

19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 563 084**

51 Int. Cl.:

C12N 9/10 (2006.01)

C12N 9/18 (2006.01)

C12N 15/52 (2006.01)

C12P 7/06 (2006.01)

A23K 1/165 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **18.09.2009 E 09775638 (1)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **25.11.2015 EP 2326713**

54 Título: **Procedimiento para la preparación de un aditivo para la degradación enzimática de micotoxinas, así como aditivo y uso del mismo**

30 Prioridad:

18.09.2008 AT 50108 U

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:

10.03.2016

73 Titular/es:

**ERBER AKTIENGESELLSCHAFT (100.0%)
Erber Campus 1
3131 Getzersdorf bei Traismauer, AT**

72 Inventor/es:

**MOLL, WULF-DIETER;
HARTINGER, DORIS;
GRIESSLER, KARIN;
BINDER, EVA MARIA y
SCHATZMAYR, GERD**

74 Agente/Representante:

DE ELZABURU MÁRQUEZ, Alberto

ES 2 563 084 T3

Aviso: En el plazo de nueve meses a contar desde la fecha de publicación en el Boletín europeo de patentes, de la mención de concesión de la patente europea, cualquier persona podrá oponerse ante la Oficina Europea de Patentes a la patente concedida. La oposición deberá formularse por escrito y estar motivada; sólo se considerará como formulada una vez que se haya realizado el pago de la tasa de oposición (art. 99.1 del Convenio sobre concesión de Patentes Europeas).

DESCRIPCIÓN

Procedimiento para la preparación de un aditivo para la degradación enzimática de micotoxinas, así como aditivo y uso del mismo

5 La presente invención se refiere a un aditivo para la degradación enzimática de fumonisinas en una materia prima vegetal y mezclas que contienen las materias primas vegetales, así como a un uso del mismo.

10 Las micotoxinas aparecen con mucha frecuencia en productos vegetales agrícolas y provocan, en función del tipo de las micotoxinas, serios daños industriales, en particular en los alimentos preparados a partir de los productos agrícolas, y también en animales y seres humanos alimentados con este tipo de alimentos, siendo este tipo de daños extremadamente variado. Se han desarrollado ya numerosos métodos con los que se intenta desintoxicar o bien degradar o hacer inocuas a micotoxinas de este tipo con el fin de evitar los daños provocados por las micotoxinas en los sectores de la alimentación animal y humana, la cría de animales, el procesamiento de piensos y alimentos, y similares.

15 Entre las micotoxinas conocidas existe una pluralidad de micotoxinas estructuralmente relacionadas entre sí tales como, por ejemplo, las fumonisinas, de las cuales la fumonina B1 es la toxina del grupo que aparece con mayor frecuencia. Sin embargo, se conocen numerosos derivados y moléculas relacionados que asimismo presentan efectos tóxicos en los seres humanos y animales. Así, es conocido que las fumonisinas impiden el metabolismo de esfingolípidos a través de una interacción con la enzima ceramida sintasa. Los esfingolípidos no sólo son componentes de las membranas celulares, sino que también juegan un papel importante como moléculas de señales y mensajeras en muchos procesos celulares elementales tal como el desarrollo celular, la migración celular y la unión celular, en el caso de procesos inflamatorios y procesos de transporte intracelulares. En virtud de este impedimento del metabolismo de esfingolípidos se responsabiliza a las fumonisinas del efecto tóxico en las más diversas especies animales y también para el hombre. Así, pudo determinarse que las fumonisinas actúan de forma cancerígena en roedores y fueron relacionadas mediante datos epidemiológicos con cáncer esofágico y con el defecto del tubo neural en el hombre. En diferentes especies animales tales como, por ejemplo, cerdos se las hace responsables de la toxicosis típica por edema pulmonar. Las fumonisinas son a este respecto una contaminación casi omnipresente en las más diversas especies de cereales y, en particular, en maíz así como nueces y verduras este efecto fuertemente negativo no es nada despreciable en relación con la salud de los seres humanos y animales.

20 La degradación microbiana de fumonisinas se describió ya en el documento EP-A 1 860 954, conforme al cual se emplean microorganismos para la desintoxicación de fumonisinas y derivados de fumonisinas, en los que las bacterias o levaduras desintoxicantes, elegidas de cepas definidas con precisión para la desintoxicación de fumonisinas, se añaden a forrajes.

25 También se describieron ya vías de metabolismo catabólicas para la degradación biológica de fumonisinas y los genes y enzimas responsables de ellas. Así, por ejemplo, el documento EP 0 988 383 describe composiciones y procedimientos desintoxicantes de fumonina, produciéndose las enzimas degradantes de fumonina empleadas, en primer término, en plantas transgénicas, en las que la desintoxicación de fumonisinas tiene lugar con ayuda de una amino-oxidasa que requiere oxígeno molecular para su actividad enzimática.

30 Además de ello, el documento WO 2004/085624 describe transaminasas, desaminasas y aminomutasas y composiciones y procedimientos para la desintoxicación enzimática, en los que se desintoxican, en particular, toxinas aminadas, por ejemplo fumonisinas. A este respecto, para la desintoxicación se emplean polipéptidos que poseen una actividad de desaminasa.

A partir del documento WO 00/04158 se ha dado a conocer el uso de amino-oxidasa degradantes de fumonina en la producción de alimentos o forrajes o bien en el procesamiento de materias primas vegetales.

35 Procedimientos hasta ahora conocidos tienen, sin embargo, en común que para una desintoxicación de las micotoxinas requieren oxígeno molecular para las vías de metabolismo catabólicas descritas, en donde, en particular, las amino-oxidasa necesarias no pueden trabajar bajo condiciones independientes del oxígeno. El empleo de genes y enzimas de este tipo para la desintoxicación de forrajes, por ejemplo en el tracto digestivo de animales, no es posible en virtud del medio esencialmente exento de oxígeno en el tracto digestivo de los animales, o bien los genes y enzimas conocidos no muestran efecto alguno.

40 La invención se dirige entonces a proporcionar un aditivo para la degradación enzimática de micotoxinas, con el que se consiga de forma segura y fiable degradar o bien desintoxicar de una manera independiente del oxígeno fumonisinas para formar sustancias toxicológicamente inocuas.

Por materias primas vegetales se entienden en este caso cereales o bien productos de cereales, hierbas, frutas o verduras, así como productos intermedios que contienen estas sustancias para la producción de alimentos y forrajes tales como, por ejemplo, ensilado, mosto de fruta o similar.

55 Por aditivos se entienden, ante todo, aditivos de forrajes, aditivos de alimentos así como aditivos para la preparación de bioetanol.

Las secuencias de ácidos nucleicos empleadas para la degradación de las fumonisinas o bien las enzimas expresadas mediante estas secuencias de ácidos nucleicos en células huésped procarióticas y eucarióticas, que actúan de forma catalítica en un medio independiente del oxígeno, se listan seguidamente.

Ácidos nucleicos

5 Secuencias:

> Seq ID 1 (racimo de genes fum (metabolismo de fumonisina), 15.420 pb)

TGTCGGCGATCRGTAACCTTCTACCGTGGTCTCGTTCCGCCACAKCATAACATCACAGACRTCGGGATTTCCAACCTGAAC
GGGTCCCGCCCTGCCGGCCACATTTCCCGGAACGCCATATGGGTGATTTGACAAATCCGGTTCAGGCGAAGATGGGTG
CGCCCCATTTAACCGGGTCGAAAGAGGTGATCTGGTCTTGTCCCTGAAAGGTTTTTGGCGTGCAGGGATAAACGACA
CCAAGTTGATGCTGGGACGTTATTGCGACGAAGGGAACCCCTTCGTGGCGTGCCTCAGACTCCAGGCAGAAGGTTTGC
CGTACCGGGACCCGGATTCGTGACAATCGCGGCGACCTGTCCGGTGGTCTTGTAATGCCCTCGGCCATATAGGCTGCGG
CGGCCTCGTGCAGCACCGGGACGAACAATATCCCATTGTCTTCGAGCGCAGCCAGGAGCGGATCCACCTCCGGCGACATG
AGGCCGAAGACATAACCGACGCCCTTCGACGGCCAAACATCGTGCCAATAATTCTCCGCCGTGAGGCGCATGACGATCTC
CAGTACGAAAGGTGAGTGCCAGGTTCCGGCACATTCGCTGTGGTTAGTTGATGCGCTGATCGGCCAACCGACTGAGTGG
AGTTGGATGGCCGACCTTACCCTGTCCGCGATAACTCTCAGATCCGGAAACGGACCCCGACATTAATAATAGCGGCCGAC
CGGATCATAGGCAGAGCTGGTCCGGCTGGAAAACTGTGGGGTCTGTTCTGCTATTGGCGGATCTCGGTGGAACAAAT
TATTGACCGATAGAAAAGCTGCTGCTTCTGGCCAAAAGCCGCGATGTGAAAGGTCATGTCGCGTCCGGTGTACCAAAC
GCCGGAGCGTGGTTCAAATTGATCGACGCCCTCCACATTGTCCGCATTGAACACCGATGCTGCGATGAAGCGCTGCTG
CACGAGAAGCGCCCAATCGTCCGTGGAATATCGCGCCTGGAAGTTGGCGGACCATTTTGGCGTGTCCGGTTGTCGAGCG
AACGGATGGGCGCCGAGCCGGTCCGATGCGATAGGCAGAGGTATGGTGGTTCGAGCGCACGAAGACTGAACGTGCCG
CCGCCGACGGGCGTGGTAAATAGGCTCGAAGTCAATTCGCCCGCTTTCTGGACAGCCAGGTTGAGATTGGGACCCGT
CACTGTGATGGTCCCGTCCGGATTCTCCGTTATGAGGTGCGAGAAGAAGGTGTTTCTGCATCGCACCGCTGATTTCT
GCTGGGGAAGGAGGAAATCGATCGCGCCCTCACCTTACCACATAGCGATCGACCGAAAACCTGAAACCCCGGCACGAAG
GCGGGCGTAGCACCGCCGAATGTAAGGACGTCCGCTTTTTCAGGGCGCAAATCCGCGTTGCCGGCGTAAAGAACC
CGTCTGCACAGCCTGTCGCCATAAATTGAATTGAGCGTCCGCTGACGGCCGGGGTTCGAATAGCTCGACAAGGCTTGGCC
CGCGGATATCTCGGAAACGGGTCCGCGGAACTGAGGCCGTGATCGGCTCATATTTCTCCGCCAGCTTCCAGGTTGTT
ACTCCACCGGACTGGCTGTAATCGGCATATCGGACCGGCGCCGTTTAAAGTTCAGCGAACGTCCAGCGCGTGTCTTCAG
AATCGGGACGCCGATTTGACAAAACCTTCTTGTATGTCATAGCTTCCCGAGAAGGGAAGTGGGTTGTAGAGATTGAAGC
CTCCAGGCCGACTGCTGCGCCGCGGAGCCCCCTGATTCCTGATCGAGGTCGCTGCGCTGCGATATCGCGTCCGTT
TCCTGCCGGGCTTCTCCTTGGGATATTCGATACCGGCGACCGAGACCGGGCCCGCCGAACGACAGGCTATCGCC
GAGGTGCGCGGAAATCGTGAGTCCCGCCACATATTGCTCAAGCCTCAGCTGAGCGACGCCATCAGCGGTGACATAGTCA
TGGCCGACCGCTCGGCGAGCCTGTCCGAAGAGATTGAGCGGCACGCAATCTTGGTCCGAGGCCGCCAGTGTGAACGG
CAGACGATATTGCCCGGGATCGCGGACCGCATCGACGGCGGCTAGAGATTGCGGTTGATGGTGGATTGTTTTACG
AAGCTCGAGGTCCGTAAGGCCAAAGGAGGCCGAGCCATCGAGTTTCCAGCATTGCCAATGTCTGCCCGGAAGCCGGCAG
CGCCGGTAGACCTTTCGAAATTCGATTTTCGACCAAGGGAAGTTCGTTGAGAAGCGACCGACAACGATCGAAGCC
TGGGCATTTCTGTCCATGAGCGTCCGAGTGGAGCCGAAGGAAGGCTTATCACGGAAGATCCGGAATTTATTGAGCC
ACCGACATGCGATATTACGAATGCACCCAGGTTGGTGTGGGAATAAGCATAGGTGCCCTCCGCATACACCTGCACAGTGT
CGGACACATCATATGCGGCGGTAGGAACGCGTTGTAGCGAAGCTGATCCGGGGCGAAGCCGATATTACGCGCGGTTCCA
TCGCCCGCGCTTGGAAACGACGAGCTCGTAAAATTCCTGATGTCGAAGGTCCTAGGACTCCTCCGGGCAAAAACGCGAT
GCCTTTTCAGAGGGCCGACGTCGACAAAGTCCGCCGTAGGATCCGCGAGAATGCGAATATCGGGCACGCCGTGACGCTG
TCGTAGCGCCGGCACGGGATATTGGCCGGCGGCGATGTCGAACCAGCGGCGACCCGTTGCTTCATCGGCCCGGATTCCG
TCCTGTGAAAATATTGAAAGTCCGAGCAAGTGAACCGGTGTCGGCAAACGAAGTCCGAAGGCGATCGAACCGCC
GTAGGACGGGAGTCCCGCGGTTGAAACACCCGACTGGAGCTCGGCCCTGATGCCTTCAGATCTTCGTGAGCACGA

GTCCGCGTTTGAGGCTCTACGGAGTCCAGGCGCCCAAGCAAAGTGATTGTGGACCCTTGGCGCTGAGCCTGAGGATGCC
AAGGGTGCAGCTTGGGCATCGTCAAAGAAGGCGACGTTGACCCGGTATGTGAACATCCCATATCTTCCGCAGCTGAA
GCAGTTGGTAAACATGCCAAAATATGAACTGTAGTATTCGCGTCCGGGTTCTCATTGTGGGGTTTCCATTGTCATCGCTC
GCACCGGCGACAAAGATTAGATGTACTTCGATAAATCCGTGCTCTCGACCTGGCCTTCTTCATATATTTTCAGGACCTC
TCCGACCATGCTGCGGCGGGATCGGGATCGGCAGGCGTTGGTTTCATCTGGGTGAGTTCAGTTGATCTTCGTAAGAG
AGAACACCTCCTCGGCTAACTGCGCCGCGGTACTATCGCAGGATCGTCTCGAGCGTYCGC

> Seq ID 8 (fumD)

GTGAAAGAGCACCAATGCCGTGGCGGCCGGGCGTCCCGCTGCGCCCGCCACGTGGCTTGGCGGGATCAGCGTTTCCCG
GGGGCCTCCGCCATCGCCTGGACCTTCATGCTTGGCGCAACTGCCATTCCCGTGGCTGCGCAAACAGCATCCGAAGC
TCGTTTCGTATACCCAGTCCGGCGCGCTCGAGGGCGTCCGAGGGGACGTCGAGACTTTTTTGGGAATACCCCTTCGCGCT
CCGCCGGTCCGCGACCTGCGATGGCGGCCGCGGCTCCGCCGAGGGCGTGGGCGGGCACCAGGGACGGCCGCGCTTTGC
GCCGATTGCATCGGGAACGAGCGGCTTAGAGAGGGGAGCCGGCTGCGGGACGAGCGAAGACTGCCTCTATCTGAATA
TCTGGTCTCCCAAACAGGTCCGTAAGGGGGGGCTCCCGTTCATGATCTGGGTTTACGGCGGTGGGTTTAGCGGCGGTTCT
GGCGCGGTCCATATTATGACGGCTCTGCGCTCGCGCAGAAGGGCGTGGTGGTTCACGTTCAACTATCGCGCCGGAT
TCTGGGCTTTCTTGGCCATCCGGCGCTTTCAAAGGAAAGTCCGAATGGCGTGTGGGCAACTATGGTCTTCTCGACATGC
TCGCGCGGTTCAAATGGGTTCAAGAACATAAAGGGAGTTCGCGCGGAGACCCGAACCGTGTACGGTCTTTGGCGAGTCC
GCCGCGGAGCGCGCTCGGACTGCTCTGACCTCGCCGCTCAGTGAGAGCGCCTTCAATCAGGCGATACTGCAAAGTCC
GGTCTGCGCCAGGCCGCTCGCCACGCTTTCTGAAAGCGAAGCGAATGGGCTGGAGCTGGGAGCCGATATTTCTGCTTAC
GGCGTGCCGATGCGGGCGAATGACGAAGATCGCGCAATCGCAATACCCATGTGCGGCCAGTTCACCAAGCCGCGGCCG
ATGGGTCGGATTCTGACGGCTATGTTTTGCGCACCTTGACGTGATGCTTCCGCAAGGGGGCCTTCCGCAAGATACC
CGTTCTGGTCCGGGAAACCGCGACGAAGGGCGCGCTTTACGGATCGCTGCGCGTCAAACCGTCTTGAATATCGAG
CCTATCTCACGAACAATTTGGTGCAGGCGGACGCAATGGGAGCGTTGTTATCCCGCGAACTCCGACGCCGACCTCCCC
GCCCGCTTGGCCGCTTTTTGGGATAGTCAGTTCAACAACGGGATCGAGCTGCTCTCGGCAGCCTTCCGCAATGGCG
AACGCCGCTTTGGAGATATCGCTTACGGGCATTCAGGAGCCGCGCTGCGCCCGCCACGATGGAGACGAATTCCTC
ATGCTTTCGAAATCTGGGGCGTCTCGTATCTATGTTTGGGTGCTCGAAGGGCGCGCGGGGCGTCCGACATCAA
CTTGGCAGCGAAATGTCGCGGCTGGGTGAGCTTCGCGGTGACAGGGGTCGCGGATCCCGATCAGGGCACGAATCGCATGGCC
GCGCTTCGAGCGGCGAGGGGAGATCATGACTTTTGGTTCGAGGTTGGCTCTGGGAAGGTCTTGAGTTTCGCGGAGCA
AAGCCTGCCAACCTCAAATAG

> Seq ID 18 (fumI)

ATGGCGAACGGAACAAGGCAGAAAGATCTCAGAGAACGCGCCGAACGGGTCAATCCGGGCGGGATGTACGGCCACGAG
TCGACACGGTTGCTGCGCCAGAATTCCTCCAGTCTTCAGGCGCGCGCTGGGGGCAGAAATTTGGGACGCCGACGAG
CAGCCCTATATCGACTATATGTGCGCGTATGGGCCAAATTTGCTCGGTTACCGGCAATCCGAAATCGAAGCCGCGGCT
GATGCGCAGCGACTTCTCGGCGACACCATGACCGGTCTTCGAGATCATGGTCAACCTCGCCGAGCCTTTGTGGGC
ATGGTCCGTCATCGGATTTGGGCGATGTTCTGCAAAAATGGCAGCGATGCCACCTCAACGGCGATGGTCTCGCGCGT
GCCATACGGGGCGCAAAACCATATTTAGCGCCAAAGGCGCGCTATCATGGCGCTTCCCGTGGAACTCCGCAACT
GCCGGGATTCTCGCTTCCGATCGCGTGCATGTGCGCATATTATACTATAACGACGCCAAAGCTTATCGGACGCGTTC
AAGGCGACGATGGCGATATGCGGCTGTCTTGGCACACCTTCCGACACGAAGTATTTGAGGACCAGGCCCTCGCC
CAGCTTGAGTTCGCGCGCACCGCTCGAAAATGTTGTGACGAGACCGGTGCGCTTCTGGTTCGTTGACGATGTGCGCGCA
GGTTTCCGGGTGGCGCGCATTCAGCTGGACGCATTTGGGTATCGAACCCGATCTCAGTTGCTGGGAAATGCTTT
GCGAATGGCTATCCGATCTCCGCCCTGCTGGGCTCGAACAAGGCGCGCATGCGGCGCGGGATATTTGTGACCGGC
TCCTTCTGGTCTCTGCGGTACCGATGGCGGCCGCGATCGAAACCTCAGGATCATTCGAGAGACGCTTATCTCGAA
ACGCTGATCGCCAGCGCGCGCCCTCGGGCAGGCTGGAGGCACAGTCTCAGCGCATGGTCTTGAGTTGAAGCAG
ACGGGCCCGCGCAGATGCCGCAATATCTTTGCGGACGATCCCGATTTCCGATCGGCTATGCGTGGGCGCGGCG
TGCCTGAAGGGCGCGCTATGTTTCATCCTATCAATATGTTTCTCTGCGGCCATACAGTTGACGATGTAACG
GAGACCTCGAGGCGACGGATCGCGGTTAGCGCGGCTCTCAGAGATTTGCGTCTCTCAGCCTCATCCATTTTA
ATGCAACTCGCCGGTGTCTGA

5

Enzimas

Secuencias:

>Seq ID 9 (FumD)

VKEHQCRGGRASPAAPATWLARI SVSRGASAI AWTFMLGATAI PVAAQTDDPKLVRHTQS
GAVEGVEGDVETFLGIPFAAPPVGDRLRWRPPAPPRAWAGTRDGRRFAPDCIGNERLREGS
RAAGTSEDCLYLNIWS PKQVKGGLPVMIVVYGGGFSGGSGAVPYDGSALAQKGVVVVT
FNRYAGILGFLAHPALSKESPNGVSGNYGLLDMLAAFkwvQNNIREFGDPNRVTVFGES
AGASALGLLLLTSPLSEAFNQAILQS PGLARPLATLSESEANGLELGADISALRRADAGE
LTKIAQSRIPMSRQFTKPRPMGPILDGYVLRITLDVDAFAKGAFRKIPVLVGGNADEGRAF
TDRLPVKTVLEYRAYLTEQFGDEADAWERCYPANSADVPAAVARLFGDSQFNNGIELLS
AAFAKWRTPLRWYRFTGIPGAGRRPATHGDEIPYVFANLGPSSVSMFGSLEGGAGASDIK
LATEMSAAVVSFAVHGVPDQGTKSHWPRFERRGEIMTFGSQVGSSEGLGVSPSKACQPSK

10

>Seq ID 19 (Fuml)

MANGTRQKDLRERAERVI PGGMYGHESTRLLPPEFPQFFRRALGAR IWD ADEQPY IDYMC
 AYGPNLLGYRQSEIEAAADAQRLLGDTMTGPSEIMVNLAEAFVGMVVRHADWAMFCKNGSD
 ATSTAMVLARAHTGRKTI LCAK GAYHGAS PWNT PHTAGILASDRVHVAYTYTYNDAQSLSD
 AFKAHDGDIAAVFAT PFRHEVFEDQALAQLEFARTARKCCDET GALLVDDVRAGFRVAR
 DCSWTHLGI EPDLSCWGKCFANGYPI SALLG SNKARDAARDI FVTGSFWFSAVPMAAAIE
 TLR IIRETPYLETLIASGAALRAGLEAQSQRHGLEL KQTGPAQMPQIF FADDPDFRIGYA
 WAAACLKGGVYVHPYHNMFLSAHTVDDVTETLEATDRAFSAVLRDFASLQPHPI MLQLA
 GA

5 Para la solución de estos problemas, un aditivo de este tipo se caracteriza por que están contenidos una enzima de la secuencia ID-Nº 9, así como, eventualmente, de manera adicional un co-sustrato para la enzima empleada, una enzima de la secuencia ID-Nº 19 y un soporte inerte.

10 Un aditivo de este tipo en el que están contenidos una enzima o un organismo huésped recombinante completo para la expresión de esta enzima, así como, eventualmente, de manera adicional un co-sustrato para la enzima empleada, una enzima de la secuencia ID-Nº 19 y un soporte inerte, se distingue por que degrada de forma deliberada fumonisinas y, por consiguiente, las desintoxica. Mediante el empleo de un aditivo de acuerdo con la invención, que esencialmente se compone de una enzima aislada, así como, eventualmente, de su co-sustrato y soportes, resulta la ventaja de que éstos conservan su actividad catalítica en un entorno y bajo condiciones en las que, por ejemplo, microorganismos completos no serían activos o sólo serían poco activos, pudiendo alcanzarse al mismo tiempo una actividad específica significativamente superior, así como pudiendo catalizarse reacciones definidas evitando reacciones secundarias indeseadas.

15 Además de ello, pueden evitarse con seguridad problemas que, conforme al estado de la técnica, han resultado mediante el empleo de gérmenes susceptibles de multiplicación en productos brutos agrícolas y, además de ello, aditivos que sólo contienen enzimas aisladas presentan tanto una mejor idoneidad para la formulación para una activación preestablecida y controlada, es decir, por ejemplo, en un lugar determinado del tracto digestivo, como también la prevención de un consumo de sustrato indeseado, elevado.

20 Además, se puede mantener el metabolismo de esfingolípidos que es impedido por la interacción de las fumonisinas con la enzima ceramida sintasa y, al mismo tiempo, las fumonisinas no son degradadas biológicamente para formar sustancias tóxicas. Finalmente, pueden alcanzarse aplicaciones tecnológicas de la desintoxicación.

25 Con un aditivo de este tipo se consigue, por una parte, por ejemplo degradar de forma completa y fiable micotoxinas directamente sobre el material bruto, catalizando las enzimas producidas específicas en este procedimiento la degradación de fumonisinas y de productos intermedios de la vía de degradación y, por otra parte, degradar micotoxinas, por ejemplo, también directamente durante la producción de bioetanol en el mosto para la preparación de alcohol, o también en la preparación de alimentos degradarlas directamente o bien neutralizarlas en el procedimiento de preparación.

30 Al estar configurado el aditivo, tal como corresponde a un perfeccionamiento preferido de la invención, de modo que una enzima es empleada envuelta con una envoltura protectora, se puede garantizar que la enzima esté asegurada frente a una pérdida prematura de la actividad y despliegue de forma segura y fiable su efecto en el lugar previsto, por ejemplo en el tracto gastrointestinal.

35 Mediante la encapsulación de la enzima en una envoltura protectora se consigue transportar la enzima sin modificación, en particular sin degradación ni deterioro a su lugar de empleo, en particular, por ejemplo, al tracto digestivo, de modo que sólo después de la disolución de la envoltura protectora, por ejemplo en el tracto gastrointestinal de seres humanos o animales, la enzima o bien eventualmente las enzimas comienzan a actuar, con lo que se puede alcanzar una degradación todavía más preestablecida, rápida y completa de las micotoxinas en el medio independiente de oxígeno del tracto gastrointestinal y, al mismo tiempo, se puede impedir que fumonisinas ejerzan su efecto nocivo sobre aquellos seres vivos que la han ingerido con los alimentos.

40 Al estar el aditivo configurado de modo que la enzima es una carboxilesterasa con la secuencia ID-Nº 9, pasa a emplearse esencialmente la enzima capacitada para el catabolismo del sustrato, de modo que junto a una pequeña cantidad de enzima a emplear también puede asegurarse que no se manifiesten reacciones secundarias indeseadas con el empleo de la enzima.

45 De acuerdo con un perfeccionamiento preferido de la invención, el aditivo está configurado de modo que están contenidos una carboxilesterasa de la secuencia ID-Nº 9, una aminotransferasa de la secuencia ID-Nº 19, un α -cetoácido como co-sustrato y un soporte inerte. Al presentar el aditivo una carboxilesterasa, una aminotransferasa y un α -cetoácido como co-sustrato junto a un soporte inerte se consigue, en particular, hidrolizar primeramente fumonisinas que están contenidas en los alimentos al separar de las fumonisinas restos de ácido tricarbálico con ayuda de una carboxilesterasa, y se puede continuar haciendo reaccionar la fumonisina hidrolizada, así formada, a continuación y bajo la acción de la aminotransferasa y del α -cetoácido como co-sustrato, en el presente caso

preferiblemente ácido pirúvico, al reemplazar un grupo amino de la molécula de fumonisina hidrolizada por un grupo ceto, de modo que resulta una fumonisina 2-ceto-hidrolizada totalmente inocua, por ejemplo, para mamíferos que puede ser secretada de manera inalterada, y como producto secundario se forma alanina que es totalmente inocua y que, asimismo, no ejerce o bien presenta ningún tipo de propiedades negativas, por ejemplo sobre un organismo, de modo que se asegura una degradación completa de fumonisinas en sustancias inocuas.

De acuerdo con un perfeccionamiento preferido de la invención, el aditivo está perfeccionado de manera que están contenidos una carboxilesterasa de la secuencia ID-Nº 9, al menos un adsorbente tal como un mineral arcilloso, así como un soporte inerte. En el caso de emplear únicamente una carboxilesterasa de la secuencia ID-Nº 9 y al menos un adsorbente, la desintoxicación de las fumonisinas también puede llevarse a cabo de manera que únicamente se disocian los restos de ácido tricarbálico, y la fumonisina hidrolizada, así formada, sea adsorbida al adsorbente. Al disociar los restos de ácido tricarbálico mediante el empleo de la carboxilesterasa, se forma una molécula esencialmente de cadena larga que puede ser adsorbida de forma fácil y fiable, de modo que únicamente se puede garantizar mediante un empleo preestablecido de una única enzima una desintoxicación completa mediante una degradación en particular independiente de oxígeno de la fumonisina y subsiguiente adsorción.

Al emplear en el caso de utilizar carboxilesterasa de la secuencia ID-Nº 9 adicionalmente al menos un adsorbente elegido de minerales arcillosos, también se puede alcanzar, sin la adición de enzimas adicionales, una inocuidad completa de las fumonisinas, al disociar en una primera etapa mediante la carboxilesterasa de la molécula de fumonisina las dos cadenas laterales del ácido tricarbálico y formar la denominada fumonisina hidrolizada. La fumonisina hidrolizada, que es una molécula esencialmente en forma de cadena, puede adsorberse a continuación, por ejemplo, a minerales arcillosos, de modo que también se puede alcanzar en un proceso de degradación enzimático de una etapa una inocuidad completa de las fumonisinas.

Al degradar en este caso fumonisinas de modo independiente del oxígeno o bien en condiciones anaerobias, se consigue que las secuencias de ácidos nucleicos de genes o bien enzimas lleven a cabo de manera segura y fiable, sin la adición de oxígeno molecular, las reacciones de degradación, con lo que el aditivo, así preparado, puede pasar a emplearse en todos los medios independientes de oxígeno o bien anaerobios en donde posiblemente tengan que degradarse micotoxinas tales como, por ejemplo, en alimentos para seres humanos y animales, la producción de bioetanol o también para la preparación o bien producción de plantas útiles en agricultura, modificadas por tecnología genética.

Al elegir en este caso las enzimas de la carboxilesterasa de la secuencia ID-Nº 9 y, eventualmente, de la aminotransferasa de la secuencia ID-Nº 19, las fumonisinas pueden ser degradadas de forma perfecta y completa en un medio independiente del oxígeno. En este caso, en los racimos de genes Fum aislados del racimo de genes de la secuencia de ácidos nucleicos con la secuencia ID-Nº 1, que procede de una cepa procariótica con el número de depósito DSM 16254, puede controlarse o bien regularse la transcripción de los marcos de lectura abiertos por parte de un promotor bidireccional que está dispuesto entre FumA y FumI, tal como se puede deducir de la Tabla 1 que figura más adelante. Los racimos codifican proteínas que están implicadas en la regulación de la expresión génica, en la exploración del sustrato, el transporte y en el catabolismo del sustrato tal como, por ejemplo, FumD o FumI. A partir de estas secuencias de ácidos nucleicos, que codifican genes o bien enzimas especiales, se eligen los genes que son responsables para el catabolismo del sustrato, con lo cual las enzimas formadas correspondientes pueden catabolizar por completo el sustrato, a saber fumonisinas.

En este caso marcos de lectura abiertos elegidos, por ejemplo, del racimo de genes de la secuencia de ácidos nucleicos con la secuencia ID-Nº 1 se llevan a expresión en células huésped procarióticas o eucarióticas. En la cepa bacteriana con el número de depósito DSM 16254, la transcripción de los marcos de lectura abiertos contenidos en el racimo de genes con la secuencia ID-Nº 1 tiene lugar de forma controlada o regulada mediante un promotor bidireccional que está dispuesto entre fumA y fumI tal como se puede deducir de la Fig. 1 que figura más adelante. Los genes codifican proteínas que están implicadas en la regulación de la expresión génica tales como, por ejemplo, en el reconocimiento del sustrato, el transporte y en el catabolismo del sustrato tal como, por ejemplo, FumD y FumI.

En la Tabla 1 que figura a continuación se recoge la denominación de los genes del racimo de genes catabólicos de fumonisina, en donde O significa la orientación, a saber f directa y r inversa.

Tabla 1

Gen	Secuencia ID	O	Inicio	Fin	Longitud	Denominación
<i>fumD</i>	8	f	8294	8916	1623	Carboxilesterasa
<i>fumI</i>	18	f	5063	3795	1269	Aminotransferasa

De acuerdo con un perfeccionamiento de la invención, se lleva a cabo un uso del aditivo en un medio independiente de oxígeno en la producción de bioetanol, junto con un mosto o bien un material de partida vegetal, estando elegido el aditivo de manera que la enzima contenida en el mismo procede por completo de bacterias que catalizan, a través

de una vía de degradación muy específica, el catabolismo de fumonisinas, con lo que se consigue emplearlas con una elevada especificidad, actividad y eficacia, con lo que el aditivo también puede ser utilizado tecnológicamente en un medio independiente de oxígeno.

5 Finalmente, es posible un uso de genes tal como están representados en las secuencias ID-Nº 8 y 18, o de un co-sustrato, una carboxilesterasa de la secuencia ID-Nº 9 eventualmente, una aminotransferasa de la secuencia ID-Nº 19 así como un α -cetoácido como co-sustrato para la preparación de un aditivo para la degradación de fumonisinas en el procesamiento o uso de materias primas vegetales. Con un aditivo producido de este modo se consigue una degradación completa y fiable de fumonisinas, en particular en un medio independiente de oxígeno. En particular, con un uso de este tipo se consigue degradar en su totalidad fumonisinas de manera segura y fiable, por ejemplo en 10 materias primas o bien materiales de partida o vegetales para formar componentes inocuos.

Otro uso es el empleo de una carboxilesterasa, de al menos un adsorbente tal como de un mineral arcilloso, así como de un soporte inerte. Mediante el uso de una carboxilesterasa de la secuencia ID-Nº 9 y de al menos un adsorbente se consigue desintoxicar fumonisinas de manera segura y fiable mediante únicamente el empleo de una 15 única enzima al disociar con esta enzima o bien con ayuda de esta enzima los restos secundarios de ácido tricarbálico de la fumonisina y adsorber a continuación la fumonisina formada en este caso, de cadena larga e hidrolizada al adsorbente, con lo que la toxina puede ser neutralizada de manera segura y fiable.

De acuerdo con un uso adicional, el aditivo de acuerdo con la invención se emplea para el tratamiento independiente de oxígeno o bien anaerobio de un material de partida vegetal o bien de un mosto en la producción del bioetanol. En este caso, se consigue neutralizar de forma segura y fiable las micotoxinas contenidas en el material de partida o 20 materia prima vegetal durante la producción de bioetanol en el medio independiente de oxígeno, de modo que el residuo de la producción de etanol, a saber, el orujo o el bagazo seco puede ser empleado seguidamente ya sea directamente o después del secado y granulación sin un procesamiento ulterior, en particular desintoxicación, como forraje que está exento de fumonisinas.

Al emplear el aditivo en un material de partida vegetal a fermentar o bien en un mosto para la producción de bioetanol, se consigue que en el caso de los co-productos que resultan durante la producción de etanol, a saber liberar de fumonisinas o bien micotoxinas, en particular en un medio independiente de oxígeno, el orujo, es decir, los 25 restos de granos secados y los componentes insolubles o el bagazo seco (Dried Distiller's Grains with Solubles - DDGS - granos secos de la destilería con componentes solubles).

La invención se explica a continuación con mayor detalle con ayuda de ejemplos de realización así como figuras. En 30 éstas muestran:

la Fig. 1, el racimo de genes catabólico de fumonisina,

la Fig. 2, la curva de Michaelis-Menten para la carboxilesterasa de fumonisina FumD,

la Fig. 3, una curva de degradación de fumonisina Bi hidrolizada,

la Fig. 4 muestra la transformación de fumonisina FB1 en fumonisina hidrolizada HFB1

35 después de la adición de carboxilesterasa de la ID-Nº 9 y

la Fig. 5, la degradación de fumonisina hidrolizada HFB1 mediante la adición de aminotransferasa de ID-Nº 19.

En la Fig. 1 se representa un racimo de genes catabólico de fumonisina como secuencia parcial de 15420 pares de 40 bases de una cepa microbiana con el número de depósito DSM 16254. En el racimo de genes fum de la cepa procariótica DSM 16254 se controla o bien regula la transcripción de los marcos de lectura abiertos mediante un promotor bidireccional que está dispuesto entre *fumA* y *fumI*. El racimo codifica proteínas que están implicadas en la regulación de la expresión génica tales como, por ejemplo, FumB y FumC, en el reconocimiento del sustrato y el transporte tales como, por ejemplo, FumJ, FumA y FumG y en un catabolismo del sustrato tales como, por ejemplo, FumD, FumE, FumF, FumH, FumI y FumK.

45 Ejemplos

Ejemplo 1: La cinética enzimática de carboxilesterasa de fumonisina

Se clonó el gen *fumD* (secuencia ID-Nº 8) que codifica una carboxilesterasa de fumonisina y se expresó en *Pichia pastoris* utilizando procesos convencionales. Se recuperó la enzima marcada con his y se purificó mediante 50 cromatografía de afinidad a partir de la disolución sobrenadante del cultivo. Se determinó la concentración enzimática y los parámetros cinéticos de la enzima se determinaron con siete concentraciones de sustrato diferentes en el intervalo entre 50 μ g y 25 mg de FB₁ por litro y una concentración enzimática de 0,33 ng/ml. Las reacciones se tamponaron en tampón Tris-Cl 20 mM (pH 8,0) con 0,1 mg/ml de albúmina de suero bovino y se incubaron a 30 °C. Se tomaron muestras después de 0, 30, 60, 120 y 240 minutos de incubación y se analizaron mediante HPLC-

MS/MS. Se cuantificaron fumonisina B₁ (FB₁) y fumonisina hidrolizada B₁ en base a un calibrado con las sustancias de referencia purificadas y un patrón interno FB₁ totalmente marcado con ¹³C.

5 La Fig. 2 muestra la curva de Michaelis-Menten para la hidrólisis de fumonisina B₁ (FB₁) por parte de carboxilesterasa de fumonisina FumD, que se determinó en el caso de una concentración enzimática de 0,33 ng/ml en tampón Tris-Cl (pH 8,0), registrándose las velocidades iniciales de la enzima frente a la concentración del sustrato. La curva de Michaelis-Menten muestra un descenso en el caso de concentraciones elevadas del sustrato, dado que se calculó la velocidad de las enzimas en base al producto, es decir, la formación de FB₁ hidrolizada. Dado que FH₁ hidrolizada de FB₁ se configura en una reacción en dos etapas a través de FB₁ parcialmente hidrolizada con únicamente una cadena lateral de ácido tricarbálico, que fue conservada, y una cadena lateral que fue disociada, la formación de producto final se demoró en el caso de concentraciones elevadas del sustrato. La constante de Michaelis-Menten K_M se calculó como 0,80 μmol/l, lo cual equivale a 650 ppb, y el índice de transformación era 900 por segundo.

A partir de la Fig. 2 resulta que fumonisinas pueden ser hidrolizadas de forma rápida y completa con la carboxilesterasa en los intervalos de concentración relevantes.

15 Ejemplo 2: La actividad catalítica de aminotransferasa HFB₁ (fumonisina hidrolizada B₁)

Las secuencias ID-Nº 18 y 24 se clonaron, utilizando procesos convencionales, y se expresaron en *E. coli* bajo el control o bien la regulación de un promotor del bacteriófago T7. Las células bacterianas se recogieron en tampón fosfato sódico 50 mM, se suspendieron de nuevo y se lisaron mediante ultrasonidos. Se agregó fumonisina hidrolizada y las muestras se incubaron a 25°C. Las muestras se tomaron a intervalos de tiempo y se analizaron mediante HPLC-MS/MS. No se observó reducción alguna de la concentración de FB₁ hidrolizada. Cuando a la reacción se agregó un co-sustrato tal como, por ejemplo, un α-cetoácido tal como ácido pirúvico u oxalacetato, se pudo observar una degradación completa de la fumonisina hidrolizada en 2-ceto-HFB₁ tal como se representa en la Fig. 3. Esta sustancia es totalmente inocua para mamíferos.

Ejemplo 3: Actividad enzimática en el medio intestinal

25 Para verificar la actividad enzimática de carboxilesterasa de FUM en el tracto digestivo se utilizaron intestinos de cerdo recién sacrificados y se transportaron al laboratorio bajo la exclusión de oxígeno y se examinaron en un banco de trabajo estéril anaerobio. Se ligaron y recortaron trozos de duodeno y yeyuno de aproximadamente 10 cm de longitud. Con cánulas se inyectó de manera diluida fumonisina B₁ en disolución acuosa concentrada hasta una concentración final de aproximadamente 10 ppm y se mezcló con el contenido del intestino. A continuación, se inyectaron e incorporaron por mezcladura 10 μg de carboxilesterasa de fumonisina en disolución acuosa o bien el mismo volumen de agua en los controles negativos. Los segmentos de intestino se incubaron a 39 °C. Con ayuda de cánulas se tomaron muestras y se analizaron mediante HPLC-MS/MS. En este caso se demostró que fumonisina B₁ ya se había hidrolizado por completo después de dos horas en el duodeno y yeyuno en el instante de la primera toma de muestras.

35 Ejemplo 4: Determinación del intervalo de temperaturas de la actividad de carboxilesterasa de fumonisina

Para determinar el intervalo de temperaturas al que es activa la carboxilesterasa de fumonisina se incubaron 1,6 ng/ml de carboxilesterasa de FUM en tampón Tris-Cl 20 mM, pH 7,0, con 0,1 mg/ml de BSA y 10 ppm de fumonisina B₁ a diferentes temperaturas. En este caso, se demostró que el óptimo de temperaturas para la enzima se encontraba en 30°C. También a 40°C e incluso a 50°C se comprobó todavía de manera inequívoca una actividad enzimática. Por consiguiente, esta carboxilesterasa de FUM es adecuada para su aplicación bajo las condiciones de temperatura tal como tienen lugar en el tracto digestivo o en el transcurso de etapas del proceso de la producción de alimentos o forraje que tienen lugar a temperatura elevada.

Ejemplo 5: Determinación del intervalo de pH de la actividad de carboxilesterasa de fumonisina

45 Para la determinación del intervalo de pH al que es activa la carboxilesterasa de fumonisina se utilizó tampón de Teorell-Stenhagen. Este tampón se puede ajustar mediante la combinación de citrato, fosfato y borato a lo largo de un intervalo de 10 unidades de pH con la misma capacidad tamponadora. Carboxilesterasa de FUM se incubó en una concentración de 3,3 ng/ml con 10 ppm de fumonisina B₁ a diferentes valores del pH en este tampón a 25°C. La actividad más alta se mostró a pH 8,0, pero en todo el intervalo de pH 5 a pH 10 se pudo comprobar una actividad. Mediante la actividad a este amplio intervalo de pH se posibilita la aplicación tecnológica de la enzima como aditivo de forraje o bien en el transcurso del procesamiento de alimentos y forrajes.

Ejemplo 6: Ensayo de cebado con lechones

55 El ensayo se llevó en un establo de ensayo con 12 corrales para en cada caso 10 animales. El establo estaba dotado de emparrillados, abrevaderos y un sistema de cebado controlado por ordenador. Los dispositivos automáticos estaban dispuestos a lo largo de las paredes de los corrales. El clima del establo se registró diariamente de forma automática y la temperatura se ajustó según los consejos estándares para la cría de lechones.

ES 2 563 084 T3

Para este ensayo se emplearon 120 lechones destetados de sexos mixtos (edad: aprox. 4 semanas, peso de ajuste medio 8,21 kg). A cada uno de los lechones se les proveyó de una marca en la oreja y se pesaron individualmente. Los 120 lechones se distribuyeron al azar en 12 corrales. Todos los lechones procedían del programa de cría austriaco ÖHYB (= (Edelschwein x Landrasse) - Pietrain).

- 5 Directamente después del destete, los lechones fueron cebados durante 2 días con un pienso de iniciación y después de esta fase de adaptación tuvo lugar el cambio al pienso de ensayo. El cebado tuvo lugar en 2 fases: fase de destete, días 1-14, fase de cría, días 15-42. El pienso de ensayo se mezcló individualmente en los corrales a través de la instalación de cebado Spotmix y se repartió en seco diariamente dos veces en función del número de los lechones, del desarrollo del peso y del consumo de pienso. El agua estaba disponible para su toma ad libitum.
- 10 Los 12 corrales se dividieron en cuatro grupos de aplicación diferentes, en cada caso de tres repeticiones, y recibieron las siguientes mezclas en el pienso arriba descrito:

Grupo	
Control negativo	Ninguna toxina, ninguna adición de enzimas
Control positivo	4 -5,5 ppm de fumonisina B1
Grupo de ensayo 1	4 - 5,5 ppm de fumonisina B1 + mezcla de enzimas 1 (carboxilesterasa, aminotransferasa, piruvato) 0,5 kg/t de pienso
Grupo de ensayo 2	4 - 5,5 ppm de fumonisina B1 + mezcla de enzimas 1 (carboxilesterasa, aminotransferasa, piruvato, soporte inerte) 1 kg/t de pienso

En el control positivo se observó en casi la mitad de los animales problemas respiratorios, produciéndose también un fallo. Todos los otros grupos parecían estar sanos.

- 15 Datos de rendimiento

Grupo	Número de animales	Peso inicial (media, kg)	Peso final (media, kg)	Fallos
Control negativo	30	8,34	26,82	
Control positivo	30	8,17	24,77	1
Grupo de ensayo 1	30	8,08	26,69	
Grupo de ensayo 2	30	8,25	27,03	

Ejemplo 7: Degradación enzimática de fumonisinas en el mosto de bioetanol

- 20 Se tomaron muestras de mosto de maíz para la producción de bioetanol y se incubaron a 30 hasta 65°C con agitación, examinándose la degradación de fumonisina B1 después de la adición de 770 unidades de carboxilesterasa de ID-Nº 9 por metro cúbico de mosto con agitación (tiempo de agitación en minutos). Las muestras se inactivaron mediante cocción después de la toma de muestras y luego se separaron por centrifugación para la analítica y se separó por evaporación una parte alícuota del sobrenadante. El residuo se recogió en 200 µl de tampón de muestra que contenía patrón de fumonisina interno marcado con C13, se agitó durante 1,5 min, se separó por centrifugación y luego se sometió a un análisis por LC-MS. De ello resulta que, como se representa en la Fig. 4, la fumonisina FB1 se ha transformado por completo en fumonisina hidrolizada HFB1. Después de la adición de aminotransferasa de ID-Nº 19, la fumonisina hidrolizada HFB1 se degrada por completo en componentes inocuos tal como se representa en la Fig. 5.

Ejemplo 8: Degradación de fumonisinas y sus derivados en puré de tortilla de maíz y puré de cereales

- 30 La actividad de las enzimas degradantes de fumonisina se examinó en muestras de maíz ("polentas") para la preparación de tortilla de maíz y cereales. Maíz contaminado con fumonisina (aprox. 1 ppm) se molió para formar una harina de maíz, se mezcló con agua y se hirvió. Para la preparación de la tortilla, el puré de maíz enfriado hasta aprox. 50 a 60°C se mezcló con una mezcla de proteinasas en disolución alcalina. Al cabo de 30 a 180 min, cuando el pH había caído por debajo de 9, preferiblemente por debajo de pH 8, se agregó una mezcla a base de carboxilesterasa y aminotransferasa (en cada caso 500 – 1000 unidades/m³) y se incubó durante otros 30 a 60 min.
- 35 En el caso de la preparación de cereales, un puré de maíz a base de maíz molido y malta de cebada se hirvió durante aprox. una hora en un recipiente a presión; después del enfriamiento a menos de 60 °C (preferiblemente 50 °C) se agregó una mezcla de enzimas consistente en carboxilesterasa y aminotransferasa (en cada caso 500 – 1000 unidades/m³) y se incubó durante otros 30 a 60 min. A partir de esta mezcla se tomaron entonces muestras y se

ES 2 563 084 T3

examinaron en cuanto a residuos de FB1 o bien HFB1 tal como en el Ejemplo 7. Los niveles de HFB1 se encontraban en todas las muestras por debajo de 80 ppb, evidentemente la HFB1 que resulta a partir de FB1 se continuó haciendo reaccionar de manera continua. Los valores medidos para FB1 están recogidos en la Tabla indicada a continuación.

5 Tabla: Degradación enzimática de FB1 y HFB1 en el puré de maíz; concentración de fumonisina en ppb ($\mu\text{g}/\text{kg}$)

Tiempo de tratamiento con mezcla de enzimas (min)	Puré de tortilla (50 °C, 500 unidades)	Puré de tortilla (50 °C, 1000 unidades)	Puré de cereales (35 °C, 500 unidades)	Puré de cereales (35 °C, 1000 unidades)
0	852	866	912	1053
10	116	134	51	97
30	32	71	17	37

Listado de secuencias

Datos del Solicitante

5 Calle: Industriestraße 21
 Ciudad : Herzogenburg
 Estado :
 País : Austria
 Código Postal : 3130
 Teléfono :
 10 Fax :
 Email :

<110> Nombre del solicitante : Biomin Holding GmbH

15 Proyecto de solicitud

<120> Título: Procedimiento para la preparación de un aditivo para la degradación enzimática de micotoxinas, así como aditivo y uso del mismo
 <130> Referencia del expediente: P04569
 20 <140> Solicitud de patente en trámite :
 <141> Fecha de presentación de la solicitud en trámite: __-__-__

Solicitudes anteriores

25 <150> Solicitud de patente anterior : AT GM501/2008
 <151> Fecha de presentación de la solicitud anterior : 2008-09-18

Secuencia

30 <213> Organismo : sphingopyxis sp.
 <400> Línea anterior a la secuencia :

tgtcggcgat	crgrtaaactt	ctaccgtggt	cctcgttcgc	ccacakcata	catcacagac	60
rtcgggattt	ccaactgaac	gggtcccggc	ctgcggccc	acatttcccg	gaacgccata	120
tgggtgattt	cgacaatccg	gttccaggcg	aagatgggtg	cgccccattt	aaccgcgggt	180
cgaagaggt	cgatctggct	ttgtccctga	aaggtttttg	gcgtgcaggg	ataaacgcga	240
ccaagttagt	gctgggacgt	tattgacgac	aagggaaacc	cttcgtggcg	tgccctcacg	300
actccaggca	gaaggtttgc	cgtaccggga	cccggattcg	tgacaatcgc	ggcgacctgt	360
ccggtggct	tgtaaatgcc	ctcggccata	taggctgcgg	cggcctcgtg	ccgcaccggg	420
acgaacaata	tcccattgtc	ttcgaagcga	gccaggagcg	gatccacctc	cggcgacatg	480
aggccgaaga	cataccggac	gccttcgacg	gccaacaatc	gtgccaataa	ttctccgcc	540
gtgaggcgca	tgacgatctc	cagtaacgaa	ggtagtgcc	caggttccgg	cacattcgct	600
gtggttagtt	gatgctgta	tcggccaacc	gactgagtg	agttggatgg	ccgcacctta	660
ccctgtcgcg	cataactctc	agatccggaa	acggaccccg	acattaaaat	agcggccgac	720
cggatcatag	gcagagctgg	tcgggctgga	aaaactgctg	gggtcgttcg	tcgctattgg	780
cggatctcgg	tcgaacaaat	tattgaccga	tagaaaacagc	tgctgcttct	ggcctaaaagc	840
cgcgatgtcg	aaggtcaatg	tcgctcgggt	gtaccaaacc	gccggagcgt	ggttcaaatt	900
cgtatcgacg	ccctccacat	tgctcggcatt	gaacaccgat	gctgcgatga	agcgtgtctg	960
cacgagaagc	gcctcaatcgt	cggtcgaata	tcgcgcctgg	aagttggccg	accattttgg	1020
cgtgtccgggt	tgccgagcg	aacggatggg	cgccgagccg	gtcgcgatgc	gataggcaga	1080
ggtaggtg	ggtgaccagc	cacgaagact	gaacgtgccc	ccgccgacgg	ggcgtgagta	1140
ataggccctc	aagtcaattc	ccgccgcttt	ctggacagcc	aggttgagat	tggggcccgt	1200
cactgtgatg	gtgccgtccg	gatttccctg	tatgaggtcg	cagaagaagg	tgtttccctg	1260
atcgcacg	tcgatttccct	gctggggaag	gaggaaatcg	atcgcgcctt	tcaccttcac	1320
cacatagcga	tcgaccgaaa	actgaaacc	cggcacgaag	cgggggcgta	gcaccgcgcc	1380
gaatgtaagg	acgtccgcct	tttcagggcg	caaatccgcg	ttgccggcgg	taaagaaccg	1440
cgtctgcaca	gcctgtccgc	cataaattga	attgagcgtc	gcctgacggc	cggggtcgaa	1500
tagctcgaca	aggcttgacc	cgcgatatac	tcgcgaacgg	gtcgcgcgga	acctgagggc	1560
gtcgcacggc	tcataattctc	cgcccagctt	ccaggttgtt	actccaccgg	actggctgta	1620
atcggcata	cggacggcgc	cgtttaagtt	cagcgaacgt	cccagcgcgc	tgctcttcag	1680
aatcgggacg	cgatttctga	caaaaccttc	cttgatgtca	tagcttcccg	agaaggggaa	1740
tgggtttag	agattgaagc	ctccagggcg	acctgcctgc	gcccgcggag	ccccctgat	1800
tcccgtagc	gaggtcgtcg	cctgcgatat	cgcgtcgggt	tcctgcccgg	ccttctcctt	1860
gcgatattcg	ataccagcg	cgaccgagac	cggcccgcgc	ccgaacgaca	ggctatcgcc	1920
gaggtcgcg	gaaatcgtga	gtcccgccac	atattgtctc	agcctcagct	gagcgacgcc	1980
atcagcgggt	acatagtcga	tggccgacgc	gctcggcgag	cctgtgcgca	agagattgag	2040
cggcacgcaa	tcttggtcga	ggccggccag	tgttgaacgg	cagacgatat	tgcccgcggg	2100
atcgggac	gcacgcagcg	cggcgtagag	attgctggtg	atggtgagat	tgttttcacg	2160
aagctcgagg	tccgtaaggc	caaaggaggc	cgagccatcg	agtttccagc	cattgccaat	2220
gtctgcccgg	aagccggcag	cgccgcggta	gacctttcgc	aaattctcga	tttcgaccaa	2280

gggaaagtcg	cttgagaagc	gaccgacaac	gatcgaagcc	tgggcatttc	tgtccatgag	2340
cgtcgcgagt	ggagccggaa	ggaagcggtt	atcacggaa	atccggaaat	tattcgagcc	2400
accgacatgc	gatattacga	atgcacccag	gttggtgtgg	gaataagcat	aggtgccctc	2460
cgcatacacc	tgacacgtgt	cggacacatc	atatgcggcg	cgtaggaacg	cgttgtagcg	2520
aagctgatcc	ggggcgaagc	cgatattcac	gcgcggtcca	tcgccgccc	tctggaacga	2580
cgagctccta	aaattccctg	agtcgaaggt	ccctaggact	ctccgggca	aaaacgcgat	2640
gcctttcaga	gggcccggacg	tgacaagtcc	gcccgtaggat	ccgcgagaac	tgcaaatatc	2700
gggcacgacc	gtgacgcctg	tcgtagcgcc	gggcacggga	tattggccgg	cgggcatgtc	2760
gaaaccagcgg	cgaccgttg	cttcatcggc	ccggattccg	tcctgtcga	aatattcga	2820
gctgccgagc	aagtgcgaacc	ggctcgtcggc	aaacgaagtg	ccgaaggcga	tcgaaccgcc	2880
gtaggagcgg	aggtcgcggc	gggttgaaac	acccgactgg	agctcggccc	tgatgccttc	2940
cagatcttcg	tcgagcacga	agttgatgac	gcccgaacag	gcatcggaac	cgtaggcggc	3000
cgagcgccg	cccgtcacga	catcgacgcy	cttgaccaac	gcctgcggca	gcacgttgat	3060
atcgaccgag	cctgtgaaat	tggtcgcgac	gaaacggttg	ccgttcagca	ggacgaggtt	3120
ccggtttgac	tcgattcgcg	cgatgttgag	caggttctga	ccgtgttcc	ccgttcggg	3180
tgctcgtgcca	gggttgagg	tcttcaagct	gtcgttgaac	acgggcagct	ggttgagtg	3240
gtcggcaagg	ttggtcggag	atgcctcctt	caactgctcg	ctggatacgg	ctgtaaccgg	3300
cgtcggcga	ttgaagcctg	cttgaaggcg	gctgcggctg	acgacgattt	cgctcgttcc	3360
ccggtcccgtg	tcgcttcctg	ccggctgacc	tatcgatgcy	ggatcgctat	cctgagcact	3420
ggcagagaca	gaaaatcgca	gggtcgcgag	cgctactcgc	ccgagcaaac	tatttgcctt	3480
gcccggcctt	tcgattctga	acttccgata	catctgcagt	ccctccgaa	tgatagggga	3540
ctccggttga	gtcccttctg	ttcttgacgc	cgccgtcgtc	caccacggtc	cggtcggagg	3600
ctaagcgtcg	ggcctaagga	cccgcatttt	gaacatcaaa	tgcaatgatc	ggaggcttca	3660
ttgcacttcg	tcgagaccgt	ggcgcgggtg	ctgaaagtgc	caataatcag	ggattttgct	3720
gaacagttgc	ggcatgacgt	ccggcatcgg	ccacgcggtt	ggcggcatcg	acgtggcttt	3780
cgctcgcgg	ccctcaagc	accgpcgagt	tgcatataaa	ttgggatgag	ctggagagac	3840
gcaaaatctc	tgaggaccgc	gctgaaacgc	cgatccgtcg	cctcgagggt	ctccgttaca	3900
tcgtcaactg	tatgggccc	agagagaaac	atattgtgat	agggatgaa	atagacgccc	3960
cccttcaggc	acgcccggc	ccacgcatag	ccgatccgaa	aatcgggatc	gtcccgaag	4020
aatatttgcg	gcattctcgc	cgggcccgtc	tgcttcaact	caagaccatg	gcgctgagac	4080
tgctcctcca	ggcctgccc	cagggcggcg	ccgctggcga	tcagcgttcc	gagataaggc	4140
gtctctcgaa	tgatcctgag	ggtttcgatc	gcgcccgcca	tcggtaccgc	agagaaccag	4200
aaggagccgg	tcacaaaat	atcccgcggc	gcatcgccgc	ccttgttcga	gcccagcagg	4260
gcgagatcg	gatagccatt	cgcaaaagcat	tttcccagc	aaactgagatc	gggttcgata	4320
cccaaatcgc	tcagctgca	atcgcgcgcc	acccgaaac	ctgcgcgcac	atcgtcaacg	4380
accgaagcgc	gatttcgtga	gtcacacaat	tttcgagcgg	tgccgcgcaa	ctcaagctgg	4440
gcgagggcct	ggtcctcaaa	tacttctgtg	cggaaaggtg	tgcaaaagac	agccgcaata	4500
tcgccatcgt	gccccttgaa	cgctccgat	aagctttggg	cgctgttata	ggtataatat	4560
gcgacatgca	cgcatcga	agcgagaatc	ccggcagtat	gcgagatggt	ccacggggaa	4620
gcccacatgat	aggcgccttt	ggcgcataat	atggttttgc	gccccgatg	ggcacgcgcg	4680
agaaccatcg	ccgttgaggt	ggcatcgtg	ccatttttgc	agaacatcgc	ccaatccga	4740
tgacggacca	tgcccacaaa	ggcttcggcg	aggttgacca	tgatctccga	aggaccggtc	4800
atggtgtcgc	cgagaagtgc	ctgcgcata	gcccgcggct	cgatttcgga	ttgccggtaa	4860
ccgagcaaat	ttggcccata	cgcgcacata	tagtgcata	agggctgctc	gtcggcgtcc	4920
caaatctctg	ccccagcgc	gcccctgaa	aactggggga	attctggcgg	cagcaaccgt	4980
gtcgcactcgt	ggccgtacat	cccgcggga	atgacccgtt	cgccgcgttc	tctgagatct	5040
ttctgccttg	ttccgttcgc	cataatgcac	ctctcgcgat	aaataatggg	taaaaatcca	5100
cgaaattcaa	gatttcgtga	ictgaaagag	atatacttg	taataactg	tataattata	5160
cacaatgcgc	aatcggacga	cgggatagcg	gggcagggag	gacggggaaa	tctatgcgga	5220
acgtcagcga	caaggcggcg	ccccagaga	cgctcacctg	agtcgtcggc	gcaatgatcg	5280
ttggcacggc	cgcttgatg	gtgcttggaa	tacagcccac	ccttctcggc	gcccctgtag	5340
aggagggcgc	tattcccgc	gaggggttgg	gatcggcggc	aacggtggaa	atactggcga	5400
tcgcggcggg	aacatgcac	ggaccggttc	ttatgaagac	gggatatctg	cgggcgaaat	5460
gcccggcact	ctgcttaatg	ctcgcggcaa	tcaacttcgg	attgacgttg	ccgggttctg	5520
atttgcctat	cgtggcttgc	cgagcggcag	cgggagccct	ggaaggtctt	tcgctcagcg	5580
ggcgatcct	gatcatgact	cataatcggc	ggccggaccg	gctgagcggg	atatttctgg	5640
gcccgcagac	gataccgcag	gtaatatctg	cttatttgc	cccagcggag	attattccgc	5700
gctgggggag	cgacggcggc	ttcacgatcc	ttggcattct	cgccgcgatc	gcccgcatcg	5760
cggtctctgtg	cctcgtcgat	cgcgttgagc	tcgatccgac	gaccgttaac	gacgacttgc	5820
agtggtcacc	cgccggcgtc	gtcatttcga	ttggcggcatt	cgttcaattc	tcgggggtcg	5880
gtcggcgtg	gagctatctg	gagcgcactgg	ctgcgcagca	cggatttctg	ggagaaacga	5940
tcggtatcgc	catttcggg	agtttgcttt	gcccaggtagg	cggggcttgg	ctggccgctt	6000
ggatcgggtg	gcgggtcggg	tatcgccttc	ccttaatcgc	ttgggacctg	cttcaggcgg	6060
gcaacgtgat	cgattggcg	gtggccgatc	agccaagctg	gtttatttcc	gcttctctgt	6120
ctttcggcct	gttctggtg	gcatgacgc	ccttcaaat	cgcttcggc	atcgcatag	6180
ataacagccg	gcagcttctg	gtactgctga	cgccgatcgc	cctcgtcggg	ttgagcggg	6240
ggcccttctg	gctctctcgc	tttgcgggg	cgaccgactt	gcgctggatc	tttgggggga	6300
gttcgcactt	gttgcggcc	agcgcgcttc	tgtatctttg	cgcttctctg	tttcaaccgc	6360

gcgaaaaggt gatcgctgaa acggtgacg tatgaaaaag acggatcggg gttcgcgatg 6420
acatcgacag tcaagcttcg tagcgccgca aagcggccgc gcagtcctaa aagcgcgagc 6480
ggctcttgctc gttacgagtc ctctgcttgc gcgaccgaca ggctgttggg ccatctagac 6540
cccgatcagg tcggctccta tcagattgca gaggaagcgg gtgacctacc gtcgtccgtc 6600
tatcatttctc ttccgacca ggaagtggct catctcgctc tgaatgcgag ccatctagg 6660
gggctccgga atctcgacgc gatggaagtc gacatcggcc agctcgaagg ctggcaggac 6720
ctgatgaagt tggatcagat caggggcgca gactattata atagccacc gcccgccctc 6780
aagcttctgt tcggcgata tggcggggtc gaggcagaa agcttgacga gcgatactcc 6840
gaggaaatcg tgaactccat gtatggcaga tacaacgcca tttccataat gccgcaaag 6900
gagaaatgag ctctcatgtt cacgatctgc ttcgcaattc tcgacgcggt atgggcgctc 6960
fcctttcggc ggctcgggga aattacgctg gattttcttc gggaggggca agcggcttgc 7020
attgcctatt gccgacacta tctgcccgag cgaaccgatc cagcgtgaat ccgttcaacg 7080
atatgacgga atgtcccgtt cgttgagttc ggttctgagt tccgtccggt tccgtccggt 7140
gcgataaacc aacgctcttc tgcgaaggg atgtcgcctg gttcgcacag gccctgcgaa 7200
gtcagccgca atcaacgagc cagatgtcaa cgtggccagc aagttaact gtgagttact 7260
cgatctcgga tcatttgttg cgggtgatga aacgcgaagt ttttagccacg ccgcgcggct 7320
tctgaatcaa tgcagcccg cgtcagcccg gagaatccag cgctcgaga gtctcgtggg 7380
cggctccgtt tcgagcgga ccagtcgggc gcttgccgaa acggcgctcg gcaaagagt 7440
gctcccggct ccgacccgag cgttggaaact tgcgatacgc tccgtgttgg cgtcgcgcaa 7500
tgtcggggag ttccgctgga cagacatcac gattgcctgt gtacagaccg ccgcttcca 7560
tgttctcccg cgagtgcgc gcttgtacat ggcataaaat ccgagggtcc gactccgcat 7620
ccttgacgag cggcggtcgg aggtcgcgga cctggtttgc agcggcgagg cggagttcgg 7680
catcagcatg gagagcctgt tgccatcaag cctgcccgtc gatgcccctc acgaggacc 7740
gttcgcccgt gcatgccacc gaagccatcc gctggcgctc ctcgagatcc ttgaatggac 7800
gcaatgaaa ggtgaaaagc tgcagccggc tcaccggtgc agccggaacc gcacgttact 7860
cgatgccgaa ctgcccgcga acaatctcgc gctggaaagg cgttatgagg tccgcatct 7920
cagcacccgc ctgaggatga tgcagtgcga atgggggtg cgtgttatgc ccgcgatgg 7980
tatgccccgc tgggtcggt cggagtcgt ctggcggccc cgtcgcgag cgttccgcca 8040
acgcacgatg ggcatcgtc agcggccgac cggctcgatg caccctgccc cagcaaat 8100
gcttgcgctg ctcgcccgg atctgtcgc gcccactctg ggcgacatc gctcgcgga 8160
agatggggca tctgacacg cgttctatgc gcctgcagca tctgatctca ccatcattgc 8220
atgtgctgag agacgaaagc gaagataacc ctgggtcaca ggatatcagt ccatcagggc 8280
gggagagaaa tgtgtaaaag agcaccaatg ccgtggcggc gggcgctcc ccgctgcgct 8340
cgccacgtgg tccgcccgg tccaggttcc cggggggggc tccgccatcg cctggacctt 8400
catgcttccg gcaactgcca tccccgtggc tgcgcaaact gacgatccga agctcgttcg 8460
tcatacccag tcgggcggc cgcgagggc cgagggcgac gtcgagactt tttgggaa 8520
acccttcgag gctcccggc tcggcgacct gcgatggcgg ccgcccggct cgcgagggc 8580
gtgggcccgg accaggacg gcccccgtt tgcgcccgat tgcacggga acgagcggct 8640
tagagagggg agccgggctg ccgggacgag cgaagactgc cctatctga atatctggc 8700
tcccacaacg gtcggtaagg gggggctccc cgtcatgatc tgggtttaag gcggtgggt 8760
tagcggcggt tctggcggc tgccatatta tgacggctct gcgctcgcg agaagggcgt 8820
gggtgctcgt acgttcaact gatctgggg gatttctggc tttcttgccc atccggcgt 8880
ttcaaaggaa agtccgaatg cgtgtcggg caactatggc cttctcgaca tgcctcggc 8940
gttcaaagg gttcagaaca acataaggga gttcggcggg gaccggaacc gtgtcacgg 9000
ctttggcga gtcgcccgg cgagcgcgct cggactgctc ctgacctcgc cgtcagtga 9060
gagcgccttc aatcaggcga tactgcaaag tccgggtctg gccaggcccgc tccacgct 9120
ttctgaaaag gaagcgaatg ggttggagct gggagccgat atttctgct taccggctgc 9180
cgatgcccgg caattgacga agatcgcgca atcgcgaata cccatgtcgc gccagttcac 9240
caagcccgg ccgatgggtc cgattctgga cggctatgtt ttgcgacct ttgacgtcga 9300
tgccttcgac aagggggcct tccgcaagat accggttctg gtcggcggaa acgcccagcga 9360
agggcgcgct tttacggatc gcctgcgggt caaaacggtc cttgaatatc gacccatct 9420
cacagaaaca ttgggtgac aggcggacgc atgggagcgt tggatcccg cgaactcga 9480
cgccgacgtc ccgcccggc ttgcccgtct tttggggat agtcagttca acaacgggat 9540
cgagctgctc tcggcagcct tgcgaaaatg gcgaaagccc cttggagat atcgcttac 9600
gggcatccca gtagccggcc gtcgcccgc cacgatgga gacgaaatc cctatgctt 9660
cgcaaatctg gggccgtcgt ccgtatctat cgttgggtc ctgaaaggc gcccggggc 9720
gtcggacatc aaacttgca ccgaaaatgc cgccctgtg gtcgcttcag acgcccgtcc gcttgcgg 9780
ggctcccgat cagggcagca aatcgactg gccgcttc gagcggcag gggagatcat 9840
gactttgggt tgcgaggtg gctctgggga aggtcttggg gtttcgcca gcaaagcctg 9900
caaacctca aaatagcgc cggcctgtg gtgcttcag acgcccgtcc gcttgcgg 9960
cgacgggtc tgcctctgc ctagaaggaa gtaagttgc ctacgagct gcgataattg 10020
gaggtggcaa cgctgattg acggcagccg tgacggcgc tgaagcgggg gctcggttc 10080
ttgtgatcga gcatcgccc cgcccatgc gcccggcaa cagtcgtcac acacgcaata 10140
tgcgtacgat gcacgaact cccctgtcgc cgttgaccgg tgaatattc gcggacgaat 10200
attggaatga tcttgctccg gtcacggggg ggcgaccga cgaagaact gcgcccgtc 10260
ttatccgcaa caccacggac gctattccct tcatgacgcg ctcgggtgtg cgtttccagc 10320
cctcgtctc gggcacgctg agtttatcgc gaaccaacgc atttctctt ggcggcggga 10380
agggcgttga aaacgcatat tacgccagc ccgaacggct aggcgtcga atctctatg 10440

<212> Tipo : DNA
 <211> Longitud : 15420
 Nombre de la Secuencia : secuencia 1
 Descripción de la Secuencia :

5 Característica

secuencia: secuencia 1:

10 <221> Nombre/Clave : Seq ID 1 (fum)
 <222> Localización desde : 1
 <222> Localización hasta : 15420
 Otras informaciones :
 CDS Unión : No

15 Secuencia

<213> Nombre del organismo : Sphingopyxis sp.

20 <400> Línea anterior a la secuencia :

atg	cggaacg	tcagcg	acaa	ggcgccgccc	cacgagacgc	tcaccgtagt	cgtcg	cgggca	60	
atg	atcg	ttg	gcacggccgc	ctt	gatggtg	ctt	ggaatac	agcccatcct	tctcggcgcc	120
ctt	gtagagg	agggg	cggtat	tcccgc	cgag	gggtt	gggat	cggcggcaac	ggtggaata	180
ctg	gcgatcg	cggcgg	gaac	atg	catcgg	cccgtt	ccta	tgaagacggg	atatctgcgg	240
gcg	aaatcg	cggcact	ctg	ctta	atgctc	gccg	caatca	acttcggatt	gacgttgccg	300
ggt	ttcgatt	tgcccat	cg	ggtt	gcca	g	cg	gagccctgga	aggctttcg	360
ctc	agcgcgg	cgatc	ctgat	catg	actcat	aatc	ggcggc	cggaccggct	gagcgggaata	420
ttt	ctggcg	cg	cagacgat	accg	caggta	at	atctgctt	atttgcctcc	gacggagatt	480
att	ccgcgct	ggggg	agcgc	agg	cgcttc	acg	atcctg	gcattctcgc	ggc	540
gcg	atcgcgg	ctctg	tcct	cg	tcgacgc	g	ttgagctcg	atccgacgac	cg	600
gact	tg	cag	tcgc	gg	cgatcgtc	attt	cgatgg	cggcattcgt	tcaattctcg	660
ggg	g	tcg	gtg	ccg	at	ct	tg	gg	g	720
gaa	acgatc	g	atcgc	cat	ttccg	ggag	ttg	ctttg	cc	780
gcc	gctt	gga	tcg	gtg	ggcg	ggt	cg	gat	at	840
cag	ggggca	acg	tgatcgc	att	ggc	ggtg	gcc	gatcagc	caagctggtt	900
tc	ctgtgctt	tcg	gcctg	tt	ctg	ggcg	atg	cagccct	tccaaatccg	960
gcg	atagata	acag	ccgca	gctt	gctgta	ctg	ctgacgc	cgatcgccct	cg	1020
agc	g	ggggc	cctt	gtt	gct	ctc	cttt	gccggggcga	ccgacttgcg	1080
gtg	gggagtt	cg	acctt	g	ctg	ggcagc	gcg	cttctgt	atctttg	1140
caa	ccgcgcg	g	aaagg	t	gat	gc	ctg	aaacg	gtg	1182

<212> Tipo : DNA

25 <211> Longitud : 1182
 Nombre de la Secuencia : secuencia 2
 Descripción de la Secuencia :

30 Característica

secuencia: secuencia 2:

35 <221> Nombre/Clave : Seq ID 2 (fumA)
 <222> Localización desde : 1
 <222> Localización hasta : 1182
 Otras informaciones :
 CDS Unión : No

40 Base de Datos

Secuencia: secuencia 2:
 <308> Número de Acceso en Base de Datos : FJ426269
 <309> Fecha de entrada en Base de Datos : 2009-06-11
 <313> Desde : 1
 <313> Hasta : 1182

Secuencia

50 <213> Nombre del organismo : Sphingopyxis sp.

<400> Línea anterior a la secuencia :

```

MRNVSDKAPP HETLTVVVA MIVGTAALMV LGIQPILLGA LVEEGRIPAE GLGSAATVEI 60
LAIAAGTCIG PVLMTGYLR AKCAALCLML AAINFGLTLP GFDLPVACR AAAGALEGLS 120
LSAAILIMTH NRRPDRLSGI FLGAQTIPQV ISAYLLPTEI IPRWGSAGGF TILGILAAIA 180
AIAALCLVDR VELDPTTVND DLQWSPAIV ISMAAFVQFS VGGAAWSYLE RLAAQHGFSG 240
ETIGIAISGS LLCQVGGAWL AAWIGGRVGY RFALIAGSLL QAGNVIALAV ADQPSWFISA 300
SCAFGLFWLA MQPFQIRFAI AIDNSRQLAV LLTPIALVGL SAGPLLLSRF AGATDLRWIF 360
VGSSTLLLAS ALLYL CASLF QPRGK VIAET VDV 393
    
```

5 <212> Tipo : PRT
 <211> Longitud : 393
 Nombre de la Secuencia : secuencia 3
 Descripción de la Secuencia :

10 Característica

Secuencia: secuencia 3:

15 <221> Nombre/Clave : Seq ID 3 (FumA)
 <222> Localización desde : 1
 <222> Localización hasta : 393
 Otras informaciones :
 CDS Unión : No

20 Base de Datos

Secuencia: secuencia 3:

25 <308> Número de Acceso en Base de Datos : FJ426269
 <309> Fecha de entrada en Base de Datos : 2009-06-11
 <313> Desde : 1
 <313> Hasta : 393

30 Secuencia

<213> Nombre del organismo : Spingopyxis sp.

<400> Línea anterior a la secuencia :

```

35 atgacatcgc aggtcaagct tctgtagcgc gcaaagcggc cgcgcagtcc taaaagcgag 60
cgaggctctg ctcgttacga gtccttgctt gatgcgaccg acaggctggt ggtcgatcta 120
gaccccgatc aggtcggctt ctatcagatt gcagaggaag cgggtgcctc accgtcgtcc 180
gtctatcatt tctttcgcac caaggaagtg gctcatctcg cctctgatgcg ccgctatctg 240
gaggggctcc ggaatctcga cgcgatggaa gtcgacatcg gccagctcga aagctggcag 300
gacctgatga agttggatca gatcagggcg cgagactatt ataatagccca cccgcccgcc 360
ctcaagcttc tgttcggcgg atatggcggg gtcgaggcca gaaagcttga cgagcgatac 420
tccgaggaaa tctgtgagctc catgtatggc agatacaacg gcattttcca tatgcccgca 480
atggagaatg aggtctctat gtccacgatc tgcttcgcaa ttctcgacgc ggtatggggc 540
gtctcctttc gccggttcgg tgaaattacg tccgattttc ttcgggaggg gcaagcggct 600
tgattgctt attgcccaga ctatctgccc gacggaacgc catcagcgtg a 651
    
```

40 <212> Tipo : DNA
 <211> Longitud : 651
 Nombre de la Secuencia : secuencia 4
 Descripción de la Secuencia :

Característica

45 Secuencia: secuencia 4:

<221> Nombre/Clave : seq ID 4 (fumB)
 <222> Localización desde : 1
 <222> Localización hasta : 651
 50 Otras informaciones :
 CDS Unión : No

Base de Datos

Secuencia: secuencia 4:

5 <308> Número de Acceso en Base de Datos : FJ426269
 <309> Fecha de entrada en Base de Datos : 2009-06-11
 <313> Desde : 1
 <313> Hasta : 651

Secuencia

10 <213> Nombre del organismo : sphingopyxis sp.

<400> Línea anterior a la secuencia :

15	MTSQVKLRSA	ÁKRPRSPKSE	ŘGLARYESLL	DATDRLLVDL	DPDQVGLYQI	AEEAGASPSS	60
	VYHFFPTKEV	AHLALMRRYL	EGLRNL DAME	VDIGQLESWQ	DLMKLDQIRA	RDYYNSHPPA	120
	LKLLFGGYGG	VEARKLDERY	SEEVSSMYG	RYNGIFHMPQ	MENEALMFTI	CFAILDAVWA	180
	VSFRRFGEIT	SDFLREGQAA	CIAYCRHYLP	ERTPSA			216

<212> Tipo : PRT
 <211> Longitud : 216
 Nombre de la Secuencia : secuencia 5
 Descripción de la Secuencia :

Característica

25 Secuencia: secuencia 5:
 <221> Nombre/Clave : Seq ID 5 (FumB)
 <222> Localización desde : 1
 <222> Localización hasta : 216
 Otras informaciones :
 30 CDS Unión : No

Base de Datos

35 Secuencia: secuencia 5:
 <308> Número de Acceso en Base de Datos : FJ426269
 <309> Fecha de entrada en Base de Datos : 2009-06-11
 <313> Desde : 1
 <313> Hasta : 216

Secuencia

<213> Nombre del organismo : sphingopyxis sp.

45 <400> Línea anterior a la secuencia :

	gtggccagca	ágttcaactg	tgagttactc	gatctgcat	catttggttc	ggtgatgaa	60
	acgcgaagt	ttagccacgc	cgcgcggtt	ctgaatcaat	cgagcccgc	gctcagccg	120
	agaatccagc	gcctcgagag	tctcgtggc	ggtccgtgt	tcgagcggac	cagtcggtcg	180
	cttgcgaaa	cgcgctcgg	caaagagttg	ctcccggtcg	cccaccgagc	ggtggaactt	240
	gtcgatacgt	cgctgtttgc	gtcgcccaat	gtccgggagt	tccgctggac	agacatcacg	300
	attgcctgtg	tacagaccgc	cgcttccat	gttctcccgc	gagctgcgcg	ctgtacatg	360
	gatcaaaatc	cgaggggtcg	actccgcac	cttgacgtgc	cgcggttcga	ggctgcggac	420
	ctggttcga	gcggcgaggc	ggagttcggc	atcagcattg	agagcctgtt	gccatcaagc	480
	ctgcggttcg	atgcgtcca	cgaggaccgc	ttcggcctgg	catgccaccg	aagccatccg	540
	ctggcgctgc	tcgagatcct	tgaatggacg	caattgaaag	gtgaaagcct	gatcgcggtt	600
	caccgtgcga	gccggaaccg	cagttgctc	gatgcggaac	tcgcgcgcaa	caatatcgcg	660
	ctggaatggc	ggtatgaggt	cgcgcatctg	acgacggcgc	tgggattgat	cgatgcgcaa	720
	ttgggtgtcg	ctgttatgcc	ccgcatgggt	atgccccgct	cggttcggtc	ggaggtcgtc	780
	tggcgccccg	tcgtcgcgcc	ggtcgtccaa	cgcacgatcg	gcaticgttca	gcgcccacc	840
	ggctcgtatg	accctgcgcg	acagcaattg	cttgcgcggc	tccgcgcggc	ctggctcgtcc	900
	gccaatctcg	gcgacatcgc	gtctcgcgaa	gatggggcat	cgtga		945

<212> Tipo : DNA
 <211> Longitud : 945
 Nombre de la Secuencia : secuencia 6
 Descripción de la Secuencia :

Característica

Secuencia: secuencia 6:

- 5 <221> Nombre/Clave : Seq ID 6 (fumC)
- <222> Localización desde : 1
- <222> Localización hasta : 945
- Otras informaciones :
- 10 CDS Unión : No

Base de Datos

Secuencia: secuencia 6:

- 15 <308> Número de Acceso en Base de Datos : FJ426269
- <309> Fecha de entrada en Base de Datos : 2009-06-11
- <313> Desde : 1
- <313> Hasta : 945

Secuencia

<213> Nombre del organismo : Sphingopyxis sp.

25 <400> Línea anterior a la secuencia :

VASKFNCELL	DLRSFVAVYE	TRSFSHAARL	LNQSQPALS	RIQRLESLVG	GPLFERTSRS	60
LAETALGKEL	LPVAHRALEL	VDTSLFASPN	VREFRWDIT	IACVQTAAFH	VLPRAARLYM	120
DQNPRVRLRI	LDVPAVEAAD	LYASGEAEFG	ISIESLLPSS	LRFDALHEDP	FGLACHRSHP	180
LASLEILEWT	QLKGESLIIV	HRASRNRTLL	DAELARNNIA	LEWRYEVAHL	TTALGLIDAQ	240
LGVAVMPRMV	MPRSGRSEVV	WRPVVAPVVQ	RTIGIVQRRT	GSMHPAAQQL	LARLRAAWSS	300
ANLGDIASRE	DGAS					314

- 30 <212> Tipo : PRT
- <211> Longitud : 314
- Nombre de la Secuencia : secuencia 7
- Descripción de la Secuencia :

Característica

Secuencia: secuencia 7:

- 35 <221> Nombre/Clave : Seq ID 7 (FumC)
- <222> Localización desde : 1
- 40 <222> Localización hasta : 314
- Otras informaciones :
- CDS Unión : No

Base de Datos

secuencia: secuencia 7:

- 45 <308> Número de Acceso en Base de Datos : FJ426269
- <309> Fecha de entrada en Base de Datos : 2009-06-11
- 50 <313> Desde : 1
- <313> Hasta : 314

Secuencia

55 <213> Nombre del organismo : Sphingopyxis sp.

<400> Línea anterior a la secuencia :

```

gtgaaagagc  accaatgccc  tggcggcccg  gcgtcccccg  ctgcgcccgc  cacgtggctt  60
gcgcggatca  gcgtttcccg  gggggcctcc  gccatcgcct  ggaccttcat  gcttggcgca  120
actgcattc  ccgtggctgc  gcaaaactgac  gatccgaagc  tcgttcgtca  taccagtcg  180
ggcgccgtcg  agggcgctga  gggcgacgctc  gagacttttt  tgggaatacc  ctccgcggt  240
ccgcccgtcg  gcgacctgcg  atggcgggccg  ccggctccgc  cgagggcgctg  ggccgggacc  300
agggacggcc  gccgctttgc  gcccgattgc  atcgggaacg  agcggcttag  agaggggagc  360
cgggctgccc  ggacgagcga  agactgcctc  tatctgaata  tctggcttcc  caaacaggctc  420
ggtaaagggg  ggctcccgt  catgatctgg  gttaacggcg  gtgggttag  cggcggttct  480
ggcgcggtgc  catattatga  cggctctgcg  ctgcgcgaga  agggcggtgt  ggtcgtcacg  540
ttcaactatc  gcgcccggat  tctgggcttt  cttgccatc  cggcgctttc  aaaggaaagt  600
ccgaatggcg  tctcgggcaa  ctatggtctt  ctcgacatgc  tcgcggcgtt  caaatgggtt  660
cagaacaaca  taagggagtt  cggcggagac  ccgaaccgtg  tcacggcttt  tggcgagtcc  720
gccggcgcca  gcgcgctcgg  actgctcctg  acctgcctcg  tcagtgaag  cgcttcaat  780
caggcgatac  tgcaaatgccc  gggcttgccc  agggcgctcg  ccacgctttc  tgaaagcgaa  840
gcgaatgggc  tggagctggg  agccgatatt  tctgctctac  ggcgtgccga  tgcgggagaa  900
ttgacgaaga  tcgcgcaatc  gcgaataacc  atgtcgcgcc  agttcaccaa  gccgcgccg  960
atgggtccga  ttctggacgg  ctatgttttt  cgcacccttg  agtctgatgc  cttcggcaag  1020

```

```

ggggccttcc  gcaagatacc  cgttctggtc  ggcggaaacg  ccgacgaagg  gcgcgctttt  1080
acggatcgcc  tgccggtcaa  aacggtcctt  gaatatcgag  cctatctcac  agaacaattt  1140
ggtgacgagg  cggacgcatg  ggagcgttgt  tatcccgcga  actccgacgc  cgacgtccc  1200
gcccggcttg  cccgtctttt  tggggatagt  cagttcaaca  acgggatcga  gctgctctcg  1260
gcagccttcg  cgaaatggcg  aacgcccgtt  tggagatac  gctttacggg  cattccagga  1320
gccggcgtc  gccccgcac  gcatggagac  gaaattccct  atgtcttcgc  aaatctgggg  1380
ccgtcgtccg  tatctatggt  tgggtcgctc  gaaggcggcg  ccggggcgct  ggacatcaaa  1440
cttgcgacc  aaatgctccg  ggcctgggtg  agcttcgctg  tgacgggggt  ccccgatcag  1500
ggcacgaaat  cgcactggcc  gcgcttcgag  cggcgagggg  agatcatgac  ttttggttcg  1560
caggttggt  ctggggaagg  tcttggagtt  tcgcccagca  aagcctgcca  accctcaaaa  1623
tag

```

5 <212> Tipo : DNA
 <211> Longitud : 1623
 Nombre de la Secuencia : secuencia 8
 Descripción de la Secuencia :

10 Característica

Secuencia: secuencia 8:
 <221> Nombre/Clave : Seq ID 8 (fumD)
 <222> Localización desde : 1
 <222> Localización hasta : 1623
 Otras informaciones :
 CDS Unión : No

20 Base de Datos

Secuencia: secuencia 8:
 <308> Número de Acceso en Base de Datos : FJ426269
 <309> Fecha de entrada en Base de Datos : 2009-06-11
 <313> Desde : 1
 <313> Hasta : 1623

30 Secuencia

<213> Nombre del organismo : sphingopyxis sp.
 <400> Línea anterior a la secuencia :

```

VKEHQCRGGR  ÁSPAAPATWL  ĀRISVSRGAS  AIAWTFMLGA  TAIPVAAQTD  DPKLVRHTQS  60
GAVEGVEGDV  ETFLGIPFAA  PPVGLRWRP  PAPRAWAGT  RDGRRFAPDC  IGNERLREGS  120
RAAGTSEDC  YLNIWSPKQV  GKGGLPVMIW  VYGGGFSGGS  GAVPYYDGS  LAQKGVVVVT  180
FNYRAGILGF  LAHPALSKES  PNGVSGNYGL  LDMLAAFkwV  QNNIREFGGD  PNRVTVFGES  240
AGASALGLLL  TSPLSEAFN  QAILQSPGLA  RPLATLSESE  ANGLELGADI  SALRRADAGE  300
LTKIAQSRIP  MSRQFTKPRP  MGPILDGYVL  RTLDVDAFAK  GAFRKIPVLV  GGNADGRA  360
TDRLPVKTVL  EYRAYLTEQF  GDEADAWERC  YPANSADAVP  AAVARLFGDS  QFNNGIELLS  420
AAFAKWRTP  WRYRFTGIPG  AGRRPATHGD  EIPYVFANLG  PSSVSMFGSL  EGGAGASDIK  480
LATEMSAAWV  SFAVHGVPDQ  GTKSHWPRFE  RRGEIMTFGS  QVGSGEGLGV  SPSKACQPSK  540

```

<212> Tipo : PRT
 <211> Longitud : 540
 Nombre de la Secuencia : secuencia 9
 Descripción de la Secuencia :

Característica

5 secuencia: secuencia 9:
 <221> Nombre/Clave : Seq ID 9 (FumD)
 <222> Localización desde : 1
 <222> Localización hasta : 540
 Otras informaciones :
 10 CDS Unión : No

Base de Datos

15 Secuencia: secuencia 9:
 <308> Número de Acceso en Base de Datos : FJ426269
 <309> Fecha de entrada en Base de Datos : 2009-06-11
 <313> Desde : 1
 <313> Hasta : 540

Secuencia

20 <213> Nombre del organismo : Sphingopyxis sp.
 25 <400> Línea anterior a la secuencia :

```

ttggagtttc gccgagcaaa gcctgccaac cctcaaaata gcgcccggcc tgtgctgtct      60
tcagcacgcc gtcccgtttt gcgggcgacg ggctgtgccc tctgcctaga aggaagtaag      120
ttgcgctacg acgtcgcgat aattggaggt ggcaacgctg cattgacggc agccgtgacg      180
gcgctgtaag cgggggcctc ggttcttgtg atcgagcatg cgccgcgcgc catgctgagg      240
ggcaacagtc gtcacacacg caatatgcgt acgatgcacg aacgtcccct gtcgcccgtt      300
accggtgaat attcggcgga cgaatattgg aatgatcttg tccgctcacg gggggggcgc      360
accgacgaag aactcgcggy gctcgtttat cgcaacacca ccgacgctat tcccctcatg      420
acgcgctgcy gtgtgctgtt ccagccctcg ctgtcgggca cgctgagttt atcgcgaacc      480
aacgcattct tcttggcggg cgggaaggcg cttgtaaacg catattacgc cacggccgaa      540
cggctaggcg tcgatattct ctatgattct gagtgaccg agatcaacct tcagcaaggc      600
gtcgtgcagc gtctgcaatt gcgcagccgg ggattccctg tcgaagtgga agccaaggct      660
gccatcgctt cgtccggagg attccaggca aatcttgact ggctctcaag cgcatggggg      720
cctgctgcyg cgaacttcat cgtacggggc acgcatatg cgactggcac ggtgctcaag      780
aacctgttgg agcaaggcgt cgcctcggty ggagatccaa cccaatgcca tgctgtcgcg      840
atcgatgggc gagcgcctaa atacgacggc ggcatcgtca cacgactgga ctgcttccc      900
ttctcgatcg tcgtcaacaa ggacgccttg gccttctacg atgaaggcga agatgtgtgg      960
ccgaagcgtt acgcatatg gggtcgcttg gtggcacagc agcctgatca gatcgttttc     1020
agcataatcg atcggcaggc cgaagacctc ttcatgccgt cagtgttccc ccccgtagca     1080
gcgacacgca tcgcggtctt ggccgagaaa ctcggcttga atcccgtaac cctggaacgc     1140
acggtggccg aattcaacgc cgcattcgtg cccggcgaat tcggcgccca agatctcgac     1200
gacctccaca ccgaggggat cgaaccaaag aaatccaact gggcccggacc gattattgtg     1260
ccccggttca gccttatcc tctccggccc gggatcacct tcacatatct cggcgtcaag     1320
gtagacagcc gtgctgctgg catcatggag acaggtgagc cgacaaaaaa cctgtttgct     1380
tcgggggaaa taatggcggg cagcattctc ggccaagggt atctcgtggt atttggaaat     1440
cggattggta ccgatctcgg ccgcatcgcg ggttgggagg ccgcacgtca tgcaggattt     1500
tga
    
```

30 <212> Tipo : DNA
 <211> Longitud : 1503 Nombre de la Secuencia : secuencia 10 Descripción de la Secuencia :

Característica

35 secuencia: secuencia 10:
 <221> Nombre/Clave : Seq ID 10 (fumE)
 <222> Localización desde : 1
 <222> Localización hasta : 1503 Otras informaciones : CDS Unión : No

Base de Datos

40 secuencia: secuencia 10:
 <308> Número de Acceso en Base de Datos : FJ426269
 45 <309> Fecha de entrada en Base de Datos : 2009-06-11
 <313> Desde : 1
 <313> Hasta : 1503

Secuencia

<213> Nombre del organismo : Spingopyxis sp.

5

<400> Línea anterior a la secuencia :

```
<400> PrēSequenceString :
LEFRRAKPAN PQNSARPVRA SARRPALRAT GCALCLEGSK LRYDVAIIGG GNAALTAAVT 60
AREAGASVLV IEHAPRAMRG GNSRHTRNMR TMHERPLSPL TGEYSADEYW NDLVRVTGGR 120
TDEELARLVI RNTTDAIPFM TRCGVRFQPS LSGTLSLSRT NAFFLGGGKA LVNAYYATAE 180
RLGVDILYDS EVTEINLQQG VVQRLQLRSR GFPVEVEAKA AIASSGGFQA NLDWLSAWG 240
PAAANFIVRG TPYATGTVLK NLLEQGVASV GDPTQCHAVA IDGRAPKYDG GIVTRLDCVP 300
FSIVVNDAL RFYDEGEDVW PKRYAIWGR LVAQPDQIAF SIIDRQAEDL FMPSVFPPVQ 360
ADTIAGLAEK LGLNPVTLER TVAEFNAACV PGEFQQDLD DLHTEGIEPK KSNWARPIIV 420
PPFSAYPLRP GITFTYLGVK VDSRARVIME TGEPTKNLFA SGEIMAGSIL GQGYLAGFGM 480
AIGTVFGRIA GWEAARHAGF
```

10 <212> Tipo : PRT

<211> Longitud : 500

Nombre de la Secuencia : secuencia 11

Descripción de la Secuencia :

15 Característica

Secuencia: secuencia 11:

<221> Nombre/Clave : seq ID 11 (FumE)

20 <222> Localización desde : 1

<222> Localización hasta : 500

Otras informaciones ;

CDS Unión : No

25 Base de Datos

Secuencia: secuencia 11:

<308> Número de Acceso en Base de Datos : FJ426269

30 <309> Fecha de entrada en Base de Datos : 2009-06-11

<313> Desde : 1

<313> Hasta : 500

Secuencia

35

<213> Nombre del organismo : Spingopyxis sp.

<400> Línea anterior a la secuencia :

```
atgcaggatt ttgatctcgt āāāāatgctg tctgacttgc cgtcggcgcc ggagctggaa 60
gccaggcgcg ttatggaggt gtgcaacgcg tgcgcgtatt gcgaagggtt ctgcbcgta 120
tttcctgcaa tgaccttgca gcgtcatttc gccagcggcg atctcagcca cctcgccaat 180
ctctgccact cgtgccaaagg ttgctattac gcctgccaat acgccccctc gcatgagttc 240
ggaataaaacg ttccaaaggc gctgctcggag ttgcggctcg agagctacga gcagcatgct 300
tggccccggc cggctcggcg tctctatcgc aagaatgcbc tcatcatttc catcttgctg 360
gcggcatgca taaccggcgt ccttctgctt gccgccatct tcaacgggga tgcacttttc 420
gcgaaacacg catcggtgcc cggcggcggg ttttacaacg ttattcctta tcaggcgatg 480
attgcccgtc cggcgaccac atttctttat tccgcgctgg cgtcggcgat cagtctcgtt 540
cgcttttcgc ggacgatcgg tctggaattt aaggttcttt atcagcacgt gccggttctt 600
cggcgctac gcgatgcggc gactctgcga tatctcggcg gcagcgacgg cgaggggtgt 660
aacgacgcgg acgagacatt ttcgacgacc cggcgaaaat ttcacacgc ccttgcttat 720
ggcttcggaac ttgttttcgc ggccacagcc accggcagca tctacgatca tatgttcggc 780
tggccggcgcg cctatgcgct tttcagcttg ccggtcgtcc tagggacgct tgggggggatc 840
ggaatggtcg tggcgcgat cggcctactc tggctcaagc tggccggcga agacgctcct 900
cgatcaccgg cactgcttgg gccggatggt gccctgttgg tgcttctgct tgccatagcg 960
gcaacgggccc tctcctttt agcggtcggc agcaccgaag tcatggcgct cgcgctcgcc 1020
gtccatctcg gcgctgctt ggccttcttt ttggtgatgc catacagcaa atttgtccac 1080
ggtatcttca ggctcagcgc tctcgtgcgc catcatgctg acccgagggc aagtaatggc 1140
ttcgccctca gccctcccac gaaaaaggggt taa 1173
```

40

<212> Tipo : DNA

<211> Longitud : 1173

Nombre de la Secuencia : secuencia 12

Descripción de la Secuencia :

Característica

5 Secuencia: secuencia 12:
 <221> Nombre/Clave : Seq ID 12 (fumF)
 <222> Localización desde : 1
 <222> Localización hasta : 1173
 10 Other information :
 CDS Unión : No

Base de Datos

15 Secuencia: secuencia 12:
 <308> Número de Acceso en Base de Datos : FJ426269
 <309> Fecha de entrada en Base de Datos : 2009-06-11
 <313> Desde : 1
 20 <313> Hasta : 1173

Secuencia

25 <213> Nombre del organismo : Sphingopyxis sp.
 <400> Línea anterior a la secuencia :

MQDFDLVKML	SDLPSAPELE	ARRVMEVCNA	CRYCEGFCAV	FPAMTLQRHF	ASGDLSHLAN	60
LCHSCQGCYY	ACQYAPPHEF	GINVPKALSE	LRLESYEQHA	WPRPVAALYR	KNALIISILS	120
AACITGVLLL	AAIFNGDALF	AKHASVPGGG	FYNVIPYQAM	IAVAATTFLY	SALALAISLV	180
RFSRTIIGLI	KVLYQHVPVL	RALRDAATLR	YLGGSDEGEC	NDADEFSTT	RRKFHHALAY	240
GFGLCFAATA	TGTIYDHMFG	WPAPYALFSL	PVVLGTVGGI	GMVVGAIPLL	WLKLAGEDAP	300
RSPALLGPDV	ALLVLLLAIA	ATGLLLLAVR	STEVMGVALA	VHLGVVLAFF	LVPYSKFBVH	360
GIFRLTALVR	HHADREASNG	FASSPPTKKG				390

30 <212> Tipo : PRT
 <211> Longitud : 390
 Nombre de la Secuencia : secuencia 13
 Descripción de la Secuencia :

Característica

35 Secuencia: secuencia 13:
 <221> Nombre/Clave : Seq ID 13 (FumF)
 40 <222> Localización desde : 1
 <222> Localización hasta : 390
 Otras informaciones :
 CDS Unión : No

Base de Datos

45 Secuencia: secuencia 13:
 <308> Número de Acceso en Base de Datos : FJ426269
 50 <309> Fecha de entrada en Base de Datos : 2009-06-11
 <313> Desde : 1
 <313> Hasta : 390

Secuencia

55 <213> Nombre del organismo : Sphingopyxis sp.
 <400> Línea anterior a la secuencia :

ES 2 563 084 T3

```

atggaacata tgaagtcctg tcgcatcgc agtagcgtca tgcagatcgt gagagtggcg      60
agtggcaact gtctcagaca atatgatttc ttcgtttacg gcttctatgc ggcatatatt      120
gcgagaagct tttttccgac cggcgataac cgcgacatcg tcatgctttc attggccact      180
tttggcgctg gtttccctcat gaggcccttg ggggcgattt ttctcgggtc ctacatcgat      240
cgcgtcgggc gtcggaaaagg cctgatcgtg aacctcgcca tcatggccgt cggaaaccctc      300
accattgcga tgactccaag ctatgaggca attggattac tcgcaccggt tatcgtgctc      360
gtcggggcac ttttgcaggg tttttccgct ggagcagagt cgggtggcgt ctccagtgtac      420
ttgpcggaaa ttgctgctgc caaatcgaga ggcttcttca cctcgtggca gctgcccagc      480
cagcaggtgg ccgtcatgat cgcgcgcgag atcggctctg cgctgcaatc aacgctttca      540
ccggagcaaa tgaacgactg gggatggcgg gtgcccctgt tgatcggatg cttgattatc      600
cccgtgatac tctggctcgc ccggtctctc ccggaacaga aagcctatct ccacatggag      660
cacaaggcgc attcgatcgg cgaatccctc cgcgaattgc aacagagctg ggggctgac      720
ttgacgggca tggcgatgtc gactctcacg acgaccacct ttacatgat tacgcctat      780
acgcgcagat ttgpcgagaa agcactcgga ctgagcccgc aagatgtcct gctggttacc      840
atcatggtgc gcgtgctgaa ctctctgtgg ctcccgatcg ggggtgctct ctccgatcgt      900
atcggtagaa ccccgatcct actggtcgtg ccggtcaccg ttctcggcat cgcctttccc      960
ctgatgagct ggctcgtcgc ggcaaccgca ttccggagcgc ttgcatgctg tctgctgact     1020
ttctccgcat gctttggact ctataatggg gcgctcatcg cgagactcac cgagattatg     1080
cctcccggca ttagaaccct tggcttctcg ctggcgttca gtctcgcgac ctccgctgttc     1140
ggcggcttca cccatttggg aagtacggcg ctaatccacg cgacgggag caattccgag     1200
cctgcaatct ggctctgttt tgcggcttcc atcagcttcg tcggtgtggc cgcacgcacc     1260
cggctgagcc ggccaatcgc cgaaggcgcc agatag

```

<212> Tipo : DNA

<211> Longitud : 1296

5 Nombre de la Secuencia : secuencia 14

Descripción de la Secuencia :

Característica

10 Secuencia: secuencia 14:

<221> Nombre/Clave : Seq ID 14 (fumG)

<222> Localización desde : 1

<222> Localización hasta : 1296 Otras informaciones :

15 CDS Unión : No

Base de Datos

Secuencia: secuencia 14:

20

<308> Número de Acceso en Base de Datos : FJ426269

<309> Fecha de entrada en Base de Datos : 2009-06-11

<313> Desde : 1

<313> Hasta : 1296

25

Secuencia

<213> Nombre del organismo : sphingopyxis sp.

30 <400> Línea anterior a la secuencia :

```

MEHMKSVRDR SSVMIQIVRA SGNCLEQYDF FVYGFYAAYI ARSFFPTGDN ATSLMLSLAT      60
FGAGFLMRPL GAIFLGSYID RVGRRKGLIV TLAIMAVGTL TIAMTPSYEA IGLLAPVIVL      120
VGRLLQGFSA GAESGGVSVY LAEIASPKSR GFFTSWQSAS QQVAVMIAAA IGLALQSTLS      180
PEQMNDWGWR VPLLIGCLII PVILWLRSL PETKAYLHME HKAHSGESL RELQQSWGLI      240
LTGMAMSILT TTTYFYMITAY TPTFGEKALG LSPQDVLLVT IMVGVSNFLW LPIGGALSDR      300
IGRTPILLVV PVTVLAIAFP LMSWLVAAPT FGALAAVLLT FSACFGLYNG ALIARLTEIM      360
PPAIRTLGFS LAFSLATSLF GGFTPLVSTA LIHATGSNSA PAIWLCFAAF ISFVGVAAST      420
RLSRPIAEGA R

```

<212> Tipo : PRT

35 <211> Longitud : 431

Nombre de la Secuencia : secuencia 15

Descripción de la Secuencia :

Característica

40

Secuencia: secuencia 15:

<221> Nombre/Clave : Seq ID 15 (FumG)

<222> Localización desde : 1

<222> Localización hasta : 431
 Otras informaciones :
 CDS Unión : No

5 Base de Datos

Secuencia: secuencia 15:

<308> Número de Acceso en Base de Datos : FJ426269
 <309> Fecha de entrada en Base de Datos : 2009-06-11
 <313> Desde : 1
 <313> Hasta : 431

15 Secuencia

<213> Nombre del organismo : Sphingopyxis sp.

<400> Línea anterior a la secuencia :

atgagagcag	tagtttacg	aaatggcgaa	cttgtcctgg	gggcctatgc	tgatccgata	60
cccgccgccc	ggcaggtgct	cgtaagacc	agagcatgcg	gcatctgccc	atctgacctt	120
catttttgcg	atcatgcgca	ggcgtttacg	aaccttgcat	cgccggcggg	tatcgctctt	180
atggaagtgg	atgtgtgctg	agacatcggt	ctggggcatg	aattctgtgg	cgagattatg	240
gagttcgggc	cctctgcgga	tcgtcgcttc	aaaccggac	agcttgtgtg	ctcgctgccg	300
ctggcgatcg	gtccgaccgg	agcgcggacg	attggctact	cggatgagta	tcccggcggg	360
ctcggcgaat	atatggtcct	cacggaagcg	ctcttgctgc	ctgttccgaa	cgcccttccg	420
gcgacctgcg	cggcgttgac	ggagccgatg	gcggtgggat	ggcatgccgt	cgagatcgcg	480
caggttcaac	cacatcacat	ccctgtgggt	atcgggtgcg	gaccggtcgg	gttggcagtc	540
gtcgtgccc	tgaaacataa	gcaagtgtct	ccgattattg	cgccggatcc	atcgcgccgat	600
cgcgctgctc	ttgctctgcg	gatggcgcc	gacgccgttg	tcgatccgcg	cgaagaatca	660
ccctttcgcc	aggccgagaa	gatcgcacgc	ccggtcggac	aaggtggggc	cctgtccagc	720
tcattgctgt	caaagtctca	aatgatattc	gaatgctag	gggtgccggg	catgcttcgg	780
catgcatgg	acggcgcgct	cgaccgggtc	gagatcatgg	tcgttggcgc	atgcatgcag	840
ccggacgcga	tcgagcccat	gatcgggatg	tttaaagcgc	tcacgatcaa	attctcgca	900
acttacacgg	gtgaggaatt	cgcccggtg	cttcacatga	taggtgaggg	cgcaactcgac	960
gtatctccgc	tcgttaccga	tgtgattggc	ctgtccgatg	tcccgtccgc	gtttgaggct	1020
ctacggagtc	cagggcgcca	agcaaaagtg	attgtggacc	cttggcgctg	a	1071

<212> Tipo : DNA
 <211> Longitud : 1071
 Nombre de la Secuencia : secuencia 16
 Descripción de la Secuencia :

25 Característica

Secuencia: secuencia 16:

30 <221> Nombre/Clave : Seq ID 16 (fumH)
 <222> Localización desde : 1
 <222> Localización hasta : 1071
 Otras informaciones :
 35 CDS Unión : No

Base de Datos

Secuencia: secuencia 16:

40 <308> Número de Acceso en Base de Datos : FJ426269
 <309> Fecha de entrada en Base de Datos : 2009-06-11
 <313> Desde : 1
 <313> Hasta : 1071

45 Secuencia

<213> Nombre del organismo : Sphingopyxis sp.

50 <400> Línea anterior a la secuencia :

ES 2 563 084 T3

MRAVVYRNGE	LVLGAYADPI	PAAQQLVVK	RACGICGSDL	HFCDDHAQFT	NLASRAGIAS	60
MEVDLCRDIV	LGHEFCGEIM	EFGPSADRRF	KPGQLVCSLP	LAIGPTGART	IGYSDEYPPG	120
LGEYMLVTEA	LLLPVNPGLP	ATCAALTEPM	AVGWHAVEIA	QVQPHHIPVV	IGCGPVGLAV	180
VAALKHKQVA	PIIASDPSPD	RRALALRMGA	DAVVDPREES	PFRQAEEKIAR	PVGQGGALSS	240
SLLSKSQMIF	ECVGVPGMLR	HAMDGASDGS	EIMVVGACMQ	PDAIEMIGM	FKALTIKFSR	300
TYTGEEFAAV	LHMIGEGALD	VSPLVTDVIG	LSDVPSAFEA	LRSPGAQAKV	IVDPWR	356

<212> Tipo : PRT
 <211> Longitud : 356

5 Nombre de la Secuencia : secuencia 17
 Descripción de la Secuencia :

Característica

10 Secuencia: secuencia 17:

<221> Nombre/Clave : Seq ID 17 (FumH)
 <222> Localización desde : 1
 <222> Localización hasta : 356

15 Otras informaciones :
 CDS Unión : No

Base de Datos

20 Secuencia: secuencia 17:

<308> Número de Acceso en Base de Datos : FJ426269
 <309> Fecha de entrada en Base de Datos : 2009-06-11
 <313> Desde : 1
 <313> Hasta : 356

25

Secuencia

<213> Nombre del organismo : Sphingopyxis sp.

30 <400> Línea anterior a la secuencia :

atggcgaacg	gaacaaggca	gaaagatctc	agagaacgcg	ccgaacgggt	cattccgggc	60
gggatgtacg	gccacgagtc	gacacggttg	ctgcccgcag	aattccccca	gttcttcagg	120
cgcgcgctgg	gggcacgaa	ttgggacgcc	gacgagcagc	cctatatcga	ctatatgtgc	180
gcgtatgggc	caaatttgc	cggttacggc	caatccgaaa	tcgaagccgc	ggctgatgcg	240
cagcgacttc	tcggcgacac	catgaccggg	ccttcggaga	tcattggtaa	cctcggccgaa	300
gcctttgtgg	gcatgggtccg	tcattgcggat	tgggcgatgt	tctgcaaaaa	tggcagcgat	360
gccacctcaa	cggcgatggg	tctcgcgcgt	gcccatacgg	ggcgcaaac	catattatgc	420
gccaaaggcg	cctatcatgg	cgcttccccg	tggaaacactc	cgcatactgc	cgggattctc	480
gcttccgatc	gcgtgcatgt	cgcatattat	acctataacg	acgccccaaag	cttatcggac	540

gcgttcaagg	cgacgatggg	cgatattggc	gctgtctttg	ccacaccttt	ccgacacgaa	600
gtattttgagg	accaggccct	cgcccagctt	gagttcgcgc	gcaccgctcg	aaaatgttgt	660
gacgagaccg	gtgcgcttct	ggctcgttgac	gatgtgcgcg	cagggtttccg	gggtggcgcgc	720
gattgacgct	ggacgcattt	gggtatcgaa	cccgatctca	gttgctgggg	aaaatgcttt	780
gcgaatggct	atccgatctc	cgccctgctg	ggctcgaaca	aggcgcgcga	tgcggcgcgg	840
gatataattg	tgaccggctc	cttctgggtc	tctgcggtac	cgatggcggc	cgcgatcgaa	900
accctcagga	tcattcgaga	gacgccttat	ctcgaaacgc	tgatcgccag	cggcgcgcgc	960
ctgcgggacg	gcctggaggc	acagtctcag	cgccatggtc	ttgagttgaa	gcagacgggc	1020
ccggcgcaga	tgccgcaaat	attctttgcg	gacgatcccg	attttcggat	cggctatgcg	1080
tgggccgcgg	cgctgcctgaa	gggcggcgtc	tatgttcctc	cctatcacia	tatgtttctc	1140
tctgcggccc	atacagttga	cgatgtaacg	gagaccctcg	aggcgacgga	tcgcgcgctt	1200
agcgcggctc	tcagagattt	tgcgtctctc	cagcctcatc	ccattttaat	gcaactcgcc	1260
ggtgcttga						1269

35

<212> Tipo : DNA
 <211> Longitud : 1269

40 Nombre de la Secuencia : secuencia 18
 Descripción de la Secuencia :

Característica

45 secuencia: secuencia 18:

<221> Nombre/Clave : Seq ID 18 (fuml)

<222> Localización desde : 1
 <222> Localización hasta : 1269
 Otras informaciones :
 CDS Unión : No

5

Base de Datos

Secuencia: secuencia 18:

10 <308> Número de Acceso en Base de Datos : FJ426269
 <309> Fecha de entrada en Base de Datos : 2009-06-11
 <313> Desde : 1
 <313> Hasta : 1269

15 Secuencia

<213> Nombre del organismo : Sphingopyxis sp.

<400> Línea anterior a la secuencia :

20

MANGTRQKDL	REAEERVIPG	GYGHESTR	LPPEFPQFFR	RALGARIWDA	DEQPYIDYMC	60
AYGPNLLGYR	QSEIEAAADA	QRLGDTMTG	PSEIMVNLAE	AFVGMVRRHAD	WAMFCKNGSD	120
ATSTAMVLAR	AHTGRKTILC	AKGAYHGASP	WNTPHTAGIL	ASDRVHVAYY	TYNDAQSLSD	180
AFKAHDGDIA	AVFATPFRHE	VFEDQALAQL	EFARTARKCC	DETGALLVVD	DVRAGFRVAR	240
DCSWTHLGIE	PDLSCWGKCF	ANGYPISALL	GSNKARDAAR	DIFVTGSFWF	SAVPMAAAIE	300
TLRIIRETPY	LETLIASGAA	LRAGLEAQSQ	RHGLELKQTG	PAQMPQIFFA	DDPDFRIGYA	360
WAAACLKGGV	YVHPYHNMFL	SAAHTVDDVT	ETLEATDRAF	SAVLRDFASL	QPHPILMQLA	420
GA						422

<212> Tipo : PRT
 <211> Longitud : 422

25 Nombre de la Secuencia : secuencia 19
 Descripción de la Secuencia :

Característica

30 Séquence: secuencia 19:

<221> Nombre/Clave : Seq ID 19 (Fuml)
 <222> Localización desde : 1
 <222> Localización hasta : 422

35 Otras informaciones :
 CDS Unión : No

Base de Datos

40 Secuencia: secuencia 19:

<308> Número de Acceso en Base de Datos : FJ426269
 <309> Fecha de entrada en Base de Datos : 2009-06-11
 <313> Desde : 1
 <313> Hasta : 422

45

Secuencia

<213> Nombre del organismo : Sphingopyxis sp.

50

<400> Línea anterior a la secuencia :

ES 2 563 084 T3

```

atgtatcggg agttcagaat c̄gaaaagccc ggcaaggcaa atagtttgct cggcgcagta 60
gcgctcggca ccctcgcatt tcctgtctct gccagtgctc aggatagcga tcccgcacgc 120
ataggtcagc cggacgaagc ggacacggac cggggaacga gcgaaatcgt cgtgaccggc 180
agccgcctcc agaaccggct caattcgcgc acgcccggta cagccgtatc cagcgagcag 240
ttgaaggagg catctccgac caaccttgcc gacgactca accagctgcc cgtgttcaac 300
gacagcttga agaccctcaa ccctggcacg acacccggaa cggggaacag cggtcagaac 360
ctgctcaaca tgcgcggcct cgggtcaaac cggaaacctc tctgtctgaa cggcaaccgt 420
ttcgtcgcga ccaatttcac aggctcggtc gatatacaag tgcgtccgca ggcgttggtc 480
aagcgcctcg atgtcgtgac gggcggcgcc tcggccgcct acggttcgga tgcctgttcg 540
ggcgtcatca actctcgtgc cgacgaagat ctggaaggca tcagggccga gctccagtcg 600
gggttttcaa ccccgccgca cctcccgtcc tacggcggtt cgatcgctt cggcacttcg 660
tttgccagc accggttgca cttgctcggc agcttcgaat atttcgaca ggacggaatc 720
cgggccgatg aagcaacggg tcgcccgtgg ttcgacatcg ccgccggcca atatcccgctg 780
cccggcgcta cgacagcgct cacggtcgtg cccgatattc gcagttctcg cggatccctac 840
ggcggacttg tcacgtccgg ccctctgaaa ggcacgcgct ttttgccgg aggagtccca 900
gggaccttcg actacgggaa ttttacgagc tcgtcgttcc agagcggcgg cगतggaccg 960
cgcgtgaata tcggcttcgc cccggatcag cttcgctaca acgcttccct acgcgccgca 1020
tatgatgtgt ccgacactgt gcaggtgtat gcggagggca cctatgctta tttccacacc 1080
aacctgggtg cattcgtaat atcgcattgt ggtggctcga ataatttccg gatcttccgt 1140
gataacgcct tccttcggc tccactcgcg acgctcatgg acagaaatgc ccaggcttcg 1200
atcgtttcgc ttgcttctc aagcgacttt cccttggctg aaatcgagaa tttcgcaaaag 1260
gtctaccgcg gcgctgcggg cttccgggca gacattggca atggctggaa actcगतggc 1320
tcggcctcct ttggccttac ggacctcgag cttcgtagaa acaatctcac catcaaccgc 1380
aatctctacg ccgcccgtcg tgcggtccgc gatcccgcgg gcaatatcgt ctgcccgttca 1440
aactggcccg gcctcgacca agattgcgtg ccgctcaatc tcttcggcac aggctcggcg 1500
agcgcgtcgg ccatcgacta tgtcaccgct gatggcgtcg ctcagctgag gcttgagcaa 1560
tatgtggcgg gactcacgat ttcggcggac ctccggcgata gcctgtcgtt cggcgcggggc 1620
ccggtctcgg tcgcccgtgg tatcgaatat cgcaaggaga aggcccgcca ggaaccggac 1680
gcgatatcgc aggcgcgcac ctcgatcacg ggaatcaggg gggctccggc ggcgcaggca 1740
ggtcggcctg gaggcttcaa tctctacaac ccacttccct tctcgggaaag ctatgacatc 1800
aaggaaggtt ttgtcgaat cggcgtcccg attctgaagg acagcgcgtt gggacgttcg 1860
ctgaacttaa acggcgcctg ccgatatgcc gattacagcc agtccggctg agtaacaacc 1920
tggaaagctg gacggagaata tgagccgatc gacggcctca ggttccgcgc gacccgttcg 1980
cgagatatcc gggggccaag ctttgcgag ctatcgcac ccggccgta ggcgcgcctc 2040
aattcaattt atggcggaca ggctgtgcag acgcggttct ttaccgccc caacgcggat 2100
ttgcgcctg aaaagcgga cgtccttaca ttcggcgcgg tgctacgccc cgcttcggtg 2160
ccggggttcc agtttccggt cगतcctat gtgtgaaagg tgaaggcgc gatcगतttc 2220
ctccttcccc agcaggaat cgcgcgtgc gatgcaggaa acaccttct ctgcgacctc 2280
ataacggaga atcccgcgg caccatcaca gtgacgggtc ccaatctcaa cctggctgtc 2340
cagaaagcgg cgggaattga cttcgaggcc tattactcac gcccctcgg cggcggcacg 2400
ttcagtcttc gtgcgtggc aacgcacat acctctgcct atcgcatcgc gaccggctcg 2460
gcgccatcc gttcgtcgg acaaccggac acgcaaaaat ggtcggccaa cttccaggcg 2520
cgatattcga ccgacgatt ggcgcttctc gtgcagcgc gttctatcgc agcatcgggtg 2580
ttcaatgccg acaatgtgga gggcgtcgat acgaaattga accacgctcc ggcgggttgg 2640
tacaccgacg cgacattgac cttcgacatc gcggcttttg gccagaagca gcagctggtt 2700
ctatcgttca ataattgtt cgaccgagat ccgccaatag cgacgaaaga ccccgagctg 2760
ttttccagcc cgaccagctc tgcctatgat ccggtcggcc gctattttaa tgcgggggtc 2820
cgtttcggga tctga

```

<212> Tipo : DNA

<211> Longitud : 2835

- 5 Nombre de la Secuencia : secuencia 20
- Descripción de la Secuencia :

Característica

- 10 secuencia: secuencia 20:

<221> Nombre/Clave : Seq ID 20 (fumJ)

<222> Localización desde : 1

<222> Localización hasta : 2835

- 15 Otras informaciones :
- CDS Unión : No

Base de Datos

- 20 Secuencia: secuencia 20:

<308> Número de Acceso en Base de Datos : FJ426269

<309> Fecha de entrada en Base de Datos : 2009-06-11

<313> Desde : 1

- 25 <313> Hasta : 2835

Secuencia

- 30 <213> Nombre del organismo : Sphingopyxis sp.

<400> Línea anterior a la secuencia :

MYRKFRIEKP	ĠKANSLLGAV	ĀLGTLAFVPS	ASAQSDPAS	IGQPDEADTD	RGTSEIVVTG	60
SRLQNGFNPS	TPVTAVSSEQ	LKEASPTNLA	DALNQLPVFN	DSLKTSNPGT	TPGTGNSGQN	120
LLNMRGLGSN	RNLVLLNGNR	FVATNFTGSV	DINVLPQALV	KRVDVVTGGA	SAAYGSDAVS	180
GVINFLVLEDE	LEGIRAEQLS	GVSTRGDLPS	YGGSIAFGTS	FADDRLHLLG	SFEYFRQDGI	240
RADEATGRRW	FDIAAGQYPV	PGATTGVTVV	PDIRSSRGSY	GGLVTSGPLK	GIAFLPGGVL	300
GTFDYGNFTS	SSFQSGGDGP	RVNIGFAPDQ	LRYNAFLRAA	YDVSDTVQVY	AEGTYAYSHT	360
NLGAFVISHV	GGSNNFRIFR	DNAFLPAPLA	TLMDRNAQAS	IVVGRFSSDF	PLVEIENFAK	420
VYRGAAGFRA	DIGNGWKLDG	SASFGLTDLE	LRENNLTINR	NLYAAVDAVR	DPAGNIVCRS	480
TLAGLDQDCV	PLNLFGTGSP	SASAIYVTA	DGVAQLRLEQ	YVAGLTISGD	LGDLSLFGAG	540
PVVAAGIEY	RKEKARQETD	AI SQATTSIT	GIRGAPAAQA	GRPGGFNLYN	PLPFSGSYDI	600
KEGFVEIGVP	ILKDSALGRS	LNLNGAVRYA	DYSQSGGVTT	WKLGGEYEPI	DGLRFRATRS	660
RDIRGPSLVE	LFDPPGRQATL	NSIYGGQAVQ	TRFFTAGNAD	LRPEKADVLT	FGAVLRPAFV	720
PGFQFSVDRY	VVKVKGAI DF	LLPQQEIDAC	DAGNTFFCDL	ITENPDGTIT	VTGPNLNLA V	780
QKAAGIDFEA	YYSRPVGGGT	FSLRALATHH	TSAYRIATGS	APIRSLGQPD	TPKWSANFQA	840
RYSTDDWALL	VQQRFIAASV	FNADNVEGVD	TNLNHAPAVW	YTDATLTFDI	AAFQKQQLF	900
LSVNNLFRDR	PPIATNDPSS	FSSPTSSAYD	PVGRYFNVGV	RFRI		944

5 <212> Tipo : PRT
 <211> Longitud : 944
 Nombre de la Secuencia : secuencia 21
 Descripción de la Secuencia :

10 Característica

secuencia: secuencia 21:

<221> Nombre/Clave : Seq ID 21 (FumJ)

15 <222> Localización desde : 1
 <222> Localización hasta : 944
 Otras informaciones :
 CDS Unión : No

20 Base de Datos

Secuencia: secuencia 21:

25 <308> Número de Acceso en Base de Datos : FJ426269
 <309> Fecha de entrada en Base de Datos : 2009-06-11
 <313> Desde : 1
 <313> Hasta : 944

Secuencia

30 <213> Nombre del organismo : Sphingopyxis sp.

<400> Línea anterior a la secuencia :

atg	cg	cctca	ċggg	cg	gaga	āttatt	ggca	cgat	gtttg	ccgt	cgaagg	cg	tccg	gtat	60										
gtc	ctc	ggcc	tcat	gtc	gcc	ggagg	tggat	ccg	ctc	ctg	ctcga	agaca	atggg		120										
atatt	gtttc	tcc	gg	tg	cg	gcac	gagcc	gcc	gag	cct	atatt	ggccga	ggg	cattac	180										
aag	accacc	gac	aggt	cg	cg	gatt	g	ac	ga	atcc	gg	tcc	gg	tac	240										
ctg	cctgg	ag	tc	gt	gac	ggc	ac	gcc	ac	gaa	ggg	gtt	ccct	tc	gt	cg	caat	aac	gt	ccc	ag	300			
cat	caact	tg	gt	tc	gt	ttta	tc	ct	g	ca	c	cc	aaa	aac	t	tc	ca	gg	g	g	aca	ag	acc	gat	360
gac	ctct	ttc	gacc	cg	cg	g	taa	at	gg	ggc	gc	acc	cat	ct	tc	g	ct	g	g	aa	cc	g	g	att	417

<212> Tipo : DNA
 <211> Longitud : 417
 Nombre de la Secuencia : secuencia 22
 Descripción de la Secuencia :

Característica

Secuencia: secuencia 22:

45 <221> Nombre/Clave : seq ID 22 (fumK)
 <222> Localización desde : 1
 <222> Localización hasta : 417
 Otras informaciones :
 50 CDS Unión : No

Base de Datos

Secuencia: secuencia 22:

5 <308> Número de Acceso en Base de Datos : FJ426269
 <309> Fecha de entrada en Base de Datos : 2009-06-11
 <313> Desde : 1
 <313> Hasta : 417

Secuencia

<213> Nombre del organismo : Sphingopyxis sp.

15 <400> Línea anterior a la secuencia :

MRLTGGELLA	ŘCLAVEGVRY	ŮFGLMSPEVD	PLLALEDNG	ILFVVRHEA	AAAYMAEGIY	60
KTTGQVAIV	TNPGPTANL	LPGVVTARHE	GVPFVAITSQ	HQLGVVYPT	PKTFQGQDQI	120
DLFRPAVKWG	APIFAWNRI					139

<212> Tipo : PRT

20 <211> Longitud : 139
 Nombre de la Secuencia : secuencia 23
 Descripción de la Secuencia :

Característica

25 Secuencia: secuencia 23:

<221> Nombre/Clave : Seq ID 23 (FumK)
 <222> Localización desde : 1
 <222> Localización hasta : 139
 Otras informaciones :
 CDS Unión : No

Base de Datos

35 Secuencia: secuencia 23:

40 <308> Número de Acceso en Base de Datos : FJ426269
 <309> Fecha de entrada en Base de Datos : 2009-06-11
 <313> Desde : 1
 <313> Hasta : 139

Secuencia

45 <213> Nombre del organismo : Caulobacter sp.

<400> Línea anterior a la secuencia :

atggaattga	gcccgaacg	āgaccaggcc	ttgagggagc	gcgccaagc	ggtgatccg	60
ggcgggatgt	acggtcacga	gtcgcacctat	ctgatgcccg	agggcacgcc	acagttcttc	120
agtcgcgga	aaggcgcccg	actttgggac	gccgaecggca	acgagtatgt	cgattacatg	180
tgcgcctatg	gcccgaacct	gctgggttac	ggcttcgaac	ccgtcgaagc	ggccgcccga	240
gcccagcaag	cccggggcga	taccttgacc	gggcccgtcgg	aggtgatggt	gcagttggcg	300
gaagacttcg	tcgcgcaaat	cagccacgcg	gactgggcca	tgttctgcaa	gaacggcaca	360
gacgccacct	caatggcgat	ggcatcgcg	cgcgcacaca	ccggccggaa	gacgatcttc	420
tycgcgaaag	gcgcctatca	tggggccgcg	ccttggtgca	cgccgatcct	ggccggaacg	480
ctaccggagg	atcgcgctt	tgtagtctac	tacgactaca	atgacgccca	aagcctcgtc	540
gacgccttcg	aggcccata	ggacgacgtc	gcgpcgatct	tcgccacccc	tcaccgtcac	600
gaggtgttca	gcgaccagat	cgatctgat	ccggaatag	cgccagcgt	gcgggcgctc	660
tgcgacaaga	gcggcgccct	gctcgtcgtc	gacgaagttc	gagccgggtt	caggatcgcg	720
cgcgactgca	gctgggcca	gatcggcgtc	gctccggatc	tgagcacctg	ggccaagtgc	780
ttcgccaacg	gctatccgat	ctcggcggtc	ctagggggcg	aaaagggtgcg	cagcgcgga	840
aaggccgtct	acgtcacggg	ctcgttctgg	ttctcgcca	cgcccatggc	cgcagccgctc	900
gaaaccctga	agcaaatccg	cgagaccgac	tatctcgagc	ggatcaacgc	ggccgggacc	960
gcctgcgcg	agggcctgca	cgacgaggtc	gctcacaacg	gctttacggt	gcgccaacg	1020
gggcccgtct	ccatgcccc	agtcctcttc	gaggaagatc	ccgattttcg	ggtcggctac	1080
ggctgggttc	gcgaatgcct	gaagcgaggg	gtgtacttca	gcccctacca	taacatgttc	1140
ctgtcggcgg	cccatagcga	ggcggacctg	gccaagacc	ttgcggtac	cggcgacgcc	1200

ttcgtcgagc tacgcgccaa gcttccgagc ctagaaatcc accaacccct cctcgcctg 1260
 agagcgcct aa 1272

5 <212> Tipo : DNA
 <211> Longitud : 1272
 Nombre de la Secuencia : secuencia 24
 Descripción de la Secuencia :

10 Característica

Secuencia: secuencia 24:

15 <221> Nombre/Clave : Seq ID 24
 <222> Localización desde : 1
 <222> Localización hasta : 1272
 Otras informaciones :
 CDS Unión : No

20 Base de Datos

secuencia: secuencia 24:

25 <308> Número de Acceso en Base de Datos : FJ426269
 <309> Fecha de entrada en Base de Datos : 2009-06-11
 <313> Desde : 1
 <313> Hasta : 1272

Secuencia

30 <213> Nombre del organismo : Caulobacter-sp.

<400> Línea anterior a la secuencia :

MELSRQRDQA	LRERAQAVIP	GGMYGHESTY	LMPEGTPQFF	SRGKGARLWD	ADGNEYVDYM	60
CAYGPNLLGY	GFEPVEAAAA	AQQARGDTLT	GPSEVMVQLA	EDFVAQISHA	DWAMFCKNGT	120
DATSMAMVIA	RAHTGRKTIK	CAKGAYHGAA	PWCTPILAGT	LPEDRAFVYY	YDYNDAQSLV	180
DAFEAHQDDV	AAIFATPHRH	EVFSDQIDPD	PEYAASVRAL	CDKSGALLVV	DEVRAQFRIA	240
RDCSWAKIGV	APDLSTWGC	FANGYPISAV	LGGEKVRSA	KAVYVTGSFW	FSATPMAAAV	300
ETLKQIRETD	YLERINAAGT	RLREGLQQA	AHNGFTLRQT	GPVSMQVLF	EEDPDFRVGY	360
GWVRECLKRG	VYFSPYHMF	LSAAHSEADL	AKTLAATGDA	FVELRAKLPS	LEIHQPLLAL	420
RAA						423

35 <212> Tipo : PRT
 <211> Longitud : 423
 Nombre de la Secuencia : secuencia 25
 Descripción de la Secuencia :

40 Característica

Secuencia: secuencia 25:

45 <221> Nombre/Clave : Seq ID 25
 <222> Localización desde : 1
 <222> Localización hasta : 423
 Otras informaciones :
 CDS Unión : No

50 Base de Datos

Secuencia: secuencia 25:

55 <308> Número de Acceso en Base de Datos : FJ426269
 <309> Fecha de entrada en Base de Datos : 2009-06-11
 <313> Desde : 1
 <313> Hasta : 423

60

REIVINDICACIONES

- 5 1. Aditivo adecuado para la degradación enzimática de fumonisinas en una materia prima vegetal y mezclas que contienen la materia prima vegetal, caracterizado por que están contenidos una enzima de la secuencia ID-Nº 9, así como, eventualmente, de manera adicional un co-sustrato para la enzima empleada, una enzima de la secuencia ID-Nº 19 y un soporte inerte.
2. Aditivo según la reivindicación 1, caracterizado por que la enzima se emplea envuelta en una envoltura protectora.
3. Aditivo según la reivindicación 1 ó 2, caracterizado por que están contenidos una carboxilesterasa de la secuencia ID-Nº 9, una aminotransferasa de la secuencia ID-Nº 19, un α -cetoácido como co-sustrato y un soporte inerte.
- 10 4. Aditivo según la reivindicación 1, 2 ó 3, caracterizado por que están contenidos una carboxilesterasa de la secuencia ID-Nº 9, al menos un adsorbente tal como un mineral arcilloso, así como un soporte inerte.
5. Uso de un aditivo según una de las reivindicaciones 1 a 4, caracterizado por que el aditivo se emplea en un medio independiente de oxígeno en la producción de bioetanol, junto con un mosto o bien un material de partida vegetal.
6. Uso de un aditivo según una de las reivindicaciones 1 a 4, caracterizado por que el aditivo se emplea en una materia prima vegetal a fermentar o bien en un mosto para la producción de bioetanol.

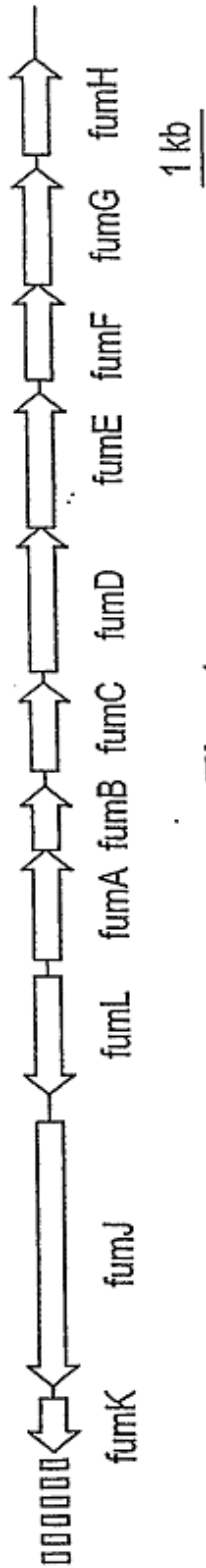


Fig. 1

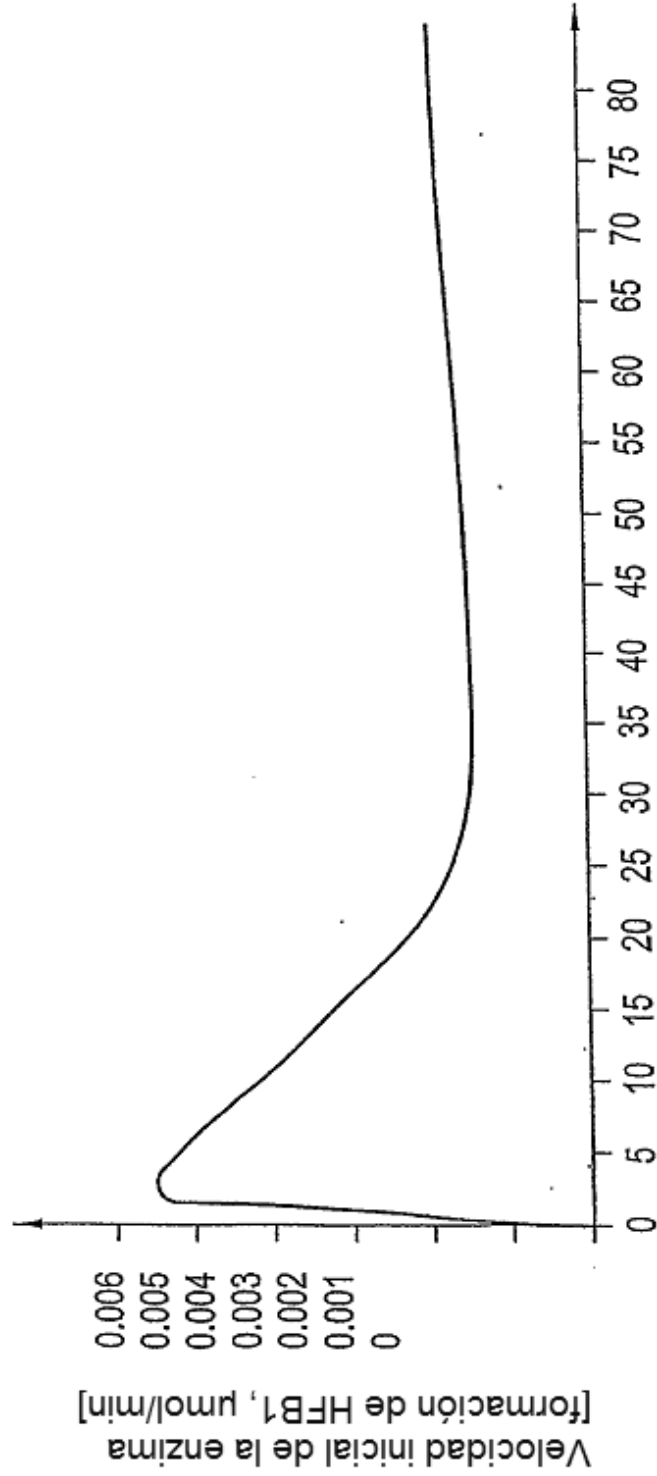


Fig. 2 Concentración de sustrato [FB1, μmol/l]

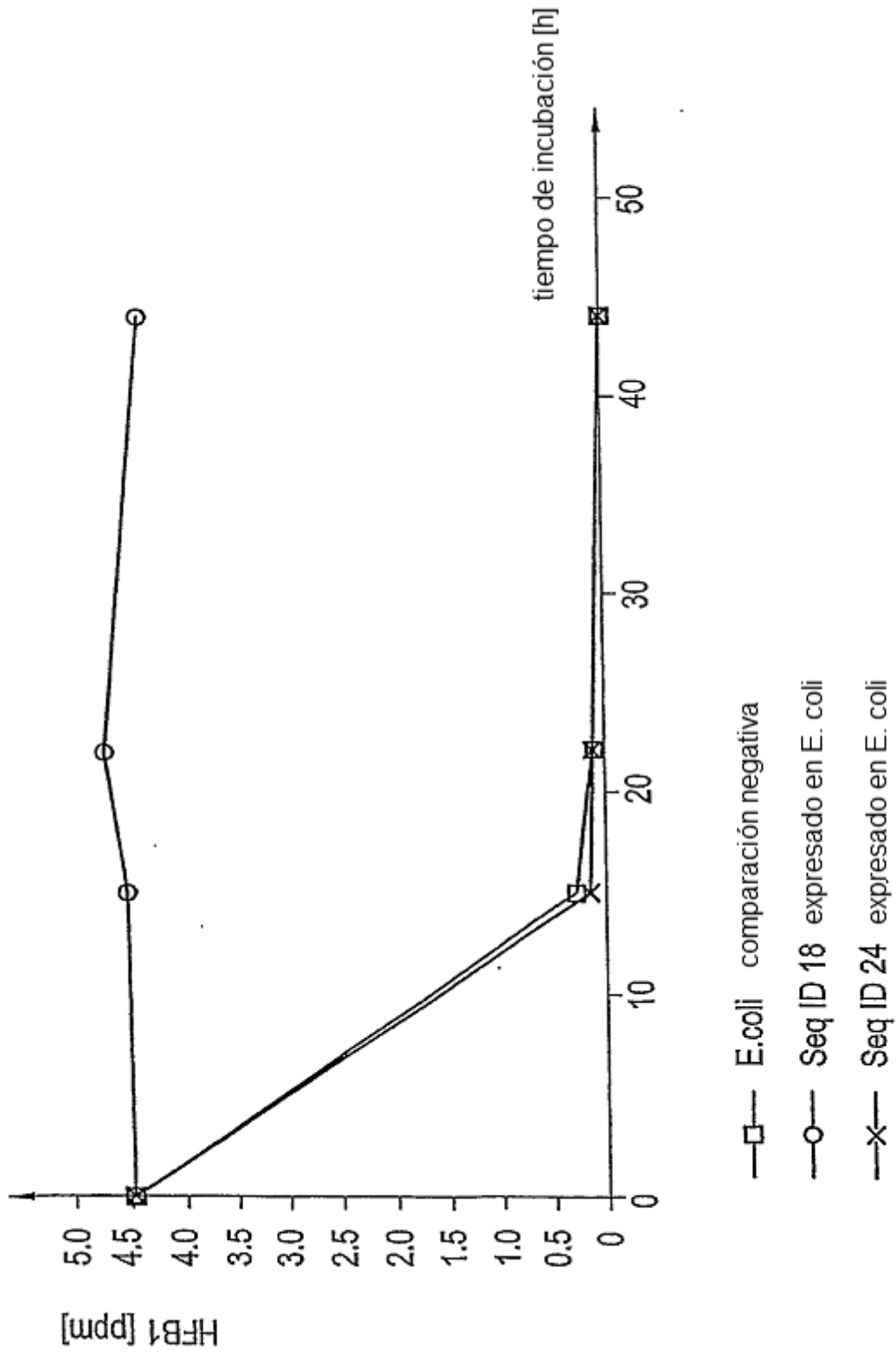


Fig. 3

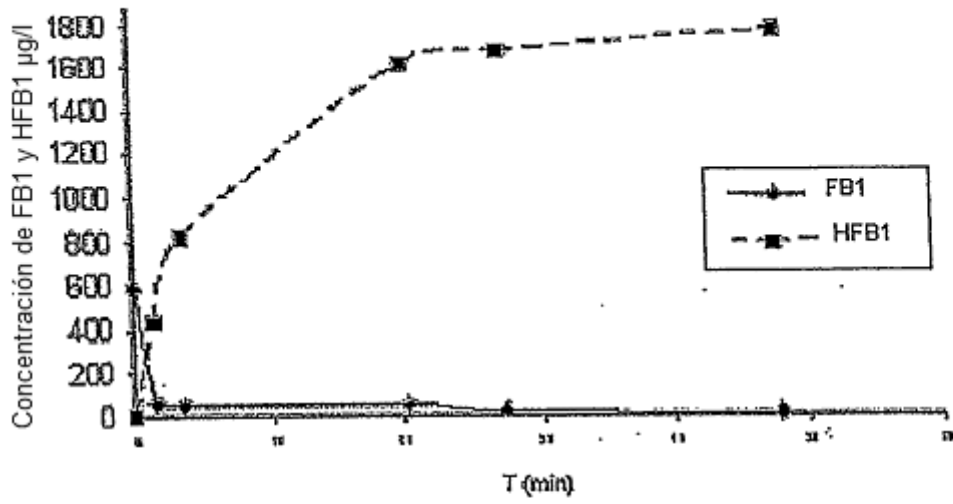


Fig. 4

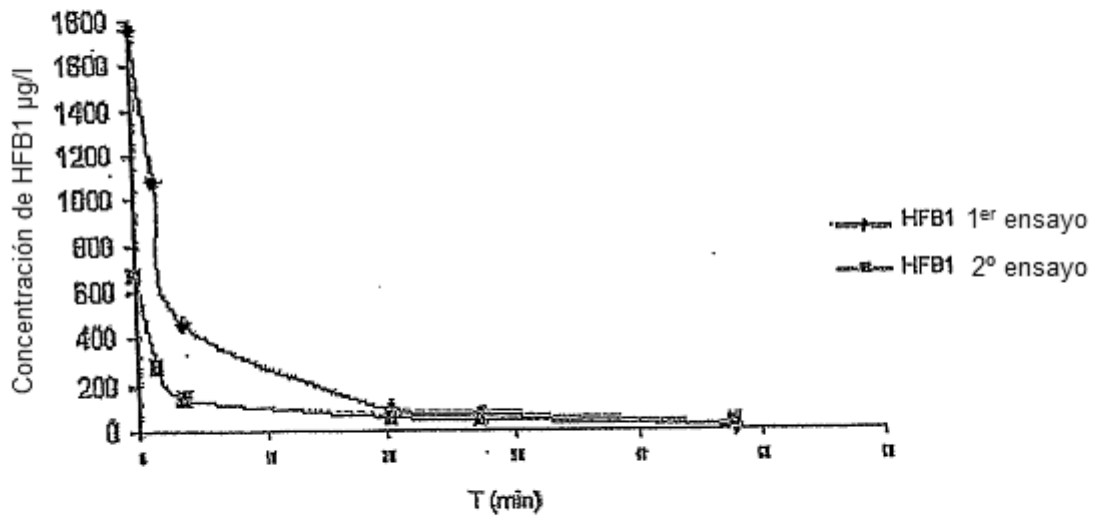


Fig. 5