp., Seattle, Wash.). La inclusión de secuencias enlazadoras dissociables, tales como aquéllas específicas para el factor XA o enterocinasa (Invitrogen, San Diego, Calif.) entre el dominio de purificación y el polipéptido codificado, se puede utilizar para facilitar la purificación. Uno de estos vectores de expresión proporciona la expresión de una proteína de fusión que contiene un polipéptido de interés, y un ácido nucleico que codifica seis residuos de histidina precedentes a una tio-redoxina o a un sitio de disociación de enterocinasa. Los residuos de histidina facilitan la purificación sobre IMIAC (cromatografía por afinidad de iones de metales inmovilizados), como se describe en Porath y colaboradores, *Prot. Exp. Purif.* 3:263-281 (1992), mientras que el sitio de disociación de enterocinasa proporciona un medio para purificar el polipéptido deseado a partir de la proteína de fusión. Una discusión de los vectores que contienen proteínas de fusión se proporciona en Kroll y colaboradores, *DNA Cell Biol.* 12:441-453 (1993)).

En adición a los métodos de producción recombinantes, los polipéptidos de la invención, y los fragmentos de los mismos, se pueden producir mediante síntesis de péptidos directa, utilizando las técnicas en fase sólida Merrifield, *J. Am. Chem. Soc.* 85:2149-2154 (1963)). La síntesis de proteínas se puede llevar a cabo empleando

técnicas manuales o mediante automatización. La síntesis automatizada se puede lograr, por ejemplo, utilizando el Sintetizador de Péptidos Applied Biosystems 431A (Perkin Elmer). De una manera alternativa, se pueden sintetizar químicamente diferentes fragmentos por separado, y se pueden combinar empleando los métodos químicos para producir la molécula de longitud completa.

TÉCNICAS DE SUMINISTRO DE POLINUCLEÓTIDOS *IN VIVO*

En las modalidades adicionales, se introducen las construcciones genéticas que comprendan a las composiciones de los polinucleótidos de la invención en las células *in vivo*. Esto se puede lograr empleando cualquiera de una variedad de planteamientos bien conocidos, varios de los cuales se ilustran en seguida para propósitos de ilustración.

1. Adenovirus

Uno de los métodos preferidos para el suministro *in vivo* de una o más secuencias de ácidos nucleicos involucra el uso de un vector de expresión de adenovirus. "Vector de expresión de adenovirus" significa que incluye las construcciones que contienen secuencias de adenovirus suficientes para (a) soportar el empaque de la construcción, y (b) expresar un polinucleótido que se haya clonado en las mismas en una orientación en sentido o anti-sentido. Desde luego, en el contexto de una construcción anti-sentido, la expresión no requiere que se sintetice el producto genético.

El vector de expresión comprende una forma genéticamente diseñada de un adenovirus. El conocimiento de la organización

genética del adenovirus, un virus de ADN de doble cadena, lineal, de 36 kb, permite la sustitución de grandes pedazos del ADN adenoviral con secuencias extrañas de hasta 7 kb (Grunhaus y Horwitz, 1992). En contraste con los retrovirus, la infección adenoviral de las células huésped no da como resultado la integración cromosómica, debido a que el ADN adenoviral puede replicarse de una manera episomal sin una genotoxicidad potencial. También, los adenovirus son estructuralmente estables, y no se ha detectado ninguna reconfiguración del genoma después de una extensa amplificación. El adenovirus puede infectar virtualmente a todas las células epiteliales, independientemente de su etapa del ciclo celular. Hasta ahora, la infección adenoviral parece estar ligada solamente a la enfermedad leve, tal como una enfermedad respiratoria aguda en los seres humanos.

El adenovirus es particularmente adecuado para utilizarse como un vector de transferencia de genes, debido a su genoma de tamaño medio, a su facilidad de manipulación, a su alta titulación, a su amplio rango de células objetivo, y a su alta infectividad. Ambos extremos del genoma viral contienen de 100 a 200 repeticiones invertidas de pares de bases (ITRs), que son los elementos *cis* necesarios para la réplica del ADN viral y su empaque. Las regiones temprana (E) y tardía (L) del genoma, contienen diferentes unidades de transcripción que se dividen mediante el establecimiento de la réplica del ADN viral. La región E1 (E1A y E1B), codifica las proteínas responsables de la regulación de la transcripción del

genoma viral y unos cuantos genes celulares. La expresión de la región E2 (E2A y E2B) da como resultado la síntesis de las proteínas para la réplica del ADN viral. Estas proteínas están involucradas en la réplica del ADN, en la expresión genética tardía, y en la desactivación de la célula huésped (Renan, 1990). Los productos de los genes tardíos, incluyendo la mayoría de las proteínas de capsida virales, se expresan solamente después de un procesamiento significativo de una sola transcripción primaria emitida por el promotor tardío mayor (MLP). El MLP (localizado a 16.8 m.u.) es particularmente eficiente durante la fase tardía de la infección, y todos los ARNms emitidos desde este promotor poseen una secuencia líder 5 μ -tripartita (TPL) que los convierte en los ARNms preferidos para la traducción.

En un sistema actual, se genera el adenovirus recombinante a partir de recombinación homóloga entre el vector de lanzamiento y el vector de pro-virus. Debido a la posible recombinación entre dos vectores pro-virales, se puede generar el adenovirus de tipo silvestre a partir de este proceso. Por consiguiente, es crítico aislar un solo clon del virus a partir de una placa individual, y examinar su estructura genómica.

La generación y propagación de los vectores de adenovirus actuales, que son deficientes en réplica, dependen de una línea de células auxiliares única, designada como 293, que se transformó a partir de células de riñón embrionarias humanas mediante fragmentos de ADN Ad5, y expresa constitutivamente las proteínas

E1 (Graham y colaboradores, 1977). Debido a que la región E3 es prescindible del genoma de adenovirus (Jones y Shenk, 1978), los vectores de adenovirus actuales, con la ayuda de las células 293, llevan ADN extraño ya sea en la región E1, en la D3, o en ambas regiones (Graham y Prevec, 1991). En la naturaleza, el adenovirus puede empacar aproximadamente el 105 por ciento del genoma de tipo silvestre (Ghosh-Choudhury y colaboradores, 1987), proporcionando la capacidad para aproximadamente 2 kB extra de ADN. Combinado con los Publicación Internacional Número WO 5.5 kB del ADN que es reemplazable en las regiones E1 y E3, la máxima capacidad del vector de adenovirus actual está debajo de 7.5 kB, o aproximadamente el 15 por ciento de la longitud total del vector. Más del 80 por ciento del genoma viral del adenovirus permanece en la estructura base del vector, y es la fuente de citotoxicidad del vector. También, la deficiencia en réplica del virus con E1 suprimido es incompleta. Por ejemplo, se ha observado una fuga de expresión genética viral con los vectores actualmente disponibles en altas multiplicidades de infección (MOI) (Mulligan, 1993).

Las líneas celulares auxiliares se pueden derivar a partir de células humanas, tales como las células de riñón embrionario humano, células de músculo, células hematopoiéticas, u otras células mesenquimales o epiteliales embrionarias humanas. De una manera alternativa, las células auxiliares se pueden derivar a partir de las células de otras especies de mamífero, que sean permisivas para el adenovirus humano. Estas células incluyen, por ejemplo, las

células Vero u otras células mesenquimales o epiteliales embrionarias de mono. Como se menciona anteriormente, la línea celular auxiliar actualmente preferida es la 293.

Recientemente, Racher y colaboradores (1995) dieron a
5 conocer mejores métodos para cultivar las células 293 y propagar el
adenovirus. En un formato, se cultivan agregados de células
naturales mediante la inoculación de las células individuales en
matraces centrífugas siliconizadas de 1 litro (Techne, Cambridge,
Reino Unido) conteniendo de 100 a 200 mililitros del medio. En
10 seguida de la agitación a 40 revoluciones por minuto, se estima la
viabilidad celular con azul de tripano. En otro formato, se emplean
micro-portadores Fibra-Cel (Bibby Sterlin, Stone, Reino Unido) (5
gramos/litro) como sigue. Se agrega un inóculo celular, resuspendido
en 5 mililitros del medio, al portador (50 mililitros) en un matraz
15 Erlenmeyer de 250 mililitros, y se deja estacionario, con agitación
ocasional, durante 1 a 4 horas. Entonces se reemplaza el medio con
50 mililitros de medio fresco, y se inicia la agitación. Para la
producción del virus, se deja que las células crezcan hasta una
confluencia de aproximadamente el 80 por ciento, después de cuyo
20 tiempo, se reemplaza el medio (hasta el 25 por ciento del volumen
final), y se agrega el adenovirus en una multiplicidad de infección de
0.05. Los cultivos se dejan estacionarios durante la noche, en
seguida de lo cual, se aumenta el volumen hasta el 100 por ciento, y
se comienza la agitación durante otras 72 horas.

25 Otra cosa que no sea el requerimiento de que el vector de

adenovirus sea defectuoso en réplica, o cuando menos condicionalmente defectuoso, no se cree que la naturaleza del vector de adenovirus sea crucial para la práctica con éxito de la invención. El adenovirus puede ser cualquiera de los 42 diferentes serotipos conocidos o subgrupos A-F. El adenovirus tipo 5 del subgrupo C es el material de partida preferido para obtener un vector de adenovirus defectuoso en réplica condicional para utilizarse en la presente invención, debido a que el Adenovirus tipo 5 es un adenovirus humano acerca del cual se conoce una gran cantidad de información bioquímica y genética, y se ha utilizado históricamente para la mayoría de las construcciones que emplean adenovirus como un vector.

Como se mencionó anteriormente, el vector típico de acuerdo con la presente invención es defectuoso en réplica, y no tendrá una región de adenovirus E1. Por consiguiente, será más conveniente introducir el polinucleótido que codifique el gen de interés en la posición a partir de la cual se hayan removido las secuencias de codificación de E1. Sin embargo, la posición de inserción de la construcción dentro de las secuencias de adenovirus no es crítica para la invención. El polinucleótido que codifique el gen de interés también se puede insertar en lugar de la región E3 suprimida, en vectores de reemplazo de E3, como es descrito por Karlsson y colaboradores (1986), o en la región E4, en donde una línea celular auxiliar o un virus auxiliar complementa el defecto de E4.

El adenovirus es fácil de cultivar y manipular, y exhibe un

amplio rango de huéspedes *in vitro* e *in vivo*. Este grupo de virus se puede obtener en altas titulaciones, por ejemplo, 10^9 - 10^{11} unidades formadoras de placas por mililitro, y son altamente infecciosos. El ciclo de vida del adenovirus no requiere de integración en el genoma de la célula huésped. Los genes extraños suministrados mediante vectores de adenovirus son episomales, y por consiguiente, tienen una baja genotoxicidad para las células huésped. No se han reportado efectos secundarios en los estudios de vacunación con adenovirus de tipo silvestre (Couch y colaboradores, 1963; Top y colaboradores, 1971), demostrando su seguridad y su potencial terapéutico como vectores de transferencia genética *in vivo*.

Los vectores de adenovirus se han utilizado en la expresión genética eucariótica (Lavrero y colaboradores, 1991; Gomez-Foix y colaboradores, 1992), y en el desarrollo de vacunas (Grunhaus y Horwitz, 1992; Graham y Prevec, 1992). Recientemente, los estudios con animales sugirieron que se podría utilizar el adenovirus recombinante para terapia genética (Stratford-Perricaudet y Perricaudet, 1991; Stratford-Perricaudet y colaboradores, 1990; Rich y colaboradores, 1993). Los estudios en la administración de adenovirus recombinante a diferentes tejidos incluyen instilación en la tráquea (Rosenfeld y colaboradores, 1991; Rosenfeld y colaboradores, 1992), inyección muscular (Ragot y colaboradores, 1993), inyecciones intravenosas periféricas (Herz y Gerard, 1993), e inoculación estereotáctica en el cerebro (Le Gal La Salle y colaboradores, 1993).

2. Retrovirus

Los retrovirus son un grupo de virus de ARN de una sola cadena caracterizados por una capacidad para convertir su ARN hasta ADN de doble cadena en las células infectadas, mediante un proceso de transcripción inversa (Coffin, 1990). Entonces el ADN resultante se integra establemente en los cromosomas celulares como un pro-virus, y dirige la síntesis de las proteínas virales. La integración da como resultado la retención de las secuencias genéticas virales en la célula receptora y sus descendientes. El genoma retroviral contiene tres genes, gag, pol, y env, que codifican para las proteínas de capsida, la enzima polimerasa, y los componentes de envoltura, respectivamente. Una secuencia que se encuentra corriente arriba desde el gen gag contiene una señal para empacar el genoma en viriones. Dos secuencias de repetición terminal larga (LTR) están presentes en los extremos 5' y 3' del genoma viral. Éstas contienen secuencias promotoras y potenciadoras fuertes, y también se requieren para la integración en el genoma de la célula huésped (Coffin, 1990).

Con el objeto de construir un vector retroviral, se inserta un ácido nucleico que codifique una o más secuencias de oligonucleótidos o polinucleótidos de interés, en el genoma viral, en el lugar de ciertas secuencias virales, para producir un virus que sea defectuoso en réplica. Con el objeto de producir viriones, se construye una línea celular de empaque que contenga los genes gag, pol, y env, pero sin la repetición terminal larga y los componentes de

empaques (Mann y colaboradores, 1983). Cuando se introduce un plásmido recombinante que contenga un ADNc, junto con las secuencias de repetición terminal larga retroviral y de empaque en esta línea celular (mediante precipitación en fosfato de calcio, por ejemplo), la secuencia de empaque permite la transcripción del ARN del plásmido recombinante para empacarse en las partículas virales, que luego se secretan hacia el medio de cultivo (Nicolas y Rubenstein, 1988; Temin, 1986; Mann y colaboradores, 1983). Entonces se recolecta el medio que contiene los retrovirus recombinantes, opcionalmente se concentra, y se utiliza para la transferencia genética. Los vectores retrovirales son capaces de infectar una amplia variedad de tipos de células. Sin embargo, la integración y expresión estable requieren de la división de las células huésped (Paskind y colaboradores, 1975).

Recientemente se desarrolló un planteamiento novedoso diseñado para permitir la dirección específica de vectores de retrovirus, basado en la modificación química de un retrovirus mediante la adición química de residuos de lactosa a la envoltura viral. Esta modificación podría permitir la infección específica de los hepatocitos por medio de los receptores de sialoglicoproteína.

Se diseñó un planteamiento diferente para dirigir los retrovirus recombinantes, en donde se utilizaron anticuerpos biotinilados contra una proteína de envoltura retroviral y contra un receptor celular específico. Los anticuerpos se acoplaron por medio de los componentes de biotina utilizando estreptavidina (Roux y

colaboradores, 1989). Utilizando anticuerpos contra los antígenos del complejo de histocompatibilidad mayor clase I y clase II, demostraron la infección de una variedad de células humanas que llevan estos antígenos superficiales con un virus ecotrópico *in vitro* (Roux y colaboradores, 1989).

3. Virus Adeno-asociados.

AAV ((Ridgeway, 1988; Hermonat y Muzycska, 1984) es un parvovirus, descubierto como una contaminación de los suministros adenovirales. Es un virus ubicuo (hay anticuerpos presentes en el 85 por ciento de la población humana de los Estados Unidos) que se no se ha ligado a ninguna enfermedad. También se clasifica como un dependovirus, debido a que sus réplicas dependen de la presencia de un virus auxiliar, tal como el adenovirus. Se han aislado cinco serotipos, de los cuales AAV-2 es el mejor caracterizado. AAV tiene un ADN lineal de una sola cadena que está encapsidado en las proteínas de capsida VP1, VP2, y VP3, para formar un virión icosaédrico de 20 a 24 nanómetros de diámetro ((Muzyczka y McLaughlin, 1988).

El ADN de AAV es de aproximadamente 4.7 kilobases de largo. Contiene dos marcos de lectura abierta, y está flanqueado por dos ITRs. Hay dos genes mayores en el genoma de AAV: *rep* y *cap*. El gen *rep* codifica para las proteínas responsables de las réplicas virales, mientras que *cap* codifica para la proteína de capsida VP1-3. Cada ITR forma una estructura de horquilla en forma de T. Estas repeticiones terminales son los únicos componentes *cis* esenciales

del AAV para la integración cromosómica. Por consiguiente, el AAV puede utilizarse como un vector con todas las secuencias de codificación viral removidas y reemplazadas por el casete de los genes para suministro. Se han identificado tres promotores virales, y se denominan como p5, p19, y p40, de acuerdo con su posición en el mapa. La transcripción desde p5 y p19 da como resultado la producción de las proteínas rep, y la transcripción desde p40 produce las proteínas de capsida (Hermonat y Muzyczka, 1984).

Existen varios factores que motivaron a los investigadores a estudiar la posibilidad de utilizar rAAV como un vector de expresión. Uno es que los requerimientos para suministrar un gen con el fin de integrarse en el cromosoma huésped son sorprendentemente pocos. Es necesario tener las ITRs de 145 pares de bases, que son solamente el 6 por ciento del genoma de AAV. Esto deja espacio en el vector para ensamblar una inserción de ADN de 4.5 kb. Aunque esta capacidad portadora puede impedir que el AAV suministre genes grandes, es ampliamente adecuada para suministrar las construcciones anti-sentido de la presente invención.

AAV también es una buena elección para suministrar vehículos, debido a su seguridad. Existe un mecanismo de rescate relativamente complicado: no solamente se requiere el adenovirus de tipo silvestre, sino también los genes de AAV para movilizar el rAAV. De la misma manera, AAV no es patogénico y no está asociado con ninguna enfermedad. La remoción de las secuencias de codificación viral minimiza las reacciones inmunes a la expresión genética viral, y

por consiguiente, rAAV no provoca una respuesta inflamatoria.

4. Otros Vectores Virales Como Construcciones de Expresión.

Se pueden emplear otros vectores virales con construcciones de expresión en la presente invención para el suministro de
5 secuencias de oligonucleótidos o polinucleótidos a una célula huésped. Se pueden emplear vectores derivados de virus, tales como el virus de vacuna (Ridgeway, 1988; Coupar y colaboradores, 1988), los lentivirus, los poliovirus, y los virus de herpes. Ofrecen varias características atractivas para diferentes células de mamífero
10 (Friedmann, 1989; Ridgeway, 1988; Coupar y colaboradores, 1988; Horwich y colaboradores 1990).

Con el reciente reconocimiento de los virus de hepatitis B defectuosos, se obtuvo un nuevo panorama sobre la relación de estructura-función de diferentes secuencias virales. Los estudios *in*
15 *vitro* mostraron que el virus podría retener la capacidad para el empaque dependiente del auxiliar y la transcripción inversa, a pesar de la supresión de hasta el 80 por ciento de su genoma (Horwich y colaboradores, 1990). Esto sugirió que se podrían reemplazar porciones grandes del genoma con material genético extraño. El
20 hepatotropismo y la persistencia (integración) eran propiedades particularmente atractivas para la transferencia genética dirigida al hígado. Chang y colaboradores (1991) introdujeron el gen de acetil-transferasa de cloranfenicol (CAT) en el genoma de virus de hepatitis B de pato en el lugar de las secuencias de codificación de
25 polimerasa, superficiales y pre-superficiales. Se co-transfectó con el

virus de tipo silvestre en una línea celular de hepatoma de ave. Se utilizaron medios de cultivo conteniendo altas titulaciones del virus recombinante para infectar los hepatocitos de pato primarios. La expresión del gen CAT estable se detectó durante cuando menos 24 días después de la transfección (Chang y colaboradores, 1991).

Los vectores "virales" adicionales incluyen las partículas tipo virus (VLPs) y los fagos.

5. Vectores No Virales.

Con el objeto de efectuar la expresión de las secuencias de oligonucleótidos o polinucleótidos de la presente invención, se debe suministrar la construcción de expresión a una célula. Este suministro se puede llevar a cabo *in vitro*, como en los procedimientos de laboratorio para transformar líneas celulares, o *in vivo* ó *ex vivo*, como en el tratamiento de ciertos estados de enfermedad. Como se describe anteriormente, un mecanismo preferido para el suministro es mediante la infección viral, en donde se encapsula la construcción de expresión en una partícula viral infecciosa.

Una vez que se ha suministrado la construcción de expresión a la célula, se puede posicionar el ácido nucleico que codifique las secuencias de oligonucleótidos o polinucleótidos deseadas, y se puede expresar en diferentes sitios. En ciertas modalidades, el ácido nucleico que codifique la construcción se puede integrar establemente en el genoma de la célula. Esta integración puede ser en la localización y orientación específicas por medio de

recombinación homóloga (reemplazo de genes), o se puede integrar en la localización no específica aleatoria (aumento de genes). En todavía otras modalidades, el ácido nucleico se puede mantener establemente en la célula como un segmento episomal separado del ADN. Estos segmentos de ácidos nucleicos o "episomas" codifican 5 secuencias suficientes para permitir el mantenimiento y la réplica, independientemente de, o en sincronización con, el ciclo de la célula huésped. La manera en que se suministra la construcción de expresión a una célula, y en dónde en la célula permanece el ácido 10 nucleico, dependen del tipo de construcción de expresión empleada.

En ciertas modalidades de la invención, la construcción de expresión que comprenda una o más secuencias de oligonucleótidos o polinucleótidos, simplemente puede consistir en ADN recombinante desnudo o en plásmidos. La transferencia de la construcción se 15 puede llevar a cabo mediante cualquiera de los métodos mencionados anteriormente, que permeabilicen físicamente o químicamente la membrana celular. Esto es particularmente aplicable para la transferencia *in vitro*, pero se puede aplicar para utilizarse *in vivo* también. Dubensky y colaboradores (1984) inyectaron con éxito 20 ADN de poliomavirus en la forma de precipitados en formato de calcio en hígado y bazo de ratones adultos y recién nacidos, demostrando la réplica viral activa y la infección aguda. Benvenisty y Reshef (1986) también demostraron que la inyección intraperitoneal directa de plásmidos precipitados en fosfato de calcio, da como 25 resultado la expresión de los genes transfectados. Se prevé que

también se puede transferir un ADN que codifique un gen de interés de una manera similar *in vivo*, y expresar el producto genético.

Otra modalidad de la invención para transferir una construcción de expresión de ADN desnudo a las células puede involucrar el bombardeo de partículas. Este método depende de la capacidad para 5 acelerar los microproyectiles recubiertos con ADN a una alta velocidad, permitiéndoles perforar las membranas celulares y entrar a las células sin aniquilarlas (Klein y colaboradores, 1987). Se han desarrollado varios dispositivos para acelerar las partículas 10 pequeñas. Uno de estos dispositivos se apoya en una descarga de alto voltaje para generar una corriente eléctrica, que a su vez proporciona la fuerza motriz (Yang y colaboradores, 1990). Los microproyectiles utilizados han consistido en sustancias biológicamente inertes, tales como perlas de tungsteno o de oro.

15 Los órganos seleccionados, incluyendo el hígado, piel, y tejido muscular de ratas y ratones, se han bombardeo *in vivo* (Yang y colaboradores, 1990; Zelenin y colaboradores, 1991). Esto puede requerir de la exposición quirúrgica del tejido o de las células, para eliminar cualquier tejido que intervenga entre la pistola y el órgano 20 objetivo, es decir, el tratamiento *ex vivo*. Nuevamente, se puede suministrar ADN que codifique un gen particular por medio de este método, y todavía se puede incorporar en la presente invención.

COMPOSICIONES DE POLIPÉPTIDOS

La presente invención proporciona composiciones de 25 polipéptidos como se describen en la presente. En términos

generales, una composición de polipéptido de la invención será una combinación de polipéptidos aislados o fragmentos inmunogénicos de los mismos. De una manera alternativa, algunos o todos los antígenos de polipéptido en una composición de la invención, pueden estar dentro de una proteína de fusión. Por ejemplo, en una composición de la invención que comprende tres antígenos: (i) los antígenos se pueden proporcionar en la forma de tres polipéptidos aislados, (ii) los tres antígenos de polipéptido se pueden proporcionar en una sola proteína de fusión, (iii) dos de los antígenos se pueden proporcionar en una proteína de fusión, proporcionándose el tercero en una forma aislada. Los polipéptidos de la combinación se pueden codificar mediante una secuencia o secuencias de polinucleótidos dadas a conocer en la presente, o mediante una secuencia o secuencias que se hibriden bajo condiciones moderadamente restrictivas a una secuencia o secuencias de polinucleótidos dadas a conocer en la presente. De una manera alternativa, los polipéptidos se pueden definir como polipéptidos, cada uno comprendiendo una secuencia de aminoácidos contigua desde una secuencia de aminoácidos dada a conocer en la presente, o cuyos polipéptidos cada uno comprenden una secuencia de aminoácidos entera dada a conocer en la presente.

En general se pueden identificar porciones inmunogénicas utilizando técnicas bien conocidas, tales como las que se resumen en Paul, *Fundamental Immunology*, 3ª Edición, 243-247 (1993) y las referencias citadas en el mismo. Estas técnicas incluyen rastreo de

polipéptidos para determinar su capacidad para reaccionar con anticuerpos específicos del antígeno, antisueros y/o líneas de células-T o clones. Como se utilizan en la presente, antisueros y anticuerpos son “específicos del antígeno” si se enlazan específicamente con un antígeno (es decir, reaccionan con la proteína en un ELISA u otro inmunoensayo, y no reaccionan de una manera detectable con proteínas no relacionadas). Estos antisueros y anticuerpos se pueden preparar como se describe en la presente, y empleando técnicas bien conocidas. Una porción inmunogénica de una proteína de *Chlamydia sp.* es una porción que reacciona con estos antisueros y/o células-T a un nivel que no sea sustancialmente menor que la reactividad del polipéptido de longitud completa (por ejemplo, en un ELISA y/o en un ensayo de reactividad de células-T). Estas porciones inmunogénicas pueden reaccionar dentro de estos ensayos a un nivel que sea similar a, o mayor que, la reactividad del polipéptido de longitud completa. Estos rastreos se pueden llevar a cabo en general empleando métodos bien conocidos por los expertos ordinarios en este campo, tales como los descritos en Harlow y Lane, *Antibodies: A Laboratory Manual* (1988). Por ejemplo, un polipéptido se puede inmovilizar sobre un soporte sólido, y se puede poner en contacto con el suero del paciente para permitir el enlace de los anticuerpos dentro del suero con el polipéptido inmovilizado. El suero no enlazado se puede remover entonces, y se detectan los anticuerpos enlazados utilizando, por ejemplo, proteína A marcada con ¹²⁵I.

Los polipéptidos se pueden preparar utilizando cualquiera de una variedad de técnicas bien conocidas. Los polipéptidos recombinantes codificados por secuencias de ADN como se describen anteriormente, se pueden preparar fácilmente a partir de las secuencias de ADN, empleando cualquiera de una variedad de vectores de expresión conocidos por los expertos ordinarios en la materia. La expresión se puede lograr en cualquier célula huésped apropiada que se haya transformado o transfectado con un vector de expresión que contenga una molécula de ADN que codifique un polipéptido recombinante. Las células huésped adecuadas incluyen células de procariotes, levadura, y de eucariotes superiores, tales como células de mamífero y células de plantas. De preferencia, las células huésped empleadas son *E. coli*, levadura, o una línea celular de mamífero tal como COS ó CHO. Los sobrenadantes de los sistemas huéspedes/de vector adecuados que secreten la proteína o el polipéptido recombinante en el medio de cultivo, se pueden concentrar primero utilizando un filtro comercialmente disponible. En seguida de la concentración, el concentrado se puede aplicar a una matriz de purificación adecuada, tal como una matriz de afinidad o una resina de intercambio de iones. Finalmente, se pueden emplear uno o más pasos de cromatografía de líquidos de alto rendimiento en fase inversa para purificar adicionalmente un polipéptido recombinante.

Los polipéptidos de la invención, los fragmentos inmunogénicos de los mismos que puedan tener, por ejemplo, menos de

aproximadamente 100 aminoácidos, o menos de aproximadamente 50 aminoácidos, también se pueden generar por medios sintéticos, empleando técnicas bien conocidas por los expertos ordinarios en este campo. Por ejemplo, estos polipéptidos se pueden sintetizar
5 utilizando cualquiera de las técnicas de fase sólida comercialmente disponibles, tales como el método de síntesis en fase sólida de Merrifield, en donde se agregan en secuencia los aminoácidos a una cadena de aminoácidos creciente. Ver Merrifield, *J. Am. Chem. Soc.* 85:2149-2146 (1963). El equipo para la síntesis automatizada de
10 polipéptidos está comercialmente disponible con los proveedores, tales como Perkin Elmer/Applied BioSystems Division (Foster City, CA), y puede ser operado de acuerdo con las instrucciones del fabricante.

Dentro de ciertas modalidades específicas, un polipéptido
15 puede ser una proteína de fusión que comprenda múltiples polipéptidos, como se describen en la presente, o que comprenda cuando menos un polipéptido como se describe en la presente, y una secuencia no relacionada, tal como una proteína conocida. Este componente de fusión, por ejemplo, puede ayudar a proporcionar
20 epítomos auxiliares T (un componente de fusión inmunológica), de preferencia epítomos auxiliares T reconocidos por los seres humanos, o puede ayudar a expresar la proteína (un potenciador de expresión) en rendimiento más altos que la proteína recombinante nativa. Ciertos componentes de fusión preferidos son los componentes de
25 fusión tanto inmunológicos como potenciadores de la expresión. Se

pueden seleccionar otros componentes de fusión para aumentar la solubilidad de la proteína, o para hacer posible que la proteína se dirija hacia los compartimientos intracelulares deseados. Todavía otros componentes de fusión incluyen marcas de afinidad, que
5 facilitan la purificación de la proteína.

Las proteínas de fusión se pueden preparar en general empleando técnicas convencionales, incluyendo conjugación química. Por consiguiente, una proteína de fusión se puede expresar como una proteína recombinante, permitiendo la producción de
10 mayores niveles, en relación con la proteína no fusionada, en un sistema de expresión. Dicho de una manera breve, las secuencias de ADN que codifiquen los componentes del polipéptido se pueden ensamblar por separado, y se pueden ligar en un vector de expresión apropiado. El extremo 3' de la secuencia de ADN que codifique el
15 componente de polipéptido se liga, con o sin un enlazador peptídico, al extremo 5' de la secuencia de ADN que codifique el segundo componente de polipéptido, de tal manera que los marcos de lectura de las secuencias estén en fase. Esto permite la traducción a una sola proteína de fusión que retiene la actividad biológica de ambos
20 polipéptidos componentes. Típicamente, las proteínas de fusión que comprendan dos o más antígenos, pueden omitir el codón de inicio (Met) del segundo y siguientes antígenos.

Se puede emplear una secuencia enlazadora de péptidos para separar los primero y segundo componentes del polipéptido por una
25 distancia suficiente para asegurar que cada polipéptido se pliegue en

sus estructuras secundaria y terciaria. Esta secuencia enlazadora de
 péptidos se incorpora en la proteína de fusión empleando técnicas
 convencionales bien conocidas en este campo. Las secuencias
 enlazadoras de péptidos adecuadas se pueden seleccionar
 5 basándose en los siguientes factores: (1) su capacidad para adoptar
 una conformación extendida flexible; (2) su capacidad para adoptar
 una estructura secundaria que pueda interactuar con los epítomos
 funcionales sobre los primero y segundo polipéptidos; y (3) la falta
 de residuos hidrofóbicos o cargados que pudieran reaccionar con los
 10 epítomos funcionales del polipéptido. Las secuencias enlazadoras de
 péptidos preferidas contienen los residuos Gly, Asn, y Ser. También
 se pueden utilizar otros aminoácidos casi neutros, tales como Thr y
 Ala, en la secuencia enlazadora. Las secuencias de aminoácidos que
 se pueden emplear útilmente como enlazadoras incluyen las que se
 15 dan a conocer en Maratea y colaboradores, *Gene* 40:39-46 (1985);
 Murphy y colaboradores *Proc. Natl. Acad. Sci. EUA* 83:8258-8262
 (1986); Patente de los Estados Unidos de Norteamérica Número
 4,935,233, y Patente de los Estados Unidos de Norteamérica Número
 4,751,180. La secuencia enlazadora en general puede ser de 1 a
 20 aproximadamente 50 aminoácidos de longitud. Las secuencias
 enlazadoras no se requieren cuando el primero y segundo
 polipéptidos tienen regiones de aminoácidos N-terminales no
 esenciales, que se pueden utilizar para separar los dominios
 funcionales y prevenir la interferencia estérica.

25 Las secuencias de ADN ligadas se enlazan operativamente con

los elementos reguladores de transcripción o de traducción adecuados. Los elementos reguladores responsables de la expresión del ADN se localizan solamente a 5' para la secuencia de ADN que codifique los primeros polipéptidos. De una manera similar, los
5 codones de paro requeridos para finalizar las señales de terminación de traducción y transcripción solamente están presentes a 3' para la secuencia de ADN que codifique el segundo polipéptido.

Por lo tanto, las composiciones de acuerdo con la invención pueden comprender una o más proteínas de fusión. Estas proteínas
10 comprenden un componente de polipéptido de la composición como se describe en la presente, junto con una proteína inmunogénica no relacionada. La proteína inmunogénica, por ejemplo, puede ser capaz de provocar una respuesta de recordatorio. Los ejemplos de estas proteínas incluyen las proteínas de tétanos, tuberculosis, y
15 hepatitis (véase, por ejemplo, Stoute y colaboradores, *New Engl. J. Med.* 336:86-91 (1997)).

Dentro de ciertas modalidades, un componente de fusión inmunológico se deriva a partir de la proteína D, una proteína superficial de la bacteria gram-negativa *Haemophilus influenza B*
20 (Publicación Internacional Número WO 91/18926). Un derivado de la proteína D puede comprender aproximadamente la primera tercera parte de la proteína (por ejemplo, los primeros 100-110 aminoácidos N-terminales), y un derivado de proteína D puede estar lipidado. Dentro de ciertas modalidades, los primeros 109 residuos de un
25 componente de fusión de lipoproteína D se incluyen en el término N

para proporcionar al polipéptido epítomos de células-T exógenos adicionales, y para aumentar el nivel de expresión en *E. coli* (funcionando de esta manera como un potenciador de expresión). La cola del lípido asegura la presentación óptima del antígeno ante las células presentadoras de antígeno. Otros componentes de fusión incluyen la proteína no estructural del virus de influenza, NS1 (hemaglutinina). Típicamente, se utilizan los 81 aminoácidos N-terminales, aunque se pueden utilizar diferentes fragmentos que incluyan a los epítomos auxiliares-T.

En otra modalidad, el componente de fusión inmunológico es la proteína conocida como LYTA, o una porción de la misma (de preferencia una porción C-terminal). LYTA se deriva a partir de *Streptococcus pneumoniae*, que sintetiza una amidasa de N-acetil-L-alanina conocida como amidasa LYTA (codificada por el gen *LytA*; *Gene* 43:265-292 (1986)). LYTA es una autolisina que degrada específicamente ciertos enlaces en la estructura base del peptidoglicano. El dominio C-terminal de la proteína LYTA es responsable de la afinidad con la colina o con algunos análogos de colina, tales como DEAE. Esta propiedad se ha explotado para el desarrollo de plásmidos que expresan C-LYTA de *E. coli* útiles para la expresión de proteínas de fusión. La purificación de las proteínas híbridas que contienen el fragmento C-LYTA en el término amino ya se ha descrito (véase *Biotechnology* 10:795-798 (1992)). Dentro de una modalidad preferida, se puede incorporar una porción de repetición de LYTA en una proteína de fusión. Una porción de

repetición se encuentra en la región C-terminal que empieza en el residuo 178. Una porción de repetición particularmente preferida incorpora los residuos 188-305.

En general, los polipéptidos (incluyendo las proteínas de fusión) y los polinucleótidos descritos en la presente, se aíslan. Un polipéptido o polinucleótido "aislado" es uno que se remueve de su medio ambiente original. Por ejemplo, una proteína que se presenta naturalmente se aísla si se separa de algunos o todos los materiales coexistentes en el sistema natural. De preferencia, estos polipéptidos son cuando menos aproximadamente el 90 por ciento puros, más preferiblemente cuando menos aproximadamente el 95 por ciento puros, y de una manera muy preferible cuando menos aproximadamente el 99 por ciento puros. Un polinucleótido se considera como aislado si, por ejemplo, se clona en un vector que no sea una parte del medio ambiente natural.

CÉLULAS-T

Las composiciones inmunoterapéuticas también, o alternativamente, pueden comprender células-T específicas para un antígeno de *Chlamydia*. Estas células se pueden preparar en general *in vitro* ó *ex vivo*, empleando procedimientos convencionales. Por ejemplo, las células-T se pueden aislar de médula ósea, sangre periférica, o una fracción de médula ósea o de sangre periférica de un paciente, utilizando un sistema de separación de células comercialmente disponible, tal como el Sistema Isolex^{MR}, disponible en Nexell Therapeutics, Inc. (Irvine, CA; véase también la Patente de

los Estados Unidos de Norteamérica Número 5,240,856; la Patente de los Estados Unidos de Norteamérica Número 5,215,926; la Publicación Internacional Número WO 89/06280; la Publicación Internacional Número WO 91/16116, y la Publicación Internacional
5 Número WO 92/07243). De una manera alternativa, las células-T se pueden derivar a partir de seres humanos, mamíferos no humanos, líneas celulares, o cultivos relacionados o no relacionados.

Las células-T se pueden estimular con un polipéptido de la invención, un polinucleótido que codifique este polipéptido, y/o una
10 célula presentadora de antígeno (APC) que exprese este polipéptido. Este estímulo se puede llevar a cabo bajo condiciones y durante un tiempo suficiente para permitir la generación de células-T que sean específicas para el polipéptido. De preferencia, el polipéptido o el polinucleótido está presente dentro de un vehículo de suministro, tal
15 como una microesfera, para facilitar la generación de células-T específicas.

Las células-T se consideran específicas para un polipéptido de la invención si las células-T proliferan específicamente, secretan citoquinas, o aniquilan células objetivo recubiertas con el
20 polipéptido, o expresan un gen que codifique el polipéptido. La especificidad de las células-T se puede evaluar empleando cualquiera de una variedad de técnicas convencionales. Por ejemplo, dentro de un ensayo de liberación de cromo o un ensayo de proliferación, un índice de estímulo de más de dos veces de aumento
25 en la lisis y/o en la proliferación, comparándose con los controles

negativos, indica especificidad de las células-T. Estos ensayos se pueden llevar a cabo, por ejemplo, como se describe en Cheng y colaboradores, *Cancer Res.* 54:1065-1070 (1994). De una manera alternativa, la detección de la proliferación de las células-T se puede

5 llevar a cabo mediante una variedad de técnicas conocidas. Por ejemplo, la proliferación de células-T se puede detectar midiendo un mayor índice de síntesis de ADN (por ejemplo, mediante cultivos marcadores de impulsos de células-T con timidina tritiada, y midiendo la cantidad de timidina tritiada incorporada en el ADN). El

10 contacto con un polipéptido de la invención (de 100 nanogramos/mililitro a 100 microgramos/mililitro, de preferencia de 200 nanogramos/mililitro a 25 microgramos/mililitro) durante 3 a 7 días, debe dar como resultado cuando menos un incremento del doble en la proliferación de las células-T. El contacto como se

15 describe anteriormente durante 2 a 3 horas, debe dar como resultado la activación de las células-T, medida utilizando ensayos de citoquina convencionales, en donde un aumento del doble en el nivel de liberación de citoquina (por ejemplo, TNF ó IFN- γ) indica la activación de las células-T (véase Coligan y colaboradores, *Current*

20 *Protocols in Immunology*, Volumen 1 (1998)). Las células-T que se han activado en respuesta a un polipéptido, polinucleótido, APC que exprese el polipéptido, pueden ser CD4⁺ y/o CD8⁺. Las células-T específicas de proteína se pueden expandir utilizando técnicas convencionales. Dentro de las modalidades preferidas, las células-T

25 se derivan a partir de un paciente, un donador relacionado, o un

donador no relacionado, y se administran al paciente en seguida del estímulo o de la expansión.

Para propósitos terapéuticos, las células-T $CD4^+$ ó $CD8^+$ que proliferen en respuesta a un polipéptido, polinucleótido, o APC, se pueden expandir en número, ya sea *in vitro* ó *in vivo*. La proliferación de estas células-T *in vitro* se puede llevar a cabo en una variedad de maneras. Por ejemplo, las células-T se pueden volver a exponer a un polipéptido, o a un péptido corto correspondiente a una porción inmunogénica de este polipéptido, con o sin la adición de factores de crecimiento de células-T, tales como interleucina-2 y/o células estimulantes que sinteticen el polipéptido. De una manera alternativa, una o más células-T que proliferen en la presencia de la proteína se pueden expandir en número mediante clonación. Los métodos para la clonación de células son bien conocidos en la técnica, e incluyen la dilución limitante.

MÉTODOS DE DIAGNÓSTICO

Antes de la infección de un individuo por *Chlamydia*, con frecuencia será detectable mediante ELISA. Los individuos que llevan anticuerpos específicos de *Chlamydia* ("seropositivos"), han sido infectados previamente. Sin embargo, no es extraño que los individuos que hayan sido infectados por *Chlamydia* previamente se encuentren como seronegativos en la prueba, es decir, pueden no detectarse anticuerpos específicos de *Chlamydia*. Como un resultado de la infección anterior, a pesar de la prueba seronegativa, estos individuos responden fuertemente al re-estímulo por antígenos de

Chlamydia (en relación con los individuos seronegativos que no han sido infectados previamente), en particular a las diferentes combinaciones de antígenos de *Chlamydia* que se han descrito anteriormente en la presente.

5 Por consiguiente, en un aspecto adicional de la presente invención, se proporciona un método para determinar la infección previa por *Chlamydia* en un individuo, el cual comprende:

- (i) obtener una muestra del individuo;
- (ii) poner en contacto esta muestra con una combinación de
10 dos o más proteínas de *Chlamydia* o fragmentos inmunogénicos de las mismas, o con un polinucleótido o polinucleótidos que las codifiquen, seleccionándose estas dos o más proteínas o fragmentos inmunogénicos a partir de Swib, Momp, Ct-858, Ct-875, Ct-622, Ct-089, dominio pasajero de PmpG (PmpGpd), y dominio pasajero de
15 PmpD (PmpDpd);
- (iii) cuantificar la respuesta de la muestra.

Por ejemplo, la muestra puede ser sangre entera o células purificadas. Adecuadamente, la muestra contendrá células mononucleadas de sangre periférica (PBMC). En una modalidad de la
20 invención, el individuo será seropositivo. En una segunda modalidad de la invención, el individuo será seronegativo.

La respuesta de la muestra se puede cuantificar mediante un rango de medios conocidos por los expertos en la materia, incluyendo el monitoreo de la proliferación de linfocitos, o la
25 producción de citoquinas o anticuerpos específicos en la presencia

de la combinación de los antígenos de *Chlamydia*. Por ejemplo, se puede utilizar el ELISPOT de células-T para monitorear las citoquinas, tales como interferón-gamma (IFN γ), interleucina-2 (IL2), e interleucina-5 (IL5). El ELISPOT de células-B se puede utilizar para monitorear el estímulo de los antígenos específicos de *Chlamydia*.

Los métodos para cuantificar la respuesta de la muestra se ilustran en los Ejemplos de la presente (específicamente en el Ejemplo 9). Cuando se emplea este método, se puede definir una respuesta positiva a un antígeno mediante una proporción de la señal al ruido (proporción S/N) de cuando menos 2:1 (por ejemplo, cuando 3:1).

En un aspecto adicional de la presente invención, se proporcionan métodos para utilizar una o más de las combinaciones de antígenos (o fragmentos inmunogénicos de los mismos, o nucleótidos que los codifican) descritos anteriormente para diagnosticar la infección previa por *Chlamydia*, utilizando una prueba de piel. Como se utiliza en la presente, una "prueba de piel" es cualquier ensayo que se lleve a cabo directamente en un paciente en donde se mide la reacción de hipersensibilidad de tipo demorado (DTH) (tal como hinchamiento, enrojecimiento, o dermatitis) en seguida de la inyección intradérmica de una combinación de antígeno (o fragmentos inmunogénicos del mismo, o nucleótidos que los codifiquen) como se describe anteriormente. Esta inyección se puede lograr utilizando cualquier dispositivo adecuado suficiente

para poner en contacto las combinaciones de antígeno con las células dérmicas del paciente, tal como una jeringa de tuberculina o una jeringa de 1 mililitro. La reacción se mide después de un período de tiempo, por ejemplo cuando menos 48 horas después de la
5 inyección, en especial de 48 a 72 horas.

La reacción de hipersensibilidad de tipo demorado es una respuesta inmune mediada por células, que es mayor en los pacientes que se han expuesto previamente al antígeno de prueba. La respuesta se puede medir visualmente, utilizando una regla. En
10 general, una respuesta que sea mayor de aproximadamente 0.5 centímetros de diámetro, en especial mayor de aproximadamente 1.0 centímetros de diámetro, es una respuesta positiva, que indica la infección previa por *Chlamydia*, que puede o no manifestarse como una enfermedad activa.

15 Para utilizarse en una prueba de piel, las combinaciones de esta invención se formulan adecuadamente como composiciones farmacéuticas conteniendo un vehículo fisiológicamente aceptable. De una manera adecuada, el vehículo empleado en estas composiciones farmacéuticas es una solución salina con
20 conservadores apropiados, tales como fenol y/o Tween 80^{MR}.

COMPOSICIONES FARMACÉUTICAS

En las modalidades adicionales, la presente invención se refiere a la formulación de las composiciones de polinucleótidos, polipéptidos, células-T, y/o anticuerpos dadas a conocer en la
25 presente, en soluciones farmacéuticamente aceptable o

fisiológicamente aceptables para administrarse a una célula o a un animal, ya sea solas, o en combinación con una o más modalidades diferentes de terapia. Estas composiciones también son útiles para usos de diagnóstico.

5 También se entenderá que, si se desea, los segmentos de ácidos nucleicos, ARN, ADN, o composiciones de PNA que expresen una composición de los polipéptidos como se dan a conocer en la presente, se pueden administrar en combinación con otros agentes también, tales como, por ejemplo, otras proteínas o polipéptidos, o
10 diferentes agentes farmacéuticamente activos. De hecho, virtualmente no hay límite para otros componentes que también se pueden incluir, dado que los agentes adicionales no provocan un efecto adverso significativo después del contacto con las células objetivo o los tejidos del huésped. Las composiciones, por lo tanto,
15 se pueden suministrar junto con otros diferentes agentes como sean requeridos en el caso particular. Estas composiciones se pueden purificar de las células huésped o de otras fuentes biológicas, o alternativamente se pueden sintetizar químicamente como se describe en la presente. De la misma manera, estas composiciones
20 pueden comprender además composiciones de ARN ó ADN sustituidos o derivados.

La formulación de excipientes farmacéuticamente aceptables y soluciones de vehículo es bien conocida por los expertos en la técnica, así como el desarrollo de regímenes de dosificación y
25 tratamiento adecuados para utilizar las composiciones particulares.

descritas en la presente en una variedad de regímenes de tratamiento, incluyendo, por ejemplo, administración y formulación oral, parenteral, intravenosa, intranasal, e intramuscular. Otras vías de administración incluyen por medio de las superficies mucosas, por ejemplo administración intravaginal.

1. Suministro Oral.

En ciertas aplicaciones, las composiciones farmacéuticas dadas a conocer en la presente se pueden suministrar mediante administración oral a un animal. Como tales, estas composiciones se pueden formular con un diluyente inerte o con un vehículo comestible asimilable, o se pueden encerrar en cápsulas de gelatina de cubierta dura o blanda, o se pueden comprimir en tabletas, o se pueden incorporar directamente con el alimento de la dieta.

Los compuestos activos inclusive se pueden incorporar con excipientes, y se pueden utilizar en la forma de tabletas ingeribles, tabletas bucales, trociscos, cápsulas, elíxires, suspensiones, jarabes, obleas, y similares (Mathiowitz y colaboradores, 1997; Hwang y colaboradores, 1998; Patente de los Estados Unidos de Norteamérica Número 5,641,515; Patente de los Estados Unidos de Norteamérica Número 5,580,579, y Patente de los Estados Unidos de Norteamérica Número 5,792,451, cada uno incorporado específicamente a la presente como referencia en su totalidad).

Las tabletas, trociscos, píldoras, cápsulas, y similares, también pueden contener lo siguiente: se puede agregar un aglutinante, como goma de tragacanto, acacia, almidón de maíz, o gelatina;

excipientes, tales como difosfato de calcio; un agente desintegrante, tal como almidón de maíz, almidón de papa, ácido algínico, y similares; un lubricante, tal como estearato de magnesio; y un agente edulcorante, tal como sacarosa, lactosa, o sacarina, o un agente saborizante, tal como menta, aceite de hierbabuena, o saborizante de cereza. Cuando la forma unitaria de dosificación es una cápsula, puede contener, en adición a los materiales del tipo anterior, un vehículo líquido. Puede haber otros diferentes materiales presentes como recubrimientos o para modificar de otra manera la forma física de la unidad de dosificación. Por ejemplo, las tabletas, píldoras, o cápsulas se pueden recubrir con shellac, azúcar, o ambos. Un jarabe o elixir puede contener el compuesto activo de sacarosa como un agente edulcorante, metil- y propil-parabenos como conservadores, un tinte y un saborizante, tales como sabor de cereza o naranja. Por supuesto, cualquier material utilizado en la preparación de cualquier forma unitaria de dosificación debe ser farmacéuticamente puro y sustancialmente no tóxico en las cantidades empleadas. En adición, los compuestos activos se pueden incorporar en preparaciones y formulaciones de liberación sostenida.

Típicamente, estas formulaciones pueden contener cuando menos aproximadamente el 0.1 por ciento del compuesto activo o más, aunque el porcentaje de los ingredientes activos, desde luego, se puede variar y puede ser convenientemente de entre aproximadamente el 1 ó el 2 por ciento y aproximadamente el 60 ó

70 por ciento o más del peso o volumen de la formulación total. Naturalmente, la cantidad de los compuestos activos en cada composición terapéuticamente útil se puede preparar de tal manera que se obtenga una dosificación adecuada en cualquier dosis unitaria dada del compuesto. Un experto en la técnica de la preparación de estas formulaciones farmacéuticas contemplará factores tales como la solubilidad, biodisponibilidad, vida media biológica, vía de administración, vida de anaquel del producto, así como otras consideraciones farmacológicas, y como tales, pueden ser deseables una variedad de dosificaciones y regímenes de tratamiento.

Para la administración oral, las composiciones de la presente invención alternativamente se pueden incorporar con uno o más excipientes en la forma de un enjuague bucal, dentífrico, tableta bucal, aerosol oral, o formulación sublingual oralmente administrada. Por ejemplo, un enjuague bucal se puede preparar incorporando al ingrediente activo en la cantidad requerida en un solvente apropiado, tal como una solución de borato de sodio (Solución de Dobell). De una manera alternativa, el ingrediente activo se puede incorporar en una solución oral, tal como una que contenga borato de sodio, glicerina, y bicarbonato de potasio, o se puede dispersar en un dentífrico, o se puede agregar en una cantidad terapéuticamente efectiva a una composición que puede incluir agua, aglutinantes, abrasivos, agentes saborizantes, agentes espumantes, y humectantes. Alternativamente, las composiciones se pueden

configurar en una forma de tableta o solución, que se puede colocar debajo de la lengua o se puede disolver de otra manera en la boca.

2. Suministro Inyectable.

En ciertas circunstancias, será deseable suministrar las composiciones farmacéuticas dadas a conocer en la presente parenteralmente, intravenosamente, intramuscularmente, o inclusive intraperitonealmente, como se describe en la Patente de los Estados Unidos de Norteamérica Número 5,543,158; en la Patente de los Estados Unidos de Norteamérica Número 5,641,515, y en la Patente de los Estados Unidos de Norteamérica Número 5,399,363 (cada una específicamente incorporada a la presente como referencia en su totalidad). Las soluciones de los compuestos activos como la base libre o como sales farmacéuticamente aceptables se pueden preparar en agua adecuadamente mezclada con un tensoactivo, tal como hidroxipropilcelulosa. Las dispersiones también se pueden preparar en glicerol, polietilenglicoles líquidos, y mezclas de los mismos, y en aceites. Bajo condiciones ordinarias de almacenamiento y uso, estas preparaciones contienen un conservador para impedir el crecimiento de microorganismos.

Las formas farmacéuticas adecuadas para uso inyectable incluyen soluciones o dispersiones acuosas estériles y polvos estériles para la preparación extemporánea de soluciones o dispersiones inyectables estériles (Patente de los Estados Unidos de Norteamérica Número 5,466,468, específicamente incorporada a la presente como referencia en su totalidad). En todos los casos, la

forma debe ser estéril, y debe ser fluida hasta el grado en que exista un fácil paso por la jeringa. Debe ser estable bajo las condiciones de fabricación y almacenamiento, y se debe conservar contra la acción contaminante de los microorganismos, tales como bacterias y hongos. El vehículo puede ser un solvente o un medio de dispersión 5 conteniendo, por ejemplo, agua, etanol, poliol (por ejemplo, glicerol, propilenglicol, y polietilenglicol líquido, y similares), mezclas adecuadas de los mismos, y/o aceites vegetales. Se puede mantener la fluidez apropiada, por ejemplo, mediante el uso de un 10 recubrimiento, tal como lecitina, mediante el mantenimiento del tamaño de partículas requerido en el caso de la dispersión, y mediante el uso de tensoactivos. La prevención de la acción de microorganismos se puede facilitar mediante diferentes agentes antibacterianos y antifúngicos, por ejemplo parabenos, clorobutanol, 15 fenol, ácido sórbico, timerosal, y similares. En muchos casos, será preferible incluir agentes isotónicos, por ejemplo azúcares o cloruro de sodio. Se puede provocar una absorción prolongada de las composiciones inyectables mediante el uso en las composiciones de agentes que demoren la absorción, por ejemplo monoestearato de 20 aluminio y gelatina.

Para administración parenteral en una solución acuosa, por ejemplo, la solución debe regularse adecuadamente, si es necesario, y el diluyente líquido primero se hace isotónico con suficiente suero o glucosa. Estas soluciones acuosas particulares son especialmente 25 adecuadas para administración intravenosa, intramuscular,

subcutánea, e intraperitoneal. En conexión con esto, se puede emplear un medio acuoso estéril bien conocido por los expertos en la materia a la luz de la presente divulgación. Por ejemplo, una dosificación se puede disolver en 1 mililitro de una solución isotónica de NaCl, y se agrega a 100 mililitros de fluidos de hipodermocclisis, o se inyecta en el sitio propuesto de infusión (véase, por ejemplo, *Remington's Pharmaceutical Sciences*, 15ª Edición, páginas 1035-1038 y 1570-1580). Necesariamente se presentará alguna variación en la dosificación, dependiendo de la condición del sujeto que se esté tratando. La persona responsable de la administración, en cualquier caso, determinará la dosis adecuada para el sujeto individual. Más aún, para administración a seres humanos, la preparación debe satisfacer las normas de esterilidad, pirogenicidad, y de seguridad y pureza generales requeridas por la Oficina de Normas Biológicas de la FDA.

Las soluciones inyectables estériles se preparan mediante la incorporación de los compuestos activos en la cantidad requerida en el solvente apropiado, con otros diferentes ingredientes enumerados anteriormente, según se requiera, seguido por esterilización filtrada. En general, las dispersiones se preparan mediante la incorporación de los diferentes ingredientes activos esterilizados en un vehículo estéril que contenga el medio de dispersión básico y los otros ingredientes requeridos a partir de los enumerados anteriormente. En el caso de los polvos estériles para la preparación de soluciones inyectables estériles, los métodos de preparación preferidos son las

técnicas de secado al vacío y secado por congelación, que produzcan un polvo del ingrediente activo más cualquier ingrediente adicional deseado a partir de una solución previamente filtrada estéril del mismo.

5 Las composiciones dadas a conocer en la presente se pueden formular en una forma neutra o de sal. Las sales farmacéuticamente aceptables incluyen las sales de adición de ácido (formadas con los grupos amino libres de la proteína), y las cuales se forman con ácidos inorgánicos tales como, por ejemplo, ácidos clorhídrico o
10 fosfórico, o con ácidos orgánicos, tales como acético, oxálico, tartárico, mandélico, y similares. Las sales formadas con los grupos carboxilo libres también se pueden derivar a partir de bases inorgánicas, tales como, por ejemplo, hidróxidos de sodio, potasio, amonio, calcio, o férricos, y a partir de bases orgánicas como
15 isopropil-amina, trimetil-amina, histidina, procaína, y similares. Después de la formulación, las soluciones se administrarán de una manera compatible con la formulación de dosificación y en una cantidad tal como sea terapéuticamente efectiva. Las formulaciones se administran fácilmente en una variedad de formas de dosificación,
20 tales como soluciones inyectables, cápsulas de liberación de fármaco, y similares.

Como se utiliza en la presente, "vehículo" incluye cualquiera y todos los solventes, medios de dispersión, vehículos, recubrimientos, diluyentes, agentes antibacterianos y antifúngicos, agentes
25 isotónicos y demoradores de absorción, reguladores del pH,

soluciones portadoras, suspensiones, coloides, y similares. El uso de estos medios y agentes para las sustancias farmacéuticas activas es bien conocido en la técnica. Excepto hasta donde cualquier medio o agente convencional sea incompatible con el ingrediente activo, se
5 contempla su uso en las composiciones terapéuticas. También se pueden incorporar ingredientes activos complementarios en las composiciones.

La frase "farmacéuticamente aceptable" se refiere a las entidades moleculares y composiciones que no produzcan una
10 reacción alérgica o similar indeseada cuando se administren a seres humanos. La preparación de una composición acuosa que contiene una proteína como un ingrediente activo, es bien entendida en este campo. Típicamente, estas composiciones se preparan como inyectables, ya sea como soluciones o suspensiones líquidas;
15 también se pueden preparar formas sólidas adecuadas para solución en, o suspensión en, un líquido antes de su inyección. La preparación también se puede emulsionar.

3. Suministro Mucoso.

(i) Suministro Nasal.

20 En ciertas modalidades, las composiciones farmacéuticas se pueden suministrar mediante aerosoles intranasales, inhalación, y/u otros vehículos de suministro en aerosol. Los métodos para el suministro de genes, ácidos nucleicos, y composiciones peptídicas directamente a los pulmones mediante rocíos en aerosol nasal, ya se
25 han descrito, por ejemplo, en la Patente de los Estados Unidos de

Norteamérica Número 5,756,353 y en la Patente de los Estados Unidos de Norteamérica Número 5,804,212 (cada una específicamente incorporada a la presente como referencia en su totalidad). De la misma manera, el suministro de fármacos utilizando resinas de micropartículas intranasales (Takenaga y colaboradores, 1998) y compuestos de lisofosfatidil-glicerol (Patente de los Estados Unidos de Norteamérica Número 5,725,871, específicamente incorporada a la presente como referencia en su totalidad) es también bien conocido en la técnica farmacéutica. De la misma manera, el suministro transmucoso de fármacos en la forma de una matriz de soporte de poli-tetra-fluoro-etileno, se describe en la Patente de los Estados Unidos de Norteamérica Número 5,780,045 (específicamente incorporada a la presente como referencia en su totalidad).

15 (ii) *Suministro Intravaginal.*

En otras modalidades de la invención, las composiciones farmacéuticas se pueden formular para suministro intravaginal. Estas formulaciones se pueden preparar como líquidos, semi-sólidos, o sólidos (incluyendo, por ejemplo, cremas, ungüentos, geles, etc.), o pueden estar contenidas dentro de un sistema de suministro físico, tal como un pesario, esponja, anillo vaginal, o película.

 (iii) *Suministro Ocular.*

En las modalidades adicionales de la invención, las composiciones farmacéuticas se pueden formular para suministro ocular. Estas formulaciones deseablemente serán transparentes e

incoloras.

4. Suministro Mediado por Liposomas, Nanopartículas, y Micropartículas.

En ciertas modalidades, los inventores contemplan el uso de liposomas, nanopartículas, micropartículas, microesferas, partículas de lípido, vesículas, y similares, para la introducción de las composiciones de la presente invención en células huésped adecuadas. En particular, las composiciones de la presente invención se pueden formular para suministrarse ya sea encapsuladas en una partícula de lípido, un liposoma, una vesícula, una nanoesfera, o una nanopartícula, o similares.

Estas formulaciones se pueden preferir para la introducción de formulaciones farmacéuticamente aceptables de los ácidos nucleicos o de las construcciones dadas a conocer en la presente. La formación y uso de liposomas es en general conocida por los expertos en este campo (véase, por ejemplo, Couvreur y colaboradores, 1977; Couvreur, 1988; Lasic, 1998; que describe el uso de liposomas y nanopartículas en la terapia de antibióticos dirigidos para infecciones y enfermedades bacterianas intracelulares). Recientemente, se desarrollaron liposomas con una mejor estabilidad en suero y vida media en la circulación (Gabizon y Papahadjopoulos, 1988; Allen y Choun, 1987; Patente de los Estados Unidos de Norteamérica Número 5,741,516, específicamente incorporada a la presente como referencia en su totalidad). Además, se han revisado diferentes métodos de liposomas y preparaciones

tipo liposomas como vehículos de fármacos potenciales (Takakura, 1998; Chandran y colaboradores, 1997; Margalit, 1995; Patente de los Estados Unidos de Norteamérica Número 5,567,434; Patente de los Estados Unidos de Norteamérica Número 5,552,157; Patente de los Estados Unidos de Norteamérica Número 5,565,213; Patente de los Estados Unidos de Norteamérica Número 5,738,868, y Patente de los Estados Unidos de Norteamérica Número 5,795,587, cada una incorporada específicamente a la presente como referencia en su totalidad).

Los liposomas se han utilizado con éxito con un número de tipos de células que normalmente son resistentes a la transfección mediante otros procedimientos, incluyendo suspensiones de células-T, cultivos de hepatocitos primarios, y células PC 12 (Renneisen y colaboradores, 1990; Muller y colaboradores, 1990). En adición, los liposomas están libres de las limitaciones de la longitud del ADN, que son típicas de los sistemas de suministro basados en virus. Los liposomas se han utilizado efectivamente para introducir genes, fármacos (Heath y Martin, 1986; Heath y colaboradores, 1986; Balazsovits y colaboradores, 1989; Fresta y Puglisi, 1996), agentes radioterapéuticos (Pikul y colaboradores, 1987), enzimas (Imaizumi y colaboradores, 1990a; Imaizumi y colaboradores, 1990b), virus (Faller y Baltimore, 1984), factores de transcripción y efectores aloestéricos (Nicolau y Gersonde, 1979) en una variedad de líneas celulares cultivadas y animales. En adición, se han contemplado varios estudios clínicos de éxito que examinan la efectividad del

suministro de fármacos mediado por liposomas (Lopez-Berestein y colaboradores, 1985a; 1985b; Coune, 1988; Soulier y colaboradores, 1988). Adicionalmente, varios estudios sugieren que el uso de liposomas no está asociado con las respuestas autoinmunes, la toxicidad, o la localización gonadal después del suministro sistémico (Mori y Fukatsu, 1992).

Los liposomas se forman a partir de fosfolípidos, y se dispersan en un medio acuoso y forman espontáneamente vesículas de dos capas concéntricas multilamelares (también denominadas como vesículas multilamelares (MLVs)). Las vesículas multilamelares generalmente tienen diámetros de 25 nanómetros a 4 micras. La sonicación de las vesículas multilamelares da como resultado la formación de pequeñas vesículas unilamelares (SUVs) con diámetros en el intervalo de 200 a 500 Å, conteniendo una solución acuosa en el núcleo.

Los liposomas tienen parecido con las membranas celulares, y se contemplan para utilizarse en relación con la presente invención como vehículos para las composiciones peptídicas. Son ampliamente adecuados, debido a que se pueden atrapar sustancias tanto solubles en agua como solubles en lípido, es decir, en los espacios acuosos y dentro de la bicapa misma, respectivamente. Es posible que los liposomas que llevan fármacos se puedan incluso emplear para el suministro específico del sitio de los agentes activos mediante la modificación selectiva de la formulación liposomal.

En adición a las enseñanzas de Couvreur y colaboradores

(1977; 1988), se puede utilizar la siguiente información en la generación de las formulaciones liposomales. Los fosfolípidos pueden formar una variedad de estructuras diferentes de liposomas cuando se dispersan en agua, dependiendo de la proporción molar del lípido al agua. En bajas proporciones, el liposoma es la estructura preferida. Las características físicas de los liposomas dependen del pH, de la concentración iónica, y de la presencia de cationes divalentes. Los liposomas pueden mostrar una baja permeabilidad a las sustancias iónicas y polares, pero a temperaturas elevadas, sufren transición de fases que alteran notoriamente su permeabilidad. La transición de fases involucra un cambio desde una estructura ordenada estrechamente empacada, conocida como el estado de gel, hasta una estructura menos ordenada y flojamente empacada, conocida como el estado fluido. Esto ocurre a una temperatura de transición de fase característica, y da como resultado un aumento en la permeabilidad a los iones, azúcares, y fármacos.

En adición a la temperatura, la exposición a proteínas puede alterar la permeabilidad de los liposomas. Ciertas proteínas solubles, tales como el citocromo C, se enlazan, deforman, y penetran en la bicapa, provocando de esta manera cambios en la permeabilidad. El colesterol inhibe esta penetración de proteínas, aparentemente por el empaque de los fosfolípidos más estrechamente. Se contempla que las formaciones de liposomas más útiles para el suministro de antibióticos e inhibidores, contendrán colesterol.

La capacidad para atrapar solutos varía entre diferentes tipos de liposomas. Por ejemplo, las vesículas multilamelares son moderadamente eficientes para atrapar solutos, pero las vesículas unilamelares son extremadamente ineficientes. Las vesículas unilamelares ofrecen la ventaja de la homogeneidad y reproducibilidad en la distribución de tamaños; sin embargo, se ofrece un compromiso entre el tamaño y la eficiencia de atrape por las vesículas unilamelares grandes (LUVs). Éstas se preparan mediante evaporación de éter, y son de 3 a 4 veces más eficientes en el atrape del soluto que las vesículas multilamelares.

En adición a las características de los liposomas, un determinante importante en el atrape de los compuestos es el de las propiedades fisicoquímicas del compuesto mismo. Los compuestos polares se atrapan en los espacios acuosos, y los compuestos no polares se enlazan con la bicapa de lípido de la vesícula. Los compuestos polares se liberan a través de la permeación, o cuando se rompe la bicapa, pero los compuestos no polares permanecen afiliados con la bicapa, a menos que se altere por la temperatura o la exposición a lipoproteínas. Ambos tipos muestran máximas velocidades de eflujo a la temperatura de transición de fases.

Los liposomas interactúan con las células por medio de cuatro mecanismos diferentes: endocitosis por las células fagocíticas del sistema reticuloendotelial, tales como macrófagos y neutrófilos; adsorción a la superficie celular, ya sea mediante las fuerzas hidrofóbicas débiles o electrostáticas no específicas, o mediante

interacciones específicas con los componentes de superficie celular; fusión con la membrana celular del plasma mediante inserción de la bicapa de lípido del liposoma en la membrana de plasma, con liberación simultánea del contenido liposomal hacia el citoplasma; y
5 mediante transferencia de los lípidos liposomales a las membranas celulares o subcelulares, o *viceversa*, sin asociación alguna del contenido del liposoma. Con frecuencia es difícil determinar cuál mecanismo es operativo, y más de uno pueden operar al mismo tiempo.

10 El destino y la disposición de los liposomas intravenosamente inyectados dependen de sus propiedades físicas, tales como tamaño, fluidez, y carga superficial. Pueden persistir en los tejidos durante horas o días, dependiendo de su composición, y las vidas medias en la sangre están en el intervalo desde minutos hasta varias horas. Los
15 liposomas más grandes, tales como las vesículas multilamelares y las vesículas unilamelares grandes, son rápidamente absorbidas por las células fagocíticas del sistema reticuloendotelial, pero la fisiología del sistema circulatorio restringe la salida de estas especies grandes en la mayoría de los sitios. Pueden salir solamente
20 en lugares en donde existan aberturas grandes o poros en el endotelio capilar, tales como los sinusoides del hígado o del bazo. Por consiguiente, estos órganos son el sitio predominante de absorción. Por otra parte, las vesículas unilamelares muestran una distribución de tejido más amplia, pero todavía son secuestradas
25 altamente en el hígado y en el bazo. En general, este

comportamiento *in vivo* limita la dirección potencial de los liposomas hacia solamente estos órganos y tejidos accesibles para su gran tamaño. Éstos incluyen la sangre, hígado, bazo, médula ósea, y órganos linfoides.

5 La dirección en general no es una limitación en términos de la presente invención. Sin embargo, si se desea una dirección específica, existen métodos disponibles para que se lleve a cabo esto. Se pueden utilizar anticuerpos para enlazarse con la superficie del liposoma, y para dirigir el anticuerpo y su contenido de fármaco
10 hacia receptores antigénicos específicos localizados sobre la superficie de tipo célula particular. También se pueden utilizar determinantes de carbohidratos (componentes de superficie celular de glicoproteína o glicolípido que tienen un papel en el reconocimiento, interacción, y adhesión de célula-célula) como sitios
15 de reconocimiento, debido a que tienen potencial para dirigir los liposomas hacia tipos de células particulares. En su mayor parte, se contempla que se podría emplear la inyección intravenosa de preparaciones liposomales, pero también son concebibles otras vías de administración.

20 De una manera alternativa, la invención proporciona formulaciones de nanocápsulas farmacéuticamente aceptables de las composiciones de la presente invención. Las nanocápsulas pueden atrapar en general a los compuestos de una manera estable y reproducible ((Henry-Michelland y colaboradores, 1987; Quintanar-
25 Guerrero y colaboradores, 1998; Douglas y colaboradores, 1987).

Para evitar los efectos secundarios debidos a la sobrecarga polimérica intracelular, estas partículas ultrafinas (de un tamaño de alrededor de 0.1 micras) se deben diseñar utilizando polímeros capaces de ser degradados *in vivo*. Se contemplan las nanopartículas de cianoacrilato de polialquilo biodegradables que satisfagan estos requerimientos para utilizarse en la presente invención. Estas partículas se pueden hacer fácilmente, como se describe (Couvreur y colaboradores, 1980; 1988; zur Muhlen y colaboradores, 1998; Zambaux y colaboradores, 1998; Pinto-Alphandry y colaboradores, 1995, y Patente de los Estados Unidos de Norteamérica Número 5,145,684, específicamente incorporada a la presente como referencia en su totalidad).

VACUNAS

En ciertas modalidades preferidas de la presente invención se proporcionan vacunas. Las vacunas generalmente comprenden una o más composiciones farmacéuticas, tales como las mencionadas anteriormente, en combinación con un inmunoestimulante. Un inmunoestimulante puede ser cualquier sustancia que aumente o potencie una respuesta inmune (incluyendo mediada por anticuerpo y/o célula) a un antígeno exógeno. Los ejemplos de inmunoestimulantes incluyen adyuvantes, microesferas biodegradables (por ejemplo, galactida poliláctica) y liposomas (en los cuales se incorpora el compuesto; véase por ejemplo, Fullerton, Patente de los Estados Unidos de Norteamérica Número 4,235,877). La preparación de las vacunas en general se describe en, por

ejemplo, Powell y Newman, eds., *Vaccine Design (The Subunit and Adjuvant Approach)* (1995). Las composiciones farmacéuticas y las vacunas dentro del alcance de la presente invención también pueden contener otros compuestos, que pueden ser biológicamente activos o inactivos. Por ejemplo, una o más porciones inmunogénicas de otros antígenos de tumor pueden estar presentes, ya sea incorporadas en un polipéptido de fusión o como un compuesto separado, dentro de la composición o vacuna.

Las vacunas ilustrativas pueden contener ADN que codifique dos o más de los polipéptidos como se describe anteriormente, de manera que los polipéptidos se generan en el sitio. Como se hace notar anteriormente, el ADN puede estar presente dentro de cualquiera de una variedad de sistemas de administración conocidos para los expertos en la técnica, incluyendo sistemas de expresión de ácido nucleico, sistemas de expresión de bacterias y de virus. Son muy conocidas en el campo numerosas técnicas de administración de genes, tales como las descritas por Rolland, *Crit. Rev. Therap. Drug Carrier Systems* 15: 143-198 (1998), y en las referencias citadas en el mismo. Los sistemas de expresión de ácido nucleico apropiados contienen la secuencias de ADN necesarias para la expresión en el paciente (tales como un promotor y una señal de terminación convenientes). Los sistemas de administración bacteriana incluyen la administración de una bacteria (tal como *Bacillus-Calmette-Guerrin*) que expresa una porción inmunogénica de polipéptido en su superficie celular o secreta un epítipo. En una modalidad preferida,

el ADN puede ser introducido usando un sistema de expresión viral (por ejemplo, vacuna u otro poxvirus, retrovirus o adenovirus), el cual puede incluir el uso de un virus competente en réplica no patógeno (defectuoso). Se describen sistemas convenientes, por ejemplo, en Fisher-Hoch y colaboradores, *Proc. Natl. Acad. Sci. EUA* 86: 317-321 (1989); Flexner y colaboradores, *Ann. N.Y. Acad. Sci.* 569: 86-103 (1989); Flexner y colaboradores, *Vaccine* 8: 17-21 (1990); Patentes de los Estados Unidos de Norteamérica Números 4,603,112, 4,769,330 y 5,017,487; Publicación Internacional Número WO 89/01973; Patente de los Estados Unidos de Norteamérica Número 4,777,127; Patente Británica Número GB 2,200,651; Patente Europea Número EP 0,345,242; Publicación Internacional Número WO 91/02805; Bekner, *Biotechniques* 6: 616-627 (1988); Rosenfeld y colaboradores, *Science* 252: 431-434 (1991); Kolls y colaboradores, *Proc. Natl. Acad. Sci. EUA* 91: 215-219 (1994); Kass-Eisler y colaboradores, *Proc. Natl. Acad. Sci. EUA* 90: 11498-11502 (1993); Guzman y colaboradores, *Circulation* 88: 2838-2848 (1993); y Guzman y colaboradores, *Cir. Res.* 73: 1202-1207 (1993). Las técnicas para incorporar ADN en estos sistemas de expresión son muy conocidas por los expertos en la técnica. El ADN también puede ser "desnudo", como se describe, por ejemplo, en Ulmer y colaboradores, *Science* 259:1745-1749 (1993) y revisado por Cohen, *Science* 259:1691-1692 (1993). La absorción de ADN desnudo se puede incrementar recubriendo el ADN sobre perlas biodegradables, las cuales se transportan eficientemente hacia las células. Será

aparente que una vacuna puede comprender tanto un polinucleótido como un componente de polipéptido. Estas vacunas pueden proporcionar una respuesta inmune aumentada.

Será aparente que una vacuna puede contener sales
5 farmacéuticamente aceptables de los polinucleótidos y los polipéptidos proporcionados en la presente. Estas sales se pueden preparar a partir de bases no tóxicas farmacéuticamente aceptables, incluyendo bases orgánicas (por ejemplo, sales de aminas primarias, secundarias y terciarias y aminoácidos básicos) y bases inorgánicas
10 (por ejemplo, sales de sodio, potasio, litio, amonio, calcio y de magnesio).

Aunque se puede emplear cualquier vehículo conveniente conocido por los expertos en la técnica en las composiciones de vacuna de esta invención, el tipo de vehículo variará dependiendo
15 del modo de administración. Las composiciones de la presente invención se pueden formular para cualquier manera de administración apropiada, incluyendo por ejemplo, administración tópica, oral, nasal, intravenosa, intracraneal, intraperitoneal, subcutánea o intramuscular. Para la administración parenteral, tal
20 como para la inyección subcutánea, el vehículo de preferencia comprende agua, solución salina, alcohol, una grasa, una cera o un regulador. Para la administración oral, se puede emplear cualquiera de los vehículos anteriores o un vehículo sólido, tal como manitol, lactosa, almidón, estearato de magnesio, sacarina de sodio, talco,
25 celulosa, glucosa, sacarosa y carbonato de magnesio. También se

pueden emplear microesferas biodegradables (por ejemplo, poliglicolato de polilactato) como vehículos para las composiciones farmacéuticas de esta invención. Las microesferas biodegradables convenientes se describen, por ejemplo, en las Patentes de los
5 Estados Unidos de Norteamérica Números 4,897,268; 5,075,109; 5,928,647; 5,811,128; 5,820,883; 5,853,763; 5,814,344 y 5,942,252. También se puede emplear un vehículo que comprenda los complejos de partículas-proteínas descritos en la Patente de los Estados Unidos de Norteamérica Número 5,928,647, que son capaces de
10 inducir las respuestas de linfocitos T citotóxicos restringidos clase I en un huésped.

Estas composiciones también pueden comprender reguladores (por ejemplo, solución salina regulada neutra o solución salina regulada de fosfato), carbohidratos (por ejemplo, glucosa, manosa,
15 sacarosa o dextranos), manitol, proteínas, polipéptidos o aminoácidos tales como glicina, antioxidantes, bacteriostatos, agentes quelantes, tales como EDTA o glutatona, adyuvantes (por ejemplo, hidróxido de aluminio), solutos que vuelven la formulación isotónica, hipotónica o débilmente hipertónica con la sangre de un
20 receptor, agentes de suspensión, agentes espesantes y/o conservadores. De manera alternativa, las composiciones de la presente invención se pueden formular como un liofilizado. Los compuestos también se pueden encapsular dentro de liposomas usando tecnología muy conocida.

25 Cualquiera entre una variedad de inmunoestimulantes se puede

emplear en las vacunas de esta invención, por ejemplo, se puede
 incluir un adyuvante. La mayoría de los adyuvantes contienen una
 sustancia diseñada para proteger al antígeno del catabolismo rápido
 tal como el hidróxido de aluminio o el aceite mineral y un estimulante
 5 de las respuestas inmunes, tal como el lípido A, *Bordetella pertussis*
 o *Microbacterium species* o proteínas derivadas de *Microbacterium*.
 Por ejemplo, se puede usar *M. vaccae*, deslipidada, desglicolipidada
 ("pVac"). En otra modalidad, se usa BCG como un adyuvante.
 Además, la vacuna se puede administrar a un sujeto previamente
 10 expuesto a la BCG. Los adyuvantes convenientes están disponibles
 comercialmente como, por ejemplo, el adyuvante incompleto de
 Freund y el adyuvante completo de Freund (Difco, Laboratories,
 Detroit, MI); Adyuvante 65 de Merck (Merck and Company Inc.,
 Rahway, NJ); CWS, TDM, Leif, sales de aluminio tales como el gel
 15 de hidróxido de aluminio (alum) o el fosfato de aluminio; sales de
 calcio, hierro o zinc; una suspensión insoluble de tirosina acilada;
 azúcares acilados; polisacáridos derivados catiónicamente o
 aniónicamente; polifosfazenos; microesferas biodegradables;
 monofosforilo-lípido A y quil A. También se pueden usar como
 20 adyuvantes las citoquinas, tales como GM-CSF o interleucina-2, -7, ó
 -12.

Dentro de las vacunas proporcionadas en la presente, la
 composición adyuvante se puede diseñar para inducir una respuesta
 inmune predominantemente del tipo Th1. Los niveles altos de las
 25 citoquinas tipo Th1 (por ejemplo, IFN- γ , TNF α , IL-2 e IL-12) tienden

a favorecer la inducción de respuestas inmunes mediadas por células a un antígeno administrado. En cambio, altos niveles de citoquinas tipo Th2 (por ejemplo, IL-4, IL-5, IL-6 e IL-10) tienden a favorecer la inducción de las respuestas inmunes humorales. Después de la
5 aplicación de una vacuna como se dispone en la presente, un paciente soportará una respuesta inmune que incluye respuestas tipo Th1 y Th2. Dentro de una modalidad, en la cual una respuesta es predominantemente del tipo Th1, el nivel de citoquinas tipo Th1 aumentará mucho más que el nivel de las citoquinas tipo Th2. Los
10 niveles de estas citoquinas se pueden valorar fácilmente usando ensayos normales. Para una revisión de las familias de citoquinas véase Mosmann y Coffman, *Ann. Rev. Immunol.* 7: 145-173 (1989).

Los adyuvantes convenientes para su uso para provocar una respuesta predominantemente del tipo Th1, incluyen, por ejemplo
15 una combinación de monofosforilo-lípido A, por ejemplo monofosforilo-lípido A 3-des-O-acilado (3D-MPL), junto con una sal de aluminio. Los adyuvantes MPL están disponibles en Corixa Corporation (Seattle, WA; véanse las Patentes de los Estados Unidos de Norteamérica Números 4,436,727; 4,877,611; 4,866,034 y
20 4,912,094). Los olinonucleótidos que contienen CpG (en los cuales el nucleótido CpG es no metilado) también inducen una respuesta predominantemente Th1. Estos olingonucleótidos son muy conocidos y se describen, por ejemplo, en la Publicación Internacional Número WO 96/02555, la Publicación Internacional Número WO 99/33488 y
25 en las Patentes de los Estados Unidos de Norteamérica Números

6,008,200 y 5,856,462. También se describen secuencias de ADN inmunoestimulantes, por ejemplo, por Sato y colaboradores, *Science* 273:352 (1996). Otro adyuvante conveniente comprende una saponina, tal como Quil A, o derivados de la misma, incluyendo
5 QS21 y QS7 (Aquila Biopharmaceuticals Inc. Framingham, MA); Escina; Digitonina; o saponinas *Gypsophila* o *Chenopodium quinoa*. Otras formulaciones convenientes incluyen más de una saponina en las combinaciones de adyuvantes en la presente invención, por ejemplo, combinaciones de cuando menos dos del siguiente grupo
10 que comprenden QS21, QS7, Quil A, β -escina, o digitonina.

De manera alternativa las formulaciones de saponina se pueden combinar con vehículos de vacuna compuestos de quitosano u otros polímeros policationicos, partículas de poliláctidos y poliláctido-co-glicólidos, matriz de polímero basado en poli-N-acetil-
15 glucosamina, partículas compuestas de polisacáridos o polisacáridos modificados químicamente, liposomas y partículas basadas en lípidos, partículas compuestas de monoésteres de glicerol, etcétera. Las saponinas también se pueden formular en la presencia de colesterol para formar estructuras en partículas tales como
20 liposomas o ISCOMs. Aún más, las saponinas se pueden formular junto con un éter o éster polioxietilénico, en una solución o suspensión no en partículas, o en una estructura en partículas tal como un liposoma paucilamelar o ISCOM. Las saponinas también se pueden formular con excipientes tales como Carbopol® para
25 aumentar la viscosidad, o se pueden formular en forma de polvo seco

con un excipiente en polvo tal como lactosa.

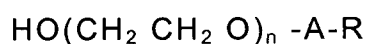
En una modalidad, el sistema adyuvante incluye la combinación de un monofosforilo-lípido A y un derivado de saponina, tal como la combinación del adyuvante QS21 y 3D-MPL®, como se describe en la Publicación Internacional Número WO 94/00153 o una combinación menos reactogénica en donde el QS21 se amortigua con liposomas que contienen colesterol, como se describe en la Publicación Internacional Número WO 96/33739. Otras formulaciones convenientes comprenden una emulsión de aceite en agua y tocoferol. Otra formulación de adyuvante conveniente que emplea el adyuvante QS21, 3D-MPL® y tocoferol en una emulsión de aceite en agua se describe en la Publicación Internacional Número WO 95/17210.

Otro sistema de adyuvante aumentado incluye la combinación de un oligonucleótido que contiene CpG y un derivado de saponina, particularmente la combinación de CpG y QS21 como se describe en la Publicación Internacional Número WO 00/09159. De preferencia la formulación adicionalmente comprende una emulsión de aceite en agua y tocoferol.

Otros adyuvantes convenientes incluyen Montanide ISA 720 (Seppic, Francia), SAF (Chiron, California, Estados Unidos), ISCOMS (CSL), MF-59 (Chiron), la serie de adyuvantes SBAS (SmithKline Beecham, Rixensart, Bélgica), Detox (Corixa, Hamilton, MT), RC-529 (Corixa, Hamilton, MT) y otros glucosaminida-4-fosfatos aminoalquílicos (AGPs) tales como los descritos en las solicitudes

pendientes de Patentes de los Estados Unidos de Norteamérica con
 Números de Serie 08/853,826 y 09/074,720, cuyas inscripciones se
 incorporan a la presente como referencia por entero, y adyuvantes
 de éter de polioxietileno tales como los descritos en la Publicación
 5 Internacional Número WO 99/52549A1.

Otros adyuvantes convenientes incluyen moléculas adyuvantes
 de la fórmula general (I):



Donde n es de 1 a 50, A es un enlace ó $-\text{C}(\text{O})-$, R es alquilo
 10 con de 1 a 50 átomos de carbono o fenil-alquilo de 1 a 50 átomos de
 carbono.

Otro adyuvante de interés es la cadena de toxina b shiga,
 usada por ejemplo como se describe en la Publicación Internacional
 Número WO 2005/112991.

15 Una modalidad de la presente invención consiste en una
 formulación de vacunas que comprende un éter de polioxietileno de
 la fórmula general (I), en donde n está entre 1 y 50, preferiblemente
 entre 4 y 24, más preferiblemente 9; el componente R es alquilo con
 de 1 a 50 átomos de carbono, de preferencia alquilo con de 4 a 20
 20 átomos de carbono y todavía más preferiblemente alquilo con 12
 átomos de carbono, y A es un enlace. La concentración de los éteres
 de polioxietileno deberá estar en un intervalo entre el 0.1 y el 20 por
 ciento, de preferencia entre el 0.1 y el 10 por ciento, y todavía más
 preferiblemente en el intervalo del 0.1 al 1 por ciento. Los éteres de
 25 polioxietileno preferidos se seleccionan a partir del siguiente grupo:

9-lauril-éter de polioxietileno, 9-estearoil-éter de polioxietileno, 8-estearoil-éter de polioxietileno, 4-lauril-éter de polioxietileno, 35-lauril-éter de polioxietileno, y 23-lauril-éter de polioxietileno. Los éteres de polioxietileno, tales como el lauril-éter de polioxietileno se describen en Merck Index (12^a edición: entrada 7717). Estas moléculas adyuvantes se describen en la Publicación Internacional Número WO 99/52549.

Cualquier vacuna proporcionada en la presente se puede preparar usando métodos muy conocidos que den como resultado una combinación de antígeno, un potenciador de la respuesta inmune y un vehículo o excipiente conveniente. Las composiciones descritas en la presente se pueden administrar como parte de una formulación de liberación sostenida, es decir, una formulación como una cápsula, esponja o gel (compuesta de polisacáridos, por ejemplo) que efectúe una liberación lenta del compuesto después de la administración. Estas formulaciones generalmente se preparan usando tecnología muy conocida (véase, por ejemplo, Coombes y colaboradores, *Vaccine* 14: 1429-1438 (1996) y se administran mediante, por ejemplo, administración oral, rectal o implantación subcutánea, o mediante implantación en el sitio objetivo deseado. Las formulaciones de liberación sostenida pueden contener un polipéptido, polinucleótido o anticuerpo disperso en una matriz portadora y/o contenido dentro de un recipiente rodeado por una membrana que controle la velocidad.

Los vehículos para su uso en estas formulaciones son

biocompatibles y pueden también ser biodegradables; de preferencia la formulación proporciona un nivel relativamente constante de liberación del componente activo. Estos vehículos incluyen micropartículas de poli-(láctido-co-glicólido), poliacrilato, látex, almidón, celulosa, dextrano y similares. Otros vehículos de liberación retardada incluyen biovectores supramoleculares, los cuales comprenden un núcleo hidrofílico no líquido (por ejemplo, un polisacárido u oligosacárido reticulado) y, opcionalmente, una capa externa que comprende un compuesto anfifílico, tal como un fosfolípido (véase, por ejemplo, la Patente de los Estados Unidos de Norteamérica Número 5,151,254 y las solicitudes de Patentes Internacionales Números WO 94/20078, WO 94/23701, y WO 96/06638). La cantidad de compuesto activo contenido dentro de una formulación de liberación sostenida depende del sitio de implantación, de la velocidad y de la duración esperada de liberación y de la naturaleza de la condición que se vaya a tratar o a prevenir.

Se puede emplear cualquiera de una variedad de vehículos de administración dentro de las composiciones farmacéuticas y vacunas para facilitar la producción de una respuesta inmune específica al antígeno que se dirige a las células tumorales. Los vehículos de administración incluyen células presentadoras de antígenos (APCs), tales como células dendríticas, macrófagos, células C, monocitos y otras células que se pueden diseñar genéticamente para que sean APCs eficientes. Estas células se pueden modificar, pero no necesariamente, genéticamente, para aumentar la capacidad de

presentar el antígeno, para mejorar la activación y/o el mantenimiento de la respuesta de las células T, para tener efectos antitumorales por sí mismas y/o para ser inmunológicamente compatibles con el receptor (es decir, haplotipo HLA coincidente).

- 5 Las células presentadoras de antígenos generalmente se pueden aislar a partir de cualquiera de una variedad de fluidos y órganos biológicos, incluyendo tumores y tejidos peritumorales, y pueden ser células autónomas, alogénicas, singénicas o xenogénicas.

Ciertas modalidades de la presente invención usan células
10 dendríticas o progenitoras de las mismas como las células presentadoras de antígenos. Las células dendríticas son células presentadoras de antígenos, muy potentes (Banchereau y Steinman, Nature 392: 245-251 (1998) y se ha demostrado que son efectivas como adyuvantes fisiológicos para provocar inmunidad antitumoral
15 profiláctica o terapéutica (véase Timmerman y Levy, *Ann. Rev. Med.* 50: 507-529 (1999). En general, las células dendríticas se pueden identificar basándose en su forma típica (*stellate* en el sitio, con procesos citoplásmicos marcados (dendritas) visibles *in vitro*. La capacidad de absorber, procesar y presentar antígenos con alta
20 eficiencia y su capacidad para activar respuestas de células T naturales. Las células dendríticas, desde luego se pueden diseñar genéticamente para expresar receptores de superficie celular específicos o ligandos que no se encuentran comúnmente sobre las células dendríticas *in vivo* o *ex vivo*, y estas células dendríticas
25 modificadas son consideradas por la presente invención. Como una

alternativa a las células dendríticas, las células dendríticas cargadas de antígeno de vesículas secretadas (llamadas exosomas) se pueden usar dentro de una vacuna (véase Zitvogel y colaboradores, *Nature Med.* 4: 594-600 (1998)).

5 Las células dendríticas y las progenitoras se pueden obtener de sangre periférica, médula ósea, células que infiltran tumores, células que infiltran tejidos peritumorales, ganglios linfáticos, el bazo, la piel, sangre del cordón umbilical o cualquier otro tejido o fluido conveniente. Por ejemplo, se pueden diferenciar las células
10 dendríticas *ex vivo* añadiendo una combinación de citoquinas tales como GM-CSF, IL-4, IL-13 y/o $\text{TNF}\alpha$, a cultivos de monocitos cosechados de la sangre periférica. Alternativamente, las células positivas para CD34 cosechadas de la sangre periférica, de la sangre del cordón umbilical o de la médula ósea, se pueden diferenciar en
15 células dendríticas añadiendo al medio de cultivo combinaciones de GM-CSF, IL-3, $\text{TNF}\alpha$, ligando CD40, LPS, ligando flt3 y/u otros compuestos que induzcan la diferenciación, maduración y proliferación de las células dendríticas.

Las células dendríticas se categorizan convenientemente como
20 células “inmaduras” y “maduras”, lo cual permite una manera simple de discriminar entre dos fenotipos muy bien caracterizados. Sin embargo, esta nomenclatura no deberá considerarse que excluya todas las etapas intermedias posibles de diferenciación. Las células dendríticas inmaduras se caracterizan como células presentadoras
25 de antígeno con una gran capacidad para la absorción de antígeno y

su procesamiento, lo cual se correlaciona con la alta expresión del receptor Fcγ y el receptor de manosa. El fenotipo maduro se caracteriza típicamente por una expresión más baja de estos marcadores, pero una alta expresión de las moléculas de la superficie celular responsables de la activación de las células T tales como las MHC clase I y clase II, las moléculas de adhesión (por ejemplo, CD54 y CD11) y las moléculas coestimulantes (por ejemplo, CD40, CD80, CD86 y 4-1BB).

Las células presentadoras de antígeno generalmente se pueden transfectar con polinucleótidos que codifiquen una proteína (o porción u otra variante de la misma) tal como el polipéptido, o una porción inmunogénica del mismo se expresa sobre la superficie celular. Esta transfección se puede llevar a cabo *ex vivo*, y se puede usar entonces una composición o vacuna que comprenda estas células transfectadas para propósitos terapéuticos, como se describe en la presente. De una manera alternativa, se puede administrar a un paciente un vehículo de administración de genes que se dirija a una célula dendrítica u otra célula presentadora de antígeno, dando como resultado la transfección que se presenta *in vivo*. La transfección *in vivo* y *ex vivo* de las células dendríticas, por ejemplo, en general se puede realizar usando cualquier método conocido en la técnica, tales como los descritos en la Publicación Internacional Número WO 97/24447, o en el enfoque de pistola de genes descrito por Mahvi y colaboradores, *Immunology and Cell Biology* 75:456-460 (1997). La carga de antígenos de las células dendríticas se puede lograr

incubando células dendríticas o células progenitoras con el polipéptido, ADN (desnudo o dentro de un vector de plásmido) o ARN; o con bacterias o virus recombinantes que expresen antígeno (por ejemplo, vacuna, viruela de aves, adenovirus o vectores lentivirus). Antes de cargarse, el polipéptido se puede conjugar covalentemente a un compañero inmunológico que proporcione auxiliares de células T (por ejemplo, una molécula portadora). De una manera alternativa, una célula dendrítica puede ser impulsada por un compañero inmunológico no conjugado, por separado o en la presencia del polipéptido.

Se pueden presentar las vacunas y las composiciones farmacéuticas en dosis unitarias o en recipientes de dosis múltiples, tales como ampollitas o frascos sellados. Estos recipientes de preferencia se sellan herméticamente para conservar la esterilidad de la formulación hasta su uso. En general, las formulaciones se pueden almacenar como suspensiones, soluciones o emulsiones en vehículos aceitosos o acuosos. De una manera alternativa, se puede almacenar una vacuna o una composición farmacéutica en una condición secada por congelación, requiriendo solamente de la adición de un portador líquido estéril inmediatamente antes de su uso.

KITS DE DIAGNOSTICO

La presente invención también proporciona kits para su uso dentro de cualquiera de los métodos de diagnóstico anteriores. Estos kits típicamente comprenden dos o más componentes necesarios

para realizar una prueba de diagnóstico. Los componentes pueden ser compuestos, reactivos, recipientes y/o equipo. Por ejemplo, un recipiente dentro de un kit puede contener un anticuerpo monoclonal o un fragmento del mismo que específicamente se enlace a una proteína. Estos anticuerpos o fragmentos se pueden proporcionar 5 unidos a un material de soporte, como se describe anteriormente. Uno o más recipientes adicionales pueden contener elementos, tales como reactivos o reguladores, para usarse en la prueba. Estos kits pueden contener también o alternativamente, un reactivo de 10 detección como se describe anteriormente, que contenga un grupo reportero conveniente para la detección directa o indirecta del enlace de anticuerpos.

De una manera alternativa, se puede diseñar un kit para detectar el nivel de ARNm que codifique una proteína en una muestra biológica. Estos kits generalmente comprenden cuando 15 menos una sonda o cebador de oligonucleótido como se describe anteriormente, que se hibrida a un polinucleótido que codifique una proteína. Un oligonucleótido así se puede usar, por ejemplo, dentro de una reacción en cadena de la polimerasa o una prueba de 20 hibridación. Los componentes adicionales que pueden estar presentes dentro de estos kits incluyen un segundo oligonucleótido y/o un reactivo de diagnóstico o recipiente para facilitar la detección de un polinucleótido que codifique una proteína de la invención.

Otros kits de diagnóstico incluyen los diseñados para la 25 detección de respuestas mediadas por células (las cuales, por

ejemplo, se pueden usar en los métodos de diagnóstico de la presente invención). Estos kits típicamente comprenden:

(i) un aparato para obtener una muestra celular adecuada a partir de un sujeto.

5 (ii) elementos para estimular esa muestra de células con una combinación de antígenos de *Chlamydia* de acuerdo con la presente invención (o fragmentos inmunogénicos de los mismos o ADN que codifique antígenos o fragmentos).

10 (iii) elementos para detectar o cuantificar la respuesta celular al estímulo.

Los elementos convenientes para cuantificar la respuesta celular incluyen un kit ELISPOT de células B o de manera alternativa un kit ELISPOT de células T, los cuales son conocidos para los expertos en la técnica.

15 Todas las publicaciones y solicitudes de patentes citadas en esta memoria descriptiva se incorporan a la presente como referencia, como si cada publicación individual o solicitud de patente se indicara específicamente y de manera individual como incorporada mediante referencia.

20 Aunque la invención anterior se ha descrito en detalle a manera de ilustración y ejemplo para propósitos de claridad de entendimiento, fácilmente será aparente para un experto que, a la luz de las enseñanzas de esta invención, se pueden hacer a la misma ciertos cambios y modificaciones sin apartarse del espíritu o
25 alcance de las reivindicaciones adjuntas.

EJEMPLOS

Los siguientes ejemplos se proporcionan a manera de ilustración solamente y no a manera de limitación. Los expertos en la técnica fácilmente reconocerán una variedad de parámetros no críticos que podrían cambiarse o modificarse para producir finalmente los mismos resultados.

Ejemplo 1: Expresión y purificación de proteínas recombinantes de *Chlamydia trachomatis*

Se clonaron genes de *Chlamydia trachomatis* en plásmido que incorpora una marca de histidina 6X en el término N para permitir la expresión y la purificación de proteína recombinante.

Se expresaron dos proteínas recombinantes de longitud completa, Ct-622 y Ct-875 en *E. coli*. Ambos de estos genes se identificaron usando análisis de expresión de CtL2 y CtE y se expresaron los homólogos del serotipo E. Los cebadores usados para amplificar estos genes se basaron en secuencias de serotipos L2/E. Los genes se amplificaron usando ADN genómico del serotipo E como la plantilla. En cuanto se amplificaron, se clonaron los fragmentos en pET-17b con una marca His-6X N-terminal. Después de transformar el plásmido recombinante en células azules XL-I, se preparó el ADN y se secuenciaron completamente los clones. El ADN se transformó en el huésped de expresión BL21-pLysS (Novagen) para la producción de proteínas recombinantes. Las proteínas se indujeron con IPTG y se modificaron y purificaron en agarosa Ni-NTA usando métodos convencionales. Las secuencias de ADN para

CTE622 y CTE875 se describen en las SEQ ID NOs: 9 y 7, respectivamente y sus secuencias de aminoácidos se describen en las SEQ ID NOs: 10 y 8, respectivamente.

Una proteína recombinante de longitud completa, Ct-089, se
5 expresó en *E. coli*. El gen se identificó usando análisis de expresión de CtL2, pero se expresó el homólogo del serotipo E. Los cebadores usados para amplificar este gen se basaron en la secuencia del serotipo L2. El gen se amplificó usando el ADN genómico del serotipo E como la plantilla. En cuanto se amplificó, el fragmento se
10 clonó en pET-17b con una marca His-6X N-terminal. Después de transformar el plásmido recombinante en células azules XL-I, se preparó el ADN y se secuenció completamente el clon. El ADN se transformó entonces en las células huésped de expresión de BL21-pLysS (Novagen) para la producción de proteínas recombinantes. La
15 proteína se indujo con IPTG y se purificó en agarosa Ni-NTA usando métodos convencionales.

Se expresó una proteína recombinante de longitud completa Ct-460 en *E. coli*. El gen se identificó usando análisis de expresión de CtL2 y CTE, pero se expresó el homólogo del serotipo L2. Los
20 cebadores usados para amplificar este gen se basaron en la secuencia del serotipo L2. Los genes se amplificaron usando el ADN genómico del serotipo L2 como la plantilla. En cuanto se amplificó, el fragmento se clonó en pET-17b con una marca 6X-His N-terminal. Después de transformar el plásmido recombinante en células azules
25 XL-I, se preparó el ADN y se secuenció completamente el clon. El

ADN se transformó entonces en las células huésped de expresión de BL21-pLysE (Novagen) para la producción de las proteínas recombinantes. La proteína se indujo con IPTG y se purificó en agarosa Ni-NTA usando métodos convencionales.

5 Una proteína recombinante de longitud completa, Ct-858 se expresó en *E. coli*. El gen se identificó usando análisis de expresión de CtL2 y CTE, pero se expresó el homólogo del serotipo E. Los cebadores usados para amplificar este gen se basaron en la secuencia del serotipo L2/E. Los genes se amplificaron usando el
10 ADN genómico del serotipo E como la plantilla. En cuanto se amplificó, el fragmento se clonó en pCRX2 con una marca 6X-His N-terminal. Después de transformar el plásmido recombinante en células azules XL-1, se preparó el ADN y se secuenció completamente el clon. El ADN se transformó entonces en las células
15 de expresión Turner DE3 (Novagen) para la producción de proteínas recombinantes. La proteína se indujo con IPTG y se purificó en agarosa Ni-NTA usando métodos convencionales.

 Se expresó una proteína recombinante de longitud completa, Ct-681, en *E. coli*. El gen se identificó usando análisis de expresión
20 de CtL2 y CTE, pero se expresó el homólogo del serotipo F. Se obtuvo la construcción del clon/pET-15 a partir de GSK (MompF). En cuanto se amplificó el fragmento se clonó en pET-15b con una marca 6X-His N-terminal. Después de transformar el plásmido recombinante en células azules XL-1, se preparó el ADN y se secuenció
25 completamente el clon. El ADN se transformó en las células

huésped de expresión BL21-pLysS para la producción de las proteínas recombinantes. La proteína se indujo con IPTG y se purificó en agarosa Ni-NTA usando métodos convencionales.

El dominio pasajero de dos proteínas recombinantes, Ct-812 y Ct-871, se expresó en *E.coli*. La Ct-812 se identificó usando análisis de expresión de CtL2 y CtE, y la Ct-871 se identificó usando análisis de expresión de CtE. Para ambos genes se expresaron los homólogos del serotipo L2. Los cebadores usados para amplificar estos genes se basaron en secuencias del serotipo L2. Los genes se amplificaron usando ADN genómico del serotipo L2 como la plantilla. En cuanto se amplificaron, los fragmentos se clonaron en pET-17b con una marca 6X-His N-terminal. Después de transformar el plásmido recombinante en células azules XL-I, se preparó el ADN y los clones se secuenciaron completamente. El ADN se transformó en las células huésped de expresión BL21-pLysS (Novagen) para la producción de proteínas recombinantes. Las proteínas se indujeron con IPTG y se purificaron en agarosa Ni-NTA usando métodos convencionales.

Ejemplo 2: Formulación de diferentes combinaciones de antígenos de *Chlamydia trachomatis* con adyuvante.

Las combinaciones de antígenos de la siguiente Tabla se prepararon como sigue. 5 microgramos de cada antígeno se combinaron en 50 microlitros de suero regulado con fosfato, y luego se mezclaron con 50 microlitros de adyuvante AS01B el cual comprende 3D-MPL y QS21 formulados con liposomas que contienen

colesterol, a un volumen total por dosis de 100 microlitros.

Después de mezclar con el antígeno la composición final del adyuvante es:

- 5
- 3D-MPL

100 μ g/ml
- OS21

100 μ g/ml
- DOPC

2 mg/ml
- Colesterol

0.5 mg/ml

10

COMBO	Swib CT460	Momp CT681	Ct- 858	Ct- 875	Ct- 622	Ct- 089	PmpGpd CT871	PmpDpd CT812
1	X	X	X			X		X
1 ¹	X		X			X		X
2	X	X	X		X	X		X
3		X	X		X	X	X	X
15	4		X	X	X	X		
	5		X	X		X		
	5 ¹		X	X		X		X
20	6	X	X			X	X	X

Ejemplo 3: Prueba de combinaciones de antígenos de *Chlamydia trachomatis* en un modelo de ratón - Inmunización contra la infección de las vías genitales por *Chlamydia*

25

Este ejemplo demuestra que la vacunación con combinaciones de antígenos de *Chlamydia* como se describe en el Ejemplo 2 puede

proteger significativamente contra la infección por *Chlamydia* en los ratones.

Se desarrolló un modelo de infección de vías genitales de murino con la cepa del serotipo K de *Chlamydia trachomatis* (Ct) que se parece mucho a la patología de infección en humanos. Este modelo se usó para evaluar la efectividad de inmunizar ratones con diferentes combinaciones de antígenos específicos de Ct para diferentes serotipos. Específicamente, se vacunaron ratones Balb/c y C57Bl/6 con formulaciones de combinaciones de adyuvantes como se describe en el Ejemplo 2. Este modelo también se intentó con una tercera raza de ratón, DBA, pero este modelo no permitió la protección contra el estímulo de Ct que se demostraba ya sea en el control positivo (cuerpos elementales de *Chlamydia* irradiados con ultravioleta (UEB) formulado en AS01B) o bien en ratones vacunados con combinaciones de antígenos.

Se administraron dos inyecciones, separadas por un intervalo de tiempo de tres semanas, a los ratones en la base de la cola. Cuatro semanas después de la vacunación final, los animales fueron tratados con 1.25 miligramos de progesterona antes de ser infectados intravaginalmente con 5×10^5 unidades que forman inclusión (IFU) del serotipo K de *Chlamydia trachomatis*. Los ratones se inmunizaron con 10 microgramos de UEB formulado en AS01B como un control positivo, y el adyuvante AS01B solo como el control negativo. Siete días después de la infección, se tomaron muestras de las vías genitales inferiores para determinar los valores de

dispersión bacteriana determinando las IFU usando las células de McCoy. En algunos experimentos los ratones se sacrificaron en el día 10 después de la infección y se determinó la carga bacteriana en las vías genitales superiores homogenizando el UGT y determinando las IFU usando células de McCoy.

Como se muestra en las Figuras 1 y 2, la vacunación de los ratones con las combinaciones 1, 1¹, 2, 3, 4, 5, 5¹, o 6, muestra el resultado sorprendente de ofrecer una protección significativa ($p < 0.01$ - $p < 0.001$) contra la infección por *Chlamydia* en un modelo de ratón Balb/c. Además, como se muestra en las Figuras 2 y 5, los resultados de la protección se confirman en un segundo modelo de protección de ratón, C57Bl/6, vacunado con las combinaciones 1, 1¹, 5 y 5¹ y estimulados con el serotipo K. ($p < 0.001$ prueba de comparación múltiple de Dunnet).

Para un mejor análisis estadístico, el día 7 se reunieron los datos de dispersión de tres experimentos en ratones Balb/c (Figura1). La dispersión media bacteriana en los grupos inmunizados por UVEB se redujo en 1.8 log en comparación con la media del grupo de control AS01B. La dispersión media bacteriana en los grupos inmunizados por UVEB fue significativamente menor en comparación con todos los otros grupos probados (pruebas t de dos colas, $p < 0.05$). Todas las combinaciones de antígeno redujeron significativamente la media de dispersión bacteriana en aproximadamente 1 log (0.8-1.1) en comparación con el grupo de control AS01B ($p < 0.01$; prueba de comparación múltiple de

Dunnett). El análisis estadístico no detectó ninguna diferencia en la protección inducida por las 6 combinaciones de antígenos (Tukey y prueba-t). De este modo, las inmunizaciones de ratones Balb/c con las combinaciones de antígenos probadas inducen una protección significativa contra la dispersión bacteriana en el modelo de agresión vaginal con el serotipo K.

Enseguida, iniciamos un conjunto de experimentos de confirmación respaldado con respaldo en ratones Balb/c y C57Bl/6 comparando las combinaciones 1 y 5 de las dos versiones modificadas de la combinación 1 y 5, la combinación 5¹ (añadiendo PmpD-pd a la combinación 5), y la combinación 1¹ (sacando MompF de la combinación 1). Grupos de 8 ratones Balb/c y C57Bl/6 tratados con progesterona fueron agredidos con una dosis intravaginal de 5×10^5 IFU del serotipo K, 4 semanas después de la segunda inmunización. Los datos para los experimentos en los ratones Balb/c se muestran en la Figura 2. La dispersión bacteriana se determinó a partir de muestras frotadas tomadas el día 7 después de la agresión con *Chlamydia*. Los ratones se sacrificaron el día 10 para determinar la carga de *Chlamydia* en el UGT. Los datos de estos experimentos se han reunido para el análisis estadístico (Figura 2). La inmunización con UVEB protegió a 12 de cada 16 ratones completamente contra la dispersión bacteriana en las vías genitales inferiores (7 días después de la agresión) y no se detectó *Chlamydia* en el UGT de 11 de los 16 ratones en el día 10 después de la agresión. Las medias de ambas, la dispersión bacteriana en el LGT y

la carga bacteriana en el UGT se redujeron cuando menos un log en los ratones inmunizados con la combinación 1 o con la combinación 5 en comparación con el control de solo AS01B. La modificación (aumento o reducción en el número de antígenos) de la composición de la combinación 1 y la combinación 5 (combinación 1' y combinación 5') no mejoró la protección. Hubo diferencias estadísticamente significativas entre las medias de la dispersión bacteriana de todos los grupos en comparación con la media del grupo de control AS01B usando la prueba de comparación múltiple de Dunnet con los siguientes valores de p:

AS01B vs. UVEB $p < 0.001$

AS01B vs. Combinación 5 $p < 0.001$

AS01B vs. Combinación 5' $p < 0.001$

AS01B vs. Combinación 1 $p < 0.001$

AS01B vs. Combinación 1' $p < 0.05$

Como en los anteriores experimentos de confirmación en ratones Balb/c, el análisis estadístico no ha permitido distinguir entre las combinaciones de antígenos. El análisis estadístico de la carga bacteriana en el UGT determinó que solamente la media del grupo inmunizado con UVEB fue significativamente inferior a la media del grupo de control con AS01B.

La dispersión bacteriana para los experimentos de respaldo con respaldo con las combinaciones 1 y 5 en los ratones C57Bl/6 se muestran en la Figura 3. Los datos de los experimentos respaldo con respaldo se agruparon para su análisis estadístico. Los

experimentos siguieron el protocolo de los Balb/c. La dispersión bacteriana se determinó a partir de cotonetes de absorción tomados en el día 7 después del estímulo con *Chlamydia*. La inmunización con la combinación de antígenos 1, 1', 5 y 5' indujo una protección significativa contra la dispersión por 1 a 2 logs, respectivamente ($p < 0.001$; prueba de comparación múltiple de Dunnet). El análisis estadístico no determinó ningún significado estadístico entre las medias de dispersión bacteriana de los ratones inmunizados con las combinaciones.

Para un análisis estadístico final, se agruparon los datos de los cinco experimentos de confirmación en los ratones Balb/c (31 ratones por grupo) y tres experimentos de confirmación en ratones C57B1/6 (21 ratones por grupo) y se muestran en las Figuras 4 y 5. Los experimentos de confirmación demostraron que las combinaciones seleccionadas 1 y 5 inducen una protección significativa contra la dispersión bacteriana tanto en ratones Balb/c ($p < 0.001$) como en ratones C57BI/6 ($p < 0.001$). Los datos confirman que las combinaciones de antígenos identificadas en el experimento de diseño experimental en los ratones Balb/c también inducen la protección en los ratones C57BI/6. Los datos también muestran que las inmunizaciones con estas combinaciones, así como las inmunizaciones con UVEB, inducen niveles de protección más altos en los ratones C57BI/6 que en los ratones Balb/c.

Ejemplo 4 - Comparaciones de secuencias de Ct 089, Ct-858 y Ct-875

Método

La *Chlamydia trachomatis* serotipo E es un serotipo óculo-genital común y se eligió como una base con la cual se compararían las demás secuencias.

5 Se llevó a cabo una alineación múltiple de secuencias de aminoácidos para su comparación usando el programa CLUSTAL W, disponible en el paquete de software Lasergene, versión 5.0 (vendido por DNASTAR, Inc., Madison, WI)). El algoritmo de alineación múltiple básico incluye un procedimiento de tres pasos: todos los
10 pares de secuencias se alinean por separado con el fin de calcular una matriz de distancia que da la divergencia de cada par de secuencias, luego se calcula un árbol guía a partir de la matriz de distancia, y finalmente se alinean las secuencias progresivamente de acuerdo con el árbol guía. El algoritmo CLUSTAL W se describe en
15 *Thompson y colaboradores, Nuc. Acids Res. 22: 4673-4680 (1994)*. Las alineaciones se muestran en las Figuras 6, 7a/7b y 8a/8b.

Los epítomos de las células auxiliares T son péptidos enlazados a las moléculas HLA de clase II y reconocidos por las células auxiliares T. La predicción de epítomos de células auxiliares T
20 supuestas, presentes en los polipéptidos de *Chlamydia trachomatis* CT089, CT858 y CT875 del serotipo E, se basó en el método TEPITOPE descrito por *Sturniolo y colaboradores, Nature Biotech. 17: 555-561 (1999)*. Los péptidos que comprenden epítomos de células T potenciales, buenos, se resaltan (cuadros grises) en las
25 Figuras 6, 7a/7b y 8a/8b.

Resultados

La Figura 9 muestra los resultados de la comparación de las secuencias de Ct-089. La Figura 10 muestra los resultados de la comparación de las secuencias de Ct-858. La Figura 11 muestra los resultados de la comparación de las secuencias de Ct-875.

La Ct-089 de la *Chlamydia trachomatis* serotipo E muestra un alto nivel de identidad de secuencia con la Ct-089 de la *Chlamydia trachomatis* serotipos A, B, D, G, H, I, J, K y L2. El nivel mínimo de identidad fue del 97.4 por ciento, teniendo ocho de los 10 serotipos una identidad de cuando menos el 98 por ciento. Los serotipos oculares A y B muestran en particular alta identidad con el serotipo E, con valores del 99.5 por ciento y 99.8 por ciento, respectivamente.

La Ct-858 de *Chlamydia trachomatis* serotipo E muestra un alto nivel de identidad de secuencia con la Ct-858 de la *Chlamydia trachomatis* serotipos A, B, D, G, H, I, J, K y L2. El nivel mínimo de identidad fue del 99.7 por ciento, mostrando una completa identidad el serotipo ocular J y LGV serotipo L2.

La Ct-875 de la *Chlamydia trachomatis* serotipo E muestra un alto nivel de identidad de secuencia con la Ct-089 de la *Chlamydia trachomatis* serotipos A, B, D, G, H, I, J, K y L2. El nivel mínimo de identidad fue del 94.9 por ciento, teniendo ocho de los 10 serotipos una identidad de cuando menos 98 por ciento.

Para cada una de las tres proteínas Ct-089, Ct-858 y Ct-875, el porcentaje de epítomos predichos de HLA DRB1 (para el serotipo E) que se conservan completamente a través de todos los serotipos

probados es muy alto y se estima en el 77 por ciento, el 95 por ciento y el 80 por ciento, respectivamente.

Para fines comparativos, las Figuras 12, 13 y 14 muestran la alineación de secuencias para Ct-089, Ct-858 y Ct-875 del serotipo E, respectivamente, con sus equivalentes de otros serotipos de *Chlamydia trachomatis* y otras especies de *Chlamydia*. Cpn indica la secuencia correspondiente de *Chlamydia pneumoniae*, MoPn indica la secuencia correspondiente de *Chlamydia muridarum*.

10 **Ct-089 (Serotipo E) identidad de aminoácidos**

	Ct-089 (Serotipo D)	99.8%
	<i>C. pneumoniae</i> - Cpn (SEQ ID No 78)	47.4%
15	<i>C. muridarum</i> - MoPn (SEQ ID No 74)	73.7%

20 **Ct-858 (Serotipo E) identidad de aminoácidos**

	Ct-858 (Serotipo D)	99.8%
20	Ct-858 (Serotipo L2)	99.8%
	<i>C. pneumoniae</i> - Cpn (SEQ ID No 40)	44.2%
25	<i>C. muridarum</i> - MoPn (SEQ ID No 36)	82.2%

Ct-875 (Serotipo E) identidad de aminoácidos

5

Ct-875 (Serotipo D)	98.5%
<i>C. muridarum</i> - MoPn (SEQ ID No 24	52.3%

Conclusión

10

En resumen, cada una de las tres proteínas Ct-089, Ct-858 y Ct-875 tiene secuencias muy conservadas a través de las serotipos de *Chlamydia trachomatis* probadas.

15

Además, los datos indican que no hay relación entre el grado de variación de secuencias y el estado de la enfermedad asociada con un serotipo particular. Por ejemplo, en el caso de Ct-089, el serotipo E óculo-genital muestra la mayor homología con los serotipos oculares A y B, mientras que en el caso de la Ct-858, el serotipo E muestra la mayor homología con el serotipo J óculo-genital y LGB serotipo L2.

20

La homología de secuencias de las Ct-089, Ct-858 y Ct-875 con las proteínas equivalentes en otras especies de *Chlamydia* es relativamente baja.

25

Las propiedades antigénicas de las Ct-089, Ct-858 y Ct-875 ya se han descrito en la técnica anterior. Sin embargo, contrariamente a lo que esperaría un experto en este campo, como resultado de la baja variación de secuencias, las vacunas que contienen Ct-089, Ct-858 y Ct-875, los fragmentos inmunogénicos de las mismas o los

polinucleótidos que las codifican, y las cuales se derivan de un cebador de serotipo de *Chlamydia trachomatis*, se puede esperar que sean útiles en el tratamiento o la prevención de la infección por *Chlamydia* por un segundo serotipo de *Chlamydia trachomatis*.

5 **Ejemplo 5 - Purificación de cuerpos elementales de *Chlamydia trachomatis* a partir de los serotipos D, E, J y K.**

Se requirieron cuerpos elementales purificados para la estimulación de los sujetos de prueba de vacunas y para la preparación de cuerpos elementales irradiados con ultravioleta (UVEB) los cuales se usan como una vacuna de control positivo en
10 ejemplos posteriores.

Método

Se prepararon cuerpos elementales (EB) de los serotipos de *Chlamydia trachomatis*. En resumen, todos los serotipos se sembraron por separado en monocapas celulares McCoy confluentes
15 y se cultivaron en un medio RPMI (matraces de cultivo de 75 centímetros cuadrados) que se complementó con 1 microgramo/mililitro de cicloheximida inmediatamente antes de la inoculación. Los matraces se inocularon con lisados no purificados
20 de células infectadas que contenían de aproximadamente 10^6 a 10^7 Unidades que Forman Infecciosos en Sacarosa/Fosfato/Ácido Glutámico (SPG). Los matraces se centrifugaron a 2000 revoluciones por minuto durante 1 hora en una centrífuga de cultivo de células de mesa y luego se incubaron durante 48 o 72 horas a 37°C en una
25 atmósfera de CO₂. Este proceso se repitió hasta que había cuando

menos 20 matraces de poblaciones celulares muy infectadas (>80 por ciento de las células infectadas) listas para su purificación. Los cuerpos elementales de *Chlamydia* se purificaron mediante ultracentrifugación sobre una serie de gradientes Hypaque (30 por ciento, 52 por ciento, 44 por ciento y 40 por ciento) con lavados de intervención en SPG.

Resultados

La titulación de cuerpos elementales purificados de cada serotipo de *Chlamydia trachomatis* se valoró usando la prueba de inefectividad de titulación de *Chlamydia* y microscopio de inmunofluorescencia (usando anticuerpo anti-*C. trachomatis* FITC-conjugado y Azul de Evan en suero regulado con fosfato) para calcular el número de Unidades IFU por mililitro. Las titulaciones para los cuerpos elementales purificados resultantes se encontró que varían entre 1.2×10^6 a 2.6×10^9 IFU/mililitro

Ejemplo 6 - Expresión y purificación de las proteínas Ct-089, Ct-858 y Ct-875

Para preparar las vacunas de prueba, se prepararon caldos de *Chlamydia trachomatis* serotipo E para su uso en ejemplos posteriores de las proteínas Ct-089, Ct-858 y Ct-875 expresando sus genes en *E. coli*.

Método

Las cepas competentes de *E. coli* BaL21 plys E, Tuner (DE3) y BL21 plys S se transformaron con los plásmidos de expresión Ct-089, Ct-858 y Ct-875 respectivamente, y se sembraron en el medio

de selección de antibiótico apropiado. Los clones de expresión resultantes se usaron en un protocolo de mini-inducción, y las proteínas resultantes se analizaron mediante SDS-PAGE. Si las células crecieron bien durante este proceso y las proteínas fueron
5 inducidas por isopropil-beta-D-tiogalactopiranosida (IPTG) en cantidades suficientes para ser detectadas sobre geles de SDS manchados con azul Coomassie, los clones se usaron en un experimento de inducción a gran escala (IPTG, 1mM).

Después de la lisis de las células en una solución de CHAPS y
10 centrifugación, se analizaron alícuotas del soluble y las fracciones aglomeradas mediante SDS-PAGE para determinar si la mayoría de la proteína de interés estaba en la fracción en gránulo o soluble. La fracción que contenía la mayoría de cada antígeno se sometió a purificación en columna de Ni-NTA (después de la solubilización
15 apropiada de las proteínas). Se analizaron alícuotas de las preparaciones, incluyendo el material de antes del enlace con Ni-NTA, flujo por la columna, lavados en columna, fracciones de elución en columna, mediante SDS-PAGE. Las fracciones que contenían la proteína eluida se combinaron, se dializaron contra Tris10mM, pH
20 de 8 ó pH de 10, se esterilizaron filtrando, y se concentraron. Se usó el ensayo de proteína BCA sobre las fracciones de proteína CT concentradas, y se valoró la pureza mediante SDS-PAGE.

**Ejemplo 7 - Evaluación de la protección inducida por una vacuna que contiene Ct-089, Ct-858 y Ct-875 de *Chlamydia*
25 *trachomatis* serotipo E, contra la agresión con *Chlamydia***

***trachomatis* serotipos D, K y J.**

Se probó la protección proporcionada por una vacuna que contiene antígenos Ct-089, Ct-858 y Ct-875 de *Chlamydia trachomatis* serotipo E en experimentos de estimulación vaginal con
5 cuerpos elementales de serotipos de *Chlamydia trachomatis* heterólogos.

Método

El estudio se llevó a cabo con 63 ratones hembras C57Bl/6 de seis semanas de edad. Estos ratones se dividieron en tres grupos de
10 veintiún ratones cada grupo para ser agredidos por un serotipo diferente (*Chlamydia trachomatis* serotipo D, K. o J). Los grupos se separaron entonces en subgrupos de siete ratones cada uno. Estos tres subgrupos se inmunizaron intramuscularmente con 50 microlitros de diferentes preparaciones de vacunas inyectadas en cada tibia
15 anterior (100 microlitros en total), y se repitió tres semanas después. Los ratones se trataron además con progesterona, 1.25 miligramos dados en un volumen de 100 microlitros mediante inyección subcutánea diez y tres días antes de la agresión, para sincronizar sus ciclos. Las tres preparaciones de prueba fueron:

- 20 (i) Adyuvante de control (AS01B)

El adyuvante utilizado se basó en una formulación liposomal que contenía 3D-MPL, QS21 y colesterol. La composición final de la solución del adyuvante fue:

	3D-MPL	100 microgramos/mililitro
25	QS21	100 microgramos/mililitro

DOPC	2 miligramos/mililitro
Colesterol	0.5 miligramo/mililitro

La solución salina regulada con fosfato se preparó a partir de 9 mM de Na_2HPO_4 , 48 mM de KH_2PO_4 y 100 mM de NaCl a un pH de 6.1.

Se preparó una mezcla de lípido, colesterol y 3D-MPL en solvente orgánico, y esto se secó luego al vacío. Se añadió entonces suero regulado con fosfato, y el recipiente se agitó hasta que se formó una suspensión. Esta suspensión se microfluidizó hasta que se obtuvo el tamaño de un liposoma de alrededor de 100 nanómetros (que se conoce como pequeñas vesículas unilamelares o SUV). Posteriormente, las SUV se esterilizaron pasándolas a través de un filtro de 0.2 micras.

Las SUV estériles se mezclaron con la cantidad apropiada de QS21 acuoso (a una concentración de 2 miligramos/mililitro) con la adición de solución salina regulada con fosfato para obtener las concentraciones finales deseadas. El pH se ajustó entonces a 6.1 (+/- 0.1) conforme fue necesario usando hidróxido de sodio o ácido clorhídrico.

(ii) Cuerpos elementales de *Chlamydia trachomatis* atenuados con ultravioleta con adyuvante AS01B.

Una preparación que contenía 10 microgramos de cuerpos elementales de *Chlamydia trachomatis* tratados con ultravioleta (UVEB) del serotipo E con adyuvante (como se describe anteriormente).

(iii) Ct-089, Ct-858 y Ct-875 con adyuvante AS01B.

Una preparación que contiene Ct-089 (5 microgramos), Ct-858 (5 microgramos) y Ct-875 (5 microgramos) de *Chlamydia trachomatis* serotipo E con adyuvante (como se describe anteriormente).

5 Los ratones fueron agredidos, bajo anestesia (1:1 Ketaject y Xylaject), cuatro semanas después del refuerzo final con 1×10^6 IFU de serotipo D, K o J suspendido en 20 microlitros de sacarosa/fosfato/ ácido glutámico (SPG).

Se dejó continuar la infección durante 10 días, tomando
10 cotonetes de absorción genitales bajo anestesia el Día 4 y el Día 7. Los ratones fueron sacrificados el Día 10 y se cosecharon las trompas uterinas para histopatología y titulación. Para la titulación, se homogenizó la mitad del UGT, y se determinaron las IFU usando células de McCoy.

15 Las muestras (cotonetes de absorción vaginales) recolectadas en los días 4, 7 y 10 después del estímulo fueron descongeladas a 37°C. Se agregó una pequeña cantidad de perlas de vidrio (Sigma) a cada muestra, y se centrifugaron durante cinco minutos en 1 mililitro de SPG. Se inocularon 100 microlitros de cada muestra sobre una
20 monocapa de células de McCoy en un medio que contenía 1 microgramo/mililitro de ciclohexamida en una charola de 24 pozos. Las charolas se centrifugaron a 2000 revoluciones por minuto durante una hora antes de ser transferidas a una incubadora a 37°C. El tiempo de incubación es de 48-72 horas antes de la fijación.

25 Después de la incubación, el metanol que había sido

previamente enfriado a -20°C se usó para fijar las células. Cada pozo se llenó con metanol y se dejó a -20°C durante al menos 10 minutos. Las charolas se lavaron tres veces con suero regulado con fosfato, antes de mancharlas con anticuerpo policlonal FITC-conjugado anti-*Chlamydia trachomatis* de cabra (Chemicon) La solución de
 5 manchado consistió en Mancha Azul de Evan (Sigma), anticuerpo anti-*C.trachomatis* FITC-conjugado, y suero regulado con fosfato. La mancha Azul de Evan se diluyó a 1:200 en suero regulado con fosfato, y el anticuerpo anti-*C.trachomatis* FITC-conjugado se diluyó
 10 a 1:100. Se añadieron 500 microlitros de la solución de manchado a cada pozo. Las charolas se incubaron entonces a 37°C durante 1.5 a 2 horas.

Después del periodo de incubación, la mancha se aspiró y las charolas se lavaron con suero regulado con fosfato cinco veces
 15 sobre una plataforma basculante, cada vez durante cuando menos 5 minutos. Después del lavado final, se añadió 1 mililitro de suero regulado con fosfato a cada pozo, y las placas quedaron listas para la titulación.

Estos fueron tres métodos usados para calcular el número de
 20 IFU por cotonete de absorción. La manera primaria consistió en contar 10 campos al azar bajo el microscopio de fluorescencia y luego usar las siguientes fórmulas:

$n \times 10 \times 190$ (usando el lente con objetivo 10 X)
 $n \times 10 \times 283$ (usando el lente con objetivo 20X)
 25 $n \times 10 \times 1180$ (usando el lente con objetivo 40X)

en donde n = media de los cuerpos de inclusión contados en 10 campos al azar, 10 es el factor de dilución, y 190, 283 y 1180 son los factores respectivos de conversión focal.

Se usó el siguiente método cuando se vieron bajos números de
5 cuerpos de inclusión en un pozo entero:

$$s \times 10$$

en donde s = número de cuerpos de inclusión contados en un pozo y 10 es el factor de dilución.

Finalmente, cuando no se veían cuerpos de inclusión, se eligió
10 un valor arbitrario de 7 para representar IFU/cotonete de absorción. Esto se basa en el supuesto de que aunque no se detectaron cuerpos de inclusión en una décima del cotonete de absorción, eso no necesariamente significa que no hubo cuerpos de inclusión en el cotonete de absorción entero.

15 *Resultados*

Las Figuras 15 a 17 ilustran los resultados del Ejemplo 7.

La Figura 15 indica que cuatro días después del estímulo, los
ratones inmunizados con Ct-089, Ct-858 y Ct-875 de acuerdo con la
presente invención muestran niveles inferiores de dispersión en
20 comparación con el control de adyuvante. Además, los niveles de dispersión generalmente son comparables a los logrados con inmunización por UVEB (se alcanzan niveles menores en el caso de estímulo con el serotipo K, y mayores niveles en el caso del estímulo con el serotipo D).

25 Siete días después del estímulo, los ratones que reciben el

control de adyuvante muestran niveles más altos de dispersión que los inmunizados con UVEB o con Ct-089, Ct-858 y Ct-875 (véase la Figura 16). Tanto los ratones inmunizados con UVEB como con Ct-089, Ct-858 y Ct-875 muestran niveles muy bajos de dispersión.

5 La Figura 17 muestra que diez días después del estímulo el tracto genital superior de los ratones que reciben el control adyuvante está altamente colonizado por bacterias. Tanto los ratones inmunizados con UVEB como con Ct-089, Ct-858 y Ct-875 muestran niveles muy bajos de colonización del tracto genital superior; con el
10 tratamiento de acuerdo con la invención generalmente muestran un nivel ligeramente inferior al tratamiento con UVEB.

 El análisis estadístico indica que el tratamiento usando los antígenos Ct-089, Ct-0858 y Ct-875 de *Chlamydia trachomatis* serotipo E da como resultado una protección significativa en los
15 ratones agredidos con *Chlamydia trachomatis* serotipo J, en comparación con el control negativo (sólo adyuvante) con $p < 0.01$ por la prueba de comparación múltiple de Dunnett. No se ve diferencia significativa alguna entre el tratamiento con antígenos y el
 tratamiento con UVEB ($p > 0.05$).

20 El tratamiento usando los antígenos Ct-089, Ct-858 y Ct-875 de *Chlamydia trachomatis* serotipo E da como resultado una protección significativa en los ratones agredidos con *Chlamydia trachomatis* serotipo D en el Día 4 y el Día 7 en comparación con el control negativo (sólo adyuvante) con $p < 0.05$. No se ve diferencia
25 significativa alguna entre el tratamiento con antígenos y el

tratamiento con UVEB ($p > 0.05$).

El tratamiento usando los antígenos Ct-089, Ct-858 y Ct-875 de *Chlamydia trachomatis* serotipo E da como resultado una protección significativa en los ratones estimulados con *Chlamydia trachomatis* serotipo K en el Día 4 y el Día 10 en comparación con el control negativo (sólo adyuvante) con $p < 0.05$. No se ve diferencia significativa alguna entre el tratamiento con antígenos y el tratamiento con UVEB ($p > 0.05$).

Conclusiones

Los experimentos realizados en el Ejemplo 7 confirman que la combinación de las tres proteínas, Ct-089, Ct-858 y Ct-875 de *Chlamydia trachomatis* serotipo E es capaz de provocar una respuesta protectora sustancial, la cual se ha demostrado que es estadísticamente significativa. Esta respuesta protectora es la que puede proporcionar protección general contra el estímulo de otros serotipos. En particular, deberá observarse que los serotipos E y K son los serotipos genéticamente más diversos de *Chlamydia trachomatis* y la protección cruzada observada entre estos dos serotipos de *Chlamydia trachomatis* sugiere que se puede esperar que una combinación de los antígenos Ct-089, Ct-858 y Ct-875 tenga amplio uso en el tratamiento o prevención de infección por *Chlamydia*.

El nivel de protección presentado por la formulación de vacuna que contiene Ct-089, Ct-858 y Ct-875 se encuentra que es comparable al uso de UVEB, aunque claramente el uso de proteínas

purificadas es deseable en vista del riesgo aunado al uso de cuerpos elementales enteros.

Ejemplo 8 - Evaluación de la protección inducida por una vacuna que contiene Ct-089, Ct-858 y Ct-875 de *Chlamydia trachomatis* serotipo E contra la agresión con los serotipos K y J, en la raza de ratones altamente susceptibles C3H/HeN

La protección proporcionada por una vacuna que contiene antígenos Ct-089, Ct-858 y Ct-875 de serotipo E se probó en experimentos de estimulación vaginal con cuerpos elementales de *Chlamydia trachomatis* serotipos K y J heterólogos (es decir que no son serotipo E).

Método

El estudio se llevó a cabo con 41 ratones hembras C3H/HeN de quince semanas de edad, una raza conocida por su susceptibilidad a la infección por *Chlamydia*. Estos ratones se separaron en dos grupos, uno de los cuales fue agredido por *Chlamydia trachomatis* serotipo K y el otro por el serotipo J. Los grupos se separaron adicionalmente en tres subgrupos, y estos subgrupos fueron inmunizados intramuscularmente con 50 microlitros de diferentes preparaciones de vacunas inyectadas en cada tibia anterior (100 microlitros en total), y se repitió cuatro semanas después. Cada subgrupo contenía siete ratones, salvo por el grupo inmunizado con control de adyuvante y agredido con el serotipo K, que contenía 6 ratones. Los ratones se trataron adicionalmente con progesterona, 1.25 miligramos dados en un volumen de 100 microlitros mediante

inyección subcutánea diez y tres días antes del estímulo para sincronizar sus ciclos. Las preparaciones de prueba fueron:

(i) Adyuvante de control (AS01B)

El adyuvante utilizado se basó en una formulación liposomal que contenía 3D-MPL, QS 21 y colesterol. La composición final de la solución adyuvante fue:

3D-MPL	100 microgramos/mililitro
QS21	100 microgramos/mililitro
DOPC	2 miligramos/mililitro
Colesterol	0.5 miligramos/mililitro

El adyuvante se preparó como se describe anteriormente en el Ejemplo 7.

(ii) Cuerpos elementales de *Chlamydia trachomatis* atenuados con ultravioleta con adyuvante AS01B.

Una preparación que contenía 10 microgramos de cuerpos elementales de *Chlamydia trachomatis* tratados con ultravioleta (UVEB) del serotipo E con adyuvante (como se describe anteriormente).

(iii) Ct-089, Ct-858 y Ct-875 con adyuvante AS01B.

Una preparación que contiene Ct-089 (5 microgramos), Ct-858 (5 microgramos) y Ct-875 (5 microgramos) de *Chlamydia trachomatis* serotipo E con adyuvante (como se describe anteriormente).

Los ratones fueron estimulados, bajo anestesia (1:1 Ketaject y Xylaject, 30 microlitros por ratón IP, 20 microlitros en cada muslo), cuatro semanas después del refuerzo final con 1×10^6 IFU de

serotipo K o J suspendido en 20 microlitros de sacarosa/fosfato/ácido glutámico (SPG).

Se dejó continuar la infección durante 10 días, tomando cotonetes de absorción genitales bajo anestesia el Día 4 y el Día 7.
 5 Los ratones fueron sacrificados el Día 10 y se cosecharon las trompas uterinas para histopatología y titulación. Para la titulación, se homogenizó la mitad del tracto genital superior, y se determinaron las IFU usando células de McCoy como se describe en el Ejemplo 7.

El límite de detección para la titulación es de 10 IFU, esto es,
 10 una inclusión por pozo se grafica como 10 IFU. Se asignó un número arbitrario de 7 IFU donde el número de inclusiones observadas fue menor a 1.

Resultados

Las Figuras 18 a 20 ilustran los resultados del Ejemplo 8.

15 La Figura 18 indica que cuatro días después del estímulo ya sea con *Chlamydia trachomatis* serotipo K o J, los ratones inmunizados con Ct-089, Ct-858 y Ct-875 de *Chlamydia trachomatis* serotipo E muestran niveles inferiores de dispersión en comparación con el control de adyuvante. Además, los niveles de dispersión son
 20 comparables a los logrados con inmunización por UVEB.

Siete días después de la agresión, los ratones que reciben el control de adyuvante muestran niveles más altos de dispersión que los inmunizados con UVEB o con Ct-089, Ct-858 y Ct-875 (véase la Figura 19). Tanto los ratones inmunizados con UVEB como con Ct-
 25 089, Ct-858 y Ct-875 muestran niveles muy bajos de dispersión.

La Figura 20 muestra que diez días después de la agresión ya sea con *Chlamydia trachomatis* serotipo K o J, el tracto genital superior de los ratones que reciben el control de adyuvante es altamente colonizado por bacterias. Tanto los ratones inmunizados con UVEB como con Ct-089, Ct-858 y Ct-875 muestran niveles bajos de colonización del tracto genital superior.

El análisis estadístico indica que el tratamiento usando los antígenos Ct-089, Ct-858 y Ct-875 de *Chlamydia trachomatis* serotipo E da como resultado una protección significativa en los ratones estimulados con *Chlamydia trachomatis* serotipo J, en comparación con el control negativo (sólo adyuvante) con $p < 0.01$. No se ve diferencia significativa alguna entre el tratamiento con antígenos y el tratamiento con UVEB ($p > 0.05$).

El tratamiento usando los antígenos Ct-089, Ct-858 y Ct-875 de *Chlamydia trachomatis* serotipo E da como resultado una protección significativa en los ratones estimulados con *Chlamydia trachomatis* serotipo K en el Día 7 y el Día 10 en comparación con el control negativo (sólo adyuvante) con $p < 0.05$ y $p < 0.01$ respectivamente. No se ve diferencia significativa alguna entre el tratamiento con antígenos y el tratamiento con UVEB ($p > 0.05$).

Conclusiones

Los experimentos realizados en el Ejemplo 8 confirman que las tres proteínas, Ct-089, Ct-858 y Ct-875 de *Chlamydia trachomatis* serotipo E son capaces de provocar una respuesta inmune protectora sustancial, la cual se ha demostrado que es estadísticamente

significativa. La protección provocada es la que proporciona protección general contra el estímulo de otros serotipos.

El nivel de protección presentado por la formulación de vacuna que contiene Ct-089, Ct-858 y Ct-875 se encuentra que es comparable al uso de UVEB, aunque claramente el uso de proteínas purificadas es deseable en vista del riesgo inherente en el uso de cuerpos elementales enteros.

Ejemplo 9 - Respuesta de individuos seropositivos a la agresión por antígenos de *Chlamydia*

Se examinó la respuesta de sujetos seropositivos a varios antígenos de *Chlamydia* para investigar cuáles antígenos de *Chlamydia trachomatis* pueden ser de particular importancia en la respuesta inmune normal de los seres humanos a la infección por *Chlamydia trachomatis*.

Método

Tres grupos de sujetos de diferentes lugares participaron en el estudio:

- (i) 25 mujeres embarazadas que eran IgG positivas para *Chlamydia trachomatis* (llamadas BR)
- (ii) 19 mujeres que eran IgG o PCR positivas para *Chlamydia trachomatis* (llamadas AN)
- (iii) 16 individuos de diferentes sexos (llamados CR)-
 - (a) siete pacientes que fueron tratados por infección de *Chlamydia trachomatis* identificada por reacción en cadena de la ligasa y titulación en suero.

(b) nueve donantes sin-dispersión sin antecedentes de enfermedad por *Chlamydia*, identificados por respuestas de células T a antígenos de *Chlamydia* y que no estaban en dispersión en el momento del reclutamiento para el estudio. Se determinó la respuesta a *Chlamydia trachomatis* IFN-gamma y a *Chlamydia pneumoniae* IFN-gamma estimulando 0.3×10^6 células mononucleares de sangre periférica con 1 microgramo/mililitro del cuerpo elemental respectivo de *Chlamydia*. Se tomaron sobrenadantes 72 horas después y se analizaron mediante la prueba ELISA específica para IFN-gamma.

La serología se realizó usando pruebas de enlace de complemento IgG e IgM suministradas por Virion-Serion para los sujetos en el grupo BR, y los sujetos conocidos como AN se analizaron usando ya sea la misma prueba o usando técnicas de reacción en cadena de la polimerasa (Cobas Amplicor®) en muestras de orina.

Se realizó un ensayo *in vitro* para evaluar la respuesta de células T de los sujetos para varios antígenos de *Chlamydia trachomatis* y combinaciones de las mismas. Se obtuvieron células mononucleares de sangre periférica (PBMC) de sangre entera heparinizada mediante centrifugación de gradiente de densidad Ficoll-Hypaque siguiendo procedimientos regulares. Las células se lavaron y se criopreservaron en nitrógeno líquido hasta hacerse las pruebas (para mayores detalles véase Lalvani A, Moris P y colaboradores, *J. Infect. Dis.* 1999 180: 1656-1664).

Para los sujetos en el grupo CR, la respuesta inmune a cada antígeno de *Chlamydia trachomatis* se caracterizó realizando un análisis de proliferación de linfocitos usando timidina titulada. Esta técnica valoró la expansión celular después de la estimulación *in vitro* a un antígeno. En la práctica, la proliferación celular se determina estimando la incorporación de timidina titulada en el ADN, un proceso muy relacionado con los cambios subyacentes en el número de células.

Para los sujetos en los grupos AN y BR, la respuesta inmune específica a cada antígeno de *Chlamydia trachomatis* se caracterizó realizando análisis de proliferación de linfocitos usando el éster de succinimidilo o diacetato de carboxi-fluoresceína (CFSE). El diacetato de carboxi-fluoresceína espontáneamente e irreversiblemente se acopla tanto a las proteínas intracelulares como a las de la superficie celular por la reacción con las cadenas laterales de lisina y otros grupos amino disponibles. Cuando las células de linfocitos se dividen, el marcaje con CFSE se distribuye igualmente entre las células hijas, las cuales por lo tanto son la mitad de fluorescentes que las progenitoras. Como resultado, bajando a la mitad la intensidad de la fluorescencia celular se marca cada generación sucesiva en una población de células proliferantes y fácilmente es seguida por citometría de flujo (para otros detalles véase Hodgkins, PD y colaboradores *J. Exp. Med.* 1996 184: 277-281).

Prácticamente, después de descongelarse, las células

mononucleares de sangre periférica se lavaron y mancharon con CFSE antes de ser cultivadas (2×10^5 células) durante 72 horas con 10 microgramos/mililitro de antígeno en un medio de cultivo (RPMI-1640 complementado con glutamina, aminoácido no esencial, 5 piruvato, y suero AB humano inactivado con calor). Las células se cosecharon entonces y su fenotipo se caracterizó usando manchado superficial para identificar la memoria de las Células T CD8 y CD4+. Posteriormente, el análisis de citometría de flujo indicó el grado de proliferación de linfocitos como respuesta a cada antígeno 10 (proporción de células con intensidad CFSE disminuida bajo estimulación *in vitro*).

Resultados

La Figura 21 muestra la respuesta CD4 de los sujetos de prueba a antígenos específicos; los respondentes en este caso de 15 los grupos BR y AN se definen como que tienen una proporción de la señal al ruido de cuando menos 2:1. Los respondentes en el grupo CR se definen como los que demuestran un S/N > 10 proliferativo y respuesta IFN-gamma de 500 microgramos/mililitro de las células T generadas de los sujetos donadores. La proporción de respondentes 20 se puede ver que varía dependiendo tanto del antígeno particular que se está probando como del grupo de sujetos. El grupo AN generalmente muestra el mayor número de respondentes (en cinco de ocho casos), mostrando el grupo CR en general el menor número de respondentes (en seis de ocho casos) pero la respuesta celular 25 específica se evaluó en otro escenario técnico. Los sujetos en los

grupos BR y AN mostraron su mayor respuesta al antígeno Ct-875. La Figura 22 muestra la respuesta CD4 graficada a una proporción de la señal al ruido de cuando menos 3:1 para los grupos BR y AN.

La Figura 23 muestra la respuesta de CD4 de los sujetos de prueba a ciertos antígenos, y también a combinaciones de esos antígenos (la respuesta a las combinaciones no fue examinada para el grupo de sujetos CR, indicado por la notación NE). En comparación con la respuesta observada para los antígenos individuales, la combinación de Ct-875+Ct-858 o Ct-858+Ct-089 dio como resultado una proporción más alta de respondentes en ambos grupos de sujetos. Puede verse que la combinación de Ct-875+Ct-089 no es resultado de ningún mejoramiento en el número de respondentes comparándose con Ct-875 solo, y tampoco la combinación de Ct-875+Ct-858+Ct-089 da como resultado algún mejoramiento en el número de respondentes en comparación con la combinación de Ct-875+Ct-858. La combinación de cuatro antígenos Ct-875+Ct-858 +Ct-089+PmpD da como resultado el mayor número de respondentes en el grupo de sujetos BR (100 por ciento de respuesta ya siendo observada en el grupo AN tanto para la combinación Ct-875+Ct-858 como para la Ct-875+Ct-858+Ct-089).

Conclusiones

Aunque la frecuencia de respondentes no fue consistente entre los tres grupos de sujetos, posiblemente como un resultado del tamaño de la muestra o diferencias de población, Ct-858 y Ct-875 fueron bien reconocidos para los tres grupos.

En los sujetos seropositivos humanos examinados, la respuesta óptima para una combinación de dos antígenos la proporciona Ct-875+Ct-858. Ct-089 solamente parece dar como resultado la respuesta mejorada cuando Ct-875 ya no está presente, aunque Ct-089 puede tener el beneficio sobre y arriba de Ct-875+Ct-858 en otros grupos de poblaciones. La mayor respuesta se observó para la combinación de cuatro antígenos Ct-875+Ct-858 +Ct-089+PmpD.

En vista de los resultados del Ejemplo 9, razonablemente se espera que las combinaciones de antígenos de la presente invención, ya sea en forma de proteínas enteras, fragmentos inmunogénicos de las mismas o polinucleótidos que codifican cualquiera de éstas, serán de valor particular en las vacunas de *Chlamydia* humanas y en los métodos de diagnóstico relacionados.

15

20

25

REIVINDICACIONES

1. Una composición que comprende una combinación de dos o más proteínas de *Chlamydia* o fragmentos inmunogénicos de las mismas, o un polinucleótido o polinucleótidos que las codifiquen,
5 seleccionándose estas dos o más proteínas o fragmentos inmunogénicos a partir de Swib, Momp, Ct-858, Ct-875, Ct-622, Ct-089, dominio pasajero de PmpG (PmpGpd), y dominio pasajero de PmpD (PmpDpd).
2. Una composición de acuerdo con la reivindicación 1, la
10 cual comprende una proteína Ct-089 de *Chlamydia* ó un fragmento inmunogénico de la misma, y una proteína Ct-858 de *Chlamydia* ó un fragmento inmunogénico de la misma, o polinucleótidos que las codifican.
3. Una composición de acuerdo con la reivindicación 1 ó 2,
15 la cual comprende 2, 3, 4, 5, ó 6 proteínas de *Chlamydia* ó fragmentos inmunogénicos o polinucleótidos que las codifican.
4. Una composición de acuerdo con la reivindicación 2 ó con la reivindicación 3, la cual comprende además una proteína Ct-875 de *Chlamydia* ó un fragmento inmunogénico de la misma o
20 polinucleótidos que las codifican.
5. Una composición de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 2, 3, ó 4, la cual comprende una proteína PmpDpd de *Chlamydia* ó un fragmento inmunogénico de la misma o polinucleótidos que las codifican.
- 25 6. Una composición de acuerdo con la reivindicación 5, la

cual comprende además una proteína Swib de *Chlamydia* ó un fragmento inmunogénico de la misma o polinucleótidos que las codifican.

7. Una composición de acuerdo con la reivindicación 5 ó con la reivindicación 6, la cual comprende además una proteína Momp de *Chlamydia* ó un fragmento inmunogénico de la misma o polinucleótidos que las codifican.

8. Una composición de acuerdo con la reivindicación 4 ó con la reivindicación 7, la cual comprende además una proteína Ct-622 de *Chlamydia* ó un fragmento inmunogénico de la misma o polinucleótidos que las codifican.

9. Una composición de acuerdo con la reivindicación 7 ó con la reivindicación 8, la cual comprende además una proteína PmpGpd de *Chlamydia* ó un fragmento inmunogénico de la misma o polinucleótidos que las codifican.

10. Una composición de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 9, la cual comprende además un vehículo farmacéuticamente aceptable.

11. Una composición de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 10, la cual comprende además un adyuvante.

12. Una composición de acuerdo con la reivindicación 11, en donde el adyuvante es un estimulante preferencial de una respuesta de TH1.

13. Una composición de acuerdo con la reivindicación 12, en donde el adyuvante comprende 3D-MPL, QS21, o una combinación

de 3D-MPL y QS21.

14. Una composición de acuerdo con la reivindicación 13, en donde el adyuvante comprende además una emulsión de aceite en agua.

5 15. Una composición de acuerdo con la reivindicación 13, en donde el adyuvante comprende además liposomas.

16. Una composición de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 15, en donde dos o más de las proteínas o fragmentos inmunogénicos se enlazan para formar una proteína de
10 fusión, o el polinucleótido o los polinucleótidos que codifican la proteína o los fragmentos inmunogénicos, codifican una fusión de dos o más de las proteínas o fragmentos inmunogénicos.

17. Una composición que comprende una de las siguientes combinaciones de polipéptidos de *Chlamydia* ó fragmentos
15 inmunogénicos de los mismos, o polinucleótidos que los codifican:

1. Momp, PmpDpd, Ct-858, Ct-089, Swib
- 1'. PmpDpd, Ct-858, Ct-089, Swib
2. Momp, PmpDpd, Ct-858, Ct-622, Ct-089, Swib
3. Momp, PmpDpd, Ct-858, PmpGpd, Ct-622, Ct-089
4. Ct-858, Ct-875, Ct-622, Ct-089
- 20 5. Ct-858, Ct-875, Ct-089
- 5'. PmpDpd, Ct-858, Ct-875, Ct-089
6. Momp, PmpD, Ct-858, PmpGpd, Ct-089
- 1a. Todos los cinco de: Momp, PmpDpd, Ct-858, PmpGpd, y Ct-089
- 25 1'a. Tres de: PmpDpd, Ct-858, Ct-089, Swib

2a. Cinco de: Momp, PmpDpd, Ct-858, Ct-622, Ct-089, y Swib

3a. Cinco de: Momp, PmpDpd, Ct-858, PmpGpd, Ct-622, y Ct-089

4a. Tres de: Ct-858, Ct-875, Ct-622, y Ct-089

5a. Dos de: Ct-858, Ct-875, y Ct-089

5 5'a. Tres de: PmpDpd, Ct-858, Ct-875, Ct-089

6a. Cuatro de: Momp, PmpD, Ct-858, PmpGpd, y Ct-089

en el entendido de que, en todas las composiciones 1a a 6a, están presentes las proteínas Ct-089 y Ct-858, o derivados inmunogénicos o polinucleótidos que las codifican.

10 18. Una composición que comprende la siguiente combinación de polipéptidos de *Chlamydia* ó fragmentos inmunogénicos de los mismos o polinucleótidos que los codifican:

1a". Cinco de: Swib, Momp, PmpDpd, Ct-858, PmpGpd, y Ct-089

15 en el entendido de que están presentes las proteínas Ct-089 y Ct-858, o derivados inmunogénicos o polinucleótidos que las codifican.

19. Una composición que comprende una de las siguientes combinaciones de polipéptidos de *Chlamydia*, o fragmentos inmunogénicos de los mismos o polinucleótidos que los codifican:

1b. Momp, PmpDpd, Ct-858, Ct-875, Swib, Ct-089

20 1b'. PmpDpd, Ct-858, Ct-875, Swib, Ct-089

2b. Momp, PmpDpd, Ct-858, Ct-622, Ct-875, Swib, Ct-089

3b. Momp, PmpDpd, Ct-858, PmpGpd, Ct-622, Ct-875, Ct-089

4b. Ct-858, Ct-875

5b. Momp, Ct-858, Ct-875, Ct-089

25 5b'. Momp, Ct-858, Ct-875

- 6b. Momp, PmpD, Ct-858, PmpGpd, Ct-875, Ct-089
- 1c. Cinco de: Swib Momp, PmpDpd, Ct-858, PmpGpd, y Ct-75
- 1c'. Tres de: PmpDpd, Ct-858, Ct-0875, Swib
- 2c. Cinco de: Momp, PmpDpd, Ct-858, Ct-622, Ct-875, y S_b
- 5 3c. Cinco de: Momp, PmpDpd, Ct-858, PmpGpd, Ct-622, y Ct-8
- 4c. Tres de: Ct-858, Ct-875, Ct-622, y Ct-089
- 5c'. Tres de: PmpDpd, Ct-858, Ct-875, Ct-089
- 6c. Cuatro de: Momp, PmpD, Ct-858, PmpGpd, y Ct-875

10 en el entendido de que, en todas las composiciones 1b a 6c, estarán presentes las proteínas Ct-875 y Ct-858 ó derivados inmunogénicos o polinucleótidos que las codifican.

15 20. Una composición de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 19, en donde Swib, Momp, Ct-858, Ct-875, Ct-622, Ct-089, dominio pasajero de PmpG (PmpGpd), y dominio pasajero de PmpD (PmpDpd), o los fragmentos inmunogénicos de los mismos o polinucleótidos, cuando están presentes en la composición, son:

20 i. Ct-089 - un polipéptido que tiene una homología de cuando menos el 95 por ciento con el polipéptido de la SEQ ID NO:16 (Ct-089 del serotipo E), o un fragmento inmunogénico del mismo, o un polinucleótido que los codifica;

25 ii. Ct-858 - un polipéptido que tiene una homología de cuando menos el 95 por ciento con el polipéptido de la SEQ ID NO:6 (Ct-858 del serotipo E) o un fragmento inmunogénico del mismo, o un polinucleótido que los codifica;

248

iii. Ct-875 - un polipéptido que tiene una homología de cuando menos el 95 por ciento con el polipéptido de la SEQ ID NO:8 (Ct-858 del serotipo E) o un fragmento inmunogénico del mismo, o un polinucleótido que los codifica;

5 iv. dominio pasajero PmpD - un polipéptido que tiene una homología de cuando menos el 95 por ciento con el polipéptido de la SEQ ID NO:14 (PmpD del serotipo LII) o un fragmento inmunogénico del mismo, o un polinucleótido que los codifica;

10 v. Swib - un polipéptido que tiene una homología de cuando menos el 95 por ciento con el polipéptido de la SEQ ID NO:2 (Swib del serotipo LII) o un fragmento inmunogénico del mismo, o un polinucleótido que los codifica;

15 vi. Momp - un polipéptido que tiene una homología de cuando menos el 95 por ciento con el polipéptido de la SEQ ID NO:4 (Momp del serotipo F) o un fragmento inmunogénico del mismo, o un polinucleótido que los codifica;

20 vii. Ct-622 - un polipéptido que tiene una homología de cuando menos el 95 por ciento con el polipéptido de la SEQ ID NO:10 (Ct-622 del serotipo E) o un fragmento inmunogénico del mismo, o un polinucleótido que los codifica;

viii. dominio pasajero PmpG - un polipéptido que tiene una homología de cuando menos el 95 por ciento con el polipéptido de la SEQ ID NO:12 (PmpG del serotipo LII) o un fragmento inmunogénico del mismo, o un polinucleótido que los codifica.

25 21. Una composición de acuerdo con cualquiera de las

reivindicaciones 1 a 20, en donde todas las proteínas de *Chlamydia* ó fragmentos inmunogénicos de las mismas, o un polinucleótido o polinucleótidos que las codifica, en la composición, son de *Chlamydia trachomatis*.

5 22. El uso de una composición de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 21, como un medicamento.

23. El uso de una composición de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 21, en la fabricación de un medicamento para el tratamiento o la prevención de infección por *Chlamydia*.

10 24. El uso de acuerdo con la reivindicación 23, en donde la infección por *Chlamydia* es infección por *Chlamydia trachomatis*.

25. Un método para el tratamiento o la prevención de infección por *Chlamydia*, el cual comprende la administración de una composición de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a
15 21.

26. El método de acuerdo con la reivindicación 25, en donde la infección por *Chlamydia* es infección por *Chlamydia trachomatis*.

27. La composición, el uso, o el método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 26, en donde PmpDpd ó
20 PmpGpd está presente como parte de PmpD ó PmpG de longitud completa, o un fragmento de los mismos.

28. El uso de una o más proteínas de *Chlamydia*, fragmentos inmunogénicos de las mismas, o polinucleótidos que las codifican, seleccionadas a partir de la lista que consiste en Ct-089, Ct-858, y
25 Ct-875, y que se derivan a partir de un primer serotipo de *Chlamydia*

trachomatis, en la fabricación de una vacuna para el tratamiento o la prevención de infección por *Chlamydia*, por un segundo serotipo de *Chlamydia trachomatis*.

29. Un método para el tratamiento o la prevención de
5 infección por *Chlamydia* por un segundo serotipo de *Chlamydia trachomatis*, el cual comprende la administración de una vacuna que comprende una o más proteínas de *Chlamydia*, fragmentos inmunogénicos de las mismas, o polinucleótidos que las codifican, seleccionadas a partir de la lista que consiste en Ct-089, Ct-858, y
10 Ct-875, y que se derivan a partir de un primer serotipo de *Chlamydia trachomatis*.

30. El uso o método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 28 y 29, en donde la vacuna comprende una proteína, un fragmento inmunogénico de la misma, o un
15 polinucleótido que la codifica, seleccionada a partir de la lista que consiste en Ct-089, Ct-858, y Ct-875.

31. El uso o método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 28 a 30, en donde la vacuna comprende dos proteínas, fragmentos inmunogénicos de las mismas, o
20 polinucleótidos que las codifican, seleccionadas a partir de la lista que consiste en Ct-089, Ct-858, y Ct-875.

32. El uso o método de acuerdo con la reivindicación 31, en donde la vacuna comprende Ct-089 y Ct-858, fragmentos inmunogénicos de las mismas, o polinucleótidos que las codifican.

25 33. El uso o método de acuerdo con la reivindicación 31, en

donde la vacuna comprende Ct-089 y Ct-875, fragmentos inmunogénicos de las mismas, o polinucleótidos que las codifican.

34. El uso o método de acuerdo con la reivindicación 31, en donde la vacuna comprende Ct-858 y Ct-875, fragmentos
5 inmunogénicos de las mismas, o polinucleótidos que las codifican.

35. El uso o método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 28 a 34, en donde la vacuna comprende Ct-089, Ct-858, y Ct-875, fragmentos inmunogénicos de las mismas, o polinucleótidos que las codifican.

10 36. El uso o método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 28 a 35, en donde el primer serotipo de *Chlamydia trachomatis* se selecciona a partir de la lista que consiste en los serotipos A, B, Ba, C, D, Da, E, F, G, H, I, Ia, J, Ja, K, L1, L2, y L3 de *Chlamydia trachomatis*.

15 37. El uso o método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 28 a 36, en donde el serotipo de *Chlamydia trachomatis* se selecciona a partir de los serotipos oculares de *Chlamydia trachomatis*.

20 38. El uso o método de acuerdo con la reivindicación 37, en donde el primer serotipo de *Chlamydia trachomatis* se selecciona a partir de los serotipos oculares A, B, Ba, y C de *Chlamydia trachomatis*.

25 39. El uso o método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 28 a 36, en donde el primer serotipo de *Chlamydia trachomatis* se selecciona a partir de los serotipos oculogenitales de

Chlamydia trachomatis.

40. El uso o método de acuerdo con la reivindicación 39, en donde el primer serotipo de *Chlamydia trachomatis* se selecciona a partir de los serotipos oculogenitales D, Da, E, F, G, H, I, Ia, J, Ja, y K de *Chlamydia trachomatis*.

41. El uso o método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 28 a 36, en donde el primer serotipo de *Chlamydia trachomatis* se selecciona a partir de los serotipos de LGV de *Chlamydia trachomatis*.

42. El uso o método de acuerdo con la reivindicación 41, en donde el primer serotipo de *Chlamydia trachomatis* se selecciona a partir de los serotipos de LGV L1, L2, y L3 de *Chlamydia trachomatis*.

43. El uso o método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 28 a 42, en donde el primer serotipo de *Chlamydia trachomatis* se selecciona de tal manera que es un serotipo de *Chlamydia trachomatis* que tiene un alto nivel de identidad de secuencia con la mayoría de los otros serotipos de *Chlamydia trachomatis*.

44. El uso o método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 28 a 42, en donde el serotipo de *Chlamydia trachomatis* se selecciona de tal manera que es un serotipo de *Chlamydia trachomatis* que tiene un alto nivel de identidad de secuencia con la mayoría de los serotipos comunes de *Chlamydia trachomatis*.

45. El uso o método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 28 a 44, en donde los primero y segundo serotipos de *Chlamydia trachomatis* son serotipos de *Chlamydia trachomatis* que están asociados con el mismo estado de enfermedad.

5 46. El uso o método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 28 a 44, en donde los primero y segundo serotipos de *Chlamydia trachomatis* son serotipos de *Chlamydia trachomatis* que están asociados con diferentes estados de enfermedad.

10 47. El uso o método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 28 a 46, en donde la vacuna comprende uno o más antígenos adicionales.

48. El uso o método de acuerdo con la reivindicación 47, en donde el uno o más antígenos adicionales son antígenos de *Chlamydia trachomatis*.

15 49. El uso o método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 47 ó 48, en donde el uno o más antígenos adicionales se seleccionan a partir de la lista que consiste en Momp, Ct-622, PmpGpd, y PmpDpd.

20 50. El uso o método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 28 a 49, en donde la vacuna comprende además un adyuvante.

51. El uso o método de acuerdo con la reivindicación 50, en donde el adyuvante es un estimulante preferencial de una respuesta de Th1.

25 52. El uso o método de acuerdo con la reivindicación 51, en

donde el adyuvante comprende 3D-MPL, QS21, o una combinación de 3D-MPL y QS21.

53. El uso o método de acuerdo con la reivindicación 52, en donde el adyuvante comprende además una emulsión de aceite en
5 agua.

54. El uso o método de acuerdo con la reivindicación 52, en donde el adyuvante comprende además liposomas.

55. Un método para determinar la infección previa por *Chlamydia* en un individuo, el cual comprende:

- 10 (i) obtener una muestra del individuo;
- (ii) poner en contacto esta muestra con una combinación de dos o más proteínas de *Chlamydia* ó fragmentos inmunogénicos de las mismas, o un polinucleótido o polinucleótidos que las codifican, seleccionándose estas dos o más proteínas o fragmentos
15 inmunogénicos a partir de Swib, Momp, Ct-858, Ct-875, Ct-622, Ct-089, dominio pasajero de PmpG (PmpGpd), y dominio pasajero de PmpD (PmpDpd);
- (iii) cuantificar la respuesta de la muestra.

56. El método de acuerdo con la reivindicación 55, en donde
20 la combinación de proteínas de *Chlamydia* ó fragmentos inmunogénicos de las mismas, o un polinucleótido o polinucleótidos que las codifican, comprende una proteína, fragmento inmunogénico de la misma, o polinucleótido que la codifica, seleccionado a partir de la lista que consiste en Ct-089, Ct-858, y Ct-875.

25 57. El método de acuerdo con la reivindicación 56, en donde

la combinación de proteínas de *Chlamydia* ó fragmentos inmunogénicos de las mismas, o un polinucleótido o polinucleótidos que las codifican, comprende dos proteína, fragmentos inmunogénicos de las mismas, o polinucleótidos que las codificas, seleccionadas a partir de la lista que consiste en Ct-089, Ct-858, y Ct-875.

58. El método de acuerdo con la reivindicación 57, en donde las dos proteínas de *Chlamydia*, fragmentos inmunogénicos de las mismas, o polinucleótidos que las codifican de la vacuna son Ct-089 y Ct-858.

59. El método de acuerdo con la reivindicación 57, en donde las dos proteínas de *Chlamydia*, fragmentos inmunogénicos de las mismas, o polinucleótidos que las codifican de la vacuna son Ct-875 y Ct-858.

60. El método de acuerdo con la reivindicación 57, en donde las dos proteínas de *Chlamydia*, fragmentos inmunogénicos de las mismas, o polinucleótidos que las codifican de la vacuna son Ct-089 y Ct-875.

61. El método de acuerdo con la reivindicación 57, en donde las combinación de proteínas de *Chlamydia* ó fragmentos inmunogénicos de las mismas o un polinucleótido o polinucleótidos que las codifican, comprende Ct-089, Ct-858, y Ct-875.

62. El método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 55 a 61, en donde la muestra es sangre entera.

63. El método de acuerdo con cualquiera de las

reivindicaciones 55 a 61, en donde la muestra es de células purificadas.

64. El método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 55 a 63, en donde la respuesta se cuantifica
5 mediante el monitoreo de la proliferación de linfocitos.

65. El método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 55 a 63, en donde la respuesta se cuantifica mediante el monitoreo de la producción de citoquinas.

66. El método de acuerdo con cualquiera de las
10 reivindicaciones 55 a 63, en donde la respuesta se cuantifica mediante el monitoreo de la producción de anticuerpos específicos.

67. El método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 55 a 66, en donde el individuo es seronegativo.

68. El método de acuerdo con cualquiera de las
15 reivindicaciones 55 a 66, en donde el individuo es seropositivo.

20

25

LISTADO DE SECUENCIAS

<110> Probst, Peter
 Skeiky, Yasir
 Barth, Brenda
 5 Alderson, Mark R
 Bhatia, Ajay
 Maisonneuve, Jean-Francois
 Nozay, Florence
 Lobet, Yves
 10 Marchand, Martine
 Mettens, Pascal
 <120> VACUNAS CONTRA INFECCIÓN POR *CHLAMYDIA*
 <130> VB61508PCT
 <150> US 60/667,331
 15 <151> 2005-03-31
 <160> 126
 <170> PatentIn versión 3.1
 <210> 1
 20 <211> 261
 <212> ADN
 <213> *Chlamydia trachomatis*
 <400> 1
 atgagtc aaa ataagaactc tgctttcatg cagcctgtga acgtatccgc tgatttagct 60
 25 gccatcg ttg gtgcaggacc tatgcctcgc acagagatca ttaagaaaat gtgggattac 120

attaaggaga atagtcttca agatcctaca aacaaacgta atatcaatcc cgatgataaa 180
 ttggctaaag tttttggaac tgaaaaacct atcgatatgt tccaaatgac aaaaatgggtt 240
 tctcaacaca tcattaaata a 261

5 <210> 2

<211> 86

<212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 2

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

<210> 3

<211> 1122

25 <212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 3

	ctgcctgtgg ggaatcctgc tgaaccaagc cttatgatcg acggaattct gtgggaaggt	60
	ttcggcggag atccttgcca tccttgccacc acttggtgtg acgctatcag catgcgtatg	120
5	ggttactatg gtgactttgt tttcgaccgt gttttgaaaa cagatgtgaa taaagagttt	180
	gaaatgggcg aggccttagc cggagcttct gggaatacga cctctactct ttcaaaattg	240
	gtagaacgaa cgaaccctgc atatggcaag catatgcaag acgcagagat gtttaccaat	300
	gccgcttgca tgacattgaa tatttgggat cgttttgatg tattctgtac attaggagcc	360
	accagtggat atcttaaagg aaattcagca tctttcaact tagttgggtt attcggcgat	420
10	ggtgtaaacg ccacgaaacc tgctgcagat agtattccta acgtgcagtt aaatcagtct	480
	gtggtggaac tgtatacaga tactactttt gcttggagtg ttggagctcg tgcagctttg	540
	tgggaatgtg gatgtgcaac tttaggagct tctttccaat atgctcaatc taaacctaaa	600
	atcgaagaat taaacgttct ctgtaacgca gcagagttaa ctattaataa acctaaaggg	660
	tatgtaggta aggagtttcc tcttgatctt acagcaggaa cagatgcagc gacgggcact	720
15	aaagatgcct ctattgatta ccatgagtgg caagcaagtt tatctctttc ttacagactc	780
	aatatgttca ctccctacat tggagttaaa tgggtctcgtg caagctttga ttctgataca	840
	attcgtatag ccagccgag gttggtaaca cctgttgtag atattacaac ccttaacca	900
	actattgcag gatgcggcag tgtagctgga gctaacacgg aaggacagat atctgataca	960
	atgcaaatcg tctccttgca attgaacaag atgaaatcta gaaaatcttg cggatttgca	1020
20	gtaggaacaa ctattgtgga tgcagacaaa tacgcagtta cagttgagac tcgcttgatc	1080
	gatgagagag ctgctcacgt aaatgcacaa ttccgcttct ag	1122

<210> 4

<211> 373

25 <212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 4

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

	Arg	Ala	Ala	Leu	Trp	Glu	Cys	Gly	Cys	Ala	Thr	Leu	Gly	Ala	Ser	Phe
				180					185						190	
	Gln	Tyr	Ala	Gln	Ser	Lys	Pro	Lys	Ile	Glu	Glu	Leu	Asn	Val	Leu	Cys
5			195					200							205	
	Asn	Ala	Ala	Glu	Phe	Thr	Ile	Asn	Lys	Pro	Lys	Gly	Tyr	Val	Gly	Lys
			210				215						220			
	Glu	Phe	Pro	Leu	Asp	Leu	Thr	Ala	Gly	Thr	Asp	Ala	Ala	Thr	Gly	Thr
	225				230					235					240	
10	Lys	Asp	Ala	Ser	Ile	Asp	Tyr	His	Glu	Trp	Gln	Ala	Ser	Leu	Ser	Leu
				245					250					255		
	Ser	Tyr	Arg	Leu	Asn	Met	Phe	Thr	Pro	Tyr	Ile	Gly	Val	Lys	Trp	Ser
			260						265					270		
	Arg	Ala	Ser	Phe	Asp	Ser	Asp	Thr	Ile	Arg	Ile	Ala	Gln	Pro	Arg	Leu
15			275						280					285		
	Val	Thr	Pro	Val	Val	Asp	Ile	Thr	Thr	Leu	Asn	Pro	Thr	Ile	Ala	Gly
			290				295					300				
	Cys	Gly	Ser	Val	Ala	Gly	Ala	Asn	Thr	Glu	Gly	Gln	Ile	Ser	Asp	Thr
	305				310					315				320		
20	Met	Gln	Ile	Val	Ser	Leu	Gln	Leu	Asn	Lys	Met	Lys	Ser	Arg	Lys	Ser
				325					330					335		
	Cys	Gly	Ile	Ala	Val	Gly	Thr	Thr	Ile	Val	Asp	Ala	Asp	Lys	Tyr	Ala
			340						345					350		
	Val	Thr	Val	Glu	Thr	Arg	Leu	Ile	Asp	Glu	Arg	Ala	Ala	His	Val	Asn
25			355						360					365		

Ala Gln Phe Arg Phe

370

<210> 5

5 <211> 1746

<212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 5

	gtacgaggag aaagcttggg ttgcaagaat gctcttcaag atttgagttt tttagagcat	60
10	ttattacagg ttaaatatgc tcctaaaaca tggaaagagc aataacttagg atgggatcctt	120
	gttcaaagct ccgtttctgc acagcagaag cttcgtacac aagaaaatcc atcaacaagt	180
	ttttgccagc aggtccttgc tgattttata ggaggattaa atgactttca cgctggagta	240
	actttctttg cgatagaaag tgcttacctt ccttataccg tacaaaaaag tagtgacggc	300
	cgtttctact ttgtagatat catgactttt tcttcagaga tccgtgttgg agatgagttg	360
15	ctagaggtgg atggggcgcc tgtccaagat gtgctcgcta ctctatatgg aagcaatcac	420
	aaagggactg cagctgaaga gtcggctgct ttaagaacac tattttctcg catggcctct	480
	ttagggcaca aagtaccttc tgggcgcact actttaaaga ttcgctcgcc ttttggtact	540
	acgagagaag ttcgtgtgaa atggcggtat gttcctgaag gtgtaggaga tttggctacc	600
	atagctcctt ctatcagggc tccacagtta cagaaatcga tgagaagctt tttccctaag	660
20	aaagatgatg cgtttcatcg gtctagttcg ctattctact ctccaatggg tccgcatttt	720
	tgggcagagc ttcgcaatca ttatgcaacg agtggtttga aaagcgggta caatattggg	780
	agtaccgatg ggtttctccc tgtcattggg cctgttatat gggagtcgga gggctctttc	840
	cgcgcttata tttcttcggg gactgatggg gatggtaaga gccataaagt aggatttcta	900
	agaattccta catatagttg gcaggacatg gaagattttg atccttcagg accgcctcct	960
25	tgggaagaat ttgctaagat tattcaagta ttttcttcta atacagaagc tttgattatc	1020

gaccaaacga acaaccagg tggtagtgtc ctttatcttt atgcactgct ttccatggtg 1080
 acagaccgtc ctttagaact tcctaaacat agaatgattc tgactcagga tgaagtgggt 1140
 gatgcttttag attggttaac cctggtggaa aacgtagaca caaacgtgga gtctcgctt 1200
 gctctgggag acaacatgga aggatatact gtggatctac aggttgccga gtatttaaaa 1260
 5 agctttggac gtcaagtatt gaattgttg agtaaagggg atatcgagtt atcaacacct 1320
 attcctcttt ttggttttga gaagattcat ccacatctc gagttcaata ctctaaaccg 1380
 atttgtgttt tgatcaatga gcaagacttt tcttgtgtg acttcttccc tgtagttttg 1440
 aaagacaatg atcgagctct tattgttggg actcgaacag ctggagctgg aggatttgtc 1500
 tttaatgtgc agttcccaa tagaactgga ataaaaactt gttctttaac aggatcatta 1560
 10 gctgttagag agcatggtgc cttcattgag aacatcggag tcgaaccgca tatcgatctg 1620
 ccttttacag cgaatgatat tcgctataaa ggctattccg agtatcttga taagggtcaa 1680
 aaattgggtt gtcagctgat caataacgac ggtaccatta ttcttgcgga agatggtagt 1740
 ttttaa 1746

15 <210> 6
 <211> 581
 <212> PRT
 <213> *Chlamydia trachomatis*
 <400> 6
 20 Val Arg Gly Glu Ser Leu Val Cys Lys Asn Ala Leu Gln Asp Leu Ser
 1 5 10 15
 Phe Leu Glu His Leu Leu Gln Val Lys Tyr Ala Pro Lys Thr Trp Lys
 20 25 30
 Glu Gln Tyr Leu Gly Trp Asp Leu Val Gln Ser Ser Val Ser Ala Gln
 25 35 40 45

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

Trp Ala Glu Leu Arg Asn His Tyr Ala Thr Ser Gly Leu Lys Ser Gly
 245 250 255
 Tyr Asn Ile Gly Ser Thr Asp Gly Phe Leu Pro Val Ile Gly Pro Val
 5 260 265 270
 Ile Trp Glu Ser Glu Gly Leu Phe Arg Ala Tyr Ile Ser Ser Val Thr
 275 280 285
 Asp Gly Asp Gly Lys Ser His Lys Val Gly Phe Leu Arg Ile Pro Thr
 290 295 300
 10 Tyr Ser Trp Gln Asp Met Glu Asp Phe Asp Pro Ser Gly Pro Pro Pro
 305 310 315 320
 Trp Glu Glu Phe Ala Lys Ile Ile Gln Val Phe Ser Ser Asn Thr Glu
 325 330 335
 Ala Leu Ile Ile Asp Gln Thr Asn Asn Pro Gly Gly Ser Val Leu Tyr
 15 340 345 350
 Leu Tyr Ala Leu Leu Ser Met Leu Thr Asp Arg Pro Leu Glu Leu Pro
 355 360 365
 Lys His Arg Met Ile Leu Thr Gln Asp Glu Val Val Asp Ala Leu Asp
 370 375 380
 20 Trp Leu Thr Leu Leu Glu Asn Val Asp Thr Asn Val Glu Ser Arg Leu
 385 390 395 400
 Ala Leu Gly Asp Asn Met Glu Gly Tyr Thr Val Asp Leu Gln Val Ala
 405 410 415
 Glu Tyr Leu Lys Ser Phe Gly Arg Gln Val Leu Asn Cys Trp Ser Lys
 25 420 425 430

Gly Asp Ile Glu Leu Ser Thr Pro Ile Pro Leu Phe Gly Phe Glu Lys
435 440 445
Ile His Pro His Pro Arg Val Gln Tyr Ser Lys Pro Ile Cys Val Leu
450 455 460
5 Ile Asn Glu Gln Asp Phe Ser Cys Ala Asp Phe Phe Pro Val Val Leu
465 470 475 480
Lys Asp Asn Asp Arg Ala Leu Ile Val Gly Thr Arg Thr Ala Gly Ala
485 490 495
Gly Gly Phe Val Phe Asn Val Gln Phe Pro Asn Arg Thr Gly Ile Lys
10 500 505 510
Thr Cys Ser Leu Thr Gly Ser Leu Ala Val Arg Glu His Gly Ala Phe
515 520 525
Ile Glu Asn Ile Gly Val Glu Pro His Ile Asp Leu Pro Phe Thr Ala
530 535 540
15 Asn Asp Ile Arg Tyr Lys Gly Tyr Ser Glu Tyr Leu Asp Lys Val Lys
545 550 555 560
Lys Leu Val Cys Gln Leu Ile Asn Asn Asp Gly Thr Ile Ile Leu Ala
565 570 575
Glu Asp Gly Ser Phe
20 580

<210> 7
<211> 1776
<212> ADN
25 <213> *Chlamydia trachomatis*

257

<400> 7

	atgagcatca ggggagtagg aggcaacggg aatagtcgaa tcccttctca taatggggat	60
	ggatcgaatc gcagaagtca aaatacgaag ggtaataata aagttgaaga tcgagtttgt	120
	tctctatatt catctcgtag taacgaaaat agagaatctc cttatgcagt agtagacgtc	180
5	agctctatga tcgagagcac cccaacgagt ggagagacga caagagcttc gcgtggagtg	240
	ctcagtcgtt tccaaagagg tttagtagca atagctgaca aagtaagacg agctgttcag	300
	tgtgcgtgga gttcagtcct tacaagcaga tcgtctgcaa caagagccgc agaatccgga	360
	tcaagtagtc gtactgctcg tggcgcaagt tctgggtata gggagtattc tccttcagca	420
	gctagagggc tgcgtcttat gttcacagat ttctggagaa ctcggtttt acgccagacc	480
10	tctcctatgg ctggagtttt tgggaatctt gatgtgaacg aggctcgttt gatggctgcg	540
	tacacaagtg agtgcgcgga tcatttagaa gcgaaggagt tggctggccc tgacggggta	600
	gcggccgccc gggaaattgc taaaagatgg gagaaaagag ttagagatct acaagataaa	660
	ggtgctgcac gaaaattatt aaatgatcct ttaggccgac gaacacctaa ttatcagagc	720
	aaaaatccag gtgagtatac tgtagggaaat tccatgtttt acgatgggcc tcaggtagcg	780
15	aatctccaga acgtcgacac tggtttttgg ctggacatga gcaatctctc agacgttgta	840
	ttatccagag agattcaaac aggacttcga gcacgagcta ctttggaaga atccatgccg	900
	atgttagaga atttagaaga gcgttttaga cgtttgcaag aaacttgtaga tgcggctcgt	960
	actgagatag aagaatcggg atggactcga gagtccgcat caagaatgga aggcgatgag	1020
	gcgcaaggac cttctagagt acaacaagct tttcagagct ttgtaaatga atgtaacagc	1080
20	atcgagttct catttgggag ctttggagag catgtgcgag ttctctgcmc tagagtatca	1140
	cgaggattag ctgccgcagg agaggcgatt cgccgttgct tctcttggtg taaaggatcg	1200
	acgcacgct acgtcctcg cgatgacctt tctcctgaag gtgcatcggt agcagagact	1260
	ttggctagat tcgcagatga tatgggaata gagcgagggtg ctgatggaac ctacgatatt	1320
	cctttggtag atgattggag aagaggggtt cctagtattg aaggagaagg atctgactcg	1380
25	atctatgaaa tcatgatgcc tatctatgaa gttatgaata tggatctaga aacacgaaga	1440

tcttttgcgg tacagcaagg gcactatcag gaccaagag cttcagatta tgacctcca 1500
cgtgctagcg actatgattt gcctagaagc ccatatccta ctccaccttt gcctcctaga 1560
tatcagctac agaatatgga tgtagaagca gggttccgtg aggcagttta tgcttctttt 1620
gtagcaggaa tgtacaatta tgtagtgaca cagccgcaag agcgtattcc caatagtcag 1680
5 caggtggaag ggattctgcg tgatatgctt accaacgggt cacagacatt tagagacctg 1740
atgaagcggt ggaatagaga agtcgatagg gaataa 1776

<210> 8
<211> 591
10 <212> PRT
<213> Chlamydia trachomatis

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

Arg Ala Val Gln Cys Ala Trp Ser Ser Val Ser Thr Ser Arg Ser Ser
 100 105 110
 Ala Thr Arg Ala Ala Glu Ser Gly Ser Ser Ser Arg Thr Ala Arg Gly
 115 120 125
 5 Ala Ser Ser Gly Tyr Arg Glu Tyr Ser Pro Ser Ala Ala Arg Gly Leu
 130 135 140
 Arg Leu Met Phe Thr Asp Phe Trp Arg Thr Arg Val Leu Arg Gln Thr
 145 150 155 160
 Ser Pro Met Ala Gly Val Phe Gly Asn Leu Asp Val Asn Glu Ala Arg
 10 165 170 175
 Leu Met Ala Ala Tyr Thr Ser Glu Cys Ala Asp His Leu Glu Ala Lys
 180 185 190
 Glu Leu Ala Gly Pro Asp Gly Val Ala Ala Ala Arg Glu Ile Ala Lys
 195 200 205
 15 Arg Trp Glu Lys Arg Val Arg Asp Leu Gln Asp Lys Gly Ala Ala Arg
 210 215 220
 Lys Leu Leu Asn Asp Pro Leu Gly Arg Arg Thr Pro Asn Tyr Gln Ser
 225 230 235 240
 Lys Asn Pro Gly Glu Tyr Thr Val Gly Asn Ser Met Phe Tyr Asp Gly
 20 245 250 255
 Pro Gln Val Ala Asn Leu Gln Asn Val Asp Thr Gly Phe Trp Leu Asp
 260 265 270
 Met Ser Asn Leu Ser Asp Val Val Leu Ser Arg Glu Ile Gln Thr Gly
 275 280 285
 25 Leu Arg Ala Arg Ala Thr Leu Glu Glu Ser Met Pro Met Leu Glu Asn

	290	295	300
	Leu Glu Glu Arg Phe Arg Arg Leu Gln Glu Thr Cys Asp Ala Ala Arg		
	305	310	315 320
	Thr Glu Ile Glu Glu Ser Gly Trp Thr Arg Glu Ser Ala Ser Arg Met		
5	325	330	335
	Glu Gly Asp Glu Ala Gln Gly Pro Ser Arg Val Gln Gln Ala Phe Gln		
	340	345	350
	Ser Phe Val Asn Glu Cys Asn Ser Ile Glu Phe Ser Phe Gly Ser Phe		
	355	360	365
10	Gly Glu His Val Arg Val Leu Cys Ala Arg Val Ser Arg Gly Leu Ala		
	370	375	380
	Ala Ala Gly Glu Ala Ile Arg Arg Cys Phe Ser Cys Cys Lys Gly Ser		
	385	390	395 400
	Thr His Arg Tyr Ala Pro Arg Asp Asp Leu Ser Pro Glu Gly Ala Ser		
15	405	410	415
	Leu Ala Glu Thr Leu Ala Arg Phe Ala Asp Asp Met Gly Ile Glu Arg		
	420	425	430
	Gly Ala Asp Gly Thr Tyr Asp Ile Pro Leu Val Asp Asp Trp Arg Arg		
	435	440	445
20	Gly Val Pro Ser Ile Glu Gly Glu Gly Ser Asp Ser Ile Tyr Glu Ile		
	450	455	460
	Met Met Pro Ile Tyr Glu Val Met Asn Met Asp Leu Glu Thr Arg Arg		
	465	470	475 480
	Ser Phe Ala Val Gln Gln Gly His Tyr Gln Asp Pro Arg Ala Ser Asp		
25	485	490	495

Tyr Asp Leu Pro Arg Ala Ser Asp Tyr Asp Leu Pro Arg Ser Pro Tyr
500 505 510
Pro Thr Pro Pro Leu Pro Pro Arg Tyr Gln Leu Gln Asn Met Asp Val
515 520 525
5 Glu Ala Gly Phe Arg Glu Ala Val Tyr Ala Ser Phe Val Ala Gly Met
530 535 540
Tyr Asn Tyr Val Val Thr Gln Pro Gln Glu Arg Ile Pro Asn Ser Gln
545 550 555 560
Gln Val Glu Gly Ile Leu Arg Asp Met Leu Thr Asn Gly Ser Gln Thr
10 565 570 575
Phe Arg Asp Leu Met Lys Arg Trp Asn Arg Glu Val Asp Arg Glu
580 585 590

<210> 9
15 <211> 1962
<212> ADN
<213> *Chlamydia trachomatis*
<400> 9

atggaatcag gaccagaatc agtttcttct aatcagagct cgatgaatcc aattattaat 60
20 gggcaaatcg cttctaattc ggagaccaa gagtccacga aggcgtccga agcgagtcct 120
tcagcatcgt cctctgtaag cagctggagt tttttatcct cagcaaagaa tgcattaatc 180
tctcttcgtg atgcatctt gaataaaaat tccagtccaa cagactctct ctctcaatta 240
gaggcctcta cttctacctc tacggttaca cgtgtagcgg caaaagatta tgatgaggct 300
aaatcgaatt ttgatacggc gaaaagtgga ttagagaacg ctaagacact tgctgaatac 360
25 gaaacgaaaa tggctgattt gatggcagct ctccaagata tggagcgttt agctaattca 420

	gatcctagta acaatcatac cgaagaagta aataatatta agaaagcgct cgaagcacia	480
	aaagatacta ttgataagct gaataaactc gttacgctgc aaaatcagaa taaatcttta	540
	acagaagtgt tgaaaacaac tgactctgca gatcagattc cagcgattaa tagtcagtta	600
	gagatcaaca aaaattctgc agatcaaatt atcaaagatc tggaaagaca aaacataagt	660
5	tatgaagctg ttctcactaa cgcaggagag gttatcaaag cttcttctga agcgggaatt	720
	aagttaggac aagctttgca gtctattgtg gatgctgggg accaaagtca ggctgcagtt	780
	ctgcaagcac agcaaaataa tagcccagat aatattgcag ccacgaagga attaattgat	840
	gctgctgaaa cgaaggtaaa cgagttaaaa caagagcata cagggctaac ggactcgctt	900
	ttagtgaaaa aagctgagga gcagattagt caagcacaaa aagatattca agagatcaaa	960
10	cctagtgggt cggatattcc tatcgttggg ccgagtgggt cagctgcttc cgcaggaagt	1020
	gcggcaggag cgttgaaatc ctctaacaat tcaggaagaa tttccttggt gcttgatgat	1080
	gtagacaatg aaatggcagc gattgcactg caaggttttc gatctatgat cgaacaattt	1140
	aatgtaaaca atcctgcaac agctaaagag ctacaagcta tggaggetca gctgactgcg	1200
	atgtcagatc aactggttgg tgcggatggc gagctccag ccgaaataca agcaatcaaa	1260
15	gatgctcttg cgcaagcttt gaaacaacca tcagcagatg gtttggtac agctatggga	1320
	caagtggctt ttgcagctgc caaggttgga ggaggtccg caggaacagc tggcactgtc	1380
	cagatgaatg taaaacagct ttacaagaca gcgttttctt cgacttcttc cagctcttat	1440
	gcagcagcac tttccgatgg atattctgct tacaaaacac tgaactcttt atattccgaa	1500
	agcagaagcg gcgtgcagtc agctattagt caaactgcaa atcccgcgct ttccagaagc	1560
20	gtttctcggt ctggcataga aagtcaagga cgcagtgcag atgctagcca aagagcagca	1620
	gaaactattg tcagagatag ccaaactgta ggtgatgtat atagccgctt acaggttctg	1680
	gattctttga tgtctacgat tgtgagcaat ccgcaagcaa atcaagaaga gattatgcag	1740
	aagctcacgg catctattag caaagctcca caatttgggt atcctgctgt tcagaattct	1800
	gcggatagct tgcagaagtt tgctgcgcaa ttggaaagag agtttggtga tggggaacgt	1860
25	agtctcgag aatctcaaga gaatgcgttt agaaaacagc ccgctttcat tcaacaggtg	1920

ttggtaaaca ttgcttctct attctctggg tatctttctt aa

1962

<210> 10

<211> 653

5 <212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 10

Met Glu Ser Gly Pro Glu Ser Val Ser Ser Asn Gln Ser Ser Met Asn

1 5 10 15

10 Pro Ile Ile Asn Gly Gln Ile Ala Ser Asn Ser Glu Thr Lys Glu Ser

20 25 30

Thr Lys Ala Ser Glu Ala Ser Pro Ser Ala Ser Ser Ser Val Ser Ser

35 40 45

Trp Ser Phe Leu Ser Ser Ala Lys Asn Ala Leu Ile Ser Leu Arg Asp

15 50 55 60

Ala Ile Leu Asn Lys Asn Ser Ser Pro Thr Asp Ser Leu Ser Gln Leu

65 70 75 80

Glu Ala Ser Thr Ser Thr Ser Thr Val Thr Arg Val Ala Ala Lys Asp

85 90 95

20 Tyr Asp Glu Ala Lys Ser Asn Phe Asp Thr Ala Lys Ser Gly Leu Glu

100 105 110

Asn Ala Lys Thr Leu Ala Glu Tyr Glu Thr Lys Met Ala Asp Leu Met

115 120 125

Ala Ala Leu Gln Asp Met Glu Arg Leu Ala Asn Ser Asp Pro Ser Asn

25 130 135 140

Asn His Thr Glu Glu Val Asn Asn Ile Lys Lys Ala Leu Glu Ala Gln
 145 150 155 160
 Lys Asp Thr Ile Asp Lys Leu Asn Lys Leu Val Thr Leu Gln Asn Gln
 5 165 170 175
 Asn Lys Ser Leu Thr Glu Val Leu Lys Thr Thr Asp Ser Ala Asp Gln
 180 185 190
 Ile Pro Ala Ile Asn Ser Gln Leu Glu Ile Asn Lys Asn Ser Ala Asp
 195 200 205
 10 Gln Ile Ile Lys Asp Leu Glu Arg Gln Asn Ile Ser Tyr Glu Ala Val
 210 215 220
 Leu Thr Asn Ala Gly Glu Val Ile Lys Ala Ser Ser Glu Ala Gly Ile
 225 230 235 240
 Lys Leu Gly Gln Ala Leu Gln Ser Ile Val Asp Ala Gly Asp Gln Ser
 15 245 250 255
 Gln Ala Ala Val Leu Gln Ala Gln Gln Asn Asn Ser Pro Asp Asn Ile
 260 265 270
 Ala Ala Thr Lys Glu Leu Ile Asp Ala Ala Glu Thr Lys Val Asn Glu
 275 280 285
 20 Leu Lys Gln Glu His Thr Gly Leu Thr Asp Ser Pro Leu Val Lys Lys
 290 295 300
 Ala Glu Glu Gln Ile Ser Gln Ala Gln Lys Asp Ile Gln Glu Ile Lys
 305 310 315 320
 Pro Ser Gly Ser Asp Ile Pro Ile Val Gly Pro Ser Gly Ser Ala Ala
 25 325 330 335

	Ser	Ala	Gly	Ser	Ala	Ala	Gly	Ala	Leu	Lys	Ser	Ser	Asn	Asn	Ser	Gly	
	340						345						350				
	Arg	Ile	Ser	Leu	Leu	Leu	Asp	Asp	Val	Asp	Asn	Glu	Met	Ala	Ala	Ile	
5	355						360						365				
	Ala	Leu	Gln	Gly	Phe	Arg	Ser	Met	Ile	Glu	Gln	Phe	Asn	Val	Asn	Asn	
	370						375						380				
	Pro	Ala	Thr	Ala	Lys	Glu	Leu	Gln	Ala	Met	Glu	Ala	Gln	Leu	Thr	Ala	
	385		390						395						400		
10	Met	Ser	Asp	Gln	Leu	Val	Gly	Ala	Asp	Gly	Glu	Leu	Pro	Ala	Glu	Ile	
	405						410						415				
	Gln	Ala	Ile	Lys	Asp	Ala	Leu	Ala	Gln	Ala	Leu	Lys	Gln	Pro	Ser	Ala	
	420						425						430				
	Asp	Gly	Leu	Ala	Thr	Ala	Met	Gly	Gln	Val	Ala	Phe	Ala	Ala	Ala	Lys	
15	435						440						445				
	Val	Gly	Gly	Gly	Ser	Ala	Gly	Thr	Ala	Gly	Thr	Val	Gln	Met	Asn	Val	
	450						455						460				
	Lys	Gln	Leu	Tyr	Lys	Thr	Ala	Phe	Ser	Ser	Thr	Ser	Ser	Ser	Ser	Tyr	
	465		470						475						480		
20	Ala	Ala	Ala	Leu	Ser	Asp	Gly	Tyr	Ser	Ala	Tyr	Lys	Thr	Leu	Asn	Ser	
	485						490						495				
	Leu	Tyr	Ser	Glu	Ser	Arg	Ser	Gly	Val	Gln	Ser	Ala	Ile	Ser	Gln	Thr	
	500						505						510				
	Ala	Asn	Pro	Ala	Leu	Ser	Arg	Ser	Val	Ser	Arg	Ser	Gly	Ile	Glu	Ser	
25	515						520						525				

Gln Gly Arg Ser Ala Asp Ala Ser Gln Arg Ala Ala Glu Thr Ile Val
530 535 540
Arg Asp Ser Gln Thr Leu Gly Asp Val Tyr Ser Arg Leu Gln Val Leu
545 550 555 560
5 Asp Ser Leu Met Ser Thr Ile Val Ser Asn Pro Gln Ala Asn Gln Glu
565 570 575
Glu Ile Met Gln Lys Leu Thr Ala Ser Ile Ser Lys Ala Pro Gln Phe
580 585 590
Gly Tyr Pro Ala Val Gln Asn Ser Ala Asp Ser Leu Gln Lys Phe Ala
10 595 600 605
Ala Gln Leu Glu Arg Glu Phe Val Asp Gly Glu Arg Ser Leu Ala Glu
610 615 620
Ser Gln Glu Asn Ala Phe Arg Lys Gln Pro Ala Phe Ile Gln Gln Val
625 630 635 640
15 Leu Val Asn Ile Ala Ser Leu Phe Ser Gly Tyr Leu Ser
645 650

<210> 11
<211> 2010
20 <212> ADN
<213> *Chlamydia trachomatis*
<400> 11

gcagaaatca tgattcctca aggaatttac gatggggaga cgtaaactgt atcatttccc 60
tatactgtta taggagatcc gagtgggact actgtttttt ctgcaggaga gttaacatta 120
25 aaaaatcttg acaattctat tgcagctttg cctttaagtt gttttgggaa cttattaggg 180

	agttttactg ttttagggag aggacactcg ttgactttcg agaacatacg gactttctaca	240
	aatggggcag ctctaagtaa tagcgctgct gatggactgt ttactattga gggttttaaa	300
	gaattatcct tttccaattg caattcatta cttgccgtac tgccctgctgc aacgactaat	360
	aagggtagcc agactccgac gacaacatct acaccgtcta atgggtactat ttattctaaa	420
5	acagatcttt tgttactcaa taatgagaag ttctcattct atagtaattht agtctctgga	480
	gatgggggag ctatagatgc taagagctta acggttcaag gaattagcaa gctttgtgtc	540
	ttccaagaaa atactgctca agctgatggg ggagcttgte aagtagtcac cagtttctct	600
	gctatggcta acgaggctcc tattgccttt gtagcgaatg ttgcaggagt aagaggggga	660
	gggattgctg ctgttcagga tgggcagcag ggagtgtcat catctacttc aacagaagat	720
10	ccagtagtaa gtttttccag aaatactgcg gtagagtttg atgggaacgt agcccgagta	780
	ggaggaggga tttactccta cgggaacgtt gctttcctga ataatggaaa aaccttgtht	840
	ctcaacaatg ttgcttctcc tgtttacatt gctgctaagc aaccaacaag tggacaggct	900
	tctaatacga gtaataatta cggagatgga ggagctatct totgtaagaa tggtgcgcaa	960
	gcaggatcca ataactctgg atcagtttcc tttgatggag agggagtagt tttctttagt	1020
15	agcaatgtag ctgctgggaa agggggagct atttatgcca aaaagctctc ggttgctaac	1080
	tgtggccctg tacaattttt aaggaatatc gctaatgatg gtggagcgat ttatttagga	1140
	gaatctggag agctcagtht atctgctgat tatggagata ttattttcga tgggaatctt	1200
	aaaagaacag ccaaagagaa tgctgccgat gttaatggcg taactgtgtc ctcaaacgcc	1260
	atttcgatgg gatcgggagg gaaaataacg acattaagag ctaaagcagg gcatcagatt	1320
20	ctctttaatg atcccatcga gatggcaaac ggaaataacc agccagcgca gtcttccaaa	1380
	cttctaataaa ttaacgatgg tgaaggatac acaggggata ttgtttttgc taatggaagc	1440
	agtactttgt accaaaatgt tacgatagag caaggaagga ttgttcttcg tgaaaaggca	1500
	aaattatcag tgaattctct aagtcagaca ggtgggagtc tgtatatgga agctgggagt	1560
	acattggatt ttgtaactcc acaaccacca caacagctc ctgccgctaa tcagttgatc	1620
25	acgctttcca atctgcattt gtctctttct totttgthtag caaacaatgc agttacgaat	1680

cctcctacca atcctccagc gcaagattct catcctgcag tcattggttag cacaactgct 1740
ggttctgtta caattagtgg gcctatcttt tttgaggatt tggatgatac agcttatgat 1800
aggtatgatt ggctaggttc taatcaaaaa atcaatgtcc tgaaattaca gttagggact 1860
aagccccag ctaatgcccc atcagatttg actctaggga atgagatgcc taagtatggc 1920
5 tatcaaggaa gctggaagct tgcgtgggat cctaatacag caaataatgg tccttatact 1980
ctgaaagcta catggactaa aactgggtaa 2010

<210> 12

<211> 669

10 <212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 12

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

	Glu Gly Phe Lys Glu Leu Ser Phe Ser Asn Cys Asn Ser Leu Leu Ala	
	100	105 110
	Val Leu Pro Ala Ala Thr Thr Asn Lys Gly Ser Gln Thr Pro Thr Thr	
5	115	120 125
	Thr Ser Thr Pro Ser Asn Gly Thr Ile Tyr Ser Lys Thr Asp Leu Leu	
	130	135 140
	Leu Leu Asn Asn Glu Lys Phe Ser Phe Tyr Ser Asn Leu Val Ser Gly	
	145	150 155 160
10	Asp Gly Gly Ala Ile Asp Ala Lys Ser Leu Thr Val Gln Gly Ile Ser	
	165	170 175
	Lys Leu Cys Val Phe Gln Glu Asn Thr Ala Gln Ala Asp Gly Gly Ala	
	180	185 190
	Cys Gln Val Val Thr Ser Phe Ser Ala Met Ala Asn Glu Ala Pro Ile	
15	195	200 205
	Ala Phe Val Ala Asn Val Ala Gly Val Arg Gly Gly Gly Ile Ala Ala	
	210	215 220
	Val Gln Asp Gly Gln Gln Gly Val Ser Ser Ser Thr Ser Thr Glu Asp	
	225	230 235 240
20	Pro Val Val Ser Phe Ser Arg Asn Thr Ala Val Glu Phe Asp Gly Asn	
	245	250 255
	Val Ala Arg Val Gly Gly Gly Ile Tyr Ser Tyr Gly Asn Val Ala Phe	
	260	265 270
	Leu Asn Asn Gly Lys Thr Leu Phe Leu Asn Asn Val Ala Ser Pro Val	
25	275	280 285

Tyr Ile Ala Ala Lys Gln Pro Thr Ser Gly Gln Ala Ser Asn Thr Ser
 290 295 300
 Asn Asn Tyr Gly Asp Gly Gly Ala Ile Phe Cys Lys Asn Gly Ala Gln
 5 305 310 315 320
 Ala Gly Ser Asn Asn Ser Gly Ser Val Ser Phe Asp Gly Glu Gly Val
 325 330 335
 Val Phe Phe Ser Ser Asn Val Ala Ala Gly Lys Gly Gly Ala Ile Tyr
 340 345 350
 10 Ala Lys Lys Leu Ser Val Ala Asn Cys Gly Pro Val Gln Phe Leu Arg
 355 360 365
 Asn Ile Ala Asn Asp Gly Gly Ala Ile Tyr Leu Gly Glu Ser Gly Glu
 370 375 380
 Leu Ser Leu Ser Ala Asp Tyr Gly Asp Ile Ile Phe Asp Gly Asn Leu
 15 385 390 395 400
 Lys Arg Thr Ala Lys Glu Asn Ala Ala Asp Val Asn Gly Val Thr Val
 405 410 415
 Ser Ser Gln Ala Ile Ser Met Gly Ser Gly Gly Lys Ile Thr Thr Leu
 420 425 430
 20 Arg Ala Lys Ala Gly His Gln Ile Leu Phe Asn Asp Pro Ile Glu Met
 435 440 445
 Ala Asn Gly Asn Asn Gln Pro Ala Gln Ser Ser Lys Leu Leu Lys Ile
 450 455 460
 Asn Asp Gly Glu Gly Tyr Thr Gly Asp Ile Val Phe Ala Asn Gly Ser
 25 465 470 475 480

Ser Thr Leu Tyr Gln Asn Val Thr Ile Glu Gln Gly Arg Ile Val Leu
485 490 495
Arg Glu Lys Ala Lys Leu Ser Val Asn Ser Leu Ser Gln Thr Gly Gly
500 505 510
5 Ser Leu Tyr Met Glu Ala Gly Ser Thr Leu Asp Phe Val Thr Pro Gln
515 520 525
Pro Pro Gln Gln Pro Pro Ala Ala Asn Gln Leu Ile Thr Leu Ser Asn
530 535 540
Leu His Leu Ser Leu Ser Ser Leu Leu Ala Asn Asn Ala Val Thr Asn
10 545 550 555 560
Pro Pro Thr Asn Pro Pro Ala Gln Asp Ser His Pro Ala Val Ile Gly
565 570 575
Ser Thr Thr Ala Gly Ser Val Thr Ile Ser Gly Pro Ile Phe Phe Glu
580 585 590
15 Asp Leu Asp Asp Thr Ala Tyr Asp Arg Tyr Asp Trp Leu Gly Ser Asn
595 600 605
Gln Lys Ile Asn Val Leu Lys Leu Gln Leu Gly Thr Lys Pro Pro Ala
610 615 620
Asn Ala Pro Ser Asp Leu Thr Leu Gly Asn Glu Met Pro Lys Tyr Gly
20 625 630 635 640
Tyr Gln Gly Ser Trp Lys Leu Ala Trp Asp Pro Asn Thr Ala Asn Asn
645 650 655
Gly Pro Tyr Thr Leu Lys Ala Thr Trp Thr Lys Thr Gly
660 665

	<210>	13	
	<211>	3519	
	<212>	ADN	
	<213>	<i>Chlamydia trachomatis</i>	
5	<400>	13	
	agttgcgtag	atcttcatgc	tggaggacag tctgtaaag agctgggtata tgtaggcctt 60
	caagcgggtt	tattgttaga	ccaaattcga gatctattcg ttgggtctaa agatagtcag 120
	gctgaaggac	agtatagggt	aattgtagga gatccaagtt ctttccaaga gaaagatgca 180
	gatactcttc	ccgggaaggt	agagcaaagt actttgttct cagtaaccaa tcccgtgggt 240
10	ttccaagggt	tggaccaaca	ggatcaagtc tcttcccaag ggtaatttg tagttttacg 300
	agcagcaacc	ttgattctcc	ccgtgacgga gaatcttttt taggtattgc ttttgttggg 360
	gatagtagta	aggctggaat	cacattaact gacgtgaaag cttctttgtc tggagcggct 420
	ttatattcta	cagaagatct	tatctttgaa aagattaagg gtggattgga atttgcattca 480
	tgttcttctc	tagaacaggg	gggagcttgt gcagctcaa gtattttgat tcatgattgt 540
15	caaggattgc	aggttaaaca	ctgtactaca gccgtgaatg ctgaggggtc tagtgccaat 600
	gatcatcttg	gatttggagg	aggcgctttc tttgttacgg gttctctttc tggagagaaa 660
	agtctctata	tgccctgcagg	agatatggta gttgcgaatt gtgatggggc tatactctttt 720
	gaaggaaaca	gcgcgaactt	tgctaattgga ggagcgattg ctgcctctgg gaaagtgcct 780
	tttgtcgcta	atgataaaaa	gacttctttt atagagaacc gagctttgtc tggaggagcg 840
20	attgcagcct	cttctgatat	tgcccttcaa aactgcgcag aactagtttt caaaggcaat 900
	tgtgcaattg	gaacagagga	taaaggttct ttaggtggag gggctatata ttctctaggc 960
	accgttcttt	tgcaagggaa	tcacgggata acttgtgata agaattgagtc tgcttcgcaa 1020
	ggaggcgcca	tttttggcaa	aaattgtcag atttctgaca acgaggggcc agtgggttttc 1080
	agagatagta	cagcttgctt	aggaggaggc gctattgcag ctcaagaaat tgtttctatt 1140
25	cagaacaatc	aggctgggat	ttccttcgag ggaggtaagg ctagtttcgg aggaggtatt 1200

	gcgtgtggat ctttttcttc cgcaggcggg gcttctgttt tagggactat tgatatttcg	1260
	aagaatttag gcgcgatttc gttctctcgt actttatgta cgacctcaga tttaggacaa	1320
	atggagtacc agggaggagg agctctattt ggtgaaaata tttctctttc tgagaatgct	1380
	ggtgtgctca cctttaaaga caacattgtg aagacttttg cttcgaatgg gaaaattctg	1440
5	ggaggaggag cgatttttagc tactggtaag gtggaaatta ccaataattc cggaggaatt	1500
	tcttttacag gaaatgcgag agctccacaa gctcttccaa ctcaagagga gtttccttta	1560
	ttcagcaaaa aagaagggcg accactctct tcaggatatt ctgggggagg agcgatttta	1620
	ggaagagaag tagctattct ccacaacgct gcagtagtat ttgagcaaaa tcgtttgcag	1680
	tgcagcgaag aagaagcgac attattaggt tgttgtggag gaggcgctgt tcatgggatg	1740
10	gatagcactt cgattgttgg caactcttca gtaagatttg gtaataatta cgcaatggga	1800
	caaggagtct caggaggagc tcttttatct aaaacagtgc agtttagctgg aaatggaagc	1860
	gtcgattttt ctcgaaatat tgctagtttg ggaggaggag ctcttcaagc ttctgaagga	1920
	aattgtgagc tagttgataa cggctatgtg ctattcagag ataatcgagg gagggtttat	1980
	gggggtgcta tttcttgctt acgtggagat gtagtcattt ctggaaacaa gggtagagtt	2040
15	gaatttaaag acaacatagc aacacgtctt tatgtggaag aaactgtaga aaaggttgaa	2100
	gaggtagagc cagctcctga gcaaaaagac aataatgagc tttctttctt agggagtgtg	2160
	gaacagagtt ttattactgc agctaataca gctcttttcg catctgaaga tggggattta	2220
	tcacctgagt catccatttc ttctgaagaa cttgcgaaaa gaagagagtg tgctggagga	2280
	gctatttttg caaaacgggt tcgtattgta gataaccaag aggcggttgt attctcgaat	2340
20	aacttctctg atatttatgg cggcgccatt ttacagggtt ctcttcgaga agaggataag	2400
	ttagatgggc aaatccctga agtcttgatc tcaggcaatg caggggatgt tgttttttcc	2460
	ggaaattcct cgaagcgtga tgagcatctt cctcatacag gtgggggagc catttgtact	2520
	caaaatttga cgattttctca gaatacaggg aatgttctgt tttataacaa cgtggcctgt	2580
	tcgggaggag ctgttcgtat agaggatcat ggtaatgttc ttttagaagc ttttggagga	2640
25	gatattgttt ttaaaggaaa ttcttctttc agagcacaag gatccgatgc tatctatttt	2700

gcaggtaaag aatcgcatat tacagccctg aatgctacgg aaggacatgc tattgttttc 2760
cacgacgcat tagtttttga aaatctaaaa gaaaggaaat ctgctgaagt attgttaatc 2820
aatagtcgag aaaatccagg ttacactgga tctattcgat ttttagaagc agaaagtaaa 2880
gttcctcaat gtattcatgt acaacaagga agccttgagt tgctaaatgg agctacatta 2940
5 tgtagttatg gttttaaaca agatgctgga gctaagttgg tattggctgc tggatctaaa 3000
ctgaagattt tagattcagg aactcctgta caagggcatg ctatcagtaa acctgaagca 3060
gaaatcgagt catcttctga accagagggg gcacattctc tttggattgc gaagaatgct 3120
caaacaacag ttcctatggg tgatatccat actatttctg tagattttage ctcttctct 3180
tctagtcaac aggagggggac agtagaagct cctcagggtta ttgttctctg aggaagttat 3240
10 gttcgatctg gagagcttaa tttggagtta gttaacacaa cagggtactgg ttatgaaaat 3300
catgctttgt tgaagaatga ggctaaagtt ccattgatgt ctttcggtgc ttctagtgat 3360
gaagcttcag ccgaaatcag taacttgtcg gtttctgatt tacagattca tgtagcaact 3420
ccagagattg aagaagacac atacggccat atgggagatt ggtctgaggc taaaattcaa 3480
gatggaactc ttgtcattag ttggaatcct actggataa 3519

15

<210> 14
<211> 1172
<212> PRT
<213> *Chlamydia trachomatis*

20

<400> 14
Ser Cys Val Asp Leu His Ala Gly Gly Gln Ser Val Asn Glu Leu Val
1 5 10 15
Tyr Val Gly Pro Gln Ala Val Leu Leu Leu Asp Gln Ile Arg Asp Leu

25

20 25 30

Phe Val Gly Ser Lys Asp Ser Gln Ala Glu Gly Gln Tyr Arg Leu Ile
35 40 45

Val Gly Asp Pro Ser Ser Phe Gln Glu Lys Asp Ala Asp Thr Leu Pro
5 50 55 60

Gly Lys Val Glu Gln Ser Thr Leu Phe Ser Val Thr Asn Pro Val Val
65 70 75 80

Phe Gln Gly Val Asp Gln Gln Asp Gln Val Ser Ser Gln Gly Leu Ile
85 90 95

10 Cys Ser Phe Thr Ser Ser Asn Leu Asp Ser Pro Arg Asp Gly Glu Ser
100 105 110

Phe Leu Gly Ile Ala Phe Val Gly Asp Ser Ser Lys Ala Gly Ile Thr
115 120 125

Leu Thr Asp Val Lys Ala Ser Leu Ser Gly Ala Ala Leu Tyr Ser Thr
15 130 135 140

Glu Asp Leu Ile Phe Glu Lys Ile Lys Gly Gly Leu Glu Phe Ala Ser
145 150 155 160

Cys Ser Ser Leu Glu Gln Gly Gly Ala Cys Ala Ala Gln Ser Ile Leu
165 170 175

20 Ile His Asp Cys Gln Gly Leu Gln Val Lys His Cys Thr Thr Ala Val
180 185 190

Asn Ala Glu Gly Ser Ser Ala Asn Asp His Leu Gly Phe Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Phe Phe Val Thr Gly Ser Leu Ser Gly Glu Lys Ser Leu Tyr Met
25 210 215 220

Pro Ala Gly Asp Met Val Val Ala Asn Cys Asp Gly Ala Ile Ser Phe
 225 230 235 240
 Glu Gly Asn Ser Ala Asn Phe Ala Asn Gly Gly Ala Ile Ala Ala Ser
 5 245 250 255
 Gly Lys Val Leu Phe Val Ala Asn Asp Lys Lys Thr Ser Phe Ile Glu
 260 265 270
 Asn Arg Ala Leu Ser Gly Gly Ala Ile Ala Ala Ser Ser Asp Ile Ala
 275 280 285
 10 Phe Gln Asn Cys Ala Glu Leu Val Phe Lys Gly Asn Cys Ala Ile Gly
 290 295 300
 Thr Glu Asp Lys Gly Ser Leu Gly Gly Gly Ala Ile Ser Ser Leu Gly
 305 310 315 320
 Thr Val Leu Leu Gln Gly Asn His Gly Ile Thr Cys Asp Lys Asn Glu
 15 325 330 335
 Ser Ala Ser Gln Gly Gly Ala Ile Phe Gly Lys Asn Cys Gln Ile Ser
 340 345 350
 Asp Asn Glu Gly Pro Val Val Phe Arg Asp Ser Thr Ala Cys Leu Gly
 355 360 365
 20 Gly Gly Ala Ile Ala Ala Gln Glu Ile Val Ser Ile Gln Asn Asn Gln
 370 375 380
 Ala Gly Ile Ser Phe Glu Gly Gly Lys Ala Ser Phe Gly Gly Gly Ile
 385 390 395 400
 Ala Cys Gly Ser Phe Ser Ser Ala Gly Gly Ala Ser Val Leu Gly Thr
 25 405 410 415

Ile Asp Ile Ser Lys Asn Leu Gly Ala Ile Ser Phe Ser Arg Thr Leu
420 425 430
Cys Thr Thr Ser Asp Leu Gly Gln Met Glu Tyr Gln Gly Gly Gly Ala
5 435 440 445
Leu Phe Gly Glu Asn Ile Ser Leu Ser Glu Asn Ala Gly Val Leu Thr
450 455 460
Phe Lys Asp Asn Ile Val Lys Thr Phe Ala Ser Asn Gly Lys Ile Leu
465 470 475 480
10 Gly Gly Gly Ala Ile Leu Ala Thr Gly Lys Val Glu Ile Thr Asn Asn
485 490 495
Ser Gly Gly Ile Ser Phe Thr Gly Asn Ala Arg Ala Pro Gln Ala Leu
500 505 510
Pro Thr Gln Glu Glu Phe Pro Leu Phe Ser Lys Lys Glu Gly Arg Pro
15 515 520 525
Leu Ser Ser Gly Tyr Ser Gly Gly Gly Ala Ile Leu Gly Arg Glu Val
530 535 540
Ala Ile Leu His Asn Ala Ala Val Val Phe Glu Gln Asn Arg Leu Gln
545 550 555 560
20 Cys Ser Glu Glu Glu Ala Thr Leu Leu Gly Cys Cys Gly Gly Gly Ala
565 570 575
Val His Gly Met Asp Ser Thr Ser Ile Val Gly Asn Ser Ser Val Arg
580 585 590
Phe Gly Asn Asn Tyr Ala Met Gly Gln Gly Val Ser Gly Gly Ala Leu
25 595 600 605

Leu Ser Lys Thr Val Gln Leu Ala Gly Asn Gly Ser Val Asp Phe Ser
 610 615 620
 Arg Asn Ile Ala Ser Leu Gly Gly Gly Ala Leu Gln Ala Ser Glu Gly
 5 625 630 635 640
 Asn Cys Glu Leu Val Asp Asn Gly Tyr Val Leu Phe Arg Asp Asn Arg
 645 650 655
 Gly Arg Val Tyr Gly Gly Ala Ile Ser Cys Leu Arg Gly Asp Val Val
 660 665 670
 10 Ile Ser Gly Asn Lys Gly Arg Val Glu Phe Lys Asp Asn Ile Ala Thr
 675 680 685
 Arg Leu Tyr Val Glu Glu Thr Val Glu Lys Val Glu Glu Val Glu Pro
 690 695 700
 Ala Pro Glu Gln Lys Asp Asn Asn Glu Leu Ser Phe Leu Gly Ser Val
 15 705 710 715 720
 Glu Gln Ser Phe Ile Thr Ala Ala Asn Gln Ala Leu Phe Ala Ser Glu
 725 730 735
 Asp Gly Asp Leu Ser Pro Glu Ser Ser Ile Ser Ser Glu Glu Leu Ala
 740 745 750
 20 Lys Arg Arg Glu Cys Ala Gly Gly Ala Ile Phe Ala Lys Arg Val Arg
 755 760 765
 Ile Val Asp Asn Gln Glu Ala Val Val Phe Ser Asn Asn Phe Ser Asp
 770 775 780
 Ile Tyr Gly Gly Ala Ile Phe Thr Gly Ser Leu Arg Glu Glu Asp Lys
 25 785 790 795 800

	Leu	Asp	Gly	Gln	Ile	Pro	Glu	Val	Leu	Ile	Ser	Gly	Asn	Ala	Gly	Asp
						805					810					815
	Val	Val	Phe	Ser	Gly	Asn	Ser	Ser	Lys	Arg	Asp	Glu	His	Leu	Pro	His
5						820					825					830
	Thr	Gly	Gly	Gly	Ala	Ile	Cys	Thr	Gln	Asn	Leu	Thr	Ile	Ser	Gln	Asn
						835					840					845
	Thr	Gly	Asn	Val	Leu	Phe	Tyr	Asn	Asn	Val	Ala	Cys	Ser	Gly	Gly	Ala
						850					855					860
10	Val	Arg	Ile	Glu	Asp	His	Gly	Asn	Val	Leu	Leu	Glu	Ala	Phe	Gly	Gly
						865										880
	Asp	Ile	Val	Phe	Lys	Gly	Asn	Ser	Ser	Phe	Arg	Ala	Gln	Gly	Ser	Asp
											885					895
	Ala	Ile	Tyr	Phe	Ala	Gly	Lys	Glu	Ser	His	Ile	Thr	Ala	Leu	Asn	Ala
15						900					905					910
	Thr	Glu	Gly	His	Ala	Ile	Val	Phe	His	Asp	Ala	Leu	Val	Phe	Glu	Asn
						915					920					925
	Leu	Lys	Glu	Arg	Lys	Ser	Ala	Glu	Val	Leu	Leu	Ile	Asn	Ser	Arg	Glu
						930										940
20	Asn	Pro	Gly	Tyr	Thr	Gly	Ser	Ile	Arg	Phe	Leu	Glu	Ala	Glu	Ser	Lys
						945										960
	Val	Pro	Gln	Cys	Ile	His	Val	Gln	Gln	Gly	Ser	Leu	Glu	Leu	Leu	Asn
						965										975
	Gly	Ala	Thr	Leu	Cys	Ser	Tyr	Gly	Phe	Lys	Gln	Asp	Ala	Gly	Ala	Lys
25						980										990

	Leu	Val	Leu	Ala	Ala	Gly	Ser	Lys	Leu	Lys	Ile	Leu	Asp	Ser	Gly	Thr
	995						1000						1005			
	Pro	Val	Gln	Gly	His	Ala	Ile	Ser	Lys	Pro	Glu	Ala	Glu	Ile	Glu	
	1010						1015						1020			
5	Ser	Ser	Ser	Glu	Pro	Glu	Gly	Ala	His	Ser	Leu	Trp	Ile	Ala	Lys	
	1025						1030						1035			
	Asn	Ala	Gln	Thr	Thr	Val	Pro	Met	Val	Asp	Ile	His	Thr	Ile	Ser	
	1040						1045						1050			
	Val	Asp	Leu	Ala	Ser	Phe	Ser	Ser	Ser	Gln	Gln	Glu	Gly	Thr	Val	
10	1055						1060						1065			
	Glu	Ala	Pro	Gln	Val	Ile	Val	Pro	Gly	Gly	Ser	Tyr	Val	Arg	Ser	
	1070						1075						1080			
	Gly	Glu	Leu	Asn	Leu	Glu	Leu	Val	Asn	Thr	Thr	Gly	Thr	Gly	Tyr	
	1085						1090						1095			
15	Glu	Asn	His	Ala	Leu	Leu	Lys	Asn	Glu	Ala	Lys	Val	Pro	Leu	Met	
	1100						1105						1110			
	Ser	Phe	Val	Ala	Ser	Ser	Asp	Glu	Ala	Ser	Ala	Glu	Ile	Ser	Asn	
	1115						1120						1125			
	Leu	Ser	Val	Ser	Asp	Leu	Gln	Ile	His	Val	Ala	Thr	Pro	Glu	Ile	
20	1130						1135						1140			
	Glu	Glu	Asp	Thr	Tyr	Gly	His	Met	Gly	Asp	Trp	Ser	Glu	Ala	Lys	
	1145						1150						1155			
	Ile	Gln	Asp	Gly	Thr	Leu	Val	Ile	Ser	Trp	Asn	Pro	Thr	Gly		
	1160						1165						1170			
25																

	<210>	15	
	<211>	1266	
	<212>	ADN	
	<213>	<i>Chlamydia trachomatis</i>	
5	<400>	15	
	atgactgcat	caggaggagc	tggagggcta
	ggcagcaccc	aaacagtaga	cgttgcgcga
	gcacaagctg	ctgcagctac	tcaagatgca
	caagaggtta	tcggctctca	ggaagcttct
	gaggcaagta	tgctcaaagg	atgtgaggat
	ctcataaatc	ctgcagctgc	aaccggaatc
	aaaaaaaaag	aagagaagtt	tgaatcatta
	gaagctcgtc	gcaaaccaac	agcggataaa
10	gcagaaaaga	aatccgagag	cacagaggaa
	aaaggcgata	ctcctcttga	agatcgtttc
	acagaagatc	tttccgaagt	ctccggagaa
	gatttttcgag	gattgaaaaa	ttcgttcgat
	gatgattctt	ctcctgaaga	aattctcgat
	gcgctcacaa	gtaaattttc	tgatcccaca
	ataaaggatc	tagctcttga	ttatctaatt
	caaacagctc	cctctgatag	gaaacttaag
	tccgctctca	ttcaggcaaa	gcatcaactg
	atgagccaga	atcctcaggc	gattgttgga
15	ggacgcaatg	ttctgttagc	ttcagaaacc
	tttgcttcca	gagcaaatac	atctccttca
	tcgcttcgct	ccttataatc	ccaagtaacc
	tcacccccct	ctaattgtga	taattttacgt
	caaagtcttg	cttcttactt	gccatcagag
	aaaaccgctg	ttatggagtt	tctagtaaata
	ggcatggtag	cagattttaa	atcggagggc
	ccttccattc	ctcctgcaaa	attgcaagta
	tatatgacgg	aactaagcaa	tctccaagcc
	ttacactctg	tagatagctt	ttttgataga
20	aatattggga	acttggaaaa	tagcttaaag
	catgaaggac	atgcccctat	tccatcctta
	acgacaggaa	atttaactaa	aaccttctta
	caattagtag	aagataaatt	cccttcctct
	tccaaagctc	aaaaggcatt	aatgaactg
	gtaggccag	atactggtcc	tcaaactgaa
	gttttaaaact	tattcttccg	cgctcttaata
	ggctgttcgc	ctagaatatt	ctctggagct
	gaaaaaaaaac	agcagctggc	atcgggttatc
	acaaatacgc	tagatgcgat	aatgcggat
25	aatgaggatt	atcctaaacc	aggtgacttc
	ccacgatctt	ccttctctag	tacgcctcct

catgctccag tacctcaatc tgagattcca acgtcaccta cctcaacaca gcctccatca 1260
ccctaa 1266

<210> 16

5 <211> 421

<212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 16

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

Leu Asp Ala Leu Thr Ser Lys Phe Ser Asp Pro Thr Ile Lys Asp Leu
 130 135 140
 Ala Leu Asp Tyr Leu Ile Gln Thr Ala Pro Ser Asp Arg Lys Leu Lys
 5 145 150 155 160
 Ser Ala Leu Ile Gln Ala Lys His Gln Leu Met Ser Gln Asn Pro Gln
 165 170 175
 Ala Ile Val Gly Gly Arg Asn Val Leu Leu Ala Ser Glu Thr Phe Ala
 180 185 190
 10 Ser Arg Ala Asn Thr Ser Pro Ser Ser Leu Arg Ser Leu Tyr Leu Gln
 195 200 205
 Val Thr Ser Ser Pro Ser Asn Cys Asp Asn Leu Arg Gln Met Leu Ala
 210 215 220
 Ser Tyr Leu Pro Ser Glu Lys Thr Ala Val Met Glu Phe Leu Val Asn
 15 225 230 235 240
 Gly Met Val Ala Asp Leu Lys Ser Glu Gly Pro Ser Ile Pro Pro Ala
 245 250 255
 Lys Leu Gln Val Tyr Met Thr Glu Leu Ser Asn Leu Gln Ala Leu His
 260 265 270
 20 Ser Val Asp Ser Phe Phe Asp Arg Asn Ile Gly Asn Leu Glu Asn Ser
 275 280 285
 Leu Lys His Glu Gly His Ala Pro Ile Pro Ser Leu Thr Thr Gly Asn
 290 295 300
 Leu Thr Lys Thr Phe Leu Gln Leu Val Glu Asp Lys Phe Pro Ser Ser
 25 305 310 315 320

```

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

Pro Gln Thr Glu Val Leu Asn Leu Phe Phe Arg Ala Leu Asn Gly Cys
      340                      345                      350

5 Ser Pro Arg Ile Phe Ser Gly Ala Glu Lys Lys Gln Gln Leu Ala Ser
      355                      360                      365

Val Ile Thr Asn Thr Leu Asp Ala Ile Asn Ala Asp Asn Glu Asp Tyr
      370                      375                      380

Pro Lys Pro Gly Asp Phe Pro Arg Ser Ser Phe Ser Ser Thr Pro Pro
      385                      390                      395                      400

0 His Ala Pro Val Pro Gln Ser Glu Ile Pro Thr Ser Pro Thr Ser Thr
      405                      410                      415

Gln Pro Pro Ser Pro
      420

```

15

```
<210> 17
<211> 1170
<212> ADN
<213> Chlamydia psittaci
```

20

```
<400> 17
atgaaaaaac tcttgaaatc ggcattattg tttgccacta cgggttccgc tctctcctta 60
caagccttgc ctgtagggaa tccagctgaa ccaagtttat taattgatgg cactatgtgg 120
gaaggcgctt caggcgatcc ttgtgatcct tgctctactt ggtgtgatgc tatcagcatc 180
cgcgcagggt actacggaga ttatgttttc gatcgcacat taaaagttga tgttaataaa 240
actatcagca tggggacagc tccaactggt aatgcagctg ctgactttaa aaccgttgca 300
```

gacaggaata acatagccta cggcaaacat atgcaagatg cagaatggtc cacaaacgcg 360
gctttcttag cattaaacat ttgggatcgt tttgatgtct tctgcacatt aggggcatct 420
aacggctatc tcaaagcaaa tgctgcagct ttcaatctag tcggcttact tggggtaaca 480
ggaacagatc ttcaaggcca atatccaaac gtagccatct ctcaaggcct tgtagagctt 540
5 tatactgaca caaccttctc ttggagcgtt ggtgcgcgtg gagctttatg ggaatgtggt 600
tgcgcaactt taggagcaga gttccaatat gcgcagtcta atcctaagat cgaaatgctt 660
aatgtaattt ctagcccaac acaatttgtg attcataagc ctagaggata taaagggaca 720
gcggccaaact tccctctgcc ttttaaccgt ggaacagaga gcgctactga tactaaatca 780
gctacaatta agtatcatga atggcaaatt ggtttagctc tttcttatag attgaacatg 840
10 cttgttccat atattggagt aaactgggcc agagctacat ttgatgctga ctctatccgc 900
attgctcagc ctaaattacc tacggccatt ttaaacctaa ctacatggaa coctacttta 960
ttagggggagg ctactactat aaacactgga gcaaaatatg ctgaccagtt acaaattgct 1020
tcgcttcaaa tcaacaaaat gaagtctaga aaagcttgtg gtattgctgt tggtgcaacc 1080
ttaattgatg ctgacaaatg gtcgatcact ggtgaagctc gcttaatcaa cgaaagagct 1140
15 gctcacgtaa acgctcaatt cagattctaa 1170

<210> 18
<211> 389
<212> PRT
20 <213> *Chlamydia psitacci*
<400> 18
Met Lys Lys Leu Leu Lys Ser Ala Leu Leu Phe Ala Thr Thr Gly Ser
1 5 10 15
Ala Leu Ser Leu Gln Ala Leu Pro Val Gly Asn Pro Ala Glu Pro Ser
25 20 25 30

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

```

Ser Pro Thr Gln Phe Val Ile His Lys Pro Arg Gly Tyr Lys Gly Thr
225                230                235                240
Ala Ala Asn Phe Pro Leu Pro Leu Thr Ala Gly Thr Glu Ser Ala Thr
                245                250                255
5  Asp Thr Lys Ser Ala Thr Ile Lys Tyr His Glu Trp Gln Ile Gly Leu
                260                265                270
Ala Leu Ser Tyr Arg Leu Asn Met Leu Val Pro Tyr Ile Gly Val Asn
                275                280                285
Trp Ser Arg Ala Thr Phe Asp Ala Asp Ser Ile Arg Ile Ala Gln Pro
10  290                295                300
Lys Leu Pro Thr Ala Ile Leu Asn Leu Thr Thr Trp Asn Pro Thr Leu
305                310                315                320
Leu Gly Glu Ala Thr Thr Ile Asn Thr Gly Ala Lys Tyr Ala Asp Gln
                325                330                335
15  Leu Gln Ile Ala Ser Leu Gln Ile Asn Lys Met Lys Ser Arg Lys Ala
                340                345                350
Cys Gly Ile Ala Val Gly Ala Thr Leu Ile Asp Ala Asp Lys Trp Ser
                355                360                365
Ile Thr Gly Glu Ala Arg Leu Ile Asn Glu Arg Ala Ala His Val Asn
20  370                375                380
Ala Gln Phe Arg Phe
385
<210> 19
25  <211> 1170

```


<212> ADN

<213> *Chlamydia pneumoniae*

<400> 19

	atgaaaaaac	tcttaaagtc	ggcgttatta	tccgccgcac	ttgctgggttc	tggttggtcc	60
5	ttacaagcct	tgctgtagg	gaacccttct	gatccaagct	tattaattga	tggtacaata	120
	tggaaggtg	ctgcaggaga	tccttgcat	ccttgcgcta	cttggtgcga	cgctattagc	180
	ttacgtgctg	gattttacgg	agactatggt	ttcgaccgta	tcttaaaagt	agatgcacct	240
	aaaacatttt	ctatgggagc	caagcctact	ggatccgctg	ctgcaaacta	tactactgcc	300
	gtagatagac	ctaaccggc	ctacaataag	catttacacg	atgcagagtg	gttactaat	360
10	gcaggcttca	ttgccttaaa	catttgggat	cgctttgatg	ttttctgtac	tttaggagct	420
	tctaattggt	acattagagg	aaactctaca	gcgttcaatc	tcgttggttt	attcggagtt	480
	aaaggtacta	ctgtaaagtc	aaatgaacta	ccaaacgttt	ctttaagtaa	cggagttggt	540
	gaactttaca	cagacacctc	tttctcttgg	agcgtaggcg	ctcgtggagc	cttatgggaa	600
	tgcggttggt	caactttggg	agctgaattc	caatatgcac	agtccaaacc	taaagttgaa	660
15	gaacttaatg	tgatctgtaa	cgtatcgcaa	ttctctgtaa	acaaacccaa	gggctataaa	720
	ggcggttgctt	tccccttgcc	aacagacgct	ggcgtagcaa	cagctactgg	aacaaagtct	780
	gcgaccatca	attatcatga	atggcaagta	ggagcctctc	tatcttacag	actaaactct	840
	ttagtgccat	acattggagt	acaatggtct	cgagcaactt	ttgatgctga	taacatccgc	900
	attgctcagc	caaaactacc	tacagctggt	ttaaacttaa	ctgcatggaa	cccttcttta	960
20	ctaggaaatg	ccacagcatt	gtctactact	gattcggtct	cagacttcat	gcaaattggt	1020
	tcctgtcaga	tcaacaagtt	taaatctaga	aaagcttggt	gagttactgt	aggagctact	1080
	ttagttgatg	ctgataaatg	gtcacttact	gcagaagctc	gtttaattaa	cgagagagct	1140
	gctcacgtat	ctggtcagtt	cagattctaa				1170

<210> 20
 <211> 389
 <212> PRT
 <213> *Chlamydia pneumoniae*
 5 <400> 20
 Met Lys Lys Leu Leu Lys Ser Ala Leu Leu Ser Ala Ala Phe Ala Gly
 1 5 10 15
 Ser Val Gly Ser Leu Gln Ala Leu Pro Val Gly Asn Pro Ser Asp Pro
 20 25 30
 10 Ser Leu Leu Ile Asp Gly Thr Ile Trp Glu Gly Ala Ala Gly Asp Pro
 35 40 45
 Cys Asp Pro Cys Ala Thr Trp Cys Asp Ala Ile Ser Leu Arg Ala Gly
 50 55 60
 Phe Tyr Gly Asp Tyr Val Phe Asp Arg Ile Leu Lys Val Asp Ala Pro
 15 65 70 75 80
 Lys Thr Phe Ser Met Gly Ala Lys Pro Thr Gly Ser Ala Ala Ala Asn
 85 90 95
 Tyr Thr Thr Ala Val Asp Arg Pro Asn Pro Ala Tyr Asn Lys His Leu
 100 105 110
 20 His Asp Ala Glu Trp Phe Thr Asn Ala Gly Phe Ile Ala Leu Asn Ile
 115 120 125
 Trp Asp Arg Phe Asp Val Phe Cys Thr Leu Gly Ala Ser Asn Gly Tyr
 130 135 140
 Ile Arg Gly Asn Ser Thr Ala Phe Asn Leu Val Gly Leu Phe Gly Val
 25 145 150 155 160

	Lys Gly Thr Thr Val Asn Ala Asn Glu Leu Pro Asn Val Ser Leu Ser
	165 170 175
	Asn Gly Val Val Glu Leu Tyr Thr Asp Thr Ser Phe Ser Trp Ser Val
5	180 185 190
	Gly Ala Arg Gly Ala Leu Trp Glu Cys Gly Cys Ala Thr Leu Gly Ala
	195 200 205
	Glu Phe Gln Tyr Ala Gln Ser Lys Pro Lys Val Glu Glu Leu Asn Val
	210 215 220
10	Ile Cys Asn Val Ser Gln Phe Ser Val Asn Lys Pro Lys Gly Tyr Lys
	225 230 235 240
	Gly Val Ala Phe Pro Leu Pro Thr Asp Ala Gly Val Ala Thr Ala Thr
	245 250 255
	Gly Thr Lys Ser Ala Thr Ile Asn Tyr His Glu Trp Gln Val Gly Ala
15	260 265 270
	Ser Leu Ser Tyr Arg Leu Asn Ser Leu Val Pro Tyr Ile Gly Val Gln
	275 280 285
	Trp Ser Arg Ala Thr Phe Asp Ala Asp Asn Ile Arg Ile Ala Gln Pro
	290 295 300
20	Lys Leu Pro Thr Ala Val Leu Asn Leu Thr Ala Trp Asn Pro Ser Leu
	305 310 315 320
	Leu Gly Asn Ala Thr Ala Leu Ser Thr Thr Asp Ser Phe Ser Asp Phe
	325 330 335
	Met Gln Ile Val Ser Cys Gln Ile Asn Lys Phe Lys Ser Arg Lys Ala
25	340 345 350

Cys Gly Val Thr Val Gly Ala Thr Leu Val Asp Ala Asp Lys Trp Ser
355 360 365
Leu Thr Ala Glu Ala Arg Leu Ile Asn Glu Arg Ala Ala His Val Ser
370 375 380
5 Gly Gln Phe Arg Phe
385

<210> 21
<211> 1776
10 <212> ADN
<213> *Chlamydia trachomatis*
<400> 21
atgagcatca ggggagtagg aggcaacggg aatagtcgaa tcccttctca taatggggat 60
ggatcgaatc gcagaagtca aaatacgaag ggtaataata aagttgaaga tcgagtttgt 120
15 tctctatatt catctcgtag taacgaaaat agagaatctc cttatgcagt agtagacgtc 180
agctctatga tcgagagcac cccaacgagt ggagagacga caagagcttc gcgtggagtg 240
ttcagtcggt tccaaagagg tttagtagca gtagctgaca aagtaagacg agctgttcag 300
tgtgcgtgga gttcagtcct tacaagaaga tcgtctgcaa caagagccgc agaatccgga 360
tcaagtagtc gtactgctcg tggtgcaagt tctgggtata gggagtattc tccttcagca 420
20 gctagagggc tgcgtcttat gttcacagat ttctggagaa ctcggtttt acgccagacc 480
tctcctatgg ctggagtttt tgggaatctt gatgtgaacg aggctcgttt gatggctgcg 540
tacacaagtg agtgcgcgga tcatttagaa gcgaacaagt tggctggccc tgacggggta 600
gcggccgccc gggaaattgc taaaagatgg gagcaaagag ttagagatct acaagataaa 660
ggtgctgcac gaaaattatt aaatgatcct ttaggccgac gaacacctaa ttatcagagc 720
25 aaaaatccag gtgagtatac tgtagggaat tccatgtttt acgatggtcc tcaggtagcg 780

	aatctccaga acgtcgacac tggtttttgg ctggacatga gcaatctctc agacgttgta	840
	ttatccagag agattcaaac aggacttcga gcacgagcta ctttggaaga atccatgccg	900
	atgtagaga atttagaaga gcgtttttaga cgtttgcaag aaacttgtga tgcggctcgt	960
	actgagatag aagaatcggg atggactcga gagtccgcat caagaatgga aggcgatgag	1020
5	gcgcaaggac cttctagagc acaacaagct tttcagagct ttgtaaatga atgtaacagc	1080
	atcgagttct catttgggag ctttggagag catgtgagag ttctctgcgc tagagtatca	1140
	cgaggattag ctgccgcagg agaggcgatt cgccgttgct tctcttgttg taaaggatcg	1200
	acgcatcgct acgctcctcg cgatgaccta tctcctgaag gtgcatcggt agcagagact	1260
	ttggctagat tcgcagatga tatgggaata gagcgaggtg ctgatggaac ctacgatatt	1320
10	cctttggtag atgattggag aagagggggt cctagtattg aaggagaagg atctgactcg	1380
	atctatgaaa tcatgatgcc tatctatgaa gttatggata tggatctaga aacacgaaga	1440
	tcttttgagg tacagcaagg gcactatcag gaccaagag cttcagatta tgacctcca	1500
	cgtgctagcg actatgattt gcctagaagc ccatatccta ctccaccttt gcctcctaga	1560
	tatcagctac agaatatgga tgtagaagca gggttccgtg aggcagttta tgcttctttt	1620
15	gtagcaggaa tgtacaatta tgtagtgaca cagccgcaag agcgtattcc caatagtcag	1680
	caggtggaag ggattctgag tgatatgctt accaacgggt cacagacatt tagagacctg	1740
	atgaggcggt ggaatagaga agtcgatagg gaataa	1776

	<210>	22
20	<211>	591
	<212>	PRT
	<213>	<i>Chlamydia trachomatis</i>
	<400>	22
	Met Ser Ile Arg Gly Val Gly Gly Asn Gly Asn Ser Arg Ile Pro Ser	
25	1	5 10 15

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

	Arg	Trp	Glu	Gln	Arg	Val	Arg	Asp	Leu	Gln	Asp	Lys	Gly	Ala	Ala	Arg
	210						215					220				
	Lys	Leu	Leu	Asn	Asp	Pro	Leu	Gly	Arg	Arg	Thr	Pro	Asn	Tyr	Gln	Ser
5	225					230					235				240	
	Lys	Asn	Pro	Gly	Glu	Tyr	Thr	Val	Gly	Asn	Ser	Met	Phe	Tyr	Asp	Gly
					245					250					255	
	Pro	Gln	Val	Ala	Asn	Leu	Gln	Asn	Val	Asp	Thr	Gly	Phe	Trp	Leu	Asp
				260					265					270		
10	Met	Ser	Asn	Leu	Ser	Asp	Val	Val	Leu	Ser	Arg	Glu	Ile	Gln	Thr	Gly
				275					280					285		
	Leu	Arg	Ala	Arg	Ala	Thr	Leu	Glu	Glu	Ser	Met	Pro	Met	Leu	Glu	Asn
			290				295					300				
	Leu	Glu	Glu	Arg	Phe	Arg	Arg	Leu	Gln	Glu	Thr	Cys	Asp	Ala	Ala	Arg
15	305					310					315				320	
	Thr	Glu	Ile	Glu	Glu	Ser	Gly	Trp	Thr	Arg	Glu	Ser	Ala	Ser	Arg	Met
						325					330				335	
	Glu	Gly	Asp	Glu	Ala	Gln	Gly	Pro	Ser	Arg	Ala	Gln	Gln	Ala	Phe	Gln
					340					345					350	
20	Ser	Phe	Val	Asn	Glu	Cys	Asn	Ser	Ile	Glu	Phe	Ser	Phe	Gly	Ser	Phe
				355					360					365		
	Gly	Glu	His	Val	Arg	Val	Leu	Cys	Ala	Arg	Val	Ser	Arg	Gly	Leu	Ala
			370					375					380			
	Ala	Ala	Gly	Glu	Ala	Ile	Arg	Arg	Cys	Phe	Ser	Cys	Cys	Lys	Gly	Ser
25	385					390					395				400	

Thr His Arg Tyr Ala Pro Arg Asp Asp Leu Ser Pro Glu Gly Ala Ser
 405 410 415
 Leu Ala Glu Thr Leu Ala Arg Phe Ala Asp Asp Met Gly Ile Glu Arg
 420 425 430
 5 Gly Ala Asp Gly Thr Tyr Asp Ile Pro Leu Val Asp Asp Trp Arg Arg
 435 440 445
 Gly Val Pro Ser Ile Glu Gly Glu Gly Ser Asp Ser Ile Tyr Glu Ile
 450 455 460
 Met Met Pro Ile Tyr Glu Val Met Asp Met Asp Leu Glu Thr Arg Arg
 10 465 470 475 480
 Ser Phe Ala Val Gln Gln Gly His Tyr Gln Asp Pro Arg Ala Ser Asp
 485 490 495
 Tyr Asp Leu Pro Arg Ala Ser Asp Tyr Asp Leu Pro Arg Ser Pro Tyr
 500 505 510
 15 Pro Thr Pro Pro Leu Pro Pro Arg Tyr Gln Leu Gln Asn Met Asp Val
 515 520 525
 Glu Ala Gly Phe Arg Glu Ala Val Tyr Ala Ser Phe Val Ala Gly Met
 530 535 540
 Tyr Asn Tyr Val Val Thr Gln Pro Gln Glu Arg Ile Pro Asn Ser Gln
 20 545 550 555 560
 Gln Val Glu Gly Ile Leu Arg Asp Met Leu Thr Asn Gly Ser Gln Thr
 565 570 575
 Phe Arg Asp Leu Met Arg Arg Trp Asn Arg Glu Val Asp Arg Glu
 580 585 590

25

	<210>	23	
	<211>	1845	
	<212>	ADN	
	<213>	<i>Chlamydia muridarum</i>	
5	<400>	23	
	atgtttttatt	tttttaggttg	gtttgttatg
	ggcatcaagg	gagtaggcgg	tagcgggcat
			60
	agcgattatc	caatcccttc	tcataatgga
	gatggggaga	gtgaaaaaaaa	cagctcagat
			120
	tcaacaagta	gtaagggttaa	tgcaaaagtt
	actttcttct	tacagggggc	tccgtcaacg
			180
	aatgatgaaa	attcagtttc	cccttattct
	gtggtggatg	tactgatatt	aatagagagc
			240
10	ggagagtctt	ctaggcatgt	aataaagaaa
	tctatagaaa	cagaagaagc	tgctcatcga
			300
	gaatctagt	tagagggggc	tgggcattct
	tctcgcggaa	tatttgacg	gttgcaagca
			360
	ggattaggac	gtctggctag	aagagtgggg
	gaagctgtca	gaaatactgt	aggctctatc
			420
	tttccacaaa	gagctgggtg	tgagcaaaga
	acaggcaaag	ctcggacaaa	atattcccct
			480
	tcagcatcaa	gaggattacg	cctcatgttc
	acagacttct	ggcgatatcg	agttttgcat
			540
15	cggaatcctc	ctatggatgg	actttttgca
	aagcttgatg	ccgatgaggc	tgaagatatg
			600
	gcagcttaca	cgaaagagta	tgtttagcaat
	ctagaaaaac	gaggagcagc	tgatcgagaa
			660
	actatagaac	actgtcaa	aatggggaaa
	aaagagctag	agatttgcca	
			720
	gacatggggg	ccgcaaaaaa	atttttacgc
	gacccttttg	gtaagagtga	tcctaagtat
			780
	aaggggacac	tgcttgaga	atacactgtc
	ggaaatacca	tgttttacga	tggaccaggt
			840
20	gtgagcaaac	tatcagaggt	tgatacaggt
	ttttggttgg	acatggagaa	gctctcggat
			900
	gctgtcttgt	ctgcaa	aatat
	tcaaaaagg	cttcgagctc	gatttgtttt
	aaatcagtct		
			960
	attccacagt	tagagagtct	agaagagcgt
	tttagaaaac	tggagagtgc	ttgcgatgag
			1020
	gctcgtgctt	cgttaaagga	agcaggttgg
	ataaaagaag	gcaaggaacc	taacaaagcg
			1080
	caacgagctt	ttcggcgatt	tgtagaagaa
	agccggaatc	tagagctttc	ttttggtagt
			1140
25	tttggagaaa	gtgctcgtcg	tctttccgct
	cgtgtttccc	aaggtttagc	tgctgcaggg
			1200

gaggcaattc gccgctgctt tgattgtcgc aaaggcaaatt attcccttaa aaaggacttg 1260
tcttctgaag aattaaattt ggcagaagag ttaattaggt ttactgatga gatggggata 1320
gagagagacc cagatggaaa ttacaatatt ccttgggtag aaaactggag aacaggagtt 1380
cctgttattg aaggagaagg ggcagaacat atttatgaaa cgatgatgcc tgtccaggaa 1440
5 tcttttgagc aggtttatga agttatggat atgggattgg aagagcgtag ggattttgct 1500
gtgagtcaac aacactatca agttcctcct agatcttcgt tgaattacga gactccgcga 1560
ttcagagaat atgacgttcc acgtaattcc gctcgttctt attacgatgt tccaagagta 1620
cctcccaaaa atgaggtaga agagatgcat gtgactaaag gaatgaggag ttctgtgtat 1680
gcttgttttg tagcaggaat gcgcaactac attgtttcac agccacaaga acagattcca 1740
10 aattctgaac aggtggagca gcttttccaa gagcttatta acgatgggga tcagataatt 1800
caagagctta tgaagatatg gaatgaggaa ctagataatc aataa 1845

<210> 24
<211> 614
15 <212> PRT
<213> *Chlamydia muridarum*
<400> 24
Met Phe Tyr Phe Leu Gly Trp Phe Val Met Gly Ile Lys Gly Val Gly
1 5 10 15
20 Gly Ser Gly His Ser Asp Tyr Pro Ile Pro Ser His Asn Gly Asp Gly
20 25 30
Glu Ser Glu Lys Asn Ser Ser Asp Ser Thr Ser Ser Lys Val Asn Ala
35 40 45
Lys Val Thr Ser Ser Leu Gln Gly Ala Pro Ser Thr Asn Asp Glu Asn
25 50 55 60

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

25

Asn Ile Pro Trp Val Glu Asn Trp Arg Thr Gly Val Pro Val Ile Glu
450 455 460
Gly Glu Gly Ala Glu His Ile Tyr Glu Thr Met Met Pro Val Gln Glu
465 470 475 480
5 Ser Phe Glu Gln Val Tyr Glu Val Met Asp Met Gly Leu Glu Glu Arg
485 490 495
Arg Asp Phe Ala Val Ser Gln Gln His Tyr Gln Val Pro Pro Arg Ser
500 505 510
Ser Leu Asn Tyr Glu Thr Pro Arg Phe Arg Glu Tyr Asp Val Pro Arg
10 515 520 525
Asn Ser Ala Arg Ser Tyr Tyr Asp Val Pro Arg Val Pro Pro Gln Asn
530 535 540
Glu Val Glu Glu Met His Val Thr Lys Gly Met Arg Ser Ser Val Tyr
545 550 555 560
15 Ala Cys Phe Val Ala Gly Met Arg Asn Tyr Ile Val Ser Gln Pro Gln
565 570 575
Glu Gln Ile Pro Asn Ser Glu Gln Val Glu Gln Leu Phe Gln Glu Leu
580 585 590
Ile Asn Asp Gly Asp Gln Ile Ile Gln Glu Leu Met Lys Ile Trp Asn
20 595 600 605
Glu Glu Leu Asp Asn Gln
610

<210> 25
25 <211> 2346

<212> ADN

<213> *Chlamydia psittaci*

<400> 25

	atggctgggg taagcggaat tggaggtggc ggtgggcccag ggaaactccc tcctcatgga	60
5	aatgatgatg ataaacaatc taaatcagcc agtttcggag gccatgatat agtttttggg	120
	gatggggagc gctctagatc cggtagtgtg agtagtgaac actcaataga ggagagaacc	180
	cggacgttaa tggaggaggg ttttcaagta cgcactcctg aagaggtaga ggaaactcga	240
	agagcgtcta tttccccaga ggaagcatct aaccaggat tcttttctcg tatatgggtca	300
	tctgttaagg gaatattcac aggtgggaaa aagagtgata gagctcaagg accagaaatt	360
10	tcctctccta tcattgcggg atataaacgt catggcgtgc gtcttctga tgcgcgcgct	420
	atgcaggcac atttgcaaag tcaaagtctc caagagattt ctgcatcaga cgtttcagaa	480
	ataggagatt tagattctgg ggatacagat atcacggata tttctgatga aagttcgcta	540
	cagtcgatag atttggatac agacgataga gccgaagctt ctacatcttc agggagaggt	600
	gttggtggat tggcggctcg tgttcgtggt ttgtgggatt ttgctactag gcagcaagaa	660
15	actcctgttg atggatttac ggggatgact ttttctgagt tggtcgatac ggtccaattg	720
	tatgatcaga tgattttaga tgcggacaat gagactgagc ggcaggaact cttaaagtat	780
	cgcgatatgt atcaaagcta tgttaatacg atgttaggtg agggcaatac ctcacctaca	840
	gatcagttcg atgtgagtgc ttctgctggt atcccagggg cttcttctag aagatatagc	900
	gatggcgttg gagaagcgag attttttagac atagatgacg atttatccag tgtgtcggaa	960
20	agtgagcttt tagatgctat agaaagtgga gagtatgccg atcatgtctt agaagagatc	1020
	agccctgaag taagaagagt tttagatgaa gctaataact tgcgtttaca gtttgatatg	1080
	gaagtttctg caagtgtaac accttcatta agagagcgta ttcaatttgc tcttgtgagg	1140
	ttggaaagag ggattatccg tatacttact ttgattagac gtaacctagt cgctctagca	1200
	cgtttagtaa gaagaggtct tcgatccctt ggggagcttg taagacgttg ttgcgtgcgt	1260
25	gagagaggtg tttacagatt tcttggtaga gatcgggctt atgctagggg ggccgaaaga	1320

	tttattcaaa ggcataccaa ctacagagaat ttttacagtc caggaactct tacgggtccc	1380
	tatgaggttg taaacgcttg ggtaaattga agacctgatg ttgtctatgt ttctgatgtt	1440
	agaggtatgt ttggtcatga agttgtgaga cttcacgttg atgatcgtga gggtagatat	1500
	gagataattg gctctagctg gattccttat gaaagtgatg gtggggatac acccccacct	1560
5	ttaccgggaa atcatcctag tttagattac gcagatatta acgatgactc tgaagatctt	1620
	cccacaacag gggataggga tgctgagccg ctatatgctc agatgagacc ccgccctcgt	1680
	ggaagagatg agggaccgat ttacgatgtc ccaagtcctc aaagtagaag gcccagagca	1740
	ggtgatgata gggatacacc tccgccttta ccgggaaatc atcccggttt agattctaca	1800
	gatcttccca caacaggggg tagagatcct gagctactat atgctcagat gagacgtcgc	1860
10	cctcgtggaa gagatgaggg aacgatttac gatgttccaa gttctcaaaa tagaaggccc	1920
	ggaacaggtg atgctaggga ttctatttac gacacgccaa gacctgtctc tgatggtatt	1980
	tacgacgtcc ccagatctcc ttccgaagat atttataatg tgccaagatc tggccctcaa	2040
	ctatttactg tgcttcctga ggatgggtat aggcttccaa atctatcagg atctgctctt	2100
	ggagtgactc caggatttgg aaatggtgtt ggggcagctt ctatggcaga agaaattgat	2160
15	aggtttattg aagaaacca tgaaagaaga gagtcggcag cggcagcgcg tcgtccttta	2220
	ccccctcttc ctccgttgca aactcctccg gaaagtcctt atggaagtaa tcggatgatg	2280
	cggttgttga gactcatgaa cgatagggtg caggagtaca aagagcgctg taaggataag	2340
	caataa	2346
20	<210> 26	
	<211> 781	
	<212> PRT	
	<213> Chlamydia psitacci	
25	<400> 26	

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

Ala Ser Thr Ser Ser Gly Arg Gly Val Gly Gly Leu Ala Ala Arg Val
 195 200 205
 Arg Gly Leu Trp Asp Phe Ala Thr Arg Gln Gln Glu Thr Pro Val Asp
 5 210 215 220
 Gly Phe Thr Gly Met Thr Phe Ser Glu Leu Val Asp Thr Val Gln Leu
 225 230 235 240
 Tyr Asp Gln Met Ile Leu Asp Ala Asp Asn Glu Thr Glu Arg Gln Glu
 245 250 255
 10 Leu Leu Lys Tyr Arg Asp Met Tyr Gln Ser Tyr Val Asn Thr Met Leu
 260 265 270
 Gly Glu Gly Asn Thr Ser Pro Thr Asp Gln Phe Asp Val Ser Ala Ser
 275 280 285
 Ala Gly Ile Pro Gly Ala Ser Ser Arg Arg Tyr Ser Asp Gly Val Gly
 15 290 295 300
 Glu Ala Arg Phe Leu Asp Ile Asp Asp Asp Leu Ser Ser Val Ser Glu
 305 310 315 320
 Ser Glu Leu Leu Asp Ala Ile Glu Ser Gly Glu Tyr Ala Asp His Val
 325 330 335
 20 Leu Glu Glu Ile Ser Pro Glu Val Arg Arg Val Leu Asp Glu Ala Asn
 340 345 350
 Asn Leu Arg Leu Gln Phe Asp Met Glu Val Ser Ala Ser Val Thr Pro
 355 360 365
 Ser Leu Arg Glu Arg Ile Gln Phe Ala Leu Val Arg Leu Glu Arg Gly
 25 370 375 380

	Ile	Ile	Arg	Ile	Leu	Thr	Leu	Ile	Arg	Arg	Asn	Leu	Val	Ala	Leu	Ala
	385						390					395				400
	Arg	Leu	Val	Arg	Arg	Gly	Leu	Arg	Ser	Leu	Gly	Glu	Leu	Val	Arg	Arg
5						405					410					415
	Cys	Cys	Val	Arg	Glu	Arg	Gly	Val	Tyr	Arg	Phe	Leu	Gly	Arg	Asp	Arg
					420					425					430	
	Ala	Tyr	Ala	Arg	Glu	Ala	Glu	Arg	Phe	Ile	Gln	Arg	His	Thr	Asn	Ser
					435					440					445	
10	Glu	Asn	Phe	Tyr	Ser	Pro	Gly	Thr	Leu	Thr	Val	Pro	Tyr	Glu	Val	Val
					450					455					460	
	Asn	Ala	Trp	Val	Asn	Gly	Arg	Pro	Asp	Val	Val	Tyr	Val	Ser	Asp	Val
	465					470						475				480
	Arg	Gly	Met	Phe	Gly	His	Glu	Val	Val	Arg	Leu	His	Val	Asp	Asp	Arg
15						485						490				495
	Glu	Gly	Thr	Tyr	Glu	Ile	Ile	Gly	Ser	Ser	Trp	Ile	Pro	Tyr	Glu	Ser
						500						505				510
	Asp	Gly	Gly	Asp	Thr	Pro	Pro	Pro	Leu	Pro	Gly	Asn	His	Pro	Ser	Leu
					515					520					525	
20	Asp	Tyr	Ala	Asp	Ile	Asn	Asp	Asp	Ser	Glu	Asp	Leu	Pro	Thr	Thr	Gly
					530					535					540	
	Asp	Arg	Asp	Ala	Glu	Pro	Leu	Tyr	Ala	Gln	Met	Arg	Pro	Arg	Pro	Arg
	545					550						555				560
	Gly	Arg	Asp	Glu	Gly	Pro	Ile	Tyr	Asp	Val	Pro	Ser	Pro	Gln	Ser	Arg
25						565						570				575

	Arg	Pro	Arg	Ala	Gly	Asp	Asp	Arg	Asp	Thr	Pro	Pro	Pro	Leu	Pro	Gly
					580				585					590		
	Asn	His	Pro	Gly	Leu	Asp	Ser	Thr	Asp	Leu	Pro	Thr	Thr	Gly	Gly	Arg
5			595					600					605			
	Asp	Pro	Glu	Leu	Leu	Tyr	Ala	Gln	Met	Arg	Arg	Arg	Pro	Arg	Gly	Arg
			610					615					620			
	Asp	Glu	Gly	Thr	Ile	Tyr	Asp	Val	Pro	Ser	Ser	Gln	Asn	Arg	Arg	Pro
			625				630					635			640	
10	Gly	Thr	Gly	Asp	Ala	Arg	Asp	Ser	Ile	Tyr	Asp	Thr	Pro	Arg	Pro	Val
					645					650					655	
	Ser	Asp	Gly	Ile	Tyr	Asp	Val	Pro	Arg	Ser	Pro	Ser	Glu	Asp	Ile	Tyr
					660					665					670	
	Asn	Val	Pro	Arg	Ser	Gly	Pro	Gln	Leu	Phe	Thr	Val	Leu	Pro	Glu	Asp
15			675					680					685			
	Gly	Tyr	Arg	Leu	Pro	Asn	Leu	Ser	Gly	Ser	Ala	Leu	Gly	Val	Thr	Pro
			690					695					700			
	Gly	Phe	Gly	Asn	Gly	Val	Gly	Ala	Ala	Ser	Met	Ala	Glu	Glu	Ile	Asp
			705					710					715			720
20	Arg	Phe	Ile	Glu	Glu	Thr	His	Glu	Arg	Arg	Glu	Ser	Ala	Ala	Ala	Ala
					725					730					735	
	Arg	Arg	Pro	Leu	Pro	Pro	Leu	Pro	Pro	Leu	Gln	Thr	Pro	Pro	Glu	Ser
					740					745					750	
	Pro	Tyr	Gly	Ser	Asn	Arg	Met	Met	Arg	Leu	Leu	Arg	Leu	Met	Asn	Asp
25			755					760					765			

Arg Val Gln Glu Tyr Lys Glu Arg Arg Lys Asp Lys Gln

770 775 780

<210> 27

5 <211> 3042

<212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 27

	atgcaaacgt	ctttccataa	gttctttctt	tcaatgattc	tagcttattc	ttgctgctct	60
10	ttaagtgggg	gggggtatgc	agcagaaatc	atgattcctc	aaggaattta	cgatggggag	120
	acgttaactg	tatcatttcc	ctatactgtt	ataggagatc	cgagtgggac	tactgttttt	180
	tctgcaggag	agttaacgtt	aaaaaatctt	gacaattcta	ttgcagcttt	gcctttaagt	240
	tgttttggga	acttattagg	gagttttact	gttttaggga	gaggacactc	gttgactttc	300
	gagaacatac	ggacttctac	aaatggagct	gcactaagtg	acagcgctaa	tagcgggtta	360
15	tttactattg	agggttttaa	agaattatct	ttttccaatt	gcaactcatt	acttgccgta	420
	ctgcctgctg	caacgactaa	taatggtagc	cagactccga	cgacaacatc	tacaccgtct	480
	aatggtacta	tttattctaa	aacagatctt	ttgttactca	ataatgagaa	gttctcattc	540
	tatagtaatt	tagtctctgg	agatggggga	gctatagatg	ctaagagctt	aacgggtcaa	600
	ggaattagca	agctttgtgt	cttccaagaa	aatactgctc	aagctgatgg	gggagcttgt	660
20	caagtagtca	ccagtttctc	tgctatggct	aacgaggctc	ctattgcctt	tatagcgaat	720
	gttgcaggag	taagaggggg	agggattgct	gctgttcagg	atgggcagca	gggagtgcca	780
	tcatctactt	caacagaaga	tccagtagta	agtttttcca	gaaatactgc	ggtagagttt	840
	gatgggaacg	tagcccgagt	aggaggaggg	atttactcct	acgggaacgt	tgctttcctg	900
	aataatggaa	aaaccttggt	tctcaacaat	gttgctttctc	ctgtttacat	tgctgctgag	960
25	caaccaacaa	atggacaggc	ttctaatacg	agtgataatt	acggagatgg	aggagctatc	1020

	ttctgtaaga atggtgcgca agcagcagga tccaataact ctggatcagt ttcctttgat	1080
	ggagagggag tagttttctt tagtagcaat gtagctgctg ggaaaggggg agctatttat	1140
	gccaaaaagc tctcggttgc taactgtggc cctgtacaat tcttagggaa tatcgcta	1200
	gatggtggag cgatttat ttt aggagaatct ggagagctca gtttatctgc tgattatgga	1260
5	gatattat ttcgatgggaa tcttaaaaga acagccaaag agaatgctgc cgatgtta	1320
	ggcgtaactg tgtcctcaca agccatttcg atgggatcgg gagggaaaat aacgacatta	1380
	agagctaaag cagggcatca gattctcttt aatgatccca tcgagatggc aaacggaaa	1440
	aaccagccag cgcagtcttc cgaacctcta aaaattaacg atggtgaagg atacacaggg	1500
	gatattgttt ttgctaattg aaacagtact ttgtaccaa atgttacgat agagcaagga	1560
10	aggattgttc ttcgtgaaaa ggcaaaatta tcagtgaatt ctctaagtca gacaggtggg	1620
	agtctgtata tggaagctgg gagtacattg gattttgtaa ctccacaacc accacaacag	1680
	cctcctgccg ctaatcagtt gatcacgctt tccaatctgc atttgtctct tcttctttg	1740
	ttagcaaaca atgcagttac gaatcctcct accaatcctc cagcgcaaga ttctcatcct	1800
	gcaatcattg gtagcacaac tgctggttct gttacaatta gtgggcctat cttttttgag	1860
15	gatttgatg atacagctta tgataggtat gattggctag gttctaataca aaaaatcgat	1920
	gtcctgaaat tacagttagg gactcagccc tcagctaattg ccccatcaga tttgactcta	1980
	gggaatgaga tgcctaagta tggctatcaa ggaagctgga agcttgctg ggatccta	2040
	acagcaaata atggtcctta tactctgaaa gctacatgga ctaaaactgg gtataatcct	2100
	gggcctgagc gagtagcttc tttggttcca aatagtttat ggggatccat ttagatata	2160
20	cgatctgcgc attcagcaat tcaagcaagt gtggatgggc gctcttattg tcgaggatta	2220
	tgggtttctg gagtttcgaa tttcttctat catgaccgcg atgctttagg tcagggat	2280
	cggtatatta gtgggggtta ttccttagga gcaaactcct actttggatc atcgatgttt	2340
	ggtctagcat ttaccgaagt atttggtaga tctaaagatt atgtagtgtg tcgttcca	2400
	catcatgctt gcataggatc cgtttatcta tctaccaaac aagctttatg tggatcct	2460
25	ttgttcggag atgcgtttat ccgtgctagc tacgggtttg ggaaccagca tatgaaaacc	2520

tcatacacat ttgcagagga gagcgatggt cgttgggata ataactgtct gggtggagag 2580
attggagtgg gattaccgat tgtgattact ccatctaagc tctatttgaa tgagttgcgt 2640
cctttcgtgc aagctgagtt ttcttatgcc gatcatgaat cttttacaga ggaaggcgat 2700
caagctcggg cattcaggag tggacatctc atgaatctat cagttcctgt tggagtaaaa 2760
5 tttgatcgat gttctagtag acaccctaataaatatagct ttatgggggc ttatatctgt 2820
gatgcttata gcaccatctc tgggactcag acaacactcc tatcccatca agagacatgg 2880
acaacagatg cctttcattt ggcaagacat ggagtcatag ttagaggggc tatgtatgct 2940
tctctaacia gcaatataga agtatatggc catggaagat atgagtatcg agatacttct 3000
cgaggttatg gtttgagtgc aggaagtaaa gtccggttct aa 3042

10

<210> 28
<211> 1013
<212> PRT
<213> Chlamydia trachomatis

15

<400> 28
Met Gln Thr Ser Phe His Lys Phe Phe Leu Ser Met Ile Leu Ala Tyr
1 5 10 15
Ser Cys Cys Ser Leu Ser Gly Gly Gly Tyr Ala Ala Glu Ile Met Ile
20 25 30

20

Pro Gln Gly Ile Tyr Asp Gly Glu Thr Leu Thr Val Ser Phe Pro Tyr
35 40 45
Thr Val Ile Gly Asp Pro Ser Gly Thr Thr Val Phe Ser Ala Gly Glu
50 55 60
Leu Thr Leu Lys Asn Leu Asp Asn Ser Ile Ala Ala Leu Pro Leu Ser

25

65 70 75 80

	Cys	Phe	Gly	Asn	Leu	Leu	Gly	Ser	Phe	Thr	Val	Leu	Gly	Arg	Gly	His
					85					90					95	
	Ser	Leu	Thr	Phe	Glu	Asn	Ile	Arg	Thr	Ser	Thr	Asn	Gly	Ala	Ala	Leu
5				100				105					110			
	Ser	Asp	Ser	Ala	Asn	Ser	Gly	Leu	Phe	Thr	Ile	Glu	Gly	Phe	Lys	Glu
				115				120					125			
	Leu	Ser	Phe	Ser	Asn	Cys	Asn	Ser	Leu	Leu	Ala	Val	Leu	Pro	Ala	Ala
				130				135					140			
10	Thr	Thr	Asn	Asn	Gly	Ser	Gln	Thr	Pro	Thr	Thr	Thr	Ser	Thr	Pro	Ser
	145				150					155					160	
	Asn	Gly	Thr	Ile	Tyr	Ser	Lys	Thr	Asp	Leu	Leu	Leu	Leu	Asn	Asn	Glu
				165					170					175		
	Lys	Phe	Ser	Phe	Tyr	Ser	Asn	Leu	Val	Ser	Gly	Asp	Gly	Gly	Ala	Ile
15				180				185						190		
	Asp	Ala	Lys	Ser	Leu	Thr	Val	Gln	Gly	Ile	Ser	Lys	Leu	Cys	Val	Phe
				195				200						205		
	Gln	Glu	Asn	Thr	Ala	Gln	Ala	Asp	Gly	Gly	Ala	Cys	Gln	Val	Val	Thr
				210				215						220		
20	Ser	Phe	Ser	Ala	Met	Ala	Asn	Glu	Ala	Pro	Ile	Ala	Phe	Ile	Ala	Asn
	225				230					235					240	
	Val	Ala	Gly	Val	Arg	Gly	Gly	Gly	Ile	Ala	Ala	Val	Gln	Asp	Gly	Gln
				245					250					255		
	Gln	Gly	Val	Ser	Ser	Ser	Thr	Ser	Thr	Glu	Asp	Pro	Val	Val	Ser	Phe
25				260					265					270		

```

Ser Arg Asn Thr Ala Val Glu Phe Asp Gly Asn Val Ala Arg Val Gly
      275                      280                      285

Gly Gly Ile Tyr Ser Tyr Gly Asn Val Ala Phe Leu Asn Asn Gly Lys
5      290                      295                      300

Thr Leu Phe Leu Asn Asn Val Ala Ser Pro Val Tyr Ile Ala Ala Glu
      305                      310                      315                      320

Gln Pro Thr Asn Gly Gln Ala Ser Asn Thr Ser Asp Asn Tyr Gly Asp
      325                      330                      335

10 Gly Gly Ala Ile Phe Cys Lys Asn Gly Ala Gln Ala Ala Gly Ser Asn
      340                      345                      350

Asn Ser Gly Ser Val Ser Phe Asp Gly Glu Gly Val Val Phe Phe Ser
      355                      360                      365

Ser Asn Val Ala Ala Gly Lys Gly Gly Ala Ile Tyr Ala Lys Lys Leu
15      370                      375                      380

Ser Val Ala Asn Cys Gly Pro Val Gln Phe Leu Gly Asn Ile Ala Asn
      385                      390                      395                      400

Asp Gly Gly Ala Ile Tyr Leu Gly Glu Ser Gly Glu Leu Ser Leu Ser
      405                      410                      415

20 Ala Asp Tyr Gly Asp Ile Ile Phe Asp Gly Asn Leu Lys Arg Thr Ala
      420                      425                      430

Lys Glu Asn Ala Ala Asp Val Asn Gly Val Thr Val Ser Ser Gln Ala
      435                      440                      445

Phe Ser Met Gly Ser Gly Gly Lys Ile Thr Thr Leu Arg Ala Lys Ala
25      450                      455                      460

```


	Gly	His	Gln	Ile	Leu	Phe	Asn	Asp	Pro	Ile	Glu	Met	Ala	Asn	Gly	Asn
	465					470						475				480
	Asn	Gln	Pro	Ala	Gln	Ser	Ser	Glu	Pro	Leu	Lys	Ile	Asn	Asp	Gly	Glu
5						485						490				495
	Gly	Tyr	Thr	Gly	Asp	Ile	Val	Phe	Ala	Asn	Gly	Asn	Ser	Thr	Leu	Tyr
						500						505				510
	Gln	Asn	Val	Thr	Ile	Glu	Gln	Gly	Arg	Ile	Val	Leu	Arg	Glu	Lys	Ala
						515						520				525
10	Lys	Leu	Ser	Val	Asn	Ser	Leu	Ser	Gln	Thr	Gly	Gly	Ser	Leu	Tyr	Met
						530						535				540
	Glu	Ala	Gly	Ser	Thr	Leu	Asp	Phe	Val	Thr	Pro	Gln	Pro	Pro	Gln	Gln
	545						550					555				560
	Pro	Pro	Ala	Ala	Asn	Gln	Leu	Ile	Thr	Leu	Ser	Asn	Leu	His	Leu	Ser
15						565						570				575
	Leu	Ser	Ser	Leu	Leu	Ala	Asn	Asn	Ala	Val	Thr	Asn	Pro	Pro	Thr	Asn
						580						585				590
	Pro	Pro	Ala	Gln	Asp	Ser	His	Pro	Ala	Ile	Ile	Gly	Ser	Thr	Thr	Ala
						595						600				605
20	Gly	Ser	Val	Thr	Ile	Ser	Gly	Pro	Ile	Phe	Phe	Glu	Asp	Leu	Asp	Asp
						610						615				620
	Thr	Ala	Tyr	Asp	Arg	Tyr	Asp	Trp	Leu	Gly	Ser	Asn	Gln	Lys	Ile	Asp
	625						630					635				640
	Val	Leu	Lys	Leu	Gln	Leu	Gly	Thr	Gln	Pro	Ser	Ala	Asn	Ala	Pro	Ser
25						645						650				655

	Asp	Leu	Thr	Leu	Gly	Asn	Glu	Met	Pro	Lys	Tyr	Gly	Tyr	Gln	Gly	Ser
				660					665						670	
	Trp	Lys	Leu	Ala	Trp	Asp	Pro	Asn	Thr	Ala	Asn	Asn	Gly	Pro	Tyr	Thr
5			675					680					685			
	Leu	Lys	Ala	Thr	Trp	Thr	Lys	Thr	Gly	Tyr	Asn	Pro	Gly	Pro	Glu	Arg
			690					695					700			
	Val	Ala	Ser	Leu	Val	Pro	Asn	Ser	Leu	Trp	Gly	Ser	Ile	Leu	Asp	Ile
	705					710					715				720	
10	Arg	Ser	Ala	His	Ser	Ala	Ile	Gln	Ala	Ser	Val	Asp	Gly	Arg	Ser	Tyr
					725					730					735	
	Cys	Arg	Gly	Leu	Trp	Val	Ser	Gly	Val	Ser	Asn	Phe	Phe	Tyr	His	Asp
				740						745				750		
	Arg	Asp	Ala	Leu	Gly	Gln	Gly	Tyr	Arg	Tyr	Ile	Ser	Gly	Gly	Tyr	Ser
15			755						760					765		
	Leu	Gly	Ala	Asn	Ser	Tyr	Phe	Gly	Ser	Ser	Met	Phe	Gly	Leu	Ala	Phe
			770					775						780		
	Thr	Glu	Val	Phe	Gly	Arg	Ser	Lys	Asp	Tyr	Val	Val	Cys	Arg	Ser	Asn
	785					790					795				800	
20	His	His	Ala	Cys	Ile	Gly	Ser	Val	Tyr	Leu	Ser	Thr	Lys	Gln	Ala	Leu
					805					810				815		
	Cys	Gly	Ser	Tyr	Leu	Phe	Gly	Asp	Ala	Phe	Ile	Arg	Ala	Ser	Tyr	Gly
					820					825				830		
	Phe	Gly	Asn	Gln	His	Met	Lys	Thr	Ser	Tyr	Thr	Phe	Ala	Glu	Glu	Ser
25				835					840					845		

Asp Val Arg Trp Asp Asn Asn Cys Leu Val Gly Glu Ile Gly Val Gly
 850 855 860
 Leu Pro Ile Val Ile Thr Pro Ser Lys Leu Tyr Leu Asn Glu Leu Arg
 865 870 875 880
 5 Pro Phe Val Gln Ala Glu Phe Ser Tyr Ala Asp His Glu Ser Phe Thr
 885 890 895
 Glu Glu Gly Asp Gln Ala Arg Ala Phe Arg Ser Gly His Leu Met Asn
 900 905 910
 Leu Ser Val Pro Val Gly Val Lys Phe Asp Arg Cys Ser Ser Thr His
 10 915 920 925
 Pro Asn Lys Tyr Ser Phe Met Gly Ala Tyr Ile Cys Asp Ala Tyr Arg
 930 935 940
 Thr Ile Ser Gly Thr Gln Thr Thr Leu Leu Ser His Gln Glu Thr Trp
 945 950 955 960
 15 Thr Thr Asp Ala Phe His Leu Ala Arg His Gly Val Ile Val Arg Gly
 965 970 975
 Ser Met Tyr Ala Ser Leu Thr Ser Asn Ile Glu Val Tyr Gly His Gly
 980 985 990
 Arg Tyr Glu Tyr Arg Asp Thr Ser Arg Gly Tyr Gly Leu Ser Ala Gly
 20 995 1000 1005
 Ser Lys Val Arg Phe
 1010
 <210> 29
 25 <211> 2964

<212> ADN

<213> *Chlamydia muridarum*

<400> 29

	gtgatgcaaa cgccttttca taagttcttt cttctagcaa tgctatctta ctctttattg	60
5	caaggagggc atgcggcaga tatttccatg cctccgggaa tttatgatgg gacaacattg	120
	acggcgccat ttccctacac tgtgatcgga gatcccagag ggacaaaggt tacttcatcg	180
	ggatcgctag agttgaaaaa cctggacaat tccattgcga ctttacctct aagttgtttt	240
	ggtaatttgt tggggaattt cactattgca ggaagagggc attcgttagt atttgagaat	300
	atacgaacat ctacaaatgg ggcggcattg agtaatcatg ctcttcttgg actgtttgta	360
10	attgaagctt ttgatgaact ctctcttttg aattgtaatt cattgggtatc tgtagttcct	420
	caaacagggg gtacgactac ttctgttcct tctaattggga cgatctattc tagaacagat	480
	cttgttctaa gagatatcaa gaaggtttct ttctatagta acttagtttc tggagatggg	540
	ggagctatag atgcacaaag tttaatgggt aacggaattg aaaaactttg taccttccaa	600
	gaaaatgtag cgcagtccga tgggggagcg tgtcaggtaa caaagacctt ctctgctgtg	660
15	ggcaataagg ttcctttgtc ttttttaggc aatgttgctg gtaataaggg gggaggagtt	720
	gctgctgtca aagatgggtca gggggcagga ggggcgactg atctatcggt taattttgcc	780
	aataatactg ctgtagaatt tgagggaat agtgctcgaa taggtggagg gatctactcg	840
	gacggaaata tttccttttt agggaatgca aagacagttt tctaagtaa cgtagcttcg	900
	cctattttatg ttgacctgc tgctgcagga ggacagcccc ctgcagataa agataactat	960
20	ggagatggag gagccatctt ctgcaaaaat gatactaaca taggtgaagt ctctttcaaa	1020
	gacgaggggtg ttgttttctt tagtaaaaat attgccgcag gaaagggggg cgctatttat	1080
	gctaagaaac tgacaatttc tgactgtggt ccggtccagt ttcttggtaa tgtcgcgaat	1140
	gacggggggc ctattttatct agtagatcag ggggaactta gtctatctgc tgatcgcgga	1200
	gatattattt ttgatggaaa tttaaagaga atggctacgc aaggcgctgc caccgtccat	1260
25	gatgtaatgg ttgcatcgaa tgctatctct atggctacag gggggcaaat cacaacatta	1320

	agggctaagg aaggtcgccg aattcttttt aatgacccta ttgaaatggc gaatggacaa	1380
	cctgtaatac aaactcttac agtaaacgag ggcgaaggat atacggggga cattgttttt	1440
	gctaaaggtg ataatgtttt gtactcaagt attgagctga gtcaggggaag aattattctc	1500
	cgagagcaaa caaaattatt ggttaactcc ctgactcaga ctggagggag tgtacatatg	1560
5	gaagggggga gtacactaga ctttgcagta acaacgccac cagctgctaa ttcgatggct	1620
	cttactaatg tacacttctc cttagcttct ttactaaaaa ataatggggg taaaaatcct	1680
	ccaacgaatc ctccagtaca ggtttctagt ccagctgtaa ttggtaatac agctgctggg	1740
	actgttacga tttctgggtc gatctttttt gaagatttag atgaaactgc ttacgataat	1800
	aatcagtggt taggtgcgga tcaaactatt gatgtgctgc agttgcattt aggagcgaat	1860
10	cctccggcta acgctccaac tgatttgact ttagggaacg aaagttctaa atatgggtat	1920
	caaggaagtt ggacacttca atgggaacca gatcctgcga atcctccaca gaacaatagc	1980
	tacatgttga aggcaagctg gactaaaaca gggtataatc ctgggtccgga gcgcgtagct	2040
	tctctgggtc ctaatagtct ttggggatcc attttagatg tgcgttccgc gcattctgcg	2100
	attcaagcaa gtatagatgg acgagcttat tgcgggggta tttggatttc tgggatttcg	2160
15	aactttttct atcatgatca ggatgcttta ggacaggggt atcgatcatat tagtggggga	2220
	tattcgatag gagcaaactc ttatttcggg tcttctatgt ttggacttgc ttttactgaa	2280
	acttttggtg ggtccaaaga ttatgtgggc tgcgatcta acgatcacac ttgtgtaggc	2340
	tctgtttact tatccactag acaagcgtta tgcggatcct gtttatttgg agatgctttt	2400
	gttcggggca gttacggatt tggaaatcag catatgaaga cctcttatac atttgctgaa	2460
20	gagagtaatg tgcgttggga taataactgt gtagtgggag aagttggagc tgggctccct	2520
	atcatgctcg ctgcatctaa gctttatcta aatgagttgc gtcccttcgt gcaagcagag	2580
	tttgcttatg cagagcatga atcttttaca gagagagggg atcaggctag ggagtttaag	2640
	agtgggcac ttatgaatct atctattcca gttgggggtga agtttgatcg atgctctagt	2700
	aaacatccta acaagtatag ttttatggga gcttatatct gtgatgctta ccggtccatt	2760
25	tctggaacgg agacaacact cctgtctcat aaagagactt ggacaacaga tgctttccat	2820

ttagcaaggc atggagttat ggtcagagga tctatgtatg cttctttaac aggtaatata 2880
gaagtctatg gccatggaaa atatgaatac agggatgcct ctcgagggta tggtttaagt 2940
attggaagta aaatccgatt ctaa 2964

5 <210> 30
<211> 987
<212> PRT
<213> *Chlamydia muridarum*
<400> 30

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

	Leu	Leu	Asn	Cys	Asn	Ser	Leu	Val	Ser	Val	Val	Pro	Gln	Thr	Gly	Gly
	130						135					140				
	Thr	Thr	Thr	Ser	Val	Pro	Ser	Asn	Gly	Thr	Ile	Tyr	Ser	Arg	Thr	Asp
5	145					150					155				160	
	Leu	Val	Leu	Arg	Asp	Ile	Lys	Lys	Val	Ser	Phe	Tyr	Ser	Asn	Leu	Val
				165					170					175		
	Ser	Gly	Asp	Gly	Gly	Ala	Ile	Asp	Ala	Gln	Ser	Leu	Met	Val	Asn	Gly
		180					185				190					
10	Ile	Glu	Lys	Leu	Cys	Thr	Phe	Gln	Glu	Asn	Val	Ala	Gln	Ser	Asp	Gly
		195					200				205					
	Gly	Ala	Cys	Gln	Val	Thr	Lys	Thr	Phe	Ser	Ala	Val	Gly	Asn	Lys	Val
	210					215					220					
	Pro	Leu	Ser	Phe	Leu	Gly	Asn	Val	Ala	Gly	Asn	Lys	Gly	Gly	Gly	Val
15	225					230					235				240	
	Ala	Ala	Val	Lys	Asp	Gly	Gln	Gly	Ala	Gly	Gly	Ala	Thr	Asp	Leu	Ser
				245					250				255			
	Val	Asn	Phe	Ala	Asn	Asn	Thr	Ala	Val	Glu	Phe	Glu	Gly	Asn	Ser	Ala
		260					265				270					
20	Arg	Ile	Gly	Gly	Gly	Ile	Tyr	Ser	Asp	Gly	Asn	Ile	Ser	Phe	Leu	Gly
		275					280				285					
	Asn	Ala	Lys	Thr	Val	Phe	Leu	Ser	Asn	Val	Ala	Ser	Pro	Ile	Tyr	Val
		290					295				300					
	Asp	Pro	Ala	Ala	Ala	Gly	Gly	Gln	Pro	Pro	Ala	Asp	Lys	Asp	Asn	Tyr
25	305					310					315				320	

	Gly	Asp	Gly	Gly	Ala	Ile	Phe	Cys	Lys	Asn	Asp	Thr	Asn	Ile	Gly	Glu	
					325					330						335	
	Val	Ser	Phe	Lys	Asp	Glu	Gly	Val	Val	Phe	Phe	Ser	Lys	Asn	Ile	Ala	
5				340					345					350			
	Ala	Gly	Lys	Gly	Gly	Ala	Ile	Tyr	Ala	Lys	Lys	Leu	Thr	Ile	Ser	Asp	
				355				360					365				
	Cys	Gly	Pro	Val	Gln	Phe	Leu	Gly	Asn	Val	Ala	Asn	Asp	Gly	Gly	Ala	
				370				375					380				
10	Ile	Tyr	Leu	Val	Asp	Gln	Gly	Glu	Leu	Ser	Leu	Ser	Ala	Asp	Arg	Gly	
	385					390					395					400	
	Asp	Ile	Ile	Phe	Asp	Gly	Asn	Leu	Lys	Arg	Met	Ala	Thr	Gln	Gly	Ala	
						405				410						415	
	Ala	Thr	Val	His	Asp	Val	Met	Val	Ala	Ser	Asn	Ala	Ile	Ser	Met	Ala	
15				420					425					430			
	Thr	Gly	Gly	Gln	Ile	Thr	Thr	Leu	Arg	Ala	Lys	Glu	Gly	Arg	Arg	Ile	
				435					440					445			
	Leu	Phe	Asn	Asp	Pro	Ile	Glu	Met	Ala	Asn	Gly	Gln	Pro	Val	Ile	Gln	
				450				455					460				
20	Thr	Leu	Thr	Val	Asn	Glu	Gly	Glu	Gly	Tyr	Thr	Gly	Asp	Ile	Val	Phe	
	465					470				475						480	
	Ala	Lys	Gly	Asp	Asn	Val	Leu	Tyr	Ser	Ser	Ile	Glu	Leu	Ser	Gln	Gly	
						485				490						495	
	Arg	Ile	Ile	Leu	Arg	Glu	Gln	Thr	Lys	Leu	Leu	Val	Asn	Ser	Leu	Thr	
25				500					505					510			

	Gln Thr Gly Gly Ser Val His Met Glu Gly Gly Ser Thr Leu Asp Phe
	515 520 525
	Ala Val Thr Thr Pro Pro Ala Ala Asn Ser Met Ala Leu Thr Asn Val
5	530 535 540
	His Phe Ser Leu Ala Ser Leu Leu Lys Asn Asn Gly Val Thr Asn Pro
	545 550 555 560
	Pro Thr Asn Pro Pro Val Gln Val Ser Ser Pro Ala Val Ile Gly Asn
	565 570 575
10	Thr Ala Ala Gly Thr Val Thr Ile Ser Gly Pro Ile Phe Phe Glu Asp
	580 585 590
	Leu Asp Glu Thr Ala Tyr Asp Asn Asn Gln Trp Leu Gly Ala Asp Gln
	595 600 605
	Thr Ile Asp Val Leu Gln Leu His Leu Gly Ala Asn Pro Pro Ala Asn
15	610 615 620
	Ala Pro Thr Asp Leu Thr Leu Gly Asn Glu Ser Ser Lys Tyr Gly Tyr
	625 630 635 640
	Gln Gly Ser Trp Thr Leu Gln Trp Glu Pro Asp Pro Ala Asn Pro Pro
	645 650 655
20	Gln Asn Asn Ser Tyr Met Leu Lys Ala Ser Trp Thr Lys Thr Gly Tyr
	660 665 670
	Asn Pro Gly Pro Glu Arg Val Ala Ser Leu Val Ser Asn Ser Leu Trp
	675 680 685
	Gly Ser Ile Leu Asp Val Arg Ser Ala His Ser Ala Ile Gln Ala Ser
25	690 695 700

	Ile	Asp	Gly	Arg	Ala	Tyr	Cys	Arg	Gly	Ile	Trp	Ile	Ser	Gly	Ile	Ser
	705					710					715					720
	Asn	Phe	Phe	Tyr	His	Asp	Gln	Asp	Ala	Leu	Gly	Gln	Gly	Tyr	Arg	His
5				725						730					735	
	Ile	Ser	Gly	Gly	Tyr	Ser	Ile	Gly	Ala	Asn	Ser	Tyr	Phe	Gly	Ser	Ser
				740						745					750	
	Met	Phe	Gly	Leu	Ala	Phe	Thr	Glu	Thr	Phe	Gly	Arg	Ser	Lys	Asp	Tyr
			755						760					765		
10	Val	Val	Cys	Arg	Ser	Asn	Asp	His	Thr	Cys	Val	Gly	Ser	Val	Tyr	Leu
			770					775					780			
	Ser	Thr	Arg	Gln	Ala	Leu	Cys	Gly	Ser	Cys	Leu	Phe	Gly	Asp	Ala	Phe
	785				790					795					800	
	Val	Arg	Ala	Ser	Tyr	Gly	Phe	Gly	Asn	Gln	His	Met	Lys	Thr	Ser	Tyr
15				805						810					815	
	Thr	Phe	Ala	Glu	Glu	Ser	Asn	Val	Arg	Trp	Asp	Asn	Asn	Cys	Val	Val
				820						825					830	
	Gly	Glu	Val	Gly	Ala	Gly	Leu	Pro	Ile	Met	Leu	Ala	Ala	Ser	Lys	Leu
				835						840					845	
20	Tyr	Leu	Asn	Glu	Leu	Arg	Pro	Phe	Val	Gln	Ala	Glu	Phe	Ala	Tyr	Ala
			850					855					860			
	Glu	His	Glu	Ser	Phe	Thr	Glu	Arg	Gly	Asp	Gln	Ala	Arg	Glu	Phe	Lys
	865				870					875					880	
	Ser	Gly	His	Leu	Met	Asn	Leu	Ser	Ile	Pro	Val	Gly	Val	Lys	Phe	Asp
25				885						890					895	

	Arg	Cys	Ser	Ser	Lys	His	Pro	Asn	Lys	Tyr	Ser	Phe	Met	Gly	Ala	Tyr	
					900				905					910			
	Ile	Cys	Asp	Ala	Tyr	Arg	Ser	Ile	Ser	Gly	Thr	Glu	Thr	Thr	Leu	Leu	
				915				920						925			
5	Ser	His	Lys	Glu	Thr	Trp	Thr	Thr	Asp	Ala	Phe	His	Leu	Ala	Arg	His	
				930				935						940			
	Gly	Val	Met	Val	Arg	Gly	Ser	Met	Tyr	Ala	Ser	Leu	Thr	Gly	Asn	Ile	
				945				950						955		960	
	Glu	Val	Tyr	Gly	His	Gly	Lys	Tyr	Glu	Tyr	Arg	Asp	Ala	Ser	Arg	Gly	
10					965				970						975		
	Tyr	Gly	Leu	Ser	Ile	Gly	Ser	Lys	Ile	Arg	Phe						
					980			985									
	<210> 31																
15	<211> 3036																
	<212> ADN																
	<213> Chlamydia psitacci																
	<400> 31																
	atgaaagcgt	ctcttcgtaa	gtttctaatt	tcaacaacgc	taacacttcc	atactcattc											60
20	caagcctttt	ctttggaagt	cgtagtccct	aatggaactt	atgatgggaa	ccttagagaa											120
	acgttcccct	atacgattac	atccaatcct	gaaggaacaa	cggcaatact	gtcaggaaat											180
	ttaaattctt	ttaaattctt	taactccatg	gtagcaacgc	cttcaagttg	ctttttcaac											240
	tctgcaggat	ccatgacaat	tgtggggaga	aaccacaatc	taacctttac	aaaccttcgc											300
	acgtcggcaa	acggtgctgc	cctaagctct	attcctacaa	caactcctga	atcgttccct											360
25	tatacgatta	aaggagtgaa	cacctctctc	ttttctaact	gcctagccct	aatggcccgc											420

	acaacaacgg cgccaaatac gacaactcct gttaaatacaa acggagggggc gttctactcc	480
	aaagctcctg tatttctaga gaatattcag aatgtgctat ttaaaaataa cagggctgct	540
	gatagcggcg gtggcctatg ggtagaaaca gctgggatta gcaatatcaa aaaatccatg	600
	cagttcctta gcaacgtcgg agccaacggg ggcgctatca acgcgtctaa aagcctagat	660
5	gttacgcaat gtccttcgat tctcttcaga tctaactctg ctgagaaact cggaggagct	720
	atccaagctg ttgatcctgc aacaacaaat caagtaaata ctgccgtcag attctccgaa	780
	aatggctcag tacaatttga tgccaataat gcgaaatctg gcggagcgat ttattcgaaa	840
	gggaacgtcg atttctcaaa taatgcgcaa ttgctgatac agaataactc cgcattctct	900
	gaagtcgcta atactaatga agtattagga caagggtgggg cgattttctg tgtacaacag	960
10	actcctactc aaccgccgcc gccaccacca cctacaacga atcctgtctt ctcaggatta	1020
	actataacca atcaaaaaga tctctctttt gcaaataact ttgccgcaac tgcaggcgga	1080
	gcgatttatg gagaaaaggt cagcattacc tcctcaggga aaacgatggt tacaacaac	1140
	atcgctaaag atggcggagc tatctacatt cctgaaaatg gagagctcac cttatctgct	1200
	gactacggcg atatgatttt ctatgaaaat ctaaaaaaag atgacgctac tgtcacaaga	1260
15	aacgctgtta ccttagcaaa aggagcaacg attaaagttac tagcagcttc tggggatcat	1320
	aaactctgtt tctacgatcc tattgtgact acacttccag aaacagctcc tactaatgac	1380
	aagactctaa cgatcaacca agataaaaca tcctccaccc cttttactaa ctatattgga	1440
	accctcctat tttcaggagc ttatgtagat agccaaagcg ctagcactac agcgaatttt	1500
	gaatccacta tctatcaaaa agtcatctta ggtggcgggg agcttggttct agcagataaa	1560
20	gccagcctat ctgtagcttc ctttactcag gaaacagatt ctattctttt aatggataat	1620
	ggaactactc tagcaattac agagcattcc catcaaacac cagcagctgg tgggggtggc	1680
	ggaggcggag gaacccccac tcaggaagcc aatactgatg gagttatttc cttaacaaat	1740
	cttcatgtca atatcagctc gcttacggaa caagggtgagg gggcgaaaact tgaaacaaaa	1800
	aatacagatg ggacgataac ttttaactggg catgtatcct tagacgatgt ttcaggaaact	1860
25	gcttacgaga atcacgatct tttcaataaa gataccgtca cgataaatct gctttctctt	1920

	tctacagcag	gagatagtaa	aacgacgac	aatgggtttgg	acctcactct	tagaggagac	1980
	gcagaacctc	aatacgggta	ccaaggatca	tggcaactgg	cttgggaaaa	tggagctgat	2040
	gccataaac	agaaaatcct	aaaagctaca	tggacaaaaa	caggattcac	tcctaatacct	2100
	gagcgtcaag	catcttttagt	tcctaatagc	ttatgggggag	cattcatcga	cctacgttct	2160
5	atgaatgcct	tagcgacagc	aagctgtgac	ggcttcgggt	atggtaaggg	attgtgggta	2220
	gctgggattt	ccaatatctt	ccaccatgat	cgcaatagcg	tatcccatgg	tttccgtcgt	2280
	attagcgggtg	gttatgttat	tggagccaat	tcacaaacag	taacggattc	tgtatttgga	2340
	gtggccttct	cccagatatt	tgctaagtct	aaagactatg	ttgtctcctc	agcaaaatca	2400
	caagctatag	caggtagcgc	ttacctatcg	gtaaaacgtc	agttaagcaa	cacgatattc	2460
10	tcctccttcg	ctgcaagaat	taactacagc	catactaacg	aggatatgaa	aacacgctat	2520
	accttcattc	ctgaaaaaga	tggcaattgg	gataataact	gctgggttagg	agaaataggc	2580
	ggaagcttac	ctattgtttt	acaaattact	aaattacatc	taaatcaa	cattcctttt	2640
	atgaatgttc	agcttggcta	tgctgagcat	ggatcgttta	aagaaaaact	tgcagaagca	2700
	cgctccttct	gttcttctcg	tttgattaac	ttagcgggtc	ctgttggatt	taaaattgat	2760
15	aggcgttccc	actcccatcc	ggattttttac	agcctagcta	tatcctacat	tcccgatgta	2820
	tggcgaagga	atccaggatg	taacacttta	ttgctcgcaa	atggagtccg	ttggaaaacg	2880
	ccagcaacta	atctaaatag	acatgggtta	ttgatgcaag	gatccacaca	tacagctgtg	2940
	ctcagtaata	ttgagatctt	tagccatggg	agttgcgaat	tacgtagctc	ctcacgcaac	3000
	tacaatataa	atgtaggaag	taaaattcga	ttctaa			3036
20							
	<210> 32						
	<211> 1011						
	<212> PRT						
	<213> Chlamydia psitacci						
25							

<400> 32

Met Lys Ala Ser Leu Arg Lys Phe Leu Ile Ser Thr Thr Leu Thr Leu
1 5 10 15

Pro Tyr Ser Phe Gln Ala Phe Ser Leu Glu Val Val Val Pro Asn Gly
5 20 25 30

Thr Tyr Asp Gly Asn Leu Arg Glu Thr Phe Pro Tyr Thr Ile Thr Ser
35 40 45

Asn Pro Glu Gly Thr Thr Ala Ile Leu Ser Gly Asn Leu Asn Leu Leu
50 55 60

10 Asn Leu Asp Asn Ser Met Val Ala Thr Pro Ser Ser Cys Phe Phe Asn
65 70 75 80

Ser Ala Gly Ser Met Thr Ile Val Gly Arg Asn His Asn Leu Thr Phe
85 90 95

Thr Asn Leu Arg Thr Ser Ala Asn Gly Ala Ala Leu Ser Ser Ile Pro
15 100 105 110

Thr Thr Thr Pro Glu Ser Phe Pro Tyr Thr Ile Lys Gly Val Asn Thr
115 120 125

Leu Ser Phe Ser Asn Cys Leu Ala Leu Met Ala Arg Thr Thr Thr Ala
130 135 140

20 Pro Asn Thr Thr Thr Pro Val Asn Pro Asn Gly Gly Ala Phe Tyr Ser
145 150 155 160

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

Asn Arg Ala Ala Asp Ser Gly Gly Gly Leu Trp Val Glu Thr Ala Gly
25 180 185 190

Ile Ser Asn Ile Lys Lys Ser Met Gln Phe Leu Ser Asn Val Gly Ala
 195 200 205
 Asn Gly Gly Ala Ile Asn Ala Ser Lys Ser Leu Asp Val Thr Gln Cys
 5 210 215 220
 Pro Ser Ile Leu Phe Arg Ser Asn Ser Ala Glu Lys Leu Gly Gly Ala
 225 230 235 240
 Ile Gln Ala Val Asp Pro Ala Thr Thr Asn Gln Val Asn Thr Ala Val
 245 250 255
 10 Arg Phe Ser Glu Asn Gly Ser Val Gln Phe Asp Ala Asn Asn Ala Lys
 260 265 270
 Ser Gly Gly Ala Ile Tyr Ser Lys Gly Asn Val Asp Phe Ser Asn Asn
 275 280 285
 Ala Gln Leu Leu Ile Gln Asn Asn Ser Ala Ser Pro Glu Val Ala Asn
 15 290 295 300
 Thr Asn Glu Val Leu Gly Gln Gly Gly Ala Ile Phe Cys Val Gln Gln
 305 310 315 320
 Thr Pro Thr Gln Pro Pro Pro Pro Pro Pro Pro Thr Thr Asn Pro Val
 325 330 335
 20 Phe Ser Gly Leu Thr Ile Thr Asn Gln Lys Asp Ile Leu Phe Ala Asn
 340 345 350
 Asn Phe Ala Ala Thr Ala Gly Gly Ala Ile Tyr Gly Glu Lys Val Ser
 355 360 365
 Ile Thr Ser Ser Gly Lys Thr Met Phe Thr Asn Asn Ile Ala Lys Asp
 25 370 375 380

	Gly Gly Ala Ile Tyr Ile Pro Glu Asn Gly Glu Leu Thr Leu Ser Ala
	385 390 395 400
	Asp Tyr Gly Asp Met Ile Phe Tyr Glu Asn Leu Lys Lys Asp Asp Ala
5	405 410 415
	Thr Val Thr Arg Asn Ala Val Thr Leu Ala Lys Gly Ala Thr Ile Lys
	420 425 430
	Leu Leu Ala Ala Ser Gly Asp His Lys Leu Cys Phe Tyr Asp Pro Ile
	435 440 445
10	Val Thr Thr Leu Pro Glu Thr Ala Pro Thr Asn Asp Lys Thr Leu Thr
	450 455 460
	Ile Asn Gln Asp Lys Thr Ser Ser Thr Pro Phe Thr Asn Tyr Ile Gly
	465 470 475 480
	Thr Leu Leu Phe Ser Gly Ala Tyr Val Asp Ser Gln Ser Ala Ser Thr
15	485 490 495
	Thr Ala Asn Phe Glu Ser Thr Ile Tyr Gln Lys Val Ile Leu Gly Gly
	500 505 510
	Gly Lys Leu Val Leu Ala Asp Lys Ala Ser Leu Ser Val Ala Ser Phe
	515 520 525
20	Thr Gln Glu Thr Asp Ser Ile Leu Leu Met Asp Asn Gly Thr Thr Leu
	530 535 540
	Ala Ile Thr Glu His Ser His Gln Thr Pro Ala Ala Gly Gly Gly Gly
	545 550 555 560
	Gly Gly Gly Gly Thr Pro Thr Gln Glu Ala Asn Thr Asp Gly Val Ile
25	565 570 575

	Ser	Leu	Thr	Asn	Leu	His	Val	Asn	Ile	Ser	Ser	Leu	Thr	Glu	Gln	Gly	
				580					585						590		
	Glu	Gly	Ala	Lys	Leu	Glu	Thr	Lys	Asn	Thr	Asp	Gly	Thr	Ile	Thr	Leu	
5			595					600						605			
	Thr	Gly	His	Val	Ser	Leu	Asp	Asp	Val	Ser	Gly	Thr	Ala	Tyr	Glu	Asn	
		610					615						620				
	His	Asp	Leu	Phe	Asn	Lys	Asp	Thr	Val	Thr	Ile	Asn	Leu	Leu	Ser	Leu	
	625				630						635					640	
10	Ser	Thr	Ala	Gly	Asp	Ser	Lys	Thr	Thr	Ile	Asn	Gly	Leu	Asp	Leu	Thr	
				645					650						655		
	Leu	Arg	Gly	Asp	Ala	Glu	Pro	Gln	Tyr	Gly	Tyr	Gln	Gly	Ser	Trp	Gln	
			660					665						670			
	Leu	Ala	Trp	Glu	Asn	Gly	Ala	Asp	Ala	Asn	Lys	Gln	Lys	Ile	Leu	Lys	
15			675					680						685			
	Ala	Thr	Trp	Thr	Lys	Thr	Gly	Phe	Thr	Pro	Asn	Pro	Glu	Arg	Gln	Ala	
		690					695						700				
	Ser	Leu	Val	Pro	Asn	Ser	Leu	Trp	Gly	Ala	Phe	Ile	Asp	Leu	Arg	Ser	
	705					710					715					720	
20	Met	Asn	Ala	Leu	Ala	Thr	Ala	Ser	Cys	Asp	Gly	Phe	Gly	Tyr	Gly	Lys	
				725					730						735		
	Gly	Leu	Trp	Val	Ala	Gly	Ile	Ser	Asn	Ile	Phe	His	His	Asp	Arg	Asn	
			740					745						750			
	Ser	Val	Ser	His	Gly	Phe	Arg	Arg	Ile	Ser	Gly	Gly	Tyr	Val	Ile	Gly	
25			755					760						765			

	Ala Asn Ser Gln Thr Val Thr Asp Ser Val Phe Gly Val Ala Phe Ser
	770 775 780
	Gln Ile Phe Ala Lys Ser Lys Asp Tyr Val Val Ser Ser Ala Lys Ser
5	785 790 795 800
	Gln Ala Ile Ala Gly Ser Ala Tyr Leu Ser Val Lys Arg Gln Leu Ser
	805 810 815
	Asn Thr Ile Phe Ser Ser Phe Ala Ala Arg Ile Asn Tyr Ser His Thr
	820 825 830
10	Asn Glu Asp Met Lys Thr Arg Tyr Thr Phe Ile Pro Glu Lys Asp Gly
	835 840 845
	Asn Trp Asp Asn Asn Cys Trp Leu Gly Glu Ile Gly Gly Ser Leu Pro
	850 855 860
	Ile Val Leu Gln Ile Thr Lys Leu His Leu Asn Gln Ile Ile Pro Phe
15	865 870 875 880
	Met Asn Val Gln Leu Gly Tyr Ala Glu His Gly Ser Phe Lys Glu Lys
	885 890 895
	Leu Ala Glu Ala Arg Ser Phe Cys Ser Ser Arg Leu Ile Asn Leu Ala
	900 905 910
20	Val Pro Val Gly Phe Lys Ile Asp Arg Arg Ser His Ser His Pro Asp
	915 920 925
	Phe Tyr Ser Leu Ala Ile Ser Tyr Ile Pro Asp Val Trp Arg Arg Asn
	930 935 940
	Pro Gly Cys Asn Thr Leu Leu Leu Ala Asn Gly Val Arg Trp Lys Thr
25	945 950 955 960

Pro Ala Thr Asn Leu Asn Arg His Gly Leu Leu Met Gln Gly Ser Thr
965 970 975
His Thr Ala Val Leu Ser Asn Ile Glu Ile Phe Ser His Gly Ser Cys
980 985 990
5 Glu Leu Arg Ser Ser Ser Arg Asn Tyr Asn Ile Asn Val Gly Ser Lys
995 1000 1005
Ile Arg Phe
1010

10 <210> 33
<211> 1806
<212> ADN
<213> *Chlamydia trachomatis*
<400> 33

15 atgaaaatga ataggatttg gctattactg cttacctttt cttctgccat acattctcct 60
gtacaaggag aaagcttggg ttgcaagaat gctcttcaag atttgagttt tttagagcat 120
ttattacagg ttaaatatgc tcctaaaaca tggaaagagc aatacttagg atgggatctt 180
gttcaaagct ccgtttctgc acagcagaag cttcgtacac aagaaaatcc atcaacaagt 240
ttttgccagc aggtccttgc tgattttatc ggaggattaa atgactttca cgctggagta 300
20 actttctttg cgatagaaag tgcttacctt ccttataccg tacaaaaaag tagtgacggc 360
cgtttctact ttgtagatat catgactttt tcttcagaga tccgtgttgg agatgagttg 420
ctagaggtgg atggggcgcc tgtccaagat gtactcgcta ctctatatgg aagcaatcac 480
aaagggactg cagctgaaga gtcggctgct ttaagaacac tattttctcg catggcctct 540
ttagggcaca aagtaccttc tgggcgcact actttaaga ttcgctgtcc ttttgggtact 600
25 acgagagaag ttcgtgtgaa atggcggttat gttcctgaag gtgtaggaga tttgggtacc 660

	atagctcctt ctatcagggc tccacagtta cagaaatcga tgagaagctt tttccctaag	720
	aaagatgatg cgtttcatcg gtctagttag ctattctact ctccaatggg tccgcatttt	780
	tgggcagagc ttcgcaatca ttatgcaacg agtggtttga aaagcgggta caatattggg	840
	agtaccgatg ggtttctccc tgtcattggg cctgttatat gggagtcgga gggctcttttc	900
5	cgcgcttata tttcttcggt gactgatggg gatggtaaga gccataaagt aggatttcta	960
	agaattccta catatagttg gcaggacatg gaagattttg atccttcagg accgcctcct	1020
	tgggaagaat ttgctaagat tattcaagta ttttcttcta atacagaagc tttgattatc	1080
	gaccaaacga acaacccagg tggtagtgct ctttatcttt atgcactgct ttccatgttg	1140
	acagaccgtc ctttagaact tcctaaacat agaatgattc tgactcagga tgaagtgggt	1200
10	gatgcttttag attggttaac cctgttggaa aacgtagaca caaacgtgga gtctcgcctt	1260
	gctctgggag acaacatgga aggatatact gtggatctac aggttgccga gtatttaaaa	1320
	agctttggac gtcaagtatt gaattgttgg agtaaagggg atatcgagtt atcaacgcct	1380
	attcctcttt ttggttttga gaagattcat ccacatcctc gagttcaata ctctaaaccg	1440
	atttgtgttt tgatcaatga gcaagacttt tcttgtgctg acttcttccc tgtagttttg	1500
15	aaagacaatg atcgagctct tattgttggg actcgaacag ctggagctgg aggatttgtc	1560
	tttaatgtgc agttcccaaa tagaactgga ataaaaactt gttctttaac aggatcatta	1620
	gctgttagag agcatgggtc cttcattgag aacatcggag tcgaaccgca tatcgatctg	1680
	ccttttacag cgaatgatat tcgctataaa ggctattccg agtatcttga taagggtcaaa	1740
	aaattggttt gtcagctgat caataacgac ggtaccatta ttcttgcgga agatggtagt	1800
20	ttttaa	1806

<210> 34

<211> 601

<212> PRT

25 <213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 34

Met Lys Met Asn Arg Ile Trp Leu Leu Leu Leu Thr Phe Ser Ser Ala
1 5 10 15

Ile His Ser Pro Val Gln Gly Glu Ser Leu Val Cys Lys Asn Ala Leu
5 20 25 30

Gln Asp Leu Ser Phe Leu Glu His Leu Leu Gln Val Lys Tyr Ala Pro
35 40 45

Lys Thr Trp Lys Glu Gln Tyr Leu Gly Trp Asp Leu Val Gln Ser Ser
50 55 60

10 Val Ser Ala Gln Gln Lys Leu Arg Thr Gln Glu Asn Pro Ser Thr Ser
65 70 75 80

Phe Cys Gln Gln Val Leu Ala Asp Phe Ile Gly Gly Leu Asn Asp Phe
85 90 95

His Ala Gly Val Thr Phe Phe Ala Ile Glu Ser Ala Tyr Leu Pro Tyr
15 100 105 110

Thr Val Gln Lys Ser Ser Asp Gly Arg Phe Tyr Phe Val Asp Ile Met
115 120 125

Thr Phe Ser Ser Glu Ile Arg Val Gly Asp Glu Leu Leu Glu Val Asp
130 135 140

20 Gly Ala Pro Val Gln Asp Val Leu Ala Thr Leu Tyr Gly Ser Asn His
145 150 155 160

Lys Gly Thr Ala Ala Glu Glu Ser Ala Ala Leu Arg Thr Leu Phe Ser
165 170 175

Arg Met Ala Ser Leu Gly His Lys Val Pro Ser Gly Arg Thr Thr Leu
25 180 185 190

Lys Ile Arg Arg Pro Phe Gly Thr Thr Arg Glu Val Arg Val Lys Trp
 195 200 205
 Arg Tyr Val Pro Glu Gly Val Gly Asp Leu Ala Thr Ile Ala Pro Ser
 5 210 215 220
 Ile Arg Ala Pro Gln Leu Gln Lys Ser Met Arg Ser Phe Phe Pro Lys
 225 230 235 240
 Lys Asp Asp Ala Phe His Arg Ser Ser Ser Leu Phe Tyr Ser Pro Met
 245 250 255
 10 Val Pro His Phe Trp Ala Glu Leu Arg Asn His Tyr Ala Thr Ser Gly
 260 265 270
 Leu Lys Ser Gly Tyr Asn Ile Gly Ser Thr Asp Gly Phe Leu Pro Val
 275 280 285
 Ile Gly Pro Val Ile Trp Glu Ser Glu Gly Leu Phe Arg Ala Tyr Ile
 15 290 295 300
 Ser Ser Val Thr Asp Gly Asp Gly Lys Ser His Lys Val Gly Phe Leu
 305 310 315 320
 Arg Ile Pro Thr Tyr Ser Trp Gln Asp Met Glu Asp Phe Asp Pro Ser
 325 330 335
 20 Gly Pro Pro Pro Trp Glu Glu Phe Ala Lys Ile Ile Gln Val Phe Ser
 340 345 350
 Ser Asn Thr Glu Ala Leu Ile Ile Asp Gln Thr Asn Asn Pro Gly Gly
 355 360 365
 Ser Val Leu Tyr Leu Tyr Ala Leu Leu Ser Met Leu Thr Asp Arg Pro
 25 370 375 380

Leu Glu Leu Pro Lys His Arg Met Ile Leu Thr Gln Asp Glu Val Val
 385 390 395 400
 Asp Ala Leu Asp Trp Leu Thr Leu Leu Glu Asn Val Asp Thr Asn Val
 5 405 410 415
 Glu Ser Arg Leu Ala Leu Gly Asp Asn Met Glu Gly Tyr Thr Val Asp
 420 425 430
 Leu Gln Val Ala Glu Tyr Leu Lys Ser Phe Gly Arg Gln Val Leu Asn
 435 440 445
 10 Cys Trp Ser Lys Gly Asp Ile Glu Leu Ser Thr Pro Ile Pro Leu Phe
 450 455 460
 Gly Phe Glu Lys Ile His Pro His Pro Arg Val Gln Tyr Ser Lys Pro
 465 470 475 480
 Ile Cys Val Leu Ile Asn Glu Gln Asp Phe Ser Cys Ala Asp Phe Phe
 15 485 490 495
 Pro Val Val Leu Lys Asp Asn Asp Arg Ala Leu Ile Val Gly Thr Arg
 500 505 510
 Thr Ala Gly Ala Gly Gly Phe Val Phe Asn Val Gln Phe Pro Asn Arg
 515 520 525
 20 Thr Gly Ile Lys Thr Cys Ser Leu Thr Gly Ser Leu Ala Val Arg Glu
 530 535 540
 His Gly Ala Phe Ile Glu Asn Ile Gly Val Glu Pro His Ile Asp Leu
 545 550 555 560
 Pro Phe Thr Ala Asn Asp Ile Arg Tyr Lys Gly Tyr Ser Glu Tyr Leu
 25 565 570 575

Asp Lys Val Lys Lys Leu Val Cys Gln Leu Ile Asn Asn Asp Gly Thr

580

585

590

Ile Ile Leu Ala Glu Asp Gly Ser Phe

595

600

5

<210> 35

<211> 1806

<212> ADN

<213> *Chlamydia muridarum*

10

<400> 35

atgaaaatga ataggatttt gctactgctg ctaacctttt cttccgctat acattctcct 60

ttgcatgggg aaagtttagt ctgtcagaat gctctgaaaag atttgagttt tttggagcat 120

ttgctgcaag tcaagtatgc ccctaaaact tggaaagaac agtatttagg ttgggatctt 180

tctaaaagct ctgtttttgc agagcagaaa ttgcgttccg aggacaacc ttcaacaagc 240

15

ttttgtcagc aagtaattgc ggactttatt ggagcgttga gtgattttca tgccggggtc 300

tctttctttg ctgtagagag tgcctacctt ccctactctg tacaaaaaag tagcgatgga 360

cgcttctatt tcgttgatgt aatgaccttt tctttctgata ttcgcgtcgg ggatgagtta 420

cttgaggtag acgggcagcc tgttgcagaa gcacttgcta ccctatatgg aaccaatcac 480

aaggggactc tcgctgaaga atctgctgct ttaagaacgt tatttttctcg tatggcttct 540

20

ttaggacata aagtcccttc cgggagaatc accctcaaag ttcgtcgttc ttctggttct 600

gtgaaagatg tgcgagcaaa atggcggttat actccagaaa gtgtagggga tttagctacg 660

atagctcctt ccataaaagc tccacagctg cagaagtcta tgagaggggc ctttcctaaa 720

aaagaaagtg tatttcatca gtcgagcact ctgttttatt ctccaatggg tcctcatttt 780

tggtcggagt ttcgtaatca ctacgcaacg agtggtttta aaagtgggta caatattggg 840

25

gataccgatg gattttttccc agtcatggga cccgttattht gggagtcgga cggaattttt 900

	catgcttata	ttttcccctt	ggttgatgaa	aatggtagaa	gccataacgt	aggatttattc	960
	agaattccta	cgtatggttg	gcaagagatg	gaagatttag	attctatagg	gacacctcct	1020
	tggaagagt	ttggttaagat	cattacgcta	ttttctgaaa	aaacagaggc	tttgatcatt	1080
	gaccaaacga	ataatcctgg	ggggagcggtt	atgtatttat	acggattgct	ctctatgttg	1140
5	acggataaac	ctttagatct	tcctaaacat	agaatgattc	taactcagga	cgaagtagtt	1200
	gatgcttttag	attggttgaa	tttattggaa	aatgtggata	caaacgcaga	ggctcggatt	1260
	gctttgggag	ataatatgga	aggatatccc	attgacttgc	aggctgctga	atatctgaaa	1320
	agctttgctc	atcagggtatt	ggcatgttgg	aagaatggag	atatcgaatt	atctacaccg	1380
	attcctcttt	ttgggtttga	gaaaattcat	ccacatcctc	gagtccaata	tactaagcct	1440
10	atttgtgttt	tgattaatga	acaggatttt	tcttgtgcgg	atttcttccc	tgctattctg	1500
	aaagacaatg	acagagccct	tgtcgttgga	actcgaacag	cgggagctgg	gggatttgct	1560
	ttcaatgtac	aattccctaa	cagaacggga	attaaaagt	gctctttaac	aggatcttta	1620
	gcagttagag	agcatgggga	tttgattgaa	aatgttgggg	ttgaacctca	tattgaaatt	1680
	cctttcacag	ctaatagat	tcgttataga	gggtattctg	aatatattca	gaaagtacaa	1740
15	aaattgggtg	ctcagcta	caataatgac	agtgtaat	ttctctcaga	ggatggaagt	1800
	ttttaaa						1806

	<210>	36
	<211>	601
20	<212>	PRT
	<213>	Chlamydia muridarum

	<400>	36
	Met Lys Met Asn Arg Ile Leu Leu Leu Leu Leu Thr Phe Ser Ser Ala	
25	1	5 10 15

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

	Arg	Tyr	Thr	Pro	Glu	Ser	Val	Gly	Asp	Leu	Ala	Thr	Ile	Ala	Pro	Ser
	210							215								220
	Ile	Lys	Ala	Pro	Gln	Leu	Gln	Lys	Ser	Met	Arg	Gly	Ala	Phe	Pro	Lys
5	225					230					235					240
	Lys	Glu	Ser	Val	Phe	His	Gln	Ser	Ser	Thr	Leu	Phe	Tyr	Ser	Pro	Met
					245					250					255	
	Val	Pro	His	Phe	Trp	Ser	Glu	Phe	Arg	Asn	His	Tyr	Ala	Thr	Ser	Gly
					260					265					270	
10	Leu	Lys	Ser	Gly	Tyr	Asn	Ile	Gly	Asp	Thr	Asp	Gly	Phe	Phe	Pro	Val
					275					280					285	
	Met	Gly	Pro	Val	Ile	Trp	Glu	Ser	Asp	Gly	Ile	Phe	His	Ala	Tyr	Ile
					290					295					300	
	Phe	Pro	Leu	Val	Asp	Glu	Asn	Gly	Arg	Ser	His	Asn	Val	Gly	Phe	Ile
15	305					310					315					320
	Arg	Ile	Pro	Thr	Tyr	Gly	Trp	Gln	Glu	Met	Glu	Asp	Leu	Asp	Ser	Ile
						325					330				335	
	Gly	Thr	Pro	Pro	Trp	Glu	Glu	Phe	Gly	Lys	Ile	Ile	Thr	Leu	Phe	Ser
					340					345					350	
20	Glu	Lys	Thr	Glu	Ala	Leu	Ile	Ile	Asp	Gln	Thr	Asn	Asn	Pro	Gly	Gly
					355					360					365	
	Ser	Val	Met	Tyr	Leu	Tyr	Gly	Leu	Leu	Ser	Met	Leu	Thr	Asp	Lys	Pro
					370					375					380	
	Leu	Asp	Leu	Pro	Lys	His	Arg	Met	Ile	Leu	Thr	Gln	Asp	Glu	Val	Val
25	385					390					395					400

	Asp	Ala	Leu	Asp	Trp	Leu	Asn	Leu	Leu	Glu	Asn	Val	Asp	Thr	Asn	Ala
						405				410						415
	Glu	Ala	Arg	Ile	Ala	Leu	Gly	Asp	Asn	Met	Glu	Gly	Tyr	Pro	Ile	Asp
5						420				425						430
	Leu	Gln	Ala	Ala	Glu	Tyr	Leu	Lys	Ser	Phe	Ala	His	Gln	Val	Leu	Ala
						435				440						445
	Cys	Trp	Lys	Asn	Gly	Asp	Ile	Glu	Leu	Ser	Thr	Pro	Ile	Pro	Leu	Phe
						450				455						460
10	Gly	Phe	Glu	Lys	Ile	His	Pro	His	Pro	Arg	Val	Gln	Tyr	Thr	Lys	Pro
						465				470						480
	Ile	Cys	Val	Leu	Ile	Asn	Glu	Gln	Asp	Phe	Ser	Cys	Ala	Asp	Phe	Phe
							485			490						495
	Pro	Ala	Ile	Leu	Lys	Asp	Asn	Asp	Arg	Ala	Leu	Val	Val	Gly	Thr	Arg
15						500				505						510
	Thr	Ala	Gly	Ala	Gly	Gly	Phe	Val	Phe	Asn	Val	Gln	Phe	Pro	Asn	Arg
						515				520						525
	Thr	Gly	Ile	Lys	Ser	Cys	Ser	Leu	Thr	Gly	Ser	Leu	Ala	Val	Arg	Glu
						530				535						540
20	His	Gly	Asp	Leu	Ile	Glu	Asn	Val	Gly	Val	Glu	Pro	His	Ile	Glu	Ile
						545				550						560
	Pro	Phe	Thr	Ala	Asn	Asp	Ile	Arg	Tyr	Arg	Gly	Tyr	Ser	Glu	Tyr	Ile
							565			570						575
	Gln	Lys	Val	Gln	Lys	Leu	Val	Ala	Gln	Leu	Ile	Asn	Asn	Asp	Ser	Val
25						580				585						590

Ile Ile Leu Ser Glu Asp Gly Ser Phe

595 600

<210> 37

5 <211> 1782

<212> ADN

<213> Chlamydia psitacci

<400> 37

	atgaaagtga aacaaattac agccttgatt tgctccttag tattaggttt tcaaatttca	60
10	ggttccgcta agactttagt tcaaaaaaat gcatgttctg acttggattt tttggaacac	120
	ttacttgatg ttaaatatgc tcctaaagag tggaaacata agctttttca ttgggatttg	180
	aaagatgcaa cggatcaagc acgtttaaaa ttgtgtattg aggaaaatcc ttcaacaagc	240
	tactgccaaag gagttcttgc agaatatatc tctgatttaa aagattttca tgccgggatt	300
	actttcttcc gcacagagaa ttctcatcta ccttatacgg ttaagttaag caattctcgc	360
15	agatgcttta ttgttgatgt gcatacgtat aactctgaaa tttctgtagg tgatgaaatt	420
	ttagagatgg acggtatgcc gattatggag gtaatcgaga gtatacgtac tggtagagga	480
	gctctttctg attacgctgc agctgcacga acactctttt ctcgttctgc tgccttaggc	540
	catcaaattc ctatgggagt ggcaacatta aaaattcgtc gtcctagcgg tttaacgcgt	600
	acggtaaaaag ctaaattggcg ccatacgcct gaatatattc aagatctatc tttaatatct	660
20	ccttttagtaa aagatcctat catccagatg agatctagcc gtgcttgccc tttattatct	720
	agtgcttctg aaaattgttt attcacaaac gaaatgggtc cttatttctg gaaggaatta	780
	cgtcagcaat ataaacgtgg tttaagtagt gattacaata tcggaagtaa aagaggtttc	840
	ttacctgatt ttggacatgt gacatggaaa gctaaaagtg gtccttacca tgcttatgtg	900
	ttcacctgca ccgataatca tggacagtct cacagtattg gattccttag gatttctaca	960
25	tattcttgga cagatatgga agatcgtact gctatgaata tggaatcccc atgggatgac	1020

ttcagcgaga tcattagtgt tttaacaagag aaaaccgaag ctttgattat cgatcagaca 1080
aacaatcctg gtggtagtgt cttctatctt tatgcattga tttctagatt aacagacaga 1140
ccttttagaaa cacctaaaca tagaatgatt ctactcaaa gtgaagtaca atctgcagta 1200
caatggttga accttcttga aggagttgaa accgatgagc aagcaagaaa tgctctcggt 1260
5 gaggatatgg aaggttatcc tatcgatatg aatgcggcag gatattctaca gacattttct 1320
aatactgttt taaaatgttg ggcaaatggg gatattaatc tctctacacc tatgcctttg 1380
ttaggatttg ctaaagtaca tccacatcct gaacatcgtt atacacgtcc tatctgcgtc 1440
ttaatcaatc aggaagatct ctctgcgga gatttattcc ctgcgattat gaaggatagc 1500
ggtcgagctc ttattgtagg aacggccaca gcaggagccg gaggttttgt ctttaacgta 1560
10 gagttcccta atagaacagg cattaaaagt tgttctttaa caggatctct agcagtaaga 1620
cctgacgggtt cttacataga gaatttaggg gtctctcctc atatattctt agattttaca 1680
gatacggatg taaaacagg aaaatattct gattacatta gcactgtgaa aagtttagtt 1740
cttgatctta ttgaaagaga agctgataac aaagcttctt aa 1782

15 <210> 38
<211> 593
<212> PRT
<213> Chlamydia psitacci
<400> 38

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

352

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

	Ser	Ala	Ser	Glu	Asn	Cys	Leu	Phe	Thr	Asn	Glu	Met	Val	Pro	Tyr	Phe	
					245					250						255	
	Trp	Lys	Glu	Leu	Arg	Gln	Gln	Tyr	Lys	Arg	Gly	Leu	Ser	Ser	Asp	Tyr	
5				260					265						270		
	Asn	Ile	Gly	Ser	Lys	Arg	Gly	Phe	Leu	Pro	Asp	Phe	Gly	His	Val	Thr	
				275				280					285				
	Trp	Lys	Ala	Lys	Ser	Gly	Pro	Tyr	His	Ala	Tyr	Val	Phe	Thr	Cys	Thr	
				290				295					300				
10	Asp	Asn	His	Gly	Gln	Ser	His	Ser	Ile	Gly	Phe	Leu	Arg	Ile	Ser	Thr	
	305					310					315					320	
	Tyr	Ser	Trp	Thr	Asp	Met	Glu	Asp	Arg	Thr	Ala	Met	Asn	Met	Glu	Ser	
						325				330					335		
	Pro	Trp	Asp	Asp	Phe	Ser	Glu	Ile	Ile	Ser	Val	Leu	Gln	Glu	Lys	Thr	
15				340					345						350		
	Glu	Ala	Leu	Ile	Ile	Asp	Gln	Thr	Asn	Asn	Pro	Gly	Gly	Ser	Val	Phe	
				355				360					365				
	Tyr	Leu	Tyr	Ala	Leu	Ile	Ser	Arg	Leu	Thr	Asp	Arg	Pro	Leu	Glu	Thr	
				370				375				380					
20	Pro	Lys	His	Arg	Met	Ile	Leu	Thr	Gln	Ser	Glu	Val	Gln	Ser	Ala	Val	
	385					390					395					400	
	Gln	Trp	Leu	Asn	Leu	Leu	Glu	Gly	Val	Glu	Thr	Asp	Glu	Gln	Ala	Arg	
						405				410					415		
	Asn	Ala	Leu	Gly	Glu	Asp	Met	Glu	Gly	Tyr	Pro	Ile	Asp	Met	Asn	Ala	
25				420					425						430		

Ala Gly Tyr Leu Gln Thr Phe Ser Asn Thr Val Leu Lys Cys Trp Ala
435 440 445

Asn Gly Asp Ile Asn Leu Ser Thr Pro Met Pro Leu Leu Gly Phe Ala
450 455 460

5 Lys Val His Pro His Pro Glu His Arg Tyr Thr Arg Pro Ile Cys Val
465 470 475 480

Leu Ile Asn Gln Glu Asp Phe Ser Cys Gly Asp Leu Phe Pro Ala Ile
485 490 495

Met Lys Asp Ser Gly Arg Ala Leu Ile Val Gly Thr Ala Thr Ala Gly
10 500 505 510

Ala Gly Gly Phe Val Phe Asn Val Glu Phe Pro Asn Arg Thr Gly Ile
515 520 525

Lys Ser Cys Ser Leu Thr Gly Ser Leu Ala Val Arg Pro Asp Gly Ser
530 535 540

15 Tyr Ile Glu Asn Leu Gly Val Ser Pro His Ile Phe Leu Asp Phe Thr
545 550 555 560

Asp Thr Asp Val Gln Thr Gly Lys Tyr Ser Asp Tyr Ile Ser Thr Val
565 570 575

Lys Ser Leu Val Leu Asp Leu Ile Glu Arg Glu Ala Asp Asn Lys Ala
20 580 585 590

Ser

<210> 39

<211> 1860

25 <212> ADN

<213> *Chlamydia pneumoniae*

<400> 39

	atgaaaaaag ggaaattagg agccatagtt tttggccttc tatttacaag tagtggtgct	60
	ggtttttcta aggatttgac taaagacaac gcttatcaag atttaaattgt catagagcat	120
5	ttaatatcgt taaaatatgc tcctttacca tggaaggaac tattatttgg ttgggattta	180
	tctcagcaaa cacagcaagc tcgcttgcaa ctggctcttag aagaaaaacc aacaaccaac	240
	tactgccaga aggtactctc taactacgtg agatcattaa acgattatca tgcagggatt	300
	acgttttatc gtactgaaag tgcgtatata ccttacgtat tgaagttaag tgaagatggg	360
	catgtctttg tagtcgacgt acagactagc caaggggata ttacttagg ggatgaaatc	420
10	cttgaagtag atggaatggg gattcgtgag gctatcgaaa gccttcgctt tggacgaggg	480
	agtgccacag actattctgc tgcagttcgt tccttgacat cgcgttcgcg cgcttttgga	540
	gatgcgggtc cttcaggaat tgccatggtg aaacttcgcc gaccagtggt tttgatccgt	600
	tcgacaccgg tccgttggcg ttatactcca gagcatatcg gagatttttc tttagttgct	660
	cctttgattc ctgaacataa acctcaatta cctacacaaa gttgtgtgct attccgttcc	720
15	ggggtaaatt cacagtcttc tagtagctct ttattcagtt cctacatggg gccttatttc	780
	tgggaagaat tgcgggttca aaataagcag cgttttgaca gtaatcacca tatagggagc	840
	cgtaatggat ttttacctac gtttggtcct attctttggg aacaagacaa ggggcccctat	900
	cgttcctata tcttttaaagc aaaagattct caggggcaatc cccatcgcat aggattttta	960
	agaatttctt cttatgtttg gactgattta gaaggacttg aagaggatca taaggatagt	1020
20	ccttgggagc tctttggaga gatcatcgat catttggaag aagagactga tgctttgatt	1080
	attgatcaga ccataatcc tggaggcagt gttttctata tctattcggt actatctatg	1140
	ttaacagatc atcctttaga tactcctaaa catagaatga ttttactca ggatgaagtc	1200
	agctcggctt tgcactggca agatctacta gaagatgtct tcacagatga gcaggcagtt	1260
	gccgtgctag gggaaactat ggaaggatat tgcattggata tgcattgctgt agcctctctt	1320
25	caaaacttct ctgagagtgt cctttcttcc tgggtttcag gtgatattaa cctttcaaaa	1380

	cctatgcctt	tgctaggatt	tgcacagggt	cgacctcatc	ctaaacatca	atatactaaa	1440
	cctttgttta	tgttgataga	cgaggatgac	ttctcttggtg	gagatttagc	gcctgcaatt	1500
	ttgaaggata	atggccgcgc	tactctcatt	ggaaagccaa	cagcaggagc	tgagggtttt	1560
	gtattccaag	tcactttccc	taaccgttct	ggaattaaag	gtctttcttt	aacaggatct	1620
5	ttagctgtta	ggaaagatgg	tgagtttatt	gaaaacttag	gagtggctcc	tcatattgat	1680
	ttaggattta	cctccaggga	tttgcaaact	tccaggttta	ctgattacgt	tgaggcagtg	1740
	aaaactatag	ttttaacttc	tttgtctgag	aacgctaaga	agagtgaaga	gcagacttct	1800
	ccgcaagaga	cgctgaagt	tattcgagtc	tcttatccca	caacgacttc	tgcttcgtaa	1860
10	<210>	40					
	<211>	619					
	<212>	PRT					
	<213>	<i>Chlamydia pneumoniae</i>					
15	<400>	40					
	Met	Lys	Lys	Gly	Lys	Leu	Gly
						Ala	Ile
						Val	Phe
						Gly	Leu
						Leu	Phe
						Thr	
	1		5			10	
							15
	Ser	Ser	Val	Ala	Gly	Phe	Ser
						Lys	Asp
						Leu	Thr
						Lys	Asp
						Asn	Ala
						Tyr	
			20			25	
							30
20	Gln	Asp	Leu	Asn	Val	Ile	Glu
						His	Leu
						Ile	Ser
						Leu	Lys
						Tyr	Ala
						Pro	
			35			40	
							45
	Leu	Pro	Trp	Lys	Glu	Leu	Leu
						Phe	Gly
						Trp	Asp
						Leu	Ser
						Gln	Gln
						Thr	
			50			55	
							60
	Gln	Gln	Ala	Arg	Leu	Gln	Leu
						Val	Leu
						Glu	Glu
						Lys	Pro
						Thr	Thr
						Asn	
25	65		70			75	
							80

	Tyr	Cys	Gln	Lys	Val	Leu	Ser	Asn	Tyr	Val	Arg	Ser	Leu	Asn	Asp	Tyr
						85				90					95	
	His	Ala	Gly	Ile	Thr	Phe	Tyr	Arg	Thr	Glu	Ser	Ala	Tyr	Ile	Pro	Tyr
5				100					105					110		
	Val	Leu	Lys	Leu	Ser	Glu	Asp	Gly	His	Val	Phe	Val	Val	Asp	Val	Gln
				115				120						125		
	Thr	Ser	Gln	Gly	Asp	Ile	Tyr	Leu	Gly	Asp	Glu	Ile	Leu	Glu	Val	Asp
			130				135					140				
10	Gly	Met	Gly	Ile	Arg	Glu	Ala	Ile	Glu	Ser	Leu	Arg	Phe	Gly	Arg	Gly
		145				150					155				160	
	Ser	Ala	Thr	Asp	Tyr	Ser	Ala	Ala	Val	Arg	Ser	Leu	Thr	Ser	Arg	Ser
				165						170				175		
	Ala	Ala	Phe	Gly	Asp	Ala	Val	Pro	Ser	Gly	Ile	Ala	Met	Leu	Lys	Leu
15				180					185					190		
	Arg	Arg	Pro	Ser	Gly	Leu	Ile	Arg	Ser	Thr	Pro	Val	Arg	Trp	Arg	Tyr
				195				200						205		
	Thr	Pro	Glu	His	Ile	Gly	Asp	Phe	Ser	Leu	Val	Ala	Pro	Leu	Ile	Pro
			210				215						220			
20	Glu	His	Lys	Pro	Gln	Leu	Pro	Thr	Gln	Ser	Cys	Val	Leu	Phe	Arg	Ser
		225				230					235				240	
	Gly	Val	Asn	Ser	Gln	Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Leu	Phe	Ser	Ser	Tyr
				245						250				255		
	Val	Pro	Tyr	Phe	Trp	Glu	Glu	Leu	Arg	Val	Gln	Asn	Lys	Gln	Arg	Phe
25				260					265					270		

```

Asp Ser Asn His His Ile Gly Ser Arg Asn Gly Phe Leu Pro Thr Phe
      275                      280                      285

Gly Pro Ile Leu Trp Glu Gln Asp Lys Gly Pro Tyr Arg Ser Tyr Ile
5      290                      295                      300

Phe Lys Ala Lys Asp Ser Gln Gly Asn Pro His Arg Ile Gly Phe Leu
      305                      310                      315                      320

Arg Ile Ser Ser Tyr Val Trp Thr Asp Leu Glu Gly Leu Glu Glu Asp
      325                      330                      335

10 His Lys Asp Ser Pro Trp Glu Leu Phe Gly Glu Ile Ile Asp His Leu
      340                      345                      350

Glu Lys Glu Thr Asp Ala Leu Ile Ile Asp Gln Thr His Asn Pro Gly
      355                      360                      365

Gly Ser Val Phe Tyr Leu Tyr Ser Leu Leu Ser Met Leu Thr Asp His
15      370                      375                      380

Pro Leu Asp Thr Pro Lys His Arg Met Ile Phe Thr Gln Asp Glu Val
      385                      390                      395                      400

Ser Ser Ala Leu His Trp Gln Asp Leu Leu Glu Asp Val Phe Thr Asp
      405                      410                      415

20 Glu Gln Ala Val Ala Val Leu Gly Glu Thr Met Glu Gly Tyr Cys Met
      420                      425                      430

Asp Met His Ala Val Ala Ser Leu Gln Asn Phe Ser Gln Ser Val Leu
      435                      440                      445

Ser Ser Trp Val Ser Gly Asp Ile Asn Leu Ser Lys Pro Met Pro Leu
25      450                      455                      460

```

300

<400> 41		
	atgagttccg agaaagatat aaaaagcacc tgttctaagt tttctttgtc tgtagtagca	60
	gctatccttg cctctgttag cgggtagct agttgcgtag atcttcatgc tggaggacag	120
	tctgtaaata agctggtata tgtaggcct caagcgggtt tattgttaga ccaaattcga	180
5	gatctattcg ttgggtctaa agatagtcag gctgaaggac agtatagggt aattgtagga	240
	gatccaagtt ctttccaaga gaaagatgcg gatactcttc ccgggaagggt agagcaaagt	300
	actttgttct cagtaaccaa tcccgtaggt ttccaagggt tggaccaaca ggatcaagtc	360
	tcttcccaag ggttaatttg tagttttacg agcagcaacc ttgattctcc tcgtgacgga	420
	gaatcttttt taggtattgc ttttggtggg gatagtagta aggctggaat cacattaact	480
10	gacgtgaaag cttctttgtc tggagcggct ttatatctta cagaagatct tatctttgaa	540
	aagattaagg gtggattgga atttgcattc tgttcttctc tagaacaggg gggagcttgt	600
	gcagctcaaa gtattttgat tcatgattgt caaggattgc aggttaaaca ctgtactaca	660
	gccgtgaatg ctgaggggtc tagtgcaaat gatcatcttg gatttgaggg aggcgctttc	720
	tttgttacgg gttctctttc tggagagaaa agtctctata tgctgcagg agatatggta	780
15	gttgcaatt gtgatggggc tatactctttt gaaggaaaca gcgcgaactt tgctaattga	840
	ggagcgattg ctgcctctgg gaaagtgctt tttgtcgcta atgataaaaa gacttctttt	900
	atagagaacc gagctttgtc tggaggagcg attgcagcct cttctgatat tgcttttcaa	960
	aactgcgcag aactagtttt caaaggcaat tgtgcaattg gaacagagga taaaggttct	1020
	ttaggtggag gggctatata ttctctaggc accgttcttt tgcaaggga tcacgggata	1080
20	acttgtgata agaattgagtc tgcttcgcaa ggaggcgcca tttttggcaa aaattgtcag	1140
	atttctgaca acgaggggcc agtggttttc agagatagta cagcttgctt aggaggaggc	1200
	gctattgcag ctcaagaaat tgtttctatt cagaacaatc aggtgggat ttccttcgag	1260
	ggaggtaagg ctagtttcgg aggaggtatt gcgtgtggat ctttttcttc cgcaggtggt	1320
	gcttctgttt tagggaccat tgatatttcg aagaatttag gcgcgatttc gttctctcgt	1380
25	actttatgta cgacctcaga tttaggacaa atggagtacc agggaggagg agctctattt	1440

	ggtgaaaata tttctctttc tgagaatgct ggtgtgctca cttttaaaga caacattgtg	1500
	aagacttttg cttcgaatgg gaaaattctg ggaggaggag cgatttttagc tactggtaag	1560
	gtggaaatta ctaataattc cgaaggaatt tcttttacag gaaatgcgag agctccacaa	1620
	gctcttccaa ctcaagagga gtttccttta ttcagcaaaa aagaagggcg accactctct	1680
5	tcaggatatt ctgggggagg agcgatttta ggaagagaag tagctattct ccacaacgct	1740
	gcagtagtat ttgagcaaaa tcgtttgcag tgcagcgaag aagaagcgac attattaggt	1800
	tgttgtggag gaggcgctgt tcatgggatg gatagcactt cgattgttgg caactcttca	1860
	gtaagatttg gtaataatta cgcaatggga caaggagtct caggaggagc tcttttatct	1920
	aaaacagtgc agttagctgg gaatggaagc gtcgattttt ctcgaaatat tgctagtttg	1980
10	ggaggaggag ctcttcaagc ttctgaagga aattgtgagc tagttgataa cggctatgtg	2040
	ctattcagag ataatcgagg gagggtttat gggggtgcta tttcttgctt acgtggagat	2100
	gtagtcattt ctggaaacaa gggtagagtt gaatttaaag acaacatagc aacacgtctt	2160
	tatgtggaag aaactgtaga aaaggttgaa gaggtagagc cagctcctga gcaaaaagac	2220
	aataatgagc tttctttctt agggagagca gaacagagtt ttattactgc agctaataca	2280
15	gctcttttcg catctgaaga tggggattta tcacctgagt catccatttc ttctgaagaa	2340
	cttgcgaaaa gaagagagtg tgctggagga gctatttttg caaaacgggt tcgtattgta	2400
	gataaccaag aggccgttgt attctcgaat aacttctctg atatttatgg cggcgccatt	2460
	tttacagggt ctcttcgaga agaggataag ttagatgggc aaatccctga agtcttgatc	2520
	tcaggcaatg caggggatgt tgttttttcc ggaaattcct cgaagcgtga tgagcatctt	2580
20	cctcatagag gtgggggagc catttgtagt caaaatttga cgattttctca gaatacaggg	2640
	aatgttctgt ttataacaa cgtggcctgt tcgggaggag ctgttcgtat agaggatcat	2700
	ggtaatgttc ttttagaagc ttttgagga gatattgttt ttaaaggaaa ttcttctttc	2760
	agagcacaag gatccgatgc tatctatttt gcaggtaaag aatcgcatat tacagccctg	2820
	aatgctacgg aaggacatgc tattgttttc cacgacgcat tagtttttga aaatctagaa	2880
25	gaaaggaaat ctgctgaagt attgttaatc aatagtcgag aaaatccagg ttacactgga	2940

	tctattcgat	ttttagaagc	agaaagtaaa	gttcctcaat	gtattcatgt	acaacaagga	3000
	agccttgagt	tgctaaatgg	agccacatta	tgtagttatg	gttttaaaca	agatgctgga	3060
	gctaagttgg	tattggctgc	tggaagctaaa	ctgaagattt	tagattcagg	aactcctgta	3120
	caacaagggc	atgctatcag	taaacctgaa	gcagaaatcg	agtcattctt	tgaaccagag	3180
5	gggtgcacatt	ctctttggat	tgcaagaat	gctcaaaca	cagttcctat	ggttgatatc	3240
	catactattt	ctgtagattt	agcctcctt	tcttctagtc	aacaggaggg	gacagtagaa	3300
	gctcctcagg	ttattgttcc	tggaaggaagt	tatgttcgat	ctggagagct	taatttgag	3360
	ttagttaaca	caacaggtac	tggttatgaa	aatcatgctt	tattgaagaa	tgaggctaaa	3420
	gttcattga	tgtctttcgt	tgcttctggt	gatgaagctt	cagccgaaat	cagtaacttg	3480
10	tcggtttctg	atttacagat	tcatgtagta	actccagaga	ttgaagaaga	cacatacggc	3540
	catatgggag	attggtctga	ggctaaaatt	caagatggaa	ctcttgctat	tagttggaat	3600
	cctactggat	atcgattaga	tcctcaaaaa	gcaggggctt	tagtatttaa	tgcattatgg	3660
	gaagaagggg	ctgtcttgtc	tgctctgaaa	aatgcacgct	ttgctcataa	tctcactgct	3720
	cagcgtatgg	aattcgatta	ttctacaaat	gtgtggggat	tcgcctttgg	tggtttccga	3780
15	actctatctg	cagagaatct	ggttgctatt	gatggatata	aaggagctta	tggtggtgct	3840
	tctgctggag	tcgatattca	attgatggaa	gattttgttc	taggagttag	tggaagctgct	3900
	ttcctaggt	aaatggatag	tcagaagttt	gatgcggagg	tttctcggaa	gggagttggt	3960
	ggttctgtat	atacaggatt	tttagctgga	tcctggttct	tcaaaggaca	atatagcctt	4020
	ggagaaacac	agaacgatat	gaaaacgcgt	tatggagtac	taggagagtc	gagtgttct	4080
20	tggaacatct	gaggagtact	ggcagatgct	ttagttgaat	accgaagttt	agttggtcct	4140
	gtgagacct	ctttttatgc	tttgcatctt	aatccttatg	tcgaagtatc	ttatgcttct	4200
	atgaaattcc	ctggctttac	agaacaagga	agagaagcgc	gttcttttga	agacgcttcc	4260
	cttaccaata	tcaccattcc	tttagggatg	aagtttgaat	tggcgttcat	aaaaggacag	4320
	ttttcagagg	tgaactcttt	gggaataagt	tatgcatggg	aagcttatcg	aaaagtagaa	4380
25	ggaggcgcgg	tgcaagctttt	agaagctggg	tttgattggg	agggagctcc	aatggatctt	4440

cctagacagg agctgctgtg cgctctggaa aataatacgg aatggagttc ttacttcagc 4500
 acagtcttag gattaacagc tttttgtgga ggatttactt ctacagatag taaactagga 4560
 tatgaggcga atactggatt gcgattgatc ttttaa 4596

5 <210> 42

<211> 1531

<212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 42

10 Met Ser Ser Glu Lys Asp Ile Lys Ser Thr Cys Ser Lys Phe Ser Leu

1 5 10 15

Ser Val Val Ala Ala Ile Leu Ala Ser Val Ser Gly Leu Ala Ser Cys

20 25 30

Val Asp Leu His Ala Gly Gly Gln Ser Val Asn Glu Leu Val Tyr Val

15 35 40 45

Gly Pro Gln Ala Val Leu Leu Leu Asp Gln Ile Arg Asp Leu Phe Val

50 55 60

Gly Ser Lys Asp Ser Gln Ala Glu Gly Gln Tyr Arg Leu Ile Val Gly

65 70 75 80

20 Asp Pro Ser Ser Phe Gln Glu Lys Asp Ala Asp Thr Leu Pro Gly Lys

85 90 95

Val Glu Gln Ser Thr Leu Phe Ser Val Thr Asn Pro Val Val Phe Gln

100 105 110

Gly Val Asp Gln Gln Asp Gln Val Ser Ser Gln Gly Leu Ile Cys Ser

25 115 120 125

	Phe Thr Ser Ser Asn Leu Asp Ser Pro Arg Asp Gly Glu Ser Phe Leu
	130 135 140
	Gly Ile Ala Phe Val Gly Asp Ser Ser Lys Ala Gly Ile Thr Leu Thr
5	145 150 155 160
	Asp Val Lys Ala Ser Leu Ser Gly Ala Ala Leu Tyr Ser Thr Glu Asp
	165 170 175
	Leu Ile Phe Glu Lys Ile Lys Gly Gly Leu Glu Phe Ala Ser Cys Ser
	180 185 190
10	Ser Leu Glu Gln Gly Gly Ala Cys Ala Ala Gln Ser Ile Leu Ile His
	195 200 205
	Asp Cys Gln Gly Leu Gln Val Lys His Cys Thr Thr Ala Val Asn Ala
	210 215 220
	Glu Gly Ser Ser Ala Asn Asp His Leu Gly Phe Gly Gly Gly Ala Phe
15	225 230 235 240
	Phe Val Thr Gly Ser Leu Ser Gly Glu Lys Ser Leu Tyr Met Pro Ala
	245 250 255
	Gly Asp Met Val Val Ala Asn Cys Asp Gly Ala Ile Ser Phe Glu Gly
	260 265 270
20	Asn Ser Ala Asn Phe Ala Asn Gly Gly Ala Ile Ala Ala Ser Gly Lys
	275 280 285
	Val Leu Phe Val Ala Asn Asp Lys Lys Thr Ser Phe Ile Glu Asn Arg
	290 295 300
	Ala Leu Ser Gly Gly Ala Ile Ala Ala Ser Ser Asp Ile Ala Phe Gln
25	305 310 315 320

	Asn Cys Ala Glu Leu Val Phe Lys Gly Asn Cys Ala Ile Gly Thr Glu
	325 330 335
	Asp Lys Gly Ser Leu Gly Gly Gly Ala Ile Ser Ser Leu Gly Thr Val
5	340 345 350
	Leu Leu Gln Gly Asn His Gly Ile Thr Cys Asp Lys Asn Glu Ser Ala
	355 360 365
	Ser Gln Gly Gly Ala Ile Phe Gly Lys Asn Cys Gln Ile Ser Asp Asn
	370 375 380
10	Glu Gly Pro Val Val Phe Arg Asp Ser Thr Ala Cys Leu Gly Gly Gly
	385 390 395 400
	Ala Ile Ala Ala Gln Glu Ile Val Ser Ile Gln Asn Asn Gln Ala Gly
	405 410 415
	Ile Ser Phe Glu Gly Gly Lys Ala Ser Phe Gly Gly Gly Ile Ala Cys
15	420 425 430
	Gly Ser Phe Ser Ser Ala Gly Gly Ala Ser Val Leu Gly Thr Ile Asp
	435 440 445
	Ile Ser Lys Asn Leu Gly Ala Ile Ser Phe Ser Arg Thr Leu Cys Thr
	450 455 460
20	Thr Ser Asp Leu Gly Gln Met Glu Tyr Gln Gly Gly Gly Ala Leu Phe
	465 470 475 480
	Gly Glu Asn Ile Ser Leu Ser Glu Asn Ala Gly Val Leu Thr Phe Lys
	485 490 495
	Asp Asn Ile Val Lys Thr Phe Ala Ser Asn Gly Lys Ile Leu Gly Gly
25	500 505 510

	Gly	Ala	Ile	Leu	Ala	Thr	Gly	Lys	Val	Glu	Ile	Thr	Asn	Asn	Ser	Glu
	515						520						525			
	Gly	Ile	Ser	Phe	Thr	Gly	Asn	Ala	Arg	Ala	Pro	Gln	Ala	Leu	Pro	Thr
5	530						535						540			
	Gln	Glu	Glu	Phe	Pro	Leu	Phe	Ser	Lys	Lys	Glu	Gly	Arg	Pro	Leu	Ser
	545					550					555				560	
	Ser	Gly	Tyr	Ser	Gly	Gly	Gly	Ala	Ile	Leu	Gly	Arg	Glu	Val	Ala	Ile
					565				570						575	
10	Leu	His	Asn	Ala	Ala	Val	Val	Phe	Glu	Gln	Asn	Arg	Leu	Gln	Cys	Ser
					580				585					590		
	Glu	Glu	Glu	Ala	Thr	Leu	Leu	Gly	Cys	Cys	Gly	Gly	Gly	Ala	Val	His
					595				600					605		
	Gly	Met	Asp	Ser	Thr	Ser	Ile	Val	Gly	Asn	Ser	Ser	Val	Arg	Phe	Gly
15	610						615						620			
	Asn	Asn	Tyr	Ala	Met	Gly	Gln	Gly	Val	Ser	Gly	Gly	Ala	Leu	Leu	Ser
	625					630					635				640	
	Lys	Thr	Val	Gln	Leu	Ala	Gly	Asn	Gly	Ser	Val	Asp	Phe	Ser	Arg	Asn
					645						650				655	
20	Ile	Ala	Ser	Leu	Gly	Gly	Gly	Ala	Leu	Gln	Ala	Ser	Glu	Gly	Asn	Cys
					660						665				670	
	Glu	Leu	Val	Asp	Asn	Gly	Tyr	Val	Leu	Phe	Arg	Asp	Asn	Arg	Gly	Arg
					675						680				685	
	Val	Tyr	Gly	Gly	Ala	Ile	Ser	Cys	Leu	Arg	Gly	Asp	Val	Val	Ile	Ser
25	690						695						700			

	Gly	Asn	Lys	Gly	Arg	Val	Glu	Phe	Lys	Asp	Asn	Ile	Ala	Thr	Arg	Leu
	705					710						715				720
	Tyr	Val	Glu	Glu	Thr	Val	Glu	Lys	Val	Glu	Glu	Val	Glu	Pro	Ala	Pro
5						725						730				735
	Glu	Gln	Lys	Asp	Asn	Asn	Glu	Leu	Ser	Phe	Leu	Gly	Arg	Ala	Glu	Gln
						740						745				750
	Ser	Phe	Ile	Thr	Ala	Ala	Asn	Gln	Ala	Leu	Phe	Ala	Ser	Glu	Asp	Gly
						755						760				765
10	Asp	Leu	Ser	Pro	Glu	Ser	Ser	Ile	Ser	Ser	Glu	Glu	Leu	Ala	Lys	Arg
						770						775				780
	Arg	Glu	Cys	Ala	Gly	Gly	Ala	Ile	Phe	Ala	Lys	Arg	Val	Arg	Ile	Val
	785					790						795				800
	Asp	Asn	Gln	Glu	Ala	Val	Val	Phe	Ser	Asn	Asn	Phe	Ser	Asp	Ile	Tyr
15						805						810				815
	Gly	Gly	Ala	Ile	Phe	Thr	Gly	Ser	Leu	Arg	Glu	Glu	Asp	Lys	Leu	Asp
						820						825				830
	Gly	Gln	Ile	Pro	Glu	Val	Leu	Ile	Ser	Gly	Asn	Ala	Gly	Asp	Val	Val
						835						840				845
20	Phe	Ser	Gly	Asn	Ser	Ser	Lys	Arg	Asp	Glu	His	Leu	Pro	His	Thr	Gly
						850						855				860
	Gly	Gly	Ala	Ile	Cys	Thr	Gln	Asn	Leu	Thr	Ile	Ser	Gln	Asn	Thr	Gly
	865					870						875				880
	Asn	Val	Leu	Phe	Tyr	Asn	Asn	Val	Ala	Cys	Ser	Gly	Gly	Ala	Val	Arg
25						885						890				895

	Ile Glu Asp His Gly Asn Val Leu Leu Glu Ala Phe Gly Gly Asp Ile
	900 905 910
	Val Phe Lys Gly Asn Ser Ser Phe Arg Ala Gln Gly Ser Asp Ala Ile
5	915 920 925
	Tyr Phe Ala Gly Lys Glu Ser His Ile Thr Ala Leu Asn Ala Thr Glu
	930 935 940
	Gly His Ala Ile Val Phe His Asp Ala Leu Val Phe Glu Asn Leu Glu
	945 950 955 960
10	Glu Arg Lys Ser Ala Glu Val Leu Leu Ile Asn Ser Arg Glu Asn Pro
	965 970 975
	Gly Tyr Thr Gly Ser Ile Arg Phe Leu Glu Ala Glu Ser Lys Val Pro
	980 985 990
	Gln Cys Ile His Val Gln Gln Gly Ser Leu Glu Leu Leu Asn Gly Ala
15	995 1000 1005
	Thr Leu Cys Ser Tyr Gly Phe Lys Gln Asp Ala Gly Ala Lys Leu
	1010 1015 1020
	Val Leu Ala Ala Gly Ala Lys Leu Lys Ile Leu Asp Ser Gly Thr
	1025 1030 1035
20	Pro Val Gln Gln Gly His Ala Ile Ser Lys Pro Glu Ala Glu Ile
	1040 1045 1050
	Glu Ser Ser Ser Glu Pro Glu Gly Ala His Ser Leu Trp Ile Ala
	1055 1060 1065
	Lys Asn Ala Gln Thr Thr Val Pro Met Val Asp Ile His Thr Ile
25	1070 1075 1080

	Ser Val	Asp Leu Ala Ser Phe	Ser Ser Ser Gln Gln	Glu Gly Thr
	1085		1090	1095
	Val Glu	Ala Pro Gln Val Ile	Val Pro Gly Gly Ser	Tyr Val Arg
5	1100		1105	1110
	Ser Gly	Glu Leu Asn Leu Glu	Leu Val Asn Thr Thr	Gly Thr Gly
	1115		1120	1125
	Tyr Glu	Asn His Ala Leu Leu	Lys Asn Glu Ala Lys	Val Pro Leu
	1130		1135	1140
10	Met Ser	Phe Val Ala Ser Gly	Asp Glu Ala Ser Ala	Glu Ile Ser
	1145		1150	1155
	Asn Leu	Ser Val Ser Asp Leu	Gln Ile His Val Val	Thr Pro Glu
	1160		1165	1170
	Ile Glu	Glu Asp Thr Tyr Gly	His Met Gly Asp Trp	Ser Glu Ala
15	1175		1180	1185
	Lys Ile	Gln Asp Gly Thr Leu	Val Ile Ser Trp Asn	Pro Thr Gly
	1190		1195	1200
	Tyr Arg	Leu Asp Pro Gln Lys	Ala Gly Ala Leu Val	Phe Asn Ala
	1205		1210	1215
20	Leu Trp	Glu Glu Gly Ala Val	Leu Ser Ala Leu Lys	Asn Ala Arg
	1220		1225	1230
	Phe Ala	His Asn Leu Thr Ala	Gln Arg Met Glu Phe	Asp Tyr Ser
	1235		1240	1245
	Thr Asn	Val Trp Gly Phe Ala	Phe Gly Gly Phe Arg	Thr Leu Ser
25	1250		1255	1260

	Ala	Glu	Asn	Leu	Val	Ala	Ile	Asp	Gly	Tyr	Lys	Gly	Ala	Tyr	Gly
	1265							1270							1275
	Gly	Ala	Ser	Ala	Gly	Val	Asp	Ile	Gln	Leu	Met	Glu	Asp	Phe	Val
5	1280							1285							1290
	Leu	Gly	Val	Ser	Gly	Ala	Ala	Phe	Leu	Gly	Lys	Met	Asp	Ser	Gln
	1295							1300							1305
	Lys	Phe	Asp	Ala	Glu	Val	Ser	Arg	Lys	Gly	Val	Val	Gly	Ser	Val
	1310							1315							1320
10	Tyr	Thr	Gly	Phe	Leu	Ala	Gly	Ser	Trp	Phe	Phe	Lys	Gly	Gln	Tyr
	1325							1330							1335
	Ser	Leu	Gly	Glu	Thr	Gln	Asn	Asp	Met	Lys	Thr	Arg	Tyr	Gly	Val
	1340							1345							1350
	Leu	Gly	Glu	Ser	Ser	Ala	Ser	Trp	Thr	Ser	Arg	Gly	Val	Leu	Ala
15	1355							1360							1365
	Asp	Ala	Leu	Val	Glu	Tyr	Arg	Ser	Leu	Val	Gly	Pro	Val	Arg	Pro
	1370							1375							1380
	Thr	Phe	Tyr	Ala	Leu	His	Phe	Asn	Pro	Tyr	Val	Glu	Val	Ser	Tyr
	1385							1390							1395
20	Ala	Ser	Met	Lys	Phe	Pro	Gly	Phe	Thr	Glu	Gln	Gly	Arg	Glu	Ala
	1400							1405							1410
	Arg	Ser	Phe	Glu	Asp	Ala	Ser	Leu	Thr	Asn	Ile	Thr	Ile	Pro	Leu
	1415							1420							1425
	Gly	Met	Lys	Phe	Glu	Leu	Ala	Phe	Ile	Lys	Gly	Gln	Phe	Ser	Glu
25	1430							1435							1440

	Val	Asn	Ser	Leu	Gly	Ile	Ser	Tyr	Ala	Trp	Glu	Ala	Tyr	Arg	Lys	
	1445						1450					1455				
	Val	Glu	Gly	Gly	Ala	Val	Gln	Leu	Leu	Glu	Ala	Gly	Phe	Asp	Trp	
	1460						1465					1470				
5	Glu	Gly	Ala	Pro	Met	Asp	Leu	Pro	Arg	Gln	Glu	Leu	Arg	Val	Ala	
	1475						1480					1485				
	Leu	Glu	Asn	Asn	Thr	Glu	Trp	Ser	Ser	Tyr	Phe	Ser	Thr	Val	Leu	
	1490						1495					1500				
	Gly	Leu	Thr	Ala	Phe	Cys	Gly	Gly	Phe	Thr	Ser	Thr	Asp	Ser	Lys	
10	1505						1510					1515				
	Leu	Gly	Tyr	Glu	Ala	Asn	Thr	Gly	Leu	Arg	Leu	Ile	Phe			
	1520						1525					1530				
	<210>	43														
15	<211>	4563														
	<212>	ADN														
	<213>	Chlamydia muridarum														
	<400>	43														
	atgagttccg	agaaagataa	aaaaaactcc	tggttctaagt	tttccttatc	ggtagtagca	60									
20	gctattctcg	cttctatgag	tggtttatcg	aattgttccg	atctttatgc	cgtaggaagt	120									
	tctgcagacc	atcctgccta	cttgattcct	caagcggggg	tattattgga	tcatattaag	180									
	gatataattca	ttggccctaa	agatagtcag	gataaggggc	agtataagtt	gattattggt	240									
	gaggctggct	ctttccaaga	tagtaatgca	gagactcttc	ctcaaaaggt	agagcacagc	300									
	actttgtttt	cagttacaac	acctataatt	gtgcaaggaa	tagatcaaca	agatcaggtc	360									
25	tcttcgcagg	gattggtctg	taatttttca	ggagatcatt	cagaggagat	ttttgagaga	420									

	gaatcctttt tagggatcgc tttcctaggg aatggtagca aggatggaat cacgttaaca	480
	gatataaaat cttcgttatc tggtgctgcc ttgtattctt cagatgatct ttttttgaa	540
	agaattaagg gagatataga gctttcttct tgttcatctt tagaaagagg aggagcttgt	600
	tcagctcaaa gtattttaat tcatgattgt caaggattaa cggtaaaaca ttgtgccgca	660
5	ggggtgaatg ttgaaggagt tagtgctagc gaccatctcg gatttggggg cggggccttc	720
	tctactacaa gttctctttc tggagagaag agtttgata tgctgcagg cgatattgtg	780
	gtggctacct gcgatgggcc tgtgtgtttc gaaggaaata gtgctcagtt agcaaagggt	840
	ggcgctattg ccgcttctgg taaagtctct tttgtagcta acgaaaaaaaa gatttccttt	900
	acagacaacc aagctttgtc tggaggagct atttctgcat cttctagtat ttctttccaa	960
10	aattgtgctg agcttgtgtt caagagtaat cttgcaaaag gagttaaaga taaatgttct	1020
	ttgggaggag gtgcttttagc ctcttttagaa tccgtagttt tgaaagataa tctcggtatt	1080
	acttatgaaa aaaatcagtc ctattcggaa ggaggggcta tttttgggaa ggattgtgag	1140
	atTTTTgaaa acagggggcc tgttgatttc agagataata cagctgcttt aggaggcgga	1200
	gctatTTTgg cgcaacaaac tgtggcgatt tgtggtaata agtctggaat atctTTtgaa	1260
15	ggaagtaagt ctagttttgg aggggccatt gcttgtggaa atttctcttc tgagaataat	1320
	tcttcagctt tgggatcaat tgatatctct aacaatctag gagatatctc ttttcttcgg	1380
	actctgtgta ctacttcgga tttagggcaa acggattacc aagggggagg ggccttattc	1440
	gctgaaaata tttctctttc tgagaatgct ggtgcaatta ctttcaaaga caatattgtg	1500
	aagacatttg cctcaaattg aaaaatgttg ggtggagggg caatttttagc ttcaggaaat	1560
20	gttttgatta gcaaaaactc tggagagatt tcttttgtag ggaatgctcg agctcctcag	1620
	gctattccga ctcgttcac c tgacgaattg tcttttggcg cacaattaac tcaaactact	1680
	tcaggatgtt ctggaggagg agctcttttt ggtaaagagg ttgccattgt tcaaaatgcc	1740
	actgttgat tcgagcaaaa tcgcttacag tgtggcgagc aggaaacaca tgggtggaggc	1800
	ggtgctgttt atggtatgga gagtgcctct attattggaa actcttttgt gagattcgga	1860
25	aataattacg ctgtagggaa tcagatttct ggaggagctc ttttatccaa gaagggtccgt	1920

	ttagctgaaa atacaagggt agatTTTTct cgaaatatcg ctactttctg cggcggggct	1980
	gttcaagttt ctgatggaag ttgcgaattg atcaacaatg ggtatgtgct attcagagat	2040
	aaccgagggc agacatttgg tggggctatt tcttgcttga aaggagatgt gatcatttcc	2100
	ggaaataaag ataggggttga gtttagagat aacattgtga cgcggcctta ttttgaagaa	2160
5	aatgaagaaa aagttgagac agcagatatt aattcagata agcaagaagc agaagagcgc	2220
	tctttattag agaacattga gcagagcttt attactgcaa ctaatcagac ctttttctta	2280
	gaggaagaga aactcccatc agaagctttt atctctgctg aagaactttc aaagagaaga	2340
	gaatgtgctg gtggggcgat ttttgcaaaa cgggtctaca ttacggataa taaagaacct	2400
	atcttgTTTT cgcataattt ttctgatgtt tatgggggag ctattttttac gggttctcta	2460
10	caggaaactg ataaacaaga tggtgtaact cctgaagttg tgatatcagg caacgatggg	2520
	gatgtcattt tttctggaaa tgcagctaaa catgataagc atttacctga tacaggtggt	2580
	ggagccattt gtacacagaa tttgacgatt tcccaaaaca atgggaatgt cttgttcttg	2640
	aacaattttg cttgttctgg tggagcagtt cgcatagagg atcatggaga agttctttta	2700
	gaggcttttg ggggagatat tattttcaat ggaaactctt ctttcagagc tcaaggatcg	2760
15	gatgcgatct attttgctgg taaggactct agaattaaag ctttaaagtc tactgaagga	2820
	catgcgattg tgttccaaga tgcattggtg tttgaaaata tagaagaaag aaagtcttcg	2880
	ggactattgg tgattaactc tcaggaaaat gaggggtata cgggatccgt ccgattttta	2940
	ggatctgaaa gtaaggttcc tcaatggatt catgtgcaac agggaggtct tgagttgcta	3000
	catggagcta ttttatgtag ttatgggggt aaacaagatc ctagagctaa aatagtatta	3060
20	tctgctggat ctaaattgaa gattctagat tcagagcaag aaaataacgc agaaattgga	3120
	gatcttgaag attctgttaa ttcagaaaaa acaccatctc tttggattgg gaagaacgct	3180
	caagcaaaag tccctctggt tgatatccat actatttcta ttgatttagc atcattttct	3240
	tctaaagctc aggaaacccc tgaggaagct ccacaagtca tcgtccctaa gggaagttgt	3300
	gtccactcgg gagagttaag tttggagttg gttaatacaa caggaaaagg ttatgagaat	3360
25	catgcgttgt taaaaaatga tactcaggtt tctctcatgt ctttcaaaga ggaaaatgat	3420

	ggatcttttag aagatttgag taagttgtct gtttcggatt tacgcattaa agtttctact	3480
	ccagatattg tagaagaaac ttatggccat atgggggatt ggtctgaagc tacaattcaa	3540
	gatggggctc ttgtcattaa ttggcatcct actggatata aattagatcc gcaaaaagct	3600
	ggttcttttg tattcaatgc attatgggag gaagaggctg tattgtctac tctaaaaaat	3660
5	gctcggattg ccataacct taccattcag agaatggaat ttgattattc tacaatgct	3720
	tggggattag ctttttagtag ctttagagag ctatcttcag agaagcttgt ttctgttgat	3780
	ggatatagag gctcttatat aggggcttct gcaggcattg atactcagtt gatggaagat	3840
	tttgtttttg gaatcagcac ggcttccttc ttcgggaaaa tgcatagtca gaattttgat	3900
	gcagagattt ctcgacatgg ttttgttggt tcggtctata caggcttcct agctggggcc	3960
10	tggttcttca aggggcagta cagtcttggc gaaacacata acgatatgac aactcgttac	4020
	ggggtttttg gagaatctaa tgctacttgg aagtctcgag gagtactagc agatgcttta	4080
	gttgaatatc gtagtttagt cggtcagca cgacctaaat tttatgcttt gcattttaat	4140
	ccttatgtcg aggtatctta tgcactgcg aagttcccta gttttgtaga acaaggagga	4200
	gaagctcgtg cttttgaaga aacctcttta acaaacatta ccgttcctt tggtatgaaa	4260
15	tttgaactat cttttacaaa aggacagttt tcagagacta attctcttgg aataggttgt	4320
	gcatgggaaa tgtatcgga agtcgaagga agatctgtag agctactaga agctggtttt	4380
	gattgggaag gatctcctat agatctccct aaacaagagc tgagagtggc tttagaaaac	4440
	aatacgaat ggagttcgta ttttagtaca gctctaggag taacagcatt ttgtggagga	4500
	ttttcttcta tggataataa actaggatac gaagcgaatg ctggaatgcg tttgattttc	4560
20	tag	4563

- <210> 44
- <211> 1520
- <212> PRT
- 25 <213> Chlamydia muridarum

<400> 44

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

Ser Leu Glu Arg Gly Gly Ala Cys Ser Ala Gln Ser Ile Leu Ile His
195 200 205

Asp Cys Gln Gly Leu Thr Val Lys His Cys Ala Ala Gly Val Asn Val
5 210 215 220

Glu Gly Val Ser Ala Ser Asp His Leu Gly Phe Gly Gly Gly Ala Phe
225 230 235 240

Ser Thr Thr Ser Ser Leu Ser Gly Glu Lys Ser Leu Tyr Met Pro Ala
245 250 255

10 Gly Asp Ile Val Val Ala Thr Cys Asp Gly Pro Val Cys Phe Glu Gly
260 265 270

Asn Ser Ala Gln Leu Ala Asn Gly Gly Ala Ile Ala Ala Ser Gly Lys
275 280 285

Val Leu Phe Val Ala Asn Glu Lys Lys Ile Ser Phe Thr Asp Asn Gln
15 290 295 300

Ala Leu Ser Gly Gly Ala Ile Ser Ala Ser Ser Ser Ile Ser Phe Gln
305 310 315 320

Asn Cys Ala Glu Leu Val Phe Lys Ser Asn Leu Ala Lys Gly Val Lys
325 330 335

20 Asp Lys Cys Ser Leu Gly Gly Gly Ala Leu Ala Ser Leu Glu Ser Val
340 345 350

Val Leu Lys Asp Asn Leu Gly Ile Thr Tyr Glu Lys Asn Gln Ser Tyr
355 360 365

Ser Glu Gly Gly Ala Ile Phe Gly Lys Asp Cys Glu Ile Phe Glu Asn
25 370 375 380

Arg Gly Pro Val Val Phe Arg Asp Asn Thr Ala Ala Leu Gly Gly Gly
 385 390 395 400
 Ala Ile Leu Ala Gln Gln Thr Val Ala Ile Cys Gly Asn Lys Ser Gly
 5 405 410 415
 Ile Ser Phe Glu Gly Ser Lys Ser Ser Phe Gly Gly Ala Ile Ala Cys
 420 425 430
 Gly Asn Phe Ser Ser Glu Asn Asn Ser Ser Ala Leu Gly Ser Ile Asp
 435 440 445
 10 Ile Ser Asn Asn Leu Gly Asp Ile Ser Phe Leu Arg Thr Leu Cys Thr
 450 455 460
 Thr Ser Asp Leu Gly Gln Thr Asp Tyr Gln Gly Gly Gly Ala Leu Phe
 465 470 475 480
 Ala Glu Asn Ile Ser Leu Ser Glu Asn Ala Gly Ala Ile Thr Phe Lys
 15 485 490 495
 Asp Asn Ile Val Lys Thr Phe Ala Ser Asn Gly Lys Met Leu Gly Gly
 500 505 510
 Gly Ala Ile Leu Ala Ser Gly Asn Val Leu Ile Ser Lys Asn Ser Gly
 515 520 525
 20 Glu Ile Ser Phe Val Gly Asn Ala Arg Ala Pro Gln Ala Ile Pro Thr
 530 535 540
 Arg Ser Ser Asp Glu Leu Ser Phe Gly Ala Gln Leu Thr Gln Thr Thr
 545 550 555 560
 Ser Gly Cys Ser Gly Gly Gly Ala Leu Phe Gly Lys Glu Val Ala Ile
 25 565 570 575

	Val	Gln	Asn	Ala	Thr	Val	Val	Phe	Glu	Gln	Asn	Arg	Leu	Gln	Cys	Gly
				580					585					590		
	Glu	Gln	Glu	Thr	His	Gly	Gly	Gly	Gly	Ala	Val	Tyr	Gly	Met	Glu	Ser
5			595					600					605			
	Ala	Ser	Ile	Ile	Gly	Asn	Ser	Phe	Val	Arg	Phe	Gly	Asn	Asn	Tyr	Ala
			610					615					620			
	Val	Gly	Asn	Gln	Ile	Ser	Gly	Gly	Ala	Leu	Leu	Ser	Lys	Lys	Val	Arg
	625					630					635					640
10	Leu	Ala	Glu	Asn	Thr	Arg	Val	Asp	Phe	Ser	Arg	Asn	Ile	Ala	Thr	Phe
					645						650				655	
	Cys	Gly	Gly	Ala	Val	Gln	Val	Ser	Asp	Gly	Ser	Cys	Glu	Leu	Ile	Asn
				660						665				670		
	Asn	Gly	Tyr	Val	Leu	Phe	Arg	Asp	Asn	Arg	Gly	Gln	Thr	Phe	Gly	Gly
15			675						680					685		
	Ala	Ile	Ser	Cys	Leu	Lys	Gly	Asp	Val	Ile	Ile	Ser	Gly	Asn	Lys	Asp
			690						695					700		
	Arg	Val	Glu	Phe	Arg	Asp	Asn	Ile	Val	Thr	Arg	Pro	Tyr	Phe	Glu	Glu
	705					710						715				720
20	Asn	Glu	Glu	Lys	Val	Glu	Thr	Ala	Asp	Ile	Asn	Ser	Asp	Lys	Gln	Glu
						725						730				735
	Ala	Glu	Glu	Arg	Ser	Leu	Leu	Glu	Asn	Ile	Glu	Gln	Ser	Phe	Ile	Thr
						740								745		
	Ala	Thr	Asn	Gln	Thr	Phe	Phe	Leu	Glu	Glu	Glu	Lys	Leu	Pro	Ser	Glu
25			755						760					765		

	Ala	Phe	Ile	Ser	Ala	Glu	Glu	Leu	Ser	Lys	Arg	Arg	Glu	Cys	Ala	Gly
	770							775								780
	Gly	Ala	Ile	Phe	Ala	Lys	Arg	Val	Tyr	Ile	Thr	Asp	Asn	Lys	Glu	Pro
5	785					790						795				800
	Ile	Leu	Phe	Ser	His	Asn	Phe	Ser	Asp	Val	Tyr	Gly	Gly	Ala	Ile	Phe
					805						810				815	
	Thr	Gly	Ser	Leu	Gln	Glu	Thr	Asp	Lys	Gln	Asp	Val	Val	Thr	Pro	Glu
					820						825				830	
10	Val	Val	Ile	Ser	Gly	Asn	Asp	Gly	Asp	Val	Ile	Phe	Ser	Gly	Asn	Ala
					835						840				845	
	Ala	Lys	His	Asp	Lys	His	Leu	Pro	Asp	Thr	Gly	Gly	Gly	Ala	Ile	Cys
					850						855				860	
	Thr	Gln	Asn	Leu	Thr	Ile	Ser	Gln	Asn	Asn	Gly	Asn	Val	Leu	Phe	Leu
15	865					870						875				880
	Asn	Asn	Phe	Ala	Cys	Ser	Gly	Gly	Ala	Val	Arg	Ile	Glu	Asp	His	Gly
					885						890				895	
	Glu	Val	Leu	Leu	Glu	Ala	Phe	Gly	Gly	Asp	Ile	Ile	Phe	Asn	Gly	Asn
					900						905				910	
20	Ser	Ser	Phe	Arg	Ala	Gln	Gly	Ser	Asp	Ala	Ile	Tyr	Phe	Ala	Gly	Lys
					915						920				925	
	Asp	Ser	Arg	Ile	Lys	Ala	Leu	Asn	Ala	Thr	Glu	Gly	His	Ala	Ile	Val
					930						935				940	
	Phe	Gln	Asp	Ala	Leu	Val	Phe	Glu	Asn	Ile	Glu	Glu	Arg	Lys	Ser	Ser
25	945					950						955				960

	Gly	Leu	Leu	Val	Ile	Asn	Ser	Gln	Glu	Asn	Glu	Gly	Tyr	Thr	Gly	Ser
						965				970						975
	Val	Arg	Phe	Leu	Gly	Ser	Glu	Ser	Lys	Val	Pro	Gln	Trp	Ile	His	Val
5						980				985						990
	Gln	Gln	Gly	Gly	Leu	Glu	Leu	Leu	His	Gly	Ala	Ile	Leu	Cys	Ser	Tyr
						995				1000						1005
	Gly	Val	Lys	Gln	Asp	Pro	Arg	Ala	Lys	Ile	Val	Leu	Ser	Ala	Gly	
						1010				1015						1020
10	Ser	Lys	Leu	Lys	Ile	Leu	Asp	Ser	Glu	Gln	Glu	Asn	Asn	Ala	Glu	
						1025				1030						1035
	Ile	Gly	Asp	Leu	Glu	Asp	Ser	Val	Asn	Ser	Glu	Lys	Thr	Pro	Ser	
						1040				1045						1050
	Leu	Trp	Ile	Gly	Lys	Asn	Ala	Gln	Ala	Lys	Val	Pro	Leu	Val	Asp	
15						1055				1060						1065
	Ile	His	Thr	Ile	Ser	Ile	Asp	Leu	Ala	Ser	Phe	Ser	Ser	Lys	Ala	
						1070				1075						1080
	Gln	Glu	Thr	Pro	Glu	Glu	Ala	Pro	Gln	Val	Ile	Val	Pro	Lys	Gly	
						1085				1090						1095
20	Ser	Cys	Val	His	Ser	Gly	Glu	Leu	Ser	Leu	Glu	Leu	Val	Asn	Thr	
						1100				1105						1110
	Thr	Gly	Lys	Gly	Tyr	Glu	Asn	His	Ala	Leu	Leu	Lys	Asn	Asp	Thr	
						1115				1120						1125
	Gln	Val	Ser	Leu	Met	Ser	Phe	Lys	Glu	Glu	Asn	Asp	Gly	Ser	Leu	
25						1130				1135						1140

	Glu Asp	Leu Ser Lys Leu Ser	Val Ser Asp Leu Arg	Ile Lys Val
	1145	1150	1155	
	Ser Thr	Pro Asp Ile Val Glu	Glu Thr Tyr Gly His	Met Gly Asp
5	1160	1165	1170	
	Trp Ser	Glu Ala Thr Ile Gln	Asp Gly Ala Leu Val	Ile Asn Trp
	1175	1180	1185	
	His Pro	Thr Gly Tyr Lys Leu	Asp Pro Gln Lys Ala	Gly Ser Leu
	1190	1195	1200	
10	Val Phe	Asn Ala Leu Trp Glu	Glu Glu Ala Val Leu	Ser Thr Leu
	1205	1210	1215	
	Lys Asn	Ala Arg Ile Ala His	Asn Leu Thr Ile Gln	Arg Met Glu
	1220	1225	1230	
	Phe Asp	Tyr Ser Thr Asn Ala	Trp Gly Leu Ala Phe	Ser Ser Phe
15	1235	1240	1245	
	Arg Glu	Leu Ser Ser Glu Lys	Leu Val Ser Val Asp	Gly Tyr Arg
	1250	1255	1260	
	Gly Ser	Tyr Ile Gly Ala Ser	Ala Gly Ile Asp Thr	Gln Leu Met
	1265	1270	1275	
20	Glu Asp	Phe Val Leu Gly Ile	Ser Thr Ala Ser Phe	Phe Gly Lys
	1280	1285	1290	
	Met His	Ser Gln Asn Phe Asp	Ala Glu Ile Ser Arg	His Gly Phe
	1295	1300	1305	
	Val Gly	Ser Val Tyr Thr Gly	Phe Leu Ala Gly Ala	Trp Phe Phe
25	1310	1315	1320	

	Lys Gly	Gln Tyr Ser Leu Gly	Glu Thr His Asn Asp	Met Thr Thr
	1325	1330	1335	
	Arg Tyr	Gly Val Leu Gly Glu	Ser Asn Ala Thr Trp	Lys Ser Arg
5	1340	1345	1350	
	Gly Val	Leu Ala Asp Ala Leu	Val Glu Tyr Arg Ser	Leu Val Gly
	1355	1360	1365	
	Pro Ala	Arg Pro Lys Phe Tyr	Ala Leu His Phe Asn	Pro Tyr Val
	1370	1375	1380	
10	Glu Val	Ser Tyr Ala Ser Ala	Lys Phe Pro Ser Phe	Val Glu Gln
	1385	1390	1395	
	Gly Gly	Glu Ala Arg Ala Phe	Glu Glu Thr Ser Leu	Thr Asn Ile
	1400	1405	1410	
	Thr Val	Pro Phe Gly Met Lys	Phe Glu Leu Ser Phe	Thr Lys Gly
15	1415	1420	1425	
	Gln Phe	Ser Glu Thr Asn Ser	Leu Gly Ile Gly Cys	Ala Trp Glu
	1430	1435	1440	
	Met Tyr	Arg Lys Val Glu Gly	Arg Ser Val Glu Leu	Leu Glu Ala
	1445	1450	1455	
20	Gly Phe	Asp Trp Glu Gly Ser	Pro Ile Asp Leu Pro	Lys Gln Glu
	1460	1465	1470	
	Leu Arg	Val Ala Leu Glu Asn	Asn Thr Glu Trp Ser	Ser Tyr Phe
	1475	1480	1485	
	Ser Thr	Ala Leu Gly Val Thr	Ala Phe Cys Gly Gly	Phe Ser Ser
25	1490	1495	1500	

Met Asp Asn Lys Leu Gly Tyr Glu Ala Asn Ala Gly Met Arg Leu

1505

1510

1515

Ile Phe

1520

5

<210> 45

<211> 4614

<212> ADN

<213> *Chlamydia psittaci*

10

<400> 45

atgggtcgcaa aaaaggtatc aagatttcca aaatctacat tttcccatc cgtagtttta 60

gcaatattag tttctactgg gatgactgct aataatcata gattatatgg ttatgagaca 120

gtttcagagg cgtttttgag tgattcttct ttgaaaacco aattagaaac gacttctgcg 180

gggtgttttta gaaaagtaaa atctactgat acacaagagg ttcagaaaga aaataaagaa 240

15

gaaaatacgc ctgtagagac ttcttttata gagaatgctt cttcatgttc tgttgctatt 300

ttaggctcag aatgcggtca aagacagcat ttagtcaatg ccagtacttt gtttgagata 360

tcggattctt tatcatggaa gagtatagat ggcgagttgt ctaaaagctc caagaagtct 420

gctacagccg aagatgcaga gagaaaatat cttgtggatg attccagtca aggttttagct 480

ttttgttata aaaacccatc agattgtgtt gtggatgaaa ctacgcctgg attcttaggt 540

20

gttgctcttg taggagtggg atctacatca ggactatctt tttctaattt aaagtcgctc 600

tcagcaggat ctgcggtcta ttctgatgaa gatgttgttt ttgaacacct taaagaaaaa 660

ctgttttttg aaggttgtga gtctcaagca ggtggtggag ctgtttcagg acgtagtatt 720

gctataaatg gttgccatga cgtttctgca gtgtcttgta agaccgattt agatcttgca 780

tcttctgaag tcgtagattt ttccaaaggt ggaggtgctt ttaacgcgca taaggtgcat 840

25

ggatgaagcac ataaatccag attttttact ggagaaatca tctttacagc caattctggg 900

	aatgttttgc tagatggtaa tcatgcagac aaggcgaacg gtggagttgt agcctgtgga	960
	gcatttgttt gttctgtaaa tcgtggagat atccgctaca caagtaaccg cgctctatct	1020
	ggaggcgctg tatctgcttt taagtctatt gattttgttg gaaacgtagg attgatagag	1080
	tttgtagata accaggcttt aatttctcct gaaagttctt tatttttagg tgggtggggcc	1140
5	ttagcttctg gagagagaat tagtttctta aacaatggag gcatccattg ttgcaaaaac	1200
	acctctaaat cctctggagg agctctttta tctagggatg taagaattgt agagaacatc	1260
	ggaaattctt tgtttaagga aaactctgct caagtcgtag gtggagccat tagttctcaa	1320
	aatcaagtag aggttgggtca gaattttgga aatatcactt ttgaaggtaa tacttccaag	1380
	atgggtggtg gagctattca ctgtttatct gctcagcaac cttatacgag ttctgaagaa	1440
10	gctctggaag gatctgggga tatcaagatt gttgataatt cgggggctgt aaattttgca	1500
	tctaatagaga acctattgga atctcaagag acacatagtc atattggtgg tgggtgctcta	1560
	tacggatcaa atgttttagt ttcaggcaat attggagagg ttactttttc taagaatacc	1620
	gctggtcaat gtgaatccga cagtacctgt ataggtggtg gagcggtttt tgctaatagag	1680
	gctgttagaa tagtagataa ctcaggagcg attactttct cttataataa agggacaatt	1740
15	cttccatttc ctaaagttgc tgcaagttct gaaggggaaa gtgctccaga agctcctaaa	1800
	gagtcatctc ctgtagattt aggggttcgc ggcggtggag caatttttgc caagcgata	1860
	gagatagcag ataactctgg tgtactatct ttctcagata atttcatgaa aattagagat	1920
	aataaggcac aaaaagagaa tcctctaggc ggtggtgctt tatttgggat agatgaagtc	1980
	ggtttgaaaa ataataaaga acttgcattc actaataacc atgtctctgg tgagaatagt	2040
20	agcgggtggtg ctgtcctatc taaagttgtc actattgctg ataatggaaa agtacaattt	2100
	ttccgcaatt attcgaattt ccttgggtgg ggcgtttggt ctctaggaga tgctctaaac	2160
	attaaaaata atgaatcttc agtatctttt attggcaaca gaactgtgac tgctggtgga	2220
	gcgcttgcta gtgctgcagg tgatgtttct atttctaaaa accttgggaa agtagaattt	2280
	aaggataatt tagtttttgg cgattctcgt gtagataatc ttgaagaagg tcaactcaac	2340
25	actacaggac atcatagtgg cggcgggtgcc atttttgcta aagcttcagt ggttattcgt	2400

	gaaaataaaag atcaggtgct tttctcaggg aattcttcag gatgtttcgg tgggtgcgatt	2460
	ttaacagggt ctttaacccc agaagatcaa gagcgttttg cttctaaggt agtgaatgat	2520
	aataactaaag tcgttattac agagaacatt ggagacgtag tatttttcagg aaatagcact	2580
	acggcttcaa aacatcctga gcataatttg ttcgggtggtg gtgctatcta tacccaagac	2640
5	ttaattatca ataaaaatgc aggttctgta gctttttata ataactacgc tcctacagggt	2700
	ggtgctgtcc gtattagtga aaaggggaact gtgatttttag aggctctagg aggagatatt	2760
	gttttccaag gaaatagaaa ttctgaagat atctctaattg gattatattt tgccggaaaa	2820
	gagtcgaaat tagttgaggt atctgcttct ggggaaaaaa cggttaattt ttcagatgcc	2880
	attatctttg aagatttaac cttaagacaa ggcctagaag gtcgtgagga tatttttaa	2940
10	gacctacat tagtattgaa ttctaaggct aaagatgatt ctgaagtttc tcattctgga	3000
	aacattcgct ttgcctatgc gacatctaag attcctcaag tcgctgtatt agaatcagga	3060
	actcttattt tatctgataa tgctgagttg tggttgtgtg gcttaaaaca agagaaaggt	3120
	agtgagatct tgctctcagc aggaactgta ttacgtattt tcgacctaata tgctaagcct	3180
	gaagaaaagc ctgaaagtcc ttctgcaaga tcttactata gtgcttatga ttctgctaga	3240
15	aatcctgaag agaagacttt ggcagacatc agtgttattg gtgtagatct agcttctttt	3300
	gttgctagtg aggatgaagc tgctccttta cctccacaga ttatcgttcc taagggcaca	3360
	acaatcggtt cgggatcttt agacttgaat cttgtggatt ctgcagggtg tggttatgaa	3420
	aaccatgcct tattaataa agagactgat atcacattgc tttcatttag gagtgcctca	3480
	gcagtctcgg atgttcctga tttagaccat gctttggaag agttacgtat taacgtttct	3540
20	gttcctaaaa ttacggacga cacttatggg catatgggaa aatggtcaga tcctcagggt	3600
	gttaacggta aattaacgat caactggaag cctaccagct ataagttaa toctgaaaaa	3660
	ggaggctcta tcgtattgaa cactttatgg ggacaatgcg gagatttgcg cgccttaaaa	3720
	caacagcatt tatctcataa tattactgca caaagaatgg aattagattt ctcaacaaac	3780
	atgtggggat ctggaatggg aacattctcc aattgtgcaa cgattgctgg agtggacggc	3840
25	tttactcatc gtgctggcgg ctatgcttta ggtttagata cacagttgat agaagatttc	3900

	ttgataggag gaagctttgc gcagttcttt ggttacactg atagtcagtc attttcatca	3960
	cgtagtgacc aaagtgggta cttaggtacg ggatatgtcg gtatctttgc ggggttcttg	4020
	ttattcaagg ggatgtttat ctatagtgat attcaaaacg acttgaatac aacatatacct	4080
	acaccaaaca ttggtagatc taaaggatcg tggaatagcc gcggtatctt agcagatgct	4140
5	catgtggatt atcgctatat tgtgaattca cgtaggttta tctcatcgat tgtttcggct	4200
	gtggtacctt tcgtagaagc tgaatatgtt tacattgatc ttctacatt tgcggaagta	4260
	ggtagtgaag tgagaacatt tgctgaaggc catttacaaa atatagcgat tccttttggg	4320
	attactttgg agcataacta ttctcgaggc cagcggttcag aagtgaatag ctttaagtttc	4380
	tcctatgctt tagatgtcta tcgtaaagca cctacagtgc ttatcaattt gcctgcagct	4440
10	tcttattctt gggagggggg aggttctgat ctttctagaa agtttatgaa agcacagttt	4500
	agtaatgata cggagtggag ttctacttct tctactttct tagggtttac ctatgaatgg	4560
	agagaacaca cggatatctta tgatgtgaat ggaggtatac gtttgatatt ctag	4614

	<210> 46
15	<211> 1537
	<212> PRT
	<213> <i>Chlamydia psitacci</i>

	<400> 46
20	Met Val Ala Lys Lys Val Ser Arg Phe Pro Lys Ser Thr Phe Ser His
	1 5 10 15
	Ser Val Val Leu Ala Ile Leu Val Ser Thr Gly Met Thr Ala Asn Asn
	20 25 30
	His Arg Leu Tyr Gly Tyr Glu Thr Val Ser Glu Ala Phe Leu Ser Asp
25	35 40 45

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

Val Gly Gly Ala Ile Ser Ser Gln Asn Gln Val Glu Val Gly Gln Asn
 435 440 445
 Phe Gly Asn Ile Thr Phe Glu Gly Asn Thr Ser Lys Met Gly Gly Gly
 5 450 455 460
 Ala Ile His Cys Leu Ser Ala Gln Gln Pro Tyr Thr Ser Ser Glu Glu
 465 470 475 480
 Ala Leu Glu Gly Ser Gly Asp Ile Lys Ile Val Asp Asn Ser Gly Ala
 485 490 495
 10 Val Asn Phe Ala Ser Asn Glu Asn Leu Leu Glu Ser Gln Glu Thr His
 500 505 510
 Ser His Ile Gly Gly Gly Ala Leu Tyr Gly Ser Asn Val Leu Val Ser
 515 520 525
 Gly Asn Ile Gly Glu Val Thr Phe Ser Lys Asn Thr Ala Gly Gln Cys
 15 530 535 540
 Glu Ser Asp Ser Thr Cys Ile Gly Gly Gly Ala Val Phe Ala Asn Glu
 545 550 555 560
 Ala Val Arg Ile Val Asp Asn Ser Gly Ala Ile Thr Phe Ser Tyr Asn
 565 570 575
 20 Lys Gly Thr Ile Leu Pro Phe Pro Lys Val Ala Ala Ser Ser Glu Gly
 580 585 590
 Glu Ser Ala Pro Glu Ala Pro Lys Glu Ser Ser Pro Val Asp Leu Gly
 595 600 605
 Val Arg Gly Gly Gly Ala Ile Phe Ala Lys Arg Ile Glu Ile Ala Asp
 25 610 615 620

	Asn Ser Gly Val Leu Ser Phe Ser Asp Asn Phe Met Lys Ile Arg Asp
	625 630 635 640
	Asn Lys Ala Gln Lys Glu Asn Pro Leu Gly Gly Gly Ala Leu Phe Gly
5	645 650 655
	Ile Asp Glu Val Gly Leu Lys Asn Asn Lys Glu Leu Ala Phe Thr Asn
	660 665 670
	Asn His Val Ser Gly Glu Asn Ser Ser Gly Gly Ala Val Leu Ser Lys
	675 680 685
10	Val Val Thr Ile Ala Asp Asn Gly Lys Val Gln Phe Phe Arg Asn Tyr
	690 695 700
	Ser Asn Phe Leu Gly Gly Ala Val Cys Ser Leu Gly Asp Ala Leu Asn
	705 710 715 720
	Ile Lys Asn Asn Glu Ser Ser Val Ser Phe Ile Gly Asn Arg Thr Val
15	725 730 735
	Thr Ala Gly Gly Ala Leu Ala Ser Ala Ala Gly Asp Val Ser Ile Ser
	740 745 750
	Lys Asn Leu Gly Lys Val Glu Phe Lys Asp Asn Leu Val Phe Gly Asp
	755 760 765
20	Ser Arg Val Asp Asn Leu Glu Glu Gly Gln Leu Asn Thr Thr Gly His
	770 775 780
	His Ser Gly Gly Gly Ala Ile Phe Ala Lys Ala Ser Val Val Ile Arg
	785 790 795 800
	Glu Asn Lys Asp Gln Val Leu Phe Ser Gly Asn Ser Ser Gly Cys Phe
25	805 810 815

	Gly Gly Ala Ile Leu Thr Gly Ser Leu Thr Pro Glu Asp Gln Glu Arg
	820 825 830
	Phe Ala Ser Lys Val Val Asn Asp Asn Thr Lys Val Val Ile Thr Glu
5	835 840 845
	Asn Ile Gly Asp Val Val Phe Ser Gly Asn Ser Thr Thr Ala Ser Lys
	850 855 860
	His Pro Glu His Asn Leu Phe Gly Gly Gly Ala Ile Tyr Thr Gln Asp
	865 870 875 880
10	Leu Ile Ile Asn Lys Asn Ala Gly Ser Val Ala Phe Tyr Asn Asn Tyr
	885 890 895
	Ala Pro Thr Gly Gly Ala Val Arg Ile Ser Glu Lys Gly Thr Val Ile
	900 905 910
	Leu Glu Ala Leu Gly Gly Asp Ile Val Phe Gln Gly Asn Arg Asn Ser
15	915 920 925
	Glu Asp Ile Ser Asn Gly Leu Tyr Phe Ala Gly Lys Glu Ser Lys Leu
	930 935 940
	Val Glu Val Ser Ala Ser Gly Glu Lys Thr Val Asn Phe Ser Asp Ala
	945 950 955 960
20	Ile Ile Phe Glu Asp Leu Thr Leu Arg Gln Gly Leu Glu Gly Arg Glu
	965 970 975
	Asp Ile Leu Asn Asp Pro Thr Leu Val Leu Asn Ser Lys Ala Lys Asp
	980 985 990
	Asp Ser Glu Val Ser His Ser Gly Asn Ile Arg Phe Ala Tyr Ala Thr
25	995 1000 1005

	Ser Lys	Ile Pro Gln Val Ala	Val Leu Glu Ser Gly	Thr Leu Ile
	1010	1015	1020	
	Leu Ser	Asp Asn Ala Glu Leu	Trp Leu Cys Gly Leu	Lys Gln Glu
5	1025	1030	1035	
	Lys Gly	Ser Glu Ile Leu Leu	Ser Ala Gly Thr Val	Leu Arg Ile
	1040	1045	1050	
	Phe Asp	Pro Asn Ala Lys Pro	Glu Glu Lys Pro Glu	Ser Pro Ser
	1055	1060	1065	
10	Ala Arg	Ser Tyr Tyr Ser Ala	Tyr Asp Ser Ala Arg	Asn Pro Glu
	1070	1075	1080	
	Glu Lys	Thr Leu Ala Asp Ile	Ser Val Ile Gly Val	Asp Leu Ala
	1085	1090	1095	
	Ser Phe	Val Ala Ser Glu Asp	Glu Ala Ala Pro Leu	Pro Pro Gln
15	1100	1105	1110	
	Ile Ile	Val Pro Lys Gly Thr	Thr Ile Gly Ser Gly	Ser Leu Asp
	1115	1120	1125	
	Leu Asn	Leu Val Asp Ser Ala	Gly Val Gly Tyr Glu	Asn His Ala
	1130	1135	1140	
20	Leu Leu	Asn Lys Glu Thr Asp	Ile Thr Leu Leu Ser	Phe Arg Ser
	1145	1150	1155	
	Ala Ser	Ala Val Ser Asp Val	Pro Asp Leu Asp His	Ala Leu Glu
	1160	1165	1170	
	Glu Leu	Arg Ile Asn Val Ser	Val Pro Lys Ile Thr	Asp Asp Thr
25	1175	1180	1185	

	Tyr Gly	His Met Gly Lys Trp	Ser Asp Pro Gln Val	Val Asn Gly
	1190	1195	1200	
	Lys Leu	Thr Ile Asn Trp Lys	Pro Thr Ser Tyr Lys	Leu Asn Pro
5	1205	1210	1215	
	Glu Lys	Gly Gly Ser Ile Val	Leu Asn Thr Leu Trp	Gly Gln Cys
	1220	1225	1230	
	Gly Asp	Leu Arg Ala Leu Lys	Gln Gln His Leu Ser	His Asn Ile
	1235	1240	1245	
10	Thr Ala	Gln Arg Met Glu Leu	Asp Phe Ser Thr Asn	Ile Trp Gly
	1250	1255	1260	
	Ser Gly	Met Gly Thr Phe Ser	Asn Cys Ala Thr Ile	Ala Gly Val
	1265	1270	1275	
	Asp Gly	Phe Thr His Arg Ala	Gly Gly Tyr Ala Leu	Gly Leu Asp
15	1280	1285	1290	
	Thr Gln	Leu Ile Glu Asp Phe	Leu Ile Gly Gly Ser	Phe Ala Gln
	1295	1300	1305	
	Phe Phe	Gly Tyr Thr Asp Ser	Gln Ser Phe Ser Ser	Arg Ser Asp
	1310	1315	1320	
20	Gln Ser	Gly Tyr Leu Gly Thr	Gly Tyr Val Gly Ile	Phe Ala Gly
	1325	1330	1335	
	Ser Trp	Leu Phe Lys Gly Met	Phe Ile Tyr Ser Asp	Ile Gln Asn
	1340	1345	1350	
	Asp Leu	Asn Thr Thr Tyr Pro	Thr Pro Asn Ile Gly	Arg Ser Lys
25	1355	1360	1365	

	Gly Ser Trp Asn Ser Arg Gly Ile Leu Ala Asp Ala His Val Asp
	1370 1375 1380
	Tyr Arg Tyr Ile Val Asn Ser Arg Arg Phe Ile Ser Ser Ile Val
5	1385 1390 1395
	Ser Ala Val Val Pro Phe Val Glu Ala Glu Tyr Val Tyr Ile Asp
	1400 1405 1410
	Leu Pro Thr Phe Ala Glu Val Gly Ser Glu Val Arg Thr Phe Ala
	1415 1420 1425
10	Glu Gly His Leu Gln Asn Ile Ala Ile Pro Phe Gly Ile Thr Leu
	1430 1435 1440
	Glu His Asn Tyr Ser Arg Gly Gln Arg Ser Glu Val Asn Ser Leu
	1445 1450 1455
	Ser Phe Ser Tyr Ala Leu Asp Val Tyr Arg Lys Ala Pro Thr Val
15	1460 1465 1470
	Leu Ile Asn Leu Pro Ala Ala Ser Tyr Ser Trp Glu Gly Val Gly
	1475 1480 1485
	Ser Asp Leu Ser Arg Lys Phe Met Lys Ala Gln Phe Ser Asn Asp
	1490 1495 1500
20	Thr Glu Trp Ser Ser Tyr Phe Ser Thr Phe Leu Gly Phe Thr Tyr
	1505 1510 1515
	Glu Trp Arg Glu His Thr Val Ser Tyr Asp Val Asn Gly Gly Ile
	1520 1525 1530
	Arg Leu Ile Phe
25	1535

<210> 47
 <211> 1185
 <212> ADN
 <213> *Chlamydia trachomatis*
 5 <400> 47
 atgaaaaaac tcttgaaatc ggtattagtg tttgccgctt tgagttctgc ttcctccttg 60
 caagctctgc ctgtggggaa tcctgctgaa ccaagcctta tgatcgacgg aattctatgg 120
 gaaggtttcg gcggagatcc ttgcgaccc tgcaccactt ggtgtgacgc tatcagcatg 180
 cgtatggggtt actatgggtga ctttggtttc gaccgtgttt tgcaaacaga tgtgaataaa 240
 10 gaattccaaa tgggtgccaa gcctacaact gctacaggca atgctgcagc tccatccact 300
 tgtacagcaa gagagaatcc tgcttacggc cgacatatgc aggatgctga gatgtttaca 360
 aatgctgctt acatggcatt gaatatttgg gatcggtttg atgtattctg tacattagga 420
 gccaccagtg gatattctaa aggaaattca gcatctttca acttagttgg cttattcgga 480
 gataatgaga accatgctac agtttcagat agtaagcttg taccaaatat gagcttagat 540
 15 caatctgttg ttgagttgta tacagatact acttttgctt ggagtgtctg agctcgtgca 600
 gctttgtggg aatgtggatg cgcgacttta ggcgcttctt tccaatacgc tcaatccaag 660
 cctaaagtcg aagaattaaa cgttctctgt aacgcagctg agtttactat caataagcct 720
 aaaggatatg tagggcaaga attccctctt gatcttaaag caggaacaga tgggtgtgaca 780
 ggaactaagg atgcctctat tgattaccat gaatggcaag caagtttagc tctctcttac 840
 20 agactgaata tgttcactcc ctacattgga gttaaattgg ctcgagcaag ttttgatgca 900
 gacacgattc gtattgctca gccgaagtca gctacaactg tctttgatgt taccactctg 960
 aacccaacta ttgctggagc tggcgatgtg aaagctagcg cagaggggtca gctcggagat 1020
 accatgcaaa tcgtttcctt gcaattgaac aagatgaaat ctagaaaatc ttgcggtatt 1080
 gcagtaggaa caactattgt ggatgcagac aaatacgcag ttacagttga gactcgcttg 1140
 25 atcgatgaga gagctgctca cgtaaattgca caattccgct tctaa 1185

<210> 48
 <211> 394
 <212> PRT
 <213> *Chlamydia trachomatis*
 5 <400> 48
 Met Lys Lys Leu Leu Lys Ser Val Leu Val Phe Ala Ala Leu Ser Ser
 1 5 10 15
 Ala Ser Ser Leu Gln Ala Leu Pro Val Gly Asn Pro Ala Glu Pro Ser
 20 25 30
 10 Leu Met Ile Asp Gly Ile Leu Trp Glu Gly Phe Gly Gly Asp Pro Cys
 35 40 45
 Asp Pro Cys Thr Thr Trp Cys Asp Ala Ile Ser Met Arg Met Gly Tyr
 50 55 60
 Tyr Gly Asp Phe Val Phe Asp Arg Val Leu Gln Thr Asp Val Asn Lys
 15 65 70 75 80
 Glu Phe Gln Met Gly Ala Lys Pro Thr Thr Ala Thr Gly Asn Ala Ala
 85 90 95
 Ala Pro Ser Thr Cys Thr Ala Arg Glu Asn Pro Ala Tyr Gly Arg His
 100 105 110
 20 Met Gln Asp Ala Glu Met Phe Thr Asn Ala Ala Tyr Met Ala Leu Asn
 115 120 125
 Ile Trp Asp Arg Phe Asp Val Phe Cys Thr Leu Gly Ala Thr Ser Gly
 130 135 140
 Tyr Leu Lys Gly Asn Ser Ala Ser Phe Asn Leu Val Gly Leu Phe Gly
 25 145 150 155 160

	Asp	Asn	Glu	Asn	His	Ala	Thr	Val	Ser	Asp	Ser	Lys	Leu	Val	Pro	Asn
						165					170					175
	Met	Ser	Leu	Asp	Gln	Ser	Val	Val	Glu	Leu	Tyr	Thr	Asp	Thr	Thr	Phe
5						180					185					190
	Ala	Trp	Ser	Ala	Gly	Ala	Arg	Ala	Ala	Leu	Trp	Glu	Cys	Gly	Cys	Ala
						195					200					205
	Thr	Leu	Gly	Ala	Ser	Phe	Gln	Tyr	Ala	Gln	Ser	Lys	Pro	Lys	Val	Glu
						210					215					220
10	Glu	Leu	Asn	Val	Leu	Cys	Asn	Ala	Ala	Glu	Phe	Thr	Ile	Asn	Lys	Pro
						225					230					235
	Lys	Gly	Tyr	Val	Gly	Gln	Glu	Phe	Pro	Leu	Asp	Leu	Lys	Ala	Gly	Thr
						245					250					255
	Asp	Gly	Val	Thr	Gly	Thr	Lys	Asp	Ala	Ser	Ile	Asp	Tyr	His	Glu	Trp
15						260					265					270
	Gln	Ala	Ser	Leu	Ala	Leu	Ser	Tyr	Arg	Leu	Asn	Met	Phe	Thr	Pro	Tyr
						275					280					285
	Ile	Gly	Val	Lys	Trp	Ser	Arg	Ala	Ser	Phe	Asp	Ala	Asp	Thr	Ile	Arg
						290					295					300
20	Ile	Ala	Gln	Pro	Lys	Ser	Ala	Thr	Thr	Val	Phe	Asp	Val	Thr	Thr	Leu
						305					310					315
	Asn	Pro	Thr	Ile	Ala	Gly	Ala	Gly	Asp	Val	Lys	Ala	Ser	Ala	Glu	Gly
						325					330					335
	Gln	Leu	Gly	Asp	Thr	Met	Gln	Ile	Val	Ser	Leu	Gln	Leu	Asn	Lys	Met
25						340					345					350

Lys Ser Arg Lys Ser Cys Gly Ile Ala Val Gly Thr Thr Ile Val Asp

355

360

365

Ala Asp Lys Tyr Ala Val Thr Val Glu Thr Arg Leu Ile Asp Glu Arg

370

375

380

5 Ala Ala His Val Asn Ala Gln Phe Arg Phe

385

390

<210> 49

<211> 1194

10 <212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 49

	atgaaaaaac tcttgaaatc ggtattagta tttgccgctt tgagttctgc ttcctccttg	60
	caagctctgc ctgtggggaa tcttgctgaa ccaagcctta tgatcgacgg aattctgtgg	120
15	gaaggtttcg gtggagatcc ttgcgaccc tgcaccactt ggtgtgacgc tatcagcatg	180
	cgtatggggtt actatgggtga ctttggttttc gaccgtgttt tgaaaacaga tgtgaataaa	240
	gaatttcaga tgggagcggc gcctactacc agcgatgtag caggcttaca aaacgatcca	300
	acaacaaatg ttgctcgtcc aaatcccgtt tatggcaaac acatgcaaga tgctgaaatg	360
	tttacgaacg ctgcttacat ggcattaaat atctgggacg gttttgatgt attttgtaca	420
20	ttgggagcaa ctaccggtta tttaaaagga aactccgctt ccttcaactt agttggatta	480
	ttcggaaaca aaacacaagc ttctagcttt aatacagcga atctttttcc taacactgct	540
	ttgaatcaag ctgtggttga gctttataca gacactacct ttgcttggag cgtaggtgct	600
	cgtgcagctc tctgggaatg tgggtgtgca acgtaggag cttctttcca atatgctcaa	660
	tctaaaccta aagtagaaga gttaaagtgt ctttgtaatg catccgaatt tactattaat	720
25	aagccgaaag gatatgttgg ggcggaattt ccacttgata ttaccgcagg aacagaagct	780

gcgacagggg ctaaggatgc ctctattgac taccatgagt ggcaagcaag tttagccctt 840
tcttacagat taaatatggt cactccttac attggagtta aatgggtctag agtaagtttt 900
gatgccgaca cgatccgtat cgctcagcct aaattggctg aagcaatctt ggatgtcact 960
actctaaacc cgaccatcgc tggtaaagga actgtggctg cttccggaag cgaaaacgac 1020
5 ctggctgata caatgcaa atcgtttccttg cagttgaaca agatgaaatc tagaaaatct 1080
tgccgtattg cagtaggaac gactattgta gatgcagaca aatacgcagt tacagttgag 1140
actcgcttga tcgatgagag agcagctcac gtaa atgcac aattccgctt ctaa 1194

<210> 50

10 <211> 397

<212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 50

Met Lys Lys Leu Leu Lys Ser Val Leu Val Phe Ala Ala Leu Ser Ser

15 1 5 10 15

Ala Ser Ser Leu Gln Ala Leu Pro Val Gly Asn Pro Ala Glu Pro Ser

20 25 30

Leu Met Ile Asp Gly Ile Leu Trp Glu Gly Phe Gly Gly Asp Pro Cys

35 40 45

20 Asp Pro Cys Thr Thr Trp Cys Asp Ala Ile Ser Met Arg Met Gly Tyr

50 55 60

Tyr Gly Asp Phe Val Phe Asp Arg Val Leu Lys Thr Asp Val Asn Lys

65 70 75 80

Glu Phe Gln Met Gly Ala Ala Pro Thr Thr Ser Asp Val Ala Gly Leu

25 85 90 95

Gln Asn Asp Pro Thr Thr Asn Val Ala Arg Pro Asn Pro Ala Tyr Gly
 100 105 110
 Lys His Met Gln Asp Ala Glu Met Phe Thr Asn Ala Ala Tyr Met Ala
 5 115 120 125
 Leu Asn Ile Trp Asp Arg Phe Asp Val Phe Cys Thr Leu Gly Ala Thr
 130 135 140
 Thr Gly Tyr Leu Lys Gly Asn Ser Ala Ser Phe Asn Leu Val Gly Leu
 145 150 155 160
 10 Phe Gly Thr Lys Thr Gln Ala Ser Ser Phe Asn Thr Ala Asn Leu Phe
 165 170 175
 Pro Asn Thr Ala Leu Asn Gln Ala Val Val Glu Leu Tyr Thr Asp Thr
 180 185 190
 Thr Phe Ala Trp Ser Val Gly Ala Arg Ala Ala Leu Trp Glu Cys Gly
 15 195 200 205
 Cys Ala Thr Leu Gly Ala Ser Phe Gln Tyr Ala Gln Ser Lys Pro Lys
 210 215 220
 Val Glu Glu Leu Asn Val Leu Cys Asn Ala Ser Glu Phe Thr Ile Asn
 225 230 235 240
 20 Lys Pro Lys Gly Tyr Val Gly Ala Glu Phe Pro Leu Asp Ile Thr Ala
 245 250 255
 Gly Thr Glu Ala Ala Thr Gly Thr Lys Asp Ala Ser Ile Asp Tyr His
 260 265 270
 Glu Trp Gln Ala Ser Leu Ala Leu Ser Tyr Arg Leu Asn Met Phe Thr
 25 275 280 285

Pro Tyr Ile Gly Val Lys Trp Ser Arg Val Ser Phe Asp Ala Asp Thr
 290 295 300

Ile Arg Ile Ala Gln Pro Lys Leu Ala Glu Ala Ile Leu Asp Val Thr
 305 310 315 320

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

Ser Glu Asn Asp Leu Ala Asp Thr Met Gln Ile Val Ser Leu Gln Leu
 340 345 350

Asn Lys Met Lys Ser Arg Lys Ser Cys Gly Ile Ala Val Gly Thr Thr
 10 355 360 365

Ile Val Asp Ala Asp Lys Tyr Ala Val Thr Val Glu Thr Arg Leu Ile
 370 375 380

Asp Glu Arg Ala Ala His Val Asn Ala Gln Phe Arg Phe
 385 390 395

15

<210> 51

<211> 1194

<212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

20 <400> 51

atgaaaaaac tcttgaaatc ggtattagta tttgccgctt tgagttctgc ttcctccttg 60

caagctctgc ctgtggggaa tcttgctgaa ccaagcctta tgatcgacgg aattctgtgg 120

gaaggttttg gcggagatcc ttgcgatact tgcgccactt ggtgtgacgc tatcagcatg 180

cgtgttggtt actacggaga ctttgttttc gaccgtgttt tgaaaactga tgtgaataaa 240

25 gaatttcaga tgggagcggc gcctactacc aacgatgcag cagacttaca aaacgatcca 300

aaaacaaatg ttgctcgtcc aaatcccgtt tatggcaaac acatgcaaga tgctgaaatg 360
 ttacgaacg ctgcttacat ggcattaaat atctgggata gttttgatgt attttgtaca 420
 ttgggagcaa ctaccggtta tttaaaagga aactccgctt ccttcaactt agttggatta 480
 ttcggaacaa aaacaaaatc ttctgatttt aatacagcga agcttggtcc taacattgct 540
 5 ttgaatcgag ctgtggttga gctttataca gacactacct ttgcttgag cgtaggtgct 600
 cgtgcagctc tctgggaatg tgggtgtgca acgttaggag cttctttcca atatgctcaa 660
 tctaaaccta aagtagaaga gttaaagtgt ctttgtaatg catccgaatt tactattaat 720
 aagccgaaag gatatgttgg ggcggaattt ccacttgata ttaccgcagg aacagaagct 780
 gcgacagga ctaaggatgc ctctattgac taccatgagt ggcaagcaag tttagccctt 840
 10 tcttacagac taaatatgtt cactccttac attggagtta aatggtctag agtaagtttt 900
 gatgccgaca cgatccgtat cgctcagcct aaattggctg aagcaatctt ggatgtcact 960
 actctaaacc cgaccatcgc tggtaaagga actgtggtcg cttccggaag cgataacgac 1020
 ctggctgata caatgcaaat cgtttccttg cagttgaaca agatgaaatc tagaaaatct 1080
 tgcggtattg cagtaggaac gactattgta gatgcagaca aatacgcagt tacagttgag 1140
 15 actcgcttga tcgatgagag agcagctcac gtaaattgcac aattccgctt ctaa 1194

<210> 52

<211> 397

<212> PRT

20 <213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 52

Met Lys Lys Leu Leu Lys Ser Val Leu Val Phe Ala Ala Leu Ser Ser

1 5 10 15

Ala Ser Ser Leu Gln Ala Leu Pro Val Gly Asn Pro Ala Glu Pro Ser

25 20 25 30

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

Val Glu Glu Leu Asn Val Leu Cys Asn Ala Ser Glu Phe Thr Ile Asn
 225 230 235 240
 Lys Pro Lys Gly Tyr Val Gly Ala Glu Phe Pro Leu Asp Ile Thr Ala
 245 250 255
 5 Gly Thr Glu Ala Ala Thr Gly Thr Lys Asp Ala Ser Ile Asp Tyr His
 260 265 270
 Glu Trp Gln Ala Ser Leu Ala Leu Ser Tyr Arg Leu Asn Met Phe Thr
 275 280 285
 Pro Tyr Ile Gly Val Lys Trp Ser Arg Val Ser Phe Asp Ala Asp Thr
 10 290 295 300
 Ile Arg Ile Ala Gln Pro Lys Leu Ala Glu Ala Ile Leu Asp Val Thr
 305 310 315 320
 Thr Leu Asn Pro Thr Ile Ala Gly Lys Gly Thr Val Val Ala Ser Gly
 325 330 335
 15 Ser Asp Asn Asp Leu Ala Asp Thr Met Gln Ile Val Ser Leu Gln Leu
 340 345 350
 Asn Lys Met Lys Ser Arg Lys Ser Cys Gly Ile Ala Val Gly Thr Thr
 355 360 365
 Ile Val Asp Ala Asp Lys Tyr Ala Val Thr Val Glu Thr Arg Leu Ile
 20 370 375 380
 Asp Glu Arg Ala Ala His Val Asn Ala Gln Phe Arg Phe
 385 390 395

 <210> 53
 25 <211> 1182

<212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 53

atgaaaaaac tcttgaaatc ggtattagta tttgccgctt tgagttctgc ttcctccttg 60
 5 caagctctgc ctgtggggaa tcctgctgaa ccaagcctta tgatcgacgg aattctgtgg 120
 gaaggtttcg gcggagatcc ttgcgatcct tgcaccactt ggtgtgacgc tatcagcatg 180
 cgtatggggtt actatgggtga ctttgttttc gaccgtgttt tgaaaacaga tgtgaataaa 240
 gaattccaaa tgggtgacaa gcctacaagt actacaggca atgctacagc tccaaccact 300
 cttacagcaa gagagaatcc tgcttacggc cgacatatgc aggatgctga gatgtttaca 360
 10 aatgccgctt gcatggcatt gaatatattgg gatcgctttg atgtattctg tacactagga 420
 gcctctagcg gataccttaa aggaaactct gcttctttca atttagttgg attgtttgga 480
 gataatgaaa atcaaagcac ggtcaaaacg aattctgtac caaatatgag cttagatcaa 540
 tctgtttgtg aactttacac agatactgcc ttctcttgga gcgtgggcgc tcgagcagct 600
 ttgtgggagt gcggatgtgc gactttaggg gcttctttcc aatacgtca atctaaacct 660
 15 aaagtcgaag aattaaacgt tctctgtaac gcagctgagt ttactatcaa taagcctaaa 720
 ggatatgtag ggcaagaatt ccctcttgca ctcatagcag gaactgatgc agcgacgggc 780
 actaaagatg cctctattga ttaccatgag tggcaagcaa gtttagctct ctcttacaga 840
 ttgaatatgt tcactcccta cattggagtt aaatggtctc gagcaagttt tgatgccgat 900
 acgattcgta tagcccagcc aaaatcagct acagctatct ttgatactac cacgcttaac 960
 20 ccaactattg ctggagctgg cgatgtgaaa gctagcgcag agggtcagct cggagatacc 1020
 atgcaaatcg tctccttgca attgaacaag atgaaatcta gaaaatcttg cggatttgca 1080
 gtaggaacga ctattgtaga tgcagacaaa tacgcagtta cagttgagac tcgcttgatc 1140
 gatgagagag ctgctcacgt aaatgcacaa ttccgcttct aa 1182

25

<210> 54
 <211> 393
 <212> PRT
 <213> *Chlamydia trachomatis*
 5 <400> 54
 Met Lys Lys Leu Leu Lys Ser Val Leu Val Phe Ala Ala Leu Ser Ser
 1 5 10 15
 Ala Ser Ser Leu Gln Ala Leu Pro Val Gly Asn Pro Ala Glu Pro Ser
 20 25 30
 10 Leu Met Ile Asp Gly Ile Leu Trp Glu Gly Phe Gly Gly Asp Pro Cys
 35 40 45
 Asp Pro Cys Thr Thr Trp Cys Asp Ala Ile Ser Met Arg Met Gly Tyr
 50 55 60
 Tyr Gly Asp Phe Val Phe Asp Arg Val Leu Lys Thr Asp Val Asn Lys
 15 65 70 75 80
 Glu Phe Gln Met Gly Asp Lys Pro Thr Ser Thr Thr Gly Asn Ala Thr
 85 90 95
 Ala Pro Thr Thr Leu Thr Ala Arg Glu Asn Pro Ala Tyr Gly Arg His
 100 105 110
 20 Met Gln Asp Ala Glu Met Phe Thr Asn Ala Ala Cys Met Ala Leu Asn
 115 120 125
 Ile Trp Asp Arg Phe Asp Val Phe Cys Thr Leu Gly Ala Ser Ser Gly
 130 135 140
 Tyr Leu Lys Gly Asn Ser Ala Ser Phe Asn Leu Val Gly Leu Phe Gly
 25 145 150 155 160

•
•

Ser Arg Lys Ser Cys Gly Ile Ala Val Gly Thr Thr Ile Val Asp Ala
355 360 365

Asp Lys Tyr Ala Val Thr Val Glu Thr Arg Leu Ile Asp Glu Arg Ala
370 375 380

5 Ala His Val Asn Ala Gln Phe Arg Phe
385 390

<210> 55

<211> 1179

10 <212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 55

atgaaaaaac tcttgaaatc ggtattagta tttgocgctt tgagttctgc ttctctcttg 60

caagctctgc ctgtggggaa tcctgctgaa ccaagcctta tgatcgacgg aattctgtgg 120

15 gaaggtttcg gcggagatcc ttgcgaccc tgcgccactt ggtgtgacgc tatcagcatg 180

cgtgttggtt actacggaga ctttgttttc gaccgtgttt tgaaaactga tgtgaataaa 240

gaatttcaga tgggtgccaa gcctacaact gatacaggca atagtgcagc tccatccact 300

cttacagcaa gagagaatcc tgcttacggc cgacatatgc aggatgctga gatgtttaca 360

aatgccgctt gcatggcatt gaatatattgg gatcggtttg atgtattctg tacattagga 420

20 gccaccagtg gatattctta aggaaactct gcttctttca atttagttgg attgtttgga 480

gataatgaaa atcaaaaaac ggtcaaagcg gagtctgtac caaatatgag ctttgatcaa 540

tctgttggtg agttgtatac agatactact tttgcgtgga gcgtcggcgc tcgcgcagct 600

ttgtgggaat gtggatgtgc aacttttagga gcttcattcc aatatgctca atctaaacct 660

aaagtagaag aattaaacgt tctctgcaat gcagcagagt ttactattaa taaacctaaa 720

25 gggatatgtag gtaaggagtt tcctcttgat cttacagcag gaacagatgc tgcgacagga 780

actaaggatg cctctattga ttaccatgaa tggcaagcaa gtttagctct ctcttacaga 840
 ctgaatatgt tcactcccta cattggagtt aaatgggtctc gagcaagctt tgatgccgat 900
 acgattcgta tagcccagcc aaaatcagct acagctatctt ttgatactac cacgcttaac 960
 ccaactattg ctggagctgg cgatgtgaaa actggcgcag agggtcagct cggagacaca 1020
 5 atgcaaatacg tttccttgca attgaacaag atgaaatcta gaaaatcttg cggatttgca 1080
 gtaggaacaa ctattgtgga tgcagacaaa tacgcagtta cagttgagac tcgcttgatc 1140
 gatgagagag cagctcacgt aaatgcacaa ttccgcttc 1179

<210> 56
 10 <211> 393
 <212> PRT
 <213> *Chlamydia trachomatis*
 <400> 56
 Met Lys Lys Leu Leu Lys Ser Val Leu Val Phe Ala Ala Leu Ser Ser
 15 1 5 10 15
 Ala Ser Ser Leu Gln Ala Leu Pro Val Gly Asn Pro Ala Glu Pro Ser
 20 25 30
 Leu Met Ile Asp Gly Ile Leu Trp Glu Gly Phe Gly Gly Asp Pro Cys
 35 40 45
 20 Asp Pro Cys Ala Thr Trp Cys Asp Ala Ile Ser Met Arg Val Gly Tyr
 50 55 60
 Tyr Gly Asp Phe Val Phe Asp Arg Val Leu Lys Thr Asp Val Asn Lys
 65 70 75 80
 Glu Phe Gln Met Gly Ala Lys Pro Thr Thr Asp Thr Gly Asn Ser Ala
 25 85 90 95

	Ala	Pro	Ser	Thr	Leu	Thr	Ala	Arg	Glu	Asn	Pro	Ala	Tyr	Gly	Arg	His
					100					105					110	
	Met	Gln	Asp	Ala	Glu	Met	Phe	Thr	Asn	Ala	Ala	Cys	Met	Ala	Leu	Asn
5			115					120						125		
	Ile	Trp	Asp	Arg	Phe	Asp	Val	Phe	Cys	Thr	Leu	Gly	Ala	Thr	Ser	Gly
			130					135					140			
	Tyr	Leu	Lys	Gly	Asn	Ser	Ala	Ser	Phe	Asn	Leu	Val	Gly	Leu	Phe	Gly
	145					150					155				160	
10	Asp	Asn	Glu	Asn	Gln	Lys	Thr	Val	Lys	Ala	Glu	Ser	Val	Pro	Asn	Met
						165					170				175	
	Ser	Phe	Asp	Gln	Ser	Val	Val	Glu	Leu	Tyr	Thr	Asp	Thr	Thr	Phe	Ala
					180					185				190		
	Trp	Ser	Val	Gly	Ala	Arg	Ala	Ala	Leu	Trp	Glu	Cys	Gly	Cys	Ala	Thr
15			195					200					205			
	Leu	Gly	Ala	Ser	Phe	Gln	Tyr	Ala	Gln	Ser	Lys	Pro	Lys	Val	Glu	Glu
			210					215					220			
	Leu	Asn	Val	Leu	Cys	Asn	Ala	Ala	Glu	Phe	Thr	Ile	Asn	Lys	Pro	Lys
	225					230					235				240	
20	Gly	Tyr	Val	Gly	Lys	Glu	Phe	Pro	Leu	Asp	Leu	Thr	Ala	Gly	Thr	Asp
					245					250				255		
	Ala	Ala	Thr	Gly	Thr	Lys	Asp	Ala	Ser	Ile	Asp	Tyr	His	Glu	Trp	Gln
					260					265				270		
	Ala	Ser	Leu	Ala	Leu	Ser	Tyr	Arg	Leu	Asn	Met	Phe	Thr	Pro	Tyr	Ile
25			275					280						285		

Gly Val Lys Trp Ser Arg Ala Ser Phe Asp Ala Asp Thr Ile Arg Ile
 290 295 300
 Ala Gln Pro Lys Ser Ala Thr Ala Ile Phe Asp Thr Thr Thr Leu Asn
 305 310 315 320
 5 Pro Thr Ile Ala Gly Ala Gly Asp Val Lys Thr Gly Ala Glu Gly Gln
 325 330 335
 Leu Gly Asp Thr Met Gln Ile Val Ser Leu Gln Leu Asn Lys Met Lys
 340 345 350
 Ser Arg Lys Ser Cys Gly Ile Ala Val Gly Thr Thr Ile Val Asp Ala
 10 355 360 365
 Asp Lys Tyr Ala Val Thr Val Glu Thr Arg Leu Ile Asp Glu Arg Ala
 370 375 380
 Ala His Val Asn Ala Gln Phe Arg Phe
 385 390

15

<210> 57
 <211> 1944
 <212> ADN
 <213> *Chlamydia trachomatis*

20

<400> 57
 atggaatcag gaccagaatc agttttcttct aatcagagct cgatgaatcc aattattaat 60
 gggcaaatacg cttctaattc ggagacccaaa gagtccacga aggagtcaga agcgagtcct 120
 tcagcatcgt cctctgtaag cagctggagt tttttatcct cagcaaagca tgcattaatc 180
 tctcttcgtg atgcatctt gaataaaaat tctagtccaa cagactctct ctctcaatta 240
 25 gaggcctcta cttctacctc tacgggttaca cgtgtagctg cgcgagatta taatgaggct 300

	aaatcgaatt ttgatacggc gaaaagtgga ttagagaacg ctacgacact tgctgaatac	360
	gagacgaaaa tggctgattt aatggcagct ctccaagata tggagcgttt ggctaaacag	420
	aaggctgaag ttacaagaat taaagaagct cttcaagaga aacaagaggt tattgataag	480
	ctcaatcagt tagttaaact tgaaaaacag aatcagactt taaaggaaac ttttaacaacc	540
5	acagactctg cagatcagat tccagcgatt aatagtcagt tagagatcaa caaaaattct	600
	gcagatcaaa ttatcaaaga tctggaagga caaaacataa gttatgaagc tgttctcact	660
	aacgcaggag aggttatcaa agcttcttct gaagcgggaa ttaagttagg acaagctttg	720
	cagtctattg tggatgctgg ggatcaaagc caggctgcag ttcttcaagc acagcaaat	780
	aatagcccag ataatatcgc agccacgaag aaattaattg atgctgctga aacgaaggta	840
10	aacgagttaa aacaagagca tacagggcta acggactcgc ctttagtgaa aaaagctgag	900
	gagcagatta gtcaagcaca aaaagatatt caagagatca aacctagtgg ttccgatatt	960
	cctatcgttg gtccgagtgg gtcagctgct tccgcaggaa gtgcggtagg agcggtgaaa	1020
	tcctctaaca attcaggaag aatttccttg ttgcttgatg atgtagacaa tgaaatggca	1080
	gcgattgcaa tgcaaggttt tcgatctatg atcgaacaat ttaatgtaaa caatcctgca	1140
15	acagctaaag agctacaagc tatggaggct cagctgactg cgatgtcaga tcaactgggt	1200
	ggtgcggatg gcgagctccc agccgaaata caagcaatca aagatgctct tgcgcaagct	1260
	ttgaaacaac catcaacaga tggtttagct acagctatgg gacaagtggc ttttgcagct	1320
	gccaaagggtg gaggaggctc cgcaggaaca gctggcactg tccagatgaa tgtaaacag	1380
	ctttacaaga cagcgttttc ttcgacttct tccagctctt atgcagcagc actttccgat	1440
20	ggatattctg cttacaaaac actgaactct ttatattccg aaagcagaag cggcgtgcag	1500
	tcagctatta gtcaaactgc aaatcccgcg ctttccagaa gcgtttctcg ttctggcata	1560
	gaaagtcaag gacgcagtgc agatgctagc caaagagcag cagaaactat tgtcagagat	1620
	agccaaacgt taggtgatgt atatagccgc ttacagggtc tggattcttt gatgtctacg	1680
	attgtgagca atccgcaagt aaatcaagaa gagattatgc agaagctcac ggcatctatt	1740
25	agcaaagctc cacaatttgg gtatcctgct gttcagaatt ctgcggatag cttgcagaag	1800

tttgctgcgc aattggaaag agagtttggt gatggggaac gtagtctcgc agaattctga 1860
gagaatgcgt ttagaaaaca gcccgctttc attcaacagg tggttggtaaa cattgcttct 1920
ctattctctg gttatctttc ttaa 1944

5 <210> 58
<211> 647
<212> PRT
<213> *Chlamydia trachomatis*
<400> 58

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

Ala Ala Leu Gln Asp Met Glu Arg Leu Ala Lys Gln Lys Ala Glu Val
 130 135 140
 Thr Arg Ile Lys Glu Ala Leu Gln Glu Lys Gln Glu Val Ile Asp Lys
 5 145 150 155 160
 Leu Asn Gln Leu Val Lys Leu Glu Lys Gln Asn Gln Thr Leu Lys Glu
 165 170 175
 Thr Leu Thr Thr Thr Asp Ser Ala Asp Gln Ile Pro Ala Ile Asn Ser
 180 185 190
 10 Gln Leu Glu Ile Asn Lys Asn Ser Ala Asp Gln Ile Ile Lys Asp Leu
 195 200 205
 Glu Gly Gln Asn Ile Ser Tyr Glu Ala Val Leu Thr Asn Ala Gly Glu
 210 215 220
 Val Ile Lys Ala Ser Ser Glu Ala Gly Ile Lys Leu Gly Gln Ala Leu
 15 225 230 235 240
 Gln Ser Ile Val Asp Ala Gly Asp Gln Ser Gln Ala Ala Val Leu Gln
 245 250 255
 Ala Gln Gln Asn Asn Ser Pro Asp Asn Ile Ala Ala Thr Lys Lys Leu
 260 265 270
 20 Ile Asp Ala Ala Glu Thr Lys Val Asn Glu Leu Lys Gln Glu His Thr
 275 280 285
 Gly Leu Thr Asp Ser Pro Leu Val Lys Lys Ala Glu Glu Gln Ile Ser
 290 295 300
 Gln Ala Gln Lys Asp Ile Gln Glu Ile Lys Pro Ser Gly Ser Asp Ile
 25 305 310 315 320

Pro Ile Val Gly Pro Ser Gly Ser Ala Ala Ser Ala Gly Ser Ala Val
 325 330 335
 Gly Ala Leu Lys Ser Ser Asn Asn Ser Gly Arg Ile Ser Leu Leu Leu
 5 340 345 350
 Asp Asp Val Asp Asn Glu Met Ala Ala Ile Ala Met Gln Gly Phe Arg
 355 360 365
 Ser Met Ile Glu Gln Phe Asn Val Asn Asn Pro Ala Thr Ala Lys Glu
 370 375 380
 10 Leu Gln Ala Met Glu Ala Gln Leu Thr Ala Met Ser Asp Gln Leu Val
 385 390 395 400
 Gly Ala Asp Gly Glu Leu Pro Ala Glu Ile Gln Ala Ile Lys Asp Ala
 405 410 415
 Leu Ala Gln Ala Leu Lys Gln Pro Ser Thr Asp Gly Leu Ala Thr Ala
 15 420 425 430
 Met Gly Gln Val Ala Phe Ala Ala Ala Lys Val Gly Gly Gly Ser Ala
 435 440 445
 Gly Thr Ala Gly Thr Val Gln Met Asn Val Lys Gln Leu Tyr Lys Thr
 450 455 460
 20 Ala Phe Ser Ser Thr Ser Ser Ser Ser Tyr Ala Ala Ala Leu Ser Asp
 465 470 475 480
 Gly Tyr Ser Ala Tyr Lys Thr Leu Asn Ser Leu Tyr Ser Glu Ser Arg
 485 490 495
 Ser Gly Val Gln Ser Ala Ile Ser Gln Thr Ala Asn Pro Ala Leu Ser
 25 500 505 510

Arg Ser Val Ser Arg Ser Gly Ile Glu Ser Gln Gly Arg Ser Ala Asp
 515 520 525
 Ala Ser Gln Arg Ala Ala Glu Thr Ile Val Arg Asp Ser Gln Thr Leu
 530 535 540
 5 Gly Asp Val Tyr Ser Arg Leu Gln Val Leu Asp Ser Leu Met Ser Thr
 545 550 555 560
 Ile Val Ser Asn Pro Gln Val Asn Gln Glu Glu Ile Met Gln Lys Leu
 565 570 575
 Thr Ala Ser Ile Ser Lys Ala Pro Gln Phe Gly Tyr Pro Ala Val Gln
 10 580 585 590
 Asn Ser Ala Asp Ser Leu Gln Lys Phe Ala Ala Gln Leu Glu Arg Glu
 595 600 605
 Phe Val Asp Gly Glu Arg Ser Leu Ala Glu Ser Arg Glu Asn Ala Phe
 610 615 620
 15 Arg Lys Gln Pro Ala Phe Ile Gln Gln Val Leu Val Asn Ile Ala Ser
 625 630 635 640
 Leu Phe Ser Gly Tyr Leu Ser
 645
 20 <210> 59
 <211> 1911
 <212> ADN
 <213> *Chlamydia psitacii*
 <400> 59
 25 atgggttaatc ctgtcggccc tatagatgaa tcaaaaaaca ttgctcctgc agacttatct 60

	acttttaggta tgcaggcgag cgcagcaa	at	cgtagctcag aagctcaatc gataaccgga	120
	attgcaggca agtccgggtc atcgcagcct	tot	gttggaac ctgtaggacg attgagcttt	180
	ttgagctctg ctccgaaaag tttagcaagt	cttttc	gata agatttcctc gttcttttca	240
	gggaaaacga ctctcctcaa	ac	ttttgatgaa gctaagacgc aagcagagag	300
5	gcgctgcaga gtgcgactac ttatgatcag	ttca	agaccg ctttacagca gctgcaagat	360
	gctgtgaaac agatggagca attagctact	act	gatgcag aaaaagctac agttgctaca	420
	tggaaaacgg ctcttgaggc gcagaagagt	acg	ctggata cacttaacca gttgggtgct	480
	attctttacag agaaccagaa gcttcttgag	gca	ataaaga cgacctcgtc tatggatcag	540
	attatgggag ctgccggaca agtagaaacc	aata	aaaacaa ctgctgagga gttaattaaa	600
10	cagttgaagg aagctggggt tagctatcct	gtg	atagatg accttgagaa gcaaattaca	660
	acctcaggaa ctccaggttac tgaattagca	gat	gctatat cggaagctta tgctgcgggg	720
	aaaaacagta ccgcggtctgt ggggcaagca	cagg	caaata acagccccgc aaatatagaa	780
	gcttccaaac aaactattgc aaatgcacaa	aaag	tcatag aagacgctct taaacttgct	840
	ccagattctc cgataactcaa agctgctttg	aaag	aacaac aacaggcagc aaaagatatc	900
15	ctcaatgtga aacctagtgg tggtagtgat	gtgc	cctatcg gtggtcctgg agctcctggt	960
	agtgtgggga cttctcaaaa tcgcggtgct	acct	tagggg aagttcgcgt atcgatgtta	1020
	ttgactgatg ttgataatga aaccgcagcg	atc	attatgc aaggtttcag aaatatgatc	1080
	gataacttcc atgatcaaaa ctctgatttt	acag	cgctt tagaagagat tatgaatcaa	1140
	gtaaccgact tatcaacgca gatcaatcct	gcag	atgcgg aagctacagc acaactacaa	1200
20	gaaatacaac aaaccataca agatgccctt	caagg	gactg ccggtcaaga cggcatgatc	1260
	aatgcttttag gagctataac aacagcagct	tca	atttcta caggagctcc tatcgcttct	1320
	gcaaatacaag gtggatcagc tgtaaagcag	cttt	tacaaa caggatctac tgctgcgagt	1380
	tctaaatctt acgcggattc cttatctgca	gggt	atgggg catatcaatc tttaaagat	1440
	gtgtactcac gtagtagtgc atctaaccgt	gagg	tttttag atcgtagatc gactccagca	1500
25	ttaacgcaga cagtttctag aacagaaaact	cgg	cctcgtg ataagataa cgcagctcag	1560

cgttttgcaa gaactatagc tgctaatagt aatactcttg gggatgttta tgcattccgta 1620
ggtgtattgc aaacattgct aggtgtatta caaaataatc cccaagcgaa tgaagaagaa 1680
atcaaacaga agctcacttc tgagggttacg aaagctccgc agtcagggtta tctcatgta 1740
cagctttcta acgactctac gaagaagttc attgctcaac tcgagaatga atttggttcag 1800
5 ggatcgaaaa gacttgccga agcaaaagaa gctgcgtttg agaaacagcc tttgttcatc 1860
cagcaggtat tagtgaacgt agcatctctg ttctcgggat acctacagta a 1911

<210> 60
<211> 636
10 <212> PRT
<213> *Chlamydia psitacci*

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

Ser Ala Lys Thr Ala Leu Gln Ser Ala Thr Thr Tyr Asp Gln Phe Lys
 100 105 110
 Thr Ala Leu Gln Gln Leu Gln Asp Ala Val Lys Gln Met Glu Gln Leu
 5 115 120 125
 Ala Thr Thr Asp Ala Glu Lys Ala Thr Val Ala Thr Trp Lys Thr Ala
 130 135 140
 Leu Glu Ala Gln Lys Ser Thr Leu Asp Thr Leu Asn Gln Leu Gly Ala
 145 150 155 160
 10 Ile Leu Thr Glu Asn Gln Lys Leu Leu Glu Ala Ile Lys Thr Thr Ser
 165 170 175
 Ser Met Asp Gln Ile Met Gly Ala Ala Gly Gln Val Glu Thr Asn Lys
 180 185 190
 Thr Thr Ala Glu Glu Leu Ile Lys Gln Leu Lys Glu Ala Gly Val Ser
 15 195 200 205
 Tyr Pro Val Ile Asp Asp Leu Glu Lys Gln Ile Thr Thr Ser Gly Thr
 210 215 220
 Gln Val Thr Glu Leu Ala Asp Ala Ile Ser Glu Ala Tyr Ala Ala Gly
 225 230 235 240
 20 Lys Asn Ser Thr Ala Ala Val Gly Gln Ala Gln Ala Asn Asn Ser Pro
 245 250 255
 Ala Asn Ile Glu Ala Ser Lys Gln Thr Ile Ala Asn Ala Gln Lys Val
 260 265 270
 Ile Glu Asp Ala Leu Lys Leu Ala Pro Asp Ser Pro Ile Leu Lys Ala
 25 275 280 285

	Ala	Leu	Lys	Glu	Gln	Gln	Gln	Ala	Ala	Lys	Asp	Ile	Leu	Asn	Val	Lys
	290						295								300	
	Pro	Ser	Gly	Gly	Ser	Asp	Val	Pro	Ile	Gly	Gly	Pro	Gly	Ala	Pro	Gly
5	305					310					315				320	
	Ser	Val	Gly	Thr	Ser	Gln	Asn	Arg	Gly	Ala	Thr	Leu	Gly	Glu	Val	Arg
						325					330				335	
	Val	Ser	Met	Leu	Leu	Thr	Asp	Val	Asp	Asn	Glu	Thr	Ala	Ala	Ile	Ile
						340				345					350	
10	Met	Gln	Gly	Phe	Arg	Asn	Met	Ile	Asp	Asn	Phe	His	Asp	Gln	Asn	Ser
						355				360					365	
	Asp	Phe	Thr	Ala	Pro	Leu	Glu	Glu	Ile	Met	Asn	Gln	Val	Thr	Asp	Leu
						370				375					380	
	Ser	Thr	Gln	Ile	Asn	Pro	Ala	Asp	Ala	Glu	Ala	Thr	Ala	Gln	Leu	Gln
15	385					390					395				400	
	Glu	Ile	Gln	Gln	Thr	Ile	Gln	Asp	Ala	Leu	Gln	Gly	Thr	Ala	Gly	Gln
						405					410				415	
	Asp	Gly	Met	Ile	Asn	Ala	Leu	Gly	Ala	Ile	Thr	Thr	Ala	Ala	Ser	Ile
						420					425				430	
20	Ser	Thr	Gly	Ala	Pro	Ile	Ala	Ser	Ala	Asn	Gln	Gly	Gly	Ser	Ala	Val
						435					440				445	
	Lys	Gln	Leu	Tyr	Lys	Thr	Gly	Ser	Thr	Ala	Ala	Ser	Ser	Lys	Ser	Tyr
						450					455				460	
	Ala	Asp	Ser	Leu	Ser	Ala	Gly	Tyr	Gly	Ala	Tyr	Gln	Ser	Leu	Asn	Asp
25	465					470					475				480	

Val Tyr Ser Arg Ser Ser Ala Ser Asn Arg Glu Val Leu Asp Arg Thr
 485 490 495
 Ser Thr Pro Ala Leu Thr Gln Thr Val Ser Arg Thr Glu Thr Arg Pro
 500 505 510
 5 Arg Asp Asn Asp Asn Ala Ala Gln Arg Phe Ala Arg Thr Ile Ala Ala
 515 520 525
 Asn Ser Asn Thr Leu Gly Asp Val Tyr Ala Ser Val Gly Val Leu Gln
 530 535 540
 Thr Leu Leu Gly Val Leu Gln Asn Asn Pro Gln Ala Asn Glu Glu Glu
 10 545 550 555 560
 Ile Lys Gln Lys Leu Thr Ser Glu Val Thr Lys Ala Pro Gln Ser Gly
 565 570 575
 Tyr Pro His Val Gln Leu Ser Asn Asp Ser Thr Lys Lys Phe Ile Ala
 580 585 590
 15 Gln Leu Glu Asn Glu Phe Val Gln Gly Ser Lys Arg Leu Ala Glu Ala
 595 600 605
 Lys Glu Ala Ala Phe Glu Lys Gln Pro Leu Phe Ile Gln Gln Val Leu
 610 615 620
 Val Asn Val Ala Ser Leu Phe Ser Gly Tyr Leu Gln
 20 625 630 635

 <210> 61
 <211> 1956
 <212> ADN
 25 <213> *Chlamydia pneumoniae*

<400> 61		
	atggttaatc ctattggtcc aggtcctata gacgaaacag aacgcacacc tcccgcagat	60
	ctttctgctc aaggattgga ggcgagtgc gcaaataaga gtgcggaagc tcaaagaata	120
	gcaggtgcgg aagctaagcc taaagaatct aagaccgatt ctgtagagcg atggagcatc	180
5	ttgcgttctg cagtgaatgc tctcatgagt ctggcagata agctgggtat tgcttctagt	240
	aacagctcgt cttctactag cagatctgca gacgtggact caacgacagc gaccgcacct	300
	acgcctcctc caccacggtt tgatgattat aagactcaag cgcaaacagc ttacgatact	360
	atctttacct caacatcact agctgacata caggctgctt tggtagagcct ccaggatgct	420
	gtcactaata taaaggatac agcggctact gatgaggaaa ccgcaatcgc tgcggagtgg	480
10	gaaactaaga atgccgatgc agttaaagtt ggcgcgcaaa ttacagaatt agcgaaatat	540
	gcttcggata accaagcgat tcttgactct ttaggtaaac tgacttcctt cgacctctta	600
	caggctgctc ttctccaatc tgtagcaaac aataacaaag cagctgagct tcttaaagag	660
	atgcaagata acccagtagt cccagggaaa acgcctgcaa ttgctcaatc tttagttgat	720
	cagacagatg ctacagcgac acagatagag aaagatggaa atgcgattag ggatgcatat	780
15	tttgcaggac agaacgctag tggagctgta gaaaatgcta aatctaataa cagtataagc	840
	aacatagatt cagctaaagc agcaatcgtc actgctaaga cacaaatagc tgaagctcag	900
	aaaaagttcc ccgactctcc aattcttcaa gaagcggaac aaatggtaat acaggctgag	960
	aaagatctta aaaatatcaa acctgcagat ggttctgatg ttccaaatcc aggaactaca	1020
	gttggaggct ccaagcaaca aggaagtagt attggtagta ttcgtgtttc catgctgtta	1080
20	gatgatgctg aaaatgagac cgcttcatt ttgatgtctg ggtttcgtca gatgattcac	1140
	atgttcaata cggaaaatcc tgattctcaa gctgccaac aggagctcgc agcacaagct	1200
	agagcagcga aagccgctgg agatgacagt gctgctgcag cgctggcaga tgctcagaaa	1260
	gctttagaag cggtcttagg taaagctggg caacaacagg gcatactcaa tgcttttagga	1320
	cagatcgctt ctgctgctgt tgtgagcgca ggagttcctc ccgctgcagc aagttctata	1380
25	gggtcatctg taaaacagct ttacaagacc tcaaatcta caggttctga ttataaaaca	1440

cagatatcag caggttatga tgcttacaaa tccatcaatg atgcctatgg tagggcacga 1500
aatgatgcga ctcgatgatgt gataaacaat gtaagtaccc ccgctctcac acgatccggtt 1560
cctagagcac gaacagaagc tcgaggacca gaaaaaacag atcaagccct cgctaggggtg 1620
atttctggca atagcagaac tcttgagat gtctatagtc aagtttcggc actacaatct 1680
5 gtaatgcaga tcatccagtc gaatcctcaa gcgaataatg aggagatcag acaaaagctt 1740
acatcggcag tgacaaagcc tccacagttt ggctatcctt atgtgcaact ttctaatac 1800
tctacacaga agttcatagc taaattagaa agtttgtttg ctgaaggatc taggacagca 1860
gctgaaataa aagcactttc ctttgaaacg aactccttgt ttattcagca ggtgctggtc 1920
aatatcggct ctctatattc tggttatctc caataa 1956

10

<210> 62
<211> 651
<212> PRT
<213> *Chlamydia pneumoniae*

15

<400> 62
Met Val Asn Pro Ile Gly Pro Gly Pro Ile Asp Glu Thr Glu Arg Thr
1 5 10 15
Pro Pro Ala Asp Leu Ser Ala Gln Gly Leu Glu Ala Ser Ala Ala Asn

20

20 25 30
Lys Ser Ala Glu Ala Gln Arg Ile Ala Gly Ala Glu Ala Lys Pro Lys
35 40 45
Glu Ser Lys Thr Asp Ser Val Glu Arg Trp Ser Ile Leu Arg Ser Ala
50 55 60
Val Asn Ala Leu Met Ser Leu Ala Asp Lys Leu Gly Ile Ala Ser Ser

25

65 70 75 80

	Asn	Ser	Ser	Ser	Ser	Thr	Ser	Arg	Ser	Ala	Asp	Val	Asp	Ser	Thr	Thr
						85					90					95
	Ala	Thr	Ala	Pro	Thr	Pro	Pro	Pro	Pro	Thr	Phe	Asp	Asp	Tyr	Lys	Thr
5				100					105					110		
	Gln	Ala	Gln	Thr	Ala	Tyr	Asp	Thr	Ile	Phe	Thr	Ser	Thr	Ser	Leu	Ala
				115					120					125		
	Asp	Ile	Gln	Ala	Ala	Leu	Val	Ser	Leu	Gln	Asp	Ala	Val	Thr	Asn	Ile
				130					135					140		
10	Lys	Asp	Thr	Ala	Ala	Thr	Asp	Glu	Glu	Thr	Ala	Ile	Ala	Ala	Glu	Trp
				145				150					155			160
	Glu	Thr	Lys	Asn	Ala	Asp	Ala	Val	Lys	Val	Gly	Ala	Gln	Ile	Thr	Glu
								165					170			175
	Leu	Ala	Lys	Tyr	Ala	Ser	Asp	Asn	Gln	Ala	Ile	Leu	Asp	Ser	Leu	Gly
15				180					185					190		
	Lys	Leu	Thr	Ser	Phe	Asp	Leu	Leu	Gln	Ala	Ala	Leu	Leu	Gln	Ser	Val
				195					200					205		
	Ala	Asn	Asn	Asn	Lys	Ala	Ala	Glu	Leu	Leu	Lys	Glu	Met	Gln	Asp	Asn
				210					215					220		
20	Pro	Val	Val	Pro	Gly	Lys	Thr	Pro	Ala	Ile	Ala	Gln	Ser	Leu	Val	Asp
				225					230					235		240
	Gln	Thr	Asp	Ala	Thr	Ala	Thr	Gln	Ile	Glu	Lys	Asp	Gly	Asn	Ala	Ile
								245					250			255
	Arg	Asp	Ala	Tyr	Phe	Ala	Gly	Gln	Asn	Ala	Ser	Gly	Ala	Val	Glu	Asn
25				260					265					270		

Ala Lys Ser Asn Asn Ser Ile Ser Asn Ile Asp Ser Ala Lys Ala Ala
 275 280 285
 Ile Ala Thr Ala Lys Thr Gln Ile Ala Glu Ala Gln Lys Lys Phe Pro
 5 290 295 300
 Asp Ser Pro Ile Leu Gln Glu Ala Glu Gln Met Val Ile Gln Ala Glu
 305 310 315 320
 Lys Asp Leu Lys Asn Ile Lys Pro Ala Asp Gly Ser Asp Val Pro Asn
 325 330 335
 10 Pro Gly Thr Thr Val Gly Gly Ser Lys Gln Gln Gly Ser Ser Ile Gly
 340 345 350
 Ser Ile Arg Val Ser Met Leu Leu Asp Asp Ala Glu Asn Glu Thr Ala
 355 360 365
 Ser Ile Leu Met Ser Gly Phe Arg Gln Met Ile His Met Phe Asn Thr
 15 370 375 380
 Glu Asn Pro Asp Ser Gln Ala Ala Gln Gln Glu Leu Ala Ala Gln Ala
 385 390 395 400
 Arg Ala Ala Lys Ala Ala Gly Asp Asp Ser Ala Ala Ala Ala Leu Ala
 405 410 415
 20 Asp Ala Gln Lys Ala Leu Glu Ala Ala Leu Gly Lys Ala Gly Gln Gln
 420 425 430
 Gln Gly Ile Leu Asn Ala Leu Gly Gln Ile Ala Ser Ala Ala Val Val
 435 440 445
 Ser Ala Gly Val Pro Pro Ala Ala Ala Ser Ser Ile Gly Ser Ser Val
 25 450 455 460

Lys Gln Leu Tyr Lys Thr Ser Lys Ser Thr Gly Ser Asp Tyr Lys Thr
 465 470 475 480
 Gln Ile Ser Ala Gly Tyr Asp Ala Tyr Lys Ser Ile Asn Asp Ala Tyr
 5 485 490 495
 Gly Arg Ala Arg Asn Asp Ala Thr Arg Asp Val Ile Asn Asn Val Ser
 500 505 510
 Thr Pro Ala Leu Thr Arg Ser Val Pro Arg Ala Arg Thr Glu Ala Arg
 515 520 525
 10 Gly Pro Glu Lys Thr Asp Gln Ala Leu Ala Arg Val Ile Ser Gly Asn
 530 535 540
 Ser Arg Thr Leu Gly Asp Val Tyr Ser Gln Val Ser Ala Leu Gln Ser
 545 550 555 560
 Val Met Gln Ile Ile Gln Ser Asn Pro Gln Ala Asn Asn Glu Glu Ile
 15 565 570 575
 Arg Gln Lys Leu Thr Ser Ala Val Thr Lys Pro Pro Gln Phe Gly Tyr
 580 585 590
 Pro Tyr Val Gln Leu Ser Asn Asp Ser Thr Gln Lys Phe Ile Ala Lys
 595 600 605
 20 Leu Glu Ser Leu Phe Ala Glu Gly Ser Arg Thr Ala Ala Glu Ile Lys
 610 615 620
 Ala Leu Ser Phe Glu Thr Asn Ser Leu Phe Ile Gln Gln Val Leu Val
 625 630 635 640
 Asn Ile Gly Ser Leu Tyr Ser Gly Tyr Leu Gln
 25 645 650

<210> 63
 <211> 261
 <212> ADN
 5 <213> *Chlamydia trachomatis*
 <400> 63
 atgagtcaaa ataagaactc tgctttcatg cagcctgtga acgtatccgc tgatttagct 60
 gccatcggtg gtgcaggacc tatgcctcgc acagagatca ttaagaaaat gtgggattac 120
 attaagaaga atggccttca agatcctaca aacaaacgta atatcaatcc cgatgataaa 180
 10 ttggctaaag tttttggaac tgaaaaacct atcgatatgt tccaaatgac aaaaatgggt 240
 tctcaacaca tcattaaata a 261

 <210> 64
 <211> 86
 15 <212> PRT
 <213> *Chlamydia trachomatis*
 <400> 64
 Met Ser Gln Asn Lys Asn Ser Ala Phe Met Gln Pro Val Asn Val Ser
 1 5 10 15
 20 Ala Asp Leu Ala Ala Ile Val Gly Ala Gly Pro Met Pro Arg Thr Glu
 20 25 30
 Ile Ile Lys Lys Met Trp Asp Tyr Ile Lys Lys Asn Gly Leu Gln Asp
 35 40 45
 Pro Thr Asn Lys Arg Asn Ile Asn Pro Asp Asp Lys Leu Ala Lys Val
 25 50 55 60

Phe Gly Thr Glu Lys Pro Ile Asp Met Phe Gln Met Thr Lys Met Val

65

70

75

80

Ser Gln His Ile Ile Lys

85

5

<210> 65

<211> 261

<212> ADN

<213> *Chlamydia muridarum*

10

<400> 65

atgagtcaaa ataagaactc tgctttcatg cagcctgtga acgtatcttc tgatttagct 60

gccattgttg gtacagggcc tatgcctcgc acagaaatca ttaagaaaat ttgggattat 120

attaagcaga ataaacttca agatcctact aacaaacgca acatcaatcc tgatgataaa 180

ttagccaagg tttttggttc caaagaccct gtagatatgt tccaaatgac aaaaatagtc 240

15

tctaaacaca ttgttaaata a 261

<210> 66

<211> 86

<212> PRT

20

<213> *Chlamydia muridarum*

<400> 66

Met Ser Gln Asn Lys Asn Ser Ala Phe Met Gln Pro Val Asn Val Ser

1

5

10

15

Ser Asp Leu Ala Ala Ile Val Gly Thr Gly Pro Met Pro Arg Thr Glu

25

20

25

30

Ile Ile Lys Lys Ile Trp Asp Tyr Ile Lys Gln Asn Lys Leu Gln Asp

35

40

45

Pro Thr Asn Lys Arg Asn Ile Asn Pro Asp Asp Lys Leu Ala Lys Val

50

55

60

5 Phe Gly Ser Lys Asp Pro Val Asp Met Phe Gln Met Thr Lys Ile Val

65

70

75

80

Ser Lys His Ile Val Lys

85

10 <210> 67

<211> 264

<212> ADN

<213> *Chlamydia psitacii*

<400> 67

15 atgagtcaaa aaaacaaaaa ctctgctttt atgaaccccg tcaatattac ccccgattta 60
gcagctatcg ttggcgaggg accaatgccc cgcactgaaa ttgtcaaaaa agtatgggag 120
cacattaataaa aaaataacct tcaagaccct aagaataaaa gaaatatacct tcccgatgac 180
gccctagcta aagtcttttg ttctaaaaat ccaatcgata tgtttcaaat gacgaaagcc 240
ctttccgctc atatcgtaaa ataa 264

20

<210> 68

<211> 87

<212> PRT

<213> *Chlamydia psitacii*

25

<400> 68

Met Ser Gln Lys Asn Lys Asn Ser Ala Phe Met Asn Pro Val Asn Ile

1 5 10 15

Thr Pro Asp Leu Ala Ala Ile Val Gly Glu Gly Pro Met Pro Arg Thr

5 20 25 30

Glu Ile Val Lys Lys Val Trp Glu His Ile Lys Lys Asn Asn Leu Gln

35 40 45

Asp Pro Lys Asn Lys Arg Asn Ile Leu Pro Asp Asp Ala Leu Ala Lys

50 55 60

10 Val Phe Gly Ser Lys Asn Pro Ile Asp Met Phe Gln Met Thr Lys Ala

65 70 75 80

Leu Ser Ala His Ile Val Lys

85

15 <210> 69

<211> 264

<212> ADN

<213> *Chlamydia pneumoniae*

<400> 69

20 atgagtcaaa aaaataaaaa ctctgctttt atgcatcccg tgaatatttc cacagattta 60

gcagttatag ttggcaaggg acctatgccc agaaccgaaa ttgtaaagaa agtttgggaa 120

tacattaaaa aacacaactg tcaggatcaa aaaaataaac gtaatattct tcccgatgcg 180

aatcttgcca aagtctttgg ctctagtgat cctatcgaca tggtccaaat gaccaaagcc 240

ctttccaaac atattgtaaa ataa 264

25

<210> 70

<211> 87

<212> PRT

<213> *Chlamydia pneumoniae*

5 <400> 70

Met Ser Gln Lys Asn Lys Asn Ser Ala Phe Met His Pro Val Asn Ile

1 5 10 15

Ser Thr Asp Leu Ala Val Ile Val Gly Lys Gly Pro Met Pro Arg Thr

20 25 30

10 Glu Ile Val Lys Lys Val Trp Glu Tyr Ile Lys Lys His Asn Cys Gln

35 40 45

Asp Gln Lys Asn Lys Arg Asn Ile Leu Pro Asp Ala Asn Leu Ala Lys

50 55 60

Val Phe Gly Ser Ser Asp Pro Ile Asp Met Phe Gln Met Thr Lys Ala

15 65 70 75 80

Leu Ser Lys His Ile Val Lys

85

<210> 71

20 <211> 1266

<212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 71

atgactgcat caggaggagc tggaggggcta ggcagcaccc aaacagtaga cggtgcgaga 60

25 gcacaagctg ctgcagctac tcaagatgca caagagggtta tcggctctca ggaagcttct 120

	gaggcaagta tgctcaaagg atgtgaggat ctcataaatc ctgcagctgc aaccogaatc	180
	aaaaaaaaag gagagaagtt tgaatcatta gaagctcgtc gcaaaccaac agcggataaa	240
	gcagaaaaga aatccgagag cacagaggaa aaaggcgata ctctctttga agatcgtttc	300
	acagaagatc tttccgaagt ctccggagaa gatttttcgag gattgaaaaa ttcgttcgat	360
5	gatgattctt ctcttgacga aattctcgat gcgctcacia gtaaattttc tgatcccaca	420
	ataaaggatc tagctcttga ttatctaatt caaacagctc cctctgatgg gaaacttaag	480
	tccactctca ttcaggcaaa gcatcaactg atgagccaga atcctcaggc gattggttga	540
	ggacgcaatg ttctgttagc ttcagaaacc tttgcttcca gagcaaatac atctccttca	600
	tcgcttcgct ccttatattt ccaagtaacc tcacccccct ctaattgcgc taatttacat	660
10	caaatgcttg cttcttactt gccatcagag aaaaccgctg ttatggagtt tctagtaa	720
	ggcatggtag cagatttaaa atcggagggc ccttccattc ctctgcaaa attgcaagta	780
	tatatgacgg aactaagcaa tctccaagcc ttacactctg taaatagctt ttttgataga	840
	aatattggga acttggaata tagcttaag catgaaggac atgcccctat tccatcctta	900
	acgacaggaa atttaactaa aaccttctta caattagtag aagataaatt cccttcctct	960
15	tccaaagctc aaaaggcatt aaatgaactg gtaggcccag atactggtcc tcaaactgaa	1020
	gttttaaact tattcttccg cgctcttaat ggctgttcgc ctagaatatt ctctggagct	1080
	gaaaaaaaaac agcagctggc atcgggttatc acaaatacgc tagatgcatg aaatgcggat	1140
	aatgaggatt atcctaaacc aggtgacttc ccacgatctt ccttctctag tacgcctcct	1200
	catgctccag tacctcaatc tgagattcca acgtcaccta cctcaacaca gctccatca	1260
20	ccctaa	1266

<210> 72

<211> 421

<212> PRT

25 <213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 72

Met Thr Ala Ser Gly Gly Ala Gly Gly Leu Gly Ser Thr Gln Thr Val
1 5 10 15

Asp Val Ala Arg Ala Gln Ala Ala Ala Ala Thr Gln Asp Ala Gln Glu
5 20 25 30

Val Ile Gly Ser Gln Glu Ala Ser Glu Ala Ser Met Leu Lys Gly Cys
35 40 45

Glu Asp Leu Ile Asn Pro Ala Ala Ala Thr Arg Ile Lys Lys Lys Gly
50 55 60

10 Glu Lys Phe Glu Ser Leu Glu Ala Arg Arg Lys Pro Thr Ala Asp Lys
65 70 75 80

Ala Glu Lys Lys Ser Glu Ser Thr Glu Glu Lys Gly Asp Thr Pro Leu
85 90 95

Glu Asp Arg Phe Thr Glu Asp Leu Ser Glu Val Ser Gly Glu Asp Phe
15 100 105 110

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

Leu Asp Ala Leu Thr Ser Lys Phe Ser Asp Pro Thr Ile Lys Asp Leu
130 135 140

20 Ala Leu Asp Tyr Leu Ile Gln Thr Ala Pro Ser Asp Gly Lys Leu Lys
145 150 155 160

Ser Thr Leu Ile Gln Ala Lys His Gln Leu Met Ser Gln Asn Pro Gln
165 170 175

Ala Ile Val Gly Gly Arg Asn Val Leu Leu Ala Ser Glu Thr Phe Ala
25 180 185 190

Ser Arg Ala Asn Thr Ser Pro Ser Ser Leu Arg Ser Leu Tyr Phe Gln
 195 200 205
 Val Thr Ser Ser Pro Ser Asn Cys Ala Asn Leu His Gln Met Leu Ala
 5 210 215 220
 Ser Tyr Leu Pro Ser Glu Lys Thr Ala Val Met Glu Phe Leu Val Asn
 225 230 235 240
 Gly Met Val Ala Asp Leu Lys Ser Glu Gly Pro Ser Ile Pro Pro Ala
 245 250 255
 10 Lys Leu Gln Val Tyr Met Thr Glu Leu Ser Asn Leu Gln Ala Leu His
 260 265 270
 Ser Val Asn Ser Phe Phe Asp Arg Asn Ile Gly Asn Leu Glu Asn Ser
 275 280 285
 Leu Lys His Glu Gly His Ala Pro Ile Pro Ser Leu Thr Thr Gly Asn
 15 290 295 300
 Leu Thr Lys Thr Phe Leu Gln Leu Val Glu Asp Lys Phe Pro Ser Ser
 305 310 315 320
 Ser Lys Ala Gln Lys Ala Leu Asn Glu Leu Val Gly Pro Asp Thr Gly
 325 330 335
 20 Pro Gln Thr Glu Val Leu Asn Leu Phe Phe Arg Ala Leu Asn Gly Cys
 340 345 350
 Ser Pro Arg Ile Phe Ser Gly Ala Glu Lys Lys Gln Gln Leu Ala Ser
 355 360 365
 Val Ile Thr Asn Thr Leu Asp Ala Ile Asn Ala Asp Asn Glu Asp Tyr
 25 370 375 380

	Pro Lys Pro Gly Asp Phe Pro Arg Ser Ser Phe Ser Ser Thr Pro Pro	
	385	390 395 400
	His Ala Pro Val Pro Gln Ser Glu Ile Pro Thr Ser Pro Thr Ser Thr	
	405	410 415
5	Gln Pro Pro Ser Pro	
	420	
	<210> 73	
	<211> 1257	
10	<212> ADN	
	<213> <i>Chlamydia muridarum</i>	
	<400> 73	
	atgactgcat ccggaggagc tggaggggta ggcggaaccc aaacagtaaa cgtagcacaa	60
	gcgcaagctg cagcagctac tcaggatgca caagaaatca taggctctca ggaagcttct	120
15	gaagccagtt tgattaaagg aagtgaggat cttgctaatac ctgctgcagc gactagaatc	180
	aaaaagaaaag aagacaaaatt tcagtcatta gaagctcgtc gaaaaacaac tagtaaattcc	240
	gaaaaaaaaat cagaaagtac agaagagaaa tcagactctt ctcttgaaga gcgcttcaca	300
	gaaaatcttt cggatgtttc tggagaagat tttcgagggt taaaggattc tctgagtga	360
	gattcctctc ctgaagagat tcttgagaag ctgtcaggca aattttcgga cccacaatt	420
20	aaagatcttg ctctagactt tctgattcaa tcgagtcctc ctgatgggaa attaagagcc	480
	tctcttattc aggcaaaaaca gacgcttttt caacaaaatc ctcaagcagt caaaggaggg	540
	cgcaacgttc ttttagcatc agaagccttt gcttctaaag caaacacttc cctgcatca	600
	ttacgcgcat tgtataccca agtaacctca tctccggcta attgtgcttc tctaagtcag	660
	atgctatcct cttattctcc tacagaaaaa gcagctgtta tagatttttt aacaaatggt	720
25	atgggtgtctg atctcaaatac aggagggcct tccatccctg ctccacaatt gcaagtgtat	780

atgacggagc tcagcaatct acaagccctc aactctgtag acagtttttt tgacaaaaat 840
 acaaaaggac tagaagacaa tttaaaagcc gaaggacata cccttcacc atccctaact 900
 cccagtaatc ttgctcaaac ttttttaaag ttagtggaag ataagttccc gtcctcccaa 960
 aaagctcaaa aattgttgga tggccttggt ggttctgacg ttactcctca aactgaagtt 1020
 5 ttaaattctct tttaccgagc gctcaatggt tgttccccac gaatattcgg caatgctgag 1080
 aaaaaacagc agctagcaac agtaattact aacacattag ataccgtgaa tgccgataac 1140
 gaagattatc ctaaactag cgatttcccc aaaccttcct tccatggcac tcctcctcat 1200
 gctccagtgt ctctatctga tattccatca gcaacaacaa actctgcaga ccaataa 1257

10 <210> 74
 <211> 418
 <212> PRT
 <213> *Chlamydia muridarum*

15 <400> 74
 Met Thr Ala Ser Gly Gly Ala Gly Gly Leu Gly Gly Thr Gln Thr Val
 1 5 10 15
 Asn Val Ala Gln Ala Gln Ala Ala Ala Thr Gln Asp Ala Gln Glu
 20 25 30
 20 Ile Ile Gly Ser Gln Glu Ala Ser Glu Ala Ser Leu Ile Lys Gly Ser
 35 40 45
 Glu Asp Leu Ala Asn Pro Ala Ala Ala Thr Arg Ile Lys Lys Lys Glu
 50 55 60
 Asp Lys Phe Gln Ser Leu Glu Ala Arg Arg Lys Thr Thr Ser Lys Ser
 25 65 70 75 80

Glu Lys Lys Ser Glu Ser Thr Glu Glu Lys Ser Asp Ser Ser Leu Glu
 85 90 95
 Glu Arg Phe Thr Glu Asn Leu Ser Asp Val Ser Gly Glu Asp Phe Arg
 5 100 105 110
 Gly Leu Lys Asp Ser Leu Ser Glu Asp Ser Ser Pro Glu Glu Ile Leu
 115 120 125
 Glu Lys Leu Ser Gly Lys Phe Ser Asp Pro Thr Ile Lys Asp Leu Ala
 130 135 140
 10 Leu Asp Phe Leu Ile Gln Ser Ser Pro Pro Asp Gly Lys Leu Arg Ala
 145 150 155 160
 Ser Leu Ile Gln Ala Lys Gln Thr Leu Phe Gln Gln Asn Pro Gln Ala
 165 170 175
 Val Lys Gly Gly Arg Asn Val Leu Leu Ala Ser Glu Ala Phe Ala Ser
 15 180 185 190
 Lys Ala Asn Thr Ser Pro Ala Ser Leu Arg Ala Leu Tyr Thr Gln Val
 195 200 205
 Thr Ser Ser Pro Ala Asn Cys Ala Ser Leu Ser Gln Met Leu Ser Ser
 210 215 220
 20 Tyr Ser Pro Thr Glu Lys Ala Ala Val Ile Asp Phe Leu Thr Asn Gly
 225 230 235 240
 Met Val Ser Asp Leu Lys Ser Gly Gly Pro Ser Ile Pro Ala Pro Gln
 245 250 255
 Leu Gln Val Tyr Met Thr Glu Leu Ser Asn Leu Gln Ala Leu Asn Ser
 25 260 265 270

Val Asp Ser Phe Phe Asp Lys Asn Thr Lys Gly Leu Glu Asp Asn Leu
 275 280 285
 Lys Ala Glu Gly His Thr Leu Pro Pro Ser Leu Thr Pro Ser Asn Leu
 290 295 300
 5 Ala Gln Thr Phe Leu Lys Leu Val Glu Asp Lys Phe Pro Ser Ser Gln
 305 310 315 320
 Lys Ala Gln Lys Leu Leu Asp Gly Leu Val Gly Ser Asp Val Thr Pro
 325 330 335
 Gln Thr Glu Val Leu Asn Leu Phe Tyr Arg Ala Leu Asn Gly Cys Ser
 10 340 345 350
 Pro Arg Ile Phe Gly Asn Ala Glu Lys Lys Gln Gln Leu Ala Thr Val
 355 360 365
 Ile Thr Asn Thr Leu Asp Thr Val Asn Ala Asp Asn Glu Asp Tyr Pro
 370 375 380
 15 Lys Pro Ser Asp Phe Pro Lys Pro Ser Phe His Gly Thr Pro Pro His
 385 390 395 400
 Ala Pro Val Ser Leu Ser Asp Ile Pro Ser Ala Thr Thr Asn Ser Ala
 405 410 415
 Asp Gln
 20
 <210> 75
 <211> 1194
 <212> ADN
 <213> *Chlamydia psitacii*
 25

	<400>	75	
	atggctgcat	ctggaggagc	tggtggctta
	gtgcaagctg	cagctgcgaa	agctgatgcc
	gacatcagta	tgattaagga	ttctcaggat
5	aagaaaaaag	aagaaaaaatt	ccaaactcta
	gagaaaaagt	ctgaaagcac	gggagataaa
	gaaaataatg	ctgaaatctc	aggtcaagat
	ggttcttccg	aagaagatgt	tttagatctt
	caaagtgttg	ccctagatta	tttagtccag
10	gacaccttaa	tcagggcaca	acaaaaccac
	ggtaaaaata	ttctatttgc	ctctcaagag
	ggattacgtg	ctctttatct	tgaggtaacg
	acatctctcc	agtcacgtta	tagttacgaa
	aaggggatgg	ctgctgattt	aaaatctgaa
15	gtgatgatga	cagaaactcg	taaccttcaa
	acaaagctac	caacacttac	cgcactctta
	aaatttgata	aagtagccga	tactttcttt
	tcaaaaatgg	agcgcggtgt	ccgtgacctt
	atgctcaacc	tcttctttgt	tgctttaagg
20	gaaaagcgtc	agcaattagg	cacaatgatg
	aacgaagatt	acccaaaatc	tacagacttc

	<210>	76
	<211>	397
25	<212>	PRT

<213> *Chlamydia psittaci*

<400> 76

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

	Ala	Val	Val	Gly	Gly	Lys	Asn	Ile	Leu	Phe	Ala	Ser	Gln	Glu	Tyr	Ala	
																	180 185 190
	Ser	Leu	Leu	Asn	Thr	Ser	Ala	Pro	Gly	Leu	Arg	Ala	Leu	Tyr	Leu	Glu	
5																	195 200 205
	Val	Thr	Ser	Asp	Phe	His	Ser	Cys	Glu	Gln	Leu	Leu	Thr	Ser	Leu	Gln	
																	210 215 220
	Ser	Arg	Tyr	Ser	Tyr	Glu	Glu	Met	Gly	Thr	Val	Ser	Ser	Phe	Ile	Leu	
																	225 230 235 240
10	Lys	Gly	Met	Ala	Ala	Asp	Leu	Lys	Ser	Glu	Gly	Ser	Ser	Ile	Pro	Ala	
																	245 250 255
	Pro	Lys	Leu	Gln	Val	Met	Met	Thr	Glu	Thr	Arg	Asn	Leu	Gln	Ala	Val	
																	260 265 270
	Leu	Thr	Gly	Tyr	His	Phe	Phe	Glu	Thr	Lys	Leu	Pro	Thr	Leu	Thr	Ala	
15																	275 280 285
	Ser	Leu	Lys	Ala	Asp	Gly	Val	Thr	Val	Pro	Asp	Leu	Lys	Phe	Asp	Lys	
																	290 295 300
	Val	Ala	Asp	Thr	Phe	Phe	Lys	Leu	Ile	Asn	Asp	Lys	Phe	Pro	Thr	Ala	
																	305 310 315 320
20	Ser	Lys	Met	Glu	Arg	Gly	Val	Arg	Asp	Leu	Ile	Gly	Asp	Asp	Thr	Glu	
																	325 330 335
	Ala	Val	Thr	Gly	Met	Leu	Asn	Leu	Phe	Phe	Val	Ala	Leu	Arg	Gly	Thr	
																	340 345 350
	Ser	Pro	Arg	Leu	Phe	Ala	Ser	Ala	Glu	Lys	Arg	Gln	Gln	Leu	Gly	Thr	
25																	355 360 365

Met Met Ala Asn Ala Leu Asp Ala Val Asn Ile Asn Asn Glu Asp Tyr

370

375

380

Pro Lys Ser Thr Asp Phe Pro Lys Pro Tyr Pro Trp Ser

385

390

395

5

<210> 77

<211> 1200

<212> ADN

<213> *Chlamydia pneumoniae*

10

<400> 77

atggcagcat caggaggcac aggtggttta ggaggcactc aggggtgtcaa ccttgcagct 60

gtagaagctg cagctgcaaa agcagatgca gcagaagttg tagccagcca agaaggttct 120

gagatgaaca tgattcaaca atctcaggac ctgacaaatc ccgcagcagc aacacgcacg 180

aaaaaaaaagg aagagaagtt tcaaactcta gaatctcgga aaaaaggaga agctggaaag 240

15

gctgagaaaa aatctgaatc tacagaagag aagcctgaca cagatcttgc tgataagtat 300

gcttctggga attctgaaat ctctgggtcaa gaacttcgcg gcctgcgtga tgcaatagga 360

gacgatgctt ctccagaaga cattcttgct cttgtacaag agaaaattaa agaccagct 420

ctgcaatcca cagctttgga ctacctggtt caaacgactc caccctccca aggtaaatta 480

aaagaagcgc ttatccaagc aaggaatact catacggagc aattcggacg aactgctatt 540

20

ggtgcgaaaa acatcttatt tgcctctcaa gaatatgcag accaactgaa tgtttctcct 600

tcagggttc gctctttgta cttagaagtg actggagaca cacatactg tgatcagcta 660

ctttctatgc ttcaagaccg ctatactac caagatatgg ctattgtcag ctcttttcta 720

atgaaaggaa tggcaacaga attaaaaagg cagggtcctt acgtaccagc tgcgcaacta 780

caagtttca tgacagaaac tcgtaacctg caagcagttc ttacctgta cgattacttt 840

25

gaaagtcgcg ttcctatatt actcgatagc ttaaagctg agggaatcca aactccttct 900

gatctaaact ttgtgaaggt agctgagtcc taccataaaa tcattaacga taagttccca 960
 acagcatcta aagtagaacg agaagtccgc aatctcatag gagacgatgt tgattctgtg 1020
 accggtgtct tgaacttatt cttttctgct ttacgtcaaa cgtcgtcacg ccttttctct 1080
 tcagcagaca aacgtcagca attaggagct atgattgcta atgctttaga tgctgtaaat 1140
 5 ataaacaatg aagattatcc caaagcatca gatttccta aaccctatcc ttggatcatga 1200

<210> 78

<211> 399

<212> PRT

10 <213> *Chlamydia pneumoniae*

<400> 78

Met Ala Ala Ser Gly Gly Thr Gly Gly Leu Gly Gly Thr Gln Gly Val

1 5 10 15

Asn Leu Ala Ala Val Glu Ala Ala Ala Ala Lys Ala Asp Ala Ala Glu

15 20 25 30

Val Val Ala Ser Gln Glu Gly Ser Glu Met Asn Met Ile Gln Gln Ser

35 40 45

Gln Asp Leu Thr Asn Pro Ala Ala Ala Thr Arg Thr Lys Lys Lys Glu

50 55 60

20 Glu Lys Phe Gln Thr Leu Glu Ser Arg Lys Lys Gly Glu Ala Gly Lys

65 70 75 80

Ala Glu Lys Lys Ser Glu Ser Thr Glu Glu Lys Pro Asp Thr Asp Leu

85 90 95

Ala Asp Lys Tyr Ala Ser Gly Asn Ser Glu Ile Ser Gly Gln Glu Leu

25 100 105 110

	Arg Gly Leu Arg Asp Ala Ile Gly Asp Asp Ala Ser Pro Glu Asp Ile
	115 120 125
	Leu Ala Leu Val Gln Glu Lys Ile Lys Asp Pro Ala Leu Gln Ser Thr
5	130 135 140
	Ala Leu Asp Tyr Leu Val Gln Thr Thr Pro Pro Ser Gln Gly Lys Leu
	145 150 155 160
	Lys Glu Ala Leu Ile Gln Ala Arg Asn Thr His Thr Glu Gln Phe Gly
	165 170 175
10	Arg Thr Ala Ile Gly Ala Lys Asn Ile Leu Phe Ala Ser Gln Glu Tyr
	180 185 190
	Ala Asp Gln Leu Asn Val Ser Pro Ser Gly Leu Arg Ser Leu Tyr Leu
	195 200 205
	Glu Val Thr Gly Asp Thr His Thr Cys Asp Gln Leu Leu Ser Met Leu
15	210 215 220
	Gln Asp Arg Tyr Thr Tyr Gln Asp Met Ala Ile Val Ser Ser Phe Leu
	225 230 235 240
	Met Lys Gly Met Ala Thr Glu Leu Lys Arg Gln Gly Pro Tyr Val Pro
	245 250 255
20	Ser Ala Gln Leu Gln Val Leu Met Thr Glu Thr Arg Asn Leu Gln Ala
	260 265 270
	Val Leu Thr Ser Tyr Asp Tyr Phe Glu Ser Arg Val Pro Ile Leu Leu
	275 280 285
	Asp Ser Leu Lys Ala Glu Gly Ile Gln Thr Pro Ser Asp Leu Asn Phe
25	290 295 300

Val Lys Val Ala Glu Ser Tyr His Lys Ile Ile Asn Asp Lys Phe Pro
305 310 315 320
Thr Ala Ser Lys Val Glu Arg Glu Val Arg Asn Leu Ile Gly Asp Asp
325 330 335
5 Val Asp Ser Val Thr Gly Val Leu Asn Leu Phe Phe Ser Ala Leu Arg
340 345 350
Gln Thr Ser Ser Arg Leu Phe Ser Ser Ala Asp Lys Arg Gln Gln Leu
355 360 365
Gly Ala Met Ile Ala Asn Ala Leu Asp Ala Val Asn Ile Asn Asn Glu
10 370 375 380
Asp Tyr Pro Lys Ala Ser Asp Phe Pro Lys Pro Tyr Pro Trp Ser
385 390 395

<210> 79
15 <211> 1266
<212> ADN
<213> Chlamydia trachomatis
<400> 79

atgactgcat caggaggagc tggagggcta ggcagcaccc aaacagtaga cgttgcgcga 60
20 gcacaagctg ctgcagctac tcaagatgca caagagggtta tcggtcttca ggaagcttct 120
gaggcaagta tgctcaaagg atgtgaggat ctcataaatc ctgcagctgc aaccggaatc 180
aaaaaaaaag aagagaagtt tgaatcatta gaagctcgtc gcaaaccaac agcggataaa 240
gcagaaaaga aatccgagag cacagaggaa aaaggcgata ctctctttga agatcgtttc 300
acagaagatc tttccgaagt ctccggagaa gattttcgag gattgaaaaa ttcgttcgat 360
25 gatgattctt ctctgaaga aattctcgat gcgctcacia gtaaattttc tgatcccaca 420

	ataaaggatc tagctcttga ttatctaatt caaacagctc cctctgatag gaaacttaag	480
	tccgctctca ttcaggcaaa gcatcaactg atgagccaga atcctcaggc gattggttga	540
	ggacgcaatg ttctgttagc ttcagaaacc tttgcttcca gagcaaatac atctccttca	600
	tcgcttcgct ccttatattt ccaagtaacc tcatccccct ctaattgtga taatttacgt	660
5	caaatgcttg cttcttactc gccatcagag aaaaccgctg ttatggagtt tctagtaa	720
	ggcatggtag cagatttaaa atcggagggc ccttccattc ctctgcaaa attgcaagta	780
	tatatgacgg aactaagcaa tctccaagcc ttacactctg tagatagctt ttttgataga	840
	aatattggga acttggaaaa tagcttaaag catgaaggac atgcccctat tccatcctta	900
	acgacaggaa atttaactaa aaccttctta caattagtag aagataaatt cccttcctct	960
10	tccaaagctc aaaaggcatt aaatgaactg gtaggccag atactggtcc tcaaactgaa	1020
	gttttaaaact tattcttccg cgctctta	1080
	gaaaaaaaaac agcagctggc atcggttatc acaaatacgc tagatgcat aaatgcggat	1140
	aatgaggatt atcctaaacc aggtgacttc ccaogatctt ccttctctag tacgcctcct	1200
	catgctccag tacctcaatc tgagattcca acgtcaccta cctcaacaca gcctccatca	1260
15	ccctaa	1266

	<210>	80
	<211>	421
	<212>	PRT
20	<213>	<i>Chlamydia trachomatis</i>
	<400>	80
	Met Thr Ala Ser Gly Gly Ala Gly Gly Leu Gly Ser Thr Gln Thr Val	
	1 5 10 15	
	Asp Val Ala Arg Ala Gln Ala Ala Ala Thr Gln Asp Ala Gln Glu	
25	20 25 30	

448

Ser Tyr Ser Pro Ser Glu Lys Thr Ala Val Met Glu Phe Leu Val Asn
 225 230 235 240
 Gly Met Val Ala Asp Leu Lys Ser Glu Gly Pro Ser Ile Pro Pro Ala
 5 245 250 255
 Lys Leu Gln Val Tyr Met Thr Glu Leu Ser Asn Leu Gln Ala Leu His
 260 265 270
 Ser Val Asp Ser Phe Phe Asp Arg Asn Ile Gly Asn Leu Glu Asn Ser
 275 280 285
 10 Leu Lys His Glu Gly His Ala Pro Ile Pro Ser Leu Thr Thr Gly Asn
 290 295 300
 Leu Thr Lys Thr Phe Leu Gln Leu Val Glu Asp Lys Phe Pro Ser Ser
 305 310 315 320
 Ser Lys Ala Gln Lys Ala Leu Asn Glu Leu Val Gly Pro Asp Thr Gly
 15 325 330 335
 Pro Gln Thr Glu Val Leu Asn Leu Phe Phe Arg Ala Leu Asn Gly Cys
 340 345 350
 Ser Pro Arg Ile Phe Ser Gly Ala Glu Lys Lys Gln Gln Leu Ala Ser
 355 360 365
 20 Val Ile Thr Asn Thr Leu Asp Ala Ile Asn Ala Asp Asn Glu Asp Tyr
 370 375 380
 Pro Lys Pro Gly Asp Phe Pro Arg Ser Ser Phe Ser Ser Thr Pro Pro
 385 390 395 400
 His Ala Pro Val Pro Gln Ser Glu Ile Pro Thr Ser Pro Thr Ser Thr
 25 405 410 415

Gln Pro Pro Ser Pro

420

<210> 81

5 <211> 1266

<212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 81

	atgactgcat caggaggagc tggagggcta ggcagcacco aaacagtaga cgttgcgcga	60
10	gcacaagctg ctgcagctac tcaagatgca caagaggtta tcggctctca ggaagcttct	120
	gaggcaagta tgctcaaagg atgtgaggat ctcataaatc ctgcagctgc aaccogaatc	180
	aaaaaaaaag aagagaagtt tgaatcatta gaagctcgtc gcaaaccaac agcggataaa	240
	gcagaaaaga aatccgagag cacagaggaa aaaggcgata ctctctttga agatcgtttc	300
	acagaagatc tttccgaagt ctccggagaa gattttcgag gattgaaaaa ttcgttcgat	360
15	gatgattctt ctctgaaga aattctcgat gcgctcacia gttaaattttc tgatcccaca	420
	ataaaggatc tagctcttga ttatctaatt caaacagctc cctctgatag gaaacttaag	480
	tcgctctca ttcaggcaaa gcatcaactg atgagccaga atcctcaggc gattggttga	540
	ggacgcaatg ttctgttagc ttcagaaacc tttgcttcca gagcaaatac atctccttca	600
	tcgcttcgct ccttatatct ccaagtaacc tcatccccct ctaattgtga taatttacgt	660
20	caaatgcttg cttcttactc gccatcagag aaaaccgctg ttatggagtt tctagtaaat	720
	ggcatggtag cagatttaaa atcggagggc ccttccattc ctctgcaaa attgcaagta	780
	tatatgacgg aactaagcaa tctccaagcc ttacactctg tagatagctt ttttgataga	840
	aatattggga acttggaata tagcttaaag catgaaggac atgcccctat tccatcctta	900
	acgacaggaa atttaactaa aaccttctta caattagtag aagataaatt cccttcctct	960
25	tccaaagctc aaaaggcatt aaatgaactg gtaggcccag atactggtcc tcaaactgaa	1020

gttttaaact tattcttccg cgctcttaat ggctgttcgc ctagaatatt ctctggagct 1080
gaaaaaaaaac agcagctggc atcgggttatc acaaatacgc tagatgcgat aaatgcggat 1140
aatgaggatt atcctaaacc aggtgacttc ccacgatctt ccttctctag tacgcctcct 1200
catgctccag tacctcaatc tgagattcca acgtcaccta cctcaacaca gcctccatca 1260
5 ccctaa 1266

<210> 82

<211> 421

<212> PRT

10 <213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 82

Met Thr Ala Ser Gly Gly Ala Gly Gly Leu Gly Ser Thr Gln Thr Val

1 5 10 15

Asp Val Ala Arg Ala Gln Ala Ala Ala Ala Thr Gln Asp Ala Gln Glu

15 20 25 30

Val Ile Gly Ser Gln Glu Ala Ser Glu Ala Ser Met Leu Lys Gly Cys

35 40 45

Glu Asp Leu Ile Asn Pro Ala Ala Ala Thr Arg Ile Lys Lys Lys Glu

50 55 60

20 Glu Lys Phe Glu Ser Leu Glu Ala Arg Arg Lys Pro Thr Ala Asp Lys

65 70 75 80

Ala Glu Lys Lys Ser Glu Ser Thr Glu Glu Lys Gly Asp Thr Pro Leu

85 90 95

Glu Asp Arg Phe Thr Glu Asp Leu Ser Glu Val Ser Gly Glu Asp Phe

25 100 105 110

Arg Gly Leu Lys Asn Ser Phe Asp Asp Asp Ser Ser Pro Glu Glu Ile
 115 120 125
 Leu Asp Ala Leu Thr Ser Lys Phe Ser Asp Pro Thr Ile Lys Asp Leu
 5 130 135 140
 Ala Leu Asp Tyr Leu Ile Gln Thr Ala Pro Ser Asp Arg Lys Leu Lys
 145 150 155 160
 Ser Ala Leu Ile Gln Ala Lys His Gln Leu Met Ser Gln Asn Pro Gln
 165 170 175
 10 Ala Ile Val Gly Gly Arg Asn Val Leu Leu Ala Ser Glu Thr Phe Ala
 180 185 190
 Ser Arg Ala Asn Thr Ser Pro Ser Ser Leu Arg Ser Leu Tyr Leu Gln
 195 200 205
 Val Thr Ser Ser Pro Ser Asn Cys Asp Asn Leu Arg Gln Met Leu Ala
 15 210 215 220
 Ser Tyr Ser Pro Ser Glu Lys Thr Ala Val Met Glu Phe Leu Val Asn
 225 230 235 240
 Gly Met Val Ala Asp Leu Lys Ser Glu Gly Pro Ser Ile Pro Pro Ala
 245 250 255
 20 Lys Leu Gln Val Tyr Met Thr Glu Leu Ser Asn Leu Gln Ala Leu His
 260 265 270
 Ser Val Asp Ser Phe Phe Asp Arg Asn Ile Gly Asn Leu Glu Asn Ser
 275 280 285
 Leu Lys His Glu Gly His Ala Pro Ile Pro Ser Leu Thr Thr Gly Asn
 25 290 295 300

	<210>	83	
	<211>	1266	
20	<212>	ADN	
	<213>	<i>Chlamydia trachomatis</i>	
	<400>	83	
	atgactgcat caggaggagc tggagggcta ggcagcacc	aaacagtaga cgttgcgca	60
	gcacaagctg ctgcagctac tcaagatgca caagaggta	tcggctctca ggaagcttct	120
25	gaggcaagta tgctcaaagg atgtgaggat ctcataaatc	ctgcagctgc aaccggaatc	180

	aaaaaaaaag gagagaagtt tgaatcatta gaagctcgtc gcaaaccaac agcggataaa	240
	gcagaaaaga aatccgagag cacagaggaa aaaggcgata ctctctttga agatcgtttc	300
	acagaagatc tttccgaagt ctccggagaa gattttcgag gattgaaaaa ttcgttcgat	360
	gatgattctt ctctgacga aattctcgat gcgctcaca gtaaattttc tgatcccaca	420
5	ataaaggatc tagctcttga ttatctaatt caaacagctc cctctgatgg gaaacttaag	480
	tccactctca ttcaggcaaa gcatcaactg atgagccaga atcctcaggc gattgttgga	540
	ggacgcaatg ttctgttagc ttcagaaacc tttgcttcca gagcaaatac atctccttca	600
	tcgcttcgct ccttatattt ccaagtaacc tcatccccct ctaattgcgc taatttacat	660
	caaatgcttg cttcttactt gccatcagag aaaaccgctg ttatggagtt tctagtaa	720
10	ggcatggtag cagatttaaa atcggagggc ccttccattc ctctgcaaa attgcaagta	780
	tatatgacgg aactaagcaa tctccaagcc ttacactctg taaatagctt ttttgataga	840
	aatattggga acttggaata tagcttaaag catgaaggac atgcccctat tccatcctta	900
	acgacaggaa atttaactaa aaccttctta caattagtag aagataaatt cccttcctct	960
	tccaaagctc aaaaggcatt aaatgaactg gtaggcccag atactgggtcc tcaaactgaa	1020
15	gttttaaaact tattcttccg cgctcttaat ggctgttcgc ctagaatatt ctctggagct	1080
	gaaaaaaaaac agcagctggc atcggttatc acaaatacgc tagatgcgat aaatgcggat	1140
	aatgaggatt atoctaaacc aggtgacttc ccacgatctt ccttctctag tacgcctcct	1200
	catgctccag tacctcaatc tgagattcca acgtcaccta cctcaacaca gcctccatca	1260
	ccctaa	1266
20		
	<210> 84	
	<211> 421	
	<212> PRT	
	<213> Chlamydia trachomatis	

25

<400> 84

Met Thr Ala Ser Gly Gly Ala Gly Gly Leu Gly Ser Thr Gln Thr Val
1 5 10 15

Asp Val Ala Arg Ala Gln Ala Ala Ala Ala Thr Gln Asp Ala Gln Glu
5 20 25 30

Val Ile Gly Ser Gln Glu Ala Ser Glu Ala Ser Met Leu Lys Gly Cys
35 40 45

Glu Asp Leu Ile Asn Pro Ala Ala Ala Thr Arg Ile Lys Lys Lys Gly
50 55 60

10 Glu Lys Phe Glu Ser Leu Glu Ala Arg Arg Lys Pro Thr Ala Asp Lys
65 70 75 80

Ala Glu Lys Lys Ser Glu Ser Thr Glu Glu Lys Gly Asp Thr Pro Leu
85 90 95

Glu Asp Arg Phe Thr Glu Asp Leu Ser Glu Val Ser Gly Glu Asp Phe
15 100 105 110

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

Leu Asp Ala Leu Thr Ser Lys Phe Ser Asp Pro Thr Ile Lys Asp Leu
130 135 140

20 Ala Leu Asp Tyr Leu Ile Gln Thr Ala Pro Ser Asp Gly Lys Leu Lys
145 150 155 160

Ser Thr Leu Ile Gln Ala Lys His Gln Leu Met Ser Gln Asn Pro Gln
165 170 175

Ala Ile Val Gly Gly Arg Asn Val Leu Leu Ala Ser Glu Thr Phe Ala
25 180 185 190

Ser Arg Ala Asn Thr Ser Pro Ser Ser Leu Arg Ser Leu Tyr Phe Gln
 195 200 205
 Val Thr Ser Ser Pro Ser Asn Cys Ala Asn Leu His Gln Met Leu Ala
 5 210 215 220
 Ser Tyr Leu Pro Ser Glu Lys Thr Ala Val Met Glu Phe Leu Val Asn
 225 230 235 240
 Gly Met Val Ala Asp Leu Lys Ser Glu Gly Pro Ser Ile Pro Pro Ala
 245 250 255
 10 Lys Leu Gln Val Tyr Met Thr Glu Leu Ser Asn Leu Gln Ala Leu His
 260 265 270
 Ser Val Asn Ser Phe Phe Asp Arg Asn Ile Gly Asn Leu Glu Asn Ser
 275 280 285
 Leu Lys His Glu Gly His Ala Pro Ile Pro Ser Leu Thr Thr Gly Asn
 15 290 295 300
 Leu Thr Lys Thr Phe Leu Gln Leu Val Glu Asp Lys Phe Pro Ser Ser
 305 310 315 320
 Ser Lys Ala Gln Lys Ala Leu Asn Glu Leu Val Gly Pro Asp Thr Gly
 325 330 335
 20 Pro Gln Thr Glu Val Leu Asn Leu Phe Phe Arg Ala Leu Asn Gly Cys
 340 345 350
 Ser Pro Arg Ile Phe Ser Gly Ala Glu Lys Lys Gln Gln Leu Ala Ser
 355 360 365
 Val Ile Thr Asn Thr Leu Asp Ala Ile Asn Ala Asp Asn Glu Asp Tyr
 25 370 375 380

Pro Lys Pro Gly Asp Phe Pro Arg Ser Ser Phe Ser Ser Thr Pro Pro
385 390 395 400

His Ala Pro Val Pro Gln Ser Glu Ile Pro Thr Ser Pro Thr Ser Thr
405 410 415

5 Gln Pro Pro Ser Pro
420

<210> 85

<211> 1266

10 <212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 85

atgactgcat caggaggagc tggagggcta ggcagcaccc aaacagtaga cgttgcgcga 60
gcacaagctg ctgcagctac tcaagatgca caagagggtta tcggctctca ggaagcttct 120
15 gaggcaagta tgctcaaagg atgtgaggat ctcataaatc ctgcagctgc aaccggaatc 180
aaaaaaaaag aagagaagtt tgaatcatta gaagctcgtc gcaaaccaac agcggataaa 240
gcagaaaaga aatccgagag cacagaggaa aaaggcgata ctctcttga agatcgtttc 300
acagaagatc tttccgaagt ctccggagaa gattttcgag gattgaaaaa ttcgttcgat 360
gatgattctt ctctgacga aattctcgat gcgctcacia gttaaattttc tgatcccaca 420
20 ataaaggatc tagctcttga ttatctaatt caaacagctc cctctgatgg gaaacttaag 480
tccgctctca ttcaggcaaa gcatcaactg atgagccaga atcctcaggc gattggttga 540
ggacgcaatg ttctgtagc ttcagaaacc tttgcttcca gagcaaatac atctccttca 600
tcgcttcgct ccttatattt ccaagtaacc tcatccccct ctaattgcgc taatttacat 660
caaatgcttg cttcttactt gccatcagag aaaaccgctg ttatggagtt tctagtaa 720
25 ggcattgtag cagatttaaa atcggagggc ccttccattc ctctgcaaaa attgcaagta 780

tatatgacgg aactaagcaa tctccaagcc ttacactctg taaatagctt ttttgataga 840
aatattggga acttggaata tagcttaaag catgaaggac atgccccctat tccatcctta 900
acgacaggaa atttaactaa aaccttctta caattagtag aagataaatt cccttcctct 960
tccaaagctc aaaaggcatt aaatgaactg gtaggcccag atactggtcc tcaaactgaa 1020
5 gtttttaaact tattcttccg cgctcttaat ggctgttcgc ctagaatatt ctctggagct 1080
gaaaaaaaaac agcagctggc atcggttatc acaaatacgc tagatgcgat aaatgcggat 1140
aatgaggatt atcctaaacc aggtgacttc ccacgatctt ccttctctag tacgcctcct 1200
catgctccag tacctcaatc tgagattcca acgtcaccta cctcaacaca gcctccatca 1260
ccctaa 1266

10

<210> 86
<211> 421
<212> PRT
<213> *Chlamydia trachomatis*

15

<400> 86
Met Thr Ala Ser Gly Gly Ala Gly Gly Leu Gly Ser Thr Gln Thr Val

1 5 10 15
Asp Val Ala Arg Ala Gln Ala Ala Ala Thr Gln Asp Ala Gln Glu

20 20 25 30
Val Ile Gly Ser Gln Glu Ala Ser Glu Ala Ser Met Leu Lys Gly Cys

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

50 55 60
Glu Lys Phe Glu Ser Leu Glu Ala Arg Arg Lys Pro Thr Ala Asp Lys

25

65 70 75 80

	Ala	Glu	Lys	Lys	Ser	Glu	Ser	Thr	Glu	Glu	Lys	Gly	Asp	Thr	Pro	Leu
					85					90					95	
	Glu	Asp	Arg	Phe	Thr	Glu	Asp	Leu	Ser	Glu	Val	Ser	Gly	Glu	Asp	Phe
5					100					105					110	
	Arg	Gly	Leu	Lys	Asn	Ser	Phe	Asp	Asp	Asp	Ser	Ser	Pro	Asp	Glu	Ile
					115					120					125	
	Leu	Asp	Ala	Leu	Thr	Ser	Lys	Phe	Ser	Asp	Pro	Thr	Ile	Lys	Asp	Leu
					130					135					140	
10	Ala	Leu	Asp	Tyr	Leu	Ile	Gln	Thr	Ala	Pro	Ser	Asp	Gly	Lys	Leu	Lys
					145					150					155	
	Ser	Ala	Leu	Ile	Gln	Ala	Lys	His	Gln	Leu	Met	Ser	Gln	Asn	Pro	Gln
					165					170					175	
	Ala	Ile	Val	Gly	Gly	Arg	Asn	Val	Leu	Leu	Ala	Ser	Glu	Thr	Phe	Ala
15					180					185					190	
	Ser	Arg	Ala	Asn	Thr	Ser	Pro	Ser	Ser	Leu	Arg	Ser	Leu	Tyr	Phe	Gln
					195					200					205	
	Val	Thr	Ser	Ser	Pro	Ser	Asn	Cys	Ala	Asn	Leu	His	Gln	Met	Leu	Ala
					210					215					220	
20	Ser	Tyr	Leu	Pro	Ser	Glu	Lys	Thr	Ala	Val	Met	Glu	Phe	Leu	Val	Asn
					225					230					235	
	Gly	Met	Val	Ala	Asp	Leu	Lys	Ser	Glu	Gly	Pro	Ser	Ile	Pro	Pro	Ala
					245					250					255	
	Lys	Leu	Gln	Val	Tyr	Met	Thr	Glu	Leu	Ser	Asn	Leu	Gln	Ala	Leu	His
25					260					265					270	

Ser Val Asn Ser Phe Phe Asp Arg Asn Ile Gly Asn Leu Glu Asn Ser
 275 280 285
 Leu Lys His Glu Gly His Ala Pro Ile Pro Ser Leu Thr Thr Gly Asn
 290 295 300
 5 Leu Thr Lys Thr Phe Leu Gln Leu Val Glu Asp Lys Phe Pro Ser Ser
 305 310 315 320
 Ser Lys Ala Gln Lys Ala Leu Asn Glu Leu Val Gly Pro Asp Thr Gly
 325 330 335
 Pro Gln Thr Glu Val Leu Asn Leu Phe Phe Arg Ala Leu Asn Gly Cys
 10 340 345 350
 Ser Pro Arg Ile Phe Ser Gly Ala Glu Lys Lys Gln Gln Leu Ala Ser
 355 360 365
 Val Ile Thr Asn Thr Leu Asp Ala Ile Asn Ala Asp Asn Glu Asp Tyr
 370 375 380
 15 Pro Lys Pro Gly Asp Phe Pro Arg Ser Ser Phe Ser Ser Thr Pro Pro
 385 390 395 400
 His Ala Pro Val Pro Gln Ser Glu Ile Pro Thr Ser Pro Thr Ser Thr
 405 410 415
 Gln Pro Pro Ser Pro
 20 420

<210> 87

<211> 1266

<212> ADN

25 <213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 87

	atgactgcat caggaggagc tggagggcta ggcagcacc	aaacagtaga cgttgcgcga	60	
	gcacaagctg ctgcagctac tcaagatgca caagagg	tta tcggctctca ggaagcttct	120	
	gaggcaagta tgctcaaagg atgtgaggat ctcataa	atc ctgcagctgc aacccgaatc	180	
5	aaaaaaaaag gagagaagtt tgaatcatta gaagctc	gtc gcaaaccaac agcggataaa	240	
	gcagaaaaga aatccgagag cacagaggaa aaaggc	gata ctctctttga agatcgtttc	300	
	acagaagatc tttccgaagt ctccggagaa gattttc	gag gattgaaaaa ttcgttcgat	360	
	gatgattctt ctctgacga aattctcgat gcgctca	caa gtaaattttc tgatcccaca	420	
	ataaaggatc tagctcttga ttatctaatt caaacag	ctc cctctgatgg gaaacttaag	480	
10	tccactctca ttcaggcaaa gcatcaactg atgagcc	caga atcctcaggc gattggttga	540	
	ggacgcaatg ttctgttagc ttcagaaacc tttgctt	cca gagcaaatac atctccttca	600	
	tcgcttcgct ccttatattt ccaagtaacc tcatccc	cct ctaattgcgc taatttacat	660	
	caaatgcttg cttcttactt gccatcagag aaaacc	gctg ttatggagtt tctagtaa	720	
	ggcatggtag cagatttaaa atcggagggc ccttcc	attc ctctgcaaa attgcaagta	780	
15	tatatgacgg aactaagcaa tctccaagcc ttacact	ctg taaatagctt ttttgataga	840	
	aatattggga acttggaata tagcttaaag catga	aggac atgcccctat tccatcctta	900	
	acgacaggaa atttaactaa aaccttctta caatt	agtag aagataaatt cccttcctct	960	
	tccaaagctc aaaaggcatt aaatgaactg gtaggc	ccag atactggtcc tcaaactgaa	1020	
	gttttaaaact tattcttccg cgctctta	aat ggctgttcgc ctagaatatt	ctctggagct	1080
20	gaaaaaaaaac agcagctggc atcggttatc acaata	cgc tagatgcgat aaatgcggat	1140	
	aatgaggatt atcctaaacc aggtgacttc ccaog	atctt ccttctctag tacgcctcct	1200	
	catgctccag tacctcaatc tgagattcca acgtc	accta cctcaacaca gcctccatca	1260	
	ccctaa		1266	

25

<210> 88
 <211> 421
 <212> PRT
 <213> *Chlamydia trachomatis*
 5 <400> 88
 Met Thr Ala Ser Gly Gly Ala Gly Gly Leu Gly Ser Thr Gln Thr Val
 1 5 10 15
 Asp Val Ala Arg Ala Gln Ala Ala Ala Thr Gln Asp Ala Gln Glu
 20 25 30
 10 Val Ile Gly Ser Gln Glu Ala Ser Glu Ala Ser Met Leu Lys Gly Cys
 35 40 45
 Glu Asp Leu Ile Asn Pro Ala Ala Ala Thr Arg Ile Lys Lys Lys Gly
 50 55 60
 Glu Lys Phe Glu Ser Leu Glu Ala Arg Arg Lys Pro Thr Ala Asp Lys
 15 65 70 75 80
 Ala Glu Lys Lys Ser Glu Ser Thr Glu Glu Lys Gly Asp Thr Pro Leu
 85 90 95
 Glu Asp Arg Phe Thr Glu Asp Leu Ser Glu Val Ser Gly Glu Asp Phe
 100 105 110
 20 Arg Gly Leu Lys Asn Ser Phe Asp Asp Asp Ser Ser Pro Asp Glu Ile
 115 120 125
 Leu Asp Ala Leu Thr Ser Lys Phe Ser Asp Pro Thr Ile Lys Asp Leu
 130 135 140
 Ala Leu Asp Tyr Leu Ile Gln Thr Ala Pro Ser Asp Gly Lys Leu Lys
 25 145 150 155 160

Ser Thr Leu Ile Gln Ala Lys His Gln Leu Met Ser Gln Asn Pro Gln
 165 170 175
 Ala Ile Val Gly Gly Arg Asn Val Leu Leu Ala Ser Glu Thr Phe Ala
 5 180 185 190
 Ser Arg Ala Asn Thr Ser Pro Ser Ser Leu Arg Ser Leu Tyr Phe Gln
 195 200 205
 Val Thr Ser Ser Pro Ser Asn Cys Ala Asn Leu His Gln Met Leu Ala
 210 215 220
 10 Ser Tyr Leu Pro Ser Glu Lys Thr Ala Val Met Glu Phe Leu Val Asn
 225 230 235 240
 Gly Met Val Ala Asp Leu Lys Ser Glu Gly Pro Ser Ile Pro Pro Ala
 245 250 255
 Lys Leu Gln Val Tyr Met Thr Glu Leu Ser Asn Leu Gln Ala Leu His
 15 260 265 270
 Ser Val Asn Ser Phe Phe Asp Arg Asn Ile Gly Asn Leu Glu Asn Ser
 275 280 285
 Leu Lys His Glu Gly His Ala Pro Ile Pro Ser Leu Thr Thr Gly Asn
 290 295 300
 20 Leu Thr Lys Thr Phe Leu Gln Leu Val Glu Asp Lys Phe Pro Ser Ser
 305 310 315 320
 Ser Lys Ala Gln Lys Ala Leu Asn Glu Leu Val Gly Pro Asp Thr Gly
 325 330 335
 Pro Gln Thr Glu Val Leu Asn Leu Phe Phe Arg Ala Leu Asn Gly Cys
 25 340 345 350

Ser Pro Arg Ile Phe Ser Gly Ala Glu Lys Lys Gln Gln Leu Ala Ser
355 360 365
Val Ile Thr Asn Thr Leu Asp Ala Ile Asn Ala Asp Asn Glu Asp Tyr
370 375 380
5 Pro Lys Pro Gly Asp Phe Pro Arg Ser Ser Phe Ser Ser Thr Pro Pro
385 390 395 400
His Ala Pro Val Pro Gln Ser Glu Ile Pro Thr Ser Pro Thr Ser Thr
405 410 415
Gln Pro Pro Ser Pro
10 420

<210> 89
<211> 1266
<212> ADN
15 <213> *Chlamydia trachomatis*
<400> 89

atgactgcat caggaggagc tggagggcta ggcagcaccc aaacagtaga cgttgcgcga 60
gcacaagctg ctgcagctac tcaagatgca caagagggta tcggctctca ggaagcttct 120
gaggcaagta tgctcaaaga atgtgcggat ctcataaatc ctgcagctgc aaccggaatc 180
20 aaaaaaaaaa aagagaagtt tgaatcatta gaagctcgtc gcaaaccaac agcggataaa 240
gcagaaaaga aatccgagag cacagaggaa aaaggcgata ctctcttga agatcgtttc 300
acagaagatc tttccgaagt ctctggagaa gatcttcgag gattgaaaaa ttcgttcgat 360
gatgattctt cttctgacga aattctcgat gcgctcacia gttaaattttc tgatcccaca 420
ataaaggatc tagctcttga ttatctaatt caaatagctc cctctgatgg gaaacttaag 480
25 tccactctca ttcaggcaaa gcatcaactg atgagccaga atcctcaggc gattgttgga 540

ggacgcaatg ttctgtagc ttcagaaacc ttgcttcca gagcaaatac atctccttca 600
 tcgcttcgct ccttatatct ccaagtaacc tcatccccct ctaattgcgc taatttacat 660
 caaatgcttg cttcttactc gccatcagag aaaaccgctg ttatggagtt tctagtgaat 720
 ggcattgtag cagattttaa atcggagggc ccttccattc ctctgcaaa attgcaagta 780
 5 tatatgacgg aactaagcaa tctccaagcc ttacactctg tagatagctt ttttgataga 840
 aatattggga acttggaata tagcttaaag catgaaggac atgcccctat tccatcctta 900
 acgacaggaa atttaactaa aaccttctta caattagtag aagataaatt cccttcctct 960
 tccaaagctc aaaaggcatt aaatgaactg gtaggcccag atactggtcc tcaaactgaa 1020
 gttttaaact tattcttccg cgctcttaat ggctgttcgc ctagaatatt ctctggagct 1080
 10 gaaaaaaac agcagctggc atcggttatc acaaatacgc tagatgcgat aaatgcggat 1140
 aatgaggatt atcctaaacc aggtgacttc ccacgatctt ccttctctag tacgcctcct 1200
 catgctccag tacctcaatc tgagattcca acgtcaccta cctcaacaca gcctccatca 1260
 ccctaa 1266

15 <210> 90

<211> 421

<212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 90

20 Met Thr Ala Ser Gly Gly Ala Gly Gly Leu Gly Ser Thr Gln Thr Val

1 5 10 15

Asp Val Ala Arg Ala Gln Ala Ala Ala Ala Thr Gln Asp Ala Gln Glu

20 25 30

Val Ile Gly Ser Gln Glu Ala Ser Glu Ala Ser Met Leu Lys Glu Cys

25 35 40 45

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

Gly Met Val Ala Asp Leu Lys Ser Glu Gly Pro Ser Ile Pro Pro Ala
 245 250 255
 Lys Leu Gln Val Tyr Met Thr Glu Leu Ser Asn Leu Gln Ala Leu His
 260 265 270
 5 Ser Val Asp Ser Phe Phe Asp Arg Asn Ile Gly Asn Leu Glu Asn Ser
 275 280 285
 Leu Lys His Glu Gly His Ala Pro Ile Pro Ser Leu Thr Thr Gly Asn
 290 295 300
 Leu Thr Lys Thr Phe Leu Gln Leu Val Glu Asp Lys Phe Pro Ser Ser
 10 305 310 315 320
 Ser Lys Ala Gln Lys Ala Leu Asn Glu Leu Val Gly Pro Asp Thr Gly
 325 330 335
 Pro Gln Thr Glu Val Leu Asn Leu Phe Phe Arg Ala Leu Asn Gly Cys
 340 345 350
 15 Ser Pro Arg Ile Phe Ser Gly Ala Glu Lys Lys Gln Gln Leu Ala Ser
 355 360 365
 Val Ile Thr Asn Thr Leu Asp Ala Ile Asn Ala Asp Asn Glu Asp Tyr
 370 375 380
 Pro Lys Pro Gly Asp Phe Pro Arg Ser Ser Phe Ser Ser Thr Pro Pro
 20 385 390 395 400
 His Ala Pro Val Pro Gln Ser Glu Ile Pro Thr Ser Pro Thr Ser Thr
 405 410 415
 Gln Pro Pro Ser Pro
 420

	<210>	91	
	<211>	1266	
	<212>	ADN	
	<213>	<i>Chlamydia trachomatis</i>	
5	<400>	91	
	atgactgcat	caggaggagc	tggagggcta
	gcacaagctg	ctgcagctac	tcaagatgca
	gaggcaagta	tgctcaaagg	atgtgaggat
	aaaaaaaaag	gagagaagtt	tgaatcatta
10	gcagaaaaga	aatccgagag	cacagaggaa
	acagaagatc	tttccgaagt	ctccggagaa
	gatgattctt	ctcctgacga	aattctcgat
	ataaaggatc	tagctcttga	ttatctaatt
	tccactctca	ttcaggcaaa	gcatcaactg
15	ggacgcaatg	ttctgttagc	ttcagaaacc
	tcgcttcgct	ccttatattt	ccaagtaacc
	caaatgcttg	cttcttactt	gccatcagag
	ggcatggtag	cagatttaaa	atcggagggc
	tatatgacgg	aactaagcaa	tctccaagcc
20	aatattggga	acttggaata	tagcttaaag
	acgacaggaa	atttaactaa	aaccttctta
	tccaaagctc	aaaaggcatt	aatgaactg
	gttttaaaact	tattcttccg	cgctcttaat
	gaaaaaaaaa	agcagctggc	atcggttatc
25	aatgaggatt	atcctaaacc	aggtgacttc

catgctccag tacctcaatc tgagattcca acgtcaccta cctcaacaca gcctccatca 1260
ccctaa 1266

<210> 92

5 <211> 421

<212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 92

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

Leu Asp Ala Leu Thr Ser Lys Phe Ser Asp Pro Thr Ile Lys Asp Leu
 130 135 140
 Ala Leu Asp Tyr Leu Ile Gln Thr Ala Pro Ser Asp Gly Lys Leu Lys
 5 145 150 155 160
 Ser Thr Leu Ile Gln Ala Lys His Gln Leu Met Ser Gln Asn Pro Gln
 165 170 175
 Ala Ile Val Gly Gly Arg Asn Val Leu Leu Ala Ser Glu Thr Phe Ala
 180 185 190
 10 Ser Arg Ala Asn Thr Ser Pro Ser Ser Leu Arg Ser Leu Tyr Phe Gln
 195 200 205
 Val Thr Ser Ser Pro Ser Asn Cys Ala Asn Leu His Gln Met Leu Ala
 210 215 220
 Ser Tyr Leu Pro Ser Glu Lys Thr Ala Val Met Glu Phe Leu Val Asn
 15 225 230 235 240
 Gly Met Val Ala Asp Leu Lys Ser Glu Gly Pro Ser Ile Pro Pro Ala
 245 250 255
 Lys Leu Gln Val Tyr Met Thr Glu Leu Ser Asn Leu Gln Ala Leu His
 260 265 270
 20 Ser Val Asn Ser Phe Phe Asp Arg Asn Ile Gly Asn Leu Glu Asn Ser
 275 280 285
 Leu Lys His Glu Gly His Ala Pro Ile Pro Ser Leu Thr Thr Gly Asn
 290 295 300
 Leu Thr Lys Thr Phe Leu Gln Leu Val Glu Asp Lys Phe Pro Ser Ser
 25 305 310 315 320

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

Pro Gln Thr Glu Val Leu Asn Leu Phe Phe Arg Ala Leu Asn Gly Cys
340 345 350

5 Ser Pro Arg Ile Phe Ser Gly Ala Glu Lys Lys Gln Gln Leu Ala Ser
355 360 365

Val Ile Thr Asn Thr Leu Asp Ala Ile Asn Ala Asp Asn Glu Asp Tyr
370 375 380

Pro Lys Pro Gly Asp Phe Pro Arg Ser Ser Phe Ser Ser Thr Pro Pro
10 385 390 395 400

His Ala Pro Val Pro Gln Ser Glu Ile Pro Thr Ser Pro Thr Ser Thr
405 410 415

Gln Pro Pro Ser Pro
420

15

<210> 93

<211> 1266

<212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

20 <400> 93

atgactgcat caggaggagc tggagggcta ggcagcaccc aaacagtaga cgttgcgcga 60

gcacaagctg ctgcagctac tcaagatgca caagagggtta tcggctctca ggaagcttct 120

gaggcaagta tgctcaaaga atgtgaggat ctcataaatc ctgcagctgc aaccggaatc 180

aaaaaaaaag aagagaagtt tgaatcatta gaagctcgtc gcaaaccaac agcggataaa 240

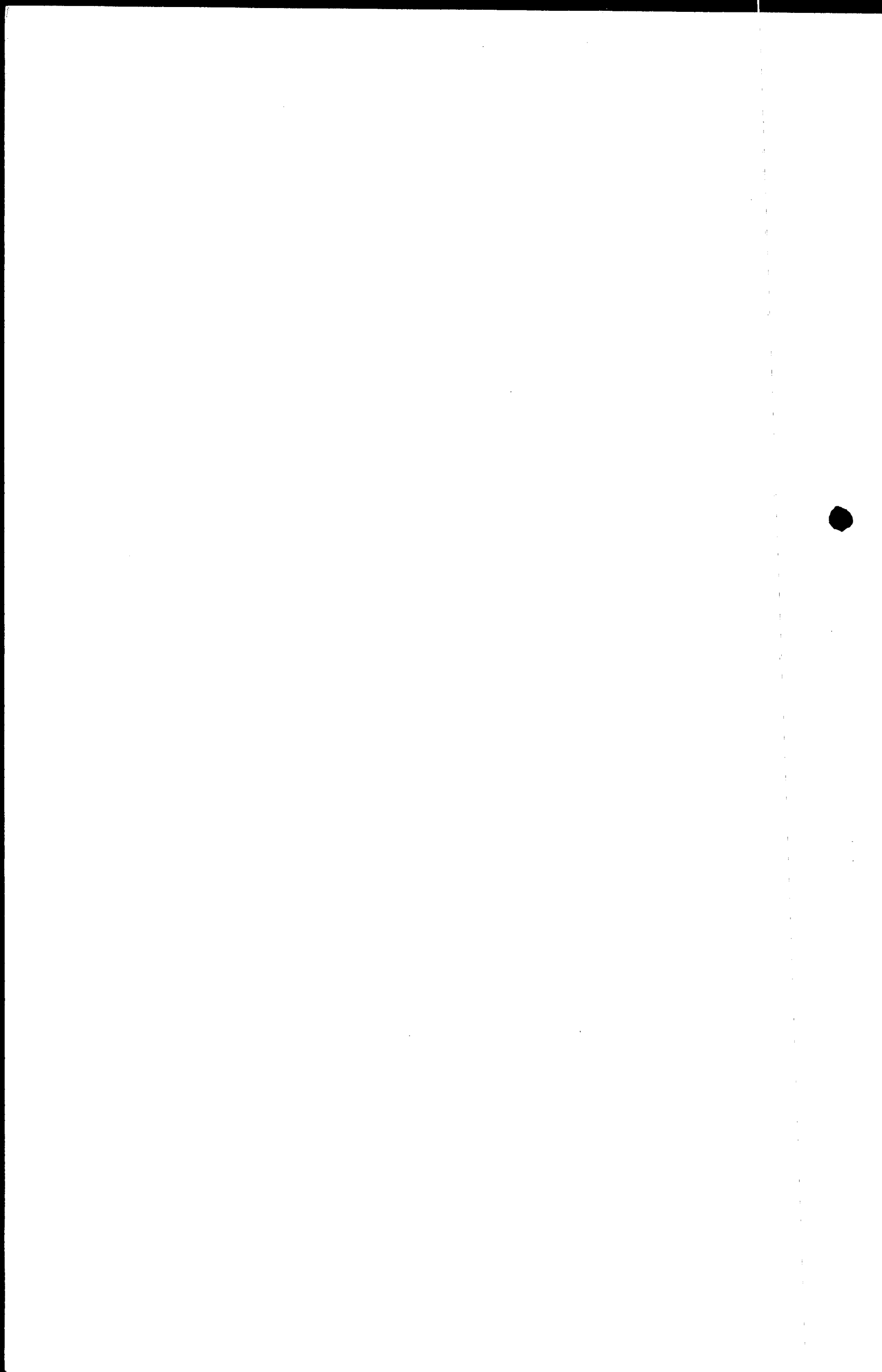
25 gcagaaaaga aatccgagag cacagaggaa aaaggcgata ctcctcttga agatcgtttc 300

	acagaagatc tttccgaagt ctctggagaa gattttcgag gattgaaaaa ttogttcgat	360
	gatgattctt cttctgacga aattctcgat gcgctcacia gttaaattttc tgatcccaca	420
	ataaaggatc tagctcttga ttatctaatt caaatagctc cctctgatgg gaaacttaag	480
	tccgctctca ttcaggcaaa gcatcaactg atgagccaga atcctcaggc gattggttga	540
5	ggacgcaatg ttctgttagc ttcagaaacc tttgcttcca gagcaaatac atctccttca	600
	tcgcttcgct ccttatattt ccaagtaacc tcatccccct ctaattgcgc taatttacat	660
	caaatgcttg cttcttactc gccatcagag aaaaccgctg ttatggagtt tctagtgaat	720
	ggcatggtag cagattttaa atcggagggc ccttccattc ctctgcaaa attgcaagta	780
	tatatgacgg aactaagcaa tctccaagcc ttacactctg tagatagctt ttttgataga	840
10	aatattggga acttggaaaa tagcttaaag catgaaggac atgccccctat tccatcctta	900
	acgacaggaa atttaactaa aaccttctta caattagtag aagataaatt cccttcctct	960
	tccaaagctc aaaaggcatt aaatgaactg gtaggcccgg atactggtcc tcaaactgaa	1020
	gttttaaact tattcttccg cgctcttaat ggctgttcgc ctagaatatt ctctggagct	1080
	gaaaaaaaaac agcagctggc atcggttatc acaaatacgc tagatgcgat aaatgcggat	1140
15	aatgaggatt atcctaaacc aggtgacttc ccacgatctt ccttctctag tacgcctcct	1200
	catgctccag tacctcaatc tgagattcca acgtcaccta cctcaacaca gcctccatca	1260
	ccctaa	1266

	<210>	94
20	<211>	421
	<212>	PRT
	<213>	<i>Chlamydia trachomatis</i>
	<400>	94
	Met Thr Ala Ser Gly Gly Ala Gly Gly Leu Gly Ser Thr Gln Thr Val	
25	1	5 10 15

[illegible]

	Val	Thr	Ser	Ser	Pro	Ser	Asn	Cys	Ala	Asn	Leu	His	Gln	Met	Leu	Ala
	210						215								220	
	Ser	Tyr	Ser	Pro	Ser	Glu	Lys	Thr	Ala	Val	Met	Glu	Phe	Leu	Val	Asn
5	225					230					235				240	
	Gly	Met	Val	Ala	Asp	Leu	Lys	Ser	Glu	Gly	Pro	Ser	Ile	Pro	Pro	Ala
						245					250				255	
	Lys	Leu	Gln	Val	Tyr	Met	Thr	Glu	Leu	Ser	Asn	Leu	Gln	Ala	Leu	His
						260					265				270	
10	Ser	Val	Asp	Ser	Phe	Phe	Asp	Arg	Asn	Ile	Gly	Asn	Leu	Glu	Asn	Ser
						275					280				285	
	Leu	Lys	His	Glu	Gly	His	Ala	Pro	Ile	Pro	Ser	Leu	Thr	Thr	Gly	Asn
						290					295				300	
	Leu	Thr	Lys	Thr	Phe	Leu	Gln	Leu	Val	Glu	Asp	Lys	Phe	Pro	Ser	Ser
15	305					310					315				320	
	Ser	Lys	Ala	Gln	Lys	Ala	Leu	Asn	Glu	Leu	Val	Gly	Pro	Asp	Thr	Gly
						325					330				335	
	Pro	Gln	Thr	Glu	Val	Leu	Asn	Leu	Phe	Phe	Arg	Ala	Leu	Asn	Gly	Cys
						340					345				350	
20	Ser	Pro	Arg	Ile	Phe	Ser	Gly	Ala	Glu	Lys	Lys	Gln	Gln	Leu	Ala	Ser
						355					360				365	
	Val	Ile	Thr	Asn	Thr	Leu	Asp	Ala	Ile	Asn	Ala	Asp	Asn	Glu	Asp	Tyr
						370					375				380	
	Pro	Lys	Pro	Gly	Asp	Phe	Pro	Arg	Ser	Ser	Phe	Ser	Ser	Thr	Pro	Pro
25	385					390					395				400	



His Ala Pro Val Pro Gln Ser Glu Ile Pro Thr Ser Pro Thr Ser Thr

405 410 415

Gln Pro Pro Ser Pro

420

5

<210> 95
<211> 1749
<212> ADN
<213> *Chlamydia trachomatis*

10

<400> 95
atggtacaag gagaaagctt ggtttgcaag aatgctcttc aagatttgag ttttttagag 60
catttattac aggttaaata tgctcctaaa acatggaaag agcaatactt aggatgggat 120
cttgttcaaa gctccgtttc tgcacagcag aagcttcgta cacaagaaaa tccatcaaca 180
agtttttgcc agcaggtcct tgctgatttt atcggaggat taaatgactt tcacgctgga 240
15 gtaactttct ttgcgataga aagtgcttac cttccttata ccgtacaaaa aagtagtgac 300
ggccgtttct actttgtaga tatcatgact ttttcttcag agatccgtgt tggagatgag 360
ttgctagagg tggatggggc gcctgtccaa gatgtactcg ctactctata tggaagcaat 420
cacaaaggga ctgcagctga agagtcggct gctttaagaa cactattttc tcgcatggcc 480
tcttttagggc acaaagtacc ttctgggcgc actactttaa agattcgtcg tccttttggt 540
20 actacgagag aagttcgtgt gaaatggcgt tatgttcctg aaggtgtagg agatttggtc 600
accatagctc cttctatcag ggctccacag ttacagaaat cgatgagaag ctttttcctt 660
aagaaagatg atgcgtttca tcgggtctagt tcgctattct actctccaat ggttccgcat 720
ttttgggcag agcttcgcaa tcattatgca acgagtgggt tgaaaagcgg gtacaatatt 780
gggagtaccg atgggtttct ccctgtcatt gggcctgtta tatgggagtc ggaggggtctt 840
25 ttccgcgctt atattttcttc ggtgactgat ggggatggta agagccataa agtaggattt 900

ctaagaattc ctacatatag ttggcaggac atggaagatt ttgatccttc aggaccgcct 960
ccttggaag aatttgctaa gattattcaa gtattttctt ctaatacaga agctttgatt 1020
atcgaccaa cgaacaacc aggtggtagt gtcctttatc tttatgcaact gctttccatg 1080
ttgacagacc gtcctttaga acttcctaaa catagaatga ttctgactca ggatgaagtg 1140
5 gttgatgctt tagattgggt aacctgttg gaaaacgtag acacaaacgt ggartctcgc 1200
cttgctctgg gagacaacat ggaaggatat actgtggatc tacaggttgc cgagtattta 1260
aaaagctttg gacgtcaagt attgaattgt tggagtaaag gggatattga gttatcaacg 1320
cctattcctc tttttggtt tgagaagatt catccacatc ctgagttca atactctaaa 1380
ccgatttggtg ttttgatcaa tgagcaagac ttttcttggtg ctgacttctt ccctgtagtt 1440
10 ttgaaagaca atgatcgagc tcttattggt ggtactcgaa cagctggagc tggaggattt 1500
gtctttaatg tgcagttccc aaatagaact ggaataaaaa cttgttcttt aacaggatca 1560
ttagctgtta gagagcatgg tgccttcatt gagaacatcg gagtcgaacc gcatatcgat 1620
ctgcctttta cagcgaatga tattcgctat aaaggctatt ccgagtatct tgataaggtc 1680
aaaaaattgg tttgtcagct gatcaataac gacggtaacca ttattcttgc ggaagatggt 1740
15 agtttttag 1749

<210> 96
<211> 582
<212> PRT
20 <213> Chlamydia trachomatis
<400> 96
Met Val Gln Gly Glu Ser Leu Val Cys Lys Asn Ala Leu Gln Asp Leu
1 5 10 15
Ser Phe Leu Glu His Leu Leu Gln Val Lys Tyr Ala Pro Lys Thr Trp
25 20 25 30

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

	Ala	Phe	His	Arg	Ser	Ser	Ser	Leu	Phe	Tyr	Ser	Pro	Met	Val	Pro	His
	225						230					235				240
	Phe	Trp	Ala	Glu	Leu	Arg	Asn	His	Tyr	Ala	Thr	Ser	Gly	Leu	Lys	Ser
5						245					250				255	
	Gly	Tyr	Asn	Ile	Gly	Ser	Thr	Asp	Gly	Phe	Leu	Pro	Val	Ile	Gly	Pro
					260				265					270		
	Val	Ile	Trp	Glu	Ser	Glu	Gly	Leu	Phe	Arg	Ala	Tyr	Ile	Ser	Ser	Val
		275						280						285		
10	Thr	Asp	Gly	Asp	Gly	Lys	Ser	His	Lys	Val	Gly	Phe	Leu	Arg	Ile	Pro
	290						295					300				
	Thr	Tyr	Ser	Trp	Gln	Asp	Met	Glu	Asp	Phe	Asp	Pro	Ser	Gly	Pro	Pro
	305					310					315				320	
	Pro	Trp	Glu	Glu	Phe	Ala	Lys	Ile	Ile	Gln	Val	Phe	Ser	Ser	Asn	Thr
15						325					330				335	
	Glu	Ala	Leu	Ile	Ile	Asp	Gln	Thr	Asn	Asn	Pro	Gly	Gly	Ser	Val	Leu
					340				345					350		
	Tyr	Leu	Tyr	Ala	Leu	Leu	Ser	Met	Leu	Thr	Asp	Arg	Pro	Leu	Glu	Leu
		355						360					365			
20	Pro	Lys	His	Arg	Met	Ile	Leu	Thr	Gln	Asp	Glu	Val	Val	Asp	Ala	Leu
	370							375					380			
	Asp	Trp	Leu	Thr	Leu	Leu	Glu	Asn	Val	Asp	Thr	Asn	Val	Glu	Ser	Arg
	385					390					395				400	
	Leu	Ala	Leu	Gly	Asp	Asn	Met	Glu	Gly	Tyr	Thr	Val	Asp	Leu	Gln	Val
25						405					410				415	

Ala Glu Tyr Leu Lys Ser Phe Gly Arg Gln Val Leu Asn Cys Trp Ser
420 425 430

Lys Gly Asp Ile Glu Leu Ser Thr Pro Ile Pro Leu Phe Gly Phe Glu
435 440 445

5 Lys Ile His Pro His Pro Arg Val Gln Tyr Ser Lys Pro Ile Cys Val
450 455 460

Leu Ile Asn Glu Gln Asp Phe Ser Cys Ala Asp Phe Phe Pro Val Val
465 470 475 480

Leu Lys Asp Asn Asp Arg Ala Leu Ile Val Gly Thr Arg Thr Ala Gly
10 485 490 495

Ala Gly Gly Phe Val Phe Asn Val Gln Phe Pro Asn Arg Thr Gly Ile
500 505 510

Lys Thr Cys Ser Leu Thr Gly Ser Leu Ala Val Arg Glu His Gly Ala
515 520 525

15 Phe Ile Glu Asn Ile Gly Val Glu Pro His Ile Asp Leu Pro Phe Thr
530 535 540

Ala Asn Asp Ile Arg Tyr Lys Gly Tyr Ser Glu Tyr Leu Asp Lys Val
545 550 555 560

Lys Lys Leu Val Cys Gln Leu Ile Asn Asn Asp Gly Thr Ile Ile Leu
20 565 570 575

Ala Glu Asp Gly Ser Phe
580

<210> 97

25 <211> 1749

<212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 97

	atggtacaag gagaaagctt ggtttgcaag aatgctcttc aagatttgag ttttttagag	60
5	catttattac aggttaaata tgctcctaaa acatggaaaag agcaatactt aggatgggat	120
	cttgttcaaa gctccgtttc tgcacagcag aagcttcgta cacaagaaaa tccatcaaca	180
	agtttttgcc agcaggtcct tgctgatttt atcggaggat taaatgactt tcacgctgga	240
	gtaactttct ttgcgataga aagtgccttac cttccttata ccgtacaaaa aagtagtgac	300
	ggccgtttct actttgtaga tatcatgact ttttcttcag agatccgtgt tggagatgag	360
10	ttgctagagg tggatggggc gcctgtccaa gatgtactcg ctactctata tggaagcaat	420
	cacaaagggg ctgcagctga agagtcggct gctttaagaa cactattttc tcgcatggcc	480
	tcttttaggg acaaagtacc ttctgggcgc actactttaa agattcgtcg tccttttggg	540
	actacgagag aagttcgtgt gaaatggcgt tatgttcctg aaggtgtagg agatttggt	600
	accatagctc cttctatcag ggctccacag ttacagaaat cgatgagaag ctttttccct	660
15	aagaaagatg atgcgtttca tcgggtctagt tcgctattct actctccaat ggttccgcat	720
	ttttgggcag agcttcgcaa tcattatgca acgagtggtt tgaaaagcgg gtacaatatt	780
	gggagtaccg atgggtttct ccctgtcatt gggcctgtta tatgggagtc ggagggctct	840
	ttccgcgctt atatttcttc ggtgactgat ggggatggta agagccataa agtaggattt	900
	ctaagaattc ctacatatag ttggcaggac atggaagatt ttgatccttc aggaccgcct	960
20	ccttgggaag aatttgctaa gattattcaa gtattttctt ctaatacaga agctttgatt	1020
	atcgaccaaa cgaacaaccc aggtggtagt gtccctttatc tttatgcact gctttccatg	1080
	ttgacagacc gtccctttaga acttcctaaa catagaatga ttctgactca ggatgaagtg	1140
	gttgatgctt tagattgggt aaccctgttg gaaaacgtag acacaaacgt ggaatctcgc	1200
	cttgctctgg gagacaacat ggaaggatat actgtggatc tacaggttgc cgagtattta	1260
25	aaaagctttg gacgtcaagt attgaattgt tggagtaaag gggatatcga gttatcaacg	1320


```

cctattcctc tttttgggtt tgagaagatt catccacatc ctcgagttca atactctaaa 1380
ccgatttggtg ttttgatcaa tgagcaagac ttttcttggtg ctgacttctt ccctgtagtt 1440
ttgaaagaca atgatcgagc tcttattggtt ggtactcgaa cagctggagc tggaggattt 1500
gtctttaatg tgcagttccc aaatagaact ggaataaaaa cttgttcttt aacaggatca 1560
5 ttagctgtta gagagcatgg tgccttcatt gagaacatcg gagtcgaacc gcatatcgat 1620
ctgcctttta cagcgaatga tattcgctat aaaggctatt ccgagtatct tgataaggtc 1680
aaaaaattgg tttgtcagct gatcaataac gacggtacca ttattcttgc ggaagatggt 1740
agtttttag 1749

```

```

10 <210> 98
    <211> 582
    <212> PRT
    <213> Chlamydia trachomatis

```

```

15 <400> 98
Met Val Gln Gly Glu Ser Leu Val Cys Lys Asn Ala Leu Gln Asp Leu
1           5           10           15
Ser Phe Leu Glu His Leu Leu Gln Val Lys Tyr Ala Pro Lys Thr Trp
           20           25           30
20 Lys Glu Gln Tyr Leu Gly Trp Asp Leu Val Gln Ser Ser Val Ser Ala
           35           40           45
Gln Gln Lys Leu Arg Thr Gln Glu Asn Pro Ser Thr Ser Phe Cys Gln
           50           55           60
Gln Val Leu Ala Asp Phe Ile Gly Gly Leu Asn Asp Phe His Ala Gly
25 65           70           75           80

```

	Val	Thr	Phe	Phe	Ala	Ile	Glu	Ser	Ala	Tyr	Leu	Pro	Tyr	Thr	Val	Gln
					85					90					95	
	Lys	Ser	Ser	Asp	Gly	Arg	Phe	Tyr	Phe	Val	Asp	Ile	Met	Thr	Phe	Ser
5					100					105					110	
	Ser	Glu	Ile	Arg	Val	Gly	Asp	Glu	Leu	Leu	Glu	Val	Asp	Gly	Ala	Pro
					115					120					125	
	Val	Gln	Asp	Val	Leu	Ala	Thr	Leu	Tyr	Gly	Ser	Asn	His	Lys	Gly	Thr
					130					135					140	
10	Ala	Ala	Glu	Glu	Ser	Ala	Ala	Leu	Arg	Thr	Leu	Phe	Ser	Arg	Met	Ala
					145										150	
	Ser	Leu	Gly	His	Lys	Val	Pro	Ser	Gly	Arg	Thr	Thr	Leu	Lys	Ile	Arg
					165					170					175	
	Arg	Pro	Phe	Gly	Thr	Thr	Arg	Glu	Val	Arg	Val	Lys	Trp	Arg	Tyr	Val
15					180					185					190	
	Pro	Glu	Gly	Val	Gly	Asp	Leu	Ala	Thr	Ile	Ala	Pro	Ser	Ile	Arg	Ala
					195					200					205	
	Pro	Gln	Leu	Gln	Lys	Ser	Met	Arg	Ser	Phe	Phe	Pro	Lys	Lys	Asp	Asp
					210					215					220	
20	Ala	Phe	His	Arg	Ser	Ser	Ser	Leu	Phe	Tyr	Ser	Pro	Met	Val	Pro	His
					225										230	
	Phe	Trp	Ala	Glu	Leu	Arg	Asn	His	Tyr	Ala	Thr	Ser	Gly	Leu	Lys	Ser
					245					250					255	
	Gly	Tyr	Asn	Ile	Gly	Ser	Thr	Asp	Gly	Phe	Leu	Pro	Val	Ile	Gly	Pro
25					260					265					270	

	Val	Ile	Trp	Glu	Ser	Glu	Gly	Leu	Phe	Arg	Ala	Tyr	Ile	Ser	Ser	Val
	275							280								285
	Thr	Asp	Gly	Asp	Gly	Lys	Ser	His	Lys	Val	Gly	Phe	Leu	Arg	Ile	Pro
5	290						295						300			
	Thr	Tyr	Ser	Trp	Gln	Asp	Met	Glu	Asp	Phe	Asp	Pro	Ser	Gly	Pro	Pro
	305					310					315				320	
	Pro	Trp	Glu	Glu	Phe	Ala	Lys	Ile	Ile	Gln	Val	Phe	Ser	Ser	Asn	Thr
				325					330					335		
10	Glu	Ala	Leu	Ile	Ile	Asp	Gln	Thr	Asn	Asn	Pro	Gly	Gly	Ser	Val	Leu
			340					345					350			
	Tyr	Leu	Tyr	Ala	Leu	Leu	Ser	Met	Leu	Thr	Asp	Arg	Pro	Leu	Glu	Leu
		355					360					365				
	Pro	Lys	His	Arg	Met	Ile	Leu	Thr	Gln	Asp	Glu	Val	Val	Asp	Ala	Leu
15	370						375					380				
	Asp	Trp	Leu	Thr	Leu	Leu	Glu	Asn	Val	Asp	Thr	Asn	Val	Glu	Ser	Arg
	385				390					395				400		
	Leu	Ala	Leu	Gly	Asp	Asn	Met	Glu	Gly	Tyr	Thr	Val	Asp	Leu	Gln	Val
				405					410				415			
20	Ala	Glu	Tyr	Leu	Lys	Ser	Phe	Gly	Arg	Gln	Val	Leu	Asn	Cys	Trp	Ser
		420						425				430				
	Lys	Gly	Asp	Ile	Glu	Leu	Ser	Thr	Pro	Ile	Pro	Leu	Phe	Gly	Phe	Glu
		435					440					445				
	Lys	Ile	His	Pro	His	Pro	Arg	Val	Gln	Tyr	Ser	Lys	Pro	Ile	Cys	Val
25	450						455					460				

```

Leu Ile Asn Glu Gln Asp Phe Ser Cys Ala Asp Phe Phe Pro Val Val
465                      470                      475                      480

Leu Lys Asp Asn Asp Arg Ala Leu Ile Val Gly Thr Arg Thr Ala Gly
                      485                      490                      495

5  Ala Gly Gly Phe Val Phe Asn Val Gln Phe Pro Asn Arg Thr Gly Ile
                      500                      505                      510

Lys Thr Cys Ser Leu Thr Gly Ser Leu Ala Val Arg Glu His Gly Ala
                      515                      520                      525

Phe Ile Glu Asn Ile Gly Val Glu Pro His Ile Asp Leu Pro Phe Thr
10                      530                      535                      540

Ala Asn Asp Ile Arg Tyr Lys Gly Tyr Ser Glu Tyr Leu Asp Lys Val
545                      550                      555                      560

Lys Lys Leu Val Cys Gln Leu Ile Asn Asn Asp Gly Thr Ile Ile Leu
                      565                      570                      575

15  Ala Glu Asp Gly Ser Phe
                      580

```

	<210>	99		
	<211>	1749		
20	<212>	ADN		
	<213>	<i>Chlamydia trachomatis</i>		
	<400>	99		
	atggtacaag	gagaaagctt	ggtttgcaag	aatgctcttc aagatttgag ttttttagag 60
	catttattac	aggttaaata	tgctcctaaa	acatggaaaag agcaatactt aggatgggat 120
25	cttgttcaaa	gctccgtttc	tgcacagcag	aagcttcgta cacaagaaaa tccatcaaca 180

	agtttttggc agcaggctct tgctgatttt atcggaggat taaatgactt tcacgctgga	240
	gtaactttct ttgcgataga aagtgcttac cttccttata ccgtacaaaa aagtagtgac	300
	ggccgtttct actttgtaga tatcatgact ttttcttcag agatccgtgt tggagatgag	360
	ttgctagagg tggatggggc gcctgtccaa gatgtactcg ctactctata tggaagcaat	420
5	cacaaagggg ctgcagctga agagtcggct gctttaagaa cactattttc tcgcatggcc	480
	tcttttaggg acaaagtacc ttctgggccc actactttaa agattcgtcg tccttttggg	540
	actacgagag aagttcgtgt gaaatggcgt tatgttcctg aagggtgtagg agatttggct	600
	accatagctc cttctatcag ggctccacag ttacagaaat cgatgagaag ctttttcctt	660
	aagaaagatg atgcgtttca tcgggtctagt tcgctattct actctccaat gggtccgcat	720
10	ttttgggcag agcttcgcaa tcattatgca acgagtgggt tgaaaagcgg gtacaatatt	780
	gggagtaccg atgggtttct ccctgtcatt gggcctgtta tatgggagtc ggagggctct	840
	ttccgcgctt atatttcttc ggtgactgat ggggatggta agagccataa agtaggattt	900
	ctaagaattc ctacatatag ttggcaggac atggaagatt ttgatccttc aggaccgcct	960
	ccttgggaag aatttgctaa gattattcaa gtattttctt ctaatacaga agctttgatt	1020
15	atcgaccaaa cgaacaaccc aggtggtagt gtcctttatc tttatgcact gctttccatg	1080
	ttgacagacc gtcctttaga acttcctaaa catagaatga ttctgactca ggatgaagtg	1140
	gttgatgctt tagattgggt aacctgttg gaaaacgtag acacaaacgt ggagtctcgc	1200
	cttgctctgg gagacaacat ggaaggatat actgtggatc tacaggttgc cgagtattta	1260
	aaaagctttg gacgtcaagt attgaattgt tggagtaaag gggatatcga gttatcaacg	1320
20	cctattcctc tttttggttt tgagaagatt catccacatc ctcgagttca atactctaaa	1380
	ccgatttggtg ttttgatcaa tgagcaagac ttttcttggt ctgacttctt ccctgtagtt	1440
	ttgaaagaca atgatcgagc tcttattgtt ggtactcgaa cagctggagc tggaggattt	1500
	gtctttaatg tgcagttccc aaatagaact ggaataaaaa cttgttcttt aacaggatca	1560
	ttagctgtta gagagcatgg tgcccttcatt gagaacatcg gagtcgaacc gcatatcgat	1620
25	ctgcctttta cagcgaatga tttcgctat aaaggctatt ccgagtatct tgataaggctc	1680

aaaaaattgg tttgtcagct gatcaataac gacgggtacca ttattcttgc ggaagatggt 1740
agtttttag 1749

<210> 100

5 <211> 582

<212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 100

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

486

	Val	Gln	Asp	Val	Leu	Ala	Thr	Leu	Tyr	Gly	Ser	Asn	His	Lys	Gly	Thr
	130				135					140						
	Ala	Ala	Glu	Glu	Ser	Ala	Ala	Leu	Arg	Thr	Leu	Phe	Ser	Arg	Met	Ala
5	145				150					155					160	
	Ser	Leu	Gly	His	Lys	Val	Pro	Ser	Gly	Arg	Thr	Thr	Leu	Lys	Ile	Arg
					165					170					175	
	Arg	Pro	Phe	Gly	Thr	Thr	Arg	Glu	Val	Arg	Val	Lys	Trp	Arg	Tyr	Val
					180					185					190	
10	Pro	Glu	Gly	Val	Gly	Asp	Leu	Ala	Thr	Ile	Ala	Pro	Ser	Ile	Arg	Ala
					195					200					205	
	Pro	Gln	Leu	Gln	Lys	Ser	Met	Arg	Ser	Phe	Phe	Pro	Lys	Lys	Asp	Asp
					210					215					220	
	Ala	Phe	His	Arg	Ser	Ser	Ser	Leu	Phe	Tyr	Ser	Pro	Met	Val	Pro	His
15	225				230					235					240	
	Phe	Trp	Ala	Glu	Leu	Arg	Asn	His	Tyr	Ala	Thr	Ser	Gly	Leu	Lys	Ser
					245					250					255	
	Gly	Tyr	Asn	Ile	Gly	Ser	Thr	Asp	Gly	Phe	Leu	Pro	Val	Ile	Gly	Pro
					260					265					270	
20	Val	Ile	Trp	Glu	Ser	Glu	Gly	Leu	Phe	Arg	Ala	Tyr	Ile	Ser	Ser	Val
					275					280					285	
	Thr	Asp	Gly	Asp	Gly	Lys	Ser	His	Lys	Val	Gly	Phe	Leu	Arg	Ile	Pro
					290					295					300	
	Thr	Tyr	Ser	Trp	Gln	Asp	Met	Glu	Asp	Phe	Asp	Pro	Ser	Gly	Pro	Pro
25	305				310					315					320	

	Pro	Trp	Glu	Glu	Phe	Ala	Lys	Ile	Ile	Gln	Val	Phe	Ser	Ser	Asn	Thr	
						325				330						335	
	Glu	Ala	Leu	Ile	Ile	Asp	Gln	Thr	Asn	Asn	Pro	Gly	Gly	Ser	Val	Leu	
5						340				345						350	
	Tyr	Leu	Tyr	Ala	Leu	Leu	Ser	Met	Leu	Thr	Asp	Arg	Pro	Leu	Glu	Leu	
						355				360						365	
	Pro	Lys	His	Arg	Met	Ile	Leu	Thr	Gln	Asp	Glu	Val	Val	Asp	Ala	Leu	
						370				375						380	
10	Asp	Trp	Leu	Thr	Leu	Leu	Glu	Asn	Val	Asp	Thr	Asn	Val	Glu	Ser	Arg	
						385				390						395	400
	Leu	Ala	Leu	Gly	Asp	Asn	Met	Glu	Gly	Tyr	Thr	Val	Asp	Leu	Gln	Val	
										405						410	415
	Ala	Glu	Tyr	Leu	Lys	Ser	Phe	Gly	Arg	Gln	Val	Leu	Asn	Cys	Trp	Ser	
15						420				425						430	
	Lys	Gly	Asp	Ile	Glu	Leu	Ser	Thr	Pro	Ile	Pro	Leu	Phe	Gly	Phe	Glu	
						435				440						445	
	Lys	Ile	His	Pro	His	Pro	Arg	Val	Gln	Tyr	Ser	Lys	Pro	Ile	Cys	Val	
						450				455						460	
20	Leu	Ile	Asn	Glu	Gln	Asp	Phe	Ser	Cys	Ala	Asp	Phe	Phe	Pro	Val	Val	
						465				470						475	480
	Leu	Lys	Asp	Asn	Asp	Arg	Ala	Leu	Ile	Val	Gly	Thr	Arg	Thr	Ala	Gly	
										485						490	495
	Ala	Gly	Gly	Phe	Val	Phe	Asn	Val	Gln	Phe	Pro	Asn	Arg	Thr	Gly	Ile	
25						500				505						510	

	Lys Thr Cys Ser Leu Thr Gly Ser Leu Ala Val Arg Glu His Gly Ala	
	515 520 525	
	Phe Ile Glu Asn Ile Gly Val Glu Pro His Ile Asp Leu Pro Phe Thr	
	530 535 540	
5	Ala Asn Asp Ile Arg Tyr Lys Gly Tyr Ser Glu Tyr Leu Asp Lys Val	
	545 550 555 560	
	Lys Lys Leu Val Cys Gln Leu Ile Asn Asn Asp Gly Thr Ile Ile Leu	
	565 570 575	
	Ala Glu Asp Gly Ser Phe	
10	580	
	<210> 101	
	<211> 1749	
	<212> ADN	
15	<213> Chlamydia trachomatis	
	<400> 101	
	atggtacaag gagaaagctt ggtttgcaag aatgctcttc aagatttgag ttttttagag	60
	catttattac aggttaaata tgctcctaaa acatggaaag agcaatactt aggatgggat	120
	cttgttcaaa gctccgtttc tgcacagcag aagcttcgta cacaagaaaa tocatcaaca	180
20	agtttttgcc agcaggtcct tgctgatttt atcggaggat taaatgactt tcacgctgga	240
	gtaactttct ttgcataga aagtgcttac cttccttata ccgtacaaaa aagtagtgac	300
	ggccgtttct actttgtaga tatcatgact ttttcttcag agatccgtgt tggagatgag	360
	ttgctagagg tggatggggc gcctgtccaa gatgtactcg ctactctata tggaagcaat	420
	cacaaaggga ctgcagctga agagtcggct gctttaagaa cactattttc tcgcatggcc	480
25	tctttagggc acaaagtacc ttctgggcgc actactttaa agattcgtcg tccttttggt	540

	actacgagag aagttcgtgt gaaatggcgt tatgttcctg aaggtgtagg agatttggt	600
	accatagctc cttctatcag ggctccacag ttacagaaat cgatgagaag ctttttcct	660
	aagaaagatg atgcgtttca tcggtctagt tcgctattct actctccaat ggttccgcat	720
	ttttgggcag agcttcgcaa tcattatgca acgagtgggt tgaaaagcgg gtacaatatt	780
5	gggagtaccg atgggtttct ccctgtcatt gggcctgtta tatgggagtc ggagggctct	840
	ttccgcgctt atatttcttc ggtgactgat ggggatggta agagccataa agtaggattt	900
	ctaagaattc ctacatatag ttggcaggac atggaagatt ttgatccttc aggaccgcct	960
	ccttgggaag aatttgctaa gattattcaa gtattttctt ctaatacaga agctttgatt	1020
	atcgaccaa cgaacaacc aggtggtagt gtcctttatc tttatgact gctttccatg	1080
10	ttgacagacc gtcctttaga acttcctaaa catagaatga ttctgactca ggatgaagtg	1140
	gttgatgctt tagattgggt aacctgttg gaaaacgtag acacaaacgt ggagtctcgc	1200
	cttgctctgg gagacaacat ggaaggatat actgtggatc tacaggttgc cgagtattta	1260
	aaaagctttg gacgtcaagt attgaattgt tggagtaaag gggatatcga gttatcaacg	1320
	cctattcctc tttttgggtt tgagaagatt catccacatc ctcgagttca atactctaaa	1380
15	ccgatttggtg ttttgatcaa tgagcaagac ttttcttggt ctgacttctt ccctgtagtt	1440
	ttgaaagaca atgatcgagc tcttattgtt ggtactcgaa cagctggagc tggaggattt	1500
	gtctttaatg tgcagttccc aaatagaact ggaataaaaa cttgttcttt aacaggatca	1560
	ttagctgtta gagagcatgg tgccttcatt gagaacatcg gagtcgaacc gcatatcgat	1620
	ctgcctttta cagcgaatga tttcgctat aaaggctatt ccgagtatct tgataaggtc	1680
20	aaaaaattgg tttgtcagct gatcaataac gacggtacca ttattcttgc ggaagatggt	1740
	agtttttag	1749

<210> 102

<211> 582

25 <212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 102

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

	Arg	Pro	Phe	Gly	Thr	Thr	Arg	Glu	Val	Arg	Val	Lys	Trp	Arg	Tyr	Val
				180					185					190		
	Pro	Glu	Gly	Val	Gly	Asp	Leu	Ala	Thr	Ile	Ala	Pro	Ser	Ile	Arg	Ala
5			195				200						205			
	Pro	Gln	Leu	Gln	Lys	Ser	Met	Arg	Ser	Phe	Phe	Pro	Lys	Lys	Asp	Asp
			210				215						220			
	Ala	Phe	His	Arg	Ser	Ser	Ser	Leu	Phe	Tyr	Ser	Pro	Met	Val	Pro	His
	225					230					235				240	
10	Phe	Trp	Ala	Glu	Leu	Arg	Asn	His	Tyr	Ala	Thr	Ser	Gly	Leu	Lys	Ser
						245				250				255		
	Gly	Tyr	Asn	Ile	Gly	Ser	Thr	Asp	Gly	Phe	Leu	Pro	Val	Ile	Gly	Pro
				260					265					270		
	Val	Ile	Trp	Glu	Ser	Glu	Gly	Leu	Phe	Arg	Ala	Tyr	Ile	Ser	Ser	Val
15			275					280						285		
	Thr	Asp	Gly	Asp	Gly	Lys	Ser	His	Lys	Val	Gly	Phe	Leu	Arg	Ile	Pro
			290				295						300			
	Thr	Tyr	Ser	Trp	Gln	Asp	Met	Glu	Asp	Phe	Asp	Pro	Ser	Gly	Pro	Pro
	305					310					315				320	
20	Pro	Trp	Glu	Glu	Phe	Ala	Lys	Ile	Ile	Gln	Val	Phe	Ser	Ser	Asn	Thr
						325					330				335	
	Glu	Ala	Leu	Ile	Ile	Asp	Gln	Thr	Asn	Asn	Pro	Gly	Gly	Ser	Val	Leu
				340					345					350		
	Tyr	Leu	Tyr	Ala	Leu	Leu	Ser	Met	Leu	Thr	Asp	Arg	Pro	Leu	Glu	Leu
25			355					360						365		

	Pro	Lys	His	Arg	Met	Ile	Leu	Thr	Gln	Asp	Glu	Val	Val	Asp	Ala	Leu
	370						375							380		
	Asp	Trp	Leu	Thr	Leu	Leu	Glu	Asn	Val	Asp	Thr	Asn	Val	Glu	Ser	Arg
5	385					390					395				400	
	Leu	Ala	Leu	Gly	Asp	Asn	Met	Glu	Gly	Tyr	Thr	Val	Asp	Leu	Gln	Val
					405					410				415		
	Ala	Glu	Tyr	Leu	Lys	Ser	Phe	Gly	Arg	Gln	Val	Leu	Asn	Cys	Trp	Ser
				420					425					430		
10	Lys	Gly	Asp	Ile	Glu	Leu	Ser	Thr	Pro	Ile	Pro	Leu	Phe	Gly	Phe	Glu
			435					440					445			
	Lys	Ile	His	Pro	His	Pro	Arg	Val	Gln	Tyr	Ser	Lys	Pro	Ile	Cys	Val
		450					455					460				
	Leu	Ile	Asn	Glu	Gln	Asp	Phe	Ser	Cys	Ala	Asp	Phe	Phe	Pro	Val	Val
15	465					470					475				480	
	Leu	Lys	Asp	Asn	Asp	Arg	Ala	Leu	Ile	Val	Gly	Thr	Arg	Thr	Ala	Gly
					485					490				495		
	Ala	Gly	Gly	Phe	Val	Phe	Asn	Val	Gln	Phe	Pro	Asn	Arg	Thr	Gly	Ile
				500					505					510		
20	Lys	Thr	Cys	Ser	Leu	Thr	Gly	Ser	Leu	Ala	Val	Arg	Glu	His	Gly	Ala
			515					520					525			
	Phe	Ile	Glu	Asn	Ile	Gly	Val	Glu	Pro	His	Ile	Asp	Leu	Pro	Phe	Thr
		530				535					540					
	Ala	Asn	Asp	Ile	Arg	Tyr	Lys	Gly	Tyr	Ser	Glu	Tyr	Leu	Asp	Lys	Val
25	545					550					555				560	

Lys Lys Leu Val Cys Gln Leu Ile Asn Asn Asp Gly Thr Ile Ile Leu

565

570

575

Ala Glu Asp Gly Ser Phe

580

5

<210> 103

<211> 1749

<212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

10

<400> 103

atggtacaag gagaaagctt ggtttgcaag aatgctcttc aagatttgag ttttttagag 60

catttattac aggttaaata tgctcctaaa acatggaaag agcaatactt aggatgggat 120

cttgttcaaa gctccgtttc tgcacagcag aagcttcgta cacaagaaaa tccatcaaca 180

agtttttgcc agcaggctct tgctgatttt atcggaggat taaatgactt tcacgctgga 240

15

gtaactttct ttgcataga aagtgcctac cttccttata ccgtacaaaa aagtagtgac 300

ggccgtttct actttgtaga tatcatgact ttttcttcag agatccgtgt tggagatgag 360

ttgctagagg tggatggggc gcctgtccaa gatgtactcg ctactctata tggaagcaat 420

cacaaaggga ctgcagctga agagtcggct gctttaagaa cactattttc togcattggc 480

tcttttagggc acaaagtacc ttctgggcgc actactttaa agattcgtcg tccttttggt 540

20

actacgagag aagttcgtgt gaaatggcgt tatgttcctg aaggtgtagg agatttggt 600

accatagctc cttctatcag ggctccacag ttacagaaat cgatgagaag ctttttcct 660

aagaaagatg atgcgtttca tcgggtctagt tcgtattct actctccaat ggttccgcat 720

ttttgggcag agcttcgcaa tcattatgca acgagtggtt tgaaaagcgg gtacaatatt 780

gggagtaccg atgggtttct cctgtcatt gggcctgtta tatgggagtc ggagggctct 840

25

ttccgcgctt atatttcttc ggtgactgat ggggatggta agagccataa agtaggattt 900

ctaagaattc ctacatatag ttggcaggac atggaagatt ttgataccttc aggaccgcct 960
 ccttggaag aatttgctaa gattattcaa gtattttctt ctaatacaga agctttgatt 1020
 atcgaccaa cgaacaacc aggtggtagt gtcctttatc tttatgcact gctttccatg 1080
 ttgacagacc gtcctttaga acttcctaaa catagaatga ttctgactca ggatgaagtg 1140
 5 gttgatgctt tagattggtt aaccctgttg gaaaacgtag acacaaacgt ggagtctcgc 1200
 cttgctctgg gagacaacat ggaaggatat actgtggatc tacaggttgc cgagtattta 1260
 aaaagctttg gacgtcaagt attgaattgt tggagtaaag gggatatcga gttatcaacg 1320
 cctattcctc tttttgggtt tgagaagatt catccacatc ctcgagttca atactctaaa 1380
 ccgatttggtg ttttgatcaa tgagcaagac ttttcttggtg ctgacttctt ccctgtagtt 1440
 10 ttgaaagaca atgatcgagc tcttattggtt ggtactcgaa cagctggagc tggaggattt 1500
 gtctttaatg tgcagttccc aaatagaact ggaataaaaa cttgttcttt aacaggatca 1560
 ttagctgtta gagagcatgg tgccttcatt gagaacatcg gagtcgaacc gcatatcgat 1620
 ctgcctttta cagcgaatga tattcgctat aaaggctatt ccgagtatct tgataaggtc 1680
 aaaaaattgg tttgtcagct gatcaataac gacggtacca ttattcttgc ggaagatggt 1740
 15 agtttttag 1749

<210> 104

<211> 582

<212> PRT

20 <213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 104

Met Val Gln Gly Glu Ser Leu Val Cys Lys Asn Ala Leu Gln Asp Leu

1 5 10 15

Ser Phe Leu Glu His Leu Leu Gln Val Lys Tyr Ala Pro Lys Thr Trp

25 20 25 30

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

	Ala	Phe	His	Arg	Ser	Ser	Ser	Leu	Phe	Tyr	Ser	Pro	Met	Val	Pro	His
	225						230					235				240
	Phe	Trp	Ala	Glu	Leu	Arg	Asn	His	Tyr	Ala	Thr	Ser	Gly	Leu	Lys	Ser
5							245					250				255
	Gly	Tyr	Asn	Ile	Gly	Ser	Thr	Asp	Gly	Phe	Leu	Pro	Val	Ile	Gly	Pro
							260					265				270
	Val	Ile	Trp	Glu	Ser	Glu	Gly	Leu	Phe	Arg	Ala	Tyr	Ile	Ser	Ser	Val
							275					280				285
10	Thr	Asp	Gly	Asp	Gly	Lys	Ser	His	Lys	Val	Gly	Phe	Leu	Arg	Ile	Pro
							290					295				300
	Thr	Tyr	Ser	Trp	Gln	Asp	Met	Glu	Asp	Phe	Asp	Pro	Ser	Gly	Pro	Pro
	305						310					315				320
	Pro	Trp	Glu	Glu	Phe	Ala	Lys	Ile	Ile	Gln	Val	Phe	Ser	Ser	Asn	Thr
15							325					330				335
	Glu	Ala	Leu	Ile	Ile	Asp	Gln	Thr	Asn	Asn	Pro	Gly	Gly	Ser	Val	Leu
							340					345				350
	Tyr	Leu	Tyr	Ala	Leu	Leu	Ser	Met	Leu	Thr	Asp	Arg	Pro	Leu	Glu	Leu
							355					360				365
20	Pro	Lys	His	Arg	Met	Ile	Leu	Thr	Gln	Asp	Glu	Val	Val	Asp	Ala	Leu
							370					375				380
	Asp	Trp	Leu	Thr	Leu	Leu	Glu	Asn	Val	Asp	Thr	Asn	Val	Glu	Ser	Arg
	385						390					395				400
	Leu	Ala	Leu	Gly	Asp	Asn	Met	Glu	Gly	Tyr	Thr	Val	Asp	Leu	Gln	Val
25							405					410				415

Ala Glu Tyr Leu Lys Ser Phe Gly Arg Gln Val Leu Asn Cys Trp Ser
 420 425 430
 Lys Gly Asp Ile Glu Leu Ser Thr Pro Ile Pro Leu Phe Gly Phe Glu
 435 440 445
 5 Lys Ile His Pro His Pro Arg Val Gln Tyr Ser Lys Pro Ile Cys Val
 450 455 460
 Leu Ile Asn Glu Gln Asp Phe Ser Cys Ala Asp Phe Phe Pro Val Val
 465 470 475 480
 Leu Lys Asp Asn Asp Arg Ala Leu Ile Val Gly Thr Arg Thr Ala Gly
 10 485 490 495
 Ala Gly Gly Phe Val Phe Asn Val Gln Phe Pro Asn Arg Thr Gly Ile
 500 505 510
 Lys Thr Cys Ser Leu Thr Gly Ser Leu Ala Val Arg Glu His Gly Ala
 515 520 525
 15 Phe Ile Glu Asn Ile Gly Val Glu Pro His Ile Asp Leu Pro Phe Thr
 530 535 540
 Ala Asn Asp Ile Arg Tyr Lys Gly Tyr Ser Glu Tyr Leu Asp Lys Val
 545 550 555 560
 Lys Lys Leu Val Cys Gln Leu Ile Asn Asn Asp Gly Thr Ile Ile Leu
 20 565 570 575
 Ala Glu Asp Gly Ser Phe
 580
 <210> 105
 25 <211> 1749

<212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 105

	atggtacgag gagaaagctt ggtttgcaag aatgctcttc aagatttgag ttttttagag	60
5	catttattac aggttaaata tgctcctaaa acatggaaag agcaatactt aggatgggat	120
	cttgttcaaa gctccgtttc tgcacagcag aagcttcgta cacaagaaaa tccatcaaca	180
	agtttttgcc agcaggctct tgctgatttt atcggaggat taaatgactt tcacgctgga	240
	gtaactttct ttgcgataga aagtgccttac cttccttata ccgtacaaaa aagtagtgac	300
	ggccgtttct actttgtaga tatcatgact ttttcttcag agatccgtgt tggagatgag	360
10	ttgctagagg tggatggggc gcctgtccaa gatgtgctcg ctactctata tggaagcaat	420
	cacaaagga ctgcagctga agagtcggct gctttaagaa cactattttc tcgcatggcc	480
	tctttagggc acaaagtacc ttctgggcgc actactttaa agattcgtcg tccttttggt	540
	actacgagag aagttcgtgt gaaatggcgt tatgttcctg aaggtgtagg agatttggt	600
	accatagctc cttctatcag ggctccacag ttacagaaat cgatgagaag ctttttccct	660
15	aagaaagatg atgcgtttca tcgggtctagt tcgctattct actctccaat ggttcgcgcat	720
	ttttgggcag agcttcgcaa tcattatgca acgagtggtt tgaaaagcgg gtacaatatt	780
	gggagtaccg atgggtttct ccctgtcatt gggcctgtta tatgggagtc ggagggctct	840
	ttccgcgctt atatttcttc ggtgactgat ggggatggta agagccataa agtaggattt	900
	ctaagaattc ctacatatag ttggcaggac atggaagatt ttgatccttc aggaccgcct	960
20	ccttggaag aatttgctaa gattattcaa gtattttctt ctaatacaga agctttgatt	1020
	atcgaccaa cgaacaacc aggtggtagt gtcctttatc tttatgcact gctttccatg	1080
	ttgacagacc gtcctttaga acttcctaaa catagaatga ttctgactca ggatgaagtg	1140
	gttgatgctt tagattgggt aaccctgttg gaaaacgtag acacaaacgt ggagtctcgc	1200
	cttgctctgg gagacaacat ggaaggatat actgtggatc tacaggttgc cgagtattta	1260
25	aaaagctttg gacgtcaagt attgaattgt tggagtaaag gggatatcga gttatcaaca	1320

cctattcctc tttttggttt tgagaagatt catccacatc ctcgagttca atactctaaa 1380
ccgatttggtg ttttgatcaa tgagcaagac ttttcttggtg ctgacttctt ccctgtagtt 1440
ttgaaagaca atgatcgagc tcttattggtt ggtactcgaa cagctggagc tggaggattt 1500
gtctttaatg tgcagttccc aaatagaact ggaataaaaa cttgttcttt aacaggatca 1560
5 ttagctgtta gagagcatgg tgccttcatt gagaacatcg gagtcgaacc gcatatcgat 1620
ctgcctttta cagcgaatga tattcgctat aaaggctatt ccgagtatct tgataaggtc 1680
aaaaaattgg tttgtcagct gatcaataac gacggtacca ttattcttgc ggaagatggt 1740
agtttttag 1749

10 <210> 106
<211> 582
<212> PRT
<213> *Chlamydia trachomatis*

15 <400> 106
Met Val Arg Gly Glu Ser Leu Val Cys Lys Asn Ala Leu Gln Asp Leu
1 5 10 15
Ser Phe Leu Glu His Leu Leu Gln Val Lys Tyr Ala Pro Lys Thr Trp
20 25 30
Lys Glu Gln Tyr Leu Gly Trp Asp Leu Val Gln Ser Ser Val Ser Ala
35 40 45
Gln Gln Lys Leu Arg Thr Gln Glu Asn Pro Ser Thr Ser Phe Cys Gln
50 55 60
Gln Val Leu Ala Asp Phe Ile Gly Gly Leu Asn Asp Phe His Ala Gly
25 65 70 75 80

	Val	Thr	Phe	Phe	Ala	Ile	Glu	Ser	Ala	Tyr	Leu	Pro	Tyr	Thr	Val	Gln	
					85					90						95	
	Lys	Ser	Ser	Asp	Gly	Arg	Phe	Tyr	Phe	Val	Asp	Ile	Met	Thr	Phe	Ser	
5					100					105						110	
	Ser	Glu	Ile	Arg	Val	Gly	Asp	Glu	Leu	Leu	Glu	Val	Asp	Gly	Ala	Pro	
					115					120						125	
	Val	Gln	Asp	Val	Leu	Ala	Thr	Leu	Tyr	Gly	Ser	Asn	His	Lys	Gly	Thr	
					130					135						140	
10	Ala	Ala	Glu	Glu	Ser	Ala	Ala	Leu	Arg	Thr	Leu	Phe	Ser	Arg	Met	Ala	
	145															160	
	Ser	Leu	Gly	His	Lys	Val	Pro	Ser	Gly	Arg	Thr	Thr	Leu	Lys	Ile	Arg	
					165					170						175	
	Arg	Pro	Phe	Gly	Thr	Thr	Arg	Glu	Val	Arg	Val	Lys	Trp	Arg	Tyr	Val	
15					180					185						190	
	Pro	Glu	Gly	Val	Gly	Asp	Leu	Ala	Thr	Ile	Ala	Pro	Ser	Ile	Arg	Ala	
					195					200						205	
	Pro	Gln	Leu	Gln	Lys	Ser	Met	Arg	Ser	Phe	Phe	Leu	Lys	Lys	Asp	Asp	
					210					215						220	
20	Ala	Phe	His	Arg	Ser	Ser	Ser	Leu	Phe	Tyr	Ser	Pro	Met	Val	Pro	His	
	225															240	
	Phe	Trp	Ala	Glu	Leu	Arg	Asn	His	Tyr	Ala	Thr	Ser	Gly	Leu	Lys	Ser	
					245					250						255	
	Gly	Tyr	Asn	Ile	Gly	Ser	Thr	Asp	Gly	Phe	Leu	Pro	Val	Ile	Gly	Pro	
25					260					265						270	

	Val	Ile	Trp	Glu	Ser	Glu	Gly	Leu	Phe	Arg	Ala	Tyr	Ile	Ser	Ser	Val
	275							280								285
	Thr	Asp	Gly	Asp	Gly	Lys	Ser	His	Lys	Val	Gly	Phe	Leu	Arg	Ile	Pro
5	290						295						300			
	Thr	Tyr	Ser	Trp	Gln	Asp	Met	Glu	Asp	Phe	Asp	Pro	Ser	Gly	Pro	Pro
	305					310					315				320	
	Pro	Trp	Glu	Glu	Phe	Ala	Lys	Ile	Ile	Gln	Val	Phe	Ser	Ser	Asn	Thr
					325					330					335	
10	Glu	Ala	Leu	Ile	Ile	Asp	Gln	Thr	Asn	Asn	Pro	Gly	Gly	Ser	Val	Leu
			340						345					350		
	Tyr	Leu	Tyr	Ala	Leu	Leu	Ser	Met	Leu	Thr	Asp	Arg	Pro	Leu	Glu	Leu
		355						360					365			
	Pro	Lys	His	Arg	Met	Ile	Leu	Thr	Gln	Asp	Glu	Val	Val	Asp	Ala	Leu
15	370							375					380			
	Asp	Trp	Leu	Thr	Leu	Leu	Glu	Asn	Val	Asp	Thr	Asn	Val	Glu	Ser	Arg
	385					390					395			400		
	Leu	Ala	Leu	Gly	Asp	Asn	Met	Glu	Gly	Tyr	Thr	Val	Asp	Leu	Gln	Val
					405					410				415		
20	Ala	Glu	Tyr	Leu	Lys	Ser	Phe	Gly	Arg	Gln	Val	Leu	Asn	Cys	Trp	Ser
			420						425					430		
	Lys	Gly	Asp	Ile	Glu	Leu	Ser	Thr	Pro	Ile	Pro	Leu	Phe	Gly	Phe	Glu
			435						440					445		
	Lys	Ile	His	Pro	His	Pro	Arg	Val	Gln	Tyr	Ser	Lys	Pro	Ile	Cys	Val
25	450							455					460			

	Leu	Ile	Asn	Glu	Gln	Asp	Phe	Ser	Cys	Ala	Asp	Phe	Phe	Pro	Val	Val	
	465					470					475					480	
	Leu	Lys	Asp	Asn	Asp	Arg	Ala	Leu	Ile	Val	Gly	Thr	Arg	Thr	Ala	Gly	
						485					490					495	
5	Ala	Gly	Gly	Phe	Val	Phe	Asn	Val	Gln	Phe	Pro	Asn	Arg	Thr	Gly	Ile	
						500					505					510	
	Lys	Thr	Cys	Ser	Leu	Thr	Gly	Ser	Leu	Ala	Val	Arg	Glu	His	Gly	Ala	
						515					520					525	
	Phe	Ile	Glu	Asn	Ile	Gly	Val	Glu	Pro	His	Ile	Asp	Leu	Pro	Phe	Thr	
10		530					535						540				
	Ala	Asn	Asp	Ile	Arg	Tyr	Lys	Gly	Tyr	Ser	Glu	Tyr	Leu	Asp	Lys	Val	
	545						550						555			560	
	Lys	Lys	Leu	Val	Cys	Gln	Leu	Ile	Asn	Asn	Asp	Gly	Thr	Ile	Ile	Leu	
							565						570			575	
15	Ala	Glu	Asp	Gly	Ser	Phe											
							580										
	<210>	107															
	<211>	1749															
20	<212>	ADN															
	<213>	Chlamydia trachomatis															
	<400>	107															
	atggtacaag	gagaaagctt	ggtttgcaag	aatgctcttc	aagatttgag	tttttttagag											60
	catttattac	aggttaaata	tgctcctaaa	acatggaaaag	agcaatactt	aggatgggat											120
25	cttgttcaaa	gctccgtttc	tgcacagcag	aagcttcgta	cacaagaaaa	tccatcaaca											180

	agttttttgcc agcaggteect tgctgatttt atcggaggat taaatgactt tcacgctgga	240
	gtaacttttct ttgcataga aagtgttac cttccttata ccgtacaaaa aagtagtgac	300
	ggccgttttct actttgtaga tatcatgact ttttcttcag agatccgtgt tggagatgag	360
	ttgctagagg tggatggggc gcctgtccaa gatgtactcg ctactctata tggaagcaat	420
5	cacaaagga ctgcagctga agagtcggct gctttaagaa cactattttc tcgcatggcc	480
	tcttttagggc acaaagtacc ttctggggcg actactttaa agattcgtcg tccttttggt	540
	actacgagag aagttcgtgt gaaatggcgt tatgttcctg aaggtgtagg agatttggt	600
	accatagctc cttctatcag ggctccacag ttacagaaat cgatgagaag ctttttcct	660
	aagaaagatg atgcgtttca tcgggtctagt tcgctattct actctccaat ggttccgcat	720
10	ttttgggcag agcttcgcaa tcattatgca acgagtgggt tgaaaagcgg gtacaatatt	780
	gggagtaccg atgggtttct ccctgtcatt gggcctgtta tatgggagtc ggagggctct	840
	ttccgcgctt atatttcttc ggtgactgat ggggatggta agagccataa agtaggattt	900
	ctaagaattc ctacatatag ttggcaggac atggaagatt ttgatccttc aggaccgcct	960
	ccttggaag aatttgctaa gattattcaa gtattttctt ctaatacaga agctttgatt	1020
15	atcgaccaa cgaacaacc aggtggtagt gtcctttatc tttatgact gctttccatg	1080
	ttgacagacc gtcctttaga acttcctaaa catagaatga ttctgactca ggatgaagtg	1140
	gttgatgctt tagattgggt aacctgttg gaaaacgtag acacaaacgt ggagtctcgc	1200
	cttgctctgg gagacaacat ggaaggatat actgtggatc tacagggtgc cgagtattta	1260
	aaaagctttg gacgtcaagt attgaattgt tggagtaaag gggatatcga gttatcaacg	1320
20	cctattcctc tttttggtt tgagaagatt catccacatc ctcgagttca atactctaaa	1380
	ccgatttggtg ttttgatcaa tgagcaagac ttttcttggt ctgacttctt ccctgtagtt	1440
	ttgaaagaca atgatcgagc tcttattggt ggtactcgaa cagctggagc tggaggattt	1500
	gtctttaatg tgcagttccc aaatagaact ggaataaaaa cttgttcttt aacaggatca	1560
	ttagctgtta gagagcatgg tgccttcatt gagaacatcg gagtcgaacc gcatatcgat	1620
25	ctgcctttta cagcgaatga tattcgctat aaaggctatt ccgagtatct tgataaggtc	1680

aaaaaattgg tttgtcagct gatcaataac gacggtacca ttattctttgc ggaagatggt 1740
agtttttag 1749

<210> 108
5 <211> 582
<212> PRT
<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 108
10 Met Val Gln Gly Glu Ser Leu Val Cys Lys Asn Ala Leu Gln Asp Leu
1 5 10 15
Ser Phe Leu Glu His Leu Leu Gln Val Lys Tyr Ala Pro Lys Thr Trp
20 25 30
Lys Glu Gln Tyr Leu Gly Trp Asp Leu Val Gln Ser Ser Val Ser Ala
15 35 40 45
Gln Gln Lys Leu Arg Thr Gln Glu Asn Pro Ser Thr Ser Phe Cys Gln
50 55 60
Gln Val Leu Ala Asp Phe Ile Gly Gly Leu Asn Asp Phe His Ala Gly
65 70 75 80
20 Val Thr Phe Phe Ala Ile Glu Ser Ala Tyr Leu Pro Tyr Thr Val Gln
85 90 95
Lys Ser Ser Asp Gly Arg Phe Tyr Phe Val Asp Ile Met Thr Phe Ser
100 105 110
Ser Glu Ile Arg Val Gly Asp Glu Leu Leu Glu Val Asp Gly Ala Pro
25 115 120 125

	Val	Gln	Asp	Val	Leu	Ala	Thr	Leu	Tyr	Gly	Ser	Asn	His	Lys	Gly	Thr
	130							135								140
	Ala	Ala	Glu	Glu	Ser	Ala	Ala	Leu	Arg	Thr	Leu	Phe	Ser	Arg	Met	Ala
5	145							150								155
	Ser	Leu	Gly	His	Lys	Val	Pro	Ser	Gly	Arg	Thr	Thr	Leu	Lys	Ile	Arg
								165								170
	Arg	Pro	Phe	Gly	Thr	Thr	Arg	Glu	Val	Arg	Val	Lys	Trp	Arg	Tyr	Val
								180								185
10	Pro	Glu	Gly	Val	Gly	Asp	Leu	Ala	Thr	Ile	Ala	Pro	Ser	Ile	Arg	Ala
								195								200
	Pro	Gln	Leu	Gln	Lys	Ser	Met	Arg	Ser	Phe	Phe	Leu	Lys	Lys	Asp	Asp
								210								215
	Ala	Phe	His	Arg	Ser	Ser	Ser	Leu	Phe	Tyr	Ser	Pro	Met	Val	Pro	His
15	225							230								235
	Phe	Trp	Ala	Glu	Leu	Arg	Asn	His	Tyr	Ala	Thr	Ser	Gly	Leu	Lys	Ser
								245								250
	Gly	Tyr	Asn	Ile	Gly	Ser	Thr	Asp	Gly	Phe	Leu	Pro	Val	Ile	Gly	Pro
								260								265
20	Val	Ile	Trp	Glu	Ser	Glu	Gly	Leu	Phe	Arg	Ala	Tyr	Ile	Ser	Ser	Val
								275								280
	Thr	Asp	Gly	Asp	Gly	Lys	Ser	His	Lys	Val	Gly	Phe	Leu	Arg	Ile	Pro
								290								295
	Thr	Tyr	Ser	Trp	Gln	Asp	Met	Glu	Asp	Phe	Asp	Pro	Ser	Gly	Pro	Pro
25	305							310								315
																320

	Pro	Trp	Glu	Glu	Phe	Ala	Lys	Ile	Ile	Gln	Val	Phe	Ser	Ser	Asn	Thr
						325				330						335
	Glu	Ala	Leu	Ile	Ile	Asp	Gln	Thr	Asn	Asn	Pro	Gly	Gly	Ser	Val	Leu
5						340				345						350
	Tyr	Leu	Tyr	Ala	Leu	Leu	Ser	Met	Leu	Thr	Asp	Arg	Pro	Leu	Glu	Leu
						355				360						365
	Pro	Lys	His	Arg	Met	Ile	Leu	Thr	Gln	Asp	Glu	Val	Val	Asp	Ala	Leu
						370				375						380
10	Asp	Trp	Leu	Thr	Leu	Leu	Glu	Asn	Val	Asp	Thr	Asn	Val	Glu	Ser	Arg
						385				390						400
	Leu	Ala	Leu	Gly	Asp	Asn	Met	Glu	Gly	Tyr	Thr	Val	Asp	Leu	Gln	Val
						405				410						415
	Ala	Glu	Tyr	Leu	Lys	Ser	Phe	Gly	Arg	Gln	Val	Leu	Asn	Cys	Trp	Ser
15						420				425						430
	Lys	Gly	Asp	Ile	Glu	Leu	Ser	Thr	Pro	Ile	Pro	Leu	Phe	Gly	Phe	Glu
						435				440						445
	Lys	Ile	His	Pro	His	Pro	Arg	Val	Gln	Tyr	Ser	Lys	Pro	Ile	Cys	Val
						450				455						460
20	Leu	Ile	Asn	Glu	Gln	Asp	Phe	Ser	Cys	Ala	Asp	Phe	Phe	Pro	Val	Val
						465				470						480
	Leu	Lys	Asp	Asn	Asp	Arg	Ala	Leu	Ile	Val	Gly	Thr	Arg	Thr	Ala	Gly
						485				490						495
	Ala	Gly	Gly	Phe	Val	Phe	Asn	Val	Gln	Phe	Pro	Asn	Arg	Thr	Gly	Ile
25						500				505						510

Lys Thr Cys Ser Leu Thr Gly Ser Leu Ala Val Arg Glu His Gly Ala
515 520 525
Phe Ile Glu Asn Ile Gly Val Glu Pro His Ile Asp Leu Pro Phe Thr
530 535 540
5 Ala Asn Asp Ile Arg Tyr Lys Gly Tyr Ser Glu Tyr Leu Asp Lys Val
545 550 555 560
Lys Lys Leu Val Cys Gln Leu Ile Asn Asn Asp Gly Thr Ile Ile Leu
565 570 575
Ala Glu Asp Gly Ser Phe
10 580

<210> 109
<211> 1749
<212> ADN
15 <213> Chlamydia trachomatis
<400> 109
atggtacgag gagaaagctt ggtttgcaag aatgctcttc aagatttgag ttttttagag 60
catttattac aggttaaata tgctcctaaa acatggaaag agcaatactt aggatgggat 120
cttgttcaaa gctccgtttc tgcacagcag aagcttcgta cacaagaaaa tccatcaaca 180
20 agtttttgcc agcaggtcct tgctgatttt atcggaggat taaatgactt tcacgctgga 240
gtaactttct ttgcataga aagtgcttac ctctcttata ccgtacaaaa aagtagtgac 300
ggccgtttct actttgtaga tatcatgact tttctctcag agatccgtgt tggagatgag 360
ttgctagagg tggatggggc gcctgtccaa gatgtgctcg ctactctata tggaagcaat 420
cacaaagga ctgcagctga agagtcggct gctttaagaa cactattttc tcgcatggcc 480
25 tctttagggc acaaagtacc ttctgggcgc actactttaa agattcgctg tccttttggt 540

	actacgagag aagttcgtgt gaaatggcgt tatgttctctg aaggtgtagg agatttggt	600
	accatagctc cttctatcag ggctccacag ttacagaaat cgatgagaag ctttttccct	660
	aagaaagatg atgcgtttca tcggtctagt tcgctattct actctccaat ggttccgcat	720
	ttttgggcag agcttcgcaa tcattatgca acgagtgggt tgaaaagcgg gtacaatatt	780
5	gggagtaccg atggggtttct ccctgtcatt gggcctgtta tatgggagtc ggaggggtctt	840
	ttccgcgctt atatttcttc ggtgactgat ggggatggta agagccataa agtaggattt	900
	ctaagaattc ctacatatag ttggcaggac atggaagatt ttgatccttc aggaccgcct	960
	ccttggaag aatttgctaa gattattcaa gtattttctt ctaatacaga agctttgatt	1020
	atcgaccaa cgaacaacc aggtggtagt gtcctttatc tttatgcaact gctttccatg	1080
10	ttgacagacc gtcctttaga acttcctaaa catagaatga ttctgactca ggatgaagtg	1140
	gttgatgctt tagattgggt aacctgttg gaaaacgtag acacaaacgt ggagtctcgc	1200
	cttgctctgg gagacaacat ggaaggatat actgtggatc tacaggttgc cgagtattta	1260
	aaaagctttg gacgtcaagt attgaattgt tggagtaaag gggatatcga gttatcaaca	1320
	cctattcttc tttttgggtt tgagaagatt catccacatc ctogagttca atactctaaa	1380
15	ccgatttggtg ttttgatcaa tgagcaagac ttttcttggt ctgacttctt ccctgtagtt	1440
	ttgaaagaca atgatcgagc tcttattggt ggtactcgaa cagctggagc tggaggattt	1500
	gtctttaatg tgcagttccc aaatagaact ggaataaaaa cttgttcttt aacaggatca	1560
	ttagctgtta gagagcatgg tgccttcatt gagaacatcg gagtogaacc gcatatcgat	1620
	ctgcctttta cagcgaatga tttcgtctat aaaggctatt ccgagtatct tgataaggtc	1680
20	aaaaaattgg tttgtcagct gatcaataac gacggtacca ttattcttgc ggaagatggt	1740
	agtttttag	1749

	<210>	110
	<211>	582
25	<212>	PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 110

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

	Arg	Pro	Phe	Gly	Thr	Thr	Arg	Glu	Val	Arg	Val	Lys	Trp	Arg	Tyr	Val
				180					185						190	
	Pro	Glu	Gly	Val	Gly	Asp	Leu	Ala	Thr	Ile	Ala	Pro	Ser	Ile	Arg	Ala
5			195				200						205			
	Pro	Gln	Leu	Gln	Lys	Ser	Met	Arg	Ser	Phe	Phe	Leu	Lys	Lys	Asp	Asp
			210				215						220			
	Ala	Phe	His	Arg	Ser	Ser	Ser	Leu	Phe	Tyr	Ser	Pro	Met	Val	Pro	His
	225					230					235				240	
10	Phe	Trp	Ala	Glu	Leu	Arg	Asn	His	Tyr	Ala	Thr	Ser	Gly	Leu	Lys	Ser
						245				250					255	
	Gly	Tyr	Asn	Ile	Gly	Ser	Thr	Asp	Gly	Phe	Leu	Pro	Val	Ile	Gly	Pro
					260				265					270		
	Val	Ile	Trp	Glu	Ser	Glu	Gly	Leu	Phe	Arg	Ala	Tyr	Ile	Ser	Ser	Val
15			275					280						285		
	Thr	Asp	Gly	Asp	Gly	Lys	Ser	His	Lys	Val	Gly	Phe	Leu	Arg	Ile	Pro
			290				295						300			
	Thr	Tyr	Ser	Trp	Gln	Asp	Met	Glu	Asp	Phe	Asp	Pro	Ser	Gly	Pro	Pro
	305					310					315				320	
20	Pro	Trp	Glu	Glu	Phe	Ala	Lys	Ile	Ile	Gln	Val	Phe	Ser	Ser	Asn	Thr
					325					330					335	
	Glu	Ala	Leu	Ile	Ile	Asp	Gln	Thr	Asn	Asn	Pro	Gly	Gly	Ser	Val	Leu
				340					345					350		
	Tyr	Leu	Tyr	Ala	Leu	Leu	Ser	Met	Leu	Thr	Asp	Arg	Pro	Leu	Glu	Leu
25			355					360						365		

	Pro	Lys	His	Arg	Met	Ile	Leu	Thr	Gln	Asp	Glu	Val	Val	Asp	Ala	Leu
	370						375						380			
	Asp	Trp	Leu	Thr	Leu	Leu	Glu	Asn	Val	Asp	Thr	Asn	Val	Glu	Ser	Arg
5	385					390				395				400		
	Leu	Ala	Leu	Gly	Asp	Asn	Met	Glu	Gly	Tyr	Thr	Val	Asp	Leu	Gln	Val
					405					410				415		
	Ala	Glu	Tyr	Leu	Lys	Ser	Phe	Gly	Arg	Gln	Val	Leu	Asn	Cys	Trp	Ser
				420					425					430		
10	Lys	Gly	Asp	Ile	Glu	Leu	Ser	Thr	Pro	Ile	Pro	Leu	Phe	Gly	Phe	Glu
		435						440					445			
	Lys	Ile	His	Pro	His	Pro	Arg	Val	Gln	Tyr	Ser	Lys	Pro	Ile	Cys	Val
		450					455					460				
	Leu	Ile	Asn	Glu	Gln	Asp	Phe	Ser	Cys	Ala	Asp	Phe	Phe	Pro	Val	Val
15	465					470				475				480		
	Leu	Lys	Asp	Asn	Asp	Arg	Ala	Leu	Ile	Val	Gly	Thr	Arg	Thr	Ala	Gly
				485					490					495		
	Ala	Gly	Gly	Phe	Val	Phe	Asn	Val	Gln	Phe	Pro	Asn	Arg	Thr	Gly	Ile
				500					505					510		
20	Lys	Thr	Cys	Ser	Leu	Thr	Gly	Ser	Leu	Ala	Val	Arg	Glu	His	Gly	Ala
			515					520					525			
	Phe	Ile	Glu	Asn	Ile	Gly	Val	Glu	Pro	His	Ile	Asp	Leu	Pro	Phe	Thr
		530					535					540				
	Ala	Asn	Asp	Ile	Arg	Tyr	Lys	Gly	Tyr	Ser	Glu	Tyr	Leu	Asp	Lys	Val
25	545					550				555				560		

Lys Lys Leu Val Cys Gln Leu Ile Asn Asn Asp Gly Thr Ile Ile Leu

565 570 575

Ala Glu Asp Gly Ser Phe

580

5

- <210> 111
- <211> 1770
- <212> ADN
- <213> *Chlamydia trachomatis*

10

<400> 111

atgagcatca ggggagtagg aggcaacggg aatagtcgaa tcccttctca taatggggat 60

ggatcgaatc gcagaagtca aaatacgaag aataaagttg aagatcgagt tcgttctcta 120

tattcatctc gtagtaacga aaatagagaa tctccttatg cagtagtaga cgtcagctct 180

atgatcgaga gcacccaac gaggtagag acgacaagag cttcgcgtagg agtattcagt 240

15 cgtttcctaaa gaggtttagg acgagtagct gacaaagtaa gacgagctgt tcagcgtagc 300

tggagttcag tctctataag aagatcgctc gcaacaagag ccacagaatc cagatcaagt 360

agtcgtactg ctcgtaggtg aagttctggg tataaggagt attctccttc agcagctaga 420

gggctgctc ttatgttcac agatttctgg agaactcggg ttttacgcca gacctctcct 480

atggctggag tttttgggaa tcttgatgtg aacgaggctc gtttgatggc tgcgtacaca 540

20 agtgagtgcg cggatcattt agaagcgaag gagttggctg gccctgacgg ggtagcggcc 600

gcccgggaaa ttgctaaaag atgggagaaa agagttagag atctacaaga taaaggtgct 660

gcacgaaaat tattaatatga tccttttaggc cgacgaacac ctaattatca gagcaaaaat 720

ccaggtgagt atactgtagg gaattccatg ttttacgatg gtccctcaggt agcgaatctc 780

cagaacgtcg aactgggttt ttggctggac atgagcaatc tctcagacgt tgtattatcc 840

25 agagagattc aaacaggact tcgagcacga gctactttgg aagaatccat gccgatgtta 900

	gagaatttag aagagcgttt tagacgtttg caagaaactt gtgatgcggc tcgtactgag	960
	atagaagaat cgggatggac tcgagagtcc gcatcaagaa tggaaggcga tgaggcgcaa	1020
	ggaccttcta gagcacaaca agcttttcag agctttgtaa atgaatgtaa cagcatcgag	1080
	ttctcatttg ggagctttgg agagcatgtg cgagttctct gcgctagagt atcacgagga	1140
5	ttagctgccg caggagaggc gattcgccgt tgcttctctt gttgtaaagg atcgacgcat	1200
	cgctacgctc ctcgcatga cctatctcct gaagggtgat cgtttagcaga gactttggct	1260
	agattcgag atgatatggg aatagagcga ggtgctgatg gaacctacga tattcctttg	1320
	gtagatgatt ggagaagagg ggttcctagt attgaaggag aaggatctga ctcgatctat	1380
	gaaatcatga tgcctatcta tgaagttatg aatatggatc tagaaacacg aagatctttt	1440
10	gcggtacagc aagggcacta tcaggacca agagcttcag attatgacct cccacgtgct	1500
	agcgactatg atttgcttag aagcccatat cctactccac ctttgctcc tagatatcag	1560
	ctacagaata tggatgtaga agcaggggtc cgtgaggcag tttatgcttc tttttagca	1620
	ggaatgtaca attatgtagt gacacagccg caagagcgta ttcccaatag tcagcaggtg	1680
	gaagggattc tgcgtgatat gcttaccaac gggtcacaga catttagaga cctgatgaag	1740
15	cgttggaata gagaagtcga tagggaataa	1770

<210> 112

<211> 589

<212> PRT

20 <213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 112

Met Ser Ile Arg Gly Val Gly Gly Asn Gly Asn Ser Arg Ile Pro Ser

1	5	10	15
---	---	----	----

His Asn Gly Asp Gly Ser Asn Arg Arg Ser Gln Asn Thr Lys Asn Lys

25	20	25	30
----	----	----	----

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

Leu Asn Asp Pro Leu Gly Arg Arg Thr Pro Asn Tyr Gln Ser Lys Asn
 225 230 235 240
 Pro Gly Glu Tyr Thr Val Gly Asn Ser Met Phe Tyr Asp Gly Pro Gln
 5 245 250 255
 Val Ala Asn Leu Gln Asn Val Asp Thr Gly Phe Trp Leu Asp Met Ser
 260 265 270
 Asn Leu Ser Asp Val Val Leu Ser Arg Glu Ile Gln Thr Gly Leu Arg
 275 280 285
 10 Ala Arg Ala Thr Leu Glu Glu Ser Met Pro Met Leu Glu Asn Leu Glu
 290 295 300
 Glu Arg Phe Arg Arg Leu Gln Glu Thr Cys Asp Ala Ala Arg Thr Glu
 305 310 315 320
 Ile Glu Glu Ser Gly Trp Thr Arg Glu Ser Ala Ser Arg Met Glu Gly
 15 325 330 335
 Asp Glu Ala Gln Gly Pro Ser Arg Ala Gln Gln Ala Phe Gln Ser Phe
 340 345 350
 Val Asn Glu Cys Asn Ser Ile Glu Phe Ser Phe Gly Ser Phe Gly Glu
 355 360 365
 20 His Val Arg Val Leu Cys Ala Arg Val Ser Arg Gly Leu Ala Ala Ala
 370 375 380
 Gly Glu Ala Ile Arg Arg Cys Phe Ser Cys Cys Lys Gly Ser Thr His
 385 390 395 400
 Arg Tyr Ala Pro Arg Asp Asp Leu Ser Pro Glu Gly Ala Ser Leu Ala
 25 405 410 415

Glu Thr Leu Ala Arg Phe Ala Asp Asp Met Gly Ile Glu Arg Gly Ala
420 425 430
Asp Gly Thr Tyr Asp Ile Pro Leu Val Asp Asp Trp Arg Arg Gly Val
435 440 445
5 Pro Ser Ile Glu Gly Glu Gly Ser Asp Ser Ile Tyr Glu Ile Met Met
450 455 460
Pro Ile Tyr Glu Val Met Asn Met Asp Leu Glu Thr Arg Arg Ser Phe
465 470 475 480
Ala Val Gln Gln Gly His Tyr Gln Asp Pro Arg Ala Ser Asp Tyr Asp
10 485 490 495
Leu Pro Arg Ala Ser Asp Tyr Asp Leu Pro Arg Ser Pro Tyr Pro Thr
500 505 510
Pro Pro Leu Pro Pro Arg Tyr Gln Leu Gln Asn Met Asp Val Glu Ala
515 520 525
15 Gly Phe Arg Glu Ala Val Tyr Ala Ser Phe Val Ala Gly Met Tyr Asn
530 535 540
Tyr Val Val Thr Gln Pro Gln Glu Arg Ile Pro Asn Ser Gln Gln Val
545 550 555 560
Glu Gly Ile Leu Arg Asp Met Leu Thr Asn Gly Ser Gln Thr Phe Arg
20 565 570 575
Asp Leu Met Lys Arg Trp Asn Arg Glu Val Asp Arg Glu
580 585

<210> 113
25 <211> 1770

<212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 113

	atgagcatca	ggggagtagg	aggcaacggg	aatagtcgaa	tcccttctca	taatggggat	60
5	ggatcgaatc	gcagaagtca	aaatacgaag	aataaagttg	aagatcgagt	tcgttctctc	120
	tattcatctc	gtagtaacga	aaatagagaa	tctccttatg	cagtagtaga	cgtcagctct	180
	atgatcgaga	gcacccaac	gagtggagag	acgacaagag	cttcgcgtgg	agtattcagt	240
	cgtttccaaa	gaggtttagg	acgagtagct	gacaaagtaa	gacgagctgt	tcagcgtgcg	300
	tggagttcag	tctctataag	aagatcgtct	gcaacaagag	cgcagaatc	cagatcaagt	360
10	agtcgtactg	ctcgtggtgc	aagttctggg	tatagggagt	attctccttc	agcagctaga	420
	gggctgcgtc	ttatgttcac	agatttctgg	agaactcggg	ttttacgcca	gacctctcct	480
	atggctggag	tttttgggaa	tcttgatgtg	aacgaggctc	gtttgatggc	tgcgtacaca	540
	agtgagtgcg	cggatcattt	agaagcgaag	gagttggctg	gccctgacgg	ggtagcggcc	600
	gcccgggaaa	ttgctaaaag	atgggagaaa	agagttagag	atctacaaga	taaaggtgct	660
15	gcacgaaaat	tattaaatga	tccttttaggc	cgacgaacac	ctaattatca	gagcaaaaat	720
	ccaggtgagt	atactgtagg	gaattccatg	ttttacgatg	gtcctcaggt	agcgaatctc	780
	cagaacgtcg	acactggttt	ttggctggac	atgagcaatc	tctcagacgt	tgtattatcc	840
	agagagattc	aaacaggact	tcgagcacga	gctactttgg	aagaatccat	gccgatgtta	900
	gagaatttag	aagagcgttt	tagacgtttg	caagaaactt	gtgatgcggc	tcgtactgag	960
20	atagaagaat	cgggatggac	tcgagagtcc	gcatcaagaa	tggaaggcga	tgaggcgcaa	1020
	ggaccttcta	gagcacaaca	agcttttcag	agctttgtaa	atgaatgtaa	cagcatcgag	1080
	ttctcatttg	ggagctttgg	agagcatgtg	cgagttctct	gcgctagagt	atcacgagga	1140
	ttagctgccg	caggagaggc	gattcgccgt	tgcttctctt	gttgtaaagg	atcgacgc	1200
	cgctacgctc	ctcgcgatga	cctatctcct	gaaggtgcat	cgttagcaga	gactttggct	1260
25	agattcgcag	atgatatggg	aatagagcga	ggtgctgatg	gaacctacga	tattcctttg	1320

	gtagatgatt ggagaagagg ggttcctagt attgaaggag aaggatctga ctcgatctat	1380
	gaaatcatga tgcctatcta tgaagttatg aatatggatc tagaaacacg aagatctttt	1440
	gcggtacagc aagggcacta tcaggacca agagcttcag attatgacct cccacgtgct	1500
	agcgactatg atttgcctag aagcccatat cctactccac ctttgcctcc tagatatcag	1560
5	ctacagaata tggatgtaga agcagggttc cgtgaggcag tttatgcttc ttttgtagca	1620
	ggaatgtaca attatgtagt gacacagccg caagagcgta ttcccaatag tcagcagggtg	1680
	gaagagattc tgcgtgatat gcttaccaac gggtcacaga catttagaga cctgatgaag	1740
	cgttggaata gagaagtcga tagggaataa	1770
10	<210> 114	
	<211> 589	
	<212> PRT	
	<213> Chlamydia trachomatis	
15	<400> 114	
	Met Ser Ile Arg Gly Val Gly Gly Asn Gly Asn Ser Arg Ile Pro Ser	
	1 5 10 15	
	His Asn Gly Asp Gly Ser Asn Arg Arg Ser Gln Asn Thr Lys Asn Lys	
	20 25 30	
20	Val Glu Asp Arg Val Arg Ser Leu Tyr Ser Ser Arg Ser Asn Glu Asn	
	35 40 45	
	Arg Glu Ser Pro Tyr Ala Val Val Asp Val Ser Ser Met Ile Glu Ser	
	50 55 60	
	Thr Pro Thr Ser Gly Glu Thr Thr Arg Ala Ser Arg Gly Val Phe Ser	
25	65 70 75 80	

Arg Phe Gln Arg Gly Leu Gly Arg Val Ala Asp Lys Val Arg Arg Ala
 85 90 95
 Val Gln Arg Ala Trp Ser Ser Val Ser Ile Arg Arg Ser Ser Ala Thr
 5 100 105 110
 Arg Ala Ala Glu Ser Arg Ser Ser Ser Arg Thr Ala Arg Gly Ala Ser
 115 120 125
 Ser Gly Tyr Arg Glu Tyr Ser Pro Ser Ala Ala Arg Gly Leu Arg Leu
 130 135 140
 10 Met Phe Thr Asp Phe Trp Arg Thr Arg Val Leu Arg Gln Thr Ser Pro
 145 150 155 160
 Met Ala Gly Val Phe Gly Asn Leu Asp Val Asn Glu Ala Arg Leu Met
 165 170 175
 Ala Ala Tyr Thr Ser Glu Cys Ala Asp His Leu Glu Ala Lys Glu Leu
 15 180 185 190
 Ala Gly Pro Asp Gly Val Ala Ala Ala Arg Glu Ile Ala Lys Arg Trp
 195 200 205
 Glu Lys Arg Val Arg Asp Leu Gln Asp Lys Gly Ala Ala Arg Lys Leu
 210 215 220
 20 Leu Asn Asp Pro Leu Gly Arg Arg Thr Pro Asn Tyr Gln Ser Lys Asn
 225 230 235 240
 Pro Gly Glu Tyr Thr Val Gly Asn Ser Met Phe Tyr Asp Gly Pro Gln
 245 250 255
 Val Ala Asn Leu Gln Asn Val Asp Thr Gly Phe Trp Leu Asp Met Ser
 25 260 265 270

	Asn	Leu	Ser	Asp	Val	Val	Leu	Ser	Arg	Glu	Ile	Gln	Thr	Gly	Leu	Arg
	275							280							285	
	Ala	Arg	Ala	Thr	Leu	Glu	Glu	Ser	Met	Pro	Met	Leu	Glu	Asn	Leu	Glu
5	290							295							300	
	Glu	Arg	Phe	Arg	Arg	Leu	Gln	Glu	Thr	Cys	Asp	Ala	Ala	Arg	Thr	Glu
	305						310					315			320	
	Ile	Glu	Glu	Ser	Gly	Trp	Thr	Arg	Glu	Ser	Ala	Ser	Arg	Met	Glu	Gly
					325					330					335	
10	Asp	Glu	Ala	Gln	Gly	Pro	Ser	Arg	Ala	Gln	Gln	Ala	Phe	Gln	Ser	Phe
					340					345					350	
	Val	Asn	Glu	Cys	Asn	Ser	Ile	Glu	Phe	Ser	Phe	Gly	Ser	Phe	Gly	Glu
					355					360					365	
	His	Val	Arg	Val	Leu	Cys	Ala	Arg	Val	Ser	Arg	Gly	Leu	Ala	Ala	Ala
15	370							375							380	
	Gly	Glu	Ala	Ile	Arg	Arg	Cys	Phe	Ser	Cys	Cys	Lys	Gly	Ser	Thr	His
	385					390					395				400	
	Arg	Tyr	Ala	Pro	Arg	Asp	Asp	Leu	Ser	Pro	Glu	Gly	Ala	Ser	Leu	Ala
					405						410				415	
20	Glu	Thr	Leu	Ala	Arg	Phe	Ala	Asp	Asp	Met	Gly	Ile	Glu	Arg	Gly	Ala
					420						425				430	
	Asp	Gly	Thr	Tyr	Asp	Ile	Pro	Leu	Val	Asp	Asp	Trp	Arg	Arg	Gly	Val
					435						440				445	
	Pro	Ser	Ile	Glu	Gly	Glu	Gly	Ser	Asp	Ser	Ile	Tyr	Glu	Ile	Met	Met
25	450							455							460	

	Pro	Ile	Tyr	Glu	Val	Met	Asn	Met	Asp	Leu	Glu	Thr	Arg	Arg	Ser	Phe
	465					470					475					480
	Ala	Val	Gln	Gln	Gly	His	Tyr	Gln	Asp	Pro	Arg	Ala	Ser	Asp	Tyr	Asp
					485					490					495	
5	Leu	Pro	Arg	Ala	Ser	Asp	Tyr	Asp	Leu	Pro	Arg	Ser	Pro	Tyr	Pro	Thr
				500					505					510		
	Pro	Pro	Leu	Pro	Pro	Arg	Tyr	Gln	Leu	Gln	Asn	Met	Asp	Val	Glu	Ala
				515				520					525			
	Gly	Phe	Arg	Glu	Ala	Val	Tyr	Ala	Ser	Phe	Val	Ala	Gly	Met	Tyr	Asn
10		530					535				540					
	Tyr	Val	Val	Thr	Gln	Pro	Gln	Glu	Arg	Ile	Pro	Asn	Ser	Gln	Gln	Val
	545					550					555					560
	Glu	Glu	Ile	Leu	Arg	Asp	Met	Leu	Thr	Asn	Gly	Ser	Gln	Thr	Phe	Arg
					565					570					575	
15	Asp	Leu	Met	Lys	Arg	Trp	Asn	Arg	Glu	Val	Asp	Arg	Glu			
				580					585							

	<210>	115		
	<211>	1776		
20	<212>	ADN		
	<213>	<i>Chlamydia trachomatis</i>		
	<400>	115		
	atgagcatca	ggggagtagg	aggcaacggg	aatagtcgaa tcccttctca taatggggat 60
	ggatcgaatc	gcagaagtca	aaatacgaag	ggtaataata aagttgaaga tcgagtttgt 120
25	tctctatatt	catctcgtag	taacgaaaat	agagaatctc cttatgcagt agtagacgtc 180

	agctctatga tcgagagcac cccaacgagt ggagagacga caagagcttc gcgtggagtg	240
	ttcagtcggt tccaaagagg tttagtagca gtagctgaca aagtaagacg agctgttcag	300
	tgtgcgtgga gttcagtctc tacaagaaga tcgtctgcaa caagagccgc agaatccgga	360
	tcaagtagtc gtactgctcg tggtgcaagt tctgggtata gggagtattc tccttcagca	420
5	gctagagggc tgcgtcttat gttcacagat ttctggagaa ctcggtttt acgccagacc	480
	tctcctatgg ctggagtttt tgggaatctt gatgtgaacg aggctcgttt gatggctgcg	540
	tacacaagtg agtgcgcgga tcatttagaa gcgaacaagt tggctggccc tgacggggta	600
	gcggccgccc gggaaattgc taaaagatgg gagcaaagag ttagagatct acaagataaa	660
	ggtgctgcac gaaaattatt aaatgatcct ttaggccgac gaacacctaa ttatcagagc	720
10	aaaaatccag gtgagtatac tgtagggaat tccatgtttt acgatgggcc tcaggtagcg	780
	aatctccaga acgtcgacac tggtttttgg ctggacatga gcaatctctc agacgttgta	840
	ttatccagag agattcaaac aggacttcga gcacgagcta ctttggaaga atccatgccg	900
	atgttagaga atttagaaga gcgtttttaga cgtttgcaag aaacttgtaga tgcggctcgt	960
	actgagatag aagaatcggg atggactcga gagtccgcat caagaatgga aggcgatgag	1020
15	gcgcaaggac cttctagagc acaacaagct tttcagagct ttgtaaatga atgtaacagc	1080
	atcgagttct catttgggag ctttggagag catgtgcgag ttctctgcgc tagagtatca	1140
	cgaggattag ctgccgcagg agaggcgatt cgccgttgct tctcttggtg taaaggatcg	1200
	acgcatcgct acgctcctcg cgatgaccta tctcctgaag gtgcatcggt agcagagact	1260
	ttggctagat tcgcagatga tatgggaata gagcgaggtg ctgatggaac ctacgatatt	1320
20	cctttggtag atgattggag aagaggggtt cctagtattg aaggagaagg atctgactcg	1380
	atctatgaaa tcatgatgcc tatctatgaa gttatggata tggatctaga aacacgaaga	1440
	tcttttgcgg tacagcaagg gcactatcag gaccaagag cttcagatta tgacctcca	1500
	cgtgctagcg actatgattt gcctagaagc ccatatccta ctccaccttt gcctcctaga	1560
	tatcagctac agaatatgga tgtagaagca gggttccgtg aggcagttta tgcttctttt	1620
25	gtagcaggaa tgtacaatta tgtagtgaca cagccgcaag agcgtattcc caatagtcag	1680

caggtggaag ggattctgcg tgatatgctt accaacgggt cacagacatt tagagacctg 1740
atgaggcggt ggaatagaga agtcgatagg gaataa 1776

<210> 116

5 <211> 591

<212> PRT

<213> Chlamydia trachomatis

<400> 116

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

	Ala	Ser	Ser	Gly	Tyr	Arg	Glu	Tyr	Ser	Pro	Ser	Ala	Ala	Arg	Gly	Leu
	130						135								140	
	Arg	Leu	Met	Phe	Thr	Asp	Phe	Trp	Arg	Thr	Arg	Val	Leu	Arg	Gln	Thr
5	145					150					155				160	
	Ser	Pro	Met	Ala	Gly	Val	Phe	Gly	Asn	Leu	Asp	Val	Asn	Glu	Ala	Arg
					165					170				175		
	Leu	Met	Ala	Ala	Tyr	Thr	Ser	Glu	Cys	Ala	Asp	His	Leu	Glu	Ala	Asn
				180					185				190			
10	Lys	Leu	Ala	Gly	Pro	Asp	Gly	Val	Ala	Ala	Ala	Arg	Glu	Ile	Ala	Lys
			195				200					205				
	Arg	Trp	Glu	Gln	Arg	Val	Arg	Asp	Leu	Gln	Asp	Lys	Gly	Ala	Ala	Arg
		210				215					220					
	Lys	Leu	Leu	Asn	Asp	Pro	Leu	Gly	Arg	Arg	Thr	Pro	Asn	Tyr	Gln	Ser
15	225				230					235				240		
	Lys	Asn	Pro	Gly	Glu	Tyr	Thr	Val	Gly	Asn	Ser	Met	Phe	Tyr	Asp	Gly
				245					250				255			
	Pro	Gln	Val	Ala	Asn	Leu	Gln	Asn	Val	Asp	Thr	Gly	Phe	Trp	Leu	Asp
			260				265					270				
20	Met	Ser	Asn	Leu	Ser	Asp	Val	Val	Leu	Ser	Arg	Glu	Ile	Gln	Thr	Gly
			275				280					285				
	Leu	Arg	Ala	Arg	Ala	Thr	Leu	Glu	Glu	Ser	Met	Pro	Met	Leu	Glu	Asn
		290				295					300					
	Leu	Glu	Glu	Arg	Phe	Arg	Arg	Leu	Gln	Glu	Thr	Cys	Asp	Ala	Ala	Arg
25	305				310					315				320		

	Thr	Glu	Ile	Glu	Glu	Ser	Gly	Trp	Thr	Arg	Glu	Ser	Ala	Ser	Arg	Met	
							325						330				335
	Glu	Gly	Asp	Glu	Ala	Gln	Gly	Pro	Ser	Arg	Ala	Gln	Gln	Ala	Phe	Gln	
5							340						345				350
	Ser	Phe	Val	Asn	Glu	Cys	Asn	Ser	Ile	Glu	Phe	Ser	Phe	Gly	Ser	Phe	
							355						360				365
	Gly	Glu	His	Val	Arg	Val	Leu	Cys	Ala	Arg	Val	Ser	Arg	Gly	Leu	Ala	
							370						375				380
10	Ala	Ala	Gly	Glu	Ala	Ile	Arg	Arg	Cys	Phe	Ser	Cys	Cys	Lys	Gly	Ser	
							385						390				395
	Thr	His	Arg	Tyr	Ala	Pro	Arg	Asp	Asp	Leu	Ser	Pro	Glu	Gly	Ala	Ser	
							405						410				415
	Leu	Ala	Glu	Thr	Leu	Ala	Arg	Phe	Ala	Asp	Asp	Met	Gly	Ile	Glu	Arg	
15							420						425				430
	Gly	Ala	Asp	Gly	Thr	Tyr	Asp	Ile	Pro	Leu	Val	Asp	Asp	Trp	Arg	Arg	
							435						440				445
	Gly	Val	Pro	Ser	Ile	Glu	Gly	Glu	Gly	Ser	Asp	Ser	Ile	Tyr	Glu	Ile	
							450						455				460
20	Met	Met	Pro	Ile	Tyr	Glu	Val	Met	Asp	Met	Asp	Leu	Glu	Thr	Arg	Arg	
							465						470				475
	Ser	Phe	Ala	Val	Gln	Gln	Gly	His	Tyr	Gln	Asp	Pro	Arg	Ala	Ser	Asp	
							485						490				495
	Tyr	Asp	Leu	Pro	Arg	Ala	Ser	Asp	Tyr	Asp	Leu	Pro	Arg	Ser	Pro	Tyr	
25							500						505				510

Pro Thr Pro Pro Leu Pro Pro Arg Tyr Gln Leu Gln Asn Met Asp Val
515 520 525
Glu Ala Gly Phe Arg Glu Ala Val Tyr Ala Ser Phe Val Ala Gly Met
530 535 540
5 Tyr Asn Tyr Val Val Thr Gln Pro Gln Glu Arg Ile Pro Asn Ser Gln
545 550 555 560
Gln Val Glu Gly Ile Leu Arg Asp Met Leu Thr Asn Gly Ser Gln Thr
565 570 575
Phe Arg Asp Leu Met Arg Arg Trp Asn Arg Glu Val Asp Arg Glu
10 580 585 590
<210> 117
<211> 1776
<212> ADN
15 <213> *Chlamydia trachomatis*
<400> 117
atgagcatca ggggagtagg aggcaacggg aatagtcgaa tcccttctca taatggggat 60
ggatcgaatc gcagaagtca aaatacgaag ggtaataata aagttgaaga tcgagtttgt 120
tctctatatt catctcgtag taacgaaaat agagaatctc cttatgcagt agtagacgtc 180
20 agctctatga tcgagagcac cccaacgagt ggagagacga caagagcttc gcgtggagtg 240
ttcagtcggt tccaaagagg tttagtagca gtagctgaca aagtaagacg agctgttcag 300
tgtgctgga gttcagtctc tacaagaaga tcgtctgcaa caagagccgc agaatccgga 360
tcaagtagtc gtactgctcg tggtgcaagt tctgggtata gggagtattc tccttcagca 420
gctagagggc tgcgtcttat gttcacagat ttctggagaa ctcggtttt acgccagacc 480
25 tctcctatgg ctggagtttt tgggaatctt gatgtgaacg aggctcgttt gatggctgcg 540

	tacacaagtg agtgcgcgga tcatttagaa gcgaacaagt tggctggccc tgacggggta	600
	gcggccgccc gggaaattgc taaaagatgg gagcaaagag ttagagatct acaagataaa	660
	ggtgctgcac gaaaattatt aaatgatcct ttaggccgac gaacacctaa ttatcagagc	720
	aaaaatccag gtgagtatac tgtagggaat tccatgtttt acgatgggtcc tcaggtagcg	780
5	aatctccaga acgtcgacac tggtttttgg ctggacatga gcaatctctc agacgttgta	840
	ttatccagag agattcaaac aggacttcga gcacgagcta ctttggaaga atccatgccg	900
	atgttagaga atttagaaga gcgtttttaga cgtttgcaag aaacttgtga tgcggctcgt	960
	actgagatag aagaatcggg atggactcga gagtccgcat caagaatgga aggcgatgag	1020
	gcgcaaggac cttctagagc acaacaagct tttcagagct ttgtaaatga atgtaacagc	1080
10	atcgagttct catttgggag ctttggagag catgtgcgag ttctctgcgc tagagtatca	1140
	cgaggattag ctgccgcagg agaggcgatt cgccgttgct tctcttggtg taaaggatcg	1200
	acgcatcgct acgctcctcg cgatgaccta tctcctgaag gtgcatcggt agcagagact	1260
	ttggctagat tcgcagatga tatgggaata gagcgaggtg ctgatggaac ctacgatatt	1320
	cctttggtag atgattggag aagagggggt cctagtattg aaggagaagg atctgactcg	1380
15	atctatgaaa tcatgatgcc tatctatgaa gttatggata tggatctaga aacacgaaga	1440
	tcttttgcgg tacagcaagg gcactatcag gaccaagag cttcagatta tgacctcca	1500
	cgtgctagcg actatgattt gcctagaagc ccatatccta ctccaccttt gcctcctaga	1560
	tatcagctac agaatatgga tgtagaagca gggttccgtg aggcagttta tgcttctttt	1620
	gtagcaggaa tgtataatta tgtagtgaca cagccgcaag agcgtattcc caatagtcag	1680
20	caggtggaag ggattctgcg tgatatgctt accaacgggt cacagacatt tagagacctg	1740
	atgaagcggt ggaatagaga agtcgatagg gaataa	1776

<210> 118

<211> 591

25 <212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 118

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

Leu Met Ala Ala Tyr Thr Ser Glu Cys Ala Asp His Leu Glu Ala Asn
 180 185 190
 Lys Leu Ala Gly Pro Asp Gly Val Ala Ala Ala Arg Glu Ile Ala Lys
 5 195 200 205
 Arg Trp Glu Gln Arg Val Arg Asp Leu Gln Asp Lys Gly Ala Ala Arg
 210 215 220
 Lys Leu Leu Asn Asp Pro Leu Gly Arg Arg Thr Pro Asn Tyr Gln Ser
 225 230 235 240
 10 Lys Asn Pro Gly Glu Tyr Thr Val Gly Asn Ser Met Phe Tyr Asp Gly
 245 250 255
 Pro Gln Val Ala Asn Leu Gln Asn Val Asp Thr Gly Phe Trp Leu Asp
 260 265 270
 Met Ser Asn Leu Ser Asp Val Val Leu Ser Arg Glu Ile Gln Thr Gly
 15 275 280 285
 Leu Arg Ala Arg Ala Thr Leu Glu Glu Ser Met Pro Met Leu Glu Asn
 290 295 300
 Leu Glu Glu Arg Phe Arg Arg Leu Gln Glu Thr Cys Asp Ala Ala Arg
 305 310 315 320
 20 Thr Glu Ile Glu Glu Ser Gly Trp Thr Arg Glu Ser Ala Ser Arg Met
 325 330 335
 Glu Gly Asp Glu Ala Gln Gly Pro Ser Arg Ala Gln Gln Ala Phe Gln
 340 345 350
 Ser Phe Val Asn Glu Cys Asn Ser Ile Glu Phe Ser Phe Gly Ser Phe
 25 355 360 365

	Gly	Glu	His	Val	Arg	Val	Leu	Cys	Ala	Arg	Val	Ser	Arg	Gly	Leu	Ala
	370						375							380		
	Ala	Ala	Gly	Glu	Ala	Ile	Arg	Arg	Cys	Phe	Ser	Cys	Cys	Lys	Gly	Ser
5	385					390					395				400	
	Thr	His	Arg	Tyr	Ala	Pro	Arg	Asp	Asp	Leu	Ser	Pro	Glu	Gly	Ala	Ser
					405					410					415	
	Leu	Ala	Glu	Thr	Leu	Ala	Arg	Phe	Ala	Asp	Asp	Met	Gly	Ile	Glu	Arg
				420					425					430		
10	Gly	Ala	Asp	Gly	Thr	Tyr	Asp	Ile	Pro	Leu	Val	Asp	Asp	Trp	Arg	Arg
			435					440						445		
	Gly	Val	Pro	Ser	Ile	Glu	Gly	Glu	Gly	Ser	Asp	Ser	Ile	Tyr	Glu	Ile
			450					455						460		
	Met	Met	Pro	Ile	Tyr	Glu	Val	Met	Asp	Met	Asp	Leu	Glu	Thr	Arg	Arg
15	465					470					475				480	
	Ser	Phe	Ala	Val	Gln	Gln	Gly	His	Tyr	Gln	Asp	Pro	Arg	Ala	Ser	Asp
					485					490					495	
	Tyr	Asp	Leu	Pro	Arg	Ala	Ser	Asp	Tyr	Asp	Leu	Pro	Arg	Ser	Pro	Tyr
				500					505					510		
20	Pro	Thr	Pro	Pro	Leu	Pro	Pro	Arg	Tyr	Gln	Leu	Gln	Asn	Met	Asp	Val
				515					520					525		
	Glu	Ala	Gly	Phe	Arg	Glu	Ala	Val	Tyr	Ala	Ser	Phe	Val	Ala	Gly	Met
				530					535					540		
	Tyr	Asn	Tyr	Val	Val	Thr	Gln	Pro	Gln	Glu	Arg	Ile	Pro	Asn	Ser	Gln
25	545					550					555				560	

Gln Val Glu Gly Ile Leu Arg Asp Met Leu Thr Asn Gly Ser Gln Thr

565

570

575

Phe Arg Asp Leu Met Lys Arg Trp Asn Arg Glu Val Asp Arg Glu

580

585

590

5

<210> 119

<211> 1776

<212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

10

<400> 119

atgagcatca ggggagtagg aggcaacggg aatagtcgaa tcccttctca taatggggat 60

ggatcgaatc gcagaagtca aaatacgaag ggtaataata aagttgaaga tcgagtttgt 120

tctctatatt catctcgtag taacgaaaat agagaatctc cttatgcagt agtagacgtc 180

agctctatga tcgagagcac cccaacgagt ggagagacga caagagcttc gcgtggagtg 240

15

ttcagtcgtt tccaaagagg tttagtagca gtagctgaca aagtaagacg agctgttcag 300

tgtgcgtgga gttcagtctc tacaagaaga tcgtctgcaa caagagccgc agaatccgga 360

tcaagtagtc gtactgctcg tggcgcaagt tctgggtata gggagtattc tccttcagca 420

gctagagggc tgcgtcttat gttcacagat ttctggagaa ctcggtttt acgccagacc 480

tctcctatgg ctggagtttt tgggaatctt gatgtgaacg aggctcgttt gatggctgcg 540

20

tacacaagtg agtgcgcgga tcatttagaa gcgaacaagt tggctggccc tgacggggta 600

gcggccgccc gggaaattgc taaaagatgg gagcaaagag ttagagatct acaagataaa 660

gggtgctgcac gaaaattatt aaatgatcct ttaggccgac gaacacctaa ttatcagagc 720

aaaaatccag gtgagtatac tgtagggaat tccatgtttt acgatgggtcc tcaggtagcg 780

aatctccaga acgtcgacac tgggtttttgg ctggacatga gcaatctctc agacgttgta 840

25

ttatccagag agattcaaac aggacttcga gcacgagcta ctttggaaga atccatgccg 900

atggttagaga atttagaaga gcgttttaga cgtttgcaag aaacttgtga tgcggctcgt 960
actgagatag aagaatcggg atggactcga gagtccgcat caagaatgga aggcgatgag 1020
gcgcaaggac cttctagagc acaacaagct tttcagagct ttgtaaatga atgtaacagc 1080
atcgagttct catttgggag ctttggagag catgtgcgag ttctctgcgc tagagtatca 1140
5 cgaggattag ctgccgcagg agaggcgatt cgccgttgct tctcttgttg taaaggatcg 1200
acgcatcgct acgctcctcg cgatgaccta tctcctgaag gtgcatcggt agcagagact 1260
ttggctagat tcgcagatga tatgggaata gagcgagggtg ctgatggaac ctacgatatt 1320
cctttggtag atgattggag aagagggggt cctagtattg aaggagaagg atctgactcg 1380
atctatgaaa tcatgatgcc tatctatgaa gttatggata tggatctaga aacacgaaga 1440
10 tcttttgcgg tacagcaagg gcactatcag gaccaagag cttcagatta tgacctocca 1500
cgtgctagcg actatgattt gcctagaagc ccatatccta ctccaccttt gcctcctaga 1560
tatcagctac agaatatgga tgtagaagca gggttccgtg aggcagttta tgcttctttt 1620
gtagcaggaa tgtacaatta tgtagtgaca cagccgcaag agcgtattcc caatagtcag 1680
caggtggaag ggattctgcg tgatatgctt accaacgggt cacagacatt tagagacctg 1740
15 atgaggcggt ggaatagaga agtcgatagg gaataa 1776

<210> 120
<211> 591
<212> PRT
20 <213> Chlamydia trachomatis
<400> 120
Met Ser Ile Arg Gly Val Gly Gly Asn Gly Asn Ser Arg Ile Pro Ser
1 5 10 15
His Asn Gly Asp Gly Ser Asn Arg Arg Ser Gln Asn Thr Lys Gly Asn
25 20 25 30

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

Lys Leu Leu Asn Asp Pro Leu Gly Arg Arg Thr Pro Asn Tyr Gln Ser
 225 230 235 240
 Lys Asn Pro Gly Glu Tyr Thr Val Gly Asn Ser Met Phe Tyr Asp Gly
 5 245 250 255
 Pro Gln Val Ala Asn Leu Gln Asn Val Asp Thr Gly Phe Trp Leu Asp
 260 265 270
 Met Ser Asn Leu Ser Asp Val Val Leu Ser Arg Glu Ile Gln Thr Gly
 275 280 285
 10 Leu Arg Ala Arg Ala Thr Leu Glu Glu Ser Met Pro Met Leu Glu Asn
 290 295 300
 Leu Glu Glu Arg Phe Arg Arg Leu Gln Glu Thr Cys Asp Ala Ala Arg
 305 310 315 320
 Thr Glu Ile Glu Glu Ser Gly Trp Thr Arg Glu Ser Ala Ser Arg Met
 15 325 330 335
 Glu Gly Asp Glu Ala Gln Gly Pro Ser Arg Ala Gln Gln Ala Phe Gln
 340 345 350
 Ser Phe Val Asn Glu Cys Asn Ser Ile Glu Phe Ser Phe Gly Ser Phe
 355 360 365
 20 Gly Glu His Val Arg Val Leu Cys Ala Arg Val Ser Arg Gly Leu Ala
 370 375 380
 Ala Ala Gly Glu Ala Ile Arg Arg Cys Phe Ser Cys Cys Lys Gly Ser
 385 390 395 400
 Thr His Arg Tyr Ala Pro Arg Asp Asp Leu Ser Pro Glu Gly Ala Ser
 25 405 410 415

Leu Ala Glu Thr Leu Ala Arg Phe Ala Asp Asp Met Gly Ile Glu Arg
 420 425 430
 Gly Ala Asp Gly Thr Tyr Asp Ile Pro Leu Val Asp Asp Trp Arg Arg
 435 440 445
 5 Gly Val Pro Ser Ile Glu Gly Glu Gly Ser Asp Ser Ile Tyr Glu Ile
 450 455 460
 Met Met Pro Ile Tyr Glu Val Met Asp Met Asp Leu Glu Thr Arg Arg
 465 470 475 480
 Ser Phe Ala Val Gln Gln Gly His Tyr Gln Asp Pro Arg Ala Ser Asp
 10 485 490 495
 Tyr Asp Leu Pro Arg Ala Ser Asp Tyr Asp Leu Pro Arg Ser Pro Tyr
 500 505 510
 Pro Thr Pro Pro Leu Pro Pro Arg Tyr Gln Leu Gln Asn Met Asp Val
 515 520 525
 15 Glu Ala Gly Phe Arg Glu Ala Val Tyr Ala Ser Phe Val Ala Gly Met
 530 535 540
 Tyr Asn Tyr Val Val Thr Gln Pro Gln Glu Arg Ile Pro Asn Ser Gln
 545 550 555 560
 Gln Val Glu Gly Ile Leu Arg Asp Met Leu Thr Asn Gly Ser Gln Thr
 20 565 570 575
 Phe Arg Asp Leu Met Arg Arg Trp Asn Arg Glu Val Asp Arg Glu
 580 585 590

 <210> 121
 25 <211> 1773

<212> ADN

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 121

	atgagcatca	ggggagtagg	aggcaacggg	aatagtcgaa	tcccttctca	taatggggat	60
5	ggatcgaatc	gcagaagtca	aaatacgaag	ggtaataata	aagttgaaga	tcgagttcat	120
	tctctatatt	catctcttag	taacgaaaat	agagaatctc	cttatccagt	agtagacgtc	180
	agctctatga	tcgagagcac	cccaacgagt	ggagagacgc	caagagcttc	gcgtggagtg	240
	ttcagtcggt	tccaaagagg	tttaggacga	gtagctgaca	aagtaagacg	agctgttcag	300
	tgtgcggtgg	gttcagtctc	tacaagaaga	tcgtctgcaa	caagagccgt	agaatccgga	360
10	tcaagtagtc	gtactgctcg	tggtgcaagt	tctgggaggg	agtattctcc	ttcagcagct	420
	agagggctgc	gtcttatgtt	cacagatttc	tggagaactc	gggttttacg	ccagacctct	480
	cctatggatg	tagtttttgg	gaatcttgat	gtgaacgagg	ctcgtttgat	ggctgcttac	540
	acaagtgagt	gcgcggatta	tttagaagcg	cacgatttgg	ctggccctga	cggggtagcg	600
	gccgcccggg	aaattgctca	aagatgggag	aaaagagtta	gagatctaca	agataaaggt	660
15	gctgcacaaa	aattattaaa	tgatccttta	ggccgacgaa	cacctaatta	tcagagcaaa	720
	aatccaggtg	agtatactgt	agggaattcc	atgttttacg	atggtcctca	ggtagcgaat	780
	ctccagaacg	tcgacactgg	tttttggtcg	gacatgagca	atttctcaga	cgttgtatta	840
	tccagagaga	ttcaaacagg	gcttcgagca	cgagctactt	tggaagaatc	catgccgatg	900
	ttagagaatt	tagaagagcg	ttttagacgt	ttgcaagaaa	cttgtgatgc	ggctcgtagt	960
20	gagatagaag	aatcgggatg	gactcgagag	tccgcatcaa	gaatgggagg	cgatgagacg	1020
	caaggacctt	ctagagcaca	acaagctttt	cagagctttg	taaatgaatg	taatagcatc	1080
	gagttctcat	ttgggagctt	tggagagcat	gtgcgagttc	tctgcgctag	agtatcacga	1140
	ggattagtgt	ccgcaggaga	ggcgattcgc	cgttgcttct	cttgttgtaa	aggatcgacg	1200
	catcgctacg	ctcctcgcg	tgacctatct	cctgaagggtg	catcgtttagc	agagactttg	1260
25	gctagattcg	cagatgatat	gggaatagag	caaggtgctg	atggaaccta	cgatattcct	1320

tgggtagatg attggagaag aggggttcct agtattgaag gagaaggatc tgactcgatc 1380
 tatgaaatca tgatgcctat ctatgaagtt atgaatatgg atctagaaac acgaagatct 1440
 tttgcggtac agcaagggca ctatcaggac ccaagagctt cagattatga cctcccacgt 1500
 gctagcgact atgatttgcc tagaagccca tatectactc cacctttgcc ttctagatat 1560
 5 cagctacaga atatggatgt agaagcaggg ttccgtgagg cagtttatgc ttcttttgta 1620
 gcaggaatgt acaattatgt agtgacacag ccgcaagagc gtattcccaa tagtcagcag 1680
 gtggaaggga ttctgcgtga tatgcttacc aacgggtcac agacatttag cgacctgatg 1740
 aagcgttggg atagagaagt cgatagggaa taa 1773

10 <210> 122
 <211> 590
 <212> PRT
 <213> *Chlamydia trachomatis*

15 <400> 122
 Met Ser Ile Arg Gly Val Gly Gly Asn Gly Asn Ser Arg Ile Pro Ser
 1 5 10 15
 His Asn Gly Asp Gly Ser Asn Arg Arg Ser Gln Asn Thr Lys Gly Asn
 20 25 30
 20 Asn Lys Val Glu Asp Arg Val His Ser Leu Tyr Ser Ser Leu Ser Asn
 35 40 45
 Glu Asn Arg Glu Ser Pro Tyr Pro Val Val Asp Val Ser Ser Met Ile
 50 55 60
 Glu Ser Thr Pro Thr Ser Gly Glu Thr Pro Arg Ala Ser Arg Gly Val
 25 65 70 75 80

Phe Ser Arg Phe Gln Arg Gly Leu Gly Arg Val Ala Asp Lys Val Arg
85 90 95

Arg Ala Val Gln Cys Ala Trp Gly Ser Val Ser Thr Arg Arg Ser Ser
5 100 105 110

Ala Thr Arg Ala Val Glu Ser Gly Ser Ser Ser Arg Thr Ala Arg Gly
115 120 125

Ala Ser Ser Gly Arg Glu Tyr Ser Pro Ser Ala Ala Arg Gly Leu Arg
130 135 140

10 Leu Met Phe Thr Asp Phe Trp Arg Thr Arg Val Leu Arg Gln Thr Ser
145 150 155 160

Pro Met Asp Val Val Phe Gly Asn Leu Asp Val Asn Glu Ala Arg Leu
165 170 175

Met Ala Ala Tyr Thr Ser Glu Cys Ala Asp Tyr Leu Glu Ala His Asp
15 180 185 190

Leu Ala Gly Pro Asp Gly Val Ala Ala Ala Arg Glu Ile Ala Gln Arg
195 200 205

Trp Glu Lys Arg Val Arg Asp Leu Gln Asp Lys Gly Ala Ala Gln Lys
210 215 220

20 Leu Leu Asn Asp Pro Leu Gly Arg Arg Thr Pro Asn Tyr Gln Ser Lys
225 230 235 240

Asn Pro Gly Glu Tyr Thr Val Gly Asn Ser Met Phe Tyr Asp Gly Pro
245 250 255

Gln Val Ala Asn Leu Gln Asn Val Asp Thr Gly Phe Trp Leu Asp Met
25 260 265 270

Ser Asn Phe Ser Asp Val Val Leu Ser Arg Glu Ile Gln Thr Gly Leu
 275 280 285
 Arg Ala Arg Ala Thr Leu Glu Glu Ser Met Pro Met Leu Glu Asn Leu
 5 290 295 300
 Glu Glu Arg Phe Arg Arg Leu Gln Glu Thr Cys Asp Ala Ala Arg Thr
 305 310 315 320
 Glu Ile Glu Glu Ser Gly Trp Thr Arg Glu Ser Ala Ser Arg Met Gly
 325 330 335
 10 Gly Asp Glu Thr Gln Gly Pro Ser Arg Ala Gln Gln Ala Phe Gln Ser
 340 345 350
 Phe Val Asn Glu Cys Asn Ser Ile Glu Phe Ser Phe Gly Ser Phe Gly
 355 360 365
 Glu His Val Arg Val Leu Cys Ala Arg Val Ser Arg Gly Leu Val Ala
 15 370 375 380
 Ala Gly Glu Ala Ile Arg Arg Cys Phe Ser Cys Cys Lys Gly Ser Thr
 385 390 395 400
 His Arg Tyr Ala Pro Arg Asp Asp Leu Ser Pro Glu Gly Ala Ser Leu
 405 410 415
 20 Ala Glu Thr Leu Ala Arg Phe Ala Asp Asp Met Gly Ile Glu Gln Gly
 420 425 430
 Ala Asp Gly Thr Tyr Asp Ile Pro Trp Val Asp Asp Trp Arg Arg Gly
 435 440 445
 Val Pro Ser Ile Glu Gly Glu Gly Ser Asp Ser Ile Tyr Glu Ile Met
 25 450 455 460

	Met	Pro	Ile	Tyr	Glu	Val	Met	Asn	Met	Asp	Leu	Glu	Thr	Arg	Arg	Ser	
	465						470					475				480	
	Phe	Ala	Val	Gln	Gln	Gly	His	Tyr	Gln	Asp	Pro	Arg	Ala	Ser	Asp	Tyr	
							485					490				495	
5	Asp	Leu	Pro	Arg	Ala	Ser	Asp	Tyr	Asp	Leu	Pro	Arg	Ser	Pro	Tyr	Pro	
							500					505				510	
	Thr	Pro	Pro	Leu	Pro	Ser	Arg	Tyr	Gln	Leu	Gln	Asn	Met	Asp	Val	Glu	
							515					520				525	
	Ala	Gly	Phe	Arg	Glu	Ala	Val	Tyr	Ala	Ser	Phe	Val	Ala	Gly	Met	Tyr	
10		530						535					540				
	Asn	Tyr	Val	Val	Thr	Gln	Pro	Gln	Glu	Arg	Ile	Pro	Asn	Ser	Gln	Gln	
	545						550					555				560	
	Val	Glu	Gly	Ile	Leu	Arg	Asp	Met	Leu	Thr	Asn	Gly	Ser	Gln	Thr	Phe	
							565					570				575	
15	Ser	Asp	Leu	Met	Lys	Arg	Trp	Asp	Arg	Glu	Val	Asp	Arg	Glu			
							580					585				590	
	<210> 123																
	<211> 1776																
20	<212> ADN																
	<213> Chlamydia trachomatis																
	<400> 123																
	atgagcatca	ggggagtagg	aggcaacggg	aatagtcgaa	tcccttctca	taatggggat											60
	ggatcgaatc	gcagaagtca	aaatacgaag	ggtaataata	aagttgaaga	tcgagtttgt											120
25	tctctatatt	catctcgtag	taacgaaaat	agagaatctc	cttatgcagt	agtagacgtc											180

	agctctatga tcgagagcac cccaacgagt ggagagacga caagagcttc gcgtggagtg	240
	ttcagtcggt tccaaagagg tttagtagca gtagctgaca aagtaagacg agctgttcag	300
	tgtgcgtgga gttcagtc tacaagaaga tcgtctgcaa caagagccgc agaatccgga	360
	tcaagtagtc gtactgctcg tggtgcaagt tctgggtata gggagtattc tccttcagca	420
5	gctagagggc tgcgtcttat gttcacagat ttctggagaa ctcggtttt acgccagacc	480
	tctcctatgg ctggagtttt tgggaatctt gatgtgaacg aggctcgttt gatggctgcg	540
	tacacaagtg agtgcgcgga tcatttagaa gcgaacaagt tggctggccc tgacggggta	600
	gcggccgccc gggaaattgc taaaagatgg gagcaaagag ttagagatct acaagataaa	660
	ggtgctgcac gaaaattatt aaatgatcct ttaggccgac gaacacctaa ttatcagagc	720
10	aaaaatccag gtgagtatac tgtagggaat tccatgtttt acgatggctc tcaggtagcg	780
	aatctccaga acgtcgacac tggtttttgg ctggacatga gcaatctctc agacgttgta	840
	ttatccagag agattcaaac aggacttcga gcacgagcta ctttggaaga atccatgccg	900
	atgttagaga atttagaaga gcgtttttaga cgtttgcaag aaacttgtaga tgcggctcgt	960
	actgagatag aagaatcggg atggactcga gagtccgcat caagaatgga aggcgatgag	1020
15	gcgcaaggac cttctagagc acaacaagct tttcagagct ttgtaaatga atgtaacagc	1080
	atcgagttct catttgggag ctttggagag catgtgcgag ttctctgcgc tagagtatca	1140
	cgaggattag ctgccgcagg agaggcgatt cgccgttgct tctcttggtg taaaggatcg	1200
	acgcatcgct acgctcctcg cgatgaccta tctcctgaag gtgcatcggt agcagagact	1260
	ttggctagat tcgcagatga tatgggaata gagcgaggtg ctgatggaac ctacgatatt	1320
20	cctttggtag atgattggag aagaggggtt cctagtattg aaggagaagg atctgactcg	1380
	atctatgaaa tcatgatgcc tatctatgaa gttatggata tggatctaga aacacgaaga	1440
	tcttttgcgg tacagcaagg gcactatcag gacccaagag cttcagatta tgacctcca	1500
	cgtgctagcg actatgattt gcctagaagc ccatactcta ctccacctt gcctcctaga	1560
	tatcagctac agaatatgga tgtagaagca gggttccgtg aggcagttta tgcttctttt	1620
25	gtagcaggaa tgtacaatta tgtagtgaca cagccgcaag agcgtattcc caatagtcag	1680

caggtggaag ggattctgcg tgatatgctt accaacgggt cacagacatt tagagacctg 1740
atgaggcggt ggaatagaga agtcgatagg gaataa 1776

<210> 124

5 <211> 591

<212> PRT

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 124

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

	Ala	Ser	Ser	Gly	Tyr	Arg	Glu	Tyr	Ser	Pro	Ser	Ala	Ala	Arg	Gly	Leu
	130						135							140		
	Arg	Leu	Met	Phe	Thr	Asp	Phe	Trp	Arg	Thr	Arg	Val	Leu	Arg	Gln	Thr
5	145					150					155				160	
	Ser	Pro	Met	Ala	Gly	Val	Phe	Gly	Asn	Leu	Asp	Val	Asn	Glu	Ala	Arg
					165					170				175		
	Leu	Met	Ala	Ala	Tyr	Thr	Ser	Glu	Cys	Ala	Asp	His	Leu	Glu	Ala	Asn
				180					185				190			
10	Lys	Leu	Ala	Gly	Pro	Asp	Gly	Val	Ala	Ala	Ala	Arg	Glu	Ile	Ala	Lys
			195				200					205				
	Arg	Trp	Glu	Gln	Arg	Val	Arg	Asp	Leu	Gln	Asp	Lys	Gly	Ala	Ala	Arg
		210				215					220					
	Lys	Leu	Leu	Asn	Asp	Pro	Leu	Gly	Arg	Arg	Thr	Pro	Asn	Tyr	Gln	Ser
15	225				230					235				240		
	Lys	Asn	Pro	Gly	Glu	Tyr	Thr	Val	Gly	Asn	Ser	Met	Phe	Tyr	Asp	Gly
				245					250				255			
	Pro	Gln	Val	Ala	Asn	Leu	Gln	Asn	Val	Asp	Thr	Gly	Phe	Trp	Leu	Asp
			260				265					270				
20	Met	Ser	Asn	Leu	Ser	Asp	Val	Val	Leu	Ser	Arg	Glu	Ile	Gln	Thr	Gly
			275				280					285				
	Leu	Arg	Ala	Arg	Ala	Thr	Leu	Glu	Glu	Ser	Met	Pro	Met	Leu	Glu	Asn
		290				295					300					
	Leu	Glu	Glu	Arg	Phe	Arg	Arg	Leu	Gln	Glu	Thr	Cys	Asp	Ala	Ala	Arg
25	305				310					315				320		

	Thr	Glu	Ile	Glu	Glu	Ser	Gly	Trp	Thr	Arg	Glu	Ser	Ala	Ser	Arg	Met	
							325						330				335
	Glu	Gly	Asp	Glu	Ala	Gln	Gly	Pro	Ser	Arg	Ala	Gln	Gln	Ala	Phe	Gln	
5							340						345				350
	Ser	Phe	Val	Asn	Glu	Cys	Asn	Ser	Ile	Glu	Phe	Ser	Phe	Gly	Ser	Phe	
							355						360				365
	Gly	Glu	His	Val	Arg	Val	Leu	Cys	Ala	Arg	Val	Ser	Arg	Gly	Leu	Ala	
							370						375				380
10	Ala	Ala	Gly	Glu	Ala	Ile	Arg	Arg	Cys	Phe	Ser	Cys	Cys	Lys	Gly	Ser	
							385						390				400
	Thr	His	Arg	Tyr	Ala	Pro	Arg	Asp	Asp	Leu	Ser	Pro	Glu	Gly	Ala	Ser	
							405						410				415
	Leu	Ala	Glu	Thr	Leu	Ala	Arg	Phe	Ala	Asp	Asp	Met	Gly	Ile	Glu	Arg	
15							420						425				430
	Gly	Ala	Asp	Gly	Thr	Tyr	Asp	Ile	Pro	Leu	Val	Asp	Asp	Trp	Arg	Arg	
							435						440				445
	Gly	Val	Pro	Ser	Ile	Glu	Gly	Glu	Gly	Ser	Asp	Ser	Ile	Tyr	Glu	Ile	
							450						455				460
20	Met	Met	Pro	Ile	Tyr	Glu	Val	Met	Asp	Met	Asp	Leu	Glu	Thr	Arg	Arg	
							465						470				475
	Ser	Phe	Ala	Val	Gln	Gln	Gly	His	Tyr	Gln	Asp	Pro	Arg	Ala	Ser	Asp	
							485						490				495
	Tyr	Asp	Leu	Pro	Arg	Ala	Ser	Asp	Tyr	Asp	Leu	Pro	Arg	Ser	Pro	Tyr	
25							500						505				510

545

	Pro Thr Pro Pro Leu Pro Pro Arg Tyr Gln Leu Gln Asn Met Asp Val			
	515	520	525	
	Glu Ala Gly Phe Arg Glu Ala Val Tyr Ala Ser Phe Val Ala Gly Met			
	530	535	540	
5	Tyr Asn Tyr Val Val Thr Gln Pro Gln Glu Arg Ile Pro Asn Ser Gln			
	545	550	555	560
	Gln Val Glu Gly Ile Leu Arg Asp Met Leu Thr Asn Gly Ser Gln Thr			
	565	570	575	
	Phe Arg Asp Leu Met Arg Arg Trp Asn Arg Glu Val Asp Arg Glu			
10	580	585	590	
	<210> 125			
	<211> 1773			
	<212> ADN			
15	<213> <i>Chlamydia trachomatis</i>			
	<400> 125			
	atgagcatca ggggagtagg aggcaacggg aatagtcgaa tcccttctca taatggggat	60		
	ggatcgaatc gcagaagtca aaatacgaag ggtaataata aagttgaaga tcgagttcat	120		
	tctctatatt catctcttag taacgaaaat agagaatctc cttatccagt agtagacgtc	180		
20	agctctatga tcgagagcac cccaacgagt ggagagacgc caagagcttc gcgtggagtg	240		
	ttcagtcggt tccaaagagg tttaggacga gtagctgaca aagtaagacg agctgttcag	300		
	tgtgcgtggg gttcagtcctc tacaagaaga tcgtctgcaa caagagccgt agaatccgga	360		
	tcaagtagtc gtactgctcg tgggtgcaagt tctgggaggg agtattctcc ttcagcagct	420		
	agaggggctgc gtcttatgtt cacagatttc tggagaactc gggttttacg ccagacctct	480		
25	cctatgggatg tagttttttg gaatcttgat gtgaacgagg ctggtttgat ggctgcttac	540		

546

	acaagtgagt ggcgaggatta tttagaagcg cacgatttgg ctggccctga cggggtagcg	600
	gccgcccggg aaattgctca aagatgggat aaaagagtta gagatctaca agataaaggt	660
	gctgcacaaa aattattaaa tgatccttta ggccgacgaa cacctaatta tcagagcaaa	720
	aatccagggtg agtatactgt aggggaattcc atgtttttacg atggtcctca ggtagcgaat	780
5	ctccagaacg tcgacactgg tttttggctg gacatgagca atttctcaga cgttgtatta	840
	tccagagaga ttcaaacagg gcttcgagca cgagctactt tggaagaatc catgccgatg	900
	ttagagaatt tagaagagcg ttttagacgt ttgcaagaaa cttgtgatgc ggctcgtact	960
	gagatagaag aatcgggatg gactcgagag tccgcatcaa gaatgggagg cgatgagacg	1020
	caaggacctt ctagagcaca acaagctttt cagagctttg taaatgaatg taatagcatc	1080
10	gagtttctcat ttgggagctt tggagagcat gtgcgagttc tctgcgctag agtatcacga	1140
	ggattagttg ccgcaggaga ggcgattcgc cgttgcttct cttgttgtaa aggatcgacg	1200
	catcgctacg ctctctcgca tgacctatct cctgaagggtg catcgtttagc agagactttg	1260
	gctagattcg cagatgatat gggaaatagag caagggtgctg atggaaccta cgatattcct	1320
	tgggtagatg attggagaag aggggttcct agtattgaag gagaaggatc tgactcgatc	1380
15	tatgaaatca tgatgcctat ctatgaagtt atgaatatgg atctagaaac acgaagatct	1440
	tttgcggtac agcaagggca ctatcaggac ccaagagctt cagattatga cctcccacgt	1500
	gctagcgact atgatttgcc tagaagccca taccctactc cacctttgcc ttctagatat	1560
	cagctacaga atatggatgt agaagcaggg ttccgtgagg cagtttatgc ttcttttgta	1620
	gcaggaatgt acaattatgt agtgacacag ccgcaagagc gtattcccaa tagtcagcag	1680
20	gtggaagggg ttctgcgtag tatgcttacc aacgggtcac agacatttag caacctgatg	1740
	cagcgttggg atagagaagt cgatagggaa taa	1773

	<210>	126
	<211>	590
25	<212>	PRT

5A

<213> *Chlamydia trachomatis*

<400> 126

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

Met Ala Ala Tyr Thr Ser Glu Cys Ala Asp Tyr Leu Glu Ala His Asp
180 185 190

Leu Ala Gly Pro Asp Gly Val Ala Ala Ala Arg Glu Ile Ala Gln Arg
5 195 200 205

Trp Asp Lys Arg Val Arg Asp Leu Gln Asp Lys Gly Ala Ala Gln Lys
210 215 220

Leu Leu Asn Asp Pro Leu Gly Arg Arg Thr Pro Asn Tyr Gln Ser Lys
225 230 235 240

10 Asn Pro Gly Glu Tyr Thr Val Gly Asn Ser Met Phe Tyr Asp Gly Pro
245 250 255

Gln Val Ala Asn Leu Gln Asn Val Asp Thr Gly Phe Trp Leu Asp Met
260 265 270

Ser Asn Phe Ser Asp Val Val Leu Ser Arg Glu Ile Gln Thr Gly Leu
15 275 280 285

Arg Ala Arg Ala Thr Leu Glu Glu Ser Met Pro Met Leu Glu Asn Leu
290 295 300

Glu Glu Arg Phe Arg Arg Leu Gln Glu Thr Cys Asp Ala Ala Arg Thr
305 310 315 320

20 Glu Ile Glu Glu Ser Gly Trp Thr Arg Glu Ser Ala Ser Arg Met Gly
325 330 335

Gly Asp Glu Thr Gln Gly Pro Ser Arg Ala Gln Gln Ala Phe Gln Ser
340 345 350

Phe Val Asn Glu Cys Asn Ser Ile Glu Phe Ser Phe Gly Ser Phe Gly
25 355 360 365

	Glu His Val Arg Val Leu Cys Ala Arg Val Ser Arg Gly Leu Val Ala
	370 375 380
	Ala Gly Glu Ala Ile Arg Arg Cys Phe Ser Cys Cys Lys Gly Ser Thr
5	385 390 395 400
	His Arg Tyr Ala Pro Arg Asp Asp Leu Ser Pro Glu Gly Ala Ser Leu
	405 410 415
	Ala Glu Thr Leu Ala Arg Phe Ala Asp Asp Met Gly Ile Glu Gln Gly
	420 425 430
10	Ala Asp Gly Thr Tyr Asp Ile Pro Trp Val Asp Asp Trp Arg Arg Gly
	435 440 445
	Val Pro Ser Ile Glu Gly Glu Gly Ser Asp Ser Ile Tyr Glu Ile Met
	450 455 460
	Met Pro Ile Tyr Glu Val Met Asn Met Asp Leu Glu Thr Arg Arg Ser
15	465 470 475 480
	Phe Ala Val Gln Gln Gly His Tyr Gln Asp Pro Arg Ala Ser Asp Tyr
	485 490 495
	Asp Leu Pro Arg Ala Ser Asp Tyr Asp Leu Pro Arg Ser Pro Tyr Pro
	500 505 510
20	Thr Pro Pro Leu Pro Ser Arg Tyr Gln Leu Gln Asn Met Asp Val Glu
	515 520 525
	Ala Gly Phe Arg Glu Ala Val Tyr Ala Ser Phe Val Ala Gly Met Tyr
	530 535 540
	Asn Tyr Val Val Thr Gln Pro Gln Glu Arg Ile Pro Asn Ser Gln Gln
25	545 550 555 560

Val Glu Gly Ile Leu Arg Asp Met Leu Thr Asn Gly Ser Gln Thr Phe

565

570

575

Ser Asn Leu Met Gln Arg Trp Asp Arg Glu Val Asp Arg Glu

580

585

590

5

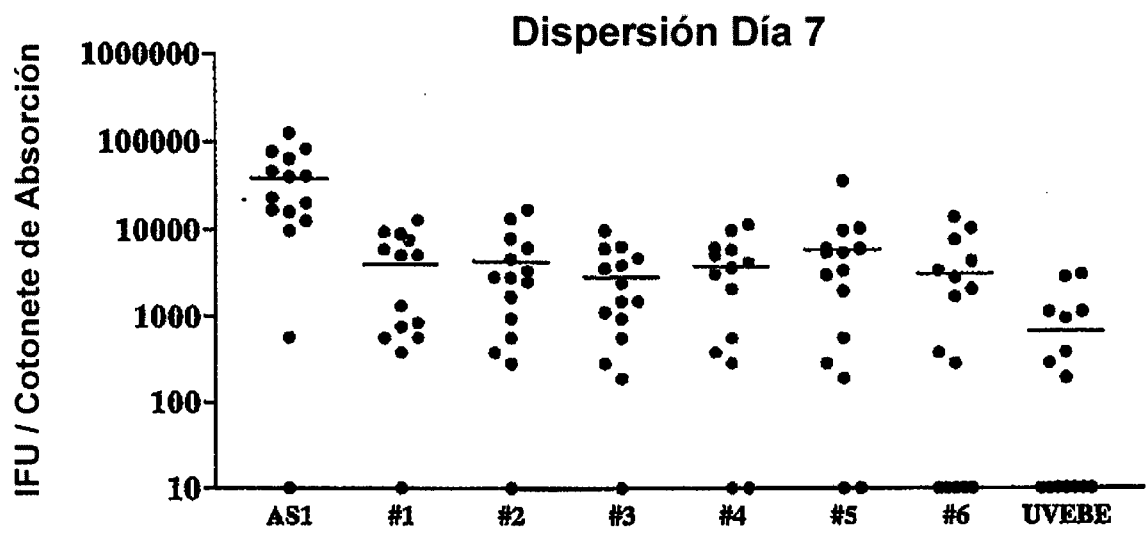
10

15

20

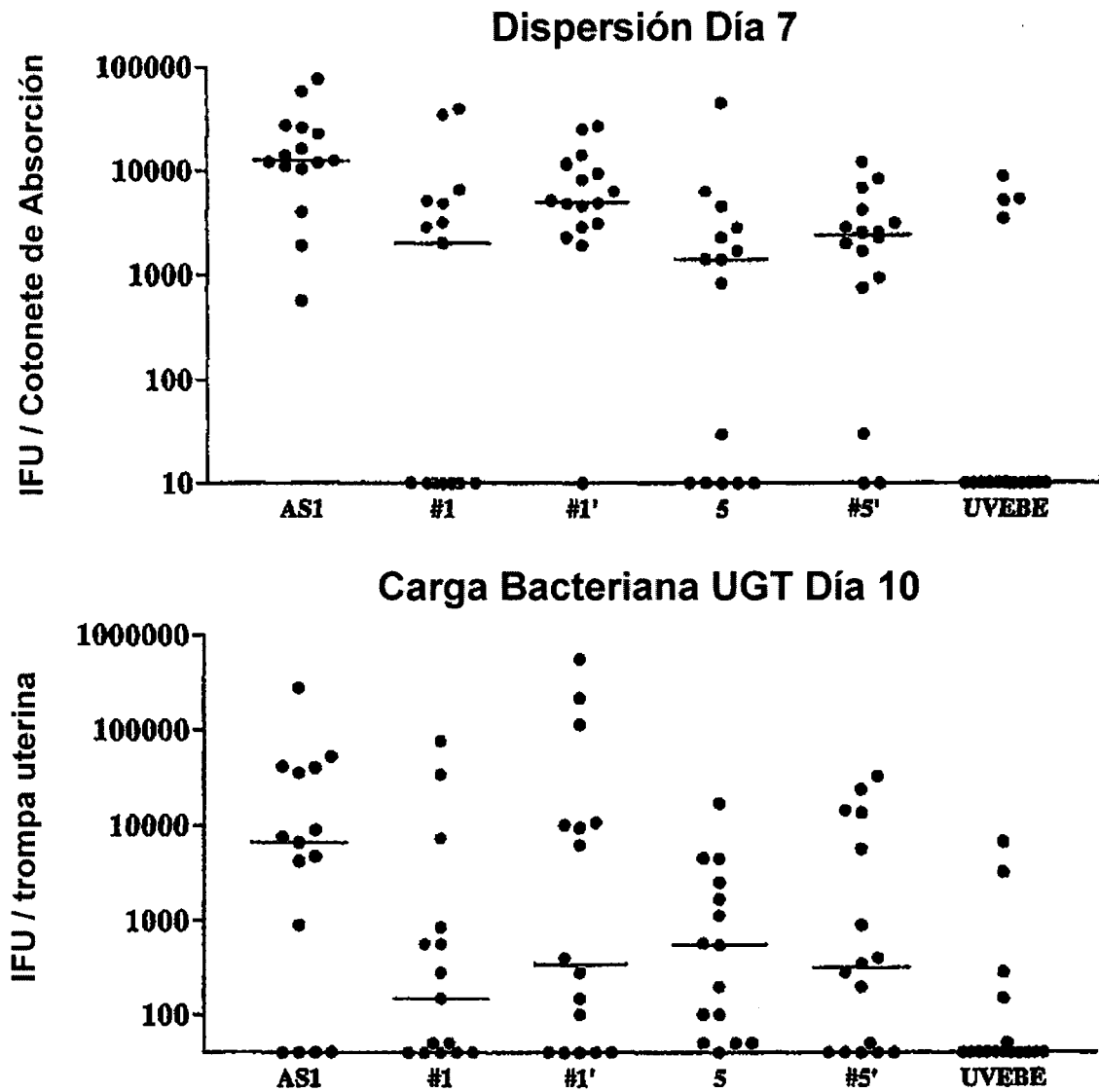
25

FIG. 1



Combinaciones de antígenos:

- #1: Momp, PmpD-pd, CT858, CT089, Swib
- #2: Momp, PmpD-pd, CT858, CT622, CT089
- #3: Momp, PmpD-pd, CT858, PmpG-pd, CT622, CT089
- #4: CT858, CT875, CT622, CT089
- #5: CT858, CT875, CT089
- #6: Momp, PmpD-pd, CT858, PmpG-pd, CT089

FIG. 2

Combinaciones de antígenos:

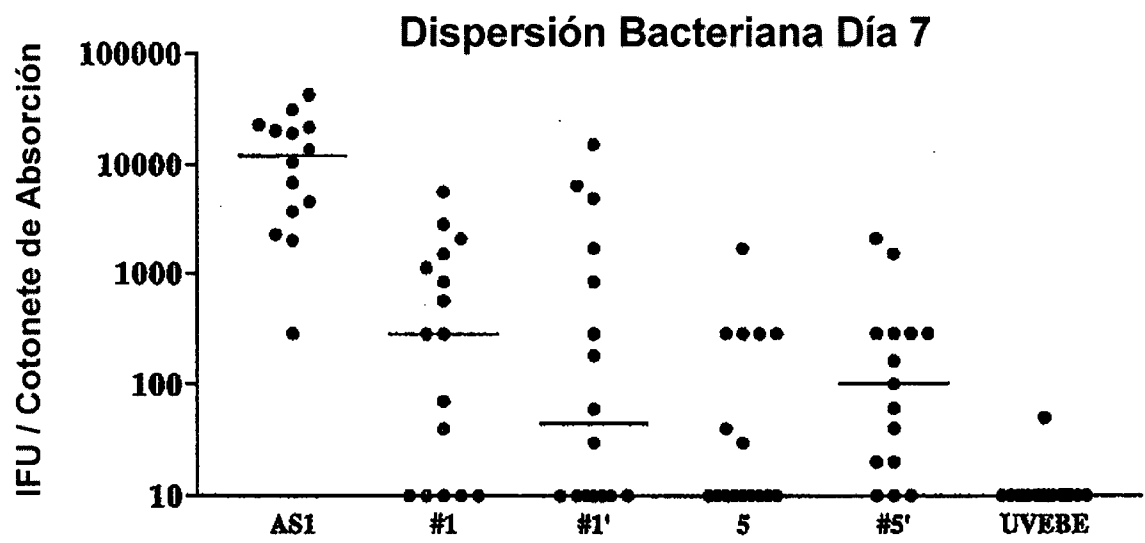
#1: Momp, PmpD-pd, CT858, CT089, Swib

#1': PmpD-pd, CT858, CT622, CT089

#5: CT858, CT875, CT089

#5': PmpD-pd, CT858, CT875, CT089

FIG. 3



Combinaciones de antígenos:

- #1: Momp, PmpD-pd, CT858, CT089, Swib
- #1': PmpD-pd, CT858, CT622, CT089
- #5: CT858, CT875, CT089
- #5': PmpD-pd, CT858, CT875, CT089

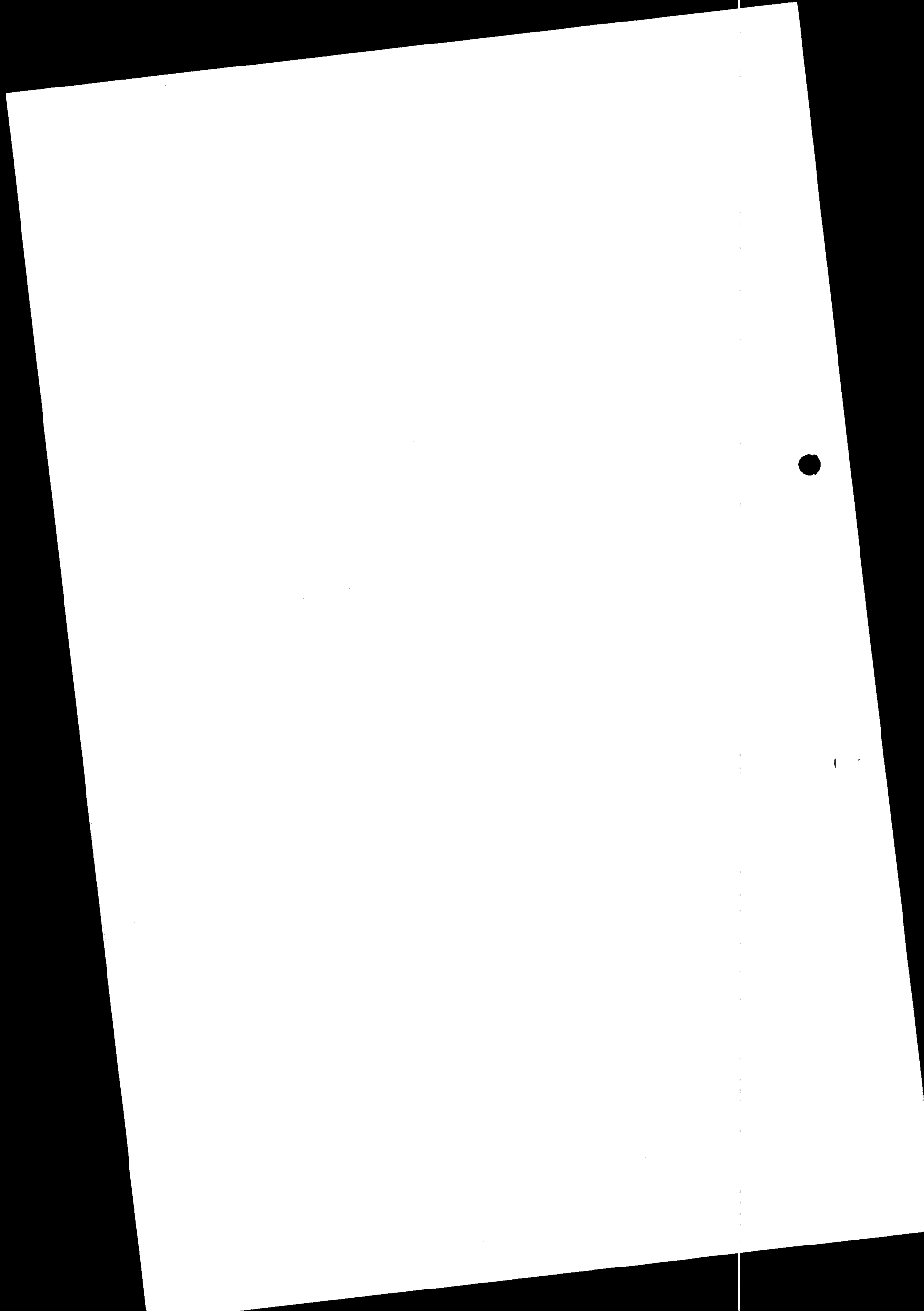
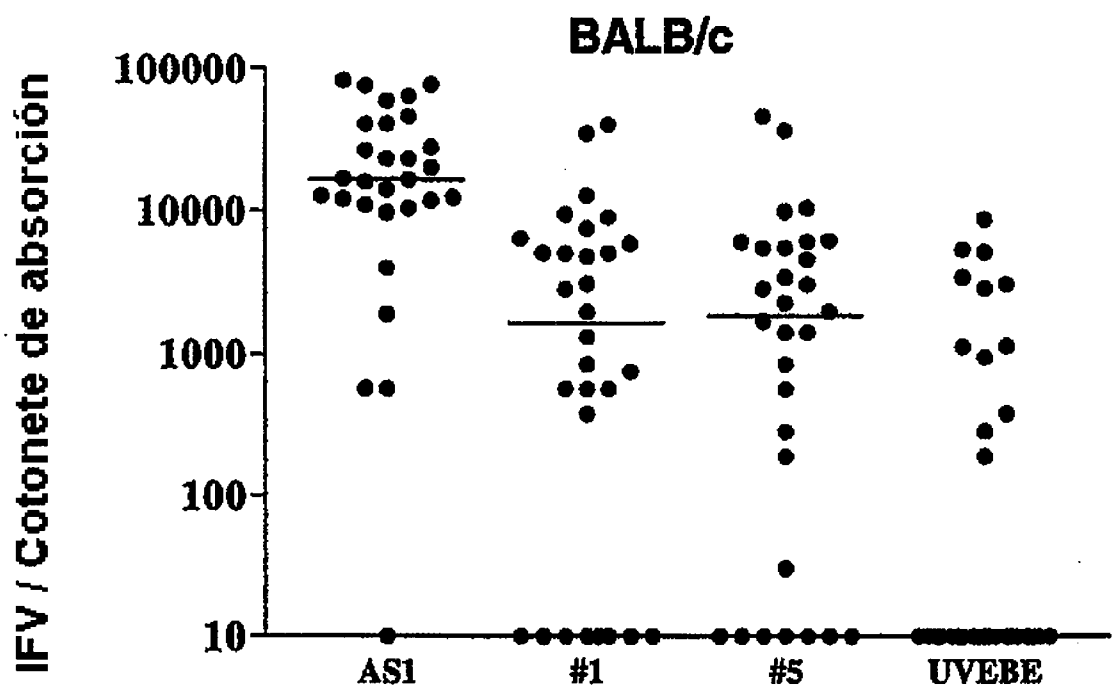


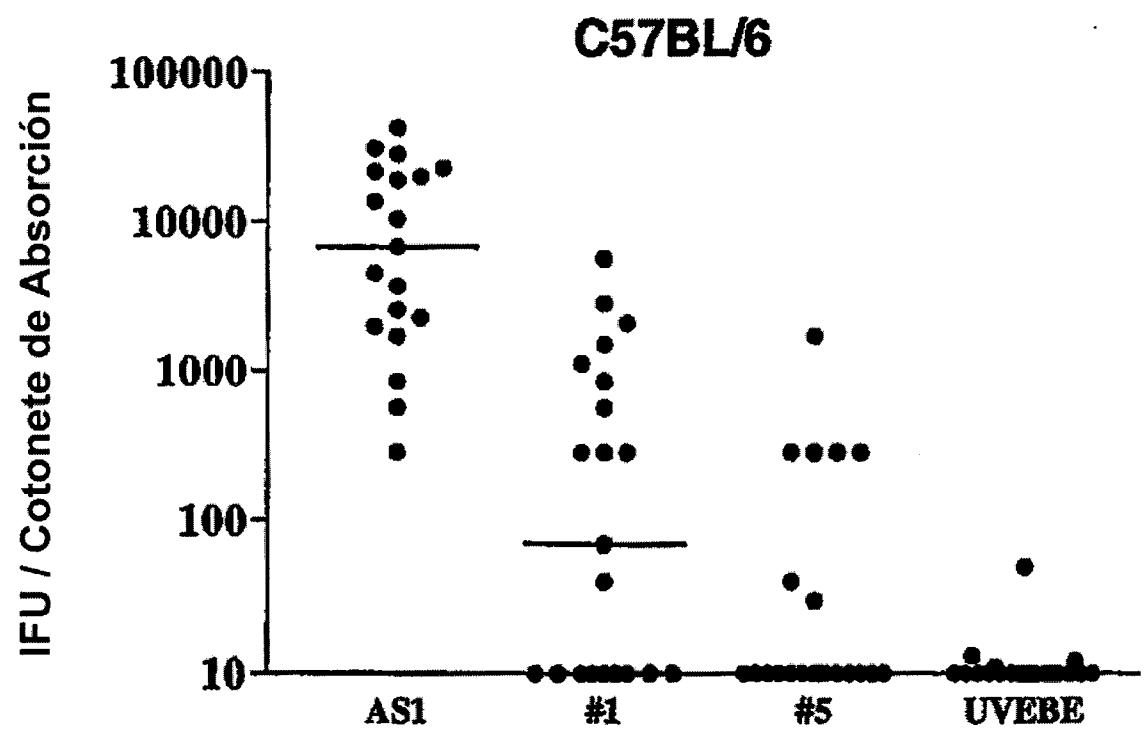
FIG. 4



Combinaciones de antígenos

- #1: Momp, PmpD-pd, CT858, CT089, Swib
- #5: CT858, CT875, CT089

FIG. 5



Combinaciones de antígenos

#1: Momp, PmpD-pd, CT858, CT089, Swib

#5: CT858, CT875, CT089

FIG. 6

Secuencias de aminoácidos de CT089

CT089_A : NTASGGAGGCGSTQTVVARAQAAAATQDAQEVIGSQBASASMLKGCEDLINPAAATRIKKKKKPFESLEARRKPTADKAEK : 83
 CT089_B : NTASGGAGGCGSTQTVVARAQAAAATQDAQEVIGSQBASASMLKGCEDLINPAAATRIKKKKKPFESLEARRKPTADKAEK : 83
 CT089_D : NTASGGAGGCGSTQTVVARAQAAAATQDAQEVIGSQBASASMLKGCEDLINPAAATRIKKKKKPFESLEARRKPTADKAEK : 83
 CT089_E : NTASGGAGGCGSTQTVVARAQAAAATQDAQEVIGSQBASASMLKGCEDLINPAAATRIKKKKKPFESLEARRKPTADKAEK : 83
 CT089_G : NTASGGAGGCGSTQTVVARAQAAAATQDAQEVIGSQBASASMLKGCEDLINPAAATRIKKKKKPFESLEARRKPTADKAEK : 83
 CT089_H : NTASGGAGGCGSTQTVVARAQAAAATQDAQEVIGSQBASASMLKGCEDLINPAAATRIKKKKKPFESLEARRKPTADKAEK : 83
 CT089_I : NTASGGAGGCGSTQTVVARAQAAAATQDAQEVIGSQBASASMLKGCEDLINPAAATRIKKKKKPFESLEARRKPTADKAEK : 83
 CT089_J : NTASGGAGGCGSTQTVVARAQAAAATQDAQEVIGSQBASASMLKGCEDLINPAAATRIKKKKKPFESLEARRKPTADKAEK : 83
 CT089_K : NTASGGAGGCGSTQTVVARAQAAAATQDAQEVIGSQBASASMLKGCEDLINPAAATRIKKKKKPFESLEARRKPTADKAEK : 83
 CT089_L2 : NTASGGAGGCGSTQTVVARAQAAAATQDAQEVIGSQBASASMLKGCEDLINPAAATRIKKKKKPFESLEARRKPTADKAEK : 83

100 * 120 * 140 * 160
 CT089_A : KSESTEERKGDTPLEDRFTEDLSEVSGEDFRGLKNSPDDSSPEEILDALTSKFSDEPTIKDLALDYLIQTAPSDRLKLSALIQA : 166
 CT089_B : KSESTEERKGDTPLEDRFTEDLSEVSGEDFRGLKNSPDDSSPEEILDALTSKFSDEPTIKDLALDYLIQTAPSDRLKLSALIQA : 166
 CT089_D : KSESTEERKGDTPLEDRFTEDLSEVSGEDFRGLKNSPDDSSPEEILDALTSKFSDEPTIKDLALDYLIQTAPSDRLKLSALIQA : 166
 CT089_E : KSESTEERKGDTPLEDRFTEDLSEVSGEDFRGLKNSPDDSSPEEILDALTSKFSDEPTIKDLALDYLIQTAPSDRLKLSALIQA : 166
 CT089_G : KSESTEERKGDTPLEDRFTEDLSEVSGEDFRGLKNSPDDSSPEEILDALTSKFSDEPTIKDLALDYLIQTAPSDRLKLSALIQA : 166
 CT089_H : KSESTEERKGDTPLEDRFTEDLSEVSGEDFRGLKNSPDDSSPEEILDALTSKFSDEPTIKDLALDYLIQTAPSDRLKLSALIQA : 166
 CT089_I : KSESTEERKGDTPLEDRFTEDLSEVSGEDFRGLKNSPDDSSPEEILDALTSKFSDEPTIKDLALDYLIQTAPSDRLKLSALIQA : 166
 CT089_J : KSESTEERKGDTPLEDRFTEDLSEVSGEDFRGLKNSPDDSSPEEILDALTSKFSDEPTIKDLALDYLIQTAPSDRLKLSALIQA : 166
 CT089_K : KSESTEERKGDTPLEDRFTEDLSEVSGEDFRGLKNSPDDSSPEEILDALTSKFSDEPTIKDLALDYLIQTAPSDRLKLSALIQA : 166
 CT089_L2 : KSESTEERKGDTPLEDRFTEDLSEVSGEDFRGLKNSPDDSSPEEILDALTSKFSDEPTIKDLALDYLIQTAPSDRLKLSALIQA : 166

* 180 * 200 * 220 * 240
 CT089_A : KHOLMSQNPQAIVGGHNVLLASETFASRANTSPSSRSLSYQVTSPPSNCANLHQLMNASYSPSEKTAVMFEFLVNGHVAADLKSE : 249
 CT089_B : KHOLMSQNPQAIVGGHNVLLASETFASRANTSPSSRSLSYQVTSPPSNCANLHQLMNASYSPSEKTAVMFEFLVNGHVAADLKSE : 249
 CT089_D : KHOLMSQNPQAIVGGHNVLLASETFASRANTSPSSRSLSYQVTSPPSNCANLHQLMNASYSPSEKTAVMFEFLVNGHVAADLKSE : 249
 CT089_E : KHOLMSQNPQAIVGGHNVLLASETFASRANTSPSSRSLSYQVTSPPSNCANLHQLMNASYSPSEKTAVMFEFLVNGHVAADLKSE : 249
 CT089_G : KHOLMSQNPQAIVGGHNVLLASETFASRANTSPSSRSLSYQVTSPPSNCANLHQLMNASYSPSEKTAVMFEFLVNGHVAADLKSE : 249
 CT089_H : KHOLMSQNPQAIVGGHNVLLASETFASRANTSPSSRSLSYQVTSPPSNCANLHQLMNASYSPSEKTAVMFEFLVNGHVAADLKSE : 249
 CT089_I : KHOLMSQNPQAIVGGHNVLLASETFASRANTSPSSRSLSYQVTSPPSNCANLHQLMNASYSPSEKTAVMFEFLVNGHVAADLKSE : 249
 CT089_J : KHOLMSQNPQAIVGGHNVLLASETFASRANTSPSSRSLSYQVTSPPSNCANLHQLMNASYSPSEKTAVMFEFLVNGHVAADLKSE : 249
 CT089_K : KHOLMSQNPQAIVGGHNVLLASETFASRANTSPSSRSLSYQVTSPPSNCANLHQLMNASYSPSEKTAVMFEFLVNGHVAADLKSE : 249
 CT089_L2 : KHOLMSQNPQAIVGGHNVLLASETFASRANTSPSSRSLSYQVTSPPSNCANLHQLMNASYSPSEKTAVMFEFLVNGHVAADLKSE : 249

* 260 * 280 * 300 * 320 *
 CT089_A : GPSIPPAKLQVYITELSNLQALHVSVSFFDRNIGNLNSLKHSHAPISLTTGNLTKTFLQLVEDKFPSSSKAQKALNBLVG : 332
 CT089_B : GPSIPPAKLQVYITELSNLQALHVSVSFFDRNIGNLNSLKHSHAPISLTTGNLTKTFLQLVEDKFPSSSKAQKALNBLVG : 332
 CT089_D : GPSIPPAKLQVYITELSNLQALHVSVSFFDRNIGNLNSLKHSHAPISLTTGNLTKTFLQLVEDKFPSSSKAQKALNBLVG : 332
 CT089_E : GPSIPPAKLQVYITELSNLQALHVSVSFFDRNIGNLNSLKHSHAPISLTTGNLTKTFLQLVEDKFPSSSKAQKALNBLVG : 332
 CT089_G : GPSIPPAKLQVYITELSNLQALHVSVSFFDRNIGNLNSLKHSHAPISLTTGNLTKTFLQLVEDKFPSSSKAQKALNBLVG : 332
 CT089_H : GPSIPPAKLQVYITELSNLQALHVSVSFFDRNIGNLNSLKHSHAPISLTTGNLTKTFLQLVEDKFPSSSKAQKALNBLVG : 332
 CT089_I : GPSIPPAKLQVYITELSNLQALHVSVSFFDRNIGNLNSLKHSHAPISLTTGNLTKTFLQLVEDKFPSSSKAQKALNBLVG : 332
 CT089_J : GPSIPPAKLQVYITELSNLQALHVSVSFFDRNIGNLNSLKHSHAPISLTTGNLTKTFLQLVEDKFPSSSKAQKALNBLVG : 332
 CT089_K : GPSIPPAKLQVYITELSNLQALHVSVSFFDRNIGNLNSLKHSHAPISLTTGNLTKTFLQLVEDKFPSSSKAQKALNBLVG : 332
 CT089_L2 : GPSIPPAKLQVYITELSNLQALHVSVSFFDRNIGNLNSLKHSHAPISLTTGNLTKTFLQLVEDKFPSSSKAQKALNBLVG : 332

340 * 360 * 380 * 400 *
 CT089_A : PDTGQTEVLNLFPRALNGCCSPRIFSGAEKKQOLASVITNPLDAINADNEDYPRKPGDFPRSSFSSTPPHAPVQSEIPTSPTS : 415
 CT089_B : PDTGQTEVLNLFPRALNGCCSPRIFSGAEKKQOLASVITNPLDAINADNEDYPRKPGDFPRSSFSSTPPHAPVQSEIPTSPTS : 415
 CT089_D : PDTGQTEVLNLFPRALNGCCSPRIFSGAEKKQOLASVITNPLDAINADNEDYPRKPGDFPRSSFSSTPPHAPVQSEIPTSPTS : 415
 CT089_E : PDTGQTEVLNLFPRALNGCCSPRIFSGAEKKQOLASVITNPLDAINADNEDYPRKPGDFPRSSFSSTPPHAPVQSEIPTSPTS : 415
 CT089_G : PDTGQTEVLNLFPRALNGCCSPRIFSGAEKKQOLASVITNPLDAINADNEDYPRKPGDFPRSSFSSTPPHAPVQSEIPTSPTS : 415
 CT089_H : PDTGQTEVLNLFPRALNGCCSPRIFSGAEKKQOLASVITNPLDAINADNEDYPRKPGDFPRSSFSSTPPHAPVQSEIPTSPTS : 415
 CT089_I : PDTGQTEVLNLFPRALNGCCSPRIFSGAEKKQOLASVITNPLDAINADNEDYPRKPGDFPRSSFSSTPPHAPVQSEIPTSPTS : 415
 CT089_J : PDTGQTEVLNLFPRALNGCCSPRIFSGAEKKQOLASVITNPLDAINADNEDYPRKPGDFPRSSFSSTPPHAPVQSEIPTSPTS : 415
 CT089_K : PDTGQTEVLNLFPRALNGCCSPRIFSGAEKKQOLASVITNPLDAINADNEDYPRKPGDFPRSSFSSTPPHAPVQSEIPTSPTS : 415
 CT089_L2 : PDTGQTEVLNLFPRALNGCCSPRIFSGAEKKQOLASVITNPLDAINADNEDYPRKPGDFPRSSFSSTPPHAPVQSEIPTSPTS : 415

420
 CT089_A : TQPPSE : 421
 CT089_B : TQPPSE : 421
 CT089_D : TQPPSE : 421
 CT089_E : TQPPSE : 421
 CT089_G : TQPPSE : 421
 CT089_H : TQPPSE : 421
 CT089_I : TQPPSE : 421
 CT089_J : TQPPSE : 421
 CT089_K : TQPPSE : 421
 CT089_L2 : TQPPSE : 421

+ : Cambio de aminoácido no conservador.

- : **Cambio de aminoácido conservador.**

Recuadros

grises: Epítopo HLA DRB1 predicho (serotipo E).

FIG. 7a

Secuencias de aminoácidos de CT858

		20		40		60		80	
CT858_A	:	MVQGESLVCKNALQDLSFLEHLLQVKYAPKTWKEQYLGWDLVQSSVSAQOKLRTQENPSTSFCCQVLADFICGLNDFHAGVTF	:	83					
CT858_B	:	MVQGESLVCKNALQDLSFLEHLLQVKYAPKTWKEQYLGWDLVQSSVSAQOKLRTQENPSTSFCCQVLADFICGLNDFHAGVTF	:	83					
CT858_D	:	MVQGESLVCKNALQDLSFLEHLLQVKYAPKTWKEQYLGWDLVQSSVSAQOKLRTQENPSTSFCCQVLADFICGLNDFHAGVTF	:	83					
CT858_E	:	MVQGESLVCKNALQDLSFLEHLLQVKYAPKTWKEQYLGWDLVQSSVSAQOKLRTQENPSTSFCCQVLADFICGLNDFHAGVTF	:	83					
CT858_G	:	MVQGESLVCKNALQDLSFLEHLLQVKYAPKTWKEQYLGWDLVQSSVSAQOKLRTQENPSTSFCCQVLADFICGLNDFHAGVTF	:	83					
CT858_H	:	MVQGESLVCKNALQDLSFLEHLLQVKYAPKTWKEQYLGWDLVQSSVSAQOKLRTQENPSTSFCCQVLADFICGLNDFHAGVTF	:	83					
CT858_I	:	MVQGESLVCKNALQDLSFLEHLLQVKYAPKTWKEQYLGWDLVQSSVSAQOKLRTQENPSTSFCCQVLADFICGLNDFHAGVTF	:	83					
CT858_J	:	MVQGESLVCKNALQDLSFLEHLLQVKYAPKTWKEQYLGWDLVQSSVSAQOKLRTQENPSTSFCCQVLADFICGLNDFHAGVTF	:	83					
CT858_K	:	MVQGESLVCKNALQDLSFLEHLLQVKYAPKTWKEQYLGWDLVQSSVSAQOKLRTQENPSTSFCCQVLADFICGLNDFHAGVTF	:	83					
CT858_L2	:	MVQGESLVCKNALQDLSFLEHLLQVKYAPKTWKEQYLGWDLVQSSVSAQOKLRTQENPSTSFCCQVLADFICGLNDFHAGVTF	:	83					
H									
		100		120		140		160	
CT858_A	:	FAIESAYLPYTVQKSSDGRFYFVDINTFSSSEIRVGDLELVEGAPVQDVLATLYGSMHKGTAABESAAALRTLFSSMASLGHKV	:	166					
CT858_B	:	FAIESAYLPYTVQKSSDGRFYFVDINTFSSSEIRVGDLELVEGAPVQDVLATLYGSMHKGTAABESAAALRTLFSSMASLGHKV	:	166					
CT858_D	:	FAIESAYLPYTVQKSSDGRFYFVDINTFSSSEIRVGDLELVEGAPVQDVLATLYGSMHKGTAABESAAALRTLFSSMASLGHKV	:	166					
CT858_E	:	FAIESAYLPYTVQKSSDGRFYFVDINTFSSSEIRVGDLELVEGAPVQDVLATLYGSMHKGTAABESAAALRTLFSSMASLGHKV	:	166					
CT858_G	:	FAIESAYLPYTVQKSSDGRFYFVDINTFSSSEIRVGDLELVEGAPVQDVLATLYGSMHKGTAABESAAALRTLFSSMASLGHKV	:	166					
CT858_H	:	FAIESAYLPYTVQKSSDGRFYFVDINTFSSSEIRVGDLELVEGAPVQDVLATLYGSMHKGTAABESAAALRTLFSSMASLGHKV	:	166					
CT858_I	:	FAIESAYLPYTVQKSSDGRFYFVDINTFSSSEIRVGDLELVEGAPVQDVLATLYGSMHKGTAABESAAALRTLFSSMASLGHKV	:	166					
CT858_J	:	FAIESAYLPYTVQKSSDGRFYFVDINTFSSSEIRVGDLELVEGAPVQDVLATLYGSMHKGTAABESAAALRTLFSSMASLGHKV	:	166					
CT858_K	:	FAIESAYLPYTVQKSSDGRFYFVDINTFSSSEIRVGDLELVEGAPVQDVLATLYGSMHKGTAABESAAALRTLFSSMASLGHKV	:	166					
CT858_L2	:	FAIESAYLPYTVQKSSDGRFYFVDINTFSSSEIRVGDLELVEGAPVQDVLATLYGSMHKGTAABESAAALRTLFSSMASLGHKV	:	166					
E									
		180		200		220		240	
CT858_A	:	PSGRITLKIIRPFQGTIREVRVWRYVPEGVGDLATIAPSIKAPQKSKRSFFPKKDDAFHRSSTLFYSPPVPHFAELRNHY	:	249					
CT858_B	:	PSGRITLKIIRPFQGTIREVRVWRYVPEGVGDLATIAPSIKAPQKSKRSFFPKKDDAFHRSSTLFYSPPVPHFAELRNHY	:	249					
CT858_D	:	PSGRITLKIIRPFQGTIREVRVWRYVPEGVGDLATIAPSIKAPQKSKRSFFPKKDDAFHRSSTLFYSPPVPHFAELRNHY	:	249					
CT858_E	:	PSGRITLKIIRPFQGTIREVRVWRYVPEGVGDLATIAPSIKAPQKSKRSFFPKKDDAFHRSSTLFYSPPVPHFAELRNHY	:	249					
CT858_G	:	PSGRITLKIIRPFQGTIREVRVWRYVPEGVGDLATIAPSIKAPQKSKRSFFPKKDDAFHRSSTLFYSPPVPHFAELRNHY	:	249					
CT858_H	:	PSGRITLKIIRPFQGTIREVRVWRYVPEGVGDLATIAPSIKAPQKSKRSFFPKKDDAFHRSSTLFYSPPVPHFAELRNHY	:	249					
CT858_I	:	PSGRITLKIIRPFQGTIREVRVWRYVPEGVGDLATIAPSIKAPQKSKRSFFPKKDDAFHRSSTLFYSPPVPHFAELRNHY	:	249					
CT858_J	:	PSGRITLKIIRPFQGTIREVRVWRYVPEGVGDLATIAPSIKAPQKSKRSFFPKKDDAFHRSSTLFYSPPVPHFAELRNHY	:	249					
CT858_K	:	PSGRITLKIIRPFQGTIREVRVWRYVPEGVGDLATIAPSIKAPQKSKRSFFPKKDDAFHRSSTLFYSPPVPHFAELRNHY	:	249					
CT858_L2	:	PSGRITLKIIRPFQGTIREVRVWRYVPEGVGDLATIAPSIKAPQKSKRSFFPKKDDAFHRSSTLFYSPPVPHFAELRNHY	:	249					
E									
		260		280		300		320	
CT858_A	:	ATSGCKSGYNIGSTDDGFLPVIGPVINSEGLFRAYISSVTDDGCKSHKVGFLRIPTYSKQDMEDFDFSGPPPEEFPAKTIQVF	:	332					
CT858_B	:	ATSGCKSGYNIGSTDDGFLPVIGPVINSEGLFRAYISSVTDDGCKSHKVGFLRIPTYSKQDMEDFDFSGPPPEEFPAKTIQVF	:	332					
CT858_D	:	ATSGCKSGYNIGSTDDGFLPVIGPVINSEGLFRAYISSVTDDGCKSHKVGFLRIPTYSKQDMEDFDFSGPPPEEFPAKTIQVF	:	332					
CT858_E	:	ATSGCKSGYNIGSTDDGFLPVIGPVINSEGLFRAYISSVTDDGCKSHKVGFLRIPTYSKQDMEDFDFSGPPPEEFPAKTIQVF	:	332					
CT858_G	:	ATSGCKSGYNIGSTDDGFLPVIGPVINSEGLFRAYISSVTDDGCKSHKVGFLRIPTYSKQDMEDFDFSGPPPEEFPAKTIQVF	:	332					
CT858_H	:	ATSGCKSGYNIGSTDDGFLPVIGPVINSEGLFRAYISSVTDDGCKSHKVGFLRIPTYSKQDMEDFDFSGPPPEEFPAKTIQVF	:	332					
CT858_I	:	ATSGCKSGYNIGSTDDGFLPVIGPVINSEGLFRAYISSVTDDGCKSHKVGFLRIPTYSKQDMEDFDFSGPPPEEFPAKTIQVF	:	332					
CT858_J	:	ATSGCKSGYNIGSTDDGFLPVIGPVINSEGLFRAYISSVTDDGCKSHKVGFLRIPTYSKQDMEDFDFSGPPPEEFPAKTIQVF	:	332					
CT858_K	:	ATSGCKSGYNIGSTDDGFLPVIGPVINSEGLFRAYISSVTDDGCKSHKVGFLRIPTYSKQDMEDFDFSGPPPEEFPAKTIQVF	:	332					
CT858_L2	:	ATSGCKSGYNIGSTDDGFLPVIGPVINSEGLFRAYISSVTDDGCKSHKVGFLRIPTYSKQDMEDFDFSGPPPEEFPAKTIQVF	:	332					
E									
		340		360		380		400	
CT858_A	:	SSNTEALIIDQTNIPGGSVLYLYALLSMLTDRPLELPKRRMILTQDEVVDALDMLTLEKVDTNVESRLALGDMREGYTVDLQ	:	415					
CT858_B	:	SSNTEALIIDQTNIPGGSVLYLYALLSMLTDRPLELPKRRMILTQDEVVDALDMLTLEKVDTNVESRLALGDMREGYTVDLQ	:	415					
CT858_D	:	SSNTEALIIDQTNIPGGSVLYLYALLSMLTDRPLELPKRRMILTQDEVVDALDMLTLEKVDTNVESRLALGDMREGYTVDLQ	:	415					
CT858_E	:	SSNTEALIIDQTNIPGGSVLYLYALLSMLTDRPLELPKRRMILTQDEVVDALDMLTLEKVDTNVESRLALGDMREGYTVDLQ	:	415					
CT858_G	:	SSNTEALIIDQTNIPGGSVLYLYALLSMLTDRPLELPKRRMILTQDEVVDALDMLTLEKVDTNVESRLALGDMREGYTVDLQ	:	415					
CT858_H	:	SSNTEALIIDQTNIPGGSVLYLYALLSMLTDRPLELPKRRMILTQDEVVDALDMLTLEKVDTNVESRLALGDMREGYTVDLQ	:	415					
CT858_I	:	SSNTEALIIDQTNIPGGSVLYLYALLSMLTDRPLELPKRRMILTQDEVVDALDMLTLEKVDTNVESRLALGDMREGYTVDLQ	:	415					
CT858_J	:	SSNTEALIIDQTNIPGGSVLYLYALLSMLTDRPLELPKRRMILTQDEVVDALDMLTLEKVDTNVESRLALGDMREGYTVDLQ	:	415					
CT858_K	:	SSNTEALIIDQTNIPGGSVLYLYALLSMLTDRPLELPKRRMILTQDEVVDALDMLTLEKVDTNVESRLALGDMREGYTVDLQ	:	415					
CT858_L2	:	SSNTEALIIDQTNIPGGSVLYLYALLSMLTDRPLELPKRRMILTQDEVVDALDMLTLEKVDTNVESRLALGDMREGYTVDLQ	:	415					
E									
		420		440		460		480	5
CT858_A	:	VAEYKLSFGROVLNCWSKGDIELSTPIPLFGFEKIHHPHVRVQYSKPICVLINEQDFSCADFFVVLKNDRALIVGTRTAGAG	:	498					
CT858_B	:	VAEYKLSFGROVLNCWSKGDIELSTPIPLFGFEKIHHPHVRVQYSKPICVLINEQDFSCADFFVVLKNDRALIVGTRTAGAG	:	498					
CT858_D	:	VAEYKLSFGROVLNCWSKGDIELSTPIPLFGFEKIHHPHVRVQYSKPICVLINEQDFSCADFFVVLKNDRALIVGTRTAGAG	:	498					
CT858_E	:	VAEYKLSFGROVLNCWSKGDIELSTPIPLFGFEKIHHPHVRVQYSKPICVLINEQDFSCADFFVVLKNDRALIVGTRTAGAG	:	498					
CT858_G	:	VAEYKLSFGROVLNCWSKGDIELSTPIPLFGFEKIHHPHVRVQYSKPICVLINEQDFSCADFFVVLKNDRALIVGTRTAGAG	:	498					
CT858_H	:	VAEYKLSFGROVLNCWSKGDIELSTPIPLFGFEKIHHPHVRVQYSKPICVLINEQDFSCADFFVVLKNDRALIVGTRTAGAG	:	498					
CT858_I	:	VAEYKLSFGROVLNCWSKGDIELSTPIPLFGFEKIHHPHVRVQYSKPICVLINEQDFSCADFFVVLKNDRALIVGTRTAGAG	:	498					
CT858_J	:	VAEYKLSFGROVLNCWSKGDIELSTPIPLFGFEKIHHPHVRVQYSKPICVLINEQDFSCADFFVVLKNDRALIVGTRTAGAG	:	498					
CT858_K	:	VAEYKLSFGROVLNCWSKGDIELSTPIPLFGFEKIHHPHVRVQYSKPICVLINEQDFSCADFFVVLKNDRALIVGTRTAGAG	:	498					
CT858_L2	:	VAEYKLSFGROVLNCWSKGDIELSTPIPLFGFEKIHHPHVRVQYSKPICVLINEQDFSCADFFVVLKNDRALIVGTRTAGAG	:	498					

FIG. 7b

	00		520		540		560		580	
CT858_A	:	GFVFMVQFPNRTGIKTC	SLTGSLAVREHGAFIENIGVEPHIDL	PFTANDIRYKG	SEYLDKVKKLVCQLINNDG	TIILAEDGS	:	581		
CT858_B	:	GFVFMVQFPNRTGIKTC	SLTGSLAVREHGAFIENIGVEPHIDL	PFTANDIRYKG	SEYLDKVKKLVCQLINNDG	TIILAEDGS	:	581		
CT858_D	:	GFVFMVQFPNRTGIKTC	SLTGSLAVREHGAFIENIGVEPHIDL	PFTANDIRYKG	SEYLDKVKKLVCQLINNDG	TIILAEDGS	:	581		
CT858_E	:	GFVFMVQFPNRTGIKTC	SLTGSLAVREHGAFIENIGVEPHIDL	PFTANDIRYKG	SEYLDKVKKLVCQLINNDG	TIILAEDGS	:	581		
CT858_G	:	GFVFMVQFPNRTGIKTC	SLTGSLAVREHGAFIENIGVEPHIDL	PFTANDIRYKG	SEYLDKVKKLVCQLINNDG	TIILAEDGS	:	581		
CT858_H	:	GFVFMVQFPNRTGIKTC	SLTGSLAVREHGAFIENIGVEPHIDL	PFTANDIRYKG	SEYLDKVKKLVCQLINNDG	TIILAEDGS	:	581		
CT858_I	:	GFVFMVQFPNRTGIKTC	SLTGSLAVREHGAFIENIGVEPHIDL	PFTANDIRYKG	SEYLDKVKKLVCQLINNDG	TIILAEDGS	:	581		
CT858_J	:	GFVFMVQFPNRTGIKTC	SLTGSLAVREHGAFIENIGVEPHIDL	PFTANDIRYKG	SEYLDKVKKLVCQLINNDG	TIILAEDGS	:	581		
CT858_K	:	GFVFMVQFPNRTGIKTC	SLTGSLAVREHGAFIENIGVEPHIDL	PFTANDIRYKG	SEYLDKVKKLVCQLINNDG	TIILAEDGS	:	581		
CT858_L2	:	GFVFMVQFPNRTGIKTC	SLTGSLAVREHGAFIENIGVEPHIDL	PFTANDIRYKG	SEYLDKVKKLVCQLINNDG	TIILAEDGS	:	581		
CT858_A	:	F	:	582						
CT858_B	:	F	:	582						
CT858_D	:	F	:	582						
CT858_E	:	F	:	582						
CT858_G	:	F	:	582						
CT858_H	:	F	:	582						
CT858_I	:	F	:	582						
CT858_J	:	F	:	582						
CT858_K	:	F	:	582						
CT858_L2	:	F	:	582						

- + : Cambio de aminoácido no conservador.
- : Cambio de aminoácido conservador.

Recuadros

grises: Epítotos HLA DRB1 predichos (serotipo E).

Aminoácidos con grupos polares cargados (D, E, K, R, H).

Aminoácidos con grupos R polares no cargados (G, S, T, C, Y, N, Q).

Aminoácidos con grupos R no polares (A, V, L, I, P, F, W, M).

FIG. 8a

Secuencias de aminoácidos de CT875

CT875_A	MSIRGVGGNGNSRIPSHNGDGSNRRSQNTK--KKVEDRVRSLYSSRSNENRESFYAVVDVSSMIESTPTSGETTRASRGVFSR	: 81
CT875_B	MSIRGVGGNGNSRIPSHNGDGSNRRSQNTK--KKVEDRVRSLYSSRSNENRESFYAVVDVSSMIESTPTSGETTRASRGVFSR	: 81
CT875_D	MSIRGVGGNGNSRIPSHNGDGSNRRSQNTKGNKKVEDRVCSLYSSRSNENRESFYAVVDVSSMIESTPTSGETTRASRGVFSR	: 83
CT875_E	MSIRGVGGNGNSRIPSHNGDGSNRRSQNTKGNKKVEDRVCSLYSSRSNENRESFYAVVDVSSMIESTPTSGETTRASRGVFSR	: 83
CT875_G	MSIRGVGGNGNSRIPSHNGDGSNRRSQNTKGNKKVEDRVCSLYSSRSNENRESFYAVVDVSSMIESTPTSGETTRASRGVFSR	: 83
CT875_H	MSIRGVGGNGNSRIPSHNGDGSNRRSQNTKGNKKVEDRVCSLYSSRSNENRESFYAVVDVSSMIESTPTSGETTRASRGVFSR	: 83
CT875_I	MSIRGVGGNGNSRIPSHNGDGSNRRSQNTKGNKKVEDRVCSLYSSRSNENRESFYAVVDVSSMIESTPTSGETTRASRGVFSR	: 83
CT875_J	MSIRGVGGNGNSRIPSHNGDGSNRRSQNTKGNKKVEDRVCSLYSSRSNENRESFYAVVDVSSMIESTPTSGETTRASRGVFSR	: 83
CT875_K	MSIRGVGGNGNSRIPSHNGDGSNRRSQNTKGNKKVEDRVCSLYSSRSNENRESFYAVVDVSSMIESTPTSGETTRASRGVFSR	: 83
CT875_L2	MSIRGVGGNGNSRIPSHNGDGSNRRSQNTKGNKKVEDRVCSLYSSRSNENRESFYAVVDVSSMIESTPTSGETTRASRGVFSR	: 83
CT875_A	FQRLGLRVADKVRRAVQRAWSSVSTRSSATRAAESRSSSTARGASSGYKEYSPSAARGLRLMFTDFWTRVLRQTSPIAGV	: 164
CT875_B	FQRLGLRVADKVRRAVQRAWSSVSTRSSATRAAESRSSSTARGASSGYKEYSPSAARGLRLMFTDFWTRVLRQTSPIAGV	: 164
CT875_D	FQRLGLRVADKVRRAVQCAWSSVSTRSSATRAAESRSSSTARGASSGYKEYSPSAARGLRLMFTDFWTRVLRQTSPIAGV	: 166
CT875_E	FQRLGLRVADKVRRAVQCAWSSVSTRSSATRAAESRSSSTARGASSGYKEYSPSAARGLRLMFTDFWTRVLRQTSPIAGV	: 166
CT875_G	FQRLGLRVADKVRRAVQCAWSSVSTRSSATRAAESRSSSTARGASSGYKEYSPSAARGLRLMFTDFWTRVLRQTSPIAGV	: 166
CT875_H	FQRLGLRVADKVRRAVQCAWSSVSTRSSATRAAESRSSSTARGASSGYKEYSPSAARGLRLMFTDFWTRVLRQTSPIAGV	: 166
CT875_I	FQRLGLRVADKVRRAVQCAWSSVSTRSSATRAAESRSSSTARGASSGYKEYSPSAARGLRLMFTDFWTRVLRQTSPIAGV	: 166
CT875_J	FQRLGLRVADKVRRAVQCAWSSVSTRSSATRAAESRSSSTARGASSGYKEYSPSAARGLRLMFTDFWTRVLRQTSPIAGV	: 165
CT875_K	FQRLGLRVADKVRRAVQCAWSSVSTRSSATRAAESRSSSTARGASSGYKEYSPSAARGLRLMFTDFWTRVLRQTSPIAGV	: 166
CT875_L2	FQRLGLRVADKVRRAVQCAWSSVSTRSSATRAAESRSSSTARGASSGYKEYSPSAARGLRLMFTDFWTRVLRQTSPIAGV	: 165
CT875_A	FGNLDVNEARLMAAYTSECADHLEAKELAGPDGVAAAREIAKRWKRVRLQDKGAARKLLNDPLGRRTPNYQSKNPGEYTVG	: 247
CT875_B	FGNLDVNEARLMAAYTSECADHLEAKELAGPDGVAAAREIAKRWKRVRLQDKGAARKLLNDPLGRRTPNYQSKNPGEYTVG	: 247
CT875_D	FGNLDVNEARLMAAYTSECADHLEAKELAGPDGVAAAREIAKRWKRVRLQDKGAARKLLNDPLGRRTPNYQSKNPGEYTVG	: 249
CT875_E	FGNLDVNEARLMAAYTSECADHLEAKELAGPDGVAAAREIAKRWKRVRLQDKGAARKLLNDPLGRRTPNYQSKNPGEYTVG	: 249
CT875_G	FGNLDVNEARLMAAYTSECADHLEAKELAGPDGVAAAREIAKRWKRVRLQDKGAARKLLNDPLGRRTPNYQSKNPGEYTVG	: 249
CT875_H	FGNLDVNEARLMAAYTSECADHLEAKELAGPDGVAAAREIAKRWKRVRLQDKGAARKLLNDPLGRRTPNYQSKNPGEYTVG	: 249
CT875_I	FGNLDVNEARLMAAYTSECADHLEAKELAGPDGVAAAREIAKRWKRVRLQDKGAARKLLNDPLGRRTPNYQSKNPGEYTVG	: 249
CT875_J	FGNLDVNEARLMAAYTSECADHLEAKELAGPDGVAAAREIAKRWKRVRLQDKGAARKLLNDPLGRRTPNYQSKNPGEYTVG	: 248
CT875_K	FGNLDVNEARLMAAYTSECADHLEAKELAGPDGVAAAREIAKRWKRVRLQDKGAARKLLNDPLGRRTPNYQSKNPGEYTVG	: 249
CT875_L2	FGNLDVNEARLMAAYTSECADHLEAKELAGPDGVAAAREIAKRWKRVRLQDKGAARKLLNDPLGRRTPNYQSKNPGEYTVG	: 248
CT875_A	NSMFYDGPQVANLQNVDTGFVLDHNSLSDVLSREIQGLARATLEESPHLENLEERFRLQETCDAAATEIEESGVTRES	: 330
CT875_B	NSMFYDGPQVANLQNVDTGFVLDHNSLSDVLSREIQGLARATLEESPHLENLEERFRLQETCDAAATEIEESGVTRES	: 330
CT875_D	NSMFYDGPQVANLQNVDTGFVLDHNSLSDVLSREIQGLARATLEESPHLENLEERFRLQETCDAAATEIEESGVTRES	: 332
CT875_E	NSMFYDGPQVANLQNVDTGFVLDHNSLSDVLSREIQGLARATLEESPHLENLEERFRLQETCDAAATEIEESGVTRES	: 332
CT875_G	NSMFYDGPQVANLQNVDTGFVLDHNSLSDVLSREIQGLARATLEESPHLENLEERFRLQETCDAAATEIEESGVTRES	: 332
CT875_H	NSMFYDGPQVANLQNVDTGFVLDHNSLSDVLSREIQGLARATLEESPHLENLEERFRLQETCDAAATEIEESGVTRES	: 332
CT875_I	NSMFYDGPQVANLQNVDTGFVLDHNSLSDVLSREIQGLARATLEESPHLENLEERFRLQETCDAAATEIEESGVTRES	: 332
CT875_J	NSMFYDGPQVANLQNVDTGFVLDHNSLSDVLSREIQGLARATLEESPHLENLEERFRLQETCDAAATEIEESGVTRES	: 331
CT875_K	NSMFYDGPQVANLQNVDTGFVLDHNSLSDVLSREIQGLARATLEESPHLENLEERFRLQETCDAAATEIEESGVTRES	: 332
CT875_L2	NSMFYDGPQVANLQNVDTGFVLDHNSLSDVLSREIQGLARATLEESPHLENLEERFRLQETCDAAATEIEESGVTRES	: 331
CT875_A	ASRMEGDEAQGPSRAQQAFQSFVNECNSTIEFSFGSGFGEHVRVLCARVSRGLAAGEATIRRCFSCCKGSTHRYAPRDDLSPEGA	: 413
CT875_B	ASRMEGDEAQGPSRAQQAFQSFVNECNSTIEFSFGSGFGEHVRVLCARVSRGLAAGEATIRRCFSCCKGSTHRYAPRDDLSPEGA	: 413
CT875_D	ASRMEGDEAQGPSRAQQAFQSFVNECNSTIEFSFGSGFGEHVRVLCARVSRGLAAGEATIRRCFSCCKGSTHRYAPRDDLSPEGA	: 415
CT875_E	ASRMEGDEAQGPSRAQQAFQSFVNECNSTIEFSFGSGFGEHVRVLCARVSRGLAAGEATIRRCFSCCKGSTHRYAPRDDLSPEGA	: 415
CT875_G	ASRMEGDEAQGPSRAQQAFQSFVNECNSTIEFSFGSGFGEHVRVLCARVSRGLAAGEATIRRCFSCCKGSTHRYAPRDDLSPEGA	: 415
CT875_H	ASRMEGDEAQGPSRAQQAFQSFVNECNSTIEFSFGSGFGEHVRVLCARVSRGLAAGEATIRRCFSCCKGSTHRYAPRDDLSPEGA	: 415
CT875_I	ASRMEGDEAQGPSRAQQAFQSFVNECNSTIEFSFGSGFGEHVRVLCARVSRGLAAGEATIRRCFSCCKGSTHRYAPRDDLSPEGA	: 415
CT875_J	ASRMEGDEAQGPSRAQQAFQSFVNECNSTIEFSFGSGFGEHVRVLCARVSRGLAAGEATIRRCFSCCKGSTHRYAPRDDLSPEGA	: 414
CT875_K	ASRMEGDEAQGPSRAQQAFQSFVNECNSTIEFSFGSGFGEHVRVLCARVSRGLAAGEATIRRCFSCCKGSTHRYAPRDDLSPEGA	: 415
CT875_L2	ASRMEGDEAQGPSRAQQAFQSFVNECNSTIEFSFGSGFGEHVRVLCARVSRGLAAGEATIRRCFSCCKGSTHRYAPRDDLSPEGA	: 414
CT875_A	SLAETLARFADDMGIERGADGTYDIPLVDDWRRGVPSIEGEGSDSYEIMMPIYEVNMDLETTRRSFAVQQGHYQDPRASDYD	: 496
CT875_B	SLAETLARFADDMGIERGADGTYDIPLVDDWRRGVPSIEGEGSDSYEIMMPIYEVNMDLETTRRSFAVQQGHYQDPRASDYD	: 496
CT875_D	SLAETLARFADDMGIERGADGTYDIPLVDDWRRGVPSIEGEGSDSYEIMMPIYEVNMDLETTRRSFAVQQGHYQDPRASDYD	: 498
CT875_E	SLAETLARFADDMGIERGADGTYDIPLVDDWRRGVPSIEGEGSDSYEIMMPIYEVNMDLETTRRSFAVQQGHYQDPRASDYD	: 498
CT875_G	SLAETLARFADDMGIERGADGTYDIPLVDDWRRGVPSIEGEGSDSYEIMMPIYEVNMDLETTRRSFAVQQGHYQDPRASDYD	: 498
CT875_H	SLAETLARFADDMGIERGADGTYDIPLVDDWRRGVPSIEGEGSDSYEIMMPIYEVNMDLETTRRSFAVQQGHYQDPRASDYD	: 498
CT875_I	SLAETLARFADDMGIERGADGTYDIPLVDDWRRGVPSIEGEGSDSYEIMMPIYEVNMDLETTRRSFAVQQGHYQDPRASDYD	: 498
CT875_J	SLAETLARFADDMGIERGADGTYDIPLVDDWRRGVPSIEGEGSDSYEIMMPIYEVNMDLETTRRSFAVQQGHYQDPRASDYD	: 497
CT875_K	SLAETLARFADDMGIERGADGTYDIPLVDDWRRGVPSIEGEGSDSYEIMMPIYEVNMDLETTRRSFAVQQGHYQDPRASDYD	: 498
CT875_L2	SLAETLARFADDMGIERGADGTYDIPLVDDWRRGVPSIEGEGSDSYEIMMPIYEVNMDLETTRRSFAVQQGHYQDPRASDYD	: 497

FIG. 8b

	00	*	520	*	540	*	560	*	580	
CT875_A	:	LPRASDYDLPRSPYPTFPPLPRFYQLQNHDEAGFREAVYASFFVAGHYNVVTQPOERIPNSQQVEGILRDMLTNGSQTFRDLM	:	579						
CT875_B	:	LPRASDYDLPRSPYPTFPPLPRFYQLQNHDEAGFREAVYASFFVAGHYNVVTQPOERIPNSQQVEGILRDMLTNGSQTFRDLM	:	579						
CT875_D	:	LPRASDYDLPRSPYPTFPPLPRFYQLQNHDEAGFREAVYASFFVAGHYNVVTQPOERIPNSQQVEGILRDMLTNGSQTFRDLM	:	581						
CT875_E	:	LPRASDYDLPRSPYPTFPPLPRFYQLQNHDEAGFREAVYASFFVAGHYNVVTQPOERIPNSQQVEGILRDMLTNGSQTFRDLM	:	581						
CT875_G	:	LPRASDYDLPRSPYPTFPPLPRFYQLQNHDEAGFREAVYASFFVAGHYNVVTQPOERIPNSQQVEGILRDMLTNGSQTFRDLM	:	581						
CT875_H	:	LPRASDYDLPRSPYPTFPPLPRFYQLQNHDEAGFREAVYASFFVAGHYNVVTQPOERIPNSQQVEGILRDMLTNGSQTFRDLM	:	581						
CT875_I	:	LPRASDYDLPRSPYPTFPPLPRFYQLQNHDEAGFREAVYASFFVAGHYNVVTQPOERIPNSQQVEGILRDMLTNGSQTFRDLM	:	581						
CT875_J	:	LPRASDYDLPRSPYPTFPPLPRFYQLQNHDEAGFREAVYASFFVAGHYNVVTQPOERIPNSQQVEGILRDMLTNGSQTFRDLM	:	580						
CT875_K	:	LPRASDYDLPRSPYPTFPPLPRFYQLQNHDEAGFREAVYASFFVAGHYNVVTQPOERIPNSQQVEGILRDMLTNGSQTFRDLM	:	581						
CT875_L2	:	LPRASDYDLPRSPYPTFPPLPRFYQLQNHDEAGFREAVYASFFVAGHYNVVTQPOERIPNSQQVEGILRDMLTNGSQTFRDLM	:	580						

	*			
CT875_A	:	KRWNRVDRE	:	589
CT875_B	:	KRWNRVDRE	:	589
CT875_D	:	KRWNRVDRE	:	591
CT875_E	:	KRWNRVDRE	:	591
CT875_G	:	KRWNRVDRE	:	591
CT875_H	:	KRWNRVDRE	:	591
CT875_I	:	KRWNRVDRE	:	591
CT875_J	:	KRWNRVDRE	:	590
CT875_K	:	KRWNRVDRE	:	591
CT875_L2	:	KRWNRVDRE	:	590

- + : Cambio de aminoácido no conservador.
- : Cambio de aminoácido conservador.

Recuadros
grises: Epítomos HLA DRB1 predichos (serotipo E).

- Aminoácidos con grupos polares cargados (D, E, K, R, H).
- Aminoácidos con grupos R polares no cargados (G, S, T, C, Y, N, Q).
- Aminoácidos con grupos R no polares (A, V, L, I, P, F, W, M).

FIG. 9

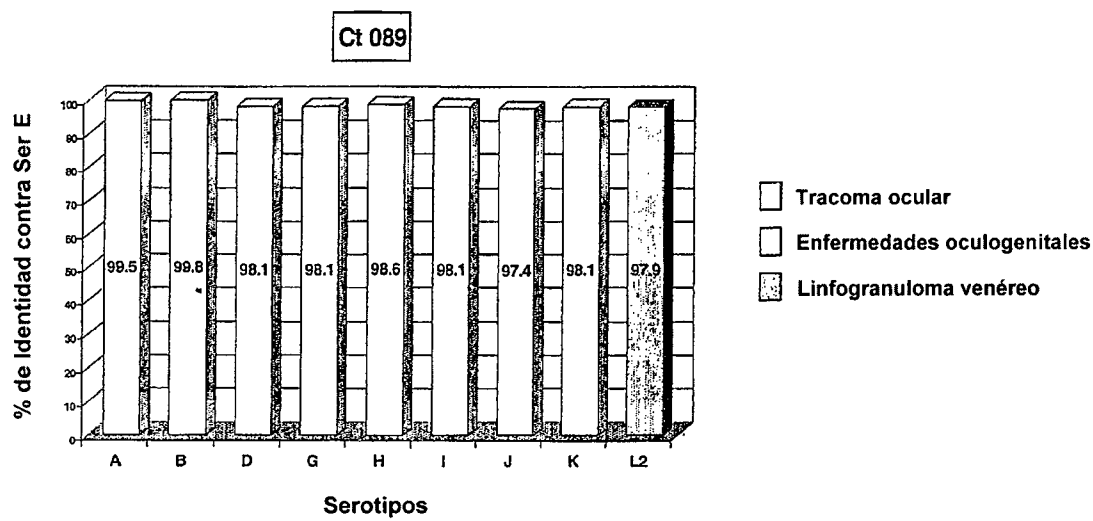


FIG. 10

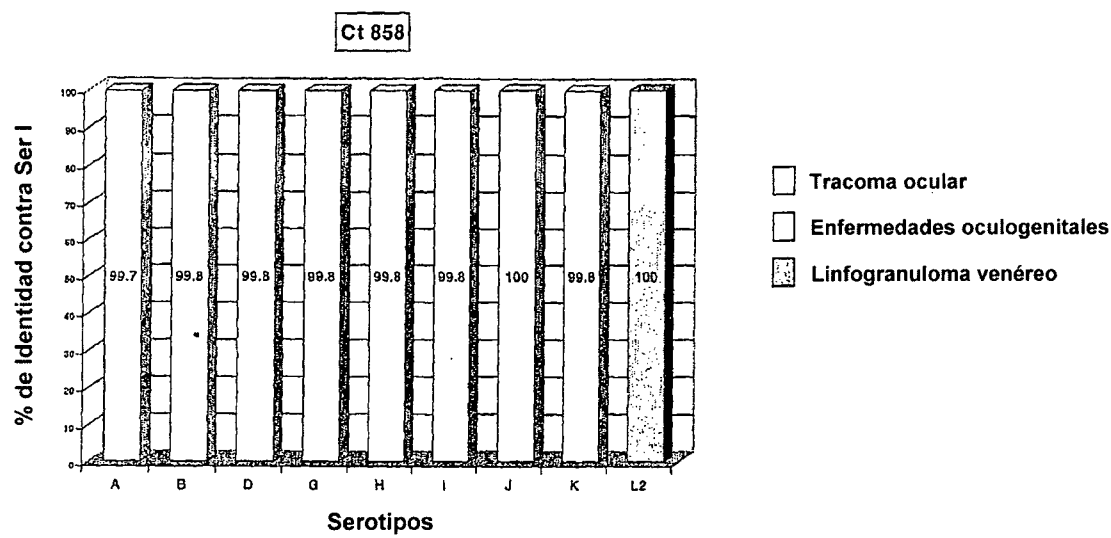


FIG. 11

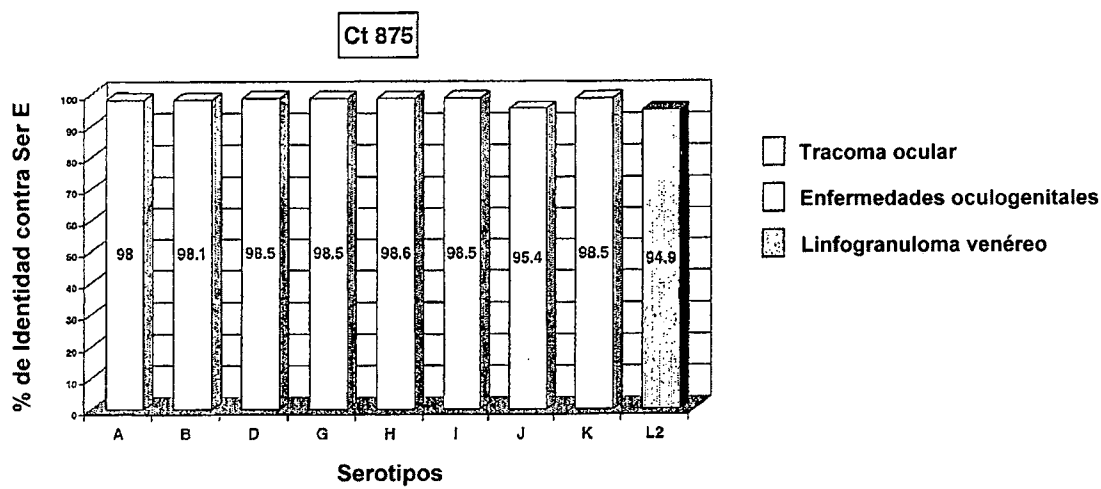


FIG. 12

CT089-SerE	MTASGGAGGLGSTQTVDVARAQAAAAATQDAQEVIGSQEASEASMLKGCED	50
CT089 serD	MTASGGAGGLGSTQTVDVARAQAAAAATQDAQEVIGSQEASEASMLKGCED	50
CT089 Cpn	MAASGGTGGGLGGTQGVNLAAVEAAAAKADAAEFVVASQEGSEMNMQQSQD	50
CT089 Mopn	MTASGGAGGLGGTQTVDVARAQAAAAATQDAQEVIGSQEASEASMLKGCED	50
CT089-SerE	LINPAAATRIKKKEEFESLEARRKPTADKAEKKSESTEELKGDTPLEDRE	100
CT089 serD	LINPAAATRIKKKEEFESLEARRKPTADKAEKKSESTEELKGDTPLEDRE	100
CT089 Cpn	LINPAAATRIKKKEEFESLEARRKPTADKAEKKSESTEELKGDTPLEDRE	100
CT089 Mopn	LINPAAATRIKKKEEFESLEARRKPTADKAEKKSESTEELKGDTPLEDRE	99
CT089-SerE	TEDLSEVSGEDFRGLKNSFDDSSPEELDALTSKFSDPITIKDLALDYLI	150
CT089 serD	TEDLSEVSGEDFRGLKNSFDDSSPEELDALTSKFSDPITIKDLALDYLI	150
CT089 Cpn	ASGNSEISGOHLRGLRDAIGDDASPEELDALVQEKIKDPALQSTALDYLV	150
CT089 Mopn	TENLSDVSGEDFRGLKNSFDDSSPEELDALTSKFSDPITIKDLALDYLI	149
CT089-SerE	QTAPS-DRKLKSAIQAQHQLMSQNPQAI VGGRNVLASETFASRANTSP	199
CT089 serD	QTAPS-DRKLKSAIQAQHQLMSQNPQAI VGGRNVLASETFASRANTSP	199
CT089 Cpn	QTTPPSQGNLKEALIQAQNTHTEQEGRTAIGAKNLEASQEYADQLNVSP	200
CT089 Mopn	QSSPP-DRKLKSAIQAQNTHTEQEGRTAIGAKNLEASQEYADQLNVSP	198
CT089-SerE	SSLRSLYLQVTSPPSNCNLRQMLAS-YLPSEKTAVMEFLVNGMVADLKS	248
CT089 serD	SSLRSLYLQVTSPPSNCNLRQMLAS-YLPSEKTAVMEFLVNGMVADLKS	248
CT089 Cpn	SSLRSLYLQVTSPPSNCNLRQMLAS-YLPSEKTAVMEFLVNGMVADLKS	250
CT089 Mopn	ASLRALYLTQVTSPPSNCNLRQMLAS-YLPSEKTAVMEFLVNGMVADLKS	247
CT089-SerE	EGPSIPPAKLQVYMTIELSNLQALHSVDSFFDRNIGNLENSLKHEGHAPIP	298
CT089 serD	EGPSIPPAKLQVYMTIELSNLQALHSVDSFFDRNIGNLENSLKHEGHAPIP	298
CT089 Cpn	QGPYVPSAQQLQVMTIELSNLQALHSVDSFFDRNIGNLENSLKHEGHAPIP	300
CT089 Mopn	GGPSIPPAQLQVYMTIELSNLQALHSVDSFFDRNIGNLENSLKHEGHAPIP	297
CT089-SerE	SLTTGNLTKTFLQLVEDKFPSSSKAKALNELVGPDTGPGQTEVLNLFRA	348
CT089 serD	SLTTGNLTKTFLQLVEDKFPSSSKAKALNELVGPDTGPGQTEVLNLFRA	348
CT089 Cpn	DLNFVKVAESYHKIINQKFPASRVEREVNLIQDDVDSVTGLNLFSA	350
CT089 Mopn	SLTPSNLAQTFLQLVEDKFPSSSKAKALNELVGPDTGPGQTEVLNLFRA	347
CT089-SerE	LNGCSPRIEFGAEKKQQLASVITNTLDAINADNEDYPKPGDFPRSSFSST	398
CT089 serD	LNGCSPRIEFGAEKKQQLASVITNTLDAINADNEDYPKPGDFPRSSFSST	398
CT089 Cpn	LRQTSRLFSFSSADKQQLGAMANALDAVINNEDYPKASDFPKPY----	396
CT089 Mopn	LNGCSPRIEFGAEKKQQLASVITNTLDAINADNEDYPKPGDFPRSSFSST	397
CT089-SerE	PPHAPVPQSEIPTSPSTSTQPPSP	421
CT089 serD	PPHAPVPQSEIPTSPSTSTQPPSP	421
CT089 Cpn	-----PWS	399
CT089 Mopn	PPHAPVSLSDIPSA--TENSADQ	418

Decoración "Decoración #1: Los residuos sombreados (con negro sólido) que concuerdan exactamente con CT089-SerE.

SC9

FIG. 13

Ct858-E	MGFWRTSI MKMNRIL WLLLLTFSSAIHSPVQG	50
Ct858-D	MGFWRTSI MKMNRIL WLLLLTFSSAIHSPVQG	50
Ct858-L2	MGFWRTSI MKMNRIL WLLLLTFSSAIHSPVQG	50
Ct858-Cp	M-----KKGKLGAIYFGLLFTSSV--AGPSKDLTKDNAYQDLNVIHLL	42
Ct858-Mopn	M-----KMNRI L LLLLLTFSSAIHSPV L HGESLVCKNALKDLFLEHLL	42
Ct858-E	QVKYAPKTWKEQYLGWDLVQSSVSAAQQLRTOENPSTSFCCQVVLADFI GG	100
Ct858-D	QVKYAPKTWKEQYLGWDLVQSSVSAAQQLRTOENPSTSFCCQVVLADFI GG	100
Ct858-L2	QVKYAPKTWKEQYLGWDLVQSSVSAAQQLRTOENPSTSFCCQVVLADFI GG	100
Ct858-Cp	SLKYAPLPWKEQLFGWDLVQQTQARLQLVLEEKPTFNYSQKVLNYSVR	92
Ct858-Mopn	QVKYAPKTWKEQYLGWDLVSKSSVFAEQLLRSDNPNSTSFCCQVVLADFI GA	92
Ct858-E	LNDFHAGVTFFAIESAYLPYTVQKSSDGRFYFVDIMTFSSSEIRVGDELLE	150
Ct858-D	LNDFHAGVTFFAIESAYLPYTVQKSSDGRFYFVDIMTFSSSEIRVGDELLE	150
Ct858-L2	LNDFHAGVTFFAIESAYLPYTVQKSSDGRFYFVDIMTFSSSEIRVGDELLE	150
Ct858-Cp	LNDYHAGITFYRTESAYIPYVLKLSLSDGHVVFVDVQTSQGDLYLSDLE	142
Ct858-Mopn	LSDFHAGVSPFAVESAYLPYSVQKSSDGRFYFVDIMTFSSSEIRVGDELLE	142
Ct858-E	VDGAPVQDVLATL YGSNHKGTAAEESAALRTLFSRMASLGHKVPSGRIT	199
Ct858-D	VDGAPVQDVLATL YGSNHKGTAAEESAALRTLFSRMASLGHKVPSGRIT	199
Ct858-L2	VDGAPVQDVLATL YGSNHKGTAAEESAALRTLFSRMASLGHKVPSGRIT	199
Ct858-Cp	VDGMGIRBAIESRFG--RGSADYSAARSLTSRSAAFGDAVPSGAM	189
Ct858-Mopn	VDGQPVIAEALATL YGTNHKGTAAEESAALRTLFSRMASLGHKVPSGRIT	191
Ct858-E	LKIRRPFGTTREVRVWRYVPVPGVGDLATIAPSI--RAPQLQKSMRSFFP	247
Ct858-D	LKIRRPFGTTREVRVWRYVPVPGVGDLATIAPSI--RAPQLQKSMRSFFP	247
Ct858-L2	LKIRRPFGTTREVRVWRYVPVPGVGDLATIAPSI--RAPQLQKSMRSFFP	247
Ct858-Cp	LKLRPSPGLIRSTPVRWRYTPEHIGDESIVAPLIPBHKPCLEPTQSCVLF	239
Ct858-Mopn	LKVRSSSSSVKDVRAKWRITPESVGDLATIAPSI--KAPOLQKSMRGAFF	239
Ct858-E	RKDDAFHRSSSLFYSFPMVPHFWAELRNHYATSGLRSGYNI GSTDGLPVI	297
Ct858-D	RKDDAFHRSSSLFYSFPMVPHFWAELRNHYATSGLRSGYNI GSTDGLPVI	297
Ct858-L2	RKDDAFHRSSSLFYSFPMVPHFWAELRNHYATSGLRSGYNI GSTDGLPVI	297
Ct858-Cp	SGVNSQSSSLFSSYNVPYFWELRVQ-NKQRFDSNHHI GSRNGFLPTF	288
Ct858-Mopn	RKESVFIQSSITLFYSFPMVPHFWSEFRNHYATSGLRSGYNI GSTDGLPVI	289
Ct858-E	GPVIWESEGLFRAYISSVTDDGKSHKVGFLRIPTYSWQDMEDFDPSPG	346
Ct858-D	GPVIWESEGLFRAYISSVTDDGKSHKVGFLRIPTYSWQDMEDFDPSPG	346
Ct858-L2	GPVIWESEGLFRAYISSVTDDGKSHKVGFLRIPTYSWQDMEDFDPSPG	346
Ct858-Cp	GPLWEQDKFYSYIFKAKDSQNPRI GFLRISSSVWDEGLEEDHK	338
Ct858-Mopn	GPVIWESDGLFRAYIFPKLVDENGRSHNVGFRPTTYGWOEMEDLSIGT	338
Ct858-E	PPWEEFAKIIQVFSSNTEALIIIDQTNPPGGSVLYLYALLSMLTDRPLEL	395
Ct858-D	PPWEEFAKIIQVFSSNTEALIIIDQTNPPGGSVLYLYALLSMLTDRPLEL	395
Ct858-L2	PPWEEFAKIIQVFSSNTEALIIIDQTNPPGGSVLYLYALLSMLTDRPLEL	395
Ct858-Cp	DSPWELFGBIIDHLEKETIDALIIDQTNPPGGSVLYLYALLSMLTDRPLEL	388
Ct858-Mopn	PPWEEFAKIIITLFSKKTALIIIDQTNPPGGSVLYLYALLSMLTDRPLEL	387
Ct858-E	PKHRMILTQDEVDALDWTLLLENVDTNVESRLALGDNMEGYTVDLQVAE	445
Ct858-D	PKHRMILTQDEVDALDWTLLLENVDTNVESRLALGDNMEGYTVDLQVAE	445
Ct858-L2	PKHRMILTQDEVDALDWTLLLENVDTNVESRLALGDNMEGYTVDLQVAE	445
Ct858-Cp	PKHRMILTQDEVDSSALHMODLEDDVTDQAVAVGETMEGYCMHMAVA	438
Ct858-Mopn	PKHRMILTQDEVDALDWTLLLENVDTNVAEALALGDNMEGYPI DLQVAE	437
Ct858-E	YLKSPGRQVLCNWSKGDIELSTPIPLFGFEKIHPHPRVQYSKPICVLINE	495
Ct858-D	YLKSPGRQVLCNWSKGDIELSTPIPLFGFEKIHPHPRVQYSKPICVLINE	495
Ct858-L2	YLKSPGRQVLCNWSKGDIELSTPIPLFGFEKIHPHPRVQYSKPICVLINE	495
Ct858-Cp	SLQNFSQSVLSSWVSDDI NLSKPMPLGFAQVRPHPKHQTSPFLMI DE	488
Ct858-Mopn	YLKSPFAHNVLA CWKN GDIELSTPIPLFGFEKIHPHPRVQYTKPICVLINE	487
Ct858-E	QDFSCADFFPVVLKDNDRALIVGTRTAGAGGFVFNVOFPNRTGIKTCSLT	545
Ct858-D	QDFSCADFFPVVLKDNDRALIVGTRTAGAGGFVFNVOFPNRTGIKTCSLT	545
Ct858-L2	QDFSCADFFPVVLKDNDRALIVGTRTAGAGGFVFNVOFPNRTGIKTCSLT	545
Ct858-Cp	DDFSCADLAPAILKDNDRALLIISKPFAGAGGFVFNVOFPNRTGIKTCSLT	538
Ct858-Mopn	QDFSCADFFPAI LKDNDRALVVGTRTAGAGGFVFNVOFPNRTGIKTCSLT	537
Ct858-E	GSLAVREHGAFIENIGVEPHIDLPFTANDIRYKGYSEYLDKVKKLV---	591
Ct858-D	GSLAVREHGAFIENIGVEPHIDLPFTANDIRYKGYSEYLDKVKKLV---	591
Ct858-L2	GSLAVREHGAFIENIGVEPHIDLPFTANDIRYKGYSEYLDKVKKLV---	591
Ct858-Cp	GSLAVRKDEEIEENIGVAPHIDLGFTSRDLQTSRFTDYVEAVKTI VLTS L	588
Ct858-Mopn	GSLAVREHGDLIENIGVEPHIDLPFTANDIRYKGYSEYLDKVKKLV---	583
Ct858-E	-----TOLINNDGTIIL-----AEDGSF	609
Ct858-D	-----TOLINNDGTIIL-----AEDGSF	609
Ct858-L2	-----TOLINNDGTIIL-----AEDGSF	609
Ct858-Cp	SENAKKSEBTSPQETPEVIRVSYPTTTSAS	619
Ct858-Mopn	-----AOLINNDGTIIL-----SEDGSF	601

Decoración "Decoración #1: Los residuos sombreados (con negro sólido) que concuerdan exactamente con CT858-E.

Cp = CpN

FIG. 14

```

      *      20      *      40      *      60
CT875_E.pr : -----MSIRGVCGNGNS--RIPSHNGDGSNRRSQNTKGNMKVEDRVCSLYS---SR : 46
CT875_D.pr : -----MSIRGVCGNGNS--RIPSHNGDGSNRRSQNTKGNMKVEDRVCSLYS---SR : 46
CT875_MOPN : MFYFLGWVFMGLKGVGGSSESDYPIPSHNGDGESEKNSSDSTSSKNAKVTSSLOGAPST : 60

      *      80      *      100     *      120
CT875_E.pr : SNENRESPYAVVDVSSMIESTPTSGETTR-----ASRGVLSRFQR : 86
CT875_D.pr : SNENRESPYAVVDVSSMIESTPTSGETTR-----ASRGVLSRFQR : 86
CT875_MOPN : NDENSVPYSVVDVTDLIESGESRRHVKKSIETEEAAHRESSVEGAGHSSRCIFGRLOA : 120

      *      140     *      160     *      180
CT875_E.pr : GLVRIADKVRRAVQCAWSSVSTRSSATRAAESGSSSRTARGASSGYREYSPSAARGLRL : 146
CT875_D.pr : GLVRIADKVRRAVQCAWSSVSTRSSATRAAESGSSSRTARGASSGYREYSPSAARGLRL : 146
CT875_MOPN : GLGLARRRVGEAVRNTVGSIFPQR-----ASAERTGKAR-T---KYSPSASRGLRL : 168

      *      200     *      220     *      240
CT875_E.pr : MFTDFWRTRVLRQTSFHAGVFGNLDVNEARLMAAYTSECADHLEAKELAGPDGVAAARET : 206
CT875_D.pr : MFTDFWRTRVLRQTSFHAGVFGNLDVNEARLMAAYTSECADHLEAKELAGPDGVAAARET : 206
CT875_MOPN : MFTDFWRTRVLRQTSFHAGVFGNLDVNEARLMAAYTSECADHLEAKELAGPDGVAAARET : 228

      *      260     *      280     *      300
CT875_E.pr : AKRWELKVRDLQDKGAARKLLNDPLGRRTPNYQSKNPGHYTVGNMFMFDGPGVANLQNV : 266
CT875_D.pr : AKRWELKVRDLQDKGAARKLLNDPLGRRTPNYQSKNPGHYTVGNMFMFDGPGVANLQNV : 266
CT875_MOPN : AKRWELKVRDLQDKGAARKLLNDPLGRRTPNYQSKNPGHYTVGNMFMFDGPGVANLQNV : 288

      *      320     *      340     *      360
CT875_E.pr : TGFWLDMSNLSDVLSREIQTGLRARATLEESMPMLENLERFRRLQETCDAARTEIEES : 326
CT875_D.pr : TGFWLDMSNLSDVLSREIQTGLRARATLEESMPMLENLERFRRLQETCDAARTEIEES : 326
CT875_MOPN : TGFWLDMSNLSDVLSREIQTGLRARATLEESMPMLENLERFRRLQETCDAARTEIEES : 348

      *      380     *      400     *      420
CT875_E.pr : GWTRESASKMEGDEAQQPSRVQQAQSFVNECNSIEFSFGSGEHVRLCARVSRGLAAA : 386
CT875_D.pr : GWTRESASKMEGDEAQQPSRVQQAQSFVNECNSIEFSFGSGEHVRLCARVSRGLAAA : 386
CT875_MOPN : GWTRESASKMEGDEAQQPSRVQQAQSFVNECNSIEFSFGSGEHVRLCARVSRGLAAA : 399

      *      440     *      460     *      480
CT875_E.pr : GEAIRRCFSCCKGSTHRYAPRDDLSPEGASLAETLARFADDNGIERGADGTVDIPLVDDW : 446
CT875_D.pr : GEAIRRCFSCCKGSTHRYAPRDDLSPEGASLAETLARFADDNGIERGADGTVDIPLVDDW : 446
CT875_MOPN : GEAIRRCFSCCKGSTHRYAPRDDLSPEGASLAETLARFADDNGIERGADGTVDIPLVDDW : 456

      *      500     *      520     *      540
CT875_E.pr : RRGVPSIEGEGSDSIYEIMMP-----IYEVNMDLETRRSFAVQGGHYQDPRAS--DY : 497
CT875_D.pr : RRGVPSIEGEGSDSIYEIMMP-----IYEVNMDLETRRSFAVQGGHYQDPRAS--DY : 497
CT875_MOPN : RRGVPSIEGEGSDSIYEIMMP-----IYEVNMDLETRRSFAVQGGHYQDPRAS--DY : 516

      *      560     *      580     *      600
CT875_E.pr : DLPRASDYDLPR-----SPYFTPLPPRYQLQNDVVEAGFREAVYASPVAGMNYVVTQ : 553
CT875_D.pr : DLPRASDYDLPR-----SPYFTPLPPRYQLQNDVVEAGFREAVYASPVAGMNYVVTQ : 553
CT875_MOPN : DLPRASDYDLPR-----SPYFTPLPPRYQLQNDVVEAGFREAVYASPVAGMNYVVTQ : 576

      *      620     *
CT875_E.pr : ERIPNSQQVEGILRDMLTNGSQTFRDLMKRWREVDRE : 591
CT875_D.pr : ERIPNSQQVEGILRDMLTNGSQTFRDLMKRWREVDRE : 591
CT875_MOPN : ERIPNSQQVEGILRDMLTNGSQTFRDLMKRWREVDRE : 614

```

FIG. 15

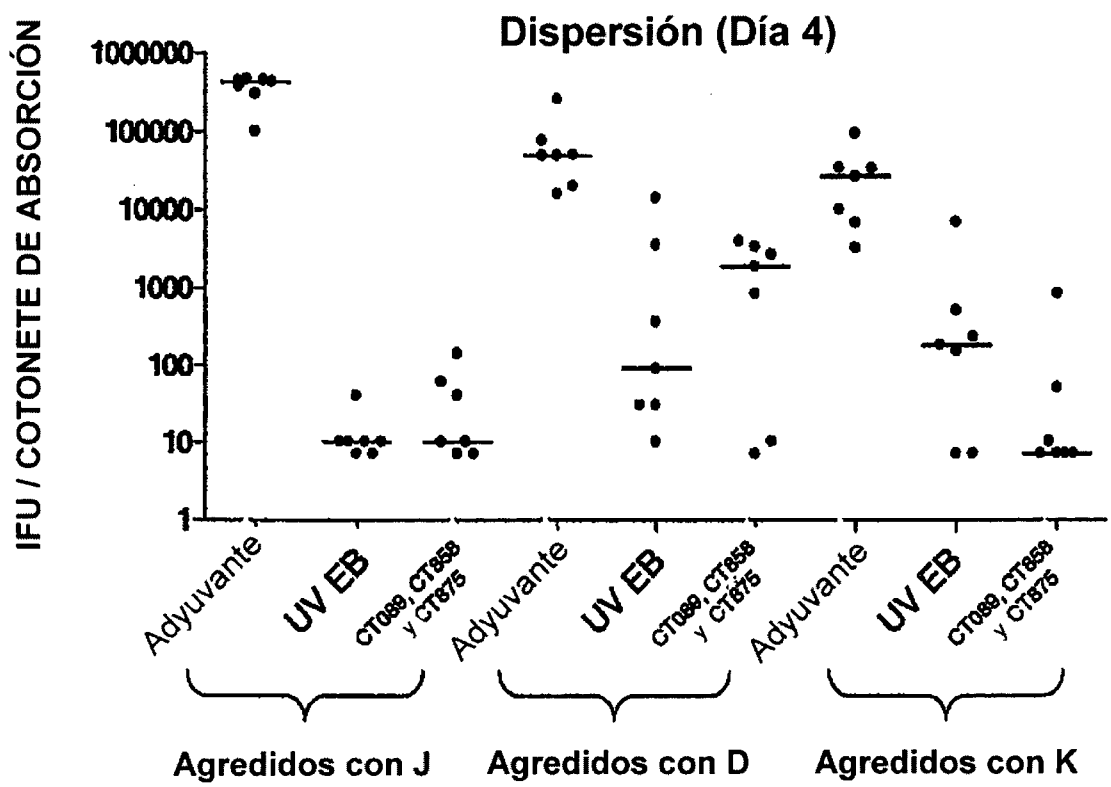


FIG. 16

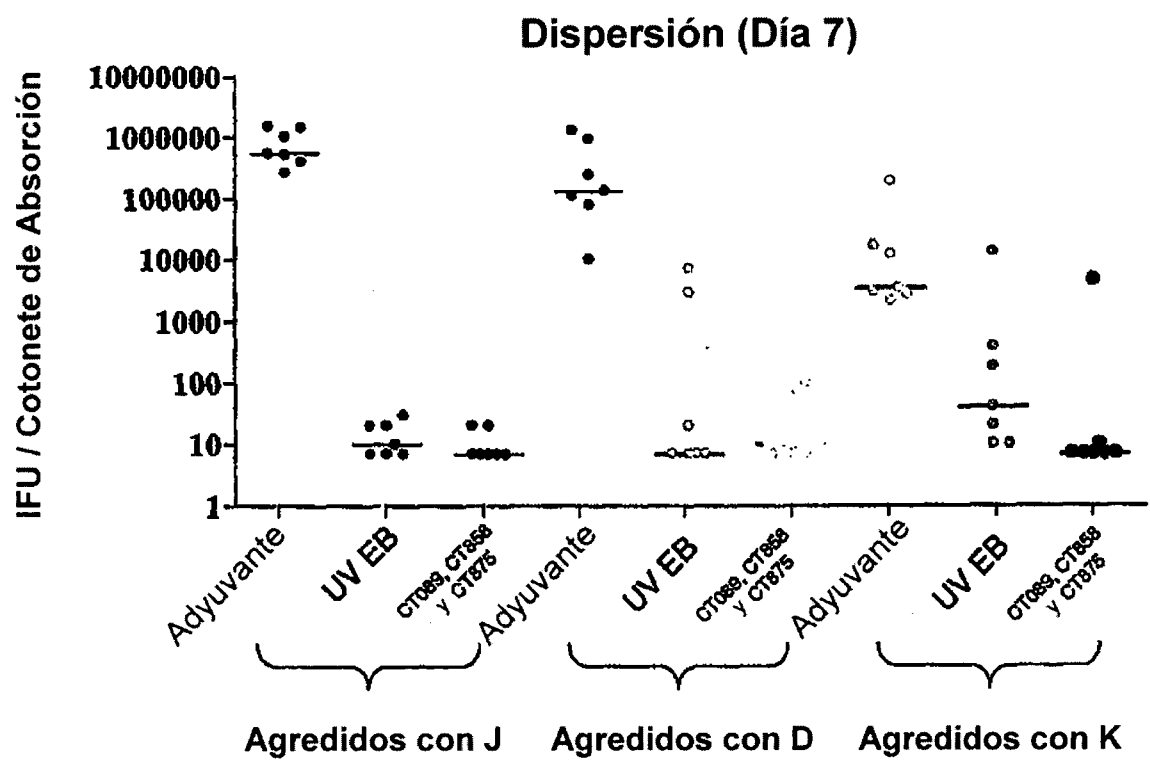


FIG. 17

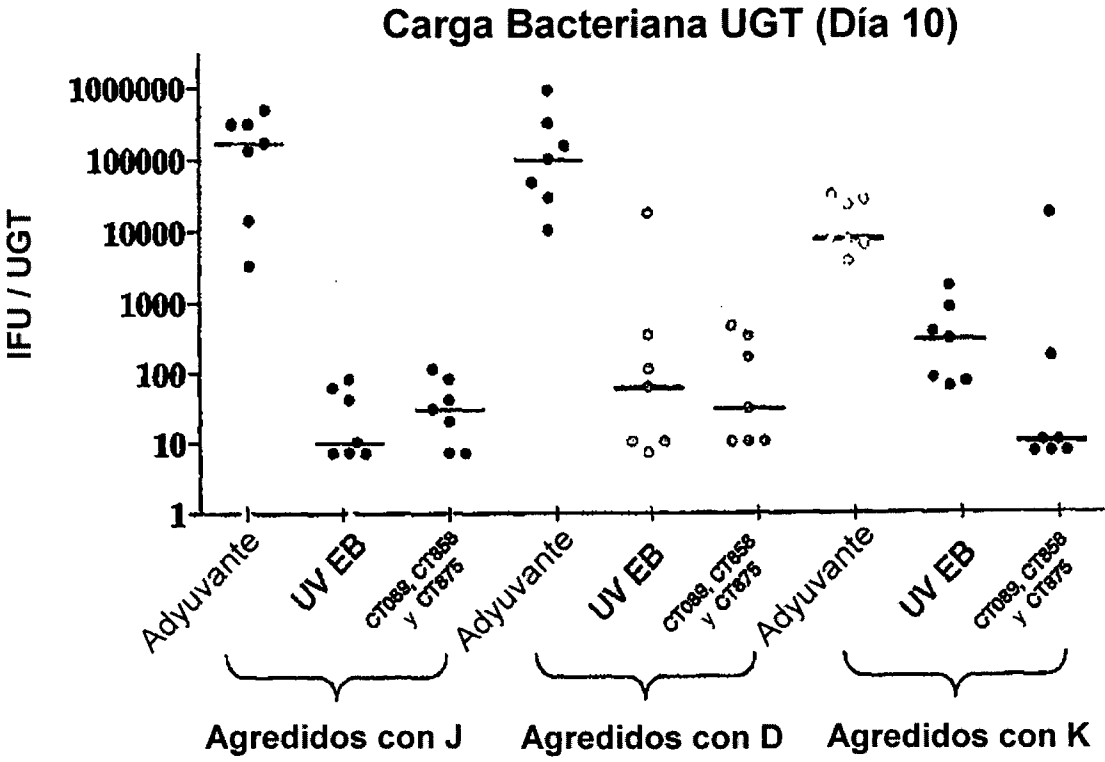


FIG. 18

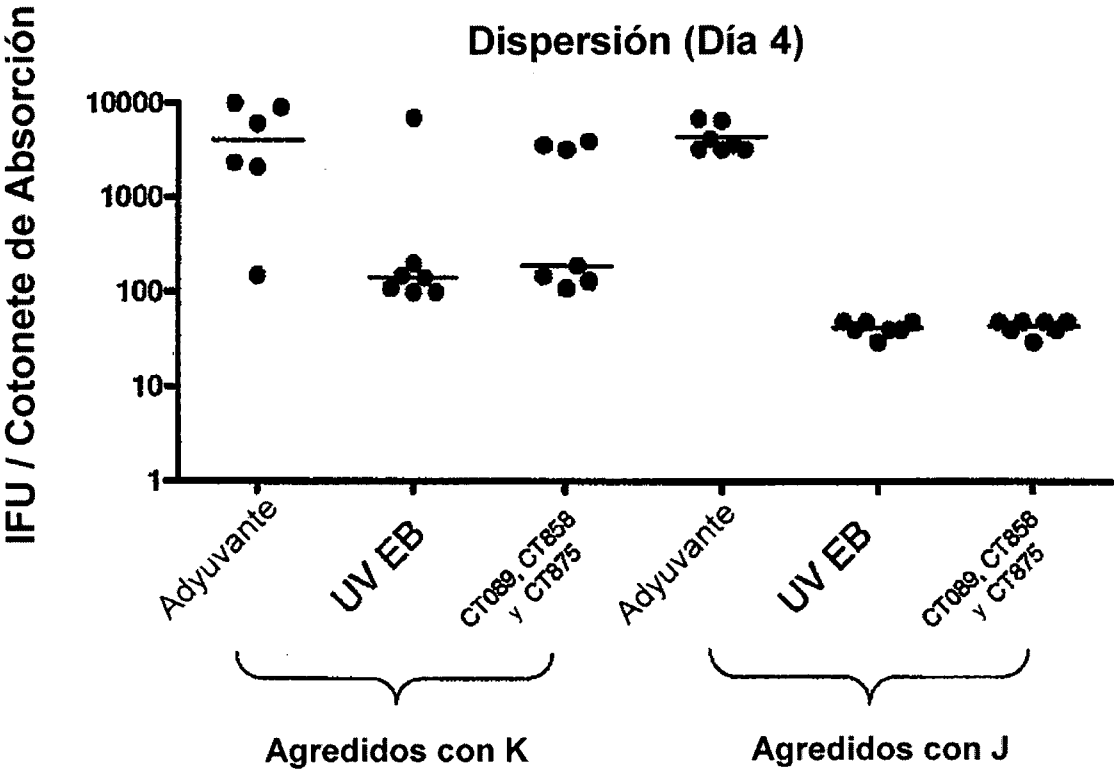


FIG. 19

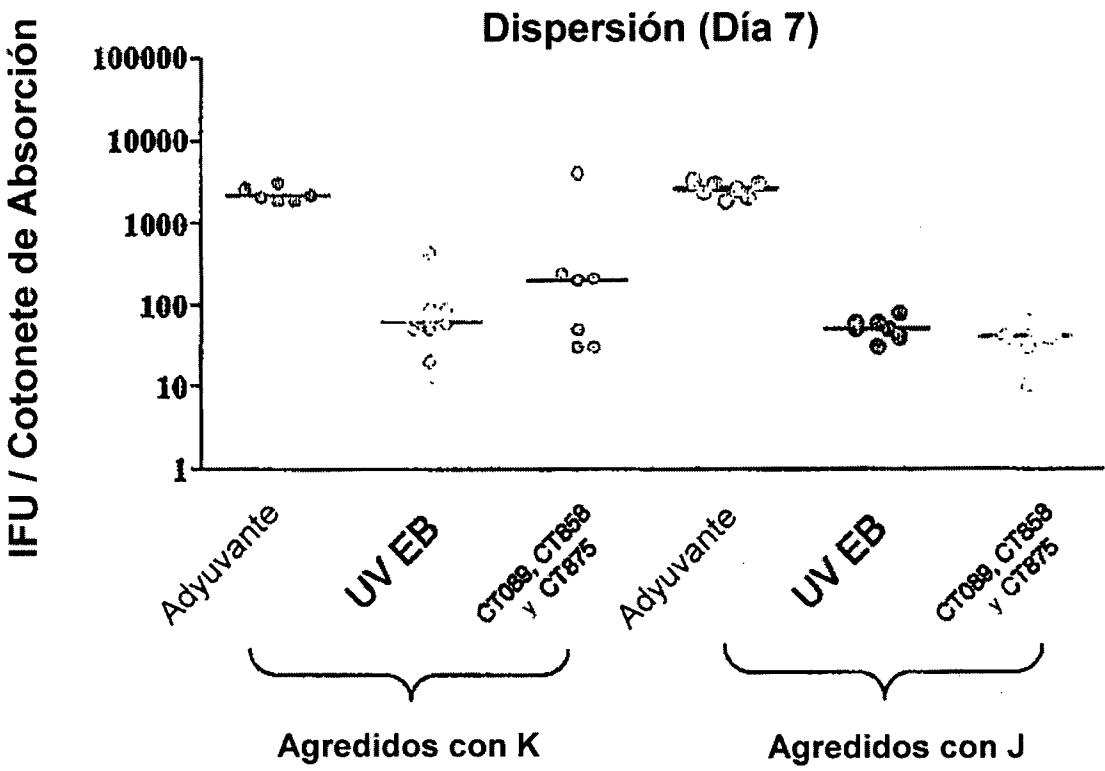


FIG. 20

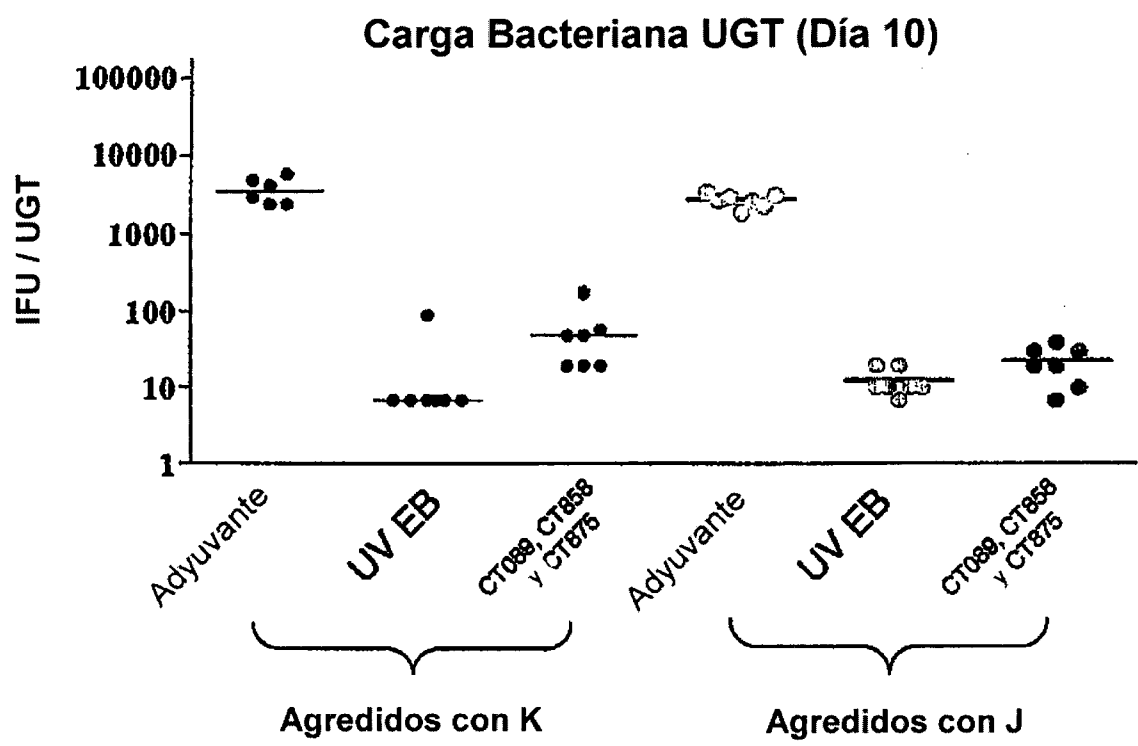
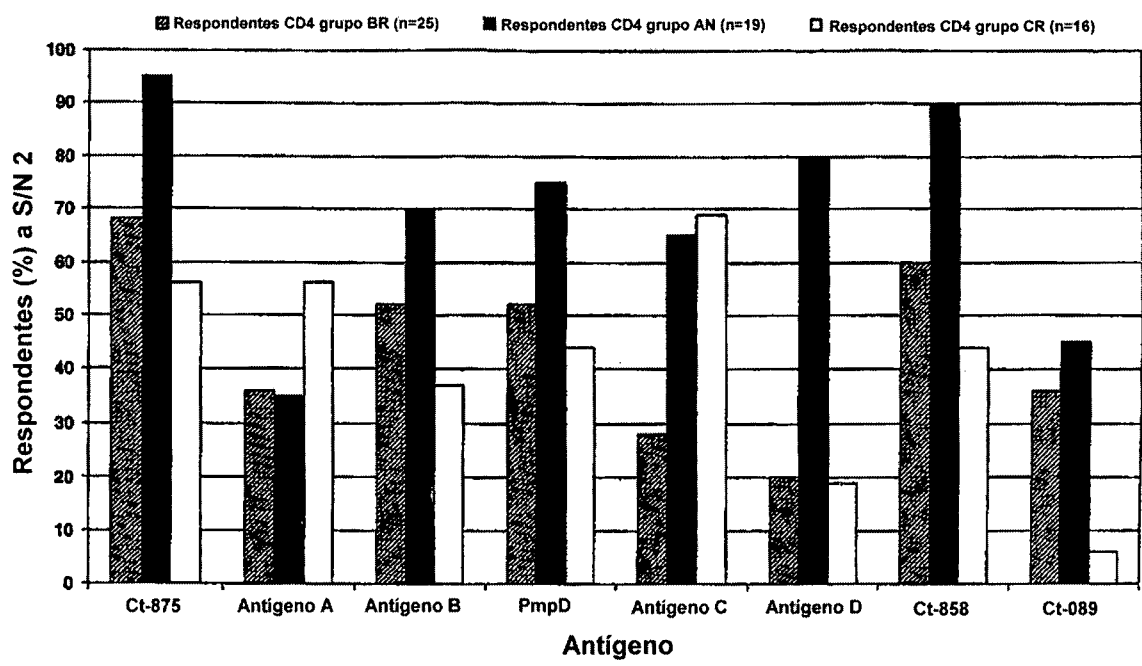
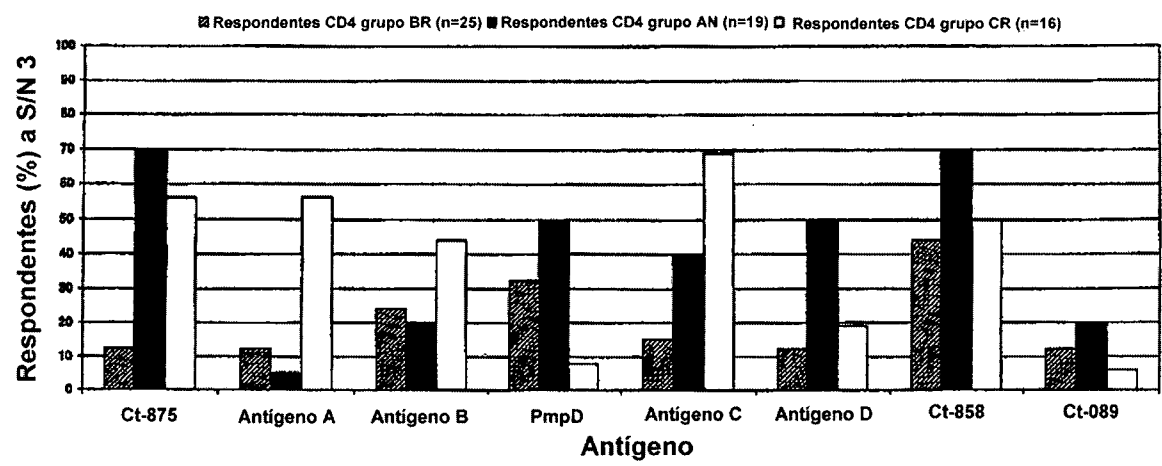


FIG. 21



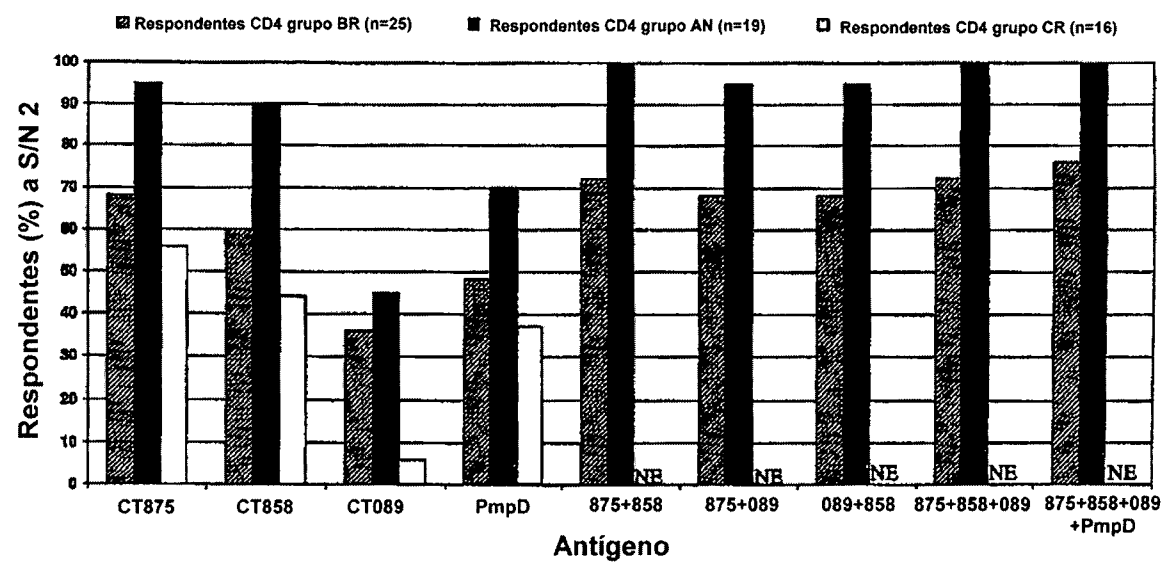
S/N = Señal a ruido

FIG. 22



S/N = Señal a ruido

FIG. 23



S/N = Señal a ruido

TRADUCCION OFICIAL No. 2007-10-12-782
DE UN DOCUMENTO ESCRITO EN INGLES

APOSTILLA

(Convención de La Haya del 5 de octubre de 1961)

1. País: Estados Unidos de América
2. Este documento público ha sido firmado por Arlene Elizabeth Cannon
3. actuando como Notario Público
4. lleva el sello/estampilla de Arlene Elizabeth Cannon, Notario Público,
Condado de Montgomery, Commonwealth de Pennsylvania

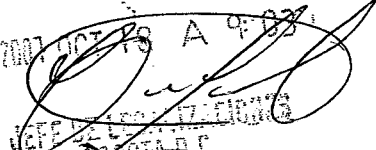
Certificado

5. en Harrisburg, Pennsylvania
6. el día 13 de septiembre de 2007
7. por Pedro A. Cortés, Secretario del Commonwealth de Pennsylvania
8. No. 200733745
9. Sello/Estampilla
Secretario del Commonwealth
de Pennsylvania
10. Firma: (ilegible)
Pedro A. Cortés

TRADUCTORA OFICIAL
RES. 2177/89 MINJUSTICIA

ANITA ESCOBAR DE TAMAYO

MINISTERIO DE
RELACIONES EXTERIORES

2007 OCT 18 A 9:03

JEFE DE LEGALIZACIÓN
BOGOTÁ D.C.

RECEIVED
RECEIVED
RECEIVED

673180

Anita Escobar
AGENCIA DE TRADUCCIONES
AGENCIA DE TRADUCCIONES

CERTIFICACIÓN NOTARIAL

Yo, Arlene E Cannon, un Notario Público debidamente comisionado para el Commonwealth de Pennsylvania, certifico que la copia adjunta es una copia fiel y correcta del documento de traspaso de los EU de Yves LOBET, Florence Bernadette NOZAY, Martine MARCHAND, Pascal METTENS a GlaxoSmithKline Biologicals sa. y Brenda BARTH, Ajay BHAT, Mark ALDERSON, Jean-Francois L MAISONNNEUVE, Yasir A SKEIKY y Peter PROBST a Corixa Corporation, prioridad reivindicada de USSN 60/667331 radicada el 31 de marzo de 2005 y la Solicitud Internacional No. PCT/US2006/010793 radicada el 24 de marzo de 2006.

Fecha: 10 de septiembre de 2007

(firma: ilegible)

Upper Merion Twp., Condado de Montgomery

Mi Comisión Expira el 21 de marzo de 2009

Commonwealth de Pennsylvania

Sello Notarial

Arlene Elizabeth Cannon, Notario Público
Upper Merion Twp., Condado de Montgomery
Mi Comisión Expira el 21 de mayo de 2009

Miembro, Asociación de Notarios de Pennsylvania

Traspaso

POR CUANTO, yo/nosotros Yves LOBET de Rixensart, Bélgica, un ciudadano de Bélgica; Florence Bernadette NOZAY de Rixensart, Bélgica, un ciudadano de Francia; Martine MARCHAND de Rixensart, Bélgica, un ciudadano de Bélgica y Pascal METTENS de Rixensart, Bélgica, un ciudadano de Bélgica he/hemos inventado o descubierto ciertas mejoras en '**VACUNAS CONTRA LA INFECCION CLAMIDIAL**' en adelante llamada dicha invención y mejoras para la cual se presentó una solicitud de prioridad 60/667.331 fue presentada el 31 de marzo de 2005 en la Oficina de Patentes de los Estados Unidos y para la cual se presenta una solicitud internacional del PCT que designa a los Estados Unidos de América y nombrando cedente como inventor, y en los Estados Unidos únicamente solicitante/inventor.

(PCT/US2006/010793 Radicada el 24 de marzo de 2006)

POR CUANTO, **GlaxoSmithKline Biologicals sa**, una sociedad constituida en Bélgica, cuya oficina registrada se encuentra en Rue de l'Institute 89 B-1330 Rixensart, Bélgica, desea adquirir todo el derecho, título e interés en y de dicha invención y mejoras, y en y de cualquier solicitud para dicha invención y mejoras y cualquier Patente de Invención que se pudiese obtener para ella, en todos los países, incluyendo a los Estados Unidos, sus territorios y posesiones;

AHORA, POR LO TANTO, a todos a quienes concierna, sépase que yo/nosotros, Yves LOBET; Florence Bernadette NOZAY; Martine MARCHAND y Pascal METTENS, en contraprestación de una causa contractual adecuada que me/nos mueve, el recibo del cual se reconoce por el presente, he/hemos vendido,

cedido y transferido y por el presente vendos, cedo y transfiero todo mi/nuestro derecho, título e interés en y de dicha invención y mejoras a **GlaxoSmithKline Biologicals sa**, en todos los Estados Unidos de América, sus territorios y posesiones, y en y de dicha solicitud y cualesquier extensiones, reemisiones, continuaciones, continuaciones en parte y divisiones de ella, y en y de cualquiera y todas las Patentes de Invención de los Estados Unidos de América;

Y, todo mi/nuestro derecho, título e interés en y de dicha invención y mejoras a **GlaxoSmithKline Biologicals sa**, en todos los demás países del mundo, y en y de cualquier solicitud en dichos otros países, y continuaciones en parte, patentes de adición, patentes de revalidación, patentes de importación, registros, y renovaciones, extensiones y divisiones de ella, y en y de cualquiera y todas las Patentes de Invención de todos los demás países que pudiesen otorgarse sobre dicha invención y mejoras incluyendo derechos de prioridad bajo la Convención Internacional;

Y, yo/nosotros por el presente autorizo y solicito la expedición de cualquier Patente de Invención en las áreas respectivas a que se hace referencia a **GlaxoSmithKline Biologicals sa**, como cesionarios de todo mi/nuestro derecho, título e interés en y de la misma para el único uso y beneficio de dichos cesionarios, sus sucesores y cesionarios según sus intereses aparezcan en el presente;

Y, yo/nosotros garantizo que yo/nosotros no he transferido intencionalmente a otros ningún derecho en dicha invención, mejoras, solicitudes o patentes o cualquier licencia para usar la misma o para hacer, usar o vender nada que incorpore o utilice dicha invención y mejoras y que yo/nosotros tengo derecho de ceder la misma a **GlaxoSmithKline Biologicals sa**;

Y, yo/nosotros, los suscritos Yves LOBET; Florence Bernadette NOZAY; Martine MARCHAND y Pascal METTENS, en contraprestación de lo mencionado anteriormente, por el presente acuerdo que yo/nosotros o mis/nuestros ejecutores testamentarios o representantes legales proporcionaré información y haré, ejecutaré y entregaré cualquiera y todos los demás instrumentos por escrito, y cualquiera y todos los demás actos, documentos de solicitud, affidávits, traspasos y otros documentos que puedan ser necesarios o deseables para asegurar más efectivamente a y dar posesión a **GlaxoSmithKline Biologicals sa**, sus sucesores y cesionarios, todo el derecho, título e interés en y de dicha invención y mejoras, solicitudes, Patentes de Invención, derechos, título e interés por el presente vendido, cedido y transferido o con la intención de que así sea. *Este traspaso se considerará efectivo desde el 31 de marzo de 2005.*

EN TESTIMONIO DE LO CUAL, yo/nosotros hemos colocado mi/nuestra firma(s) y mi/nuestro sello(s) en la fecha(s) indicada(s) a continuación.

(firma: ilegible)	11 de octubre de 2006
Inventor: Yves LOBET	Fecha

(firma: ilegible)	13 de octubre de 2006
Inventor: Florence Bernadette NOZAY	Fecha

(firma: ilegible)	13 de octubre de 2006
Inventor: Martine MARCHAND	Fecha

(firma: ilegible)	13 de octubre de 2006
Inventor: Pascal METTENS	Fecha

Traspaso

POR CUANTO, yo/nosotros Brenda BARTH de Federal Way, Washington, un ciudadano de Estados Unidos de América; Ajay BHAT de Seattle, Washington, un ciudadano de India; Mark ALDERSDON de Bainbridge Island, Washington, un ciudadano de Estados Unidos de América; Jean-Francois L. MAISONNEUVE de Federal Way, Washington, un ciudadano de Bélgica; Yasir A. SKEIKY de Silver Spring, Maryland un ciudadano de Canadá y Peter PROBST de Seattle, Washington, un ciudadano de Alemania he/hemos inventado o descubierto ciertas mejoras en '**VACUNAS CONTRA LA INFECCION CLAMIDIAL**' en adelante llamada dicha invención y mejoras para la cual se presentó una solicitud de prioridad 60/667.331 fue presentada el 31 de marzo de 2005 en la Oficina de Patentes de los Estados Unidos y para la cual se presenta una solicitud internacional del PCT que designa a los Estados Unidos de América y nombrando cedente como inventor, y en los Estados Unidos únicamente solicitante/inventor.

(PCT/US2006/010793 Radicada el 24 de marzo de 2006)

POR CUANTO, **CORIXA CORPORATION**, una sociedad constituida en el Estado de Washington, EU, cuya oficina registrada se encuentra en 1124 Colombia Street, Suite 464, Seattle, Washington, 98104 EU, desea adquirir todo el derecho, título e interés en y de dicha invención y mejoras, y en y de cualquier solicitud para dicha invención y mejoras y cualquier Patente de Invención que se pudiese obtener para ella, en todos los países, incluyendo a los Estados Unidos, sus territorios y posesiones;

AHORA, POR LO TANTO, a todos a quienes concierna, sépase que yo/nosotros, Brenda BARTH; Ajay BHAT; Mark ALDERSDON; Jean-Francois L. MAISONNEUVE; Yasir A. SKEIKY y Peter PROBST, en contraprestación de una causa contractual adecuada que me/nos mueve, el recibo del cual se reconoce por el presente, he/hemos vendido, cedido y transferido y por el presente vendos, cedo y transfiero todo mi/nuestro derecho, título e interés en y de dicha invención y mejoras a **CORIXA CORPORATION**, en todos los Estados Unidos de América, sus territorios y posesiones, y en y de dicha solicitud y cualesquier extensiones, reemisiones, continuaciones, continuaciones en parte y divisiones de ella, y en y de cualquiera y todas las Patentes de Invención de los Estados Unidos de América;

Y, todo mi/nuestro derecho, título e interés en y de dicha invención y mejoras a **CORIXA CORPORATION**, en todos los demás países del mundo, y en y de cualquier solicitud en dichos otros países, y continuaciones en parte, patentes de adición, patentes de revalidación, patentes de importación, registros, y renovaciones, extensiones y divisiones de ella, y en y de cualquiera y todas las Patentes de Invención de todos los demás países que pudiesen otorgarse sobre dicha invención y mejoras incluyendo derechos de prioridad bajo la Convención Internacional;

Y, yo/nosotros por el presente autorizo y solicito la expedición de cualquier Patente de Invención en las áreas respectivas a que se hace referencia a **CORIXA CORPORATION**, como cesionarios de todo mi/nuestro derecho, título e interés en y de la misma para el único uso y beneficio de dichos cesionarios, sus sucesores y cesionarios según sus intereses aparezcan en el presente;

Y, yo/nosotros garantizo que yo/nosotros no he transferido intencionalmente a otros ningún derecho en dicha invención, mejoras, solicitudes o patentes o cualquier licencia para usar la misma o para hacer, usar o vender nada que incorpore o utilice dicha invención y mejoras y que yo/nosotros tengo derecho de ceder la misma a **CORIXA CORPORATION**;

Y, yo/nosotros, los suscritos Brenda BARTH; Ajay BHAT; Mark ALDERSDON; Jean-Francois L. MAISONNEUVE; Yasir A. SKEIKY y Peter PROBST en contraprestación de lo mencionado anteriormente, por el presente acuerdo que yo/nosotros o mis/nuestros ejecutores testamentarios o representantes legales proporcionaré información y haré, ejecutaré y entregaré cualquiera y todos los demás instrumentos por escrito, y cualquiera y todos los demás actos, documentos de solicitud, affidávits, traspasos y otros documentos que puedan ser necesarios o deseables para asegurar más efectivamente a y dar posesión a **CORIXA CORPORATION**, sus sucesores y cesionarios, todo el derecho, título e interés en y de dicha invención y mejoras, solicitudes, Patentes de Invención, derechos, título e interés por el presente vendido, cedido y transferido o con la intención de que así sea. *Este traspaso se considerará efectivo desde el 31 de marzo de 2005.*

EN TESTIMONIO DE LO CUAL, yo/nosotros hemos colocado mi/nuestra firma(s) y mi/nuestro sello(s) en la fecha(s) indicada(s) a continuación.

(firma: ilegible)

9 / 11 / 06

Inventor: Brenda BARTH

Fecha

(firma: ilegible)

19 de septiembre de 2006

Inventor: Ajay BHATIA

Fecha

(firma: ilegible)

20 de septiembre de 2006

Inventor: Mark ALDERSON

Fecha

(firma: ilegible)

9 / 11 / 06

Inventor: Jean-Francois L. MAISONNEUVE

Fecha

Inventor: Yasir A. SKEIKY

Fecha

(firma: ilegible)

9 / 25 / 06

Inventor: Peter BROBST

Fecha

Traspaso

POR CUANTO, yo/nosotros Brenda BARTH de Federal Way, Washington, un ciudadano de Estados Unidos de América; Ajay BHAT de Seattle, Washington, un ciudadano de India; Mark ALDERSDON de Bainbridge Island, Washington, un ciudadano de Estados Unidos de América; Jean-Francois L. MAISONNEUVE de Federal Way, Washington, un ciudadano de Bélgica; Yasir A. SKEIKY de Silver Spring, Maryland un ciudadano de Canadá y Peter PROBST de Seattle, Washington, un ciudadano de Alemania he/hemos inventado o descubierto ciertas mejoras en '**VACUNAS CONTRA LA INFECCION CLAMIDIAL**' en adelante llamada dicha invención y mejoras para la cual se presentó una solicitud de prioridad 60/667.331 fue presentada el 31 de marzo de 2005 en la Oficina de Patentes de los Estados Unidos y para la cual se presenta una solicitud internacional del PCT que designa a los Estados Unidos de América y nombrando cedente como inventor, y en los Estados Unidos únicamente solicitante/inventor.

(PCT/US2006/010793 Radicada el 24 de marzo de 2006)

POR CUANTO, **CORIXA CORPORATION**, una sociedad constituida en el Estado de Washington, EU, cuya oficina registrada se encuentra en 1124 Colombia Street, Suite 464, Seattle, Washington, 98104 EU, desea adquirir todo el derecho, título e interés en y de dicha invención y mejoras, y en y de cualquier solicitud para dicha invención y mejoras y cualquier Patente de Invención que se pudiese obtener para ella, en todos los países, incluyendo a los Estados Unidos, sus territorios y posesiones;

AHORA, POR LO TANTO, a todos a quienes concierna, sépase que yo/nosotros, Brenda BARTH; Ajay BHAT; Mark ALDERSDON; Jean-Francois L. MAISONNEUVE; Yasir A. SKEIKY y Peter PROBST, en contraprestación de una causa contractual adecuada que me/nos mueve, el recibo del cual se reconoce por el presente, he/hemos vendido, cedido y transferido y por el presente vendos, cedo y transfiero todo mi/nuestro derecho, título e interés en y de dicha invención y mejoras a **CORIXA CORPORATION**, en todos los Estados Unidos de América, sus territorios y posesiones, y en y de dicha solicitud y cualesquier extensiones, reemisiones, continuaciones, continuaciones en parte y divisiones de ella, y en y de cualquiera y todas las Patentes de Invención de los Estados Unidos de América;

Y, todo mi/nuestro derecho, título e interés en y de dicha invención y mejoras a **CORIXA CORPORATION**, en todos los demás países del mundo, y en y de cualquier solicitud en dichos otros países, y continuaciones en parte, patentes de adición, patentes de revalidación, patentes de importación, registros, y renovaciones, extensiones y divisiones de ella, y en y de cualquiera y todas las Patentes de Invención de todos los demás países que pudiesen otorgarse sobre dicha invención y mejoras incluyendo derechos de prioridad bajo la Convención Internacional;

Y, yo/nosotros por el presente autorizo y solicito la expedición de cualquier Patente de Invención en las áreas respectivas a que se hace referencia a **CORIXA CORPORATION**, como cesionarios de todo mi/nuestro derecho, título e interés en y de la misma para el único uso y beneficio de dichos cesionarios, sus sucesores y cesionarios según sus intereses aparezcan en el presente;

Y, yo/nosotros garantizo que yo/nosotros no he transferido intencionalmente a otros ningún derecho en dicha invención, mejoras, solicitudes o patentes o cualquier licencia para usar la misma o para hacer, usar o vender nada que incorpore o utilice dicha invención y mejoras y que yo/nosotros tengo derecho de ceder la misma a **CORIXA CORPORATION**;

Y, yo/nosotros, los suscritos Brenda BARTH; Ajay BHAT; Mark ALDERSDON; Jean-Francois L. MAISONNEUVE; Yasir A. SKEIKY y Peter PROBST en contraprestación de lo mencionado anteriormente, por el presente acuerdo que yo/nosotros o mis/nuestros ejecutores testamentarios o representantes legales proporcionaré información y haré, ejecutaré y entregaré cualquiera y todos los demás instrumentos por escrito, y cualquiera y todos los demás actos, documentos de solicitud, affidávits, traspasos y otros documentos que puedan ser necesarios o deseables para asegurar más efectivamente a y dar posesión a **CORIXA CORPORATION**, sus sucesores y cesionarios, todo el derecho, título e interés en y de dicha invención y mejoras, solicitudes, Patentes de Invención, derechos, título e interés por el presente vendido, cedido y transferido o con la intención de que así sea. *Este traspaso se considerará efectivo desde el 31 de marzo de 2005.*

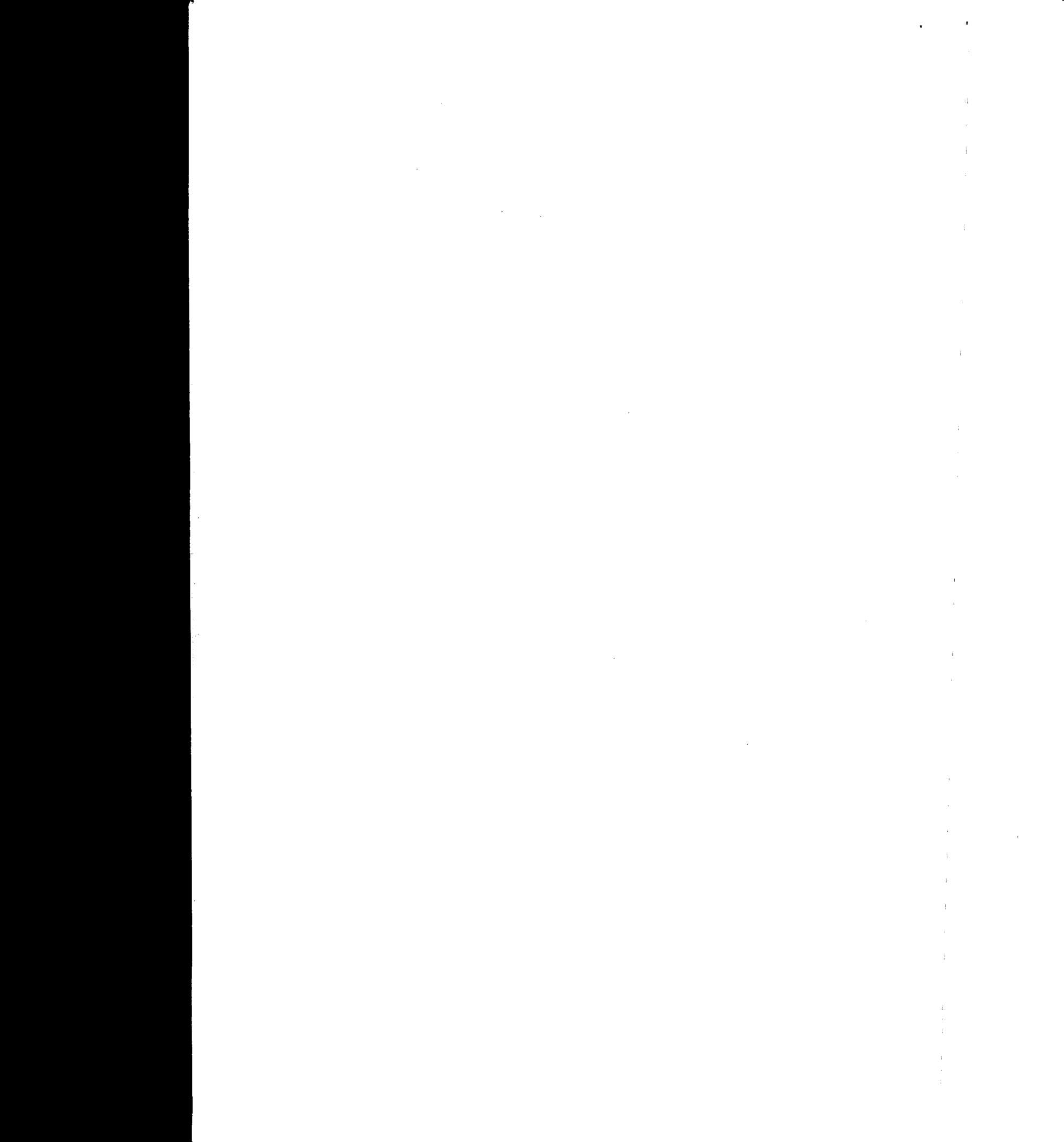
EN TESTIMONIO DE LO CUAL, yo/nosotros hemos colocado mi/nuestra firma(s) y mi/nuestro sello(s) en la fecha(s) indicada(s) a continuación.

Inventor: Brenda BARTH

Fecha

Inventor: Ajay BHATIA

Fecha



Inventor: Mark ALDERSON

Fecha

Inventor: Jean-Francois L. MAISONNEUVE Fecha

(firma: ilegible)

10 / 3 / 06

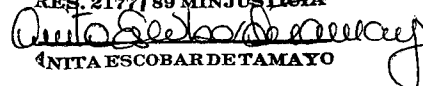
Inventor: Yasir A. SKEIKY

Fecha

Inventor: Peter BROBST

Fecha

Traducido según mi mejor saber y entender, este día 17 octubre de 2007,
en la ciudad de Bogotá, D.C., por Anita Escobar de Tamayo, Traductora Oficial,
Res. 2177 de 1989, Ministerio de Justicia, República de Colombia.

TRADUCTORA OFICIAL
RES. 2177/89 MINJUSTICIA

ANITA ESCOBAR DE TAMAYO

APOSTILLE

(Convention de La Haye du 5 octobre 1961)

1. Country : United States Of America
2. This public document has been signed by **ARLENE ELIZABETH CANNON**
3. acting in the capacity of NOTARY PUBLIC

bears the seal/stamp ARLENE ELIZABETH CANNON, NOTARY PUBLIC, MONTGOMERY COUNTY, COMMONWEALTH OF PENNSYLVANIA

Certified

5. at Harrisburg, Pennsylvania
6. The 13th day of September, 2007
7. by Pedro A. Cortés, Secretary of the Commonwealth of Pennsylvania
8. No : 200733745
9. Seal/Stamp
10. Signature

Pedro A. Cortés

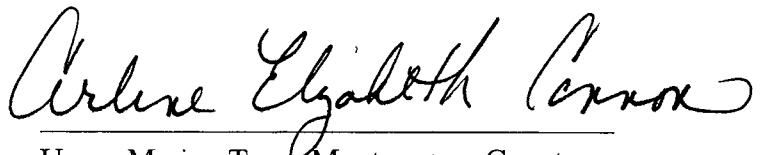
Pedro A. Cortés



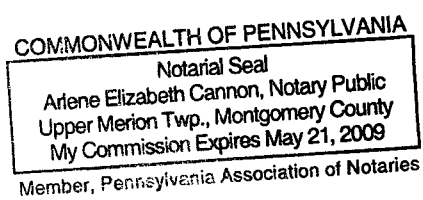
NOTARY CERTIFICATION

I, Arlene E Cannon, a duly commissioned Notary Public for the Commonwealth of Pennsylvania, certify that the attached is a true and correct copy of the US assignment document from Yves LOBET, Florence Bernadette NOZAY, Martine MARCHAND, Pascal METTENS to GlaxoSmithKline Biologicals sa. and Brenda BARTH, Ajay BHAT, Mark ALDERSON, Jean-Francois L MAISONNEUVE, Yasir A SKEIKY and Peter PROBST to Corixa Corporation, priority claimed from USSN 60/667331 filed 31 March 2005 and International Application No. PCT/US2006/010793 filed 24 March 2006.

Date: 10 September 2007



Upper Merion Twp., Montgomery County
My Commission Expires May 21, 2009



Assignment

WHEREAS, I/we **Yves LOBET of Rixensart, Belgium a citizen of Belgium; Florence Bernadette NOZAY of Rixensart, Belgium a citizen of France; Martine MARCHAND of Rixensart, Belgium a citizen of Belgium and Pascal METTENS of Rixensart, Belgium a citizen of Belgium** has/have invented or discovered certain improvements in 'VACCINES AGAINST CHLAMYDIAL INFECTION' hereinafter referred to as said invention and improvements for which a priority application **60/667,331** was filed on **31 March 2005** in the United States Patent Office and for which a PCT international application is now being filed designating the United States of America and naming assignor as inventor, and in the United States only applicant/inventor.

(PCT/US2006/010793 Filed 24 March 2006)

WHEREAS, **GlaxoSmithKline Biologicals sa**, a company incorporated in Belgium, whose registered office is at Rue de l'Institute 89 B-1330 Rixensart Belgium, is desirous of acquiring the whole right, title and interest in and to said invention and improvements, and in and to any applications for said invention and improvements and any Letters Patent to be obtained therefor, in all countries, including the United States, its territories and possessions;

NOW, THEREFORE, to all whom it may concern, be it known that I/we, **Yves LOBET; Florence Bernadette NOZAY; Martine MARCHAND and Pascal METTENS** for good and valuable consideration unto me/us moving, the receipt whereof is hereby acknowledged, have sold, assigned and transferred, and by these presents do sell, assign and transfer my/our whole right, title and interest in and to said invention and improvements to said **GlaxoSmithKline Biologicals sa**, throughout the United States of America, its territories and possessions, and in and to said application and any extensions, reissues, continuations, continuations-in-part, and any divisions thereof, and in and to any and all Letters Patent of the United States of America;

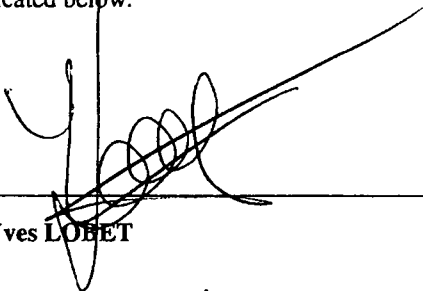
AND, my/our whole right, title and interest in and to said invention and improvements to **GlaxoSmithKline Biologicals sa**, in all other countries throughout the world, and in and to any applications in said other countries, and continuations-in-part, patents of addition, revalidation patents, patents of importation, registrations, and any renewals, extensions and divisions thereof, and in and to any and all Letters Patent of said all other countries which may be granted on said invention and improvements including any priority rights under the International Convention.

AND, I/we do hereby authorize and request the issue of any Letters Patent in the respective areas referred to, to said **GlaxoSmithKline Biologicals sa**, as assignees of my/our whole right, title and interest in and to the same for the sole use and behalf of the said assignees, their successors and assigns as their interests appear herein;

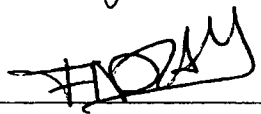
AND, I/we warrant that I/we have not knowingly conveyed to others any right in said invention, improvements, applications or patents or any license to use the same or to make, use or sell anything embodying or utilizing said invention and improvements and that I/we have good right to assign the same to **GlaxoSmithKline Biologicals sa**;

AND, I/we the undersigned **Yves LOBET; Florence Bernadette NOZAY; Martine MARCHAND and Pascal METTENS** for the consideration aforesaid, do hereby agree that I/we or my/our executors or legal representatives, will provide information and make, execute and deliver any and all other instruments in writing, and any and all further acts, application papers, affidavits, assignments and other documents which may be necessary or desirable to more effectually secure to and vest in said **GlaxoSmithKline Biologicals sa**, their successors and assigns, the whole right, title and interest in and to the said invention and improvements, applications, Letters Patent, rights, title and interest hereby sold, assigned and conveyed, or intended so to be.
This assignment should be deemed effective as of 31 March 2005

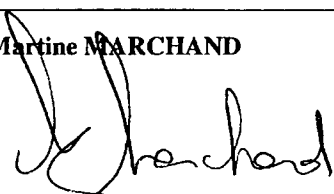
IN WITNESS WHEREOF, I/we have hereunto set my/our hand(s) and affixed my/our seal(s) on the date(s) indicated below.

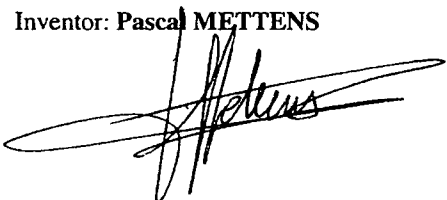


Inventor: Yves LOBET Date Oct 11, 2006



Inventor: Florence Bernadette NOZAY Date Oct. 13, 2006

Inventor: Martine MARCHAND Date

Oct. 13, 2006

Inventor: Pascal METTENS Date

Oct. 13, 2006.

Assignment

WHEREAS, I/we **Brenda BARTH** of Federal Way, Washington a citizen of United States of America; **Ajay BHAT** of Seattle Washington, a citizen of India; **Mark ALDERSDON** of Bainbridge Island, Washington a citizen of United States of America; **Jean-Francois L. MAISONNEUVE** of Federal Way, Washington a citizen of Belgium; **Yasir A. SKEIKY** of Silver Spring, Maryland a citizen of Canada and **Peter PROBST** of Seattle, Washington a citizen of Germany has/have invented or discovered certain improvements in 'VACCINES AGAINST CHLAMYDIAL INFECTION' hereinafter referred to as said invention and improvements for which a priority application 60/667,331 was filed on **31 March 2005** in the United States Patent Office and for which a PCT international application is now being filed designating the United States of America and naming assignor as inventor, and in the United States only applicant/inventor.

(PCT/US2006/010793 Filed 24 March 2006)

WHEREAS, **CORIXA CORPORATION**, a company incorporated in the State of Washington, USA, whose registered office is at 1124 Colombia Street, Suite 464, Seattle, Washington, 98104, USA, is desirous of acquiring the whole right, title and interest in and to said invention and improvements, and in and to any applications for said invention and improvements and any Letters Patent to be obtained therefor, in all countries, including the United States, its territories and possessions;

NOW, THEREFORE, to all whom it may concern, be it known that I/we, **Brenda BARTH; Ajay BHAT; Mark ALDERSDON; Jean-Francois L. MAISONNEUVE; Yasir A. SKEIKY and Peter PROBST** for good and valuable consideration unto me/us moving, the receipt whereof is hereby acknowledged, have sold, assigned and transferred, and by these presents do sell, assign and transfer my/our whole right, title and interest in and to said invention and improvements to said **CORIXA CORPORATION**, throughout the United States of America, its territories and possessions, and in and to said application and any extensions, reissues, continuations, continuations-in-part, and any divisions thereof, and in and to any and all Letters Patent of the United States of America;

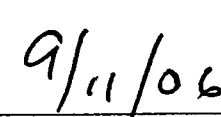
AND, my/our whole right, title and interest in and to said invention and improvements to **CORIXA CORPORATION**, in all other countries throughout the world, and in and to any applications in said other countries, and continuations-in-part, patents of addition, revalidation patents, patents of importation, registrations, and any renewals, extensions and divisions thereof, and in and to any and all Letters Patent of said all other countries which may be granted on said invention and improvements including any priority rights under the International Convention.

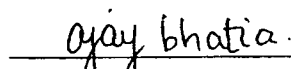
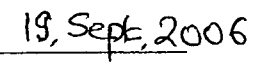
AND, I/we do hereby authorize and request the issue of any Letters Patent in the respective areas referred to, to said **CORIXA CORPORATION**, as assignees of my/our whole right, title and interest in and to the same for the sole use and behalf of the said assignees, their successors and assigns as their interests appear herein;

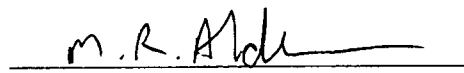
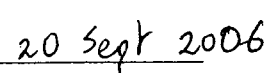
AND, I/we warrant that I/we have not knowingly conveyed to others any right in said invention, improvements, applications or patents or any license to use the same or to make, use or sell anything embodying or utilizing said invention and improvements and that I/we have good right to assign the same to **CORIXA CORPORATION**;

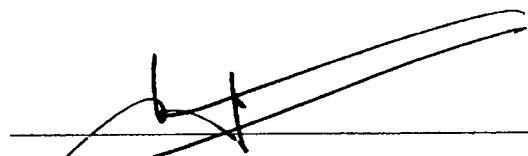
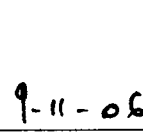
AND, I/we the undersigned **Brenda BARTH; Ajay BHAT; Mark ALDERSDON; Jean-Francois L. MAISONNEUVE; Yasir A. SKEIKY and Peter PROBST** for the consideration aforesaid, do hereby agree that I/we or my/our executors or legal representatives, will provide information and make, execute and deliver any and all other instruments in writing, and any and all further acts, application papers, affidavits, assignments and other documents which may be necessary or desirable to more effectually secure to and vest in said **CORIXA CORPORATION**, their successors and assigns, the whole right, title and interest in and to the said invention and improvements, applications, Letters Patent, rights, title and interest hereby sold, assigned and conveyed, or intended so to be. *This assignment should be deemed effective as of 31 March 2005*

IN WITNESS WHEREOF, I/we have hereunto set my/our hand(s) and affixed my/our seal(s) on the date(s) indicated below.

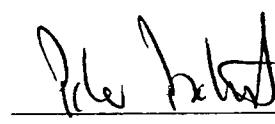
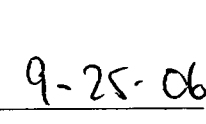
 
Inventor: **Brenda BARTH** Date

 
Inventor: **Ajay BHATIA** Date

 
Inventor: **Mark ALDERSON** Date

 
Inventor: **Jean-Francois L. MAISONNEUVE** Date

Inventor: **Yasir A. SKEIKY** Date

 
Inventor: **Peter PROBST** Date

Assignment

WHEREAS, I/we **Brenda BARTH** of Federal Way, Washington a citizen of United States of America; **Ajay BHAT** of Seattle Washington, a citizen of India; **Mark ALDERSDON** of Bainbridge Island, Washington a citizen of United States of America; **Jean-Francois L. MAISONNEUVE** of Federal Way, Washington a citizen of Belgium; **Yasir A. SKEIKY** of Silver Spring, Maryland a citizen of Canada and **Peter PROBST** of Seattle, Washington a citizen of Germany has/have invented or discovered certain improvements in 'VACCINES AGAINST CHLAMYDIAL INFECTION' hereinafter referred to as said invention and improvements for which a priority application **60/667,331** was filed on **31 March 2005** in the United States Patent Office and for which a PCT international application is now being filed designating the United States of America and naming assignor as inventor, and in the United States only applicant/inventor.

(PCT/US2006/010793 Filed 24 March 2006)

WHEREAS, **CORIXA CORPORATION**, a company incorporated in the State of Washington, USA, whose registered office is at 1124 Colombia Street, Suite 464, Seattle, Washington, 98104, USA, is desirous of acquiring the whole right, title and interest in and to said invention and improvements, and in and to any applications for said invention and improvements and any Letters Patent to be obtained therefor, in all countries, including the United States, its territories and possessions;

NOW, THEREFORE, to all whom it may concern, be it known that I/we, **Brenda BARTH; Ajay BHAT; Mark ALDERSDON; Jean-Francois L. MAISONNEUVE; Yasir A. SKEIKY and Peter PROBST** for good and valuable consideration unto me/us moving, the receipt whereof is hereby acknowledged, have sold, assigned and transferred, and by these presents do sell, assign and transfer my/our whole right, title and interest in and to said invention and improvements to said **CORIXA CORPORATION**, throughout the United States of America, its territories and possessions, and in and to said application and any extensions, reissues, continuations, continuations-in-part, and any divisions thereof, and in and to any and all Letters Patent of the United States of America;

AND, my/our whole right, title and interest in and to said invention and improvements to **CORIXA CORPORATION**, in all other countries throughout the world, and in and to any applications in said other countries, and continuations-in-part, patents of addition, revalidation patents, patents of importation, registrations, and any renewals, extensions and divisions thereof, and in and to any and all Letters Patent of said all other countries which may be granted on said invention and improvements including any priority rights under the International Convention.

AND, I/we do hereby authorize and request the issue of any Letters Patent in the respective areas referred to, to said **CORIXA CORPORATION**, as assignees of my/our whole right, title and interest in and to the same for the sole use and behalf of the said assignees, their successors and assigns as their interests appear herein;

AND, I/we warrant that I/we have not knowingly conveyed to others any right in said invention, improvements, applications or patents or any license to use the same or to make, use or sell anything embodying or utilizing said invention and improvements and that I/we have good right to assign the same to **CORIXA CORPORATION**;

AND, I/we the undersigned **Brenda BARTH; Ajay BHAT; Mark ALDERSDON; Jean-Francoios L. MAISONNEUVE; Yasir A. SKEIKY and Peter PROBST** for the consideration aforesaid, do hereby agree that I/we or my/our executors or legal representatives, will provide information and make, execute and deliver any and all other instruments in writing, and any and all further acts, application papers, affidavits, assignments and other documents which may be necessary or desirable to more effectually secure to and vest in said **CORIXA CORPORATION**, their successors and assigns, the whole right, title and interest in and to the said invention and improvements, applications, Letters Patent, rights, title and interest hereby sold, assigned and conveyed, or intended so to be. *This assignment should be deemed effective as of 31 March 2005*

IN WITNESS WHEREOF, I/we have hereunto set my/our hand(s) and affixed my/our seal(s) on the date(s) indicated below.

Inventor: **Brenda BARTH**

Date

Inventor: **Ajay BHATIA**

Date

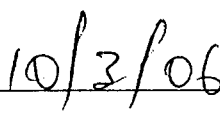
Inventor: **Mark ALDERSON**

Date

Inventor: **Jean-Francoios L. MAISONNEUVE**

Date


Inventor: **Yasir A. SKEIKY**


Date

Inventor: **Peter PROBST**

Date



No. 07-111670- -00000-0000

Fecha: 2007-10-23 16:58:39 Dep. 2020 NUECREACION
Tra. 11 PATENTEIYII Eve: 378 FASENACIONALI
Act. 411 PRESENTACION Folios: 597

REQUISITOS MINIMOS PARA ADMISION A TRAMITE PCT

PATENTE DE INVENCION [X]

MODELO DE UTILIDAD []

- ◆ Indicación de que se solicita la concesión de una patente [X]
- ◆ Datos de identificación del solicitante o de la persona que presenta la solicitud [X]
- ◆ Descripción de la invención [X]
- ◆ Dibujos de ser estos pertinentes []
- ◆ Comprobante de pago de las tasas establecidas [X]

COMPLETA [X]

INCOMPLETA []

DISEÑO INDUSTRIAL []

- ◆ Indicación de que se solicita el registro de Diseño Industrial []
- ◆ Datos de identificación del solicitante o de la persona que presenta la solicitud []
- ◆ Representación gráfica y fotográfica del Diseño Industrial o muestra del material que incorpora el diseño []
- ◆ Comprobante de pago de las tasas establecidas []

COMPLETA []

INCOMPLETA []

ESQUEMA DE TRAZADO []

- ◆ Indicación de que se solicita el registro de un Esquema de Trazado []
- ◆ Datos de identificación del solicitante o de la persona que presenta la solicitud []
- ◆ Representación gráfica del esquema trazado []
- ◆ Comprobante de pago de las tasas establecidas []

COMPLETA []

INCOMPLETA []

Firma Responsable

Fecha _____

Carrera 13 No. 27-00 Piso 5, 7 y 10
Conmutador: 3 82 08 40
Fax: 350 52 20
E-mail: info@sic.gov.co
www.sic.gov.co
Bogotá, D.C., Colombia