

Supplementary Material

Interaction of Mannose-Binding Lectin with Lipopolysaccharide Outer Core Region and its Biological Consequences

Aleksandra Man-Kupisinska, Anna S. Swierzko, Anna Maciejewska, Monika Hoc, Antoni Rozalski, Malgorzata Siwinska, Czeslaw Lugowski, Maciej Cedzynski, Jolanta Lukasiewicz*

Correspondence: Jolanta Lukasiewicz: jolanta.lukasiewicz@iitd.pan.wroc.pl

Table S1. Serum hMBL interactions with core and O-PS regions of various LPS.

Interactions were detected with the use of SDS-PAGE/lectin blotting. Symbols +, ++, +++ stand for weak, moderate and strong reaction respectively. Abbreviations used: *K. p.*, *Klebsiella pneumoniae*, *P. m.*, *Proteus mirabilis*, *P. v.*, *Proteus vulgaris*, *P. p.*, *Proteus penneri*, *E. anguillimortifera*, *Edwardsiella anguillimortifera*, *E. coli*, *Escherichia coli*. Symbols in brackets represent serotype O.

bacteria	core OS	O-PS	bacteria	core OS	O-PS	bacteria	core OS	O-PS	bacteria	core OS	O-PS
<i>K. p. 1</i> (O1)	+++		<i>P. m.</i> RMS 203 (O13)			<i>P. m.</i> 69/57 (O43)			<i>P. p.</i> 103 (O73 ab)	+	
<i>K. p. 2</i> (O1)	+++		<i>P. v.</i> 30/57 (O15)	+++	++	<i>P. v.</i> 70/57 (O44)			<i>P. m.</i> CCUG 10705 [OF] (O74)	+	
<i>K. p. 9</i> (ORa)	+++		<i>P. m.</i> 31/57 (O16)			<i>P. v.</i> CCUG 4680 (O45)			<i>P. m.</i> CCUG 10702 [OC] (O75)	+	
<i>K. p. 11</i> (O3)	+++	+++	<i>P. m.</i> 61/57 (O17)			<i>P. v.</i> 71/57 (O47)			<i>P. v.</i> HSC 438 (O76)	+	
<i>K. p. 13</i> (OR)			<i>P. m.</i> 34/57 (O18)			<i>P. m.</i> 75/57 (O49)			<i>P. m.</i> 3B-m (O77)		
<i>K. p. 15</i> (O4)			<i>P. v.</i> 37/57 (O19a)			<i>P. m.</i> TG 332 [O203] (O50)			<i>P. m.</i> 1B-m (O78)	+++	
<i>K. p. 27</i> (O2)	+++		<i>P. m.</i> 38/57 (O20)			<i>P. p.</i> 15 (O52)			<i>E. coli</i> 233		
<i>K. p. 37</i> (O1)	+++		<i>P. v.</i> 39/57 (O21)	+		<i>P. v.</i> TG 276-1 (O53)			<i>E. coli</i> 399	++	
<i>K. p. 43</i> (O2)	++		<i>P. v.</i> 40/57 (O22)			<i>P. m.</i> CCUG 10704 [OE] (O54 ab)			<i>E. coli</i> 820		
<i>K. p. 57</i> (O5)	+++	++	<i>P. m.</i> 42/57 (O23 abd)			<i>P. v.</i> TG155 [O104] (O55)	++	++	<i>E. coli</i> 1238	+	
<i>K. p. 58</i> (O3)	+++	++	<i>P. m.</i> 46/57 (O24)	+		<i>P. genomospecies</i> 4 (O56)			<i>E. coli</i> O39		
<i>K. p. 61</i> (O5)	+++		<i>P. v.</i> 48/57 (O25)			<i>P. m.</i> TG 83 (O57)			<i>E. coli</i> O56	+	
<i>K. p. 64</i> (O6 or O1)	+		<i>P. m.</i> 49/57 (O26)	+		<i>P. p.</i> 12 (O58)	+		<i>E. coli</i> R1		
<i>K. p. 78</i> (O11)	++		<i>P. m.</i> 50/57 (O27)			<i>P. p.</i> 14 (O59)			<i>E. coli</i> R2	+++	
<i>K. p. 80</i> (O12)	++		<i>P. m.</i> 51/57 (O28)			<i>P. myxofaciens</i> (O60)	+		<i>E. coli</i> R3	++	
<i>P. v.</i> CCUG 18984 (O1)	+		<i>P. m.</i> 2002 (O29 ab)			<i>P. p.</i> 21 (O61)		++	<i>E. coli</i> R4		
<i>P. v.</i> OX2 (O2)	++	+	<i>P. m.</i> 53/57 (O30)	+		<i>P. p.</i> 41 (O62)			<i>Citrobacter</i> Tcs		
<i>P. m.</i> 29906 (O3 ac)		+	<i>P. v.</i> 55/57 (O31 ab)			<i>P. p.</i> 22 (O63)			<i>Citrobacter</i> O16		
<i>P. v.</i> 9/57 (O4)	+	+	<i>P. v.</i> 57/57 (O32)	+		<i>P. p.</i> 40 (O64 abd)			<i>Citrobacter</i> 1560		
<i>P. m.</i> 13/57 (O5)			<i>P. m.</i> 59/57 (O33)			<i>P. p.</i> 34 (O65)			<i>Citrobacter</i> O32	++	
<i>P. m.</i> ATCC 49565 (O6)			<i>P. v.</i> CCUG 4669 (O34)			<i>P. p.</i> 2 (O66)			<i>Citrobacter</i> 114/66		
<i>P. m.</i> 16/57 (O7)			<i>P. v.</i> 72/57 (O37 ac)			<i>P. p.</i> 8 (O67)			<i>E. anguillimortifera</i> 1145	++	
<i>P. v.</i> 17/57 (O8)	+		<i>P. m.</i> 64/57 (O38)			<i>P. p.</i> 63 (O68)	+		<i>E. anguillimortifera</i> 1151	++	
<i>P. m.</i> 18/57 (O9)	+	+	<i>P. v.</i> 65/57 (O39)	++		<i>P. m.</i> TG 277 [O202] (O69)			<i>E. anguillimortifera</i> 1153	++	
<i>P. m.</i> HJ 4320 (O10)	+	+	<i>P. m.</i> CCUG 10703 [OD] (O40)			<i>P. p.</i> 60 (O70)	+		<i>E. anguillimortifera</i> 1158	+	
<i>P. m.</i> 24/57 (O11)		+	<i>P. m.</i> 67/57 (O41)			<i>P. p.</i> 42 (O71)	++				
<i>P. v.</i> 25/57 (O12)	+	+	<i>P. v.</i> CCUG 4677 (O42)			<i>P. p.</i> 1 (O72a)	+++				