Surface display of a single-domain antibody library on Gram-positive bacteria, Cellular and Molecular Life Sciences
Fleetwood F., Devoogdt N., Pellis M., Wernery U., Muyldermans S., Ståhl S. and Löfblom J.
Royal Institute of Technology (KTH), Stockholm Sweden. E-mail: lofblom@kth.se

Online resource 1

```
                1       10        20        30        40        50        60        70        80        90       100       110       120       130       140       150       160       170       180       190       200
S-Nb1   CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGGGGAGGCTCGGTGCAGGCTGGAGGGTCTCTGAGACTCTCCTGTCGCAGCCTCTGGATACACCTACAGTAGGTACTGCATGGGCTGGTTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGAGCGTGAGGGGGTCGCAGCTATTAATACTGGTGATA-GTAGCACACACTACGCCGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCA
S-Nb2   CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGAGGAGGCTCGGTGCAGGCTGGAGAGGCTCTGAGACTCTCCTGTGTAGGTTCTGGATACACCTCTATTAACCCCTACATGGCCTGGTTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGAGCGCGAGGGGGTCGCAGCTATTTCTTCTGGTGGTTTAC-ACATACTATGCCGACTCCGTGAAGGGCCGATTTACCA
S-Nb3   CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGGGGAGGCTCGGTGCAGGCTGGAGAGGCTCTGAGACTCTCCTGTGTAGGCTCTGGATACACCTCTATTAACCCCTACATGGCCTGGTTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGAGCGCGAGGGGGTCGCAGCTATTTCTTCTGGTGGTGTGTAC-ACATACTATGCCGACTCCGTGAAGGGCCGATTTACCA
S-Nb4   CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGGGGAGGCTCGGTGCAGGCTGGAGGGTCTCTGAGACTCTCCTGCGCAGCCTCCGGAAACACCGTCAGTAGGAACTACATGGGCTGGTTCCGCCAGGGTCCAGGGAAGGAGCGCGAGGGGGTCGCGACTATTTCGCCTGGTGGTGT-TATCACAGACTACGCCGACTCCGTGAAGGGCCGATTCTCCA
S-Nb5   CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGAGGAGGCTCGGTGCAGGCTGGAGGGTCTCTGAGACTCTCCTGTCGCAGCCTCTAGATACATAGACAGTAACTACTACTTGGGCTGGTTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGAGCGTGAGGGGGTCGCAGCTATTACGGATGGTGGTG-GTAGCACATACTACGCCGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCA
S-Nb6   CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGGGGAGGCTCGGTGCAGGCTGGAGAGGCTCTGAGACTCTCCTGTGTAGGTTCTGGATACACCTCTATTAACCCCTACATGGCCTGGTTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGAGCGCGAGGGGGTCGCAGCTATTTCTTCTGGTGGTGTCTAC-ACATACTATGCCGAGTCCGTGAAGGACCGATTTACCA
S-Nb7   CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGAGGAGGCTCGGTGCAGGCTGGAGGGTCTCTGAGACTCTCCTGTCGCAGCCTCTGGATTCAGCTACAGTTACTACTGCATGGGCTGGTTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGAGCGCGAGGGGGTCGCAGCTATTAGTCCTGGTGGTG-GTAGCACATACTACGCCGACTCCGTGAAGGGCCGATTCGCCA
S-Nb8   CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGGGGAGGGTTGGTGCAGGCTGGAGAGGCTCTGAGACTCTCCTGTGTAGGTTCTGGATACACCTCTATTAACCCCTACATGGCCTGGTTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGAGCGCGAGGGGGTCGCAGCTATTTCTTCTGGTGGTGTGTAC-ACATACTATGCCGACTCCGTGAAGGGCCGATTTACCA
S-Nb9   CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGGGGAGGCTCGGTGCAGGCTGGAGAGGCTCTGAGACTCTCCTGTGTAGGTTCTGGATACACCAATATTAACCCCTACATGGCCTGGTTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGAGCGCGAGGGGGTCGCAGCTATTTCTTCTGGTGGTGT-TATCACAGAGTATGCCGACTCCGTGAAGGGCCGATTTACCA
S-Nb10  CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGGGGAGGCTCGGTGCAGGCTGGAGAGGCTCTGAGACTCTCCTGTGTAGGTTCTGGATACACCTCTATTAACCCCTACATGGCCTGGTTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGAGCGCGAGGGGGTCGCAGCTATTTCTTCTGGTGCTGTGTAC-ACATACTATGCCGACTCCGTGAAGGGCCGATTTACCA
S-Nb11  CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGGGGAGGCTCGGTGCAGGCTGGAGGGTCTCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTCCATACTTCTCTCTTCGGAGCTGCGTGGCCTGGTTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGAGCGCGAGGGGGTCGCTGCTATTTTTACTAGTACAG-GTAGCACATACTATGCCGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCA
S-Nb12  CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGGGGAGGCTCGGTGCAGGCTGGAGAGGCTCTGAGACTCTCCTGTGTAGGTTCTGGATACACCTCTATTAACCCCTACATGGCCTGGTTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGAGCGCGAGGGGGTCGCAGCTATTTCTTCTGGTGGTGTTTAC-ACATACTATGCCGACTCCGTGAAGGGCCGCTTTACCA
S-Nb13  CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGGGGAGGCTCGGTGCAGGCTGGAGAGGCTCTGAGACTCTCCTGTGTAGGCTCTGGATACACCTCTATTAACCCCTACATGGCCTGGTTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGAGCGCGAGGGGGTCGCAGCTATTTCTTCTGGTGGTGT-TAACACATACTATGCCGACTCCGTGAAGGGCCGATTTACCA
S-Nb14  CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGAGGAGGCTCGGTGCAGACTGGAGGGTCTCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTAGATACATAGACAGTAGCTACTACTTGGGCTGGTTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGAGCGTGAGGGGGTCGCAGCTATTACGGATGGTGGTG-GTAGCACATACTACGCCGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCA
S-Nb15  CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGGGGAGGCTCGGTGCAGGCTGGAGGGTCTCTGAGACTCTCCTGTGTAGGTTCTGGATACACCTCTATTAACCCCTACATGGCCTGGTTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGAGCGCGAGGGGGTCGCAGCTATTTCTTCTGGTGGTGTCTAC-ACATACTATCCCGAGTCCGTGAAGGACCGATTTACCA
S-Nb16  CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGAGGAGGCTCGGTGCAGGCTGGAGAGGCTCTGAGACTCTCCTGTGTAGGTTCTGGATACACCTCTATTAACCCCTACATGGCCTGGTTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGAGCGCGAGGGGGTCGCAGCTATTTCTTCTGGTGGGGTATAC-ACATATTATGCCGACTCCGTGAAGGGCCGATTTACCA
S-Nb17  CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGGGGAGGCTCGGTGCAGGCTGGAGAGGCTCTGAGACTCTCCTGTGTAGGTTCTGGATACACCTCTATTAACCCCTACATGGCCTGGTTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGAGCGCGAGGGGGTCGCAGCTATTTCTTCTGGTGGTGTTCAC-ACATACTTTGCCGAGTCCGTGAAGGACCGATTTACCA
S-Nb18  CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGGGGAGGCTCGGTGCAGGCTGGAGAGGCTCTGAGACTCTCCTGTGTAGGCTCCGGATACACCTCTATTAACCCCTACATGGCCTGGTTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGAGCGCGAGGGGGTTGCAGCTATTTCTTCTGGTGGAGTGTAC-ACATACTATGCCGACTCCGTGAAGGGCCGATTTACCA
S-Nb19  CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGAGGAGGCTCGGTGCAGGCTGGAGAGGCTCTGAGACTCTCCTGTGTAGGTTCTGGATACACCTCTATTAACCCCTACATGGCCTGGTTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGAGCGCGAGGGGGTCGCAGCTATTTCTTCTGGTGGTGTTCAC-ACATACTTTCCCGAGTCCGTGAAGGGCCGATTTACCA
S-Nb20  CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGGGGAGGCTCGGTGCAGGCTGGAGAGGCTCTGAGACTCTCCTGTGTCGCGTTTTGGATACACCTCTATTAACCCCTACATGGCCTGGTTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGAGCGCGAGGGGGTCGCAGCTATTTCTTCTGGTGGTGTTTAC-ACATACTATGCCGACTCCGTGAAGGGCCGATTTACCA
S-Nb21  CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGGGGAGGCTCGGTGCAGGCTGGAGGGTCTCTGAGACTCTCCTGTCGCAGCCTCTGGGTTCGCCATCAGTAACTACTGCATGGGCTGGTTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGCGCGTGAGGGGTTGCAGCTATAGATAGAGGTGGTG-GTAGCACATACTACGCCGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCA
S-Nb22  CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGGGGAGGCTCGGTGCAGGCTGGAGAGGCTCTGAGACTCTCCTGTGTAGGCTCTGGATACACCTCTATTAACCCCTACATGGCCTGGTTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGAGCGCGAGGGGGTCGCAGCTATTTCTTCTGGTGGTGTATAC-ACATTCTATGCCGACTCCGTGAAGGGCCGATTTACCA
S-Nb23  CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGGGGAGGCTCGGTGCAGGCTGGAGAGGCTCTGAGACTCTCCTGTGTAGGTTCTGGATACACCTCGATTAACCCCTACATGGCCTGGTTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGAGCGCGAGGGGGTCGCAGCTATTTCTTCTGGTGGTGTGTAC-ACATACTATGCCGACTCCGTGAAGGGCCGATTTACCA
S-Nb24  CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGAGGAGGCTCGGTGCAGGCTGGAGGGTCTCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTAGATACATAGACAGTAGCTACTACTTGGGCTGGTTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGAGCGTGAGGGGGTCGCAGCTATTACGGATGGTGGTG-GTAGCACATACTACGCCGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCA
S-Nb25  CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGAGGAGGCTCGGTGCAGGCTGGAGAGGCTCTGAGACTCTCCTGTGTAGGTTCTGGATACACCTCTATTAACCCCTACATGGCCTGGTTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGAGCGCGAGGGGGTCGCAGCTATTTCTTCTGGTGGTGTTTAC-ACATACTATGCCGACTCCGTGAAGGGCCGCTTTACCA
S-Nb26  CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGAGGAGGCTCGGTGCAGGCTGGAGAGGCTCTGAGACTCTCCTGTGTAGGTTCTGGATACACCTCTATTAACCCCTACATGGCCTGGTTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGAGCGCGAGGGGGTCGCAGCTATTTCTTCTGGTGGTGTGTAC-ACATACTATGCCGACTCCGTGAAGGGCCGATTTACCA
S-Nb27  CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGGGGAGGCTCGGTGCAGGCTGGAGAGGCTCTGAGACTCTCCTGTGTAGGCTCTGGATACACCTCTATTAACCCCTACATGGCCTGGTTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGAGCGCGAGGGGGTCGCAGCTATTTCTTCTGGTGGTGTCTAC-ACATACTATGCCGACTCCGTGAAGGGCCGATTTACCA
P-Nb1   GATGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGAGGAGGCTCGGTGCAGGCTGGAGAGGCTCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGGATACATAGACAGTAGCTACTACTTGGGCTGGTTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGAGCGTGAGGGGGTCGCAGCTATTACGGATGGTGGTG-GTAGCACATACTACGCCGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCA
P-Nb2   GATGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGGGGAGGCTCGGTGCAGGCTGGAGAGGCTCTGAGACTCTCCTGTGTAGGTTCTGGATACACCTCTATTAACCCCTACATGGCCTGGTTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGAGCGCGAGGGGGTCGCAGCTATTTCTTCTGGTGGTCAATAC-ACATACTATGCCGACTCCGTGAAGGGCCGATTTACCA
P-Nb3   GATGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGGGGAGGCTCGGTGCAGGCTGGAGGGTCTCTGAGACTCTCCTGTGCAGTATCTGGATACACCTACAGTAGCTACTGCGTGGGCTGGTTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGAGCGTGAGGGGGTCGCCACTATTAATACTGCCGGTG-GTAGCACATACTACGCCGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCA
P-Nb5   GATGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGGGGAGGCTCGGTGCAGGCTGGAGAGGCTCTGAGACTCTCATGTGCAGCCTCTGGAGACACCTTCAGTAGCTATTCCATGGGCTGGTTCCGTCAGGCTCCAGGAAAGGAGTGTGAATTGGTCTCAAATATTTTGCGTGATGG----TACGACTACCTACGCCGGCTCCGTGAAGGGCCGATTCACCA
P-Nb6   CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCTGGAGGAGGCTCGGTGCAGGCTGGAGGGTCTCTGAGACTCTCCTGTGTAGCCTCTGTAGACATCTACAATTTGTACTCTATGGGCTGGTTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGAGCGTGAGGGGATCGCAAATCTTTGGTAATGGTGGTAT-TAGGACATACTACGCCGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCA

                210       220       230       240       250       260       270       280       290       300       310       320       330       340       350       360       370       380       390       400       410   416
S-Nb1   TCTCCCAAGACAACGCCAAGAATATGATGTATCTGCAAATGAACAACCTGAAACCTGAGGACACGGCCATCTATTACTGTGCGGCA-----GAT-----TGG--GGATATTGTAG--TGGT---------GGCCTC-----------GGTAT-GTCTGACTTT---GGTTACTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCACCGTCTC--CAGC
S-Nb2   TCTCCCGAGACAACGCCAAGAACACGATGTATCTGCAAATGCCCAGCCTGAGACCTGAGGACAGTGCCAAGTACTACTGTGCAGCA-----GATTTCCGTCG--CAGT--GGTAG-CTGGAAC----GTCGACCCC---TTAA----GGTAT-GACTA--TCA---AC--ACTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCACCGTCTC--CAGC
S-Nb3   TCACCCGAGACAACGTCAAGAATACAATGTATCTGCAAATGCCCAGCCTGAAACCTGAGGACAGTGCCAAGTACTACTGTGCAGCA-----GATTTCCGTCG--GGGT--GGTAA-CTGGAAC----GTCGACCCC---TTTA----GGTAT-GACTA--TCA---AC--ATTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCACCGTCTC--CAGC
S-Nb4   TCTCCCGAGACAACGCCAAGAACACGGTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGCAACCTGAGGACACTGCCATGTACTACTGTGCAAC-------AAGGCCCCCTG--------GTAGT-TGGAGC--------ACCCGCTGGGATGCCGGGTAT-AACG----------ATTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCACCGTCTC--CAGC
S-Nb5   TCTCCCAAGACAACGCCAAGAGCACGGTGTATCTAATGAACAGCCTGAAACCTGAGGACACGGCCATCTATTACTGTGCGGC----A-GA--CCCCTGGG--------GTATA-TCG--CCTATGACGTCAT----TGAA-CCGTGAATGGTATA--------ACT-ACTGGGCCAGGGGACCCAGGTCACCGTCTC--CAGC
S-Nb6   TCTCCCGAGACAACGCCAAGAATACGGTGTATCTGCAAATGCCCAGCCTGAAACCTGAGGACAGTGCCAAGTACTACTGTGCAGCA-----GATTTCCGTCG--GGGT--GGTAG-CTGGAAC----GTCGACCCC---TTAA----GGTAT-GACTA--TGA---AC--ACTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCACCGTCTC--CAGC
S-Nb7   TCTCCCGAGACAACGCCAAGAACACGGTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAAACCTGAGGACACGGCCATCTATTACTGTGCGGCACTACGCTCCCCCTCTACGCT---GCTATAATGGCTA---TGACGTCCC---GCTCA----GAAGCT-GACTT--TGA-----TTACTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCACCGTCTC--CAGC
S-Nb8   TCTCCCGAGACAACGCCAAGAATACGATGTATCTGCAAATGCCCAGCCTGAAACCTGAGGACAGTGCCAAGTACTACTGTGCAGC----A-GATTTCCGTCG--GGGT--GGTAG-CTGGAAC----GTCGACCCC---TTAA----CGTAT-GACTA--TCA---AC--ACTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCACCGTCTC--CAGC
S-Nb9   TCTCCCGAGACAACGCCAAGAATACGATGTATCTGCAAATGCCCAGCCTGAAACCTGAGGACAGTGCCAAGTACTACTGTGCAGC----A-GATTTCCGTCG--GGGT--GGTAG-CTGGAAC----GTCGACCCC---TTAA----GGTAT-GACTA--TCA---AC--ACTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCACCGTCTC--CAGC
S-Nb10  TCTCCCGAGACAACGCCAAGAATACGATGTATCTGCAAATGCCCAGCCTGAAACCTGAGGACAGTGCCAAGTACTACTGTGCAGCA-----GATTTCCGTCG--GGGT--GGTAG-CTGGAAC----GTCGACCCC---TTAA----GGTAT-GACTA--TCA---AC--ACTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCACCGTCTC--CAGC
S-Nb11  TCTCCCAAGACAACGC---GAACACGGTGTCTCTGCAAATGAACAGCCTGAAACCTGAGGACGCTGCCATGTACTACTGTGCAATA-----GAGGGACGCCC---GAT--GAT----TGGTGG-----TCCTTCCT----GCTCCATGGGGTCGCCTAATTCGTATACTTACTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCACCGTCTC--CAGC
S-Nb12  TCTCCCGAGACAACGCCAAGAATACGATGTATCTGCACATGCCCAACCTGAAACCTGAGGACAGTGCCAAGTACTACTGTGCAGCA-----GATTTCCGTCG--GAGT--GGTAG-CTGGAAC----GTCGACCCC---TTAA----GGTAT-GACTA--TCA---AC--ACTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCACCGTCTC--CAGC
S-Nb13  TCTCCCGAGACAACGTCAAGAATACGATGTATCTGCAAATGCCCAGCCTGAAACCTGAGGACAGTGCCAAGTACTACTGTGCAGCG-----GATTTCCGTCG--GGGT--GGTAG-CTGGAAC----GTCGACCCC---TTAA----GGTAT-GACTA--TCA-----ATACTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCACCGTCTC--CAGC
S-Nb14  TCTCCCAGGACAACGCCAAGAACACGGTGTATCTACTAATGAACAGCCTGAAACCTGAGGACACGGCCATCTATTACTGTGCGGCA-----GA--CCCCTGG--------GGTAT-ATCG--CCTATGACGTCA-----TTGAACCGTGAATGGTATA--------ACT-ACTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCACCGTCTC--CAGC
S-Nb15  TCTCCCGAGACAACGCCAAGAATACGGTGTATCTGCAAATGCCCAGCCTGAAACCTGAGGACAGTGCCAAGTACTACTGTGCAGCA-----GATTTCCGTCG--GGGT--GGTAG-CTGGAAC----GTCGACCCC---TTAA----GGTAT-GACTA--TGA---AC--ACTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCACCGTCTC--CAGC
S-Nb16  TCTCCCGAGACAACGCCAAGAATACGATGTATCTGCAAATGCCCAGCCTGAAACCTGAGGACAGTGCCAAGTACTACTGTGGAGCA-----GATTTCCGTCG--GACT--GGTAG-CTGGAAC----GTCGACCCC---TTAA----GGTAT-GACTA--TCA---AC--ACTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCACCGTCTC--CAGC
S-Nb17  TCTCCCGAGACAACGCCAAGAATACGGTGTATCTGCAAATTTCCAGCCTGAAACCTGAGGACAGTGCCAAGTACTATTGTGCAGCA-----GATTTCCGTCG--GGGT--GGTAG-CTGGAAC----GTCGACCCC---TTAA----GGTAT-GACTA--TCA---AC--ACTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCACCGTCTC--CAGC
S-Nb18  TCTCCCGAGACAACGTCAAGAATACGATGTATCTGCAAATGCCCAGCCTGAAACCTGAGGACAGTGCCAAGTACTACTGTGCAGCA-----GATTTCCGTCG--GGGT--GGTAG-CTGGAAC----GTCGACCCC---TTAA----GGTAT-GACTA--TCA---AC--ACTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCACCGTCTC--CAGC
S-Nb19  TCTCCCGAGACAACGCCAAGAATACGGTGTATCTGCAAATTTCCAGCCTGAAACCTGAGGACAGTGCCAAGTACTACTGTGCAGCA-----GATTTCCGTCG--GGGT--GGTAG-CTGGAAC----GTCGACCCC---TTAA----GGTAT-GACTA--TCA---AC--ACTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCACCGTCTC--CAGC
S-Nb20  TCTCCCGAGACAACGCCAAGAATACGATGTATCTGCAAATGCCCAGCCTGAAACCTGAGGACAGTGCCAAGTACTACTGTGCAGCA-----GATTTCCGTCG--GGGT--GGTAG-CTGGAAC----GTCGACCCC---TTAA----GGTAT-GACTA--TCA---AC--ACTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCACCGTCTC--CAGC
S-Nb21  TCTCCCACGACAACGCCAAGAACACGATGTATCTGCAAATGAACGAGCTGAAACCTGAGGACACGGCCATCTATTACTGTGCGGCAACTACACTTCCCCTCTACGCT---GCTATAATGGCTA---TGACGTCCCGCTCAGAAGCTGACTTT-GATT-------------ACTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCACCGTCTC--CAGC
S-Nb22  TCTCCCGAGACAACGCCAAGAATACGATGTATCTGCAAATGCCCAACCTGAAACCTGAGGACAGTGCCAAGTACTACTGTGCAGCA-----GATTTCCGTCG--GAGT--GGTAG-CTGGAAC----GTCGACCCC---TTAA----GGTAT-GACTA--TCA---AC--ACTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCACCGTCTC--CAGC
S-Nb23  TCTCCCGAGACAACGCCAAGAATACCATGTATCTGCAAATGCCCAGCCTGAAACCTGAGGACAGTGCCAAGTACTACTGTGCAGCA-----GATTTCCGTCG--GGGT--GGTAG-CTGGAAC----GTCGACCCC---TTAA----GGTAT-GACTA--TCA---AC--ACTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCACCGTCTC--CAGC
S-Nb24  TCTCCCAAGACAACGCCAAGAACACGGTGTATCTACTAATGAACAGCCTGAAACCTGAGGACACGGCCATCTATTACTGTGCGGCA-----GA--CCCCTGG--------GGTAT-ATCG--CCTATGACGTCA-----TTGAACCGTGAATGGTATA--------ACT-ACTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCACCGTCTC--CAGC
S-Nb25  TCTCCCGAGACAACGCCAAGAATACGATGTATCTGCACATGCCCAACCTGAAACCTGAGGACAGTGCCAAGTACTACTGTGCAGCA-----GATTTCCGTCG--GAGT--GGTAG-CTGGAAC----GTCGACCCC---TTAA----GGTAT-GACTA--TCA---AC--ACTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCACCGTCTC--CAGC
S-Nb26  TCTCCCGAGACAACGCCAAGAATACGATGTATCTGCAAATGTCCAGCCTGAAACCTGAGGACAGTGCCAAGTACTACTGTGCCGCA-----GATTTCCATCG--GAGT--GGTAG-CTGGAAC----GTCGACCCC---TTAA----GGTAT-GACTA--TCA---AC--ACTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCACCGTCTC--CAGC
S-Nb27  TCTCCCGAGACAACGTCAAGAATACGATGTATCTGCAAATGCCCACCCTGAAACCTGAGGACAGTGGCAAGTACTACTGTGCAGCA-----GATTTCCGTCG--GGGT--GGTAG-CTGGAAC----GTCGACCCG---TTAA----GGTAT-GACTA--TCA---AC--ACTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCACCGTCTC--CAGC
P-Nb1   TCTCCCAAGACAACGCCAAGAACACGGTGTATCTACTAATGAACAGCCTGAAACCTGAGGACACGGCCATCTATTACTGTGCGGCA-----GA--CCCCTGG--------GGTAT-ATCGACT--ATGACGTCA-----TTGAACCGTGAATGGTATA--------ACT-ACTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCACCGTCTCCTCA
P-Nb2   TCTCCCGAGACAACGCCAAGAATACGATGTATCTGCAAATGCCCAGCCTGAAACCTGACGACAGTGCCAAGTACTACTGTGCAGCA-----GATTTCCGTCG--GGGT--GGTAG-CTGGAAC----GTCGACCCC---TTAA----GGTAT-GACTA--TCA---AC--ACTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCACCGTCTCCTCA
P-Nb3   TCTCCCAAGACTACGCCAAGAACACGGTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAACCCTGAGGACACGGCCATCTATTACTGTGCGGCAA----GA-GCCCGAAGCGGTGTTAGCTG--CGGGAAC--------ACC------TAT---GGGTAT-AACT-------------ACTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCACCGTCTCCTCA
P-Nb5   TCTCCCGAGACGACGCCAAGAACACGGTGTATCTGCAAATGCCTGAAATCAGAGGACACGGCCAGATATTACTGTGCGGCC----GATTCCGGCACACAACTTGGGTACGTCGGCGCC---GTCGGACTT----TCG----TGTTTAGACTACGTCATGGACT-ACTGGGGCAAAGGGACCCAGGTCACCGTCTCCTCA
P-Nb6   TCTCCCAAGACAAGGCCAAGAAGACGATGTATCTGCAGATGAACAGCCTGAAACCTGAGGACACGGCCATCTACTATTGTGCGACA----GGACGCCCCTTT--GAGT--CGTA---TGGG--------CGATTGG---TGAA---GCCTAATGAGTATGCCA-------ACTGGGGCCAGGGGACCCAGGTCACCGTCTCCTCA
```

Nucleotide sequences of the Nanobodies retrieved after phage display (P-Nb) or after staphylococcal display (S-Nb). All clones are derived from VHH germline sub family 2a except for P-Nb5 that is from subfamily 4b (Nguyen et al, 2000).