(19) OFICINA ESPAÑOLA DE PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA

(11) Número de publicación: **2 621 921**

(51) Int. CI.:

C12N 9/30 (2006.01)
C12N 9/28 (2006.01)
C12N 9/34 (2006.01)
C12N 9/24 (2006.01)
C12P 7/06 (2006.01)
C12N 15/62 (2006.01)
C12P 19/14 (2006.01)
C12N 15/56 (2006.01)
C12P 19/02 (2006.01)

(12) TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA T3

(96) Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **22.12.2005 E 11162460 (7)**

(97) Fecha y número de publicación de la concesión europea: **01.03.2017 EP 2365068**

(54) Título: **Enzimas para tratamiento de almidón**

(30) Prioridad:

22.12.2004 US 638614 P
07.02.2005 US 650612 P

(45) Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:
05.07.2017

(73) Titular/es:

NOVOZYMES A/S (50.0%)
Krogshøjvej 36
2880 Bagsvaerd, DK y
NOVOZYMES NORTH AMERICA, INC. (50.0%)

(72) Inventor/es:

FUKUYAMA, SHIRO;
MATSUI, TOMOKO;
SOON, CHEE-LEONG;
ALLAIN, ERIC;
VIKSOE-NIELSEN, ANDERS;
LIU, YE;
DUAN, JUNXIN;
WU, WENPING;
ANDERSEN, LENE NONBOE y
UDAGAWA, HIROAKI

(74) Agente/Representante:

TOMAS GIL, Tesifonte Enrique

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

Enzimas para tratamiento de almidón

Referencia cruzada a listado de secuencias y microorganismos depositados

[0001] La presente aplicación contiene información en forma de un listado de secuencias, que está anexo a la solicitud y también presentada en un soporte de datos que acompaña a esta solicitud. Además, la presente solicitud se refiere a microorganismos depositados.

Campo de la invención

[0002] La presente invención se refiere a polipéptidos que comprenden un módulo de unión a carbohidratos ("CBM") y un dominio catalítico de alfa-amilasa. Además, la invención se refiere a polipéptidos de alfa-amilasas de tipo salvaje que comprenden dominios catalíticos de alfa-amilasa útiles y/o CBMs al igual que a las secuencias de dominio catalítico y/o secuencias CBM. La invención también se refiere al uso de tales polipéptidos en un proceso de licuefacción de almidón donde el almidón se degrada en fragmentos de oligo y/o polisacáridos menores.

Antecedentes de la invención

[0003] Un gran número de enzimas y procesos se han descrito para convertir el almidón en hidrolizados de almidón, tal como maltosa, glucosa o jarabes de especialidad, bien para uso como edulcorantes o como precursores para otros sacáridos tales como fructosa. La glucosa también se puede fermentar a etanol u otros productos de fermentación, tal como ácido cítrico, glutamato monosódico, ácido glucónico, gluconato de sodio, gluconato de calcio, gluconato de potasio, glucono beta lactona, o eritorbato de sodio, ácido itacónico, ácido láctico, ácido glucónico; cetonas; aminoácidos, ácido glutámico (monoglutaminato de sodio), penicilina, tetraciclina; enzimas; vitaminas, tales como riboflavina, B12, beta-caroteno u hormonas.

[0004] Almidón es un polímero de peso molecular alto consistente en cadenas de unidades de glucosa. Normalmente consiste en aproximadamente el 80% de amilopectina y 20% de amilosa. La amilopectina es un polisacárido ramificado donde las cadenas lineales de residuos de D-glucosa en alfa-1,4 se unen por enlaces glucosídicos alfa-1,6.

[0005] La amilosa es un polisacárido lineal constituido de unidades de D-glucopiranosa enlazadas entre sí por enlaces glucosídicos alfa-1,4. En el caso de convertir el almidón en un hidrolizado de almidón soluble, el almidón es despolimerizado. El proceso de despolimerización convencional consiste en un paso de gelatinización y dos pasos del proceso consecutivo, es decir un proceso de licuefacción y un proceso de sacarificación.

[0006] El almidón granulado consiste en gránulos microscópicos, que son insolubles en agua a temperatura ambiente. Cuando un lodo de almidón acuoso se calienta, los gránulos se hinchan y finalmente estallan, dispersando las moléculas de almidón en la solución. Durante este proceso de "gelatinización" hay un aumento espectacular en la viscosidad. Como el nivel de sólidos es 30-40% en un proceso industrial típico, el almidón tiene que ser diluido o "licuado" de modo que pueda ser manipulado. Esta reducción en la viscosidad es hoy obtenida en su mayoría por degradación enzimática. Durante el paso de licuefacción, el almidón de cadena larga se degrada en unidades ramificadas menores y lineales (maltodextrinas) por una alfa-amilasa. El proceso de licuefacción es típicamente realizado a alrededor de 105-110°C durante aproximadamente 5 a 10 minutos seguidos de aproximadamente 1-2 horas a alrededor de 95°C. La temperatura es luego bajada a 60°C, una glucoamilasa (también conocida como GA o AMG) o una beta-amilasa y opcionalmente una enzima desramificante, tal como una isoamilasa o una pululanasa son agregadas, y el proceso de sacarificación procede durante aproximadamente 24 a 72 horas.

[0007] Será aparente de la discusión anterior que el proceso de conversión de almidón convencional consume mucha energía debido a los requisitos diferentes en cuanto a temperatura durante los varios pasos. Es así deseable poder seleccionar y/o diseñar las enzimas usadas en el proceso de modo que el proceso total se puede realizar sin tener que gelatinizar el almidón. Tales procesos de "almidón crudo" son las patentes de EEUU Nos. 4,591,560, 4,727,026, y 4,009,074, patente EP nº 0171218 y solicitud de patente danesa PA 2003 00949. La presente invención divulga polipéptidos diseñados para, entre otras cosas, tales procesos y que incluyen una secuencia de aminoácidos de un CBM y una secuencia de aminoácidos de una enzima degradante de almidón. Las enzimas híbridas son el objeto de la WO 9814601, WO0077165 y WO2005/003311. La WO98/16633 divulga una alfa-amilasa híbrida que comprende un núcleo catalítico de una alfa-amilasa de *Bacillus licheniformis* y un módulo de unión de carbohidrato de una endoglucanasa V de *Humicola insolens*. La enzima híbrida demostró tener propiedades mejoradas. La WO03/056002 describe cómo mejorar la termoestabilidad de alfa-amilasas por modificación química.
.

Resumen de la invención

[0008] El presente inventor ha descubierto sorprendentemente que añadiendo un módulo de unión a carbohidratos (CBM) a ciertas alfa-amilasas la actividad y especificidad se pueden alterar aumentando así la eficacia de varios procesos degradantes de almidón, por ejemplo, que comprenden degradación de almidón crudo, por ejemplo, almidón no gelatinizado y/o almidón gelatinizado. También cambiando un CBM por otro la actividad y especificidad pueden ser alteradas.

[0009] Tales híbridos consistentes en un polipéptido con actividad de alfa-amilasa y un módulo de unión de carbohidrato, principalmente teniendo afinidad para almidón, tienen la ventaja sobre alfa-amilasas existentes que por selección de un dominio catalítico con propiedades deseadas por ejemplo, el perfil de pH, el perfil de temperatura, la resistencia a la oxidación, la estabilidad de calcio, la afinidad de sustrato o el perfil de producto se puede combinar con un módulo de unión de carbohidrato con afinidades de enlace más fuertes o más débiles, por ejemplo, afinidades específicas para amilosa, afinidades específicas para amilopectina o afinidades para estructura específica en el carbohidrato. Así la invención se refiere a híbridos con propiedades alteradas relativamente a la alfa-amilasa sin el CBM y/o con respecto a amilasas del estado de la técnica, tal como teniendo estabilidad aumentada y/o actividad a bajo pH, por ejemplo, a pH por debajo de 4, tal como a 3.5, actividad aumentada hacia almidón granulado, y/o degradación aumentada de almidón granulado a bajo pH incluso en ausencia de glucoamilasa o a niveles de glucoamilasa baja, y/o con perfil de producto alterado.

[0010] Debido a la actividad de hidrólisis superior de este polipéptido el proceso de conversión de almidón total se puede realizar sin tener que gelatinizar el almidón, es decir, los polipéptidos hidrolizan almidón granulado en un proceso de almidón crudo al igual que almidón completamente o parcialmente gelatinizado en un proceso de almidón tradicional. Por consiguiente la invención proporciona en un primer aspecto un polipéptido híbrido que comprende una primera secuencia de aminoácidos que comprende un módulo catalítico con actividad de alfa-amilasa y una segunda secuencia de aminoácidos que comprende un módulo de unión a carbohidratos, donde dicha primera secuencia de aminoácidos tiene al menos 75% de identidad con la SEC ID nº: 24 y donde dicha segunda secuencia de aminoácidos tiene al menos 75% de identidad con una secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID nº: 52, SEQ ID nº: 76, SEQ ID nº: 78, SEQ ID nº: 80, SEQ ID nº: 82, SEQ ID nº: 84, SEQ ID nº: 86, SEQ ID nº: 88, SEQ ID nº: 90, SEQ ID nº: 92, SEQ ID nº: 94, SEQ ID nº: 96, SEQ ID nº: 98, SEQ ID nº: 109, SEQ ID nº: 137, SEQ ID nº: 139, SEQ ID nº: 141 y SEQ ID nº: 143.

[0011] En otros aspectos la invención proporciona usos del polipéptido del primer aspecto para sacarificación, en un proceso que comprende fermentación, en un proceso de conversión de almidón, en un proceso para producir etanol.

[0012] En otro aspecto la invención proporciona una composición que comprende el polipéptido aislado del primer aspecto.

[0013] En otro aspecto la invención proporciona un proceso para sacarificar almidón, donde un almidón se trata con el polipéptido del primer aspecto.

[0014] En otro aspecto la invención proporciona un proceso que comprende; a) contactar un almidón con un polipéptido que comprende un módulo catalítico con actividad de alfa-amilasa y un módulo de unión de carbohidrato, es decir, el polipéptido del primer, segundo y tercer aspecto; b) incubar dicho almidón con dicho polipéptido; c) fermentar para producir un producto de fermentación, d) opcionalmente recuperar el producto de fermentación, donde una enzima con actividad de glucoamilasa está bien ausente o presente en una cantidad inferior a 0,5 AGU/g DS, de forma más preferible no más de o incluso menos de 0,4 AGU/g DS, incluso de forma más preferible no más de o incluso menos de 0,3 AGU/g DS, y de la forma más preferible no más de o incluso menos de 0,1 AGU, tal como no más de o incluso menos de 0,05 AGU/g DS de sustrato de almidón y donde los pasos a, b, c, y/o d se pueden realizar separadamente o simultáneamente.

[0015] En otro aspecto la invención proporciona un proceso de producción de etanol a partir de material que contiene almidón por fermentación, dicho proceso comprende: (i) licuar dicho material que contiene almidón con un polipéptido que comprende un módulo catalítico de la invención y un módulo de unión de carbohidrato de la invención, es decir, el polipéptido del primer y segundo aspecto; (ii) sacarificar la trituración licuada obtenida; (iii) fermentar el material obtenido en el paso (ii) en presencia de un organismo fermentador y opcionalmente comprendiendo la recuperación del etanol.

[0016] En otros aspectos la invención proporciona un ADN representado por una secuencia que codifica un polipéptido según el primer aspecto y un constructo de ADN que comprende dicha secuencia de ADN.

Descripción detallada de la invención

[0017] El término "almidón granular" se entiende como almidón crudo sin cocer, es decir, almidón que no ha sido sometido a una gelatinización. El almidón se forma en plantas como pequeños gránulos insolubles en agua.

Estos gránulos se conservan en almidones a temperaturas inferiores a la temperatura de gelatinización inicial. Cuando se ponen en agua fría, los granos pueden absorber una pequeña cantidad del líquido. Hasta 50°C a 70°C la inflamación es reversible, el grado de reversibilidad dependiendo del almidón particular. Con temperaturas más altas una inflamación irreversible llamada gelatinización empieza.

[0018] El término "temperatura de gelatinización inicial" se entiende como la temperatura mínima en la que comienza la gelatinización del almidón. El almidón calentado en agua empieza a gelatinizar entre 50°C y 75ºC; la temperatura exacta de gelatinización depende del almidón específico y puede ser determinada rápidamente por el experto en la materia. Así, la temperatura de gelatinización inicial puede variar dependiendo de la especie de la planta, de la variedad particular de las especies de la planta al igual que con las condiciones de crecimiento. En el contexto de esta invención la temperatura de gelatinización inicial de un almidón dado es la temperatura en la que la birrefringencia se pierde en el 5% de los gránulos de almidón que utilizan el método descrito por Gorinstein. S. y Lii. C., Starch/Starke, Vol. 44 (12) págs. 461-466 (1992).

[0019] El término "hidrolizado de almidón soluble" se entiende como los productos solubles de los procesos de la invención y pueden comprender mono-, di-, y oligosacáridos, tales como glucosa, maltosa, maltodextrinas, ciclodextrinas y cualquier mezcla de estas. Preferiblemente al menos 90%, al menos 91%, al menos 92%, al menos 93%, al menos 94%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97% o al menos 98% de los sólidos secos del almidón granulado se convierten en un hidrolizado de almidón soluble.

[0020] El término "homología" de polipéptidos se entiende como el grado de identidad entre dos secuencias que indican una derivación de la primera secuencia de la segunda. La homología puede ser determinada adecuadamente mediante programas informáticos conocidos en la técnica tales como GAP proporcionado en el paquete de programa GCG (Program Manual for the Wisconsin Package, Version 8, August 1994, Genetics Computer Group, 575 Science Drive, Madison, Wisconsin, USA 53711) (Needleman, S.B. and Wunsch, C.D., (1970), Journal of Molecular Biology, 48, 443-453. Los siguientes ajustes para comparación de secuencias de aminoácidos son usados: penalización por creación de espacio de 3.0 y penalización por extensión de espacio de 0.1. La parte pertinente de la secuencia de aminoácidos para la determinación de la homología es el polipéptido maduro, es decir, sin el péptido señal.

[0021] Las condiciones experimentales adecuadas para determinar la hibridación a astringencia baja, media o alta entre una sonda de nucleótidos y una secuencia de ADN o ARN homóloga implica prerremojar el filtro con los fragmentos de ADN o ARN por hibridar en 5 x SSC (cloruro de sodio/citrato de sodio, Sambrook et al. 1989) durante 10 min, y prehibridación del filtro en una solución de 5 x SSC, 5 x solución de Denhardt (Sambrook et al. 1989), 0.5% SDS y 100 microgramos/ml de ADN de esperma del salmón desnaturalizado y sometido a un baño de ultrasonidos desnaturalizado (Sambrook et al. 1989), seguido de hibridación en la misma solución con una concentración de 10ng/ml de un cebado de forma aleatoria (Feinberg, A. P. y Vogelstein, B. (1983) anal. Biochem. 132:6-13), sonda marcado en 32P-dCTP (actividad específica > 1 x 109 CPM/microgramo) durante 12 horas en alrededor de 45°C. El filtro es luego lavado dos veces durante 30 minutos en 2 x SSC, 0.5% SDS a alrededor de 55°C (astringencia baja), de forma más preferible a alrededor de 60°C (astringencia media), todavía de forma más preferible a alrededor de 65°C (astringencia media/alta), incluso de forma más preferible a alrededor de 70°C (astringencia alta), e incluso de forma más preferible a alrededor de 75°C (astringencia muy alta).

[0022] Las moléculas a las que se hibrida la sonda de oligonucleótidos bajo estas condiciones son detectadas utilizando una película radiográfica.

Polipéptidos

[0023] El polipéptido de la divulgación puede ser una enzima híbrida o el polipéptido puede ser una enzima de tipo salvaje que ya comprende un módulo catalítico con actividad de alfa-amilasa y un módulo de unión a carbohidratos. El polipéptido de la divulgación también puede ser una variante de tal enzima de tipo salvaje. El híbrido se puede producir por fusión de una primera secuencia de ADN que codifica unas primeras secuencias de aminoácidos y una segunda secuencia de ADN que codifica una segunda secuencia de aminoácidos, o el híbrido se puede producir como un gen completamente sintético basado en el conocimiento de las secuencias de aminoácidos de CBMs adecuados, enlazadores y dominios catalíticos.

[0024] Los términos "enzima híbrida" o "polipéptido híbrido" se utilizan en este caso para caracterizar aquellos de los polipéptidos de la invención que comprenden una primera secuencia de aminoácidos que comprenden al menos un módulo catalítico con actividad de alfa-amilasa y una segunda secuencia de aminoácidos que comprende al menos un módulo de unión a carbohidratos donde el primero y el segundo son derivados de distintas fuentes. El término "fuente" siendo entendido como, por ejemplo, pero no limitado a una enzima progenitora, por ejemplo, una amilasa o glucoamilasa, u otra actividad catalítica que comprende un módulo catalítico adecuado y/o un CBM adecuado y/o un enlazador adecuado.

[0025] Los números de clasificación enzimática (números EC) están de acuerdo con las recomendaciones (1992)

del comité de nomenclatura de la unión internacional de bioquímica y biología Molecular, Academic Press Inc, 1992.

[0026] Los polipéptidos como se denominan en este caso incluyen especies que incluyen una secuencia de aminoácidos de una enzima de alfa-amilasa (EC 3.2.1.1) enlazada (es decir, unida de manera covalente) a una secuencia de aminoácidos que comprende un módulo de unión a carbohidratos (CBM).

[0027] Enzimas híbridas conteniendo CBM, al igual que descripciones detalladas de la preparación y purificación de las mismas, se conocen en la técnica [ver, por ejemplo, WO 90/00609, WO 94/24158 y WO 95/16782, al igual que Greenwood et al. Biotechnology and Bioengineering 44 (1994) pp. 1295-1305]. Estas pueden, por ejemplo, ser preparadas transfomando en una célula huésped un constructo de ADN que comprende al menos un fragmento de ADN que codifica el módulo de unión a carbohidratos ligado, con o sin un enlazador, a una secuencia de ADN que codifica el polipéptido de interés, y haciendo crecer la célula huésped transformada para expresar el gen fusionado. El CBM en un polipéptido de la invención se puede situar C-terminalmente, N-terminalmente o internamente en el polipéptido. En una forma de realización un polipéptido puede comprender más de un CBM, por ejemplo, dos CBM; uno situado C-terminalmente, el otro N-terminalmente o los dos CBM en serie posicionados C-terminalmente, N-terminalmente o internamente. No obstante, los polipéptidos con más de dos CBM son igualmente contemplados.

Alfa-amilasas de la divulgación

[0028] La divulgación se refiere a polipéptidos de alfa-amilasa útiles como donantes (amilasas progenitoras) de CBM, enlazadores y/o módulos catalíticos. El polipéptido de la divulgación puede ser una enzima alfa-amilasa de tipo salvaje (EC 3.2.1.1) o el polipéptido también puede ser una variante de tal enzima de tipo salvaje. Además el polipéptido de la divulgación puede ser un fragmento de tal enzima, por ejemplo, tal como un dominio catalítico, es decir, un fragmento con actividad de alfa-amilasa pero que está separado de un CBM si este está presente en la enzima tipo salvaje, o tal como un CBM, es decir, un fragmento con un módulo de unión al carbohidrato. También puede ser una enzima híbrida que comprende un fragmento de tal enzima de alfa-amilasa, por ejemplo, que comprende un dominio catalítico, un enlazador y/o un CBM derivado de una enzima de alfa-amilasa de la divulgación.

[0029] Además, el polipéptido de la divulgación puede ser un fragmento de tal enzima, por ejemplo, un fragmento que todavía comprende un dominio catalítico funcional al igual que un CBM si este está presente en la enzima de tipo salvaje, o, por ejemplo, un fragmento de una enzima tipo salvaje, esta enzima de tipo salvaje no comprende un CBM, y donde dicho fragmento comprende un dominio catalítico funcional.

[0030] Enzima de alfa-amilasa: la divulgación se refiere a polipéptidos nuevos que comprenden un módulo de unión a carbohidratos ("CBM") y que tienen actividad de alfa-amilasa. Tales polipéptidos se pueden derivar de cualquier organismo, son preferidos aquellos de origen fúngico o bacteriano.

[0031] Las alfa-amilasas de la divulgación incluyen alfa-amilasas obtenibles de unas especies dentro de un género seleccionado de la lista consistente *en Absidia, Acremonium, Coniochaeta, Coriolus, Cryptosporiopsis, Dichotomocladium, Dinemasporium, Diplodia, Fusarium, Gliocladium, Malbranchea, Meripilus, Necteria, Penicillium, Rhizomucor, Stereum, Streptomyces, Subulispora, Syncephalastrum, Thamindium, Thermoascus, Thermomyces, Trametes, Trichophaea* y *Valsaria*. La alfa-amilasa se puede derivar de cualquier género, especie o secuencia enumerados en la tabla 1.

[0032] Preferiblemente la alfa-amilasa es derivada de cualquier especie seleccionada del grupo consistente en *Thermomyces lanuginosus*; en particular un polipéptido con los aminoácidos 1-441 en SEC ID nº: 14, *Malbranchea sp*.; en particular un polipéptido con los aminoácidos 1-471 en SEC ID nº: 18, *Rhizomucor pusillus*; en particular un polipéptido con los aminoácidos 1-450 en SEC ID nº: 20, *Dichotomocladium hesseltinei*; en particular un polipéptido con los aminoácidos 1-445 en SEC ID nº: 22, *Stereum sp*.; en particular un polipéptido con los aminoácidos 1-498 en SEC ID nº: 26, *Trametes sp*.; en particular un polipéptido con los aminoácidos 18-513 en SEC ID nº: 28, *Coriolus consors*; en particular un polipéptido con los aminoácidos 1-507 en SEC ID nº: 30, *Dinemasporium sp.;* en particular un polipéptido con los aminoácidos 1-481 en SEC ID nº: 32,Cryptosporiopsis sp.; en particular un polipéptido con los aminoácidos 1-495 en SEC ID nº: 34, Diplodia sp.; en particular un polipéptido con los aminoácidos 1-477 en SEC ID nº: 38, *Gliocladium sp*.; en particular un polipéptido con los aminoácidos 1-449 en SEC ID nº: 42,Nectria sp.; en particular un polipéptido con los aminoácidos 1-442 en SEC ID nº: 115, *Fusarium sp*.; en particular un polipéptido con los aminoácidos 1-441 en SEC ID nº: 117, *Thermoascus auranticus*; en particular un polipéptido con los aminoácidos 1-477 en SEC ID nº: 125, *Thamindium elegans*; en particular un polipéptido con los aminoácidos 1-446 en SEC ID nº: 131, *Absidia cristata*; en particular un polipéptido con los aminoácidos 41-481 en SEC ID nº: 157, *Acremonium sp*.; en particular un polipéptido con los aminoácidos 22-626 en SEC ID nº: 159, *Coniochaeta sp*.; en particular un polipéptido con los aminoácidos 24-630 en SEC ID nº: 161, *Meripilus giganteus*; en particular un polipéptido con los aminoácidos 27-602 en SEC ID nº: 163, *Penicillium sp*.; en particular un polipéptido con los aminoácidos 21-643 en SEC ID nº: 165, *Streptomyces limosus*; en particular un polipéptido con los aminoácidos 29-566 en SEC

ID nº: 167, *Subulispora procurvata*; en particular un polipéptido con los aminoácidos 22-613 en SEC ID nº: 169, *Syncephalastrum racemosum*; en particular un polipéptido con los aminoácidos 21-463 en SEC ID nº: 171, *Trametes currugata* ; en particular un polipéptido con los aminoácidos 21-587 en SEC ID nº: 173, *Trichophaea saccata*; en particular un polipéptido con los aminoácidos 30-773 en SEC ID nº: 175, *Valsaria rubricosa*; en particular un polipéptido con los aminoácidos 22-586 en SEC ID nº: 177 y *Valsaria spartii*; en particular un polipéptido con los aminoácidos 20-582 en SEC ID nº: 179.

[0033] Según la divulgación, también son preferidas las secuencias de aminoácidos de alfa-amilasa con al menos 60%, al menos 65%, al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90%, al menos 95%, o incluso al menos 98% de homología al péptido maduro de cualquiera de los polipéptidos anteriormente mencionados. En otra forma de realización preferida la secuencia de aminoácidos de alfa-amilasa tiene una secuencia de aminoácidos que difiere de cualquiera de las secuencias de aminoácidos anteriormente mencionadas en no más de 10 posiciones, no más de 9 posiciones, no más de 8 posiciones, no más de 7 posiciones, no más de 6 posiciones, no más de 5 posiciones, no más de 4 posiciones, no más de 3 posiciones, no más de 2 posiciones, o incluso no más de 1 posición.

[0034] Según la divulgación, también son preferidas las secuencias de aminoácidos de alfa-amilasa codificadas por una secuencia de ADN con al menos 50%, al menos 60%, al menos 65%, al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90%, al menos 95%, o incluso al menos 98% homología a cualquier secuencia seleccionada del grupo consistente en los polinucleótidos mostrados como SEC ID nº: 1, SEC ID nº: 3, SEC ID nº: 5, SEC ID nº: 7, SEC ID nº: 9, SEC ID nº: 11, SEC ID nº: 13, SEC ID nº: 15, SEC ID nº: 17, SEC ID nº: 19, SEC ID nº: 21, SEC ID nº: 23, SEC ID nº: 25, SEC ID nº: 27, SEC ID nº: 29, SEC ID nº: 31, SEC ID nº: 33, SEC ID nº: 35, SEC ID nº: 37, SEC ID nº: 39, SEC ID nº: 41, SEC ID nº: 43, SEC ID nº: 110, SEC ID nº: 112, SEC ID nº: 114, SEC ID nº: 116, SEC ID nº: 118, SEC ID nº: 120, SEC ID nº: 122, SEC ID nº: 124, SEC ID nº: 126, SEC ID nº: 128, SEC ID nº: 130, SEC ID nº: 132, SEC ID nº: 134, SEC ID nº: 154 y SEC ID nº: 156. SEC ID nº: 13, SEC ID nº: 17, SEC ID nº: 19, SEC ID nº: 21, SEC ID nº: 25, SEC ID nº: 27, SEC ID nº: 29, SEC ID nº: 31, SEC ID nº: 33, SEC ID nº: 37, SEC ID nº: 41, SEC ID nº: 114, SEC ID nº: 116, SEC ID nº: 124, SEC ID nº: 130, SEC ID nº: 156, SEC ID nº: 158, SEC ID nº: 160, SEC ID nº: 162, SEC ID nº: 164, SEC ID nº: 166, SEC ID nº: 168, SEC ID nº: 170, SEC ID nº: 172, SEC ID nº: 174, SEC ID nº: 176 y SEC ID nº: 178. Es más preferible cualquier secuencia de aminoácidos de alfa-amilasa codificada por una secuencia de ADN que se hibrida bajo astringencia baja, media, media/alta, astringencia alta y/o muy alta para cualquiera de las secuencias de ADN de alfa-amilasas anteriormente mencionadas. También preferidas son las secuencias de ADN que codifican una secuencia de aminoácidos de alfa-amilasa y que tienen al menos 50%, al menos 60%, al menos 65%, al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90%, al menos 95%, al menos 99%, o incluso 100% de homología a cualquiera de las secuencias de ADN de alfa-amilasa anteriormente mencionadas.

[0035] Dominios catalíticos de alfa-amilasa: en una forma de realización la divulgación se refiere a dominios catalíticos derivados de polipéptidos que comprenden un módulo de unión a carbohidratos ("CBM") y que tienen una actividad de alfa-amilasa, tales como dominios catalíticos derivados de un polipéptido seleccionado de las alfa-amilasas mostradas en SEC ID nº: 14, SEC ID nº: 18, SEC ID nº: 20, SEC ID nº: 22, SEC ID nº: 26, SEC ID nº: 28, SEC ID nº: 30, SEC ID nº: 32, SEC ID nº: 34, SEC ID nº: 38, SEC ID nº: 42, SEC ID nº: 115, SEC ID nº: 117, SEC ID nº: 125, SEC ID nº: 131, SEC ID nº: 157, SEC ID nº: 159, SEC ID nº: 161, SEC ID nº: 163, SEC ID nº: 165, SEC ID nº: 167, SEC ID nº: 169, SEC ID nº: 171, SEC ID nº: 173, SEC ID nº: 175, SEC ID nº: 177 y SEC ID nº: 179. Preferidos son los dominios catalíticos mostrados en los aminoácidos 1-441 en SEC ID nº: 14, los aminoácidos 1-471 en SEC ID nº: 18, los aminoácidos 1-450 en SEC ID nº: 20, los aminoácidos 1- 445 en SEC ID nº: 22, los aminoácidos 1-498 en SEC ID nº: 26, los aminoácidos 18-513 en SEC ID nº: 28, los aminoácidos 1-507 en SEC ID nº: 30, los aminoácidos 1-481 en SEC ID nº: 32, los aminoácidos 1-495 en SEC ID nº: 34, los aminoácidos 1-477 en SEC ID nº: 38, los aminoácidos 1- 449 en SEC ID nº: 42, los aminoácidos 1-442 en SEC ID nº: 115, los aminoácidos 1-441 en SEC ID nº: 117, los aminoácidos 1-477 en SEC ID nº: 125, los aminoácidos 1-446 en SEC ID nº: 131, los aminoácidos 41-481 en SEC ID nº: 157, los aminoácidos 22-502 en SEC ID nº: 159, los aminoácidos 24-499 en SEC ID nº: 161, los aminoácidos 27-492 en SEC ID nº: 163, los aminoácidos 21-496 en SEC ID nº: 165, los aminoácidos 29-501 en SEC ID nº: 167, los aminoácidos 22-487 en SEC ID nº: 169, los aminoácidos 21-463 en SEC ID nº: 171, los aminoácidos 21-477 en SEC ID nº: 173, los aminoácidos 288-773 en SEC ID nº: 175, los aminoácidos 22-471 en SEC ID nº: 177 y los aminoácidos 20-470 en SEC ID nº: 179. También preferidas son las secuencias de dominio catalítico con al menos 60%, al menos 65%, al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90% o incluso al menos 95% de homología a cualquiera de las secuencias de dominio catalítico anteriormente mencionadas. En otra forma de realización preferida de la divulgación, la secuencia de dominio catalítico tiene una secuencia de aminoácidos que difiere de cualquiera de las secuencias de dominio catalítico anteriormente mencionadas en no más de 10 posiciones, no más de 9 posiciones, no más de 8 posiciones, no más de 7 posiciones, no más de 6 posiciones, no más de 5 posiciones, no más de 4 posiciones, no más de 3 posiciones, no más de 2 posiciones, o incluso no más de 1 posición.

[0036] También preferidas son las secuencia de aminoácidos de dominio catalítico codificadas por una secuencia de ADN con al menos 50%, al menos 60%, al menos 65%, al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90% o incluso al menos 95% de homología a cualquier secuencia seleccionada del grupo consistente en los polinucleótidos mostrados como los nucleótidos 1-1326 en SEC ID nº: 13, nucleótidos 1- 1413

en SEC ID nº: 17, nucleótidos 1-1350 en SEC ID nº: 19, nucleótidos 1-1338 en SEC ID nº: 21, nucleótidos 1-1494 en SEC ID nº: 25, nucleótidos 52-1539 en SEC ID nº: 27, nucleótidos 1-1521 en SEC ID nº: 29, nucleótidos 1-1443 en SEC ID nº: 31, nucleótidos 1-1485 en SEC ID nº: 33, nucleótidos 1-1431 en SEC ID nº: 37, nucleótidos 1-1347 en SEC ID nº: 41, nucleótidos 1-1326 en SEC ID nº: 114, nucleótidos 1-1323 en SEC ID nº: 116, nucleótidos 1-1431 en SEC ID nº: 124, nucleótidos 1-1338 en SEC ID nº: 130, nucleótidos 121-1443 en SEC ID nº: 156, nucleótidos 64- 1506 en SEC ID nº: 158, nucleótidos 70-1497 en SEC ID nº: 160, nucleótidos 79-1476 en SEC ID nº: 162, nucleótidos 61-1488 en SEC ID nº: 164, nucleótidos 85-1503 en SEC ID nº: 166, nucleótidos 64-1461 en SEC ID nº: 168, nucleótidos 61-1389 en SEC ID nº: 170, nucleótidos 61- 1431 en SEC ID nº: 172, nucleótidos 862-2322 en SEC ID nº: 174, nucleótidos 64-1413 en SEC ID nº: 176 y nucleótidos 58-1410 en SEC ID nº: 178.

Es mayormente preferible cualquier secuencia de aminoácidos de dominio catalítico codificada por una secuencia de ADN que se hibrida bajo astringencia baja, media, media/alta, alta y/o muy alta para cualquiera de las secuencias de ADN anteriormente mencionadas. También preferidas son las secuencias de ADN que codifican una secuencia de aminoácidos de dominio catalítico y que tiene al menos 50%, al menos 60%, al menos 65%, al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90%, al menos 95%, al menos 99%, o incluso 100% de homología a cualquiera de las secuencias de ADN del dominio catalítico anteriormente mencionado.

[0037] Secuencias enlazadoras: en una forma de realización la divulgación se refiere a secuencias enlazadoras derivadas de polipéptidos que comprenden un módulo de unión a carbohidratos ("CBM") y que tienen actividad de alfa-amilasa. Preferidas son unas secuencias de aminoácidos enlazadoras seleccionadas del grupo consistente en los mostrados como aminoácidos 503-528 en SEC ID nº: 159, aminoácidos 500-532 en SEC ID nº: 161, aminoácidos 493-507 en SEC ID nº: 163, aminoácidos 497-539 en SEC ID nº: 165, aminoácidos 488-512 en SEC ID nº: 169 en 478-491 en SEC ID nº: 173, aminoácidos 472-486 en SEC ID nº: 177 y aminoácidos 471-481 en SEC ID nº: 179. También preferidas son secuencias de aminoácidos enlazadoras con al menos 60%, al menos 65%, al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90% o incluso al menos 95% de homología a cualquiera de las secuencias enlazadoras anteriormente mencionadas. En otra forma de realización preferida de la divulgación, la secuencia enlazadora tiene una secuencia de aminoácidos que difiere de cualquiera de las secuencias enlazadoras anteriormente mencionadas en no más de 10 posiciones, no más de 9 posiciones, no más de 8 posiciones, no más de 7 posiciones, no más de 6 posiciones, no más de 5 posiciones, no más de 4 posiciones, no más de 3 posiciones, no más de 2 posiciones, o incluso no más de 1 posición.

[0038] Módulos de enlace de carbohidratos: en una forma de realización la divulgación se refiere a CBMs derivados de polipéptidos que comprenden un módulo de unión a carbohidratos ("CBM") y que tienen actividad alfa-amilasa, dicho CBM derivado de un polipéptido seleccionado de las alfa-amilasas mostradas en SEC ID nº: 14, SEC ID nº: 18, SEC ID nº: 20, SEC ID nº: 22, SEC ID nº: 26, SEC ID nº: 28, SEC ID nº: 30, SEC ID nº: 32, SEC ID nº: 34, SEC ID nº: 38, SEC ID nº: 42, SEC ID nº: 115, SEC ID nº: 117, SEC ID nº: 125, SEC ID nº: 131, SEC ID nº: 157, SEC ID nº: 159, SEC ID nº: 161, SEC ID nº: 163, SEC ID nº: 165, SEC ID nº: 167, SEC ID nº: 169, SEC ID nº: 171, SEC ID nº: 173, SEC ID nº: 175, SEC ID nº: 177 y SEC ID nº: 179. Preferida es una secuencia de aminoácidos de CBM seleccionada del grupo que consiste en la secuencia con los aminoácidos 529-626 en SEC ID nº: 159, los aminoácidos 533-630 en SEC ID nº: 161, los aminoácidos 508-602 en SEC ID nº: 163, los aminoácidos 540-643 en SEC ID nº: 165, los aminoácidos 502-566 en SEC ID nº: 167, los aminoácidos 513-613 en SEC ID nº: 169, los aminoácidos 492-587 en SEC ID nº: 173, los aminoácidos 30-287 en SEC ID nº: 175, los aminoácidos 487-586 en SEC ID nº: 177 y los aminoácidos 482-582 en SEC ID nº: 179. También preferidas son las secuencias de aminoácidos de CBM con al menos 60%, al menos 65%, al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90% o incluso al menos 95% de homología a cualquiera de las anteriormente mencionadas secuencias de aminoácidos de CBM. En otra forma de realización preferida de la divulgación, la secuencia de CBM tiene una secuencia de aminoácidos que difiere de cualquiera de las anteriormente mencionadas secuencias de CBM en no más de 10 posiciones, no más de 9 posiciones, no más de 8 posiciones, no más de 7 posiciones, no más de 6 posiciones, no más de 5 posiciones, no más de 4 posiciones, no más de 3 posiciones, no más de 2 posiciones, o incluso no más de 1 posición.

[0039] También preferida es una secuencia de aminoácidos de CBM codificada por una secuencia de ADN con al menos 50%, al menos 60%, al menos 65%, al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90% o incluso al menos 95% de homología a cualquier secuencia seleccionada del grupo consistente en los polinucleótidos mostrados como nucleótidos 1585-1878 en SEC ID nº: 158, nucleótidos 1597-1890 en SEC ID nº: 160, nucleótidos 1522-1806 en SEC ID nº: 162, nucleótidos 1618-1929 en SEC ID nº: 164, nucleótidos 1504-1701 en SEC ID nº: 166, nucleótidos 1537-1842 en SEC ID nº: 168, nucleótidos 1474-1764 en SEC ID nº: 172, nucleótidos 61-861 en SEC ID nº: 174, nucleótidos 1459-1761 en SEC ID nº: 176 y nucleótidos 1444-1749 en SEC ID nº: 178. SEC ID nº: 1, SEC ID nº: 3, SEC ID Nº: 5, SEC ID nº: 7, SEC ID nº: 9, SEC ID nº: 11, SEC ID nº: 13, SEC ID nº: 15, SEC ID nº: 17, SEC ID nº: 19, SEC ID nº: 21, SEC ID nº: 23, SEC ID nº: 25, SEC ID nº: 27, SEC ID nº: 29, SEC ID nº: 31, SEC ID nº: 33, SEC ID nº: 35, SEC ID nº: 37, SEC ID nº: 39, SEC ID nº: 41, SEC ID nº: 43, SEC ID nº: 110, SEC ID nº: 112, SEC ID nº: 114, SEC ID nº: 116, SEC ID nº: 118, SEC ID nº: 120, SEC ID nº: 122, SEC ID nº: 124, SEC ID nº: 126, SEC ID nº: 128, SEC ID nº: 130, SEC ID nº: 132, SEC ID nº: 134, SEC ID nº: 154 y SEC ID nº: 156. Más preferida es cualquier secuencia de aminoácidos de CBM codificada por

una secuencia de ADN que se hibrida bajo astringencia baja, media, media/alta, alta y/o muy alta a la secuencia de ADN complementaria de cualquiera de las secuencias de ADN de CBM antes mencionadas. También preferidas son las secuencias de ADN que codifican una secuencia de aminoácidos de CBM y que tiene al menos 50%, al menos 60%, al menos 65%, al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90%, al menos 95%, al menos 99%, o incluso 100% de homología a cualquiera de las anteriormente mencionadas secuencias de ADN de CBM.

[0040] Las secuencias de ADN mostradas como nucleótidos 1504-1701 en SEC ID nº: 166 y nucleótidos 61-861 en SEC ID nº: 174 y las secuencias de aminoácidos codificadas comprenden además del CBD también una secuencia enlazadora.

Tabla 1

Alfa-amilasas usadas como dominio catalítico y donantes de CBM. Posiciones para dominio catalítico, secuencias enlazadoras y CBM.

Especies	**Cepa Nº**	**SEC ID nº**	**Péptido maduro**	**Dominio catalítico**	**Enlazador**	**CBM**	**Tipo**
Absidia cristata	NN047841	SEC ID nº: 156	121-1443	121-1443			ADN
Absidia cristata	NN047841	SEC ID nº: 157	41- 481	41- 481			Aa
Acremonium sp.	NN045509	SEC ID nº: 158	64- 1878	64- 1506	1507-1584	1585-1878	ADN
Acremonium sp.	NN045509	SEC ID nº: 159	22- 626	22- 502	503-528	529-626	Aa
Coniochaeta sp.	NN047603	SEC ID nº: 160	70- 1890	70- 1497	1498-1596	1597-1890	ADN
Coniochaeta sp.	NN047603	SEC ID nº: 161	24- 630	24- 499	500-532	533-630	Aa
Coriolus consors	NN048884	SEC ID nº: 29	1-1521	1-1521			ADN
Coriolus consors	NN048884	SEC ID nº: 30	1-507	1-507			Aa
Cryptosporiopsissp.	NN047117	SEC ID nº: 33	1-1485	1-1485			ADN
Cryptosporiopsissp.	NN047117	SEC ID nº: 34	1-495	1-495			Aa
Dichotomocladium hesseltinei	NN103100	SEC ID Nº: 21	1-1338	1-1338			ADN
Dichotomocladium hesseltinei	NN103100	SEC ID nº: 22	1-445	1-445			Aa
Dinemasporiumsp.	NN043050	SEC ID nº: 31	1-1443	1-1443			ADN
Dinemasporiumsp.	NN043050	SEC ID nº: 32	1-481	1-481			Aa
Diplodia sp.	NN047649	SEC ID nº: 37	1-1431	1-1431			ADN
Diplodia sp.	NN047649	SEC ID nº: 38	1-477	1-477			Aa
Fusarium sp.	NN046318	SEC ID nº: 116	1-1323	1-1323			ADN
Fusarium sp.	NN046318	SEC ID nº: 117	1-441	1-441			Aa
Gliocladium sp.	NN047683	SEC ID nº: 41	1-1347	1-1347			ADN
Gliocladium sp.	NN047683	SEC ID nº: 42	1-449	1-449			Aa
Malbranchea sp.	NN046840	SEC ID nº: 17	1-1413	1-1413			ADN
Malbranchea sp.	NN046840	SEC ID nº: 18	1-471	1-471			Aa
Meripilus giganteus	NN006040	SEC ID nº: 162	79- 1806	79- 1476	1477-1521	1522-1806	ADN

Meripilus giganteus	NN006040	SEC ID nº: 163	27- 602	27- 492	493-507	508-602	Aa
Nectria sp.	NN047728	SEC ID nº: 114	1-1326	1-1326			ADN
Nectria sp.	NN047728	SEC ID nº: 115	1-442	1-442			Aa
Penicillium sp.	NN050730	SEC ID nº: 164	61- 1929	61- 1488	1489-1617	1618-1929	ADN
Penicillium sp.	NN050730	SEC ID nº: 165	21- 643	21- 496	497-539	540-643	Aa
Rhizomucorpusillus	NN101459	SEC ID nº: 19	1-1350	1-1350			ADN
Rhizomucorpusillus	NN101459	SEC ID nº: 20	1-450	1-450			Aa
Stereum sp.	NN048875	SEC ID nº: 25	1-1494	1-1494			ADN
Stereum sp.	NN048875	SEC ID nº: 26	1-498	1-498			Aa
Streptomyces limosus	ATCC19778	SEC ID nº: 166	85- 1701	85- 1503		[1)]1504-1701	ADN
Streptomyces limosus	ATCC19778	SEC ID nº: 167	29- 566	29- 501		[1)]502-566	Aa
Subulispora procurvata	NN042875	SEC ID nº: 169	22- 613	22- 487	488-512	513-613	Aa
Subulispora provurvata	NN042875	SEC ID nº: 168	64- 1842	64- 1461	1462-1536	1537-1842	ADN
Syncephalastrum racemosum	NN047920	SEC ID nº: 170	61- 1389	61- 1389			ADN
Syncephalastrum racemosum	NN047920	SEC ID nº: 171	21- 463	21- 463			Aa
Thamindium elegans	NN050372	SEC ID nº: 130	1-1338	1-1338			ADN
Thamindium elegans	NN050372	SEC ID nº: 131	1-446	1-446			Aa
Thermoascus auranticus	NN047354	SEC ID nº: 124	1-1431	1-1431			ADN
Thermoascus auranticus	NN047354	SEC ID nº: 125	1-477	1-477			Aa
Thermomyces lanuginosus	NN044958	SEC ID nº: 13	1-1326	1-1326			ADN
Thermomyces lanuginosus	NN044958	SEC ID nº: 14	1-441	1-441			Aa
Trametes currugata	CGMCC5.61	SEC ID nº: 172	61- 1764	61- 1431	1432-1473	1474-1764	ADN
Trametes currugata	CGMCC5.61	SEC ID nº: 173	21- 587	21- 477	478-491	492-587	Aa
Trametes Sp.	NN048968	SEC ID nº: 27	52- 1539	52- 1539			ADN
Trametes Sp.	NN048968	SEC ID nº: 28	18- 513	18- 513			Aa
Trichophaea saccata	NN102806	SEC ID nº: 174	61- 2322	862-2322		[1)]61-861	ADN
Trichophaea saccata	NN102806	SEC ID nº: 175	30- 773	288-773		[1)]30-287	Aa
Valsaria rubricosa	NN046835	SEC ID nº: 176	64- 1761	64- 1413	1414-1458	1459-1761	ADN
Valsaria rubricosa	NN046835	SEC ID nº: 177	22- 586	22- 471	472-486	487-586	Aa
Valsaria spartii	NN050508	SEC ID nº: 178	58- 1749	58- 1410	1411-1443	1444-1749	ADN
Valsaria spartii	NN050508	SEC ID nº: 179	20- 582	20- 470	471-481	482-582	Aa
[1)] La secuencia comprende CBM y enlazador							

[0041] Los polipéptidos de alfa-amilasa se pueden aplicar en los procesos de degradación de almidón y/o usar como donantes de dominio catalítico y/o CBM para un polipéptido híbrido. Un polipéptido preferido de la divulgación, por ejemplo, un polipéptido híbrido, comprende una primera secuencia de los aminoácidos que comprende un módulo catalítico con actividad de alfa-amilasa y una segunda secuencia de aminoácidos que comprende un módulo de unión a carbohidratos, donde dicha segunda secuencia de aminoácidos tiene al menos 60%, al menos 70%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90%, tal como al menos 95% de homología a cualquier secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo consistente en los aminoácidos 529-626 en SEC ID nº: 159, los aminoácidos 533-630 en SEC ID nº: 161, los aminoácidos 508-602 en SEC ID nº: 163, los aminoácidos 540- 643 en SEC ID nº: 165, los aminoácidos 502-566 en SEC ID nº: 167, los aminoácidos 513-613 en SEC ID nº: 169, los aminoácidos 492-587 en SEC ID nº: 173, los aminoácidos 30-287 en SEC ID nº: 175, los aminoácidos 487-586 en SEC ID nº: 177 y los aminoácidos 482-582 en SEC ID nº: 179. Más preferidos son polipéptidos, por ejemplo, polipéptidos híbridos, donde dicha primera secuencia de aminoácidos tiene al menos 60%, al menos 70%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90%, tal como al menos 95% de homología a cualquier secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo consistente en aminoácidos 1-441 en SEC ID nº: 14, los aminoácidos 1-471 en SEC ID nº: 18, los aminoácidos 1-450 en SEC ID nº: 20, los aminoácidos 1-445 en SEC ID nº: 22, los aminoácidos 1-498 en SEC ID nº: 26, los aminoácidos 18-513 en SEC ID nº: 28, los aminoácidos 1-507 en SEC ID nº: 30, los aminoácidos 1-481 en SEC ID nº: 32, los aminoácidos 1-495 en SEC ID nº: 34, los aminoácidos 1-477 en SEC ID nº: 38, los aminoácidos 1-449 en SEC ID nº: 42, los aminoácidos 1-442 en SEC ID nº: 115, los aminoácidos 1-441 en SEC ID nº: 117, los aminoácidos 1-477 en SEC ID nº: 125, los aminoácidos 1-446 en SEC ID nº: 131, los aminoácidos 41-481 en SEC ID nº: 157, los aminoácidos 22-502 en SEC ID nº: 159, los aminoácidos 24-499 en SEC ID nº: 161, los aminoácidos 27-492 en SEC ID nº: 163, los aminoácidos 21-496 en SEC ID nº: 165, los aminoácidos 29-501 en SEC ID nº: 167, los aminoácidos 22-487 en SEC ID nº: 169, los aminoácidos 21-463 en SEC ID nº: 171, los aminoácidos 21-477 en SEC ID nº: 173, los aminoácidos 288-773 en SEC ID nº: 175, los aminoácidos 22-471 en SEC ID nº: 177 y los aminoácidos 20-470 en SEC ID nº: 179. También preferidos son los polipéptidos, por ejemplo, polipéptidos híbridos, donde una secuencia enlazadora está presente en una posición entre dicha primera y dicha segunda secuencia de aminoácidos, dicha secuencia enlazadora con al menos 60%, al menos 70%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90%, tal como al menos 95% de homología a cualquier secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo consistente en los aminoácidos 503-528 en SEC ID nº: 159, aminoácidos 500-532 en SEC ID nº: 161, aminoácidos 493-507 en SEC ID nº: 163, aminoácidos 497-539 en SEC ID nº: 165, aminoácidos 488-512 en SEC ID nº: 169 en 478-491 en SEC ID nº: 173, aminoácidos 472-486 en SEC ID nº: 177 y aminoácidos 471-481 en SEC ID nº: 179.

Secuencia de alfa-amilasa

[0042] Dominios catalíticos, es decir, dominios catalíticos de alfa-amilasa (en particular alfa-amilasas estables en ácido), que son apropiados para construcción de polipéptidos de los tipos de la presente divulgación se pueden derivar de cualquier organismo, preferidos son aquellos de origen fúngico o bacteriano.

[0043] Preferiblemente la alfa-amilasa es una enzima de tipo salvaje. De forma más preferible la alfa-amilasa es una alfa-amilasa variante que comprende modificaciones de aminoácidos conduciendo a actividad aumentada, estabilidad de proteína aumentada a bajo pH, y/o a pH alto, estabilidad aumentada hacia disminución de calcio, y/o estabilidad aumentada a temperatura elevada.

[0044] Alfa-amilasas pertinentes para usar en un híbrido de la divulgación incluyen alfa-amilasas obtenibles de unas especies seleccionadas de la lista consistente en *Absidia, Acremonium, Aspergillus, Coniochaeta, Coniochaeta, Cryptosporiopsis, Dichotomocladium, Dinemasporium sp., Diplodia, Fusarium, Gliocladium, Malbranchea, Meripilus Trametes, Nectria, Nectria, Penicillium, Phanerochaete, Rhizomucor, Rhizopus, Streptomyces, Subulispora, Syncephalastrum, Thaminidium, Thermoascus, Thermomyces, Trametes, Trichophaea* y *Valsaria*. El dominio catalítico de alfa-amilasas también se puede derivar de unas bacterias, por ejemplo, *Bacillus*.

[0045] Preferiblemente la secuencia de aminoácidos de alfa-amilasas seleccionada es derivada de *Meripilus giganteus*.

[0046] Preferiblemente el híbrido según la divulgación comprende una secuencia de aminoácidos de alfa-amilasa seleccionada del grupo consistente en los módulos catalíticos de alfa-amilasa enumerados en la tabla 1 o 2.

[0047] De la forma más preferible, el híbrido de la invención comprende una secuencia de aminoácidos de alfa-amilasa seleccionada de *Meripilus giganteus* (SEC ID nº: 24).

[0048] También preferidos para invención son híbridos que comprenden una secuencia de aminoácidos de alfa-amilasa con al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90% o incluso al menos 95% de homología a cualquier secuencia seleccionada de la SEC ID nº: 24.

[0049] En otra forma de realización preferida, la enzima híbrida tiene una secuencia de alfa-amilasa que difiere

de una secuencia de aminoácidos seleccionada de la SEC ID nº: 24 en no más de 10 posiciones, no más de 9 posiciones, no más de 8 posiciones, no más de 7 posiciones, no más de 6 posiciones, no más de 5 posiciones, no más de 4 posiciones, no más de 3 posiciones, no más de 2 posiciones, o incluso no más de 1 posición.

[0050] También preferidos son híbridos que comprenden una secuencia de aminoácidos de alfa-amilasas codificada por una secuencia de ADN con al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90% o incluso al menos 95% de homología a la secuencia seleccionada de la SEC ID nº: 23.

[0051] Más preferidos según la divulgación son híbridos que comprenden una alfa-amilasa codificada por una secuencia de ADN que se hibrida a astringencia baja, media, media/alta, alta y/o muy alta para cualquier secuencia de ADN seleccionada de la SEC ID nº: 23

Secuencia enlazadora

[0052] La secuencia enlazadora puede ser cualquier secuencia enlazadora adecuada, por ejemplo, una secuencia enlazadora derivada de una alfa-amilasa o una glucoamilasa. El enlazador puede ser un enlace, o un grupo de conexión corto que comprende de aproximadamente 2 a aproximadamente 100 átomos de carbono, en particular de 2 a 40 átomos de carbono. No obstante, el enlazador es preferiblemente una secuencia de aproximadamente 2 a aproximadamente 100 residuos de aminoácidos, más preferiblemente de 4 a 40 residuos de aminoácidos, tal como de 6 a 15 residuos de aminoácidos.

[0053] Preferiblemente los híbridos que comprenden una secuencia enlazadora derivados de cualquier especie seleccionada del grupo consistente en *Acremonium, Coniochaeta, Coniochaeta, Meripilus, Pachykytospora, Penicillium, Sublispora, Trametes, Trichophaea, Valsaria, Athelia, Aspergillus, Trametes* y *Leucopaxillus*. El enlazador también se puede derivar de una bacteria, por ejemplo, de una cepa comprendida en *Bacillus* sp. Más preferiblemente el enlazador es derivado de unas especies seleccionadas del grupo consistente en *Acremonium sp., Coniochaeta sp., Coniochaeta sp., Meripilus giganteus, Penicillium sp.,Sublispora provurvata, Trametes corrugata, Trichophaea saccata, Valsaria rubricosa, Valsario spartii, Aspergillus kawachii, Aspergillus niger, Athelia rolfsii, Leucopaxillus gigantus, Pachykytospora papairacea, Trametes cingulata* y *Bacillus flavothermus*.

[0054] Preferiblemente el híbrido comprende una secuencia de aminoácidos enlazadora seleccionada del grupo consistente en los enlaces enumerados en la tabla 1 o 2.

[0055] De forma más preferible el enlazador es un enlazador de una glucoamilasa seleccionada del grupo consistente en *Pachykytospora papairacea* (SEC ID nº: 46), *Trametes cingulata* (SEC ID nº: 48),*Leucopaxillus gigantus* (SEC ID nº: 50), Athelia rolfsii (SEC ID nº: 68), *Aspergillus kawachii* (SEC ID nº: 70), *Aspergillus niger* (SEC ID nº: 72) o un enlazador de una alfa-amilasa seleccionada del grupo consistente en *Sublispora provurvata* (SEC ID nº: 54), *Valsaria rubricosa* (SEC ID nº: 56), *Acremonium sp.* (SEC ID nº: 58), *Meripilus giganteus* (SEC ID nº: 60), *Bacillus flavothermus* (SEC ID nº: 62, SEC ID nº: 64 o SEC ID nº: 66), *Coniochaeta sp.* AM603 (SEC ID nº: 74), *Coniochaeta sp.* (SEC ID nº: 145), *Trametes corrugata* (SEC ID nº: 147), *Valsario spartii* (SEC ID nº: 149), *Penicillium sp.* (SEC ID nº: 151), *Trichophaea saccata* (SEC ID nº: 52).

[0056] También preferida para la invención es cualquier secuencia de aminoácidos enlazadora con al menos un 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90% o incluso al menos 95% de homología a cualquier secuencia seleccionada del grupo consistente en SEC ID nº: 46, SEC ID nº: 48, SEC ID nº: 50, SEC ID nº: 52, SEC ID nº: 54, SEC ID nº: 56, SEC ID nº: 58, SEC ID nº: 60, SEC ID nº: 62, SEC ID nº: 64, SEC ID nº: 66, SEC ID nº: 68, SEC ID nº: 70, SEC ID nº: 72, SEC ID nº: 74, SEC ID nº: 145, SEC ID nº: 147, SEC ID nº: 149 y SEC ID nº: 151.

[0057] En otra forma de realización preferida la enzima híbrida tiene una secuencia enlazadora que difiere de unas secuencias de aminoácidos seleccionadas del grupo consistente en SEC ID nº: 46, SEC ID nº: 48, SEC ID nº: 50, SEC ID nº: 52, SEC ID nº: 54, SEC ID nº: 56, SEC ID nº: 58, SEC ID nº: 60, SEC ID nº: 62, SEC ID nº: 64, SEC ID nº: 66, SEC ID nº: 68, SEC ID nº: 70, SEC ID nº: 72, SEC ID nº: 74, SEC ID nº: 145, SEC ID nº: 147, SEC ID nº: 149 y SEC ID nº: 151 en no más de 10 posiciones, no más de 9 posiciones, no más de 8 posiciones, no más de 7 posiciones, no más de 6 posiciones, no más de 5 posiciones, no más de 4 posiciones, no más de 3 posiciones, no más de 2 posiciones, o incluso no más de 1 posición.

[0058] También preferidos son los híbridos que comprenden una secuencia enlazadora codificada por una secuencia de ADN con al menos un 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90% o incluso al menos 95% de homología a cualquier secuencia seleccionada del grupo consistente en SEC ID nº: 45, SEC ID nº: 47, SEC ID nº: 49, SEC ID nº: 51, SEC ID nº: 53, SEC ID nº: 55, SEC ID nº: 57, SEC ID nº: 59, SEC ID nº: 61, SEC ID nº: 63, SEC ID nº: 65, SEC ID nº: 67, SEC ID nº: 69, SEC ID nº: 71, SEC ID nº: 73, SEC ID nº: 144, SEC ID nº: 146, SEC ID nº: 148, y SEC ID nº: 150.

[0059] Más preferidos según la divulgación son los híbridos que comprenden una secuencia enlazadora codificada por una secuencia de ADN que se hibrida bajo astringencia alta, media o baja a cualquier secuencia de ADN seleccionada del grupo que consiste en SEC ID nº: 45, SEC ID nº: 47, SEC ID nº: 49, SEC ID nº: 51,

SEC ID nº: 53, SEC ID nº: 55, SEC ID nº: 57, SEC ID nº: 59, SEC ID nº: 61, SEC ID nº: 63, SEC ID nº: 65, SEC ID nº: 67, SEC ID nº: 69, SEC ID nº: 71, SEC ID nº: 73, SEC ID nº: 144, SEC ID nº: 146, SEC ID nº: 148, y SEC ID nº: 150.

[0060] En formas de realización preferidas el enlazador que se origina de la fuente de CBM se usa, por ejemplo, cuando se usa el CBM de glucoamilasa de *A. rolfsii* la secuencia enlazadora de la glucoamilasa de *A. rolfsii* se usa en el híbrido también.

Módulos de unión a carbohidratos

[0061] Un módulo de unión a carbohidratos (CBM), o como frecuentemente se hace referencia, un dominio de unión a carbohidratos es una secuencia de aminoácidos del polipéptido que se enlaza preferentemente a un poli u oligosacárido (carbohidrato), frecuentemente - pero no necesariamente exclusivamente - a una forma insoluble en agua (incluso cristalina) de la misma.

[0062] CBM derivados de enzimas degradantes de almidón son frecuentemente referidos como módulos de unión al almidón o SBM (CBM que pueden ocurrir en determinadas enzimas amilolíticas, tal como ciertas glucoamilasas (GA), o en enzimas tales como ciclodextrina glucanotransferasas, o en alfa-amilasas). Asimismo, otras sub-clases de CBM abrazarían, por ejemplo, módulos de enlace de celulosa (CBM de enzimas celulolíticas), módulos de unión a quitina (CBM que típicamente se originan en quitinasas), módulos de unión a xilano (CBM que típicamente se originan en xilanasas), módulos de unión de manano (CBM que típicamente se originan en mananasas). SBM son frecuentemente referidos como SBDs (Dominios de unión a almidón).

[0063] CBM se encuentran como partes integrales de polipéptidos grandes o proteínas consistentes en dos o más regiones de la secuencia de aminoácidos del polipéptido, especialmente en enzimas hidrolíticas (hidrolasas) que típicamente comprenden un módulo catalítico que contiene el sitio activo para hidrólisis de sustrato y un módulo de unión a carbohidratos (CBM) para unión al sustrato de carbohidrato en cuestión. Tales enzimas pueden comprender más de un módulo catalítico y uno, dos o tres CBM y opcionalmente además comprenden una o varias regiones de la secuencia de aminoácidos del polipéptido que conecta el(los) CBM con el(los) módulo(s) catalítico(s), una región de este último tipo normalmente siendo denominada un "enlazador". Ejemplos de enzimas hidrolíticas que comprenden un CBM - algunas de las cuales ya han sido mencionadas arriba - son celulasas, xilanasas, mananasas, arabinofuranosidasas, acetilesterasas y quitinasas. CBM también han sido encontrados en algas, por ejemplo, en el alga roja *Porphyra purpurea* en forma de una proteína de unión a polisacáridos no hidrolítica.

[0064] En las proteínas/polipéptidos donde se originan CBM (por ejemplo, enzimas, típicamente enzimas hidrolíticas), un CBM se puede localizar en el término N o C o en una posición interna.

[0065] Esta parte de un polipéptido o proteína (por ejemplo, enzima hidrolítica) que constituye un CBM per se típicamente consiste en más de aproximadamente 30 y menos de aproximadamente 250 residuos de aminoácidos.

[0066] El "Módulo de unión a carbohidratos de Familia 20" o un módulo CBM-20 está definido en el contexto de esta invención como una secuencia de aproximadamente 100 aminoácidos con al menos 45% de homología al módulo de unión a carbohidratos (CBM) del polipéptido descrito en la figura 1 por Joergensen et al. (1997) en Biotecnol. Lett. 19:1027-1031. El CBM comprende los últimos 102 aminoácidos del polipéptido, es decir, la subsecuencia del aminoácido 582 al aminoácido 683. La numeración de familias de glicósido hidrolasa aplicada en esta divulgación sigue el concepto de Coutinho, P.M. & Henrissat, B. (1999) CAZy - servidor de enzimas activas de carbohidrato en URL: http: //afmb.cnrs-mrs.fr/~cazi/CAZi/index.html o alternativamente Coutinho, P.M. & Henrissat, B. 1999; The modular structure of cellulases and other carbohydrate-active enzymes: an integrated database approach. En "Genetics, Biochemistry and Ecology of Cellulose Degradation", K. Ohmiia, K. Hayashi, K. Sakka, Y. Kobayashi, S. Karita y T. Kimura eds., Uni Publishers Co., Tokyo, págs. 15-23. 15-23 y Bourne, Y. & Henrissat, B. 2001; Glycoside hydrolases and glycosyltransferases: families and functional modules, Current Opinion in Structural Biology 11:593-600.

[0067] Ejemplos de enzimas que comprenden un CBM adecuado para usar en el contexto de la invención son alfa-amilasas, alfa-amilasas maltogénicas, celulasas, xilanasas, mananasas, arabinofuranosidasas, acetilesterasas y quitinasas. Además CBM de interés en relación a la presente invención incluyen CBM que derivan de glucoamilasas (EC 3.2.1.3) o de CGTasas (EC 2.4.1.19).

[0068] CBM que derivan de fuentes fúngicas, bacterianas o vegetales generalmente servirán para usar en el híbrido de la invención. Son preferidos los CBM de origen fúngico. A este respecto, técnicas adecuadas para el aislamiento de los genes pertinentes se conocen bien en la técnica.

[0069] Preferidos son híbridos que comprenden un CBM de módulo de unión a carbohidratos de Familia 20, 21 o 25. CBM de módulo de unión a carbohidratos de Familia 20 adecuados para la invención se pueden derivar de

glucoamilasas de *Aspergillus awamori* (SWISSPROT Q12537), *Aspergillus kawachii* (SWISSPROT P23176), *Aspergillus niger* (SWISSPROT P04064), *Aspergillus oryzae* (SWISSPROT P36914), de alfa-amilasas de *Aspergillus kawachii* (EMBL:#AB008370), *Aspergillus nidulans* (NCBI AAF17100.1), de beta-amilasas de *Bacillus cereus* (SWISSPROT P36924), o de CGTasas de *Bacillus circulans* (SWISSPROT P43379). Preferido es un CBM de la alfa-amilasa de *Aspergillus kawachii* (EMBL:#AB008370) al igual que CBM que tienen al menos 60%, al menos 65%, al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90% o incluso al menos 95% de homología al CBM de la alfa-amilasa de *Aspergillus kawachii* (EMBL:#AB008370). CBM más preferidos incluyen los CBM de la glucoamilasa de *Hormoconis sp*. tal como de *Hormoconis resinae* (Sin. *Creosote fungus* o *Amorphotheca resinae*) tal como el CBM de SWISSPROT:Q03045, de *Lentinula sp*. tal como de *Lentinula edodes* (seta shiitake) tal como el CBM de SPTREMBL:Q9P4C5, de *Neurospora sp*. tal como de *Neurospora crassa* tal como el CBM de SWISSPROT:P14804, de *Talaromyces sp*. tal como de *Talaromyces bissoclamidioides*, de *Geosmithia sp.* tal como de *Geosmithia cilindrospora*, de *Scorias sp*. tal como de *Scorias spongiosa*, de *Eupenicillium sp*. tal como de *Eupenicillium ludwigii*, de *Aspergillus sp.* tal como de *Aspergillus japonicus*, de *Penicillium sp*. tal como de *Penicillium cf. miczynskii*, de *Thysanophora sp.*, y de *Humicola sp*. tal como de *Humicola grisea* var. *thermoidea* tal como el CBM de SPTREMBL:Q12623.

[0070] Preferiblemente el híbrido comprende un CBM que es derivado de cualquier familia o especies seleccionadas del grupo consistente en *Acremonium, Aspergillus, Athelia, Coniochaeta, Cryptosporiopsis, Dichotomocladium, Dinemasporium, Diplodia, Gliocladium, Leucopaxillus, Malbranchea, Meripilus, Nectria, Pachykytospora, Penicillium, Rhizomucor, Rhizomucor pusillus, Streptomyces, Subulispora, Thermomyces, Trametes, Trichophaea saccata* y *Valsaria*. El CBM también se puede derivar de una planta, por ejemplo, de maíz (por ejemplo, *Zea mays*) o una bacteria, por ejemplo, *Bacillus*. De forma más preferible el híbrido comprende un CBM derivado de cualquier especie seleccionada del grupo consistente en *Acremonium sp., Aspergillus kawachii, Aspergillus niger, Aspergillus oryzae, Athelia rolfsii, Bacillus flavothermus, Coniochaeta sp., Cryptosporiopsis sp., Dichotomocladium hesseltinei, Dinemasporium sp., Diplodia sp., Gliocladium sp., Leucopaxillus gigantus, Malbranchea sp, Meripilus giganteus, Nectria sp., Pachykytospora papairacea, Penicillium sp., Rhizomucor pusillus, Streptomyces termocianeoviolaceus, Streptomyces limosus, Subulispora provurvata, Thermomyces lanuginosus, Trametes cingulata, Trametes corrugata, Trichophaea saccata, Valsaria rubricosa, Valsario spartii* y *Zea mays*.

[0071] Preferiblemente el híbrido comprende una secuencia de aminoácidos de CBM seleccionada del grupo consistente en los CBM enumerados en la tabla 1 o 2.

[0072] De la forma más preferible el híbrido comprende un CBM de una glucoamilasa seleccionada del grupo consistente en *Pachykytospora papairacea* (SEC ID nº: 76), *Trametes cingulata* (SEC ID nº: 78), *Leucopaxillus gigantus* (SEC ID nº: 80), *Athelia rolfsii* (SEC ID nº: 92), *Aspergillus kawachii* (SEC ID nº: 94), *Aspergillus niger* (SEC ID nº: 96) o de una alfa-amilasa seleccionada del grupo consistente en *Trichopheraea saccata* (SEC ID nº: 52), *Subulispora provurvata* (SEC ID nº: 82), *Valsaria rubricosa* (SEC ID nº: 84), *Acremonium sp*. (SEC ID nº: 86), *Meripilus giganteus* (SEC ID nº: 88), *Bacillus flavothermus* (SEC ID nº: 90), *Coniochaeta sp.* (SEC ID nº: 98), *Zea mays* (SEC ID nº: 109), *Coniochaeta sp.* (SEC ID nº: 137), *Trametes corrugata* (SEC ID nº: 139), *Valsario spartii* (SEC ID nº: 141) y *Penicillium sp.* (SEC ID nº: 143).

[0073] En otra forma de realización preferida la enzima híbrida tiene una secuencia CBM que difiere de unas secuencias de aminoácidos seleccionadas del grupo consistente en SEC ID nº: 52, SEC ID nº: 76, SEC ID nº: 78, SEC ID nº: 80, SEC ID nº: 82, SEC ID nº: 84, SEC ID nº: 86, SEC ID nº: 88, SEC ID nº: 90, SEC ID nº: 92, SEC ID nº: 94, SEC ID nº: 96, SEC ID nº: 98, SEC ID nº: 109, SEC ID nº: 137, SEC ID nº: 139, SEC ID nº: 141 y SEC ID nº: 143 en no más de 10 posiciones, no más de 9 posiciones, no más de 8 posiciones, no más de 7 posiciones, no más de 6 posiciones, no más de 5 posiciones, no más de 4 posiciones, no más de 3 posiciones, no más de 2 posiciones, o incluso no más de 1 posición.

[0074] También preferidos son cualquier CBM codificado por una secuencia de ADN con al menos un 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90% o incluso al menos 95% de homología a cualquier secuencia seleccionada del grupo consistente en SEC ID nº: 75, SEC ID nº: 77, SEC ID nº: 79, SEC ID nº: 81, SEC ID nº: 83, SEC ID nº: 85, SEC ID nº: 87, SEC ID nº: 89, SEC ID nº: 91, SEC ID nº: 93, SEC ID nº: 95, SEC ID nº: 97, SEC ID nº: 108, SEC ID nº: 136, SEC ID nº: 138, SEC ID nº: 140 y SEC ID nº: 142. Más preferido según la divulgación es cualquier CBM codificado por una secuencia de ADN que se hibrida bajo astringencia alta, media o baja a cualquier secuencia de ADN seleccionada del grupo consistente en SEC ID nº: 75, SEC ID nº: 77, SEC ID nº: 79, SEC ID nº: 81, SEC ID nº: 83, SEC ID nº: 85, SEC ID nº: 87, SEC ID nº: 89, SEC ID nº: 91, SEC ID nº: 93, SEC ID nº: 95, SEC ID nº: 97, SEC ID nº: 108, SEC ID nº: 136, SEC ID nº: 138, SEC ID nº: 140 y SEC ID nº: 142.

[0075] Otros CBM adecuados del módulo de unión a carbohidratos de Familia 20, 21 o 25 pueden ser encontrados en URL: http://afmb.cnrs-mrs.fr/~cazy/CAZY/index.html).

[0076] Una vez que una secuencia de nucleótidos que codifica la región de unión a sustratos (unión a carbohidratos) ha sido identificada, bien como ADNc o ADN cromosómico, puede luego ser manipulada en una

variedad de vías para fusionarla a una secuencia de ADN que codifica el polipéptido de interés. El fragmento de ADN que codifica la secuencia de aminoácidos de unión a carbohidratos y el ADN que codifica el polipéptido de interés son luego ligados con o sin un enlazador. El ADN ligado resultante puede luego ser manipulado en una variedad de vías para conseguir la expresión.

Formas de realización particulares

[0077] En una forma de realización preferida, el polipéptido comprende un CDM derivado de *Athelia rolfsii, Pachykytospora papairacea, Valsaria rubricosa o Meripilus giganteus.* Preferidos son cualquier polipéptido que comprende una secuencia de aminoácidos CBM seleccionada del grupo que consiste en glucoamilasa *Athelia rolfsii* (SEQ ID nº: 92), la glucoamilasa *Pachykytospora papairacea* (SEQ ID nº: 76), la alfa-amilasa *Valsaria rubricosa* (SEQ ID nº: 84) y la alfa-amilasa *Meripilus giganteus* (SEQ ID nº: 88).

[0078] En una forma de realización preferida, el polipéptido comprende un módulo catalítico derivado de la alfa-amilasa *Meripilus giganteus* y/o un CBM derivado de *A. rolfsii*. En una forma de realización preferida particular, el polipéptido tiene la secuencia de aminoácidos mostrada en la SEQ ID nº: 102 o el polipéptido tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90% o incluso al menos 95% de homología a la secuencia de aminoácidos anteriormente mencionada.

[0079] En otra forma de realización preferida, el polipéptido tiene una secuencia de aminoácidos que difiere de cualquiera de las secuencias de aminoácidos de secuencia de aminoácidos mostradas en la SEQ ID nº: 102 en no más de 10 posiciones, no más de 9 posiciones, no más de 8 posiciones, no más de 7 posiciones, no más de 6 posiciones, no más de 5 posiciones, no más de 4 posiciones, no más de 3 posiciones, no más de 2 posiciones o incluso no más de 1 posición.

[0080] Preferidos también son cualquier polipéptido codificado por una secuencia de ADN con al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90% o incluso al menos 95% de homología a cualquier secuencia de ADN que codifica la secuencia de aminoácidos de secuencia de aminoácidos mostrada en la SEQ ID nº: 102.

[0081] Otras formas de realización preferidas de los polipéptidos de la divulgación se muestran en la tabla 3, 4, 5 y 6 en la sección de ejemplos. Preferido también según la divulgación es cualquier polipéptido con al menos 70%, más preferiblemente al menos 80% e incluso más preferiblemente al menos 90% de homología a cualquiera de las secuencias de aminoácidos de los polipéptidos mostrados en tablas 1 a 7.

[0082] En una forma de realización preferida, el polipéptido comprende un CBM con al menos 75% de homología a la glucoamilasa *A. rolfsii* CBM (SEQ ID nº: 92) y un dominio catalítico con al menos 75% de homología a un dominio catalítico seleccionado de la SEQ ID nº: 24. En una forma de realización más preferida, el polipéptido comprende la glucoamilasa *A. rolfsii* CBM (SEQ ID nº: 92) y un dominio catalítico seleccionado de SEQ ID nº: 24.

[0083] En una forma de realización preferida, el polipéptido comprende un dominio catalítico con al menos 75% de homología al dominio catalítico de alfa-amilasa *Meripilus giganteus* (SEQ ID nº: 24) y un CBM con al menos 75% de homología a un CBM seleccionado del grupo que consiste en glucoamilasa *Pachykytospora papairacea* CBM en la SEQ ID nº: 145, la alfa-amilasa *Valsaria rubricosa* CBM en la SEQ ID nº: 84 y el *Zea mays* CBM en la SEQ ID nº: 109. En una forma de realización más preferida, el polipéptido comprende el dominio catalítico de alfa-amilasa *Meripilus giganteus* (SEQ ID nº: 24) y un CBM seleccionado del grupo consistente en glucoamilasa *Pachykytospora papairacea* CBM en la SEQ ID nº: 145, la alfa-amilasa *Valsaria rubricosa* CBM en la SEQ ID nº: 84 y el *Zea mays* CBM en la SEQ ID nº: 109.

[0084] En una forma de realización particular de la divulgación, el polipéptido se selecciona del grupo que consiste en V001; V002; V003; V004; V005; V006; V007; V008; V009; V010; V011; V012; V013; V014; V015; V016; V017; V018; V019; V021; V022; V023; V024; V025; V026; V027; V028; V029; V030; V031; V032; V033; V034; V035; V036; V037; V038; V039; V040; V041; V042; V043; V047; V048; V049; V050; V051; V052; V054; V055; V057; V059; V060; V061; V063; V064; V065; V066; V067; V068 y V069.

Vectores de expresión

[0085] La presente divulgación también se refiere a vectores de expresión recombinantes que pueden comprender una secuencia de ADN que codifica el polipéptido, un promotor, una secuencia de péptido señal y señales de parada transcripcional y traslacional. Las distintas secuencias de ADN y de control anteriormente descritas se pueden juntar para producir un vector de expresión recombinante que puede incluir uno o varios sitios de restricción convenientes para permitir inserción o sustitución de la secuencia de ADN que codifica el polipéptido en tales sitios. Alternativamente, la secuencia de ADN de la presente invención se puede expresar por inserción de la secuencia de ADN o un constructo de ADN comprendiendo la secuencia en un vector apropiado para la expresión. En la creación del vector de expresión, la secuencia codificante se localiza en el vector de modo que la secuencia codificante es operativamente enlazada con las secuencias de control apropiadas para la expresión y posiblemente secreción.

[0086] El vector de expresión recombinante puede ser cualquier vector (por ejemplo, un plásmido o virus), que puede ser convenientemente sometido a procedimientos de ADN recombinante y pueden provocar la expresión de la secuencia de ADN. La elección del vector típicamente dependerá de la compatibilidad del vector con la célula huésped en que el vector debe ser introducido. Los vectores pueden ser plásmidos lineales o circulares cerrados. El vector puede ser un vector de replicación autónoma, es decir, un vector que existe como una entidad extracromosómica, cuya replicación es independiente de la replicación cromosómica, por ejemplo, un plásmido, un elemento extracromosómico, un minicromosoma, un cósmido o un cromosoma artificial. El vector puede contener cualquier medio para asegurar la autorreplicación. Alternativamente, el vector puede ser uno que, cuando se introduce en la célula huésped, se integra en el genoma y se replica con el(los) cromosoma(s) en el(los) que ha sido integrado. El sistema de vector puede ser un único vector o plásmido o dos o más vectores o plásmidos que juntos contienen el ADN total para ser introducido en el genoma de la célula huésped, o un transposón.

Marcadores

[0087] Los vectores de la presente divulgación preferiblemente contienen uno o varios marcadores seleccionables, que permiten la selección fácil de células transformadas. Un marcador seleccionable es un gen cuyo producto proporciona resistencia biocida o vírica, resistencia a metales pesados, prototrofia a auxótrofos y similares.

[0088] Ejemplos de marcadores seleccionables para usar en una célula huésped de hongo filamentoso se pueden seleccionar del grupo incluyendo, pero no limitado a, *amdS* (acetamidasa), *argB* (ornitina-carbamoiltransferasa), bar (fosfonitricina acetiltransferasa), *hygB* (higromicina fósforo- transferasa), *niaD* (nitrato-reductasa), *pyrG* (orotidina-5'-fosfato-descarboxilasa), sC (sulfato adeniltransferasa), *trpC* (antranilato sintasa), y marcadores de resistencia a glufosinato, al igual que equivalentes de otras especies. Preferidos para usar en una célula de *Aspergillus* son los marcadores *amdS* y *pyrG* de Aspergillus nidulans o Aspergillus oryzae y el marcador bar de *Streptomyces hygroscopicus*. Además, la selección se puede realizar por cotransformación, por ejemplo, como se describe en WO 91/17243, donde el marcador seleccionable está en un vector separado.

[0089] Los vectores de la presente divulgación preferiblemente contienen un(os) elemento(s) que permite(n) la integración estable del vector en el genoma de la célula huésped o replicación autónoma del vector en la célula independiente del genoma de la célula.

[0090] Los vectores de la presente divulgación se pueden integrar en el genoma de la célula huésped cuando se introducen en una célula huésped. Para integración, el vector puede depender de la secuencia de ADN que codifica el polipéptido de interés o cualquier otro elemento del vector para integración estable del vector en el genoma por recombinación homóloga o ninguna recombinación homóloga. Alternativamente, el vector puede contener secuencias de ADN adicionales para dirigir la integración por recombinación homóloga en el genoma de la célula huésped. Las secuencias de ADN adicionales permiten al vector ser integrado en el genoma de la célula huésped en una(s) ubicación(es) precisa(s) en el(los) cromosoma(s). Para aumentar la probabilidad de integración en una ubicación precisa, los elementos integracionales deberían preferiblemente contener un número suficiente de ADN, tal como 100 a 1.500 pares de bases, preferiblemente 400 a 1.500 pares de bases, y de la forma más preferible 800 a 1.500 pares de bases, que son altamente homólogos a la secuencia objetivo correspondiente para mejorar la probabilidad de recombinación homóloga. Los elementos integracionales pueden ser cualquier secuencia que es homóloga a la secuencia meta en el genoma de la célula huésped. Además, los elementos integracionales pueden ser secuencias de ADN no codificantes o codificantes. Por otro lado, el vector se puede integrar en el genoma de la célula huésped por recombinación no homóloga. Estas secuencias de ADN pueden ser cualquier secuencia que es homóloga a una secuencia meta en el genoma de la célula huésped, y, además, pueden ser secuencias no codificantes o codificantes.

[0091] Para replicación autónoma, el vector puede comprender además un origen de replicación que permite al vector replicarse de manera autónoma en la célula huésped en cuestión.

[0092] El episoma que replica el vector plásmido AMA1 descrito en WO 00/24883 puede ser utilizado.

[0093] Más de una copia de una secuencia de ADN que codifica un polipéptido de interés se puede insertar en la célula huésped para amplificar la expresión de la secuencia de ADN. La amplificación estable de la secuencia de ADN se puede obtener integrando al menos una copia adicional de la secuencia en el genoma de la célula huésped usando métodos bien conocidos en la técnica y seleccionando transformantes.

[0094] Los procedimientos usados para enlazar los elementos anteriormente descritos para construir los vectores de expresión recombinantes de la presente invención son bien conocidos por un experto en la materia (ver, por ejemplo, Sambrook et al, 1989, Molecular Cloning, A Laboratory Manual, 2ª edición, Cold Spring Harbor, Nueva York).

Células huésped

[0095] La célula huésped de la divulgación, que comprende un constructo de ADN o bien un vector de expresión comprendiendo la secuencia de ADN que codifica el polipéptido, es ventajosamente usada como una célula huésped en la producción recombinante del polipéptido, por ejemplo, una enzima híbrida, una enzima tipo salvaje o una enzima de tipo salvaje genéticamente modificada. La célula se puede transformar con un vector de expresión. Alternativamente, la célula se puede transformar con el constructo de ADN de la invención codificando el polipéptido, por ejemplo, una enzima híbrida, una enzima de tipo salvaje o una enzima de tipo salvaje genéticamente modificada, integrando convenientemente el constructo de ADN (en una o varias copias) en el cromosoma huésped. La integración del constructo de ADN en el cromosoma huésped se puede realizar según métodos convencionales, por ejemplo, por recombinación homóloga o heteróloga.

[0096] La célula huésped puede ser cualquier célula eucariota o procariótica apropiada, por ejemplo, una célula bacteriana, una célula de hongo filamentoso, una levadura, una célula vegetal o una célula mamífera.

[0097] En una forma de realización preferida, la célula huésped es un hongo filamentoso representado por los siguientes grupos de *Ascomycota*, incluyen, por ejemplo, *Neurospora, Eupenicillium* (=*Penicillium*), *Emericella* (=*Aspergillus*), *Eurotium* (=*Aspergillus*).

[0098] En una forma de realización más preferida, el hongo filamentoso incluye todas las formas filamentosas de la subdivisión *Eumycota* y *Oomycota* (como se define por Hawksworth et al. En, Ainsworth and Bisby's Dictionary of The Fungi, 8ª Edición, 1995, CAB International, University Press, Cambridge, Reino Unido. Los hongos filamentosos se caracterizan por un micelio vegetativo compuesto por quitina, celulosa, glucano, quitosano, manano, y otros polisacáridos complejos. El crecimiento vegetativo es por alargamiento hifal y el catabolismo de carbono es estrictamente aeróbico.

[0099] En una forma de realización aún más preferida, la célula huésped de hongo filamentoso es una célula de una especie de, pero no limitada a una célula seleccionada del grupo consistente en una cepa de una especie de *Aspergillus*, preferiblemente *Aspergillus oryzae*, *Aspergillus niger, Aspergillus awamori, Aspergillus kawachii*, o una cepa de *Bacillus*, o una cepa de *Fusarium*, tal como una cepa de *Fusarium oxysporium, Fusarium graminearum* (en el estado perfecto llamada *Gribberella zeae*, anteriormente Sphaeria zeae, sinónimo con *Gibberella roseum* y *Gibberella roseum* f*. sp. cerealis*), o *Fusarium sulphureum* (en el estado perfecto llamada Gibberella puricaris, sinónimo con *Fusarium trichothecioides*, *Fusarium bactridioides, Fusarium sambucium, Fusarium roseum*, y *Fusarium roseum var. graminearum*), *Fusarium cerealis* (sinónimo con *Fusarium crookwellense*), o *Fusarium venenatum*.

[0100] En una forma de realización más preferida, la célula huésped de hongo filamentoso es una célula perteneciente a una cepa de una especie de *Aspergillus*, preferiblemente *Aspergillus oryzae* o *Aspergillus niger*.

[0101] La célula huésped de hongo filamentoso puede ser una célula huésped de hongo filamentoso de tipo salvaje o una variante, un mutante o una célula huésped de hongo filamentoso genéticamente modificada. En una forma de realización preferida de la invención la célula huésped es una cepa carente de proteasa o proteasa negativa. También específicamente contempladas son las cepas de *Aspergillus*, tales como cepas de *Aspergillus niger*, genéticamente modificadas para interrumpir o reducir la expresión de glucoamilasa, alfa-amilasa estable en ácido, alfa-1,6 transglucosidasa, y actividades de proteasa.

Transformación de células huésped de hongo filamentoso

[0102] Células huésped de hongo filamentoso se pueden transformar por un proceso que implica la formación de protoplastos, transformación de los protoplastos, y regeneración de la pared celular en cierto modo conocido en la técnica. Procedimientos adecuados para transformación de células huésped de *Aspergillus* están descritos en EP 238 023, EP 184 438, y Yelton et al. 1984, Proceedings of the National Academy of Sciences USA 81:1470-1474. Un método adecuado de transfomación de especies de *Fusarium* es descrito por Malardier et al. 1989, Gene 78:147-156 o patente de EEUU nº 6,060,305.

Aislamiento y clonación de una secuencia de ADN que codifica una alfa-amilasa progenitora

[0103] Las técnicas usadas para aislar o clonar una secuencia de ADN que codifica un polipéptido de interés se conocen en la técnica e incluyen aislamiento de ADN genómico, preparación de ADNc, o una combinación de las mismas. La clonación de las secuencias de ADN de la presente invención de tal ADN genómico pueden ser efectuadas, por ejemplo, usando la reacción en cadena de polimerasa (PCR) bien conocida o selección de anticuerpos de bibliotecas de expresión para detectar fragmentos de ADN clonado con características estructurales compartidas. Ver, por ejemplo, Innis et al., 1990, PCR: A Guide to Methods and Application, Academic Press, New York. Otros procedimientos de amplificación de ADN tal como reacción en cadena de la ligasa (LCR), transcripción activada ligada (LAT) y amplificación basada en la secuencia de ADN (NASBA) pueden ser utilizados.

[0104] La secuencia de ADN que codifica una alfa-amilasa progenitora se puede aislar de cualquier célula o microorganismo que produce la alfa-amilasa en cuestión, usando varios métodos bien conocidos en la técnica. Primero, un ADN genómico y/o genoteca de ADNc debería ser construido utilizando ADN cromosómico o ARN mensajero del organismo que produce la alfa-amilasa que debe ser estudiada. Luego, si la secuencia de aminoácidos de la alfa-amilasa es conocida, sondas oligonucleótidas marcadas pueden ser sintetizadas y usadas para identificar clones que codifican alfa-amilasa de una genoteca genómica obtenida a partir del organismo en cuestión. Alternativamente, una sonda de oligonucleótidos marcada que contiene homólogos de secuencias para otro gen de alfa-amilasa conocido podrían usarse como una sonda para identificar clones de codificación de alfa-amilasa, usando condiciones de hibridación y de lavado de astringencia muy baja a muy alta.

[0105] Otro método para identificar clones que codifican alfa-amilasa implicarían insertar fragmentos de ADN genómico en un vector de expresión, tal como un plásmido, transformar bacterias de alfa-amilasa negativas con la biblioteca de ADN genómico resultante, y luego colocar en placas las bacterias transformadas sobre agar conteniendo un sustrato para alfa-amilasa (es decir, maltosa), así permitiendo que los clones que expresan la alfa-amilasa sean identificados.

[0106] Alternativamente, la secuencia de ADN que codifica el polipéptido se puede preparar sintéticamente por métodos estándares establecidos, por ejemplo, el método de fosforamidita descrito por S.L. Beaucage y Caruthers, (1981), Tetrahedron Letters 22, p. 1859-1869, o el método descrito por Matthes et al. (1984), EMBO J. 3, p. 801-805. En el método de fosforamidita, los oligonucleótidos son sintetizados, por ejemplo, en un sintetizador de ADN automático, purificados, apareados, ligados y clonados en vectores apropiados.

[0107] Finalmente, la secuencia de ADN puede ser de origen mezclado genómico y sintético, de origen mezclado sintético y de ADNc o de origen mezclado genómico y de ADNc, preparado ligando fragmentos de origen sintético, genómico o de ADNc (según sea apropiado, los fragmentos corresponden con varias partes de la secuencia de ADN entera), conforme a técnicas estándares. La secuencia de ADN también se puede preparar por reacción en cadena de polimerasa (PCR) usando cebadores específicos, por ejemplo como se describe en la patente de EEUU nº 4,683,202 o R.K. Saiki et al. (1988), Science 239, 1988, págs. 487-491.

Secuencia de ADN aislada

[0108] La presente divulgación se refiere, entre otras cosas, a una secuencia de ADN aislada que comprende una secuencia de ADN que codifica un polipéptido, por ejemplo, una enzima híbrida, una enzima de tipo salvaje o una enzima de tipo salvaje genéticamente modificada que incluye una secuencia de aminoácidos de un módulo catalítico con actividad alfa-amilasa y una secuencia de aminoácidos de un módulo de unión a carbohidratos, donde el módulo catalítico es de origen fúngico.

[0109] El término "secuencia de ADN asilada" como se utiliza en este caso se refiere a una secuencia de ADN, que está esencialmente libre de otras secuencias de ADN, por ejemplo, al menos aproximadamente 20% pura, preferiblemente al menos aproximadamente 40% pura, de forma más preferible al menos aproximadamente 60% pura, incluso de forma más preferible al menos aproximadamente 80% pura, y de la forma más preferible al menos aproximadamente 90% pura como se determina por electroforesis de agarosa.

[0110] Por ejemplo, una secuencia de ADN aislada se puede obtener por procedimientos de clonación estandares usados en ingeniería genética para recolocar la secuencia de ADN desde su ubicación natural a un sitio diferente donde será reproducida. Los procedimientos de clonación pueden implicar escisión y aislamiento de un fragmento de ADN deseado comprendiendo la secuencia de ADN que codifica el polipéptido de interés, inserción del fragmento en una molécula de vector, e incorporación del vector recombinante en una célula huésped donde copias múltiples o clones de la secuencia de ADN serán replicados. Una secuencia de ADN aislada se puede manipular en una variedad de vías para proveer la expresión del polipéptido de interés. La manipulación de la secuencia de ADN antes de su inserción en un vector puede ser deseable o necesaria dependiendo del vector de expresión. Las técnicas para modificar secuencias de ADN utilizando métodos de ADN recombinante se conocen bien en la técnica.

Constructo de ADN

[0111] La presente divulgación se refiere, entre otras cosas, a un constructo de ADN que comprende una secuencia de ADN que codifica un polipéptido, por ejemplo, una enzima híbrida que comprende una primera secuencia de aminoácidos que comprende un módulo catalítico con actividad de alfa-amilasa y una segunda secuencia de aminoácidos que comprende un módulo de unión a carbohidratos o una enzima de tipo salvaje que comprende una primera secuencia de aminoácidos que comprende un módulo catalítico con actividad de alfa-amilasa y una segunda secuencia de aminoácidos que comprende un módulo de unión a carbohidratos. "Constructo de ADN" se define aquí como una molécula de ADN, bien uni- o bicatenario, que es aislado de un gen de origen natural o que ha sido modificado para contener segmentos de ADN, que se combinan y se superponen en cierto modo, que de lo contrario no existirían en la naturaleza. El término constructo de ADN es

sinónimo con el término casete de expresión cuando el constructo de ADN contiene todas las secuencias de control requeridas para la expresión de una secuencia codificante de la presente invención.

Mutagénesis dirigida al sitio

[0112] Una vez una secuencia de ADN que codifica la alfa-amilasa progenitora ha sido aislada, y los sitios deseables para mutación identificados, las mutaciones se pueden introducir utilizando oligonucleótidos sintéticos. Estos oligonucleótidos contienen secuencias de nucleótidos que flanquean los sitios de mutación deseados. En un método específico, un gap monocatenario de ADN, la secuencia que codifica alfa-amilasa, se crea en un vector que lleva el gen de alfa-amilasa. Luego el nucleótido sintético, que lleva la mutación deseada, se aparea a una parte homóloga del ADN monocatenario. El espacio restante es luego rellenado con ADN polimerasa I (fragmento Klenow) y la construcción es ligada usando T4 ligasa. Un ejemplo específico de este método es descrito en Morinaga et al. (1984), Biotechnology 2, p. 646-639. La patente de EEUU nº 4,760,025 revela la introducción de oligonucleótidos que codifican mutaciones múltiples mediante la realización de alteraciones menores del casete. No obstante, una variedad incluso superior de mutaciones se pueden introducir en cualquier momento por el método Morinaga, porque una multitud de oligonucleótidos, de longitudes varias, pueden ser introducidos.

[0113] Otro método para introducir mutaciones en secuencias de ADN que codifican alfa-amilasa es descrito en Nelson y Long, (1989), Analytical Biochemistry 180, p. 147-151. Implica la generación en 3 pasos de un fragmento de PCR con la mutación deseada introducida usando una cadena de ADN químicamente sintetizada como uno de los cebadores en las reacciones de PCR. Del fragmento generado por PCR, un fragmento de ADN que lleva la mutación se puede aislar por escisión con endonucleasas de restricción y reinsertar en un plásmido de expresión.

Mutagénesis aleatoria localizada

[0114] La mutagénesis aleatoria puede estar ventajosamente localizada en una parte de la alfa-amilasa progenitora en cuestión. Esto puede, por ejemplo, ser ventajoso cuando ciertas regiones de la enzima han sido identificadas por ser de importancia particular para una propiedad dada de la enzima, y cuando se modifican se prevé que resultan en una variante con propiedades mejoradas. Tales regiones pueden normalmente ser identificadas cuando la estructura terciaria de la enzima original ha sido dilucidada y relacionada con la función de la enzima.

[0115] La mutagénesis aleatoria localizada o específica de la región, es convenientemente realizada usando técnicas de mutagénesis generada por PCR como se ha descrito anteriormente o cualquier otra técnica adecuada conocida en la técnica. Alternativamente, la secuencia de ADN que codifica la parte de la secuencia de ADN que va a ser modificada puede ser aislada, por ejemplo, por inserción en un vector adecuado, y dicha parte puede ser posteriormente sometida a mutagénesis usando cualquiera de los métodos de mutagénesis mencionados anteriormente.

Variantes de enzimas híbridas o de tipo salvaje

[0116] El rendimiento en un proceso de degradación de almidón de una enzima de tipo salvaje o híbrida que comprende un módulo de unión a carbohidratos ("CBM") y un módulo catalítico de alfa-amilasa se puede mejorar a través de ingeniería de proteínas, tal como por mutagénesis dirigida al sitio, por mutagénesis aleatoria localizada, preparando sintéticamente una variante nueva de la enzima progenitora de tipo salvaje o enzima híbrida progenitora, o por cualquiera de las otras técnicas de ingeniería de proteínas adecuadas.

[0117] Las variantes se pueden producir utilizando técnicas de ingeniería de proteínas convencionales.

Expresión de los polipéptidos en una célula huésped

[0118] La secuencia de nucleótidos que debe ser introducida en el ADN de la célula huésped se puede integrar en constructos de ácidos nucleicos comprendiendo la secuencia de nucleótidos operativamente enlazada a una o varias secuencias de control que dirigen la expresión de la secuencia codificante en una célula huésped adecuada bajo condiciones compatibles con las secuencias de control.

[0119] Una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido se puede manipular en una variedad de vías para proveer la expresión del polipéptido. La manipulación de la secuencia de nucleótidos antes de su inserción en un vector puede ser deseable o necesaria dependiendo del vector de expresión. Las técnicas para modificar secuencias de nucleótidos utilizando métodos de ADN recombinante se conocen bien en la técnica.

[0120] La secuencia de control puede ser una secuencia del promotor apropiada, una secuencia de nucleótidos que se reconoce por una célula huésped para la expresión de la secuencia de nucleótidos. La secuencia del promotor contiene secuencias de control transcripcionales, que median la expresión del polipéptido. El promotor

puede ser cualquier secuencia de nucleótidos que muestra actividad transcripcional en la célula huésped de elección incluyendo promotores mutantes, truncados, e híbridos, y se pueden obtener de genes que codifican polipéptidos extracelulares o intracelulares bien homólogos o heterólogos a la célula huésped.

[0121] Ejemplos de promotores adecuados para dirigir la transcripción de los constructos de ácidos nucleicos de la presente invención, especialmente en una célula huésped bacteriana, son los promotores obtenidos del operón lac de *E. coli*, gen de agarasa de *Streptomyces coelicolor* (*dagA*), gen de levansucrasa de *Bacillus subtilis* (*sacB*), gen de alfa-amilasa de *Bacillus licheniformis* (*amyL*), gen de amilasa maltogénica de *Bacillus stearothermophilus* (*amyM*), gen de alfa-amilasa de *Bacillus amyloliquefaciens* (*amyQ*), gen de penicilinasa de *Bacillus licheniformis* (*penP*), genes *xylA* y *xylb* de *Bacillus*, y gen de beta-lactamasa procariótica (Villa-Kamaroff et al., 1978, Proceedings of the National Academy of Sciences USA 75: 3727-3731), al igual que el promotor *tac* (DeBoer et al., 1983, Proceedings of the National Academy of Sciences USA 80: 21-25). Otros promotores son descritos en "Useful proteins from recombinant bacteria" en Scientific American, 1980,242: 74-94; y en Sambrook *et al*., 1989, *supra*.

[0122] Ejemplos de promotores adecuados para dirigir la transcripción de los constructos de ácidos nucleicos de la presente invención en una célula huésped fúngica filamentosa son promotores obtenidos de los genes para TAKA amilasa de *Aspergillus oryzae*, proteinasa aspártica de *Rhizomucor miehei*, alfa-amilasa neutra *de Aspergillus niger*, alfa-amilasa estable en ácido de *Aspergillus niger*, glucoamilasa de *Aspergillus niger* o de *Aspergillus awamori* (glaA), lipasa de *Rhizomucor miehei*, proteasa alcalina de *Aspergillus oryzae*, triosa fosfato isomerasa de *Aspergillus oryzae*, acetamidasa de *Aspergillus nidulans*, y proteasa de tipo tripsina de *Fusarium oxysporum* (WO 96/00787), al igual que el promotor NA2-tpi (un híbrido de los promotores de los genes para alfa-amilasa neutra de *Aspergillus niger* y triosa fosfato isomerasa de *Aspergillus oryzae*), y promotores mutantes, truncados, e híbridos de los mismos.

[0123] En un huésped de levadura, promotores útiles se obtienen de los genes para enolasa de *Saccharomyces cerevisiae* (ENO-1), galactocinasa de *Saccharomyces cerevisiae* (GAL1), alcohol deshidrogenasa/gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa de *Saccharomyces cerevisiae* (ADH2/GAP), y 3-fosfoglicerato quinasa de *Saccharomyces cerevisiae*. Otros promotores útiles para células huésped de levadura son descritos por Romanos et al., 1992, Yeast 8: 423-488.

[0124] La secuencia de control también puede ser una secuencia de terminador de la transcripción adecuada, una secuencia reconocida por una célula huésped para terminar la transcripción. La secuencia de terminador es operativamente enlazada al término 3' de la secuencia de nucleótidos que codifica el polipéptido. Cualquier terminador que es funcional en la célula huésped de elección se puede utilizar en la presente invención.

[0125] Terminadores preferidos para células huésped fúngicas filamentosas son obtenidos de los genes para TAKA amilasa de *Aspergillus oryzae*, glucoamilasa de *Aspergillus niger*, antranilato sintasa de *Aspergillus nidulans*, alfa-glucosidasa de *Aspergillus niger*, y proteasa de tipo tripsina de *Fusarium oxysporum*.

[0126] Terminadores preferidos para células huésped de levadura son obtenidos de los genes para enolasa de *Saccharomyces cerevisiae*, citocromo C (CYC1) de *Saccharomyces cerevisiae*, y gliceraldehído-3-fosfato-deshidrogenasa de *Saccharomyces cerevisiae*. Otros terminadores útiles para células huésped de levadura son descritos por Romanos et al., 1992, supra.

[0127] La secuencia de control también puede ser una secuencia líder adecuada, una región no traducida de un ARNm que es importante para traslación por la célula huésped. La secuencia líder es operativamente enlazada al término 5' de la secuencia de nucleótidos que codifica el polipéptido. Cualquier secuencia que es funcional en la célula huésped de elección se puede utilizar en la presente invención.

[0128] Líderes preferidos para células huéspedes fúngicas filamentosas son obtenidos de los genes para TAKA amilasa de *Aspergillus oryzae* y triosa fosfato isomerasa de *Aspergillus nidulans*.

[0129] Líderes adecuados para células huéspedes de levadura son obtenidos de los genes para enolasa de *Saccharomyces cerevisiae* (ENO-1), quinasa de 3-fosfoglicerato de *Saccharomyces cerevisiae*, alfa-factor de *Saccharomyces cerevisiae*, y alcohol deshidrogenasa/gliceraldehído-3-fosfato dehidrogenasa de *Saccharomyces cerevisiae* (ADH2/GAP).

[0130] La secuencia de control también puede ser una secuencia de poliadenilación, una secuencia operativamente enlazada al término 3' de la secuencia de nucleótidos y que, cuando se transcribe, se reconoce por la célula huésped como una señal para añadir residuos de poliadenosina al ARNm transcrito. Cualquier secuencia de poliadenilación que es funcional en la célula huésped de elección se puede utilizar en la presente invención.

[0131] Secuencias de poliadenilación preferidas para células huésped fúngicas filamentosas son obtenidas de los genes para TAKA amilasa de *Aspergillus oryzae*, glucoamilasa de *Aspergillus niger*, antranilato sintasa de

Aspergillus nidulans, proteasa de tipo tripsina de *Fusarium oxysporum*, y alfa-glucosidasa de *Aspergillus niger*.

[0132] Secuencias de poliadenilación útiles para células huéspedes de levadura son descritas por Guo y Sherman, 1995, Molecular Cellular Biology 15: 5983-5990.

[0133] La secuencia de control también puede ser una región codificante del péptido señal que codifica para una secuencia de aminoácidos enlazada al término amino de un polipéptido y dirige el polipéptido codificado en la vía secretora de la célula. El extremo 5' de la secuencia codificante de la secuencia de nucleótidos puede intrínsecamente contener una región codificante del péptido señal naturalmente enlazado en el marco de lectura del movimiento con el segmento de la región de codificación que codifica el polipéptido segregado. Alternativamente, el extremo 5' de la secuencia codificante puede contener una región codificante del péptido señal que es foráneo a la secuencia codificante. La región codificante del péptido señal foráneo se puede requerir donde la secuencia codificante naturalmente no contiene una región codificante del péptido señal. Alternativamente, la región codificante del péptido señal foráneo puede simplemente reemplazar la región codificante del péptido señal natural para mejorar la secreción del polipéptido. No obstante, cualquier región codificante del péptido señal que dirige el polipéptido expresado en la vía secretora de una célula huésped de elección se puede utilizar en la presente invención.

[0134] Regiones codificantes del péptido señal eficaces para células huéspedes bacterianas son las regiones codificantes del péptido señal obtenidas de los genes para amilasa maltogénica de *Bacillus* NCIB 11837, alfa-amilasa de *Bacillus stearothermophilus*, subtilisina de *Bacillus licheniformis*, beta-lactamasa de *Bacillus licheniformis*, proteasas neutras de *Bacillus stearothermophilus* (*nprT, nprS, nprM*), y *prsA* de *Bacillus subtilis*. Otros péptidos señal son descritos por Simonen y Palva, 1993, Microbiological Reviews 57: 109-137.

[0135] Regiones codificantes del péptido señal eficaces para células huéspedes fúngicas filamentosas son las regiones codificantes del péptido señal obtenidas de los genes para TAKA amilasa de *Aspergillus oryzae*, amilasa neutra de *Aspergillus niger*, glucoamilasa de *Aspergillus niger*, proteinasa aspártica de *Rhizomucor miehei*, celulasa de *Humicola insolens*, y lipasa de *Humicola lanuginosa*.

[0136] Péptidos señal útiles para células huésped de levadura son obtenidas de los genes para alfa-factor de *Saccharomyces cerevisiae* e invertasa de *Saccharomyces cerevisiae*. Otras regiones codificantes del péptido señal útiles son descritas por Romanos *et al*., 1992, *supra*.

[0137] La secuencia de control también puede ser una región codificante del propéptido que codifica para una secuencia de aminoácidos situada en el término amino de un polipéptido. El polipéptido resultante es conocido como una proenzima o propolipéptido (o un zimógeno en algunos casos). Un propolipéptido es generalmente inactivo y se puede convertir en un polipéptido activo maduro por escisión catalítica o autocatalítica del propéptido del propolipéptido. La región codificante del propéptido se puede obtener de los genes para proteasa alcalina de *Bacillus subtilis* (aprE), proteasa neutra de *Bacillus subtilis* (nprT), alfa-factor de *Saccharomyces* cerevisiae, proteinasa aspártica de *Rhizomucor miehei*, y lacasa de *Myceliophthora thermophila* (WO 95/33836).

[0138] Cuando tanto las regiones del péptido señal y del propéptido están presentes en el término amino de un polipéptido, la región del propéptido está situada junto al término amino de un polipéptido y la región del péptido señal está situada junto al término amino de la región del propéptido.

[0139] También puede ser deseable añadir secuencias reguladoras que permiten la regulación de la expresión del polipéptido relativa al crecimiento de la célula huésped. Ejemplos de sistemas reguladores son los que accionan la expresión del gen para ser activado o desactivado en respuesta a una sustancia química o estímulo físico, incluyendo la presencia de un compuesto regulador. Sistemas reguladores en sistemas procarióticos incluyen los sistemas del operador lac, tac, y trp. En la levadura, el sistema ADH2 o sistema GAL1 puede ser utilizado. En hongos filamentosos, el promotor de TAKA alfa-amilasa, promotor de glucoamilasa de *Aspergillus niger*, y promotor de glucoamilasa de *Aspergillus oryzae* se pueden utilizar como secuencias reguladoras. Otros ejemplos de secuencias reguladoras son las que permiten la amplificación génica. En sistemas eucarióticos, estos incluyen el gen de dihidrofolato reductasa que se amplifica en presencia de metotrexato, y los genes de metalotioneína que se amplifican con metales pesados. En estos casos, la secuencia de nucleótidos que codifica el polipéptido sería operativamente enlazada con la secuencia reguladora.

[0140] Las varias secuencias de nucleótidos y de control anteriormente descritas se pueden unir entre sí para producir un vector de expresión recombinante que puede incluir uno o varios sitios de restricción convenientes para permitir inserción o sustitución de la secuencia de nucleótidos que codifica el polipéptido en tales sitios. Alternativamente, la secuencia de nucleótidos de la presente invención se puede expresar por inserción de la secuencia de nucleótidos o un constructo de ácidos nucleicos comprendiendo la secuencia en un vector apropiado para la expresión. En la creación del vector de expresión, la secuencia codificante se localiza en el vector de modo que la secuencia codificante es operativamente enlazada con las secuencias de control apropiadas para la expresión.

[0141] El vector de expresión recombinante puede ser cualquier vector (por ejemplo, un plásmido o virus) que puede ser convenientemente sometido a procedimientos de ADN recombinante y pueden provocar la expresión de la secuencia de nucleótidos. La elección del vector típicamente dependerá de la compatibilidad del vector con la célula huésped en que el vector debe ser introducido. Los vectores pueden ser plásmidos lineales o circulares cerrados.

[0142] El vector puede ser un vector de replicación autónoma, es decir, un vector que existe como una entidad extracromosómica, cuya replicación es independiente de la replicación cromosómica, por ejemplo, un plásmido, un elemento extracromosómico, un minicromosoma, o un cromosoma artificial.

[0143] El vector puede contener cualquier medio para asegurar la autorreplicación. Alternativamente, el vector puede ser uno que, cuando se introduce en la célula huésped, se integra en el genoma y se replica con el(los) cromosoma(s) en que ha sido integrado. Además, un único vector o plásmido o dos o más vectores o plásmidos que juntos contienen el ADN total que debe ser introducido en el genoma de la célula huésped, o un transposón puede ser utilizado.

[0144] Los vectores de la presente invención preferiblemente contienen uno o varios marcadores seleccionables que permiten una selección fácil de células transformadas. Un marcador seleccionable es un gen cuyo producto proporciona resistencia biocida o vírica, resistencia para metales pesados, prototrofia para auxótrofos, y similares.

[0145] Marcadores adecuados para células huésped de levadura son ADE2, HIS3, LEU2, LYS2, MET3, TRP1, y URA3. Marcadores seleccionables para usar en una célula huésped fúngica filamentosa incluyen, pero de forma no limitativa, *amdS* (acetamidasa), *argB* (ornitina-carbamoiltransferasa), *bar* (fosfonitricina acetiltransferasa), *hygB* (higromicina fosfotransferasa), *niaD* (nitrato reductasa), pyrG (orotidina-5'-fosfato-descarboxilasa), *sC* (sulfato adeniltransferasa), *trpC* (antranilato sintasa), al igual que equivalentes de los mismos.

[0146] Preferidos para usar en una célula de *Aspergillus* son los genes *amdS* y *pyrG* de *Aspergillus nidulans* o *Aspergillus oryzae* y el gen *bar* de *Streptomyces hygroscopicus*.

[0147] Los vectores de la presente invención preferiblemente contienen un elemento(s) que permite la integración estable del vector en el genoma de la célula huésped o la replicación autónoma del vector en la célula independiente del genoma.

[0148] Para integración en el genoma de la célula huésped, el vector puede depender la secuencia de nucleótidos que codifica el polipéptido o cualquier otro elemento del vector para integración estable del vector en el genoma por recombinación homóloga o no homóloga. Alternativamente, el vector puede contener secuencias de nucleótidos adicionales para dirigir la integración por recombinación homóloga en el genoma de la célula huésped. Las secuencias de nucleótidos adicionales permiten que el vector sea integrado en el genoma de la célula huésped en una(s) ubicación(es) precisa(s) en el(los) cromosoma(s). Para aumentar la probabilidad de integración en una ubicación precisa, los elementos integracionales deberían preferiblemente contener un número suficiente de nucleótidos, tal como 100 a 1.500 pares de bases, preferiblemente 400 a 1.500 pares de bases, y de la forma más preferible 800 a 1.500 pares de bases, que son altamente homólogos a la secuencia meta correspondiente para mejorar la probabilidad de recombinación homóloga. Los elementos integracionales pueden ser cualquier secuencia que es homóloga a la secuencia meta en el genoma de la célula huésped. Además, los elementos integracionales pueden ser secuencias de nucleótidos codificantes o no codificantes. Por otro lado, el vector se puede integrar en el genoma de la célula huésped por recombinación no homóloga.

[0149] Para replicación autónoma, el vector puede comprender además un origen de replicación que permite al vector replicarse de manera autónoma en la célula huésped en cuestión. Ejemplos de orígenes bacterianos de replicación son los orígenes de replicación de los plásmidos pBR322; pUC19; pACYC177, y pACYC184 que permiten la replicación en *E. coli*, y pUB110; pE194; pTA1060, y pAMß1 permitiendo la replicación en *Bacillus*. Ejemplos de orígenes de replicación para usar en una célula huésped de levadura son el origen de replicación de 2 micras, ARS1, ARS4, la combinación de ARS1 y CEN3, y la combinación de ARS4 y CEN6. El origen de replicación puede ser uno con una mutación que hace su funcionamiento termosensible en la célula huésped (ver, por ejemplo, Ehrlich, 1978, Proceedings of the National Academy of Sciences USA 75: 1433).

[0150] Más de una copia de una secuencia de nucleótidos de la presente invención se puede insertar en la célula huésped para aumentar la producción del producto génico. Un aumento en el número de copias de la secuencia de nucleótidos puede ser obtenido integrando al menos una copia adicional de la secuencia en el genoma de la célula huésped o incluyendo un gen marcador seleccionable amplificable con la secuencia de nucleótidos donde células que contienen copias amplificadas del gen marcador seleccionable, y por tanto copias adicionales de la secuencia de nucleótidos, se pueden seleccionar por cultivo de las células en presencia del agente seleccionable apropiado.

[0151] Los procedimientos usados para enlazar los elementos anteriormente descritos para construcción de los

vectores de expresión recombinantes de la presente invención se conocen por un experto en la materia (ver, por ejemplo, *Sambrook* et al., 1989, *supra*).

[0152] Células huéspedes: la presente invención también se refiere a un hongo de fermentación recombinante, o una célula huésped que comprende el constructo de ácidos nucleicos de la invención, que son ventajosamente usados en la producción recombinante de los polipéptidos en el sitio. Un vector que comprende una secuencia de nucleótidos de la presente invención se introduce en una célula huésped de modo que el vector es mantenido como un integrante cromosómico o como un vector extracromosómico que se duplica como se ha descrito anteriormente.

[0153] La célula huésped es una célula fúngica. "Hongos" como se utiliza en este caso incluye el filo *Ascomycota*, *Basidiomycota*, *Chytridiomycota* y *Zygomycota* (como se define por Hawksworth et al., en, Ainsworth and Bisby's Dictionary of The Fungi, 8th edition, 1995, CAB International, University Press, Cambridge, UK) al igual que *Oomycota* (como se cita en el Hawksworth *et al*., 1995, *supra*, página 171) y todos los hongos mitospóricos (Hawksworth et al., 1995, *supra*).

[0154] En una forma de realización más preferida, la célula huésped fúngica es una célula fúngica filamentosa. "Hongos filamentosos" incluyen todas las formas filamentosas de la subdivisión *Eumycota* y *Oomycota* (como se define por Hawksworth *et al*., 1995, *supra*). Los hongos filamentosos se caracterizan por una pared micelial compuesta por quitina, celulosa, glucano, quitosano, manano, y otros polisacáridos complejos. El crecimiento vegetativo es por alargamiento hifal y el catabolismo de carbono es estrictamente aeróbico.

[0155] En una forma de realización preferida, la célula huésped fúngica filamentosa es una célula de hongos termofílicos o termotolerantes tales como una especie dentro de *Ascomycotina*, *Basidiomycotina*, *Zygomycota* o *Chytridiomycota*, en particular una especie en el grupo consistente en *Chaetomium*, *Thermoascus*, *Malbranchea*, o *Thielavia*, tal como *Thielavia terrestris* o *Trichophaea*. Incluso de forma más preferible la célula huésped es una cepa de *Trichophaea saccata* o *Humicola*, tal como *H.insolens*.

[0156] Células fúngicas se pueden transformar por un proceso que implica la formación de protoplastos, transformación de los protoplastos, y regeneración de la pared celular en cierto modo conocido *per se*. Procedimientos adecuados para transformación de células huésped de *Aspergillus* son descritos en EP 238 023 y Yelton et al., 1984, Proceedings of the National Academy of Sciences USA 81: 1470-1474. Métodos adecuados para transformar especies de *Fusarium* son descritos por Malardier et al., 1989, Gene 78: 147- 156 y WO 96/00787. La levadura se puede transformar utilizando los procedimientos descritos por Becker y Guarente, en Abelson, J.N. y Simon, M.I., editors, Guide to Yeast Genetics and Molecular Biology, Methods in Enzymology, volumen 194, págs 182-187, Academic Press, Inc., New York ; Ito et al., 1983, Journal of Bacteriology 153: 163; e Hinnen et al., 1978, Proceedings of the National Academy of Sciences USA 75: 1920.

Expresión de las enzimas en plantas

[0157] Una secuencia de ADN que codifica un polipéptido de interés, tal como una enzima híbrida o una variante de una enzima de tipo salvaje o un híbrid de la presente invención, puede ser transformada y expresada en plantas transgénicas como se describe abajo.

[0158] La planta transgénica puede ser dicotiledónea o monocotiledónea para abreviar una dicot o una monocot. Ejemplos de plantas monocot son hierbas, tales como hierbas de prados (poa pratense, Poa), hierba para forraje tal como *Festuca*, *Lolium*, césped templado, tal como *Agrostis*, y cereales, por ejemplo, trigo, avena, centeno, cebada, arroz, sorgo y maíz (maíz).

[0159] Ejemplos de plantas dicot son tabaco, legumbres, tales como altramuces, patata, remolacha azucarera, guisante, judía y semilla de soja, y plantas crucíferas (familia *Brassicaceae*), tales como coliflor, colza y el organismo tipo tan cercanamente relacionado *Arabidopsis thaliana*.

[0160] Ejemplos de partes de planta son varilla, callo, hojas, raíz, frutas, semillas, y tubérculos al igual que los tejidos individuales que comprenden estas partes, por ejemplo, epidermis, mesófilo, parénquima, tejidos vasculares, meristemas. En el presente contexto, los compartimentos celulares específicos de planta, tales como cloroplasto, apoplasto, mitocondria, vacuola, peroxisomas y citoplasma se consideran como parte de una planta. Además, cualquier célula vegetal, cualquiera que sea el origen del tejido, se considera como parte de planta. Asimismo, partes de planta tales como tejidos específicos y células aisladas para facilitar la utilización de la invención se consideran también partes de planta, por ejemplo, embriones, endospermas, aleurona y revestimientos de semillas.

[0161] También están incluidas dentro del campo de la invención la progenie de tales plantas, partes de planta y células vegetales.

[0162] La planta transgénica o célula vegetal que expresa el polipéptido de interés se puede construir conforme a

métodos conocidos en la técnica. En resumen, la planta o célula vegetal se construye por incorporación de uno o varios constructos de expresión que codifican el polipéptido de interés en el genoma huésped de planta y propagan la planta modificada resultante o célula vegetal en una planta transgénica o célula vegetal.

[0163] Convenientemente, el constructo de expresión es un constructo de ADN que comprende un gen que codifica el polipéptido de interés en la asociación operable con secuencias reguladoras apropiadas requeridas para la expresión del gen en la planta o parte de planta de elección. Además, el constructo de expresión puede comprender una etiqueta seleccionable útil para identificación de células huésped en las que se han integrado el constructo de expresión y secuencias de ADN necesarias para la introducción del constructo en la planta en cuestión (la último depende del método de introducción de ADN por ser usado).

[0164] La elección de secuencias reguladoras, tales como secuencias promotoras y terminadoras y opcionalmente secuencias de señal o tránsito se determina, por ejemplo, basándose en cuando, donde y como se desea expresar la enzima. Por ejemplo, la expresión del gen que codifica la enzima de la invención puede ser constitutiva o inducible, o puede ser tejido específico, desarrollable, fase y el producto génico puede estar dirigido a un compartimento específico de célula, tejido o parte de planta tales como semillas u hojas. Secuencias reguladoras son, por ejemplo, descritas por Tague et al, Plant Phys., 86, 506, 1988.

[0165] Para la expresión constitutiva se pueden usar el 35S-CaMV, la ubiquitina-1 de maíz y el promotor de actina 1 de arroz (Franck et al. 1980. Cell 21: 285-294, Christensen AH, Sharrock RA and Quail 1992. Genes de poliubiquitina de maíz: estructura, perturbación térmica de expresión y empalme de transcripción, y actividad promotora después de la transferencia a protoplastos por electroporación. Planta Mo. Biol. 18, 675-689.; Zhang W, McElroy D. y Wu R 1991, Analysis of rice Act1 5' region activity in transgenic rice plants. Plant Cell 3,1155-1165). Promotores organoespecíficos pueden, por ejemplo, ser un promotor de tejidos sumideros de almacenamiento tales como semillas, tubérculos de patata, y frutas (Edwards & Coruzzi, 1990. Annu. Rev. Genet. 24: 275-303), o de tejidos sumidero metabólicos tales como meristemas (Ito et al., 1994, Plant Mol. Biol. 24: 863-878), un promotor específico de semilla como la glutelina, prolamina, globulina o promotor de albúmina de arroz (Wu et al., Plant and Cell Physiology Vol. 39, nº 8 págs. 885-889 (1998), un promotor de *Vicia faba* de la legumbre B4 y el gen de proteína de semilla desconocida de *Vicia faba* descrito por Conrado U. et al, Journal of Plant Physiology Vol. 152, nº 6, pp. 708-711 (1998), un promotor de una proteína del cuerpo de aceite de semilla (Chen et al., Plant and Cell Physiology, Vol. 39, nº 9, págs. 935-941 (1998), el promotor de napA de la proteína de almacenamiento *Brassica napus*, o cualquier otro promotor específico de semilla conocido en la técnica, por ejemplo, como se describe en WO 91/14772. Además, el promotor puede ser un promotor específico de hoja tal como el promotor de rbcs de arroz o tomate (Kyozuka et al., Plant Physiology, Vol. 102, nº 3, págs. 991-1000 (1993), el promotor de gen de adenina metiltransferasa del virus de chlorella (Mitra, A. and Higgins, DW, Plant Molecular Biology, Vol. 26, nº 1, págs. 85-93 (1994), o el promotor de gen aldP de arroz (Kagaya et al., Molecular and General Genetics, Vol. 248, nº 6, págs. 668-674 (1995), o un promotor inducible por herida como el promotor de patata pin2 (Xu et al, Plant Molecular Biology, Vol. 22, nº 4, págs. 573-588 (1993). Asimismo, el promotor puede ser inducible por tratamientos abióticos tales como temperatura, sequía o alteraciones en la salinidad o inducidas por sustancias aplicadas exógenamente que activan el promotor, por ejemplo, etanol, estrógenos, hormonas vetegales como etileno, ácido abscísico y ácido giberélico y metales pesados.

[0166] Un elemento intensificador del promotor se puede utilizar para conseguir expresión más alta de la enzima en la planta. Por ejemplo, el elemento intensificador del promotor puede ser un intrón que es colocado entre el promotor y la secuencia de nucleótidos que codifica la enzima. Por ejemplo, Xu et al. *op cit* revelan el uso del primer intrón del gen de actina de arroz 1 para mejorar la expresión.

[0167] El gen marcador seleccionable y cualquiera de las otras partes del constructo de expresión se pueden elegir de aquellos disponibles en la técnica.

[0168] El constructo de ADN se incorpora en el genoma vegetal según técnicas convencionales conocidas en la técnica, incluyendo transformación mediada por *Agrobacterium*, transformación mediada por virus, micro inyección, bombardeo de partícula, transformación biolística, y electroporación (Gasser et al, Science, 244,1293; Potrykus, Bio/Techn. 8, 535,1990; Shimamoto et al, Nature, 338, 274,1989).

[0169] Actualmente, la transferencia de gen mediado por Agrobacterium tumefaciens es el método de elección para generar las dicots transgénicas (para revisión Hooykas & Schilperoort, 1992, Plant Mol. Biol., 19: 15-38), y también puede usarse para transformar monocots, aunque frecuentemente se usan otros métodos de transformación para estas plantas. Actualmente, el método de elección para generar monocots transgénicas que complementan la aproximación de Agrobacterium es bombardeo de partícula (partículas de tungsteno u oro microscópico recubiertas con el ADN en transfomación) de callos embrionarios o embriones en desarrollo (Christou, 1992, Plant J., 2: 275-281; Shimamoto, 1994, Curr. Opin. Biotecnol., 5: 158-162; Vasil et al., 1992, Bio/Technology 10: 667-674). Un método alternativo para transformación de monocots se basa en transformación de protoplasto como se describe por Omirulleh S, et al., Plant Molecular Biology, Vol. 21, nº 3, págs. 415-428 (1993).

[0170] Después de la transformación, los transformantes que han incorporado el constructo de expresión se seleccionan y regeneran en plantas enteras según métodos bien conocidos en la técnica. Frecuentemente el procedimiento de transformación se diseña para la eliminación selectiva de genes de selección bien durante la regeneración o en las siguientes generaciones usando, por ejemplo, cotransformación con dos constructos de T-ADN separados o escisión específica de sitio del gen de selección por una recombinasa específica.

Tratamiento de almidón

[0171] El polipéptido del primer, segundo y tercer aspecto se puede utilizar en un proceso para licuar almidón, donde un sustrato de almidón granulado o gelatinizado se trata en el medio acuoso con la enzima híbrida. El polipéptido del primer, segundo y/o tercer aspecto también se puede usar en un proceso para sacarificación de un sustrato de almidón licuado. Un uso preferido está en un proceso de fermentación donde un sustrato de almidón es licuado y/o sacarificado en presencia del polipéptido del primer, segundo y/o tercer aspecto para producir glucosa y/o maltosa adecuada para conversión en un producto de fermentación por un organismo fermentativo, preferiblemente una levadura. Tales procesos de fermentación incluyen un proceso para producir etanol para combustible o etanol potable (alcohol portátil), un proceso para producir una bebida, un proceso para producir compuestos orgánicos deseados, tales como ácido cítrico, ácido itacónico, ácido láctico, ácido glucónico, gluconato de sodio, gluconato de calcio, gluconato de potasio, glucono delta lactona, o eritorbato de sodio; cetonas; aminoácidos, tal como ácido glutámico (monoglutaminato de sodio), pero también compuestos más complejos tales como antibióticos, tales como penicilina, tetraciclina; enzimas; vitaminas, tales como riboflavina, B12, beta-caroteno; hormonas, que son difíciles de producir sintéticamente.

[0172] El almidón por ser procesado puede ser una calidad de almidón altamente refinado, preferiblemente al menos una pureza de 90%, al menos 95%, al menos 97% o al menos 99,5% o puede ser un almidón más crudo que contiene material que comprende grano entero molido incluyendo fracciones no amiláceas tales como residuos de germen y fibras. La materia prima, tal como grano entero, se muele en orden para descubrir la estructura y permitir el tratamiento ulterior. Dos procesos de la molienda se prefieren según la invención: molienda en seco y mojada. También se puede aplicar sémola de maíz, y sémola de maíz preferiblemente molida.

[0173] El grano molido seco además del almidón comprende cantidades significativas de compuestos de carbohidrato sin almidón. Cuando tal material heterogéneo se procesa por cocción de chorro frecuentemente solo se consigue una gelatinización parcial del almidón. Como los polipéptidos de la invención tienen una actividad alta hacia el almidón no gelatinizado los polipéptidos son aplicados ventajosamente en un proceso que comprende almidón molido seco cocinado a chorro por licuefacción y/o sacarificación.

[0174] Además, debido a la actividad de hidrólisis superior del polipéptido del primer aspecto se reduce inmensamente la necesidad de glucoamilasa durante el paso de sacarificación. Esto permite la realización de sacarificación a niveles muy bajos de actividad de glucoamilasa y preferiblemente la actividad de glucoamilasa está o bien ausente o presente, entonces presente en una cantidad de no más de o incluso menor que 0.5 AGU/g DS, de forma más preferible no más de o incluso menor que 0.4 AGU/g DS, incluso de forma más preferible no más de o incluso menor que 0.3 AGU/g DS, y de la forma más preferible menor que 0.1 AGU, de forma tal que no más de o incluso menor que 0.05 AGU/g DS de sustrato de almidón. Expresada en mg la proteína enzimática, la enzima que tiene actividad de glucoamilasa está o bien ausente o presente en una cantidad de no más de o incluso menor que 0.5 mg EP/g DS, de forma más preferible no más de o incluso menor que 0.4 mg EP/g DS, incluso de forma más preferible no más de o incluso menor que 0.3 mg EP/g DS, y de la forma más preferible no más de o incluso menor que 0.1 mg EP/g DS, tal como no más de o incluso menor que 0.05 mg EP/g DS o no más de o incluso menor que 0.02 mg EP/g DS de sustrato de almidón. La glucoamilasa puede preferiblemente derivar de una cepa dentro de *Aspergillus sp*. *Talaromyces sp*., *Pachykytospora sp*. o *Trametes sp*., de forma más preferible de *Aspergillus niger*, *Talaromyces emersonii*, *Trametes cingulata* o *Pachykytospora papiracea*.

[0175] Nuevamente debido a la actividad de hidrólisis superior del polipéptido del primer aspecto la necesidad de alfa-amilasa en el paso de licuefacción y/o sacarificación es inmensamente reducida. Expresado en mg de el polipéptido de proteína enzimática del primer aspecto se puede dosificar en cantidades de no más de o incluso menor que 0.5 mg EP/g DS, de forma más preferible no más de o incluso menor que 0.4 mg EP/g DS, incluso de forma más preferible no más de o incluso menor que 0.3 mg EP/g DS, y de la forma más preferible no más de o incluso menor que 0.1 mg EP/g DS, tal como no más de o incluso menor que 0.05 mg EP/g DS o no más de o incluso menor que 0.02 mg EP/g DS de sustrato de almidón. El polipéptido del primer aspecto se puede dosificar en cantidades de 0.05 a 10.0 AFAU/g DS, preferiblemente 0.1 a 5.0 AFAU/g DS, de forma más preferible de 0.25 a 2.5 AFAU/g DS de almidón. El proceso puede comprender; a) la puesta en contacto de un sustrato de almidón con un polipéptido que comprende un módulo catalítico con actividad de alfa-amilasa y un módulo de unión a carbohidratos, p. ej, el polipéptido del primer aspecto; b) incubación de dicho sustrato de almidón con dicho polipéptido durante un tiempo y a una temperatura suficiente para conseguir la conversión de al menos 90%, o al menos 92%, al menos 94%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98%, al menos 99%, al

menos 99.5% p/p de dicho sustrato de almidón en azúcares fermentables; c) fermentación para producir un producto de fermentación, d) opcionalmente recuperación del producto de fermentación. Durante los pasos del proceso b) y/o c) una enzima con actividad de glucoamilasa está o bien ausente o presente en una cantidad de 0,001 a 2,0 AGU/g DS, de 0,01 a 1,5 AGU/g DS, de 0,05 a 1,0 AGU/g DS, de 0,01 a 0.5 AGU/g DS. Preferiblemente la enzima con actividad de glucoamilasa está o bien ausente o presente en una cantidad de no más de o incluso menor que 0.5 AGU/g DS, de forma más preferible no más de o incluso menor que 0.4 AGU/g DS, incluso de forma más preferible no más de o incluso menor que 0.3 AGU/g DS, y de la forma más preferible no más de o incluso menor que 0.1 AGU, tal como no más de o incluso menor que 0.05 AGU/g DS de sustrato de almidón. Expresado en mg de proteína enzimática la enzima con actividad de glucoamilasa está o bien ausente o presente en una cantidad de no más de o incluso menor que 0.5 mg EP/g DS, de forma más preferible no más de o incluso menor que 0.4 mg EP/g DS, incluso de forma más preferible no más de o incluso menor que 0.3 mg EP/g DS, y de la forma más preferible no más de o incluso menor que 0.1 mg EP/g DS, tal como no más de o incluso menor que 0.05 mg EP/g DS o no más de o incluso menor que 0.02 mg EP/g DS de sustrato de almidón. En el proceso el paso a, b, c, y/o d se puede realizar separada o simultáneamente.

[0176] En otro aspecto el proceso puede comprender; a) la puesta en contacto de un sustrato de almidón con una célula de levadura transformada para expresar un polipéptido que comprende un módulo catalítico con actividad de alfa-amilasa y un módulo de unión a carbohidratos, p. ej, el polipéptido del primer y/o segundo aspecto; b) incubación de dicho sustrato de almidón con dicha levadura durante un tiempo y a una temperatura suficiente para conseguir la conversión de al menos 90% p/p de dicho sustrato de almidón en azúcares fermentables; c) fermentación para producir etanol; d) opcionalmente recuperación de etanol. Los pasos a, b, y c se pueden realizar separada o simultáneamente.

[0177] En otro aspecto adicional el proceso que comprende la hidrólisis de un lodo de almidón granulado o gelatinizado, en particular hidrólisis de almidón granulado en un hidrolizado de almidón soluble a una temperatura inferior a la temperatura de gelatinización inicial de dicho almidón granulado. Además de ser contactado con un polipéptido que comprende un módulo catalítico con actividad de alfa-amilasa y un módulo de unión a carbohidratos, por ejemplo, el polipéptido del primer aspecto, el almidón se puede contactar con una enzima seleccionada del grupo consistente en; una alfa-amilasa fúngica (EC 3.2.1.1), una beta-amilasa (E.C. 3.2.1.2), y una glucoamilasa (E.C.3.2.1.3). En una forma de realización adicional se pueden añadir una alfa-amilasa bacteriana o una enzima desramificante, tal como una isoamilasa (E.C. 3.2.1.68) o unas pululanasas (E.C. 3.2.1.41). En el contexto de la presente invención una alfa-amilasa bacteriana es una alfa-amilasa tal y como se define en WO 99/19467 en la página 3, línea 18 a página 6, línea 27.

[0178] En una forma de realización el proceso se realiza a una temperatura inferior a la temperatura de gelatinización inicial.
Preferiblemente la temperatura en la que los procesos son realizados es al menos 30°C, al menos 31°C, al menos 32°C, al menos 33°C, al menos 34°C, al menos 35°C, al menos 36°C, al menos 37°C, al menos 38°C, al menos 39°C, al menos 40°C, al menos 41°C, al menos 42°C, al menos 43°C, al menos 44°C, al menos 45°C, al menos 46°C, al menos 47°C, al menos 48°C, al menos 49°C, al menos 50°C, al menos 51°C, al menos 52°C, al menos 53°C, al menos 54°C, al menos 55°C, al menos 56°C, al menos 57°C, al menos 58°C, al menos 59°C, o preferiblemente al menos 60°C. El pH en el que se realiza el proceso puede estar en la gama de 3.0 a 7.0, preferiblemente de 3.5 a 6.0, o de forma más preferible de 4.0-5.0. En una forma de realización preferida el proceso comprende fermentación, p. ej con una levadura para producir etanol, por ejemplo, a una temperatura alrededor de 32°C, tal como de 30 a 35°C.

[0179] En otra forma de realización preferida el proceso comprende sacarificación y fermentación simultáneas , p. ej con una levadura para producir etanol, u otro organismo de fermentación adecuado para producir un compuesto orgánico deseado, tal como a una temperatura de 30 a 35°C, por ejemplo, a alrededor de 32°C.

[0180] En los procesos de fermentación anteriores el contenido de etanol alcanza al menos 7%, al menos 8%, al menos 9%, al menos 10%, al menos 11%, al menos 12%, al menos 13%, al menos 14%, al menos 15% tal como al menos 16% etanol.

[0181] El lodo de almidón por ser usado en cualquiera de los aspectos anteriores puede tener 20-55% de almidón granulado
sólido seco, preferiblemente 25-40% de almidón granulado sólido seco, de forma más preferible 30-35% de almidón granulado sólido seco. Después de ser contactado con el polipéptido que comprende un módulo catalítico con actividad de alfa-amilasa y un módulo de unión a carbohidratos, p. ej, el polipéptido del primer aspecto al menos 85%, al menos 86%, al menos 87%, al menos 88%, al menos 89%, al menos 90%, al menos 91%, al menos 92%, al menos 93%, al menos 94%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98%, o preferiblemente al menos 99% de los sólidos secos del almidón granulado se convierten en un hidrolizado de almidón soluble.

[0182] En otra forma de realización preferida el polipéptido que comprende un módulo catalítico con actividad de alfa-amilasa y un módulo de unión a carbohidratos, p. ej, el polipéptido del primer aspecto, se usa en un proceso

para licuefacción, sacarificación de un almidón gelatinizado, por ejemplo, pero no limitado a gelatinización por cocción de chorro. El proceso puede comprender fermentación para producir un producto de fermentación, por ejemplo, etanol. Tal proceso para producir etanol a partir de material que contiene almidón por fermentación comprende: (i) licuar dicho material que contiene almidón con un polipéptido que comprende un módulo catalítico con actividad de alfa-amilasa y un módulo de unión a carbohidratos, p. ej, el polipéptido del primer aspecto; (ii) sacarificar el macerado licuado obtenido; (iii) fermentar el material obtenido en el paso (ii) en presencia de un organismo de fermentación. Opcionalmente el proceso comprende además la recuperación del etanol. La sacarificación y fermentación se pueden realizar como un proceso de sacarificación y fermentación simultáneas (SSF proceso). Durante la fermentación el contenido de etanol alcanza al menos 7%, al menos 8%, al menos 9%, al menos 10% tal como al menos 11%, al menos 12%, al menos 13%, al menos 14%, al menos 15% tal como al menos 16% de etanol.

[0183] El almidón por ser procesado en los procesos de los aspectos anteriores puede en particular ser obtenido de tubérculos, raíces, varillas, legumbres, cereales o grano entero. Más específicamente el almidón granulado puede ser obtenido de granos, mazorcas, trigo, cebada, centeno, sorgo, sagú, mandioca, tapioca, sorgo, arroz, guisantes, judía, plátano o patatas. Especialmente contemplados están ambos tipos de maíz y cebada, cerosos y no cerosos.

[0184] La invención también se refiere a una composición que comprende el polipéptido del primer y/o segundo aspecto. En una forma de realización particularmente preferida, la composición comprende un polipéptido del primer aspecto, siendo dicho polipéptido seleccionado del grupo consistente en V001; V002; V003; V004; V005; V006; V007; V008; V009; V010; V011; V012; V013; V014; V015; V016; V017; V018; V019; V021; V022; V023; V024; V025; V026; V027; V028; V029; V030; V031; V032; V033; V034; V035; V036; V037; V038; V039; V040; V041; V042; V043; V047; V048; V049; V050; V051; V052; V054; V055; V057; V059; V060; V061; V063; V064; V065; V066; V067; V068 y V069. La composición puede comprender además una enzima seleccionada del grupo que comprende; una alfa-amilasa fúngica (EC 3.2.1.1), una beta-amilasa (E.C. 3.2.1.2), una glucoamilasa (E.C.3.2.1.3) y unas pululanasas (E.C. 3.2.1.41). La glucoamilasa puede preferiblemente derivar de una cepa de *Aspergillus* sp., tal como *Aspergillus niger*, o de una cepa de *Talaromyces sp*. y en particular derivada de *Talaromyces leycettanus* como la glucoamilasa descrita en la patente estadounidense nº. Re. 32, 153, *Talaromyces duponti* y/o *Talaromyces thermopiles* tales como las glucoamilasas descritas en la patente estadounidense nº 4,587,215 y de forma más preferible derivada de *Talaromyces emersonii*. De la forma más preferible la glucoamilasa es derivada de la cepa *Talaromyces emersonii* CBS 793.97 y/o con la secuencia descrita como SEC ID nº: 7 en WO 99/28448. Más preferida es una glucoamilasa que tiene una secuencia de aminoácidos con al menos 50%, al menos 60%, al menos 70%, al menos 80%, al menos 90% o incluso al menos 95% de homología con la secuencia de aminoácidos ya mencionada. Una preparación comercial de Talaromyces glucoamilasa se suministra por Novozymes A/S como combustible de SPIRIZYME.

[0185] También preferidos para una composición que comprende el polipéptido del primer y/o segundo aspecto y una glucoamilasa son los polipéptidos con actividad de glucoamilasa que se derivan de una cepa del género *Trametes*, preferiblemente *Trametes cingulata*. Más preferidos son los polipéptidos con actividad de glucoamilasa y con al menos 50%, al menos 60%, al menos 70%, al menos 80%, al menos 90% o incluso al menos 95% de homología con aminoácidos para aminoácidos de polipéptido maduro 1 a 575 de SEC ID nº: 5 en la solicitud de patente estadounidense nº 60/650,612.

[0186] También se prefieren para una composición que comprende el polipéptido del primer y/o segundo aspecto y una glucoamilasa polipéptidos con actividad de glucoamilasa que son derivadas de una cepa del género *Pachykytospora*, preferiblemente, *Pachykytospora papiracea* o la cepa de *E. coli* depositada en DSMZ y a la que se ha dado el nº DSM 17105. Más preferidos son polipéptidos con actividad de glucoamilasa y que tienen al menos 50%, al menos 60%, al menos 70%, al menos 80%, al menos 90% o incluso al menos 95% de homología con aminoácidos para aminoácidos 1 a 556 de polipéptido maduro de la SEC ID nº: 2 de en la solicitud de patente estadounidense nº 60/650,612.

[0187] La composición anteriormente descrita se puede utilizar para licuar y/o sacarificar un almidón gelatinizado o granulado, al igual que un almidón parcialmente gelatinizado. Un almidón parcialmente gelatinizado es un almidón que hasta cierto punto es gelatinizado, es decir, donde parte del almidón está irreversiblemente aumentada y gelatinizada y parte del almidón sigue estando presente en un estado granuloso.

[0188] La composición anteriormente descrita puede comprender preferiblemente alfa-amilasa ácida presente en una cantidad de 0,01 a 10 AFAU/g DS, preferiblemente 0,1 a 5 AFAU/g DS, de forma más preferible 0,5 a 3 AFAU/AGU, y de la forma más preferible 0,3 a 2 AFAU/g DS. La composición se puede aplicar en cualquiera de los procesos de almidón anteriormente descritos.

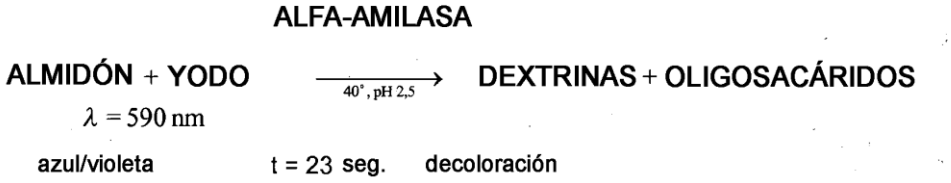
Ejemplos

Materiales y métodos

Determinación de actividad de alfa-amilasa ácida

[0189] Cuando se usa según la presente invención la actividad de cualquier alfa-amilasa ácida se puede medir en AFAU (unidades de alfa-amilasa fúngica ácida), que se determinan con respecto a un estándar enzimático. 1 AFAU se define como la cantidad de enzima que degrada 5,260 mg sustancia seca de almidón por hora bajo las condiciones estándar mencionadas abajo.

[0190] La alfa-amilasa ácida, es decir, la alfa-amilasa estable en ácido, una endo-alfa-amilasa (1,4-alfa- D-glucan-glucano-hidrolasa, E.C. 3,2,1,1) hidroliza enlaces alfa-1,4-glucosidicos en las regiones internas de la molécula de almidón para formar dextrinas y oligosacáridos con diferentes longitudes de cadena. La intensidad de color formada con yodo es directamente proporcional a la concentración de almidón. La actividad de amilasa se determina utilizando colorimetría inversa como una reducción en la concentración de almidón bajo las condiciones analíticas especificas.



Condiciones estándar/condiciones de reacción:

Sustrato:	almidón soluble, aprox. 0.17 g/L
Tampón:	citrato, aprox. 0.03 M
Yodo (I2):	0.03 g/L
CaCl2:	1.85 mM
pH:	2.50 ± 0.05
Temperatura de incubación:	40°C
Tiempo de reacción:	23 segundos
Longitud de onda:	590 nm
Concentración enzimática:	0.025 AFAU/mL
Gama de trabajo de enzima:	0.01-0.04 AFAU/mL

[0191] Una carpeta EB-SM-0259,02/01 que describe este método analítico con más detalle está disponible bajo pedido a Novozymes A/S, Dinamarca, esta carpeta está incluida por la presente por referencia.

Actividad de glucoamilasa

[0192] La actividad de glucoamilasa se puede medir en las unidades de amiloglucosidasa (AGU). La AGU se define como la cantidad de enzima, que hidroliza 1 micromol de maltosa por minuto bajo las condiciones estándar 37°C, pH 4.3, sustrato: maltosa 23.2 mM, tampón: acetato 0.1 M, tiempo de reacción 5 minutos.

[0193] Se puede utilizar un sistema autoanalizador. La mutarotasa se añade al reactivo de glucosa deshidrogenasa de modo que cualquier alfa-D-glucosa presente se convierte en beta-D-glucosa. La glucosa deshidrogenasa reacciona específicamente con beta-D-glucosa en la reacción mencionada anteriormente, formando NADH que se determina usando un fotómetro a 340 nm como una medida de la concentración de glucosa original.

Incubación de AMG:	
Sustrato:	maltosa 23.2 mM
Tampón:	acetato 0.1 M
Ph:	4.30 ± 0.05
Incubación Temperatura:	37°C ± 1
Tiempo de reacción:	5 minutos
Gama de trabajo de enzima:	0.5-4.0 AGU/mL

Reacción de color:	
GlucDH:	430 U/L
Mutarotasa:	9 U/L
NAD:	0.21 mM
Tampón:	fosfato 0.12 M; 0.15 M NaCl
pH:	7.60 ± 0.05
Temperatura de incubación:	37°C ± 1
Tiempo de reacción:	5 minutos
Longitud de onda:	340 nm

[0194] Una carpeta (EB-SM-0131,02/01) que describe este método analítico con más detalle está disponible a solicitud de Novozymes A/S, Dinamarca, esta carpeta se incluye por la presente por referencia.

Cepas y plásmidos

[0195] *E. coli* DH12S (disponible de Gibco BRL) fue usado para rescate de plásmido de levadura.

[0196] pLA1 es un vector transportador de *S. cerevisiae* y E. coli bajo el control del promotor TPI, construido de pJC039 descrito en WO 01/92502. La secuencia de señal de alfa-amilasa ácida de *Aspergillus niger*, el gen de alfa-amilasa ácida de *Aspergillus niger* (SEC ID nº: 1) y la secuencia parcial de genes de glucoamilasa *Athelia rolfsii* que comprende el enlazador (SEC ID nº: 67) y el CBM (SEC ID nº: 91) ha sido insertado. La secuencia completa del plásmido se da en SEC ID nº: 103. El gen de alfa-amilasa es la secuencia de 5029 a 6468, el enlazador es la secuencia de 6469 a 6501 y el CBM es la secuencia de 6502 a 6795. El vector fue usado para construcción híbrida de CBM de alfa-amilasa.

[0197] *Saccharomyces cerevisiae* YNG318: MATa Dpep4[cir+]] ura3-52, leu2-D2, his 4-539 fue usado para expresión de variantes de alfa-amilasa. Se describe en J. Biol. Chem. 272 (15), págs 9720- 9727, 1997.

Medios y sustratos

[0198]

10X solución Basal: base nitrogenada de levadura sin aminoácidos (Difco) 66.8 g/l, succinato 100 g/l, NaOH 60 g/l.

[0199] SC-Glucosa: 20% glucosa (es decir, una concentración final de 2% = 2 g/100ml)) 100 ml/l, 5% treonina 4 ml/l, 1% triptófano 10 ml/l, 20% ácidos de casamino 25 ml/l, 10 X solución basal 100 ml/l. La solución es esterilizada utilizando un filtro de un tamaño de poros de 0.20 micrómetros. Agar y H_2O (aprox. 761 ml) se someten a autoclave juntos, y la solución de glucosa SC esterilizada separadamente se añade a la solución de agar.

YPD: bacto-peptona 20 g/l, extracto de levadura 10 g/l, 20% glucosa 100 ml/l.
Solución PEG/LiAc: 40% PEG4000 50 ml, 5 M acetato de litio 1 ml

Manipulaciones de ADN

[0200] A menos que se declare lo contrario, las transformaciones y manipulaciones de ADN fueron realizadas utilizando métodos estándar de biología molecular como se describe en Sambrook et al. (1989) Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Lab., Cold Spring Harbor, NY; Ausubel, F. M. et al. (eds.), "Current Protocols in Molecular Biology" John Wiley and Sons, 1995; Harwood, C. R. and Cutting, S. M. (eds.).

Transformación de levadura

[0201] La transformación de levadura se efectuó por el método de acetato de litio. Mezcla 0.5 microL de vector (digerida por endonucleasas de restricción) y 1 microL de fragmentos de PCR. Descongelar células competentes YNG318 en hielo. Mezclar 100 microL de las células, la mezcla de ADN y 10 microL de ADN portador (Clontech) en 12 ml de tubos de polipropileno (Falcon 2059). Añadir 0.6 ml de solución PEG/LiAc y mezclar suavemente. Incubar durante 30 min a 30°C, y 200 r.p.m. Incubar durante 30 min a 42°C (golpe de calor). Transferir a un tubo de eppendorf y centrifugar durante 5 seg. Eliminar el sobrenadante y reducir en 3 ml de YPD. Incubar la suspensión celular durante 45 min a 200 r.p.m. a 30°C. Verter la suspensión en placas de glucosa SC e incubar a 30°C durante 3 días para hacer colonias. Se extrajo el ADN total de levadura por el método Robzyk y Kassir's descrito en Nucleic Acids Research, Vol. 20, nº 14 (1992) 3790.

Secuenciación de ADN

[0202] La transformación de *E. coli* para secuenciación del ADN se efectuó por electroporación (BIO-RAD Gen

pulser).
Los plásmidos de ADN fueron preparados por el método alcalino (Molecular Cloning, Cold Spring Harbor) o con el equipo plásmido Qiagen®. Fragmentos de ADN fueron recuperados de gel de agarosa por el equipo de extracción de gel Qiagen.
El PCR fue realizado utilizando un motor de ADN PTC-200. El analizador genético de ABI PRISM™ 310 fue usado para determinación de todas las secuencias de ADN.

Tabla 2

Aminoácido (AA) y números de secuencias de ADN de dominios catalíticos (CD), enlazadores, módulos de unión de carbohidrato (CBM), plásmidos, y cebadores aplicados. AA es alfa amilasa, GA es glucoamilasa.				
Tipo	Código	Origen de secuencia	SEC ID	
CD	C001	AA de *Aspergillus niger*	SEC ID nº: 1	ADN
CD	C001	AA de *Aspergillus niger*	SEC ID nº: 2	Aa
CD	C002	fungamyl de AA de *Aspergillus oryzae*	SEC ID nº: 3	ADN
CD	C002	fungamyl de AA de *Aspergillus oryzae*	SEC ID nº: 4	Aa
CD	C003	variante de fungamyl de AA de *Aspergillus oryzae*	SEC ID nº: 5	ADN
CD	C003	variante de fungamil de AA de *Aspergillus oryzae*	SEC ID nº: 6	Aa
CD	C004	AA de *Trichophaea saccata*	SEC ID nº: 7	ADN
CD	C004	AA de *Trichophaea saccata*	SEC ID nº: 8	Aa
CD	C005	AA de *Subulispora provurvata*	SEC ID nº: 9	ADN
CD	C005	AA de *Subulispora procurvata*	SEC ID nº: 10	Aa
CD	C006	AA de *Valsaria rubricosa*	SEC ID nº: 11	ADN
CD	C006	AA de *Valsaria rubricosa*	SEC ID nº: 12	Aa
CD	C007	AA de *Thermomyces lanuginosus*	SEC ID nº: 13	ADN
CD	C007	AA de *Thermomyces lanuginosus*	SEC ID nº: 14	Aa
CD	C008	AA de *Acremonium* sp.	SEC ID nº: 15	ADN
CD	C008	AA de *Acremonium* sp.	SEC ID nº: 16	Aa
CD	C009	AA de *Malbranchea* sp.	SEC ID nº: 17	ADN
CD	C009	AA de *Malbranchea* sp.	SEC ID nº: 18	Aa
CD	C010	AA de *Rhizomucor pusillus*	SEC ID nº: 19	ADN
CD	C010	AA de *Rhizomucor pusillus*	SEC ID nº: 20	Aa
CD	C011	AA de *Dichotomocladium hesseltinei*	SEC ID nº: 21	ADN
CD	C011	AA de *Dichotomocladium hesseltinei*	SEC ID nº: 22	Aa
CD	C012	AA de *Meripilus giganteus*	SEC ID nº: 23	ADN
CD	C012	AA de *Meripilus giganteus*	SEC ID nº: 24	Aa
CD	C013	AA de *Stereum* sp.	SEC ID nº: 25	ADN
CD	C013	AA de *Stereum* sp.	SEC ID nº: 26	Aa
CD	C014	*Trametes sp.*	SEC ID nº: 27	ADN
CD	C014	*Trametes sp.*	SEC ID nº: 28	Aa
CD	C015	AA de *censores Coriolus*	SEC ID nº: 29	ADN
CD	C015	AA de *censores Coriolus*	SEC ID nº: 30	Aa
CD	C016	AA de *Dinemasporium* sp.	SEC ID nº: 31	ADN
CD	C016	AA de *Dinemasporium* sp.	SEC ID nº: 32	Aa
CD	C017	AA de *Cryptosporiopsis* sp.	SEC ID nº: 33	ADN
CD	C017	AA de *Cryptosporiopsis* sp.	SEC ID nº: 34	Aa

CD	C018	AA de *Coniochaeta* sp.	SEC ID nº: 35	ADN
CD	C018	AA de *Coniochaeta* sp.	SEC ID nº: 36	Aa
CD	C020	AA de *Diplodia* sp.	SEC ID nº: 37	ADN
CD	C020	AA de *Diplodia* sp.	SEC ID nº: 38	Aa
CD	C021	AA de *Nectria* sp.	SEC ID nº: 39	ADN
CD	C021	AA de *Nectria* sp.	SEC ID nº: 40	Aa
CD	C022	AA de *Gliocladium* sp.	SEC ID nº: 41	ADN
CD	C022	AA de *Gliocladium* sp.	SEC ID nº: 42	Aa
CD	C023	AA de *Streptomyces termocianeoviolaceus*	SEC ID nº: 43	ADN
CD	C023	AA de *Streptomyces termocianeoviolaceus*	SEC ID nº: 44	Aa
Enlazador	C024	GA de *pachykytospora papairacea*	SEC ID nº: 45	ADN
Enlazador	C024	GA de *pachykytospora papairacea*	SEC ID nº: 46	Aa
Enlazador	C025	GA de *Trametes cingulata*	SEC ID nº: 47	ADN
Enlazador	C025	GA de *Trametes cingulata*	SEC ID nº: 48	Aa
Enlazador	C026	GA de *Leucopaxillus gigantus*	SEC ID nº: 49	ADN
Enlazador	C026	GA de L*eucopaxillus gigantus*	SEC ID nº: 50	Aa
Enlazador+CBM	C027	AA de *Trichophaea saccata*	SEC ID nº: 51	ADN
Enlazador+CBM	C027	AA de *Trichophaea saccata*	SEC ID nº: 52	Aa
Enlazador	C028	AA de *Sublispora provurvata*	SEC ID nº: 53	ADN
Enlazador	C028	AA de *sublispora provurvata*	SEC ID nº: 54	Aa
Enlazador	C029	AA de *Valsaria rubricosa*	SEC ID nº: 55	ADN
Enlazador	C029	AA de *Valsaria rubricosa*	SEC ID nº: 56	Aa
Enlazador	C030	AA de *Acremonium sp*.	SEC ID nº: 57	ADN
Enlazador	C030	AA de *Acremonium sp.*	SEC ID nº: 58	Aa
Enlazador	C031	AA de *Meripilus giganteus*	SEC ID nº: 59	ADN
Enlazador	C031	AA de *Meripilus giganteus*	SEC ID nº: 60	Aa
Enlazador	C032	AA de *Bacillus flavothermus* AA enlazador corto	SEC ID nº: 61	ADN
Enlazador	C032	AA de *Bacillus flavothermus* enlazador corto	SEC ID nº: 62	Aa
Enlazador	C033	AA de *Bacillus flavothermus* AA enlazador largo	SEC ID nº: 63	ADN
Enlazador	C033	AA de *Bacillus flavothermus* AA enlazador largo	SEC ID nº: 64	Aa
Enlazador	C034	AA de *Bacillus flavothermus*	SEC ID nº: 65	ADN
Enlazador	C034	AA de *Bacillus flavothermus*	SEC ID nº: 66	Aa
Enlazador	C035	GA de *Athelia rolfsii*	SEC ID nº: 67	ADN
Enlazador	C035	GA de *Athelia rolfsii*	SEC ID nº: 68	Aa
Enlazador	C036	GA de *Aspergillus kawachii*	SEC ID nº: 69	ADN
Enlazador	C036	GA de *Aspergillus kawachii*	SEC ID nº: 70	Aa
Enlazador	C037	GA de *Aspergillus niger*	SEC ID nº: 71	ADN
Enlazador	C037	GA de *Aspergillus niger*	SEC ID nº: 72	Aa
Enlazador	C038	AA de *coniochaeta sp*.	SEC ID nº: 73	ADN
Enlazador	C038	AA de *coniochaeta sp*.	SEC ID nº: 74	Aa
CBM	C039	GA de *pachykytospora papairacea*	SEC ID nº: 75	ADN
CBM	C039	GA de *pachykytospora papairacea*	SEC ID nº: 76	Aa

CBM	C040	GA de *Trametes cingulata*	SEC ID nº: 77	ADN
CBM	C040	GA de *Trametes cingulata*	SEC ID nº: 78	Aa
CBM	C041	GA de *leucopaxillus gigantus*	SEC ID nº: 79	ADN
CBM	C041	GA de *leucopaxillus gigantus*	SEC ID nº: 80	Aa
CBM	C042	AA de *subulispora provurvata*	SEC ID nº: 81	ADN
CBM	C042	AA de *subulispora provurvata*	SEC ID nº: 82	Aa
CBM	C043	AA de *valsaria rubricosa*	SEC ID nº: 83	ADN
CBM	C043	AA de *valsaria rubricosa*	SEC ID nº: 84	Aa
CBM	C044	AA de *Acremonium sp.*	SEC ID nº: 85	ADN
CBM	C044	AA de *Acremonium sp.*	SEC ID nº: 86	Aa
CBM	C045	AA de *Meripilus giganteus*	SEC ID nº: 87	ADN
CBM	C045	AA de *Meripilus giganteus*	SEC ID nº: 88	Aa
CBM	C046	AA de *Bacillus flavothermus*	SEC ID nº: 89	ADN
CBM	C046	AA de *Bacillus flavothermus*	SEC ID nº: 90	Aa
CBM	C047	GA *de Athelia rolfsii*	SEC ID nº: 91	ADN
CBM	C047	GA de *Athelia rolfsii*	SEC ID nº: 92	Aa
CBM	C048	GA de *Aspergillus kawachii*	SEC ID nº: 93	ADN
CBM	C048	GA de *Aspergillus kawachii*	SEC ID nº: 94	Aa
CBM	C049	GA de *Aspergillus niger*	SEC ID nº: 95	ADN
CBM	C049	GA de *Aspergillus niger*	SEC ID nº: 96	Aa
CBM	C050	*coniochaeta sp.*	SEC ID nº: 97	ADN
CBM	C050	*coniochaeta sp.*	SEC ID nº: 98	Aa
Híbrido	V051	híbrido de CD de variante de fungamyl y CBM de GA de *A. rolfsii*	SEC ID nº: 99	ADN
Híbrido	V051	híbrido de CD de variante de fungamyl y CBM de GA de *A. rolfsii*	SEC ID nº: 100	Aa
Híbrido	V019	híbrido de CD de AA de *R. pusillus* AA y CBM de GA de *A. rolfsii*	SEC ID nº: 101	Aa
Híbrido	V022	híbrido de AA de *M. giganteus* AA y CBM de GA de *A. rolfsii*	SEC ID nº: 102	Aa
Plásmido	pLA1	plásmido	SEC ID nº: 103	ADN
Cebador	P001	cebador	SEC ID nº: 104	ADN
Cebador	P002	Cebador	SEC ID nº: 105	ADN
Cebador	P003	Cebador	SEC ID nº: 106	ADN
Cebador	P004	Cebador	SEC ID nº: 107	ADN
CBM		*Zea mays*	SEC ID nº: 108	ADN
CBM		*Zea mays*	SEC ID nº: 109	Aa
CD	C051	*Termoascus sp. II*	SEC ID nº: 110	ADN
CD	C051	AA de *Termoascus sp. II*	SEC ID nº: 111	Aa
CD	C055	AA de *coniochaeta sp. II*	SEC ID nº: 112	ADN
CD	C055	AA de *coniochaeta sp.II*	SEC ID nº: 113	Aa
CD	C052	AA de *Nectria sp.*	SEC ID nº:	ADN

			114	
CD	C052	AA de *Nectria sp.*	SEC ID nº: 115	Aa
CD	C054	AA de *Fusarium sp*.	SEC ID nº: 116	ADN
CD	C054	AA de *Fusarium sp.*	SEC ID nº: 117	Aa
CD	C057	AA de *corrugata Trametes*	SEC ID nº: 118	ADN
CD	C057	AA de *corrugata Trametes*	SEC ID nº: 119	Aa
CD	C059	AA de *Penicillium* sp.	SEC ID nº: 120	ADN
CD	C059	AA de *Penicillium* sp.	SEC ID nº: 121	Aa
CD	C060	AA de *valsaria spartii*	SEC ID nº: 122	ADN
CD	C060	AA de *valsaria spartii*	SEC ID nº: 123	Aa
CD	C061	AA de *Thermoascus aurantiacus*	SEC ID nº: 124	ADN
CD	C061	AA de *Thermoascus aurantiacus*	SEC ID nº: 125	Aa
CD	C062	AA de *Phanerochaete chrysosporium*	SEC ID nº: 126	ADN
CD	C062	AA de *Phanerochaete chrysosporium*	SEC ID nº: 127	Aa
CD	C063	AA de *Rhizopus oryzae*	SEC ID nº: 128	ADN
CD	C063	AA de *Rhizopus oryzae*	SEC ID nº: 129	Aa
CD	C064	AA *de thaminidium elegans*	SEC ID nº: 130	ADN
CD	C064	AA de *thaminidium elegans*	SEC ID nº: 131	Aa
CD	C065	AA de *absidia cristata*	SEC ID nº: 132	ADN
CD	C065	AA de *absidia cristata*	SEC ID nº: 133	Aa
CD	C066	AA de *Syncephalastrum racemosum*	SEC ID nº: 134	ADN
CD	C066	AA de *Syncephalastrum racemosum*	SEC ID nº: 135	Aa
CBM	C067	AA de *coniochaeta* sp.	SEC ID nº: 136	ADN
CBM	C067	AA de *coniochaeta* sp.	SEC ID nº: 137	Aa
CBM	C068	AA de *corrugata Trametes*	SEC ID nº: 138	ADN
CBM	C068	AA de *corrugata Trametes*	SEC ID nº: 139	Aa
CBM	C069	AA de *valsario spartii* AA	SEC ID nº: 140	ADN
CBM	C069	AA de *valsario spartii*	SEC ID nº: 141	Aa
CBM	C070	AA de *Penicillium* sp.	SEC ID nº: 142	ADN
CBM	C070	AA de *Penicillium* sp.	SEC ID nº: 143	Aa
Enlazador	C072	AA de *coniochaeta* sp.	SEC ID nº: 144	ADN
Enlazador	C072	AA de *coniochaeta* sp.	SEC ID nº: 145	Aa
Enlazador	C073	AA de *Trametes corrugata*	SEC ID nº:	ADN

			146	
Enlazador	C073	AA de *Trametes corrugata*	SEC ID nº: 147	Aa
Enlazador	C074	AA de *valsario spartii*	SEC ID nº: 148	ADN
Enlazador	C074	AA *de valsario spartii*	SEC ID nº: 149	Aa
Enlazador	C075	AA de *Penicillium* sp.	SEC ID nº: 150	ADN
Enlazador	C075	AA de *Penicillium sp.*	SEC ID nº: 151	Aa
CD	C077	AA de *Streptomyces limosus*	SEC ID nº: 154	ADN
CD	C077	AA de *Streptomyces limosus*	SEC ID nº: 155	Aa

Ejemplo 1: construcción de la secuencia de ácidos nucleicos V019, que codifica alfa amilasas de Rhizomucor pusillus y CBM de glucoamilasa de Athelia rolfsii

[0203] El vector pLA1 fue digerido con la endonucleasa de restricción apropiada para recortar la región que codifica el dominio catalítico de alfa-amilasa de A. niger. El gen de alfa-amilasa de Rhizomucor pusillus fue amplificado por PCR utilizando los cebadores P001 (SEC ID nº: 104) y P002 (SEC ID nº: 105), el fragmento amplificado se muestra como SEC ID nº: 19.

Sistema de reacción por PCR:		Condiciones:		
38. 9 micro L	H_2O	1	98°C	10 seg
5 micro L	10 X tampón de reacción	2	68°C	90 seg
1 micro L	Klen la de Taq (Clontech)	1-2	30 ciclos	
4 micro L	10 mM dNTPs	3	68°C	10min
0.3micro L	X 2100 pmole/micro L Cebadores			
0.5 micro L	Modelo de ADN			

[0204] Fragmentos de ADN fueron recuperados de gel de agarosa por el equipo de extracción de gel Qiagen. Los fragmentos purificados resultantes fueron mezclados con la digestión del vector. La solución mezclada fue introducida en
Saccharomyces cerevisiae para construcción del plásmido de expresión pLAV019 por recombinación in vivo.

Ejemplo 2: construcción de la secuencia de ácidos nucleicos V022, que codifica alfa amilasa de Meripilus giganteus y CBM de glucoamilasa rolfsii de Athelia

[0205] El gen de alfa-amilasa de *Meripilus giganteus* fue amplificado por PCR utilizando los cebadores P003 (SEC ID nº: 106) y P004 (SEC ID nº: 107).

[0206] Los fragmentos de ADN fueron recuperados del gel de agarosa por el equipo de extracción de gel Qiagen.Los fragmentos purificados resultantes y el vector pLA1 digerido por endonucleasa de restricción apropiada para recortar la región que codifica el dominio catalítico de alfa-amilasa de *A. niger* fueron mezclados. La solución mezclada fue introducida en *Saccharomyces cerevisiae* para construcción del plásmido de expresión pLAV022 por recombinación in vivo.

Ejemplo 3. expresión de amilasas con CBM en *Aspergillus oryzae*

[0207] Los constructos que comprenden los genes de alfa amilasa con CBM descritos en los ejemplos 1 y 2 fueron usados para construir los vectores de expresión, pAspV019 y pAspV022, respectivamente. Los dos plásmidos, pAspV019 y pAspV022, consisten en un casete de expresión basado en el promotor de amilasa II neutra de *Aspergillus niger* fusionado a la secuencia líder no traducida de triosa fosfato isomerasa de *Aspergillus nidulans* (Pna2/tpi) y el terminador de amiloglicosidasa de *Aspergillus niger* (Tamg). También presente en el plásmido estaba el marcador *amdS* selectivo de *Aspergillus* de *Aspergillus nidulans* que permite el crecimiento en la acetamida como única fuente de nitrógeno. Los plásmidos de expresión pAspV019 y pAspV022 fueron transformados en el *Aspergillus* como se describe en Lassen et al. (2001), Applied and Medioambiental Microbiology, 67,4701-4707. Los transformantes que expresan V019 y V022, fueron aislados, purificados y cultivados en frascos de agitación. Los caldos de cultivo de fermentaciones de *Aspergillus oryzae* que expresa amilasa con CBM fueron purificados por purificación de afinidad (Biochem. J. (2003) 372,905-910).

Ejemplo 4. Amilasas con CBM

[0208] Polipéptidos de la invención fueron producidos; una selección de dominios catalíticos fueron fusionados a la región de enlace CBM de glucoamilasa de *Athelia rolfsii*, y una selección de regiones CBM fueron unidas al dominio catalítico de *Aspergillus oryzae* C003 (una variante fungamyl PE).

[0209] Debido a que el CBM+enlazador de alfa-amilasa de *Trichophaea saccata* se localiza en el terminal N, se insertó entre la señal SP288 y el dominio catalítico de *Aspergillus oryzae*. Los otros CBMs fueron todos colocados C-terminalmente.

[0210] La variante V008 comprendía tanto un enlazador colocado C-terminalmente como región CBM de glucoamilasa de *Atelia rolfsii* y un enlazador+CBM colocado N-terminalmente de alfa- amilasa de *Trichophaea saccata*.

[0211] Variantes CBM de la alfa-amilasa de *Aspergillus oryzae* y variantes de dominio catalítico de glucoamilasa CBM de *Athelia rolfsi*i se catalogan en las tablas 3 y 4 respectivamente. Otros polipéptidos producidos de la invención se catalogan en las tablas 5 y 6.

[0212] La variantes tienen actividad mejorada en el almidón, especialmente en el almidón granulado.

Tabla 3

Polipéptidos con dominio catalítico de variante fungamyl de AA de A. oryzae (SEC ID nº: 6)			
Código	**Enlazador y CBM de**	**CBM**	**Enlazador**
V001	AA de *sublispora provurvata*	SEC ID nº: 82	SEC ID nº: 54
V002	*Valsaria rubricosa*	SEC ID nº: 84	SEC ID nº: 56
V003	AA de *Acremonium* sp.	SEC ID nº: 86	SEC ID nº: 58
V004	GA de *pachykytospora papairacea*	SEC ID nº: 76	SEC ID nº: 46
V005	*Trametes cingulata*	SEC ID nº: 78	SEC ID nº: 48
V006	*leucopaxillus gigantus*	SEC ID nº: 80	SEC ID nº: 50
V007	AA de *Meripilus giganteus*	SEC ID nº: 88	SEC ID nº: 60
V008	AA de *Trichophaea saccata* (CBM21-Nterm incl. enlazador)	SEC ID nº: 52	
	GA de +*A. rolfsii* (C-term)	SEC ID nº: 92	SEC ID nº: 68
V009	AA de *Trichophaea saccata* (CBM21-Nterm incl. enlazador)	SEC ID nº: 52	
V010	AA de *Bacillus flavothermus* con enlazador corto	SEC ID nº: 90	SEC ID nº: 62
V011	AA de *Bacillus flavothermus* con enlazador largo	SEC ID nº: 90	SEC ID nº: 64
V012	AA de *Bacillus flavothermus*	SEC ID nº: 90	SEC ID nº: 66

Tabla 4

Polipéptidos con el enlazador de GA de A. rolfsii (SEC ID nº: 68) y CBM (SEC ID nº: 92)		
Código	**Módulo catalítico de:**	**dominio catalítico de SEC ID**
V013	AA de *Trichophaea saccata*	SEC ID nº: 8
V014	AA de *subulispora provurvata*	SEC ID nº: 10
V015	AA de *valsaria rubricosa*	SEC ID nº: 12
V016	AA de *Thermomyces lanuginosus*	SEC ID nº: 14
V017	AA de *Acremonium sp.*	SEC ID nº: 16
V018	AA de *malbranchea sp*.	SEC ID nº: 18
V019	AA de *Rhizomucor pusillus*	SEC ID nº: 20
V021	AA de *dichotomocladium hesseltinei*	SEC ID nº: 22
V022	AA de *Meripilus giganteus*	SEC ID nº: 24
V023	*stereum sp*.	SEC ID nº: 26
V024	AA de *Streptomyces limosus*	SEC ID nº: 155
V025	censores *Coriolus*	SEC ID nº: 30
V026	AA de *dinemasporium sp.*	SEC ID nº: 32
V027	AA de *cryptosporiopsis sp.*	SEC ID nº: 34
V028	AA de *coniochaeta sp*.	SEC ID nº: 36
V029	AA de *Diplodia sp.*	SEC ID nº: 38
V030	AA de *nectria sp*.	SEC ID nº: 40
V031	AA de *Gliocladium sp.*	SEC ID nº: 42
V032	AA de *Streptomyces termocianeoviolaceus*	SEC ID nº: 44
V047	*Termoascus sp. ll*	SEC ID nº: 111

V048	*coniochaeta sp.2*	SEC ID nº: 113
V049	AA de *nectria sp*.	SEC ID nº: 115
V050	*Fusarium sp.*	SEC ID nº: 117
V051	*corrugata Trametes*	SEC ID nº: 119
V052	*valsaria spartii*	SEC ID nº: 123
V054	*Thermoascus aurantiacus*	SEC ID nº: 125
V055	*Penicillium sp.*	SEC ID nº: 121
V057	*Phanerochaete chrysosporium*	SEC ID nº: 127
V059	*Rhizopus oryzae*	SEC ID nº: 129
V060	*thaminidium elegans*	SEC ID nº: 131
V061	*absidia cristata*	SEC ID nº: 133
V063	*syncephalastrum racemosum*	SEC ID nº: 135

Tabla 5

Polipéptidos con otros dominios catalíticos /CBMs con enlazador. En V069 CBM y enlazador son de diferente origen.					
Código	Dominio catalítico de:	CD SEC ID nº	CBM y enlazador de:	Enlazador SEC ID nº	CBM SEC ID nº
V033	AA de *Acremonium* sp.	SEC ID nº: 16	GA de *pachykytospora papairacea*	SEC ID nº: 46	SEC ID nº: 145
V034	AA de *Rhizomucor pusillus*	SEC ID nº: 20	GA de *pachykytospora papairacea*	SEC ID nº: 46	SEC ID nº: 145
V035	AA de Meripilus giganteus	SEC ID nº: 24	GA de *pachykytospora papairacea*	SEC ID nº: 46	SEC ID nº: 145
V036	AA de Meripilus giganteus	SEC ID nº: 24	*valsaria rubricosa*	SEC ID nº: 56	SEC ID nº: 84
V037	AA de Meripilus giganteus	SEC ID nº: 24	AA de *Meripilus giganteus*	SEC ID nº: 60	SEC ID nº: 88
V038	AA de *Rhizomucor pusillus*	SEC ID nº: 20	GA de *Aspergillus kawachii*	SEC ID nº: 70	SEC ID nº: 94
V039	AA de *Rhizomucor pusillus*	SEC ID nº: 20	GA de *Aspergillus niger*	SEC ID nº: 72	SEC ID nº: 96
V040	variante de fungamiy *A. oryzae*	SEC ID de NO:06	*Coniochaeta sp*. AM603	SEC ID nº: 74	SEC ID nº: 98
V069	AA de *Meripilus giganteus*	SEC ID nº: 24	Enlazador de GA de *Zea mays* CBM *A. rolf*	SEC ID nº: 68	SEC ID nº: 109

Tabla 6

Polipéptidos con dominio catalítico de AA de Rhizomucor pusillus (SEC ID nº: 20) y CBM y enlazador de:				
Código	**CBM de**	**CBM SEC ID nº**	**Enlazador de**	**SEC ID nº del enlazador**
V041	GA de *A. rolfsii*	SEC ID nº: 92	AA de *A. kawachii*	SEC ID nº: 70
V042	GA de *A. rolfsii*	SEC ID nº: 92	GA de *A. niger*	SEC ID nº: 72
V043	*Zea mays*	SEC ID nº: 109	GA de *A. rolf*	SEC ID nº: 68
V064	*coniochaeta sp.*	SEC ID nº: 113	*coniochaeta sp.*	SEC ID nº: 145
V065	*Trametes corrugata*	SEC ID nº: 119	*Trametes corrugata*	SEC ID nº: 147
V066	*Valsaria spartii*	SEC ID nº: 123	*Valsaria spartii*	SEC ID nº: 149
V067	*Penicillium sp.*	SEC ID nº: 121	*Penicillium sp.*	SEC ID nº: 151
V068	*Meripulus giganteus*	SEC ID nº: 88	*Meripulus giganteus*	SEC ID nº: 60

Ejemplo 5

[0213] El rendimiento del polipéptido V019 fue evaluado en las fermentaciones de mini-escala con dosificaciones diferentes de glucoamilasa de *Talaromyces emersonii*. El sustrato de almidón, 583.3g de maíz molido se añadieron a 912.2 g de agua del grifo. Esta mezcla fue suplementada con 4.5 ml de un 1 g/L de solución de penicilina. El pH de este lodo fue ajustado a 5.0 con 40% H_2SO_4. El nivel de DS fue determinado por duplicado para ser 34.2 ± 0.8%. Aproximadamente 5 g de este lodo se añadió a 20 ml viales. Cada vial fue dosificado con la cantidad apropiada de enzima seguido de la adición de 200 microL levadura de propagación/5 g lodo. Las dosificaciones reales estaban basadas en el peso exacto de lodo de maíz en cada vial. Los viales fueron incubados a 32°C. Las fermentaciones fueron seguidas por la medición de la pérdida de peso en el tiempo. A las 70 horas las fermentaciones fueron detenidas y preparadas por análisis de hPLC. La Preparación de hPLC consistía en parar la reacción por adición de 50 microL de 40% H_2SO_4, centrifugado, y filtración a través de un

filtro de 0.45 micrómetros. Las muestras que esperan el análisis de hPLC fueron almacenadas a 4°C.

Tabla 7

Rendimiento de polipéptido V019 en las fermentaciones a mini-escala. 70 hr de etanol con respecto a 0.14 AGU/DS y ninguna alfa-amilasa.		
Dosis de amilasa (mg proteína/g DS)	**Dosis de GA de T. emersonii (AGU/g DS)**	**70 hr etanol**
0	0.14	1.00
0	0.50	1.35
0	0.86	1.73
0.05	Ninguna	3.69
0.05	0.14	3.69
0.05	0.50	3.73
0.05	0.86	3.73

Ejemplo 6

[0214] Los sustratos para sacarificación fueron preparados por disolución de un DE 11 de maltodextrina obtenida a partir de licuado de almidón de maíz con alfa-amilasa bacteriana termoestable (LIQUOZiME X™, Novozymes A/S) en el agua de milli-Q™, y ajustando el contenido de materia sólida seca (DS) a 30%. Los experimentos de sacarificación fueron realizados en viales de cristal sellados de 2 ml a 60°C y pH inicial de 4.3 bajo agitación continua. Dos dosificaciones diferentes de alfa-amilasa de CBM V019 o V022 fueron aplicadas encima de un tratamiento estándar con 0.35 AGU/g DS de glucoamilasa de *Talaromyces emersonii* y 0.04 AFAU/g DS de alfa-amilasa ácida de *A. niger*.

[0215] Las muestras se tomaron a intervalos establecidos y se calentaron en agua en ebullición durante 15 minutos para inactivar las enzimas. Tras el enfriamiento, las muestras fueron diluidas a DS 5% y filtradas (Sartorius MINISART™ NML 0.2 micro-m), antes de ser analizadas por HPLC. Los niveles de glucosa como un % de carbohidrato soluble total se dan en la tabla 8 abajo.

Tabla 8

Todos los tratamientos con 0.35 AGU/g DS de glucoamilasa de Talaromyces emersonii y 0.04 AFAU/g DS de alfa-amilasa ácida *A.niger*.				
			DP1	
Enzima adicional	Variantes de alfa-amilasa ácida AFAU/g DS	24 h	48 h	70 h
Control	0	81.5	90.2	93.1
V019	0.0875	95.7	96.2	95.6
	0.1750	92.1	96.2	96.2
V022	0.0875	93.8	95.6	95.5
	0.1750	92.9	95.9	96.0

Ejemplo 6

[0216] Los tratamientos SSF de almidón crudo fueron evaluados en las fermentaciones a mini-escala. Un 35% de sustancia seca de lodo de almidón granulado se obtuvo de la mezcla de 410 g de maíz finamente molido, 590 ml de agua del grifo, 3.0 mls 1 g/L penicilina y 1 g de urea. El lodo fue ajustado a pH 4.5 usando 5 N de NaOH y muestras de 5 g fueron distribuidas en viales de 20 ml. La cantidad apropiada de enzimas fue dosificada y los viales fueron inoculados con levadura. Los viales fueron incubados a 32°C. 9 fermentaciones de réplica de cada tratamiento fueron llevadas a cabo. Tres réplicas fueron seleccionadas durante 24 horas, 48 horas y 70 horas de análisis de punto en el tiempo. Los viales fueron agitados a las 24,48 y 70 horas. El análisis en punto temporal consistió en pesar los viales y preparar la muestra para HPLC. Para hPLC la reacción fue detenida por adición de 50 microL de 40% H2SO4, centrifugado, y filtración a través de un filtro de 0.45 um. Las muestras esperando el análisis hPLC fueron almacenadas a 4°C.

Ejemplo 6a

[0217] Las enzimas y cantidades usadas se muestran en la tabla de debajo. A-AMG es una composición de glucoamilasa de *Aspergillus niger*.

Tabla 9

SSF de Almidón crudo con glucoamilasa de *Aspergillus niger* y V019, dosificación enzimática						
Nº de prueba	% de dosis		mg/gDS		AGU/gDS	AFAU/gDS
	A-AMG	V019	A-AMG	V019	A-AMG	V019
2	100%	0%	0.5	0	0.95	0
3	90%	10%	0.45	0.01	0.855	0.01
4	80%	20%	0.4	0.02	0.76	0.02
5	70%	30%	0.35	0.03	0.665	0.03
6	60%	40%	0.3	0.04	0.57	0.04
7	45%	55%	0.225	0.055	0.4275	0.055
8	30%	70%	0.15	0.07	0.285	0.07
9	15%	85%	0.075	0.085	0.1425	0.085
10	0%	100%	0	0.1	0	0.1

[0218] El rendimiento de etanol bueno después de 70 horas de fermentación fue observado en la gama de 1,7-85,5 AGU/AFAU proporción de AMG de A. niger a V019, que indica rendimiento robusto en una gama amplia de proporción de actividad para las mezclas de AMG *de A. niger* a V019.

Tabla 10

SSF de almidón crudo con glucoamilasa de *Aspergillus niger* y V019, resultados						
Nº de prueba	AGU/gDS	AFAU/gDS	Rendimiento de etanol (g/l)			proporción AGU/AFAU
	A-AMG	V019	24hr	48hr	70hr	
2	0.950	0.000	77.73	119.46	139.27	N/A
3	0.855	0.010	92.93	134.65	144.39	85.5
4	0.760	0.020	93.13	133.74	145.42	38.0
5	0.665	0.030	92.66	134.32	147.56	22.2
6	0.570	0.040	91.68	132.86	145.77	14.3
7	0.428	0.055	90.17	130.87	146.26	7.8
8	0.285	0.070	87.11	127.74	144.82	4.1
9	0.143	0.085	84.32	120.95	143.40	1.7
10	0.000	0.100	80.80	114.55	134.08	0.0

Ejemplo 6b

[0219] Las enzimas y cantidades usadas se muestran en la tabla de abajo. A-AMG es una composición de glucoamilasa de *Talaromyces emersonii*.

Tabla 11

SSF de almidón crudo con glucoamilasa de Talaromyces emersonii y V019, dosificaciones enzimática						
Nº de prueba	% de dosis		mg/gDS		AGU/gDS	AFAU/gDS
	T-AMG	V019	T-AMG	V019	T-AMG	V019
2	100%	0%	0.3	0	2.4	0
3	90%	10%	0.27	0.01	2.16	0.01
4	80%	20%	0.24	0.02	1.92	0.02
5	70%	30%	0.21	0.03	1.68	0.03
6	60%	40%	0.18	0.04	1.44	0.04
7	45%	55%	0.135	0.055	1.08	0.055
8	30%	70%	0.09	0.07	0.72	0.07
9	15%	85%	0.045	0.085	0.36	0.085
10	0%	100%	0	0.1	0	0.1

[0220] El rendimiento de etanol bueno después de 70 horas de fermentación fue observado en la gama de 10-216 AGU/AFAU de proporción de AMG de *T. emersonii* a V019, que indica una gama amplia de índice de actividad para las mezclas de AMG de T. emersonii a V019.

Tabla 12

SSF de almidón crudo con glucoamilasa de *Talaromyces emersonii* y V019, resultados						
Prueba nº	AGU/gDS	AFAU/gDS	rendimiento de etanol (g/l)			proporción de AGU/AFAU
	Combustible Sp	V019	24 hrs	48 hrs	70 hrs	
2	2.4	0	60.07	91.77	113.17	N/A
3	2.16	0.01	89.00	129.36	142.91	216.0
4	1.92	0.02	91.02	132.07	147.18	96.0
5	1.68	0.03	93.31	133.75	148.19	56.0
6	1.44	0.04	93.71	134.16	146.84	36.0
7	1.08	0.055	92.83	131.53	141.80	19.6
8	0.72	0.07	91.25	125.48	139.25	10.3
9	0.36	0.085	86.14	124.22	137.38	4.2
10	0	0.1	80.63	115.00	132.08	0.0

Depósito de Material biológico

[0221] El siguiente material biológico ha sido depositado según las condiciones del Tratado de Budapest en Deutsche Sammmlung von Microorganismen und Zellkulturen GmbH (DSMZ), Mascheroder Weg 1 b, D-38124 Braunschweig DE, y se le ha dado el siguiente número de adhesión:

Depósito	Nº de adhesión	Fecha de depósito
Escherichia coli NN049798	DSM 17106	2 febrero 2005
Escherichia coli NN049797	DSM 17105	2 febrero 2005

[0222] Las cepas han sido depositadas bajo condiciones que aseguran que el acceso al cultivo estará disponible durante la pendencia de esta solicitud de patente para aquellos determinados por el Comisiario de patentes y marcas según 37 C.F.R. §1,14 y 35 U.S.C. §122. Los depósitos representan un cultivo sustancialmente puro de la cepa depositada. Los depósitos están disponibles como se requiere, mediante las leyes de patente extranjeras en países donde se presentan las contrapartes de la solicitud en cuestión o su progenie.

Listado de Secuencias

<110> Fukuyama, Shiro

Matsui, Tomoko

Soong, Chee Leong

Allain, Eric

Nielsen, Anders Vikso

Udagawa, Hiroaki

Liu, Ye
Duan, Junxin
Wu, Wenping
Andersen, Lene Nonboe

<120> ENZYMES FOR STARCH PROCESSING

<130> 10729.500-US

<160> 179

<170> PatentIn version 3.3

<210> 1
<211> 1533
<212> DNA
<213> Aspergillus niger

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1533)

<400> 1
atg aga tta tcg act tcg agt ctc ttc ctt tcc gtg tct ctg ctg ggg 48
Met Arg Leu Ser Thr Ser Ser Leu Phe Leu Ser Val Ser Leu Leu Gly
1 5 10 15

aag ctg gcc ctc ggg ctg tcg gct gca gaa tgg cgc act cag tcg att 96
Lys Leu Ala Leu Gly Leu Ser Ala Ala Glu Trp Arg Thr Gln Ser Ile
20 25 30

tac ttc cta ttg acg gat cgg ttc ggt agg acg gac aat tcg acg aca 144

Tyr Phe Leu Leu Thr Asp Arg Phe Gly Arg Thr Asp Asn Ser Thr Thr

35 40 45

gct aca tgc gat acg ggt gac caa atc tat tgt ggt ggc agt tgg caa 192

Ala Thr Cys Asp Thr Gly Asp Gln Ile Tyr Cys Gly Gly Ser Trp Gln

50 55 60

gga atc atc aac cat ctg gat tat atc cag ggc atg gga ttc acg gcc 240

Gly Ile Ile Asn His Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly Phe Thr Ala

65 70 75 80

atc tgg atc tcg cct atc act gaa cag ctg ccc cag gat act gct gat 288

Ile Trp Ile Ser Pro Ile Thr Glu Gln Leu Pro Gln Asp Thr Ala Asp

85 90 95

ggt gaa gct tac cat gga tat tgg cag cag aag ata tac gac gtg aac 336

Gly Glu Ala Tyr His Gly Tyr Trp Gln Gln Lys Ile Tyr Asp Val Asn

100 105 110

tcc aac ttc ggc act gca gat gac ctc aag tcc ctc tca gat gcg ctt 384

Ser Asn Phe Gly Thr Ala Asp Asp Leu Lys Ser Leu Ser Asp Ala Leu

115 120 125

cat gcc cgc gga atg tac ctc atg gtg gac gtc gtc cct aac cac atg 432

His Ala Arg Gly Met Tyr Leu Met Val Asp Val Val Pro Asn His Met

130 135 140

ggc tac gcc ggc aac ggc aac gat gta gac tac agc gtc ttc gac ccc 480

Gly Tyr Ala Gly Asn Gly Asn Asp Val Asp Tyr Ser Val Phe Asp Pro

145 150 155 160

ttc gat tcc tcc tcc tac ttc cac cca tac tgc ctg atc aca gat tgg 528

Phe Asp Ser Ser Ser Tyr Phe His Pro Tyr Cys Leu Ile Thr Asp Trp

165 170 175

gac aac ttg acc atg gtc caa gat tgt tgg gag ggt gac acc atc gta 576
Asp Asn Leu Thr Met Val Gln Asp Cys Trp Glu Gly Asp Thr Ile Val
180 185 190

tct ctg cca gac cta aac acc acc gaa act gcc gtg aga aca atc tgg 624
Ser Leu Pro Asp Leu Asn Thr Thr Glu Thr Ala Val Arg Thr Ile Trp
195 200 205

tat gac tgg gta gcc gac ctg gta tcc aat tat tca gtc gac gga ctc 672
Tyr Asp Trp Val Ala Asp Leu Val Ser Asn Tyr Ser Val Asp Gly Leu
210 215 220

cgc atc gac agt gtc ctc gaa gtc gaa cca gac ttc ttc ccg ggc tac 720
Arg Ile Asp Ser Val Leu Glu Val Glu Pro Asp Phe Phe Pro Gly Tyr
225 230 235 240

cag gaa gca gca ggt gtc tac tgc gtc ggc gaa gtc gac aac ggc aac 768
Gln Glu Ala Ala Gly Val Tyr Cys Val Gly Glu Val Asp Asn Gly Asn
245 250 255

cct gcc ctc gac tgc cca tac cag aag gtc ctg gac ggc gtc ctc aac 816
Pro Ala Leu Asp Cys Pro Tyr Gln Lys Val Leu Asp Gly Val Leu Asn
260 265 270

tat ccg atc tac tgg caa ctc ctc tac gcc ttc gaa tcc tcc agc ggc 864
Tyr Pro Ile Tyr Trp Gln Leu Leu Tyr Ala Phe Glu Ser Ser Ser Gly
275 280 285

agc atc agc aat ctc tac aac atg atc aaa tcc gtc gca agc gac tgc 912
Ser Ile Ser Asn Leu Tyr Asn Met Ile Lys Ser Val Ala Ser Asp Cys
290 295 300

tcc gat ccg aca cta ctc ggc aac ttc atc gaa aac cac gac aat ccc 960
Ser Asp Pro Thr Leu Leu Gly Asn Phe Ile Glu Asn His Asp Asn Pro
305 310 315 320

cgt ttc gcc tcc tac acc tcc gac tac tcg caa gcc aaa aac gtc ctc 1008
Arg Phe Ala Ser Tyr Thr Ser Asp Tyr Ser Gln Ala Lys Asn Val Leu
325 330 335

agc tac atc ttc ctc tcc gac ggc atc ccc atc gtc tac gcc ggc gaa 1056
Ser Tyr Ile Phe Leu Ser Asp Gly Ile Pro Ile Val Tyr Ala Gly Glu
340 345 350

gaa cag cac tac tcc ggc ggc aag gtg ccc tac aac cgc gaa gcg acc 1104
Glu Gln His Tyr Ser Gly Gly Lys Val Pro Tyr Asn Arg Glu Ala Thr
355 360 365

tgg ctt tca ggc tac gac acc tcc gca gag ctg tac acc tgg ata gcc 1152
Trp Leu Ser Gly Tyr Asp Thr Ser Ala Glu Leu Tyr Thr Trp Ile Ala
370 375 380

acc acg aac gcg atc cgc aaa cta gcc atc tca gct gac tcg gcc tac 1200
Thr Thr Asn Ala Ile Arg Lys Leu Ala Ile Ser Ala Asp Ser Ala Tyr
385 390 395 400

att acc tac gcg aat gat gca ttc tac act gac agc aac acc atc gca 1248
Ile Thr Tyr Ala Asn Asp Ala Phe Tyr Thr Asp Ser Asn Thr Ile Ala
405 410 415

atg cgc aaa ggc acc tca ggg agc caa gtc atc acc gtc ctc tcc aac 1296
Met Arg Lys Gly Thr Ser Gly Ser Gln Val Ile Thr Val Leu Ser Asn
420 425 430

aaa ggc tcc tca gga agc agc tac acc ctg acc ctc agc gga agc ggc 1344

Lys Gly Ser Ser Gly Ser Ser Tyr Thr Leu Thr Leu Ser Gly Ser Gly

435 440 445

tac aca tcc ggc acg aag ctg atc gaa gcg tac aca tgc aca tcc gtg 1392

Tyr Thr Ser Gly Thr Lys Leu Ile Glu Ala Tyr Thr Cys Thr Ser Val

450 455 460

acc gtg gac tcg agc ggc gat att ccc gtg ccg atg gcg tcg gga tta 1440

Thr Val Asp Ser Ser Gly Asp Ile Pro Val Pro Met Ala Ser Gly Leu

465 470 475 480

ccg aga gtt ctt ctg ccc gcg tcc gtc gtc gat agc tct tcg ctc tgt 1488

Pro Arg Val Leu Leu Pro Ala Ser Val Val Asp Ser Ser Ser Leu Cys

485 490 495

ggc ggg agc gga aga aca acc acg acc aca act gct gct act agt 1533

Gly Gly Ser Gly Arg Thr Thr Thr Thr Thr Thr Ala Ala Thr Ser

500 505 510

<210> 2

<211> 511

<212> PRT

<213> Aspergillus niger

<400> 2

Met Arg Leu Ser Thr Ser Ser Leu Phe Leu Ser Val Ser Leu Leu Gly

1 5 10 15

Lys Leu Ala Leu Gly Leu Ser Ala Ala Glu Trp Arg Thr Gln Ser Ile

20 25 30

Tyr Phe Leu Leu Thr Asp Arg Phe Gly Arg Thr Asp Asn Ser Thr Thr
35 40 45

Ala Thr Cys Asp Thr Gly Asp Gln Ile Tyr Cys Gly Gly Ser Trp Gln
50 55 60

Gly Ile Ile Asn His Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly Phe Thr Ala
65 70 75 80

Ile Trp Ile Ser Pro Ile Thr Glu Gln Leu Pro Gln Asp Thr Ala Asp
85 90 95

Gly Glu Ala Tyr His Gly Tyr Trp Gln Gln Lys Ile Tyr Asp Val Asn
100 105 110

Ser Asn Phe Gly Thr Ala Asp Asp Leu Lys Ser Leu Ser Asp Ala Leu
115 120 125

His Ala Arg Gly Met Tyr Leu Met Val Asp Val Val Pro Asn His Met
130 135 140

Gly Tyr Ala Gly Asn Gly Asn Asp Val Asp Tyr Ser Val Phe Asp Pro
145 150 155 160

Phe Asp Ser Ser Ser Tyr Phe His Pro Tyr Cys Leu Ile Thr Asp Trp
165 170 175

Asp Asn Leu Thr Met Val Gln Asp Cys Trp Glu Gly Asp Thr Ile Val
180 185 190

Ser Leu Pro Asp Leu Asn Thr Thr Glu Thr Ala Val Arg Thr Ile Trp
195 200 205

Tyr Asp Trp Val Ala Asp Leu Val Ser Asn Tyr Ser Val Asp Gly Leu
210 215 220

Arg Ile Asp Ser Val Leu Glu Val Glu Pro Asp Phe Phe Pro Gly Tyr
225 230 235 240

Gln Glu Ala Ala Gly Val Tyr Cys Val Gly Glu Val Asp Asn Gly Asn
245 250 255

Pro Ala Leu Asp Cys Pro Tyr Gln Lys Val Leu Asp Gly Val Leu Asn
260 265 270

Tyr Pro Ile Tyr Trp Gln Leu Leu Tyr Ala Phe Glu Ser Ser Ser Gly
275 280 285

Ser Ile Ser Asn Leu Tyr Asn Met Ile Lys Ser Val Ala Ser Asp Cys
290 295 300

Ser Asp Pro Thr Leu Leu Gly Asn Phe Ile Glu Asn His Asp Asn Pro
305 310 315 320

Arg Phe Ala Ser Tyr Thr Ser Asp Tyr Ser Gln Ala Lys Asn Val Leu
325 330 335

Ser Tyr Ile Phe Leu Ser Asp Gly Ile Pro Ile Val Tyr Ala Gly Glu
340 345 350

Glu Gln His Tyr Ser Gly Gly Lys Val Pro Tyr Asn Arg Glu Ala Thr
355 360 365

Trp Leu Ser Gly Tyr Asp Thr Ser Ala Glu Leu Tyr Thr Trp Ile Ala
370 375 380

Thr Thr Asn Ala Ile Arg Lys Leu Ala Ile Ser Ala Asp Ser Ala Tyr
385 390 395 400

Ile Thr Tyr Ala Asn Asp Ala Phe Tyr Thr Asp Ser Asn Thr Ile Ala
405 410 415

Met Arg Lys Gly Thr Ser Gly Ser Gln Val Ile Thr Val Leu Ser Asn
420 425 430

Lys Gly Ser Ser Gly Ser Ser Tyr Thr Leu Thr Leu Ser Gly Ser Gly
435 440 445

Tyr Thr Ser Gly Thr Lys Leu Ile Glu Ala Tyr Thr Cys Thr Ser Val
450 455 460

Thr Val Asp Ser Ser Gly Asp Ile Pro Val Pro Met Ala Ser Gly Leu
465 470 475 480

Pro Arg Val Leu Leu Pro Ala Ser Val Val Asp Ser Ser Ser Leu Cys
485 490 495

Gly Gly Ser Gly Arg Thr Thr Thr Thr Thr Thr Ala Ala Thr Ser
500 505 510

<210> 3
<211> 1440
<212> DNA
<213> Aspergillus oryzae

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1440)

<400> 3

gca acg cct gcg gac tgg cga tcg caa tcc att tat ttc ctt ctc acg 48
Ala Thr Pro Ala Asp Trp Arg Ser Gln Ser Ile Tyr Phe Leu Leu Thr
1 5 10 15

gat cga ttt gca agg acg gat ggg tcg acg act gcg act tgt aat act 96
Asp Arg Phe Ala Arg Thr Asp Gly Ser Thr Thr Ala Thr Cys Asn Thr
20 25 30

gcg gat cag aaa tac tgt ggt gga aca tgg cag ggc atc atc gac aag 144
Ala Asp Gln Lys Tyr Cys Gly Gly Thr Trp Gln Gly Ile Ile Asp Lys
35 40 45

ttg gac tat atc cag gga atg ggc ttc aca gcc atc tgg atc acc ccc 192
Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly Phe Thr Ala Ile Trp Ile Thr Pro
50 55 60

gtt aca gcc cag ctg ccc cag acc acc gca tat gga gat gcc tac cat 240
Val Thr Ala Gln Leu Pro Gln Thr Thr Ala Tyr Gly Asp Ala Tyr His
65 70 75 80

ggc tac tgg cag cag gat ata tac tct ctg aac gaa aac tac ggc act 288
Gly Tyr Trp Gln Gln Asp Ile Tyr Ser Leu Asn Glu Asn Tyr Gly Thr
85 90 95

gca gat gac ttg aag gcg ctc tct tcg gcc ctt cat gag agg ggg atg 336
Ala Asp Asp Leu Lys Ala Leu Ser Ser Ala Leu His Glu Arg Gly Met
100 105 110

tat ctt atg gtc gat gtg gtt gct aac cat atg ggc tat gat gga gcg 384
Tyr Leu Met Val Asp Val Val Ala Asn His Met Gly Tyr Asp Gly Ala
115 120 125

ggt agc tca gtc gat tac agt gtg ttt aaa ccg ttc agt tcc caa gac 432
Gly Ser Ser Val Asp Tyr Ser Val Phe Lys Pro Phe Ser Ser Gln Asp
130 135 140

tac ttc cac ccg ttc tgt ttc att caa aac tat gaa gat cag act cag 480
Tyr Phe His Pro Phe Cys Phe Ile Gln Asn Tyr Glu Asp Gln Thr Gln
145 150 155 160

gtt gag gat tgc tgg cta gga gat aac act gtc tcc ttg cct gat ctc 528
Val Glu Asp Cys Trp Leu Gly Asp Asn Thr Val Ser Leu Pro Asp Leu
165 170 175

gat acc acc aag gat gtg gtc aag aat gaa tgg tac gac tgg gtg gga 576
Asp Thr Thr Lys Asp Val Val Lys Asn Glu Trp Tyr Asp Trp Val Gly
180 185 190

tca ttg gta tcg aac tac tcc att gac ggc ctc cgt atc gac aca gta 624
Ser Leu Val Ser Asn Tyr Ser Ile Asp Gly Leu Arg Ile Asp Thr Val
195 200 205

aaa cac gtc cag aag gac ttc tgg ccc ggg tac aac aaa gcc gca ggc 672
Lys His Val Gln Lys Asp Phe Trp Pro Gly Tyr Asn Lys Ala Ala Gly
210 215 220

gtg tac tgt atc ggc gag gtg ctc gac ggt gat ccg gcc tac act tgt 720
Val Tyr Cys Ile Gly Glu Val Leu Asp Gly Asp Pro Ala Tyr Thr Cys
225 230 235 240

ccc tac cag aac gtc atg gac ggc gta ctg aac tat ccc att tac tat 768
Pro Tyr Gln Asn Val Met Asp Gly Val Leu Asn Tyr Pro Ile Tyr Tyr
245 250 255

cca ctc ctc aac gcc ttc aag tca acc tcc ggc agc atg gac gac ctc 816

Pro Leu Leu Asn Ala Phe Lys Ser Thr Ser Gly Ser Met Asp Asp Leu

260 265 270

tac aac atg atc aac acc gtc aaa tcc gac tgt cca gac tca aca ctc 864

Tyr Asn Met Ile Asn Thr Val Lys Ser Asp Cys Pro Asp Ser Thr Leu

275 280 285

ctg ggc aca ttc gtc gag aac cac gac aac cca cgg ttc gct tct tac 912

Leu Gly Thr Phe Val Glu Asn His Asp Asn Pro Arg Phe Ala Ser Tyr

290 295 300

acc aac gac ata gcc ctc gcc aag aac gtc gca gca ttc atc atc ctc 960

Thr Asn Asp Ile Ala Leu Ala Lys Asn Val Ala Ala Phe Ile Ile Leu

305 310 315 320

aac gac gga atc ccc atc atc tac gcc ggc caa gaa cag cac tac gcc 1008

Asn Asp Gly Ile Pro Ile Ile Tyr Ala Gly Gln Glu Gln His Tyr Ala

325 330 335

ggc gga aac gac ccc gcg aac cgc gaa gca acc tgg ctc tcg ggc tac 1056

Gly Gly Asn Asp Pro Ala Asn Arg Glu Ala Thr Trp Leu Ser Gly Tyr

340 345 350

ccg acc gac agc gag ctg tac aag tta att gcc tcc gcg aac gca atc 1104

Pro Thr Asp Ser Glu Leu Tyr Lys Leu Ile Ala Ser Ala Asn Ala Ile

355 360 365

cgg aac tat gcc att agc aaa gat aca gga ttc gtg acc tac aag aac 1152

Arg Asn Tyr Ala Ile Ser Lys Asp Thr Gly Phe Val Thr Tyr Lys Asn

370 375 380

tgg ccc atc tac aaa gac gac aca acg atc gcc atg cgc aag ggc aca 1200

Trp Pro Ile Tyr Lys Asp Asp Thr Thr Ile Ala Met Arg Lys Gly Thr

385 390 395 400

gat ggg tcg cag atc gtg act atc ttg tcc aac aag ggt gct tcg ggt 1248
Asp Gly Ser Gln Ile Val Thr Ile Leu Ser Asn Lys Gly Ala Ser Gly
405 410 415

gat tcg tat acc ctc tcc ttg agt ggt gcg ggt tac aca gcc ggc cag 1296
Asp Ser Tyr Thr Leu Ser Leu Ser Gly Ala Gly Tyr Thr Ala Gly Gln
420 425 430

caa ttg acg gag gtc att ggc tgc acg acc gtg acg gtt ggt tcg gat 1344
Gln Leu Thr Glu Val Ile Gly Cys Thr Thr Val Thr Val Gly Ser Asp
435 440 445

gga aat gtg cct gtt cct atg gca ggt ggg cta cct agg gta ttg tat 1392
Gly Asn Val Pro Val Pro Met Ala Gly Gly Leu Pro Arg Val Leu Tyr
450 455 460

ccg act gag aag ttg gca ggt agc aag atc tgt agt agc tcg gga aga 1440
Pro Thr Glu Lys Leu Ala Gly Ser Lys Ile Cys Ser Ser Ser Gly Arg
465 470 475 480

<210> 4
<211> 480
<212> PRT
<213> Aspergillus oryzae

<400> 4

Ala Thr Pro Ala Asp Trp Arg Ser Gln Ser Ile Tyr Phe Leu Leu Thr
1 5 10 15

Asp Arg Phe Ala Arg Thr Asp Gly Ser Thr Thr Ala Thr Cys Asn Thr
20 25 30

Ala Asp Gln Lys Tyr Cys Gly Gly Thr Trp Gln Gly Ile Ile Asp Lys
35 40 45

Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly Phe Thr Ala Ile Trp Ile Thr Pro
50 55 60

Val Thr Ala Gln Leu Pro Gln Thr Thr Ala Tyr Gly Asp Ala Tyr His
65 70 75 80

Gly Tyr Trp Gln Gln Asp Ile Tyr Ser Leu Asn Glu Asn Tyr Gly Thr
85 90 95

Ala Asp Asp Leu Lys Ala Leu Ser Ser Ala Leu His Glu Arg Gly Met
100 105 110

Tyr Leu Met Val Asp Val Val Ala Asn His Met Gly Tyr Asp Gly Ala
115 120 125

Gly Ser Ser Val Asp Tyr Ser Val Phe Lys Pro Phe Ser Ser Gln Asp
130 135 140

Tyr Phe His Pro Phe Cys Phe Ile Gln Asn Tyr Glu Asp Gln Thr Gln
145 150 155 160

Val Glu Asp Cys Trp Leu Gly Asp Asn Thr Val Ser Leu Pro Asp Leu
165 170 175

Asp Thr Thr Lys Asp Val Val Lys Asn Glu Trp Tyr Asp Trp Val Gly
180 185 190

Ser Leu Val Ser Asn Tyr Ser Ile Asp Gly Leu Arg Ile Asp Thr Val
195 200 205

Lys His Val Gln Lys Asp Phe Trp Pro Gly Tyr Asn Lys Ala Ala Gly
210 215 220

Val Tyr Cys Ile Gly Glu Val Leu Asp Gly Asp Pro Ala Tyr Thr Cys
225 230 235 240

Pro Tyr Gln Asn Val Met Asp Gly Val Leu Asn Tyr Pro Ile Tyr Tyr
245 250 255

Pro Leu Leu Asn Ala Phe Lys Ser Thr Ser Gly Ser Met Asp Asp Leu
260 265 270

Tyr Asn Met Ile Asn Thr Val Lys Ser Asp Cys Pro Asp Ser Thr Leu

275 280 285

Leu Gly Thr Phe Val Glu Asn His Asp Asn Pro Arg Phe Ala Ser Tyr
290 295 300

Thr Asn Asp Ile Ala Leu Ala Lys Asn Val Ala Ala Phe Ile Ile Leu
305 310 315 320

Asn Asp Gly Ile Pro Ile Ile Tyr Ala Gly Gln Glu Gln His Tyr Ala
325 330 335

Gly Gly Asn Asp Pro Ala Asn Arg Glu Ala Thr Trp Leu Ser Gly Tyr
340 345 350

Pro Thr Asp Ser Glu Leu Tyr Lys Leu Ile Ala Ser Ala Asn Ala Ile
355 360 365

Arg Asn Tyr Ala Ile Ser Lys Asp Thr Gly Phe Val Thr Tyr Lys Asn
370 375 380

Trp Pro Ile Tyr Lys Asp Asp Thr Thr Ile Ala Met Arg Lys Gly Thr
385 390 395 400

Asp Gly Ser Gln Ile Val Thr Ile Leu Ser Asn Lys Gly Ala Ser Gly
405 410 415

Asp Ser Tyr Thr Leu Ser Leu Ser Gly Ala Gly Tyr Thr Ala Gly Gln
420 425 430

Gln Leu Thr Glu Val Ile Gly Cys Thr Thr Val Thr Val Gly Ser Asp
435 440 445

Gly Asn Val Pro Val Pro Met Ala Gly Gly Leu Pro Arg Val Leu Tyr
450 455 460

Pro Thr Glu Lys Leu Ala Gly Ser Lys Ile Cys Ser Ser Ser Gly Arg
465 470 475 480

<210> 5
<211> 1434
<212> DNA
<213> Aspergillus oryzae

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1434)

<400> 5
gca acg cct gcg gac tgg cga tcg caa tcc att tat ttc ctt ctc acg 48
Ala Thr Pro Ala Asp Trp Arg Ser Gln Ser Ile Tyr Phe Leu Leu Thr
1 5 10 15

gat cga ttt gca agg acg gat ggg tcg acg act gcg act tgt aat act 96
Asp Arg Phe Ala Arg Thr Asp Gly Ser Thr Thr Ala Thr Cys Asn Thr

20 25 30

gcg gat cag aaa tac tgt ggt gga aca tgg cag ggc atc atc gac aag 144
Ala Asp Gln Lys Tyr Cys Gly Gly Thr Trp Gln Gly Ile Ile Asp Lys
35 40 45

ttg gac tat atc cag gga atg ggc ttc aca gcc atc tgg atc acc ccc 192
Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly Phe Thr Ala Ile Trp Ile Thr Pro
50 55 60

gtt aca gcc cag ctg ccc cag acc acc gca tat gga gat gcc tac cat 240
Val Thr Ala Gln Leu Pro Gln Thr Thr Ala Tyr Gly Asp Ala Tyr His
65 70 75 80

ggc tac tgg cag cag gat ata tac tct ctg aac gaa aac tac ggc act 288
Gly Tyr Trp Gln Gln Asp Ile Tyr Ser Leu Asn Glu Asn Tyr Gly Thr
85 90 95

gca gat gac ttg aag gcg ctc tct tcg gcc ctt cat gag agg ggg atg 336
Ala Asp Asp Leu Lys Ala Leu Ser Ser Ala Leu His Glu Arg Gly Met
100 105 110

tat ctt atg gtc gat gtg gtt gct aac cat atg ggc tat gat gga ccg 384
Tyr Leu Met Val Asp Val Val Ala Asn His Met Gly Tyr Asp Gly Pro
115 120 125

ggt agc tca gtc gat tac agt gtg ttt gtt ccg ttc aat tcc gct agc 432
Gly Ser Ser Val Asp Tyr Ser Val Phe Val Pro Phe Asn Ser Ala Ser
130 135 140

tac ttc cac ccg ttc tgt ttc att caa aac tgg aat gat cag act cag 480
Tyr Phe His Pro Phe Cys Phe Ile Gln Asn Trp Asn Asp Gln Thr Gln
145 150 155 160

gtt gag gat tgc tgg cta gga gat aac act gtc tcc ttg cct gat ctc 528
Val Glu Asp Cys Trp Leu Gly Asp Asn Thr Val Ser Leu Pro Asp Leu
165 170 175

gat acc acc aag gat gtg gtc aag aat gaa tgg tac gac tgg gtg gga 576
Asp Thr Thr Lys Asp Val Val Lys Asn Glu Trp Tyr Asp Trp Val Gly
180 185 190

tca ttg gta tcg aac tac tcc att gac ggc ctc cgt atc gac aca gta 624
Ser Leu Val Ser Asn Tyr Ser Ile Asp Gly Leu Arg Ile Asp Thr Val
195 200 205

aaa cac gtc cag aag gac ttc tgg ccc ggg tac aac aaa gcc gca ggc 672
Lys His Val Gln Lys Asp Phe Trp Pro Gly Tyr Asn Lys Ala Ala Gly
210 215 220

gtg tac tgt atc ggc gag gtg ctc gac ggt gat ccg gcc tac act tgt 720
Val Tyr Cys Ile Gly Glu Val Leu Asp Gly Asp Pro Ala Tyr Thr Cys
225 230 235 240

ccc tac cag gaa gtc ctg gac ggc gta ctg aac tac ccc att tac tat 768
Pro Tyr Gln Glu Val Leu Asp Gly Val Leu Asn Tyr Pro Ile Tyr Tyr
245 250 255

cca ctc ctc aac gcc ttc aag tca acc tcc ggc agc atg gac gac ctc 816
Pro Leu Leu Asn Ala Phe Lys Ser Thr Ser Gly Ser Met Asp Asp Leu
260 265 270

tac aac atg atc aac acc gtc aaa tcc gac tgt cca gac tca aca ctc 864
Tyr Asn Met Ile Asn Thr Val Lys Ser Asp Cys Pro Asp Ser Thr Leu
275 280 285

ctg ggc aca ttc gtc gag aac cac gac aac cca cgg ttc gct tct tac 912

Leu Gly Thr Phe Val Glu Asn His Asp Asn Pro Arg Phe Ala Ser Tyr

290 295 300

acc aac gac ata gcc ctc gcc aag aac gtc gca gca ttc atc atc ctc 960

Thr Asn Asp Ile Ala Leu Ala Lys Asn Val Ala Ala Phe Ile Ile Leu

305 310 315 320

aac gac gga atc ccc atc atc tac gcc ggc caa gaa cag cac tac gcc 1008

Asn Asp Gly Ile Pro Ile Ile Tyr Ala Gly Gln Glu Gln His Tyr Ala

325 330 335

ggc gga aac gac ccc gcg aac cgc gaa gca acc tgg ctc tcg ggc tac 1056

Gly Gly Asn Asp Pro Ala Asn Arg Glu Ala Thr Trp Leu Ser Gly Tyr

340 345 350

ccg acc gac agc gag ctg tac aag tta att gcc tcc gcg aac gca atc 1104

Pro Thr Asp Ser Glu Leu Tyr Lys Leu Ile Ala Ser Ala Asn Ala Ile

355 360 365

cgg aac tat gcc att agc aaa gat aca gga ttc gtg acc tac aag aac 1152

Arg Asn Tyr Ala Ile Ser Lys Asp Thr Gly Phe Val Thr Tyr Lys Asn

370 375 380

tgg ccc atc tac aaa gac gac aca acg atc gcc atg cgc aag ggc aca 1200

Trp Pro Ile Tyr Lys Asp Asp Thr Thr Ile Ala Met Arg Lys Gly Thr

385 390 395 400

gat ggg tcg cag atc gtg act atc ttg tcc aac aag ggt gct tcg ggt 1248

Asp Gly Ser Gln Ile Val Thr Ile Leu Ser Asn Lys Gly Ala Ser Gly

405 410 415

gat tcg tat acc ctc tcc ttg agt ggt gcg ggt tac aca gcc ggc cag 1296

Asp Ser Tyr Thr Leu Ser Leu Ser Gly Ala Gly Tyr Thr Ala Gly Gln

420 425 430

caa ttg acg gag gtc att ggc tgc acg acc gtg acg gtt gat tcg tcg 1344
Gln Leu Thr Glu Val Ile Gly Cys Thr Thr Val Thr Val Asp Ser Ser
435 440 445

gga gat gtg cct gtt cct atg gcg ggt ggg cta cct agg gta ttg tat 1392
Gly Asp Val Pro Val Pro Met Ala Gly Gly Leu Pro Arg Val Leu Tyr
450 455 460

ccg act gag aag ttg gca ggt agc aag atc tgt agt agc tcg 1434
Pro Thr Glu Lys Leu Ala Gly Ser Lys Ile Cys Ser Ser Ser
465 470 475

<210> 6
<211> 478
<212> PRT
<213> Aspergillus oryzae

<400> 6

Ala Thr Pro Ala Asp Trp Arg Ser Gln Ser Ile Tyr Phe Leu Leu Thr
1 5 10 15

Asp Arg Phe Ala Arg Thr Asp Gly Ser Thr Thr Ala Thr Cys Asn Thr
20 25 30

Ala Asp Gln Lys Tyr Cys Gly Gly Thr Trp Gln Gly Ile Ile Asp Lys
35 40 45

Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly Phe Thr Ala Ile Trp Ile Thr Pro

50 55 60

Val Thr Ala Gln Leu Pro Gln Thr Thr Ala Tyr Gly Asp Ala Tyr His

65 70 75 80

Gly Tyr Trp Gln Gln Asp Ile Tyr Ser Leu Asn Glu Asn Tyr Gly Thr

85 90 95

Ala Asp Asp Leu Lys Ala Leu Ser Ser Ala Leu His Glu Arg Gly Met

100 105 110

Tyr Leu Met Val Asp Val Val Ala Asn His Met Gly Tyr Asp Gly Pro

115 120 125

Gly Ser Ser Val Asp Tyr Ser Val Phe Val Pro Phe Asn Ser Ala Ser

130 135 140

Tyr Phe His Pro Phe Cys Phe Ile Gln Asn Trp Asn Asp Gln Thr Gln

145 150 155 160

Val Glu Asp Cys Trp Leu Gly Asp Asn Thr Val Ser Leu Pro Asp Leu

165 170 175

Asp Thr Thr Lys Asp Val Val Lys Asn Glu Trp Tyr Asp Trp Val Gly

180 185 190

Ser Leu Val Ser Asn Tyr Ser Ile Asp Gly Leu Arg Ile Asp Thr Val
195 200 205

Lys His Val Gln Lys Asp Phe Trp Pro Gly Tyr Asn Lys Ala Ala Gly
210 215 220

Val Tyr Cys Ile Gly Glu Val Leu Asp Gly Asp Pro Ala Tyr Thr Cys
225 230 235 240

Pro Tyr Gln Glu Val Leu Asp Gly Val Leu Asn Tyr Pro Ile Tyr Tyr
245 250 255

Pro Leu Leu Asn Ala Phe Lys Ser Thr Ser Gly Ser Met Asp Asp Leu
260 265 270

Tyr Asn Met Ile Asn Thr Val Lys Ser Asp Cys Pro Asp Ser Thr Leu
275 280 285

Leu Gly Thr Phe Val Glu Asn His Asp Asn Pro Arg Phe Ala Ser Tyr
290 295 300

Thr Asn Asp Ile Ala Leu Ala Lys Asn Val Ala Ala Phe Ile Ile Leu
305 310 315 320

Asn Asp Gly Ile Pro Ile Ile Tyr Ala Gly Gln Glu Gln His Tyr Ala
325 330 335

Gly Gly Asn Asp Pro Ala Asn Arg Glu Ala Thr Trp Leu Ser Gly Tyr
340 345 350

Pro Thr Asp Ser Glu Leu Tyr Lys Leu Ile Ala Ser Ala Asn Ala Ile
355 360 365

Arg Asn Tyr Ala Ile Ser Lys Asp Thr Gly Phe Val Thr Tyr Lys Asn
370 375 380

Trp Pro Ile Tyr Lys Asp Asp Thr Thr Ile Ala Met Arg Lys Gly Thr
385 390 395 400

Asp Gly Ser Gln Ile Val Thr Ile Leu Ser Asn Lys Gly Ala Ser Gly
405 410 415

Asp Ser Tyr Thr Leu Ser Leu Ser Gly Ala Gly Tyr Thr Ala Gly Gln
420 425 430

Gln Leu Thr Glu Val Ile Gly Cys Thr Thr Val Thr Val Asp Ser Ser
435 440 445

Gly Asp Val Pro Val Pro Met Ala Gly Gly Leu Pro Arg Val Leu Tyr

450 455 460

Pro Thr Glu Lys Leu Ala Gly Ser Lys Ile Cys Ser Ser Ser
465 470 475

<210> 7
<211> 1461
<212> DNA
<213> Trichophaea saccata

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1461)

<400> 7
tca tcc ggc aag aaa tta gag ctg gag gcc ctc aac ttt gtt tgg cag 48
Ser Ser Gly Lys Lys Leu Glu Leu Glu Ala Leu Asn Phe Val Trp Gln
1 5 10 15

aat gca gtt ctt act ggc gct cag agc act ttc aac aat ggg cag aag 96
Asn Ala Val Leu Thr Gly Ala Gln Ser Thr Phe Asn Asn Gly Gln Lys
20 25 30

ggc gct att gtg gag ctt ttt ggg tgg ccg tat gca gat att gca aag 144
Gly Ala Ile Val Glu Leu Phe Gly Trp Pro Tyr Ala Asp Ile Ala Lys
35 40 45

gag tgc gct ttc ctt gga aaa gcc gga tac atg gga gtc aag gtt tgg 192
Glu Cys Ala Phe Leu Gly Lys Ala Gly Tyr Met Gly Val Lys Val Trp
50 55 60

cct cca aac gag cac atc tgg gga tcg gac tac tac gaa acc gac aat 240
Pro Pro Asn Glu His Ile Trp Gly Ser Asp Tyr Tyr Glu Thr Asp Asn
65 70 75 80

atg ttc cgt ccg tgg tat ctg gtg tac cag ccg gtc agt tac aag ctt 288
Met Phe Arg Pro Trp Tyr Leu Val Tyr Gln Pro Val Ser Tyr Lys Leu
85 90 95

gtg agc cgt caa gga acc cgt gag gag ctt cga gct atg ata act gct 336
Val Ser Arg Gln Gly Thr Arg Glu Glu Leu Arg Ala Met Ile Thr Ala
100 105 110

tgc cgg agt gct gga gtg cgc gtc tat gcc gac gcc gtc att aat cac 384
Cys Arg Ser Ala Gly Val Arg Val Tyr Ala Asp Ala Val Ile Asn His
115 120 125

atg tct gga aac gga aac gat atc caa aac cat cgt aat acc gcc tgc 432
Met Ser Gly Asn Gly Asn Asp Ile Gln Asn His Arg Asn Thr Ala Cys
130 135 140

gcc tac tgg aca ggc cac aac gca acc gcg aat tcg cct tac ttc acc 480
Ala Tyr Trp Thr Gly His Asn Ala Thr Ala Asn Ser Pro Tyr Phe Thr
145 150 155 160

tcc ggt tac acc tat ctt att aat ccc ttc acg aac aca cgc ccc acc 528
Ser Gly Tyr Thr Tyr Leu Ile Asn Pro Phe Thr Asn Thr Arg Pro Thr
165 170 175

ttc gag tac cca gcg gta cca tgg ggc cca act gat ttc cat tgc gtt 576
Phe Glu Tyr Pro Ala Val Pro Trp Gly Pro Thr Asp Phe His Cys Val
180 185 190

tcc tct atc aca gat tgg acc aac ggc caa atc gtc aca aag ggc tat 624

Ser Ser Ile Thr Asp Trp Thr Asn Gly Gln Ile Val Thr Lys Gly Tyr
195 200 205

ctc gtg gga ctc tcc gat ctc aac aca gag aag gat tac gtc cag gac 672
Leu Val Gly Leu Ser Asp Leu Asn Thr Glu Lys Asp Tyr Val Gln Asp
210 215 220

cgc atc gcc act tat ctt gtg gat ctc ttg tca atc ggc ttc tcc ggc 720
Arg Ile Ala Thr Tyr Leu Val Asp Leu Leu Ser Ile Gly Phe Ser Gly
225 230 235 240

ttc cgt gtt gat gcg gca aaa cat att ggc ccc acc tcc atg gca cag 768
Phe Arg Val Asp Ala Ala Lys His Ile Gly Pro Thr Ser Met Ala Gln
245 250 255

atc ttc gga agg gtt gca aag aag atg ggc gga agt ctt cca gat gat 816
Ile Phe Gly Arg Val Ala Lys Lys Met Gly Gly Ser Leu Pro Asp Asp
260 265 270

ttt atc act tgg ctt gaa gtg ttg atg ggt ggt gag aag gag cag tat 864
Phe Ile Thr Trp Leu Glu Val Leu Met Gly Gly Glu Lys Glu Gln Tyr
275 280 285

gct tgc ggc ggc ggt gaa tgg agt tgg tac acc aac ttc aat acc cag 912
Ala Cys Gly Gly Gly Glu Trp Ser Trp Tyr Thr Asn Phe Asn Thr Gln
290 295 300

ctt tcc aat gcg gga att agt gac act gat atc aat aag atc aag att 960
Leu Ser Asn Ala Gly Ile Ser Asp Thr Asp Ile Asn Lys Ile Lys Ile
305 310 315 320

tgg agc tcc gac tat ccc aag gag ttc ccg atc tgc ggt tct tgg atc 1008
Trp Ser Ser Asp Tyr Pro Lys Glu Phe Pro Ile Cys Gly Ser Trp Ile

325 330 335

atc cca tcc act cgc ttt gtc atc caa aat gac gac cat gac cag cag 1056
Ile Pro Ser Thr Arg Phe Val Ile Gln Asn Asp Asp His Asp Gln Gln
340 345 350

aac ccg ggc tct tcc tcc aga gat atg ggt gac caa ggc tcc gta ctc 1104
Asn Pro Gly Ser Ser Ser Arg Asp Met Gly Asp Gln Gly Ser Val Leu
355 360 365

atc aaa gat caa gat gta gcc aag cac cgg gca ttt gag gtc aag ctc 1152
Ile Lys Asp Gln Asp Val Ala Lys His Arg Ala Phe Glu Val Lys Leu
370 375 380

ttc acc cgt acc gac ggt gac tgg caa atc agg aat atc ctc tcc tct 1200
Phe Thr Arg Thr Asp Gly Asp Trp Gln Ile Arg Asn Ile Leu Ser Ser
385 390 395 400

tat atg ttt gcc tcc aac gga gca aat ggc ttc ccc gat ggt ctt tcg 1248
Tyr Met Phe Ala Ser Asn Gly Ala Asn Gly Phe Pro Asp Gly Leu Ser
405 410 415

gat tgt tcc ctt tat act ggc tca cag agt gcg agt ggt tgt ttg ggt 1296
Asp Cys Ser Leu Tyr Thr Gly Ser Gln Ser Ala Ser Gly Cys Leu Gly
420 425 430

atc gcg aag gat acc gct tat gta gaa ggt atc tgt ggg tat act atg 1344
Ile Ala Lys Asp Thr Ala Tyr Val Glu Gly Ile Cys Gly Tyr Thr Met
435 440 445

gtt gct gga agg tac acc agg ccg cat agg gat ctg agc atc att aat 1392
Val Ala Gly Arg Tyr Thr Arg Pro His Arg Asp Leu Ser Ile Ile Asn
450 455 460

gct atg agg agt tgg gtc ggg ttg tcg agt acc aca gcg gat gct ctt 1440

Ala Met Arg Ser Trp Val Gly Leu Ser Ser Thr Thr Ala Asp Ala Leu

465 470 475 480

gga atc ccc ggt tgt agc tga 1461

Gly Ile Pro Gly Cys Ser

485

<210> 8

<211> 486

<212> PRT

<213> Trichophaea saccata

<400> 8

Ser Ser Gly Lys Lys Leu Glu Leu Glu Ala Leu Asn Phe Val Trp Gln

1 5 10 15

Asn Ala Val Leu Thr Gly Ala Gln Ser Thr Phe Asn Asn Gly Gln Lys

20 25 30

Gly Ala Ile Val Glu Leu Phe Gly Trp Pro Tyr Ala Asp Ile Ala Lys

35 40 45

Glu Cys Ala Phe Leu Gly Lys Ala Gly Tyr Met Gly Val Lys Val Trp

50 55 60

Pro Pro Asn Glu His Ile Trp Gly Ser Asp Tyr Tyr Glu Thr Asp Asn

65 70 75 80

Met Phe Arg Pro Trp Tyr Leu Val Tyr Gln Pro Val Ser Tyr Lys Leu
85 90 95

Val Ser Arg Gln Gly Thr Arg Glu Glu Leu Arg Ala Met Ile Thr Ala
100 105 110

Cys Arg Ser Ala Gly Val Arg Val Tyr Ala Asp Ala Val Ile Asn His
115 120 125

Met Ser Gly Asn Gly Asn Asp Ile Gln Asn His Arg Asn Thr Ala Cys
130 135 140

Ala Tyr Trp Thr Gly His Asn Ala Thr Ala Asn Ser Pro Tyr Phe Thr
145 150 155 160

Ser Gly Tyr Thr Tyr Leu Ile Asn Pro Phe Thr Asn Thr Arg Pro Thr
165 170 175

Phe Glu Tyr Pro Ala Val Pro Trp Gly Pro Thr Asp Phe His Cys Val
180 185 190

Ser Ser Ile Thr Asp Trp Thr Asn Gly Gln Ile Val Thr Lys Gly Tyr
195 200 205

Leu Val Gly Leu Ser Asp Leu Asn Thr Glu Lys Asp Tyr Val Gln Asp
210 215 220

Arg Ile Ala Thr Tyr Leu Val Asp Leu Leu Ser Ile Gly Phe Ser Gly
225 230 235 240

Phe Arg Val Asp Ala Ala Lys His Ile Gly Pro Thr Ser Met Ala Gln
245 250 255

Ile Phe Gly Arg Val Ala Lys Lys Met Gly Gly Ser Leu Pro Asp Asp
260 265 270

Phe Ile Thr Trp Leu Glu Val Leu Met Gly Gly Glu Lys Glu Gln Tyr
275 280 285

Ala Cys Gly Gly Gly Glu Trp Ser Trp Tyr Thr Asn Phe Asn Thr Gln
290 295 300

Leu Ser Asn Ala Gly Ile Ser Asp Thr Asp Ile Asn Lys Ile Lys Ile
305 310 315 320

Trp Ser Ser Asp Tyr Pro Lys Glu Phe Pro Ile Cys Gly Ser Trp Ile
325 330 335

Ile Pro Ser Thr Arg Phe Val Ile Gln Asn Asp Asp His Asp Gln Gln

340 345 350

Asn Pro Gly Ser Ser Ser Arg Asp Met Gly Asp Gln Gly Ser Val Leu
355 360 365

Ile Lys Asp Gln Asp Val Ala Lys His Arg Ala Phe Glu Val Lys Leu
370 375 380

Phe Thr Arg Thr Asp Gly Asp Trp Gln Ile Arg Asn Ile Leu Ser Ser
385 390 395 400

Tyr Met Phe Ala Ser Asn Gly Ala Asn Gly Phe Pro Asp Gly Leu Ser
405 410 415

Asp Cys Ser Leu Tyr Thr Gly Ser Gln Ser Ala Ser Gly Cys Leu Gly
420 425 430

Ile Ala Lys Asp Thr Ala Tyr Val Glu Gly Ile Cys Gly Tyr Thr Met
435 440 445

Val Ala Gly Arg Tyr Thr Arg Pro His Arg Asp Leu Ser Ile Ile Asn
450 455 460

Ala Met Arg Ser Trp Val Gly Leu Ser Ser Thr Thr Ala Asp Ala Leu
465 470 475 480

Gly Ile Pro Gly Cys Ser
485

<210> 9
<211> 1398
<212> DNA
<213> Subulispora provurvata

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1398)

<400> 9
acc gaa tgg ggg agt cag tcc atc tac cag gta ttg acg gat cgc ttt 48
Thr Glu Trp Gly Ser Gln Ser Ile Tyr Gln Val Leu Thr Asp Arg Phe
1 5 10 15

gcc cgc act gat ggg tct act acc gcc tcc tgt gat gtg aac aag tac 96
Ala Arg Thr Asp Gly Ser Thr Thr Ala Ser Cys Asp Val Asn Lys Tyr
20 25 30

tgc ggc ggc acc tgg cag ggc ata atc gac aag ctg gac tac atc cag 144
Cys Gly Gly Thr Trp Gln Gly Ile Ile Asp Lys Leu Asp Tyr Ile Gln
35 40 45

ggc atg ggt ttc act gcg atc tgg att tcg cct atc gtc gac aac atc 192
Gly Met Gly Phe Thr Ala Ile Trp Ile Ser Pro Ile Val Asp Asn Ile
50 55 60

gac gcc gat act gtt gat ggc acc tct tat cac ggt tac tgg gcc cag 240
Asp Ala Asp Thr Val Asp Gly Thr Ser Tyr His Gly Tyr Trp Ala Gln
65 70 75 80

gac atc acc tca gtg aac tcg gcg ttc ggc acg gag cag gac ctc atc 288
Asp Ile Thr Ser Val Asn Ser Ala Phe Gly Thr Glu Gln Asp Leu Ile
85 90 95

aac ctc tca gca gct ctg cac gac agg ggc atg tat ctg atg gta gac 336
Asn Leu Ser Ala Ala Leu His Asp Arg Gly Met Tyr Leu Met Val Asp
100 105 110

gtg gta aac aac cac atg gga tac aac ggc tgc ggc gat tgt gtt gac 384
Val Val Asn Asn His Met Gly Tyr Asn Gly Cys Gly Asp Cys Val Asp
115 120 125

tac agc ata tac acg cca ttc aac cag cag tcc tac tac cac ccg tac 432
Tyr Ser Ile Tyr Thr Pro Phe Asn Gln Gln Ser Tyr Tyr His Pro Tyr
130 135 140

tgc gcc act gat tac agc aac ctg acc tcc atc cag gtg tgc tgg gag 480
Cys Ala Thr Asp Tyr Ser Asn Leu Thr Ser Ile Gln Val Cys Trp Glu
145 150 155 160

ggt gac aac att gtc agt ctc ccc gac ctg agg aca gag gat gac gat 528
Gly Asp Asn Ile Val Ser Leu Pro Asp Leu Arg Thr Glu Asp Asp Asp
165 170 175

gtc cgc acc atg tgg tac gac tgg atc acg ccg ttg gta acc aag tac 576
Val Arg Thr Met Trp Tyr Asp Trp Ile Thr Pro Leu Val Thr Lys Tyr
180 185 190

tcg atc gat gga ctg cgc atg gac agc gcc gag cat gtc gag aag agc 624

Ser Ile Asp Gly Leu Arg Met Asp Ser Ala Glu His Val Glu Lys Ser
195 200 205

ttc tgg cct ggt tgg gta tcc gcc tcg gga gta tac aac ata gga gag 672
Phe Trp Pro Gly Trp Val Ser Ala Ser Gly Val Tyr Asn Ile Gly Glu
210 215 220

gtt gat gag ggc gac ccc acc atc ttc cca gac tgg ctg aac tac atc 720
Val Asp Glu Gly Asp Pro Thr Ile Phe Pro Asp Trp Leu Asn Tyr Ile
225 230 235 240

gac gga acc ttg aac tat cca gct tac tac tgg atc act caa gct ttc 768
Asp Gly Thr Leu Asn Tyr Pro Ala Tyr Tyr Trp Ile Thr Gln Ala Phe
245 250 255

cag tca act tct ggt tct atc agc aac ctg gtt aat gga atc aac caa 816
Gln Ser Thr Ser Gly Ser Ile Ser Asn Leu Val Asn Gly Ile Asn Gln
260 265 270

atg aag ggc tca atg aaa acc agc acc ctc ggg tcg ttc ctt gag aat 864
Met Lys Gly Ser Met Lys Thr Ser Thr Leu Gly Ser Phe Leu Glu Asn
275 280 285

cac gac cag cca cga ttc cct tct ctg act agt gat gcg gat ttg gcg 912
His Asp Gln Pro Arg Phe Pro Ser Leu Thr Ser Asp Ala Asp Leu Ala
290 295 300

aag aac gct atc gct ttt gct atg ctt gct gat ggc gtc cca atc gtc 960
Lys Asn Ala Ile Ala Phe Ala Met Leu Ala Asp Gly Val Pro Ile Val
305 310 315 320

tac tat ggt caa gag cag gcc tac tcg ggt ggt ggc gtg cct aat gac 1008
Tyr Tyr Gly Gln Glu Gln Ala Tyr Ser Gly Gly Gly Val Pro Asn Asp

325 330 335

cgt gag cca ctg tgg aca tcg gga tac agc acc aca tcg gca ggt tac 1056
Arg Glu Pro Leu Trp Thr Ser Gly Tyr Ser Thr Thr Ser Ala Gly Tyr
340 345 350

acg ttc atc acg acc atc aac aaa atc cgc cgc ctg gct ctc acc cag 1104
Thr Phe Ile Thr Thr Ile Asn Lys Ile Arg Arg Leu Ala Leu Thr Gln
355 360 365

gac agt gcc tac gta gca tac cag acc tac ccg atc tat tcg gat tct 1152
Asp Ser Ala Tyr Val Ala Tyr Gln Thr Tyr Pro Ile Tyr Ser Asp Ser
370 375 380

cac gtc atc gcc atg aag aag agc agc gtc gtc tcc gtc tat agc aac 1200
His Val Ile Ala Met Lys Lys Ser Ser Val Val Ser Val Tyr Ser Asn
385 390 395 400

att ggc tcc agc ggc agc acc tat tcg atc acc cta cct gcc ggc aca 1248
Ile Gly Ser Ser Gly Ser Thr Tyr Ser Ile Thr Leu Pro Ala Gly Thr
405 410 415

ttc act ggg agt gta gcg ctc aca gac gtg gtg agc tgc cag acg tac 1296
Phe Thr Gly Ser Val Ala Leu Thr Asp Val Val Ser Cys Gln Thr Tyr
420 425 430

acg gcg agc tct act ggc agc ctc acc ttc acc ttc gga caa gtt ccc 1344
Thr Ala Ser Ser Thr Gly Ser Leu Thr Phe Thr Phe Gly Gln Val Pro
435 440 445

tcc gtc ttc tac ccg acg gca agc ctg tcc ggc agc ggg ctc tgc tct 1392
Ser Val Phe Tyr Pro Thr Ala Ser Leu Ser Gly Ser Gly Leu Cys Ser
450 455 460

agc tcc 1398

Ser Ser

465

<210> 10

<211> 466

<212> PRT

<213> Subulispora provurvata

<400> 10

Thr Glu Trp Gly Ser Gln Ser Ile Tyr Gln Val Leu Thr Asp Arg Phe
1 5 10 15

Ala Arg Thr Asp Gly Ser Thr Thr Ala Ser Cys Asp Val Asn Lys Tyr
20 25 30

Cys Gly Gly Thr Trp Gln Gly Ile Ile Asp Lys Leu Asp Tyr Ile Gln
35 40 45

Gly Met Gly Phe Thr Ala Ile Trp Ile Ser Pro Ile Val Asp Asn Ile
50 55 60

Asp Ala Asp Thr Val Asp Gly Thr Ser Tyr His Gly Tyr Trp Ala Gln
65 70 75 80

Asp Ile Thr Ser Val Asn Ser Ala Phe Gly Thr Glu Gln Asp Leu Ile
85 90 95

Asn Leu Ser Ala Ala Leu His Asp Arg Gly Met Tyr Leu Met Val Asp
100 105 110

Val Val Asn Asn His Met Gly Tyr Asn Gly Cys Gly Asp Cys Val Asp
115 120 125

Tyr Ser Ile Tyr Thr Pro Phe Asn Gln Gln Ser Tyr Tyr His Pro Tyr
130 135 140

Cys Ala Thr Asp Tyr Ser Asn Leu Thr Ser Ile Gln Val Cys Trp Glu
145 150 155 160

Gly Asp Asn Ile Val Ser Leu Pro Asp Leu Arg Thr Glu Asp Asp Asp
165 170 175

Val Arg Thr Met Trp Tyr Asp Trp Ile Thr Pro Leu Val Thr Lys Tyr
180 185 190

Ser Ile Asp Gly Leu Arg Met Asp Ser Ala Glu His Val Glu Lys Ser
195 200 205

Phe Trp Pro Gly Trp Val Ser Ala Ser Gly Val Tyr Asn Ile Gly Glu

210 215 220

Val Asp Glu Gly Asp Pro Thr Ile Phe Pro Asp Trp Leu Asn Tyr Ile
225 230 235 240

Asp Gly Thr Leu Asn Tyr Pro Ala Tyr Tyr Trp Ile Thr Gln Ala Phe
245 250 255

Gln Ser Thr Ser Gly Ser Ile Ser Asn Leu Val Asn Gly Ile Asn Gln
260 265 270

Met Lys Gly Ser Met Lys Thr Ser Thr Leu Gly Ser Phe Leu Glu Asn
275 280 285

His Asp Gln Pro Arg Phe Pro Ser Leu Thr Ser Asp Ala Asp Leu Ala
290 295 300

Lys Asn Ala Ile Ala Phe Ala Met Leu Ala Asp Gly Val Pro Ile Val
305 310 315 320

Tyr Tyr Gly Gln Glu Gln Ala Tyr Ser Gly Gly Gly Val Pro Asn Asp
325 330 335

Arg Glu Pro Leu Trp Thr Ser Gly Tyr Ser Thr Thr Ser Ala Gly Tyr
340 345 350

Thr Phe Ile Thr Thr Ile Asn Lys Ile Arg Arg Leu Ala Leu Thr Gln
355 360 365

Asp Ser Ala Tyr Val Ala Tyr Gln Thr Tyr Pro Ile Tyr Ser Asp Ser
370 375 380

His Val Ile Ala Met Lys Lys Ser Ser Val Val Ser Val Tyr Ser Asn
385 390 395 400

Ile Gly Ser Ser Gly Ser Thr Tyr Ser Ile Thr Leu Pro Ala Gly Thr
405 410 415

Phe Thr Gly Ser Val Ala Leu Thr Asp Val Val Ser Cys Gln Thr Tyr
420 425 430

Thr Ala Ser Ser Thr Gly Ser Leu Thr Phe Thr Phe Gly Gln Val Pro
435 440 445

Ser Val Phe Tyr Pro Thr Ala Ser Leu Ser Gly Ser Gly Leu Cys Ser
450 455 460

Ser Ser
465

<210> 11

<211> 1350

<212> DNA

<213> Valsaria rubricosa

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1350)

<400> 11

agc aac tcc gac tgg agg tcc cgc aat atc tac ttt gcc ttg acc gac 48
Ser Asn Ser Asp Trp Arg Ser Arg Asn Ile Tyr Phe Ala Leu Thr Asp
1 5 10 15

cgc gtc gcc aat ccg tcc acc acg acc gca tgt agt gac ctg agc aac 96
Arg Val Ala Asn Pro Ser Thr Thr Thr Ala Cys Ser Asp Leu Ser Asn
20 25 30

tac tgc ggc ggc acg tgg agc ggc ctg tcg agc aag ctg gac tac atc 144
Tyr Cys Gly Gly Thr Trp Ser Gly Leu Ser Ser Lys Leu Asp Tyr Ile
35 40 45

caa ggg atg ggc ttc gat tcc atc tgg att acc ccc gtg gtc gag aac 192
Gln Gly Met Gly Phe Asp Ser Ile Trp Ile Thr Pro Val Val Glu Asn
50 55 60

tgc gac ggt ggc tac cac ggc tac tgg gcc aag gcg ctc tac aac gtc 240
Cys Asp Gly Gly Tyr His Gly Tyr Trp Ala Lys Ala Leu Tyr Asn Val
65 70 75 80

aac acg aac tac ggc agt gcg gat gat ctg aag aac ttc gtt gcg gcc 288
Asn Thr Asn Tyr Gly Ser Ala Asp Asp Leu Lys Asn Phe Val Ala Ala
85 90 95

gcc cat gcg aag ggc atg tac gtg atg gtg gac gtc gtc gcg aat cac 336
Ala His Ala Lys Gly Met Tyr Val Met Val Asp Val Val Ala Asn His
100 105 110

atg ggt tcc tgc ggc atc gcc aac ctc tcc cca cct ccc ctg aac gag 384
Met Gly Ser Cys Gly Ile Ala Asn Leu Ser Pro Pro Pro Leu Asn Glu
115 120 125

cag agc tct tat cac acc cag tgc gac att gac tac agc agt cag tcc 432
Gln Ser Ser Tyr His Thr Gln Cys Asp Ile Asp Tyr Ser Ser Gln Ser
130 135 140

agc att gag acg tgc tgg ata tcc ggc ctc cct gac ctg gac acc acc 480
Ser Ile Glu Thr Cys Trp Ile Ser Gly Leu Pro Asp Leu Asp Thr Thr
145 150 155 160

gat agc act atc cga tcc ctc ttc cag acc tgg gtc cac ggc ctg gtc 528
Asp Ser Thr Ile Arg Ser Leu Phe Gln Thr Trp Val His Gly Leu Val
165 170 175

agc aac tac agc ttc gac ggt ctc cgc gtc gac acc gtc aag cac gtg 576
Ser Asn Tyr Ser Phe Asp Gly Leu Arg Val Asp Thr Val Lys His Val
180 185 190

gag aag gat tac tgg ccc ggc ttc gtg tcg gcg gcg ggc acc tac gcc 624
Glu Lys Asp Tyr Trp Pro Gly Phe Val Ser Ala Ala Gly Thr Tyr Ala
195 200 205

atc ggc gaa gtc ttc tcc ggc gac acc tcc tac gtg gcc ggc tat caa 672
Ile Gly Glu Val Phe Ser Gly Asp Thr Ser Tyr Val Ala Gly Tyr Gln
210 215 220

tcg gtg atg ccg ggc ttg ctc aac tat ccc atc tac tat ccg ctc atc 720

Ser Val Met Pro Gly Leu Leu Asn Tyr Pro Ile Tyr Tyr Pro Leu Ile

225 230 235 240

cgc gtc ttc gcg cag ggt gcg tcc ttc acc gat ctc gtc aac aac cac 768

Arg Val Phe Ala Gln Gly Ala Ser Phe Thr Asp Leu Val Asn Asn His

245 250 255

gat acc gtc ggc tcg acc ttc tcc gac ccg acg ctg ctg ggt aac ttt 816

Asp Thr Val Gly Ser Thr Phe Ser Asp Pro Thr Leu Leu Gly Asn Phe

260 265 270

atc gac aac cac gac aac cca cgt ttc ctg agc tac acc agc gac cac 864

Ile Asp Asn His Asp Asn Pro Arg Phe Leu Ser Tyr Thr Ser Asp His

275 280 285

gcc ctc ctc aag aac gct ctg gcc tac gtc atc ctg gcc aga ggc atc 912

Ala Leu Leu Lys Asn Ala Leu Ala Tyr Val Ile Leu Ala Arg Gly Ile

290 295 300

ccc atc gtc tac tac ggc acc gag caa ggc tac tcg ggt tcg tcc gac 960

Pro Ile Val Tyr Tyr Gly Thr Glu Gln Gly Tyr Ser Gly Ser Ser Asp

305 310 315 320

ccg gcg aac cgc gag gat ctc tgg cgt agc gga tac agc act acg gga 1008

Pro Ala Asn Arg Glu Asp Leu Trp Arg Ser Gly Tyr Ser Thr Thr Gly

325 330 335

gac atc tac acc acc atc gcc gcg ctc tcc gcc gcg cgc acc gcg gcc 1056

Asp Ile Tyr Thr Thr Ile Ala Ala Leu Ser Ala Ala Arg Thr Ala Ala

340 345 350

ggt ggc ctc gcc ggt aac gac cac gtc cac ctg tac acg acc gac aac 1104

Gly Gly Leu Ala Gly Asn Asp His Val His Leu Tyr Thr Thr Asp Asn

355 360 365

gcg tac gcc tgg tcc cgg gcg agc ggc aag ctc atc gtc gtc acg tcc 1152
Ala Tyr Ala Trp Ser Arg Ala Ser Gly Lys Leu Ile Val Val Thr Ser
370 375 380

aac cgc ggc agc tcc gac agc agc acc atc tgc ttc agc acc cag cag 1200
Asn Arg Gly Ser Ser Asp Ser Ser Thr Ile Cys Phe Ser Thr Gln Gln
385 390 395 400

gcc agc ggc acc acc tgg acc agc acg atc acc ggc aac tcg tac acc 1248
Ala Ser Gly Thr Thr Trp Thr Ser Thr Ile Thr Gly Asn Ser Tyr Thr
405 410 415

gcc gac agc aac ggc cag atc tgc gtg cag ctg tcc agc ggc gga ccc 1296
Ala Asp Ser Asn Gly Gln Ile Cys Val Gln Leu Ser Ser Gly Gly Pro
420 425 430

gag gcg ctc gtc gtc tcc acc gcg acc ggc acc gcc acc gcg acg act 1344
Glu Ala Leu Val Val Ser Thr Ala Thr Gly Thr Ala Thr Ala Thr Thr
435 440 445

ctg tcc 1350
Leu Ser
450

<210> 12
<211> 450
<212> PRT
<213> Valsaria rubricosa

<400> 12

Ser Asn Ser Asp Trp Arg Ser Arg Asn Ile Tyr Phe Ala Leu Thr Asp
1 5 10 15

Arg Val Ala Asn Pro Ser Thr Thr Thr Ala Cys Ser Asp Leu Ser Asn
20 25 30

Tyr Cys Gly Gly Thr Trp Ser Gly Leu Ser Ser Lys Leu Asp Tyr Ile
35 40 45

Gln Gly Met Gly Phe Asp Ser Ile Trp Ile Thr Pro Val Val Glu Asn
50 55 60

Cys Asp Gly Gly Tyr His Gly Tyr Trp Ala Lys Ala Leu Tyr Asn Val
65 70 75 80

Asn Thr Asn Tyr Gly Ser Ala Asp Asp Leu Lys Asn Phe Val Ala Ala
85 90 95

Ala His Ala Lys Gly Met Tyr Val Met Val Asp Val Val Ala Asn His
100 105 110

Met Gly Ser Cys Gly Ile Ala Asn Leu Ser Pro Pro Pro Leu Asn Glu
115 120 125

Gln Ser Ser Tyr His Thr Gln Cys Asp Ile Asp Tyr Ser Ser Gln Ser

130 135 140

Ser Ile Glu Thr Cys Trp Ile Ser Gly Leu Pro Asp Leu Asp Thr Thr
145 150 155 160

Asp Ser Thr Ile Arg Ser Leu Phe Gln Thr Trp Val His Gly Leu Val
165 170 175

Ser Asn Tyr Ser Phe Asp Gly Leu Arg Val Asp Thr Val Lys His Val
180 185 190

Glu Lys Asp Tyr Trp Pro Gly Phe Val Ser Ala Ala Gly Thr Tyr Ala
195 200 205

Ile Gly Glu Val Phe Ser Gly Asp Thr Ser Tyr Val Ala Gly Tyr Gln
210 215 220

Ser Val Met Pro Gly Leu Leu Asn Tyr Pro Ile Tyr Tyr Pro Leu Ile
225 230 235 240

Arg Val Phe Ala Gln Gly Ala Ser Phe Thr Asp Leu Val Asn Asn His
245 250 255

Asp Thr Val Gly Ser Thr Phe Ser Asp Pro Thr Leu Leu Gly Asn Phe
260 265 270

Ile Asp Asn His Asp Asn Pro Arg Phe Leu Ser Tyr Thr Ser Asp His
275 280 285

Ala Leu Leu Lys Asn Ala Leu Ala Tyr Val Ile Leu Ala Arg Gly Ile
290 295 300

Pro Ile Val Tyr Tyr Gly Thr Glu Gln Gly Tyr Ser Gly Ser Ser Asp
305 310 315 320

Pro Ala Asn Arg Glu Asp Leu Trp Arg Ser Gly Tyr Ser Thr Thr Gly
325 330 335

Asp Ile Tyr Thr Thr Ile Ala Ala Leu Ser Ala Ala Arg Thr Ala Ala
340 345 350

Gly Gly Leu Ala Gly Asn Asp His Val His Leu Tyr Thr Thr Asp Asn
355 360 365

Ala Tyr Ala Trp Ser Arg Ala Ser Gly Lys Leu Ile Val Val Thr Ser
370 375 380

Asn Arg Gly Ser Ser Asp Ser Ser Thr Ile Cys Phe Ser Thr Gln Gln
385 390 395 400

Ala Ser Gly Thr Thr Trp Thr Ser Thr Ile Thr Gly Asn Ser Tyr Thr

405 410 415

Ala Asp Ser Asn Gly Gln Ile Cys Val Gln Leu Ser Ser Gly Gly Pro
420 425 430

Glu Ala Leu Val Val Ser Thr Ala Thr Gly Thr Ala Thr Ala Thr Thr
435 440 445

Leu Ser
450

<210> 13
<211> 1326
<212> DNA
<213> Thermomyces lanuginosus

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1326)

<400> 13
aaa tat tgc ggg gga aca tgg cga ggt atc atc aac aac ctg gat tac 48
Lys Tyr Cys Gly Gly Thr Trp Arg Gly Ile Ile Asn Asn Leu Asp Tyr
1 5 10 15

atc cag gat atg ggc ttc aca gct atc tgg att act cca gtg aca gcc 96
Ile Gln Asp Met Gly Phe Thr Ala Ile Trp Ile Thr Pro Val Thr Ala
20 25 30

cag tgg gac gac gat gtg gat gcg gca gat gca acg tcg tat cac ggt 144
Gln Trp Asp Asp Asp Val Asp Ala Ala Asp Ala Thr Ser Tyr His Gly
35 40 45

tat tgg cag aaa gac cta tac tct ctg aat tcg aaa ttc ggc act gcc 192
Tyr Trp Gln Lys Asp Leu Tyr Ser Leu Asn Ser Lys Phe Gly Thr Ala
50 55 60

gat gac ttg aaa gcc ctg gct gat acc ctt cac gcc cgt ggg atg ctt 240
Asp Asp Leu Lys Ala Leu Ala Asp Thr Leu His Ala Arg Gly Met Leu
65 70 75 80

ctc atg gtc gac gtc gtg gct aat cac ttt ggc tac ggc ggt tct cat 288
Leu Met Val Asp Val Val Ala Asn His Phe Gly Tyr Gly Gly Ser His
85 90 95

agc gag gtg gat tac tcg atc ttc aat cct ctg aac agc cag gat tac 336
Ser Glu Val Asp Tyr Ser Ile Phe Asn Pro Leu Asn Ser Gln Asp Tyr
100 105 110

ttc cac ccg ttc tgt ctc att gag gac tac gac aac cag gaa gaa gtc 384
Phe His Pro Phe Cys Leu Ile Glu Asp Tyr Asp Asn Gln Glu Glu Val
115 120 125

gaa caa tgc tgg ctg gcc gat act ccg acg aca ttg ccc gac gtg gac 432
Glu Gln Cys Trp Leu Ala Asp Thr Pro Thr Thr Leu Pro Asp Val Asp
130 135 140

acc acc aat cct cag gtt cgg acg ttt ttc aac gac tgg atc aag agc 480
Thr Thr Asn Pro Gln Val Arg Thr Phe Phe Asn Asp Trp Ile Lys Ser
145 150 155 160

ctg gtg gcg aac tac tcc atc gat ggt ctg cgc gtc gac acc gtt aag 528
Leu Val Ala Asn Tyr Ser Ile Asp Gly Leu Arg Val Asp Thr Val Lys
165 170 175

cac gtg gag aaa gat ttc tgg ccc gac ttc aac gaa gct gct ggc gtg 576
His Val Glu Lys Asp Phe Trp Pro Asp Phe Asn Glu Ala Ala Gly Val
180 185 190

tac gcc gtc ggc gag gtg ttc aac ggt gac cca gcg tac acc tgc cca 624
Tyr Ala Val Gly Glu Val Phe Asn Gly Asp Pro Ala Tyr Thr Cys Pro
195 200 205

tac cag gaa gtg ctg gat ggc gtt ctg aac tat ccg atc tac tat cct 672
Tyr Gln Glu Val Leu Asp Gly Val Leu Asn Tyr Pro Ile Tyr Tyr Pro
210 215 220

gcg ctt gat gca ttc aag tct gtc ggc ggc aat ctc ggc ggc ttg gct 720
Ala Leu Asp Ala Phe Lys Ser Val Gly Gly Asn Leu Gly Gly Leu Ala
225 230 235 240

cag gcc atc acc acc gtg cag gag agc tgc aag gat tcc aat ctg ctc 768
Gln Ala Ile Thr Thr Val Gln Glu Ser Cys Lys Asp Ser Asn Leu Leu
245 250 255

ggc aat ttc ctt gag aat cac gac att gct cgc ttt gct tcg tac acg 816
Gly Asn Phe Leu Glu Asn His Asp Ile Ala Arg Phe Ala Ser Tyr Thr
260 265 270

gat gac ctt gct ctc gcc aag aat ggt ctc gct ttc atc atc ctc tcg 864
Asp Asp Leu Ala Leu Ala Lys Asn Gly Leu Ala Phe Ile Ile Leu Ser
275 280 285

gat ggt att ccg atc atc tac gcg ggc cag gag cag cac tac gcc ggt 912

Asp Gly Ile Pro Ile Ile Tyr Ala Gly Gln Glu Gln His Tyr Ala Gly

290 295 300

gat cac gat ccc aca aat cgt gag gcc gtc tgg ctg tct ggc tac aat 960

Asp His Asp Pro Thr Asn Arg Glu Ala Val Trp Leu Ser Gly Tyr Asn

305 310 315 320

acc gac gcc gag ctg tac cag ttc atc aag aag gcc aat ggc atc cgc 1008

Thr Asp Ala Glu Leu Tyr Gln Phe Ile Lys Lys Ala Asn Gly Ile Arg

325 330 335

aac ttg gct atc agc cag aac ccg gaa ttc acc tcc tcc aag acc aag 1056

Asn Leu Ala Ile Ser Gln Asn Pro Glu Phe Thr Ser Ser Lys Thr Lys

340 345 350

gtc atc tac caa gac gat tcg acc ctt gcc att aac cgg ggc ggc gtc 1104

Val Ile Tyr Gln Asp Asp Ser Thr Leu Ala Ile Asn Arg Gly Gly Val

355 360 365

gtt act gtc ctg agc aat gaa ggc gcc tcc ggc gga gac cgg act gtc 1152

Val Thr Val Leu Ser Asn Glu Gly Ala Ser Gly Gly Asp Arg Thr Val

370 375 380

tcc att ccg gga act ggc ttc gag gcc ggc acg gaa ttg act gat gtc 1200

Ser Ile Pro Gly Thr Gly Phe Glu Ala Gly Thr Glu Leu Thr Asp Val

385 390 395 400

atc tcc tgc aag acc gtg act gcg ggg gac agc ggg gcg gtc gac gtg 1248

Ile Ser Cys Lys Thr Val Thr Ala Gly Asp Ser Gly Ala Val Asp Val

405 410 415

ccc ttg tcg ggc gga ctg cca agc gtg ctc tat ccc agc tcc cag ctg 1296

Pro Leu Ser Gly Gly Leu Pro Ser Val Leu Tyr Pro Ser Ser Gln Leu

420 425 430

gcc aag agt ggt ctg tgt gcg tcg gcg tga 1326

Ala Lys Ser Gly Leu Cys Ala Ser Ala

435 440

<210> 14

<211> 441

<212> PRT

<213> Thermomyces lanuginosus

<400> 14

Lys Tyr Cys Gly Gly Thr Trp Arg Gly Ile Ile Asn Asn Leu Asp Tyr

1 5 10 15

Ile Gln Asp Met Gly Phe Thr Ala Ile Trp Ile Thr Pro Val Thr Ala

20 25 30

Gln Trp Asp Asp Asp Val Asp Ala Ala Asp Ala Thr Ser Tyr His Gly

35 40 45

Tyr Trp Gln Lys Asp Leu Tyr Ser Leu Asn Ser Lys Phe Gly Thr Ala

50 55 60

Asp Asp Leu Lys Ala Leu Ala Asp Thr Leu His Ala Arg Gly Met Leu

65 70 75 80

Leu Met Val Asp Val Val Ala Asn His Phe Gly Tyr Gly Gly Ser His
85 90 95

Ser Glu Val Asp Tyr Ser Ile Phe Asn Pro Leu Asn Ser Gln Asp Tyr
100 105 110

Phe His Pro Phe Cys Leu Ile Glu Asp Tyr Asp Asn Gln Glu Glu Val
115 120 125

Glu Gln Cys Trp Leu Ala Asp Thr Pro Thr Thr Leu Pro Asp Val Asp
130 135 140

Thr Thr Asn Pro Gln Val Arg Thr Phe Phe Asn Asp Trp Ile Lys Ser
145 150 155 160

Leu Val Ala Asn Tyr Ser Ile Asp Gly Leu Arg Val Asp Thr Val Lys
165 170 175

His Val Glu Lys Asp Phe Trp Pro Asp Phe Asn Glu Ala Ala Gly Val
180 185 190

Tyr Ala Val Gly Glu Val Phe Asn Gly Asp Pro Ala Tyr Thr Cys Pro
195 200 205

Tyr Gln Glu Val Leu Asp Gly Val Leu Asn Tyr Pro Ile Tyr Tyr Pro
210 215 220

Ala Leu Asp Ala Phe Lys Ser Val Gly Gly Asn Leu Gly Gly Leu Ala
225 230 235 240

Gln Ala Ile Thr Thr Val Gln Glu Ser Cys Lys Asp Ser Asn Leu Leu
245 250 255

Gly Asn Phe Leu Glu Asn His Asp Ile Ala Arg Phe Ala Ser Tyr Thr
260 265 270

Asp Asp Leu Ala Leu Ala Lys Asn Gly Leu Ala Phe Ile Ile Leu Ser
275 280 285

Asp Gly Ile Pro Ile Ile Tyr Ala Gly Gln Glu Gln His Tyr Ala Gly
290 295 300

Asp His Asp Pro Thr Asn Arg Glu Ala Val Trp Leu Ser Gly Tyr Asn
305 310 315 320

Thr Asp Ala Glu Leu Tyr Gln Phe Ile Lys Lys Ala Asn Gly Ile Arg
325 330 335

Asn Leu Ala Ile Ser Gln Asn Pro Glu Phe Thr Ser Ser Lys Thr Lys

340 345 350

Val Ile Tyr Gln Asp Asp Ser Thr Leu Ala Ile Asn Arg Gly Gly Val
355 360 365

Val Thr Val Leu Ser Asn Glu Gly Ala Ser Gly Gly Asp Arg Thr Val
370 375 380

Ser Ile Pro Gly Thr Gly Phe Glu Ala Gly Thr Glu Leu Thr Asp Val
385 390 395 400

Ile Ser Cys Lys Thr Val Thr Ala Gly Asp Ser Gly Ala Val Asp Val
405 410 415

Pro Leu Ser Gly Gly Leu Pro Ser Val Leu Tyr Pro Ser Ser Gln Leu
420 425 430

Ala Lys Ser Gly Leu Cys Ala Ser Ala
435 440

<210> 15

<211> 1443

<212> DNA

<213> Acremonium sp.

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1443)

<400> 15

gct gcc ggg ctc tcg gct gcc gag tgg cgg agc cag tcc atc tac cag 48
Ala Ala Gly Leu Ser Ala Ala Glu Trp Arg Ser Gln Ser Ile Tyr Gln
1 5 10 15

gtt gtc acc gac agg ttc gcc cgg acc gac ctg tcg acc acg gcg tcg 96
Val Val Thr Asp Arg Phe Ala Arg Thr Asp Leu Ser Thr Thr Ala Ser
20 25 30

tgc aac acg gca gac caa gtc tac tgc gga ggg aca tgg cag ggg ctc 144
Cys Asn Thr Ala Asp Gln Val Tyr Cys Gly Gly Thr Trp Gln Gly Leu
35 40 45

atc tcc aag ctg gac tac atc cag ggc atg ggt ttc acc gcc gta tgg 192
Ile Ser Lys Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly Phe Thr Ala Val Trp
50 55 60

atc tca cca gtg gtc aag cag gtg gaa ggc aat tcc cag gac ggg tcg 240
Ile Ser Pro Val Val Lys Gln Val Glu Gly Asn Ser Gln Asp Gly Ser
65 70 75 80

gcc tat cac gga tac tgg gcg cag gat atc tgg gcc ttg aat ccg gct 288
Ala Tyr His Gly Tyr Trp Ala Gln Asp Ile Trp Ala Leu Asn Pro Ala
85 90 95

ttt ggg acc gag gag gat ctc gct gcg ctt gcc gcg gcg ctg cat gcc 336
Phe Gly Thr Glu Glu Asp Leu Ala Ala Leu Ala Ala Ala Leu His Ala
100 105 110

cga ggc atg tac ctc atg gtt gac att gtc acc aac cac atg gca tac 384
Arg Gly Met Tyr Leu Met Val Asp Ile Val Thr Asn His Met Ala Tyr
115 120 125

atg ggc tgc ggc acc tgt gta gac tac agc ctg ttc aac ccc ttc tca 432
Met Gly Cys Gly Thr Cys Val Asp Tyr Ser Leu Phe Asn Pro Phe Ser
130 135 140

tcg tca tcg tac ttc cac cca tat tgc gcc atc gac tac agc aac cag 480
Ser Ser Ser Tyr Phe His Pro Tyr Cys Ala Ile Asp Tyr Ser Asn Gln
145 150 155 160

acg tcg gtc gag gtt tgc tgg caa ggg gat aac att gtc agt ctg cct 528
Thr Ser Val Glu Val Cys Trp Gln Gly Asp Asn Ile Val Ser Leu Pro
165 170 175

gac ctg cgc acc gag gat gac acg gtg cgc agc atc tgg aac cgc tgg 576
Asp Leu Arg Thr Glu Asp Asp Thr Val Arg Ser Ile Trp Asn Arg Trp
180 185 190

gtt agc cag ctc gtg tcc aac tac tcc atc gac ggc ttc cga gtc gac 624
Val Ser Gln Leu Val Ser Asn Tyr Ser Ile Asp Gly Phe Arg Val Asp
195 200 205

agc gca aaa cac gtc gag acg tcc ttt tgg caa gac ttc tcg aca gcg 672
Ser Ala Lys His Val Glu Thr Ser Phe Trp Gln Asp Phe Ser Thr Ala
210 215 220

gcg ggc gtg tac ctg ctg ggc gag gtc ttt gac ggg gac ccg tcg tac 720
Ala Gly Val Tyr Leu Leu Gly Glu Val Phe Asp Gly Asp Pro Ser Tyr
225 230 235 240

gtg gcg cct tac cag aac tac ctc aac ggg gtt ctg gat tat ccc agc 768

Val Ala Pro Tyr Gln Asn Tyr Leu Asn Gly Val Leu Asp Tyr Pro Ser
245 250 255

tac tac tgg atc ctc cgg gct ttc cag tca tcc agc ggc agc atc agc 816
Tyr Tyr Trp Ile Leu Arg Ala Phe Gln Ser Ser Ser Gly Ser Ile Ser
260 265 270

gac ctc gtc tcc ggg ctc aac acg ctc cat ggc gtt gct ctg gac ctg 864
Asp Leu Val Ser Gly Leu Asn Thr Leu His Gly Val Ala Leu Asp Leu
275 280 285

agt cta tat ggg tcc ttc ctc gag aac cac gat gtg gcg cgg ttt gcg 912
Ser Leu Tyr Gly Ser Phe Leu Glu Asn His Asp Val Ala Arg Phe Ala
290 295 300

tcc ttc acg cag gac atg tcc cta gcg aag aat gcc atc gca ttc aca 960
Ser Phe Thr Gln Asp Met Ser Leu Ala Lys Asn Ala Ile Ala Phe Thr
305 310 315 320

atg ctg aaa gac ggc atc ccc atc ata tac cag gga caa gag caa cat 1008
Met Leu Lys Asp Gly Ile Pro Ile Ile Tyr Gln Gly Gln Glu Gln His
325 330 335

tac gct ggc gga acg acg ccc aac aac cgc gag gcg ctc tgg ctc tcg 1056
Tyr Ala Gly Gly Thr Thr Pro Asn Asn Arg Glu Ala Leu Trp Leu Ser
340 345 350

ggc tac tcg act agc tcc gag ctc tac aag tgg att gcc gcc ttg aac 1104
Gly Tyr Ser Thr Ser Ser Glu Leu Tyr Lys Trp Ile Ala Ala Leu Asn
355 360 365

cag atc cgg gcc cga gct att gct caa gat agc ggc tac ctc tcc tac 1152
Gln Ile Arg Ala Arg Ala Ile Ala Gln Asp Ser Gly Tyr Leu Ser Tyr

370 375 380

agc agc caa gcc atc tac tcg gac agc cat acc att gcc atg cgc aaa 1200
Ser Ser Gln Ala Ile Tyr Ser Asp Ser His Thr Ile Ala Met Arg Lys
385 390 395 400

ggt acc tcg gga tac cag atc gtg ggc gtg ttc acc aat gtc ggg gcc 1248
Gly Thr Ser Gly Tyr Gln Ile Val Gly Val Phe Thr Asn Val Gly Ala
405 410 415

tcg tcg tcg gct acg gtc acc cta acc tct tcc gca acg ggc ttc ggg 1296
Ser Ser Ser Ala Thr Val Thr Leu Thr Ser Ser Ala Thr Gly Phe Gly
420 425 430

gcg aac caa gca ctc gtc gac gtg atg agc tgc acc gct tac acc aca 1344
Ala Asn Gln Ala Leu Val Asp Val Met Ser Cys Thr Ala Tyr Thr Thr
435 440 445

gat tcg acg gga gcc ctc acg gta acc ctg aac gac ggc ctg ccc aag 1392
Asp Ser Thr Gly Ala Leu Thr Val Thr Leu Asn Asp Gly Leu Pro Lys
450 455 460

gtg ctt tat ccg att gcg cgg ctc tcg ggc agc ggt atc tgc cca ggg 1440
Val Leu Tyr Pro Ile Ala Arg Leu Ser Gly Ser Gly Ile Cys Pro Gly
465 470 475 480

cag 1443
Gln

<210> 16
<211> 481

<212> PRT

<213> Acremonium sp.

<400> 16

Ala Ala Gly Leu Ser Ala Ala Glu Trp Arg Ser Gln Ser Ile Tyr Gln
1 5 10 15

Val Val Thr Asp Arg Phe Ala Arg Thr Asp Leu Ser Thr Thr Ala Ser
20 25 30

Cys Asn Thr Ala Asp Gln Val Tyr Cys Gly Gly Thr Trp Gln Gly Leu
35 40 45

Ile Ser Lys Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly Phe Thr Ala Val Trp
50 55 60

Ile Ser Pro Val Val Lys Gln Val Glu Gly Asn Ser Gln Asp Gly Ser
65 70 75 80

Ala Tyr His Gly Tyr Trp Ala Gln Asp Ile Trp Ala Leu Asn Pro Ala
85 90 95

Phe Gly Thr Glu Glu Asp Leu Ala Ala Leu Ala Ala Ala Leu His Ala
100 105 110

Arg Gly Met Tyr Leu Met Val Asp Ile Val Thr Asn His Met Ala Tyr
115 120 125

Met Gly Cys Gly Thr Cys Val Asp Tyr Ser Leu Phe Asn Pro Phe Ser
130 135 140

Ser Ser Ser Tyr Phe His Pro Tyr Cys Ala Ile Asp Tyr Ser Asn Gln
145 150 155 160

Thr Ser Val Glu Val Cys Trp Gln Gly Asp Asn Ile Val Ser Leu Pro
165 170 175

Asp Leu Arg Thr Glu Asp Asp Thr Val Arg Ser Ile Trp Asn Arg Trp
180 185 190

Val Ser Gln Leu Val Ser Asn Tyr Ser Ile Asp Gly Phe Arg Val Asp
195 200 205

Ser Ala Lys His Val Glu Thr Ser Phe Trp Gln Asp Phe Ser Thr Ala
210 215 220

Ala Gly Val Tyr Leu Leu Gly Glu Val Phe Asp Gly Asp Pro Ser Tyr
225 230 235 240

Val Ala Pro Tyr Gln Asn Tyr Leu Asn Gly Val Leu Asp Tyr Pro Ser

245 250 255

Tyr Tyr Trp Ile Leu Arg Ala Phe Gln Ser Ser Ser Gly Ser Ile Ser
260 265 270

Asp Leu Val Ser Gly Leu Asn Thr Leu His Gly Val Ala Leu Asp Leu
275 280 285

Ser Leu Tyr Gly Ser Phe Leu Glu Asn His Asp Val Ala Arg Phe Ala
290 295 300

Ser Phe Thr Gln Asp Met Ser Leu Ala Lys Asn Ala Ile Ala Phe Thr
305 310 315 320

Met Leu Lys Asp Gly Ile Pro Ile Ile Tyr Gln Gly Gln Glu Gln His
325 330 335

Tyr Ala Gly Gly Thr Thr Pro Asn Asn Arg Glu Ala Leu Trp Leu Ser
340 345 350

Gly Tyr Ser Thr Ser Ser Glu Leu Tyr Lys Trp Ile Ala Ala Leu Asn
355 360 365

Gln Ile Arg Ala Arg Ala Ile Ala Gln Asp Ser Gly Tyr Leu Ser Tyr
370 375 380

Ser Ser Gln Ala Ile Tyr Ser Asp Ser His Thr Ile Ala Met Arg Lys
385 390 395 400

Gly Thr Ser Gly Tyr Gln Ile Val Gly Val Phe Thr Asn Val Gly Ala
405 410 415

Ser Ser Ser Ala Thr Val Thr Leu Thr Ser Ser Ala Thr Gly Phe Gly
420 425 430

Ala Asn Gln Ala Leu Val Asp Val Met Ser Cys Thr Ala Tyr Thr Thr
435 440 445

Asp Ser Thr Gly Ala Leu Thr Val Thr Leu Asn Asp Gly Leu Pro Lys
450 455 460

Val Leu Tyr Pro Ile Ala Arg Leu Ser Gly Ser Gly Ile Cys Pro Gly
465 470 475 480

Gln

<210> 17
<211> 1413
<212> DNA
<213> Malbranchea sp.

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1413)

<400> 17

gcc acg cct gat gag tgg cgc tca agg tcc atc tat cag gtc ctg acc 48
Ala Thr Pro Asp Glu Trp Arg Ser Arg Ser Ile Tyr Gln Val Leu Thr
1 5 10 15

gac cgg ttc gcc cgc ggg gat ggc tcg acc gat gcc ccg tgc gat acg 96
Asp Arg Phe Ala Arg Gly Asp Gly Ser Thr Asp Ala Pro Cys Asp Thr
20 25 30

ggt gcc agg aag tat tgc gga gga aac tat cgg gga ctc atc agc cag 144
Gly Ala Arg Lys Tyr Cys Gly Gly Asn Tyr Arg Gly Leu Ile Ser Gln
35 40 45

ctc gac tat atc cag ggc atg gga ttc gac agc gtc tgg ata tcc ccc 192
Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly Phe Asp Ser Val Trp Ile Ser Pro
50 55 60

atc acc aag cag ttt gag gat gac tgg aac ggt gcc ccg tac cac ggg 240
Ile Thr Lys Gln Phe Glu Asp Asp Trp Asn Gly Ala Pro Tyr His Gly
65 70 75 80

tac tgg cag acg gac ctc tat gcg ctg aac gag cac ttt ggt acc gag 288
Tyr Trp Gln Thr Asp Leu Tyr Ala Leu Asn Glu His Phe Gly Thr Glu
85 90 95

gag gat ctc cga gct ctc gcc gat gag ctc cac gcc cgt ggc atg ttc 336
Glu Asp Leu Arg Ala Leu Ala Asp Glu Leu His Ala Arg Gly Met Phe
100 105 110

ctc atg gtc gac gtc gtc atc aac cac aac ggc tgg ccc ggc gac gca 384
Leu Met Val Asp Val Val Ile Asn His Asn Gly Trp Pro Gly Asp Ala
115 120 125

gcg tcc atc gac tac tcg cag ttc aac ccg ttc aac agc tcc gac tat 432
Ala Ser Ile Asp Tyr Ser Gln Phe Asn Pro Phe Asn Ser Ser Asp Tyr
130 135 140

tac cat cca ccc tgt gag atc aac tat gac gac cag act tcg gtc gag 480
Tyr His Pro Pro Cys Glu Ile Asn Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Val Glu
145 150 155 160

cag tgc tgg ctc tac acc ggg gcc aat gcg ctg cct gat ctc aag acg 528
Gln Cys Trp Leu Tyr Thr Gly Ala Asn Ala Leu Pro Asp Leu Lys Thr
165 170 175

gag gac ccc cat gtc tcg cag gtg cac aac gac tgg atc gcc gac ctc 576
Glu Asp Pro His Val Ser Gln Val His Asn Asp Trp Ile Ala Asp Leu
180 185 190

gtc tcc aag tat tcc atc gac ggc ttg cgc att gac acc aca aag cat 624
Val Ser Lys Tyr Ser Ile Asp Gly Leu Arg Ile Asp Thr Thr Lys His
195 200 205

gtg gac aaa ccc gct atc ggt tcc ttc aat gac gcc gct ggc gtg tac 672
Val Asp Lys Pro Ala Ile Gly Ser Phe Asn Asp Ala Ala Gly Val Tyr
210 215 220

gcc gtc gga gag gtt tac cac ggt gat cct gca tac act tgt ccc tac 720
Ala Val Gly Glu Val Tyr His Gly Asp Pro Ala Tyr Thr Cys Pro Tyr
225 230 235 240

cag gac tgg gtc gac ggg gtc ctc aac ttc cct gtc tac tac ccg cta 768
Gln Asp Trp Val Asp Gly Val Leu Asn Phe Pro Val Tyr Tyr Pro Leu
245 250 255

atc gac gcg ttc aag tcg cct tcg ggc acc atg tgg tct ctt gtc gac 816
Ile Asp Ala Phe Lys Ser Pro Ser Gly Thr Met Trp Ser Leu Val Asp
260 265 270

aac atc aac aaa gtc ttc caa acc tgc aat gac ccg cgg ctc ctg ggg 864
Asn Ile Asn Lys Val Phe Gln Thr Cys Asn Asp Pro Arg Leu Leu Gly
275 280 285

acc ttc tcg gag aac cat gac atc ccc cgc ttc gcc tcg tac acg caa 912
Thr Phe Ser Glu Asn His Asp Ile Pro Arg Phe Ala Ser Tyr Thr Gln
290 295 300

gac ctc gcc ctc gcg aag aac gtg ctg gcc ttc acg atc ctg ttc gac 960
Asp Leu Ala Leu Ala Lys Asn Val Leu Ala Phe Thr Ile Leu Phe Asp
305 310 315 320

ggc atc cca atc gtc tac gcg ggc cag gag caa cag tac tct gga gac 1008
Gly Ile Pro Ile Val Tyr Ala Gly Gln Glu Gln Gln Tyr Ser Gly Asp
325 330 335

tcg gac ccg tat aat cga gag gcc ctc tgg ctc tcc gga ttc aac acc 1056
Ser Asp Pro Tyr Asn Arg Glu Ala Leu Trp Leu Ser Gly Phe Asn Thr
340 345 350

gac gct cct cta tac aag cac att gca gct tgc aac aga ata cgg tcg 1104
Asp Ala Pro Leu Tyr Lys His Ile Ala Ala Cys Asn Arg Ile Arg Ser
355 360 365

cac gca gtg tcc aac gac gac gcg tac atc acc act ccg acg gac atc 1152

His Ala Val Ser Asn Asp Asp Ala Tyr Ile Thr Thr Pro Thr Asp Ile

370 375 380

aag tac agc gat gac cac acc ctg gcg ctg gtc aag ggt gcg gtg acg 1200

Lys Tyr Ser Asp Asp His Thr Leu Ala Leu Val Lys Gly Ala Val Thr

385 390 395 400

acc gtg ctg acc aac gcc ggc gcc aac gcc ggc gag acc acc gta acg 1248

Thr Val Leu Thr Asn Ala Gly Ala Asn Ala Gly Glu Thr Thr Val Thr

405 410 415

gtg gaa gca acc ggc tat gcc agt gga gag cag gtt act gat gtg ctg 1296

Val Glu Ala Thr Gly Tyr Ala Ser Gly Glu Gln Val Thr Asp Val Leu

420 425 430

agc tgc gag tcg atc gct gcg tcg gat ggc gga cgt ctc agt gta aca 1344

Ser Cys Glu Ser Ile Ala Ala Ser Asp Gly Gly Arg Leu Ser Val Thr

435 440 445

ctg aac cag ggc ctt cca cgt gtg ttc ttc ccg act gat gcc ctt gcg 1392

Leu Asn Gln Gly Leu Pro Arg Val Phe Phe Pro Thr Asp Ala Leu Ala

450 455 460

ggc tcc ggg ctc tgc gag aac 1413

Gly Ser Gly Leu Cys Glu Asn

465 470

<210> 18

<211> 471

<212> PRT

<213> Malbranchea sp.

<400> 18

Ala Thr Pro Asp Glu Trp Arg Ser Arg Ser Ile Tyr Gln Val Leu Thr
1 5 10 15

Asp Arg Phe Ala Arg Gly Asp Gly Ser Thr Asp Ala Pro Cys Asp Thr
20 25 30

Gly Ala Arg Lys Tyr Cys Gly Gly Asn Tyr Arg Gly Leu Ile Ser Gln
35 40 45

Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly Phe Asp Ser Val Trp Ile Ser Pro
50 55 60

Ile Thr Lys Gln Phe Glu Asp Asp Trp Asn Gly Ala Pro Tyr His Gly
65 70 75 80

Tyr Trp Gln Thr Asp Leu Tyr Ala Leu Asn Glu His Phe Gly Thr Glu
85 90 95

Glu Asp Leu Arg Ala Leu Ala Asp Glu Leu His Ala Arg Gly Met Phe
100 105 110

Leu Met Val Asp Val Val Ile Asn His Asn Gly Trp Pro Gly Asp Ala
115 120 125

Ala Ser Ile Asp Tyr Ser Gln Phe Asn Pro Phe Asn Ser Ser Asp Tyr
130 135 140

Tyr His Pro Pro Cys Glu Ile Asn Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Val Glu
145 150 155 160

Gln Cys Trp Leu Tyr Thr Gly Ala Asn Ala Leu Pro Asp Leu Lys Thr
165 170 175

Glu Asp Pro His Val Ser Gln Val His Asn Asp Trp Ile Ala Asp Leu
180 185 190

Val Ser Lys Tyr Ser Ile Asp Gly Leu Arg Ile Asp Thr Thr Lys His
195 200 205

Val Asp Lys Pro Ala Ile Gly Ser Phe Asn Asp Ala Ala Gly Val Tyr
210 215 220

Ala Val Gly Glu Val Tyr His Gly Asp Pro Ala Tyr Thr Cys Pro Tyr
225 230 235 240

Gln Asp Trp Val Asp Gly Val Leu Asn Phe Pro Val Tyr Tyr Pro Leu
245 250 255

Ile Asp Ala Phe Lys Ser Pro Ser Gly Thr Met Trp Ser Leu Val Asp

260 265 270

Asn Ile Asn Lys Val Phe Gln Thr Cys Asn Asp Pro Arg Leu Leu Gly
275 280 285

Thr Phe Ser Glu Asn His Asp Ile Pro Arg Phe Ala Ser Tyr Thr Gln
290 295 300

Asp Leu Ala Leu Ala Lys Asn Val Leu Ala Phe Thr Ile Leu Phe Asp
305 310 315 320

Gly Ile Pro Ile Val Tyr Ala Gly Gln Glu Gln Gln Tyr Ser Gly Asp
325 330 335

Ser Asp Pro Tyr Asn Arg Glu Ala Leu Trp Leu Ser Gly Phe Asn Thr
340 345 350

Asp Ala Pro Leu Tyr Lys His Ile Ala Ala Cys Asn Arg Ile Arg Ser
355 360 365

His Ala Val Ser Asn Asp Asp Ala Tyr Ile Thr Thr Pro Thr Asp Ile
370 375 380

Lys Tyr Ser Asp Asp His Thr Leu Ala Leu Val Lys Gly Ala Val Thr
385 390 395 400

Thr Val Leu Thr Asn Ala Gly Ala Asn Ala Gly Glu Thr Thr Val Thr
405 410 415

Val Glu Ala Thr Gly Tyr Ala Ser Gly Glu Gln Val Thr Asp Val Leu
420 425 430

Ser Cys Glu Ser Ile Ala Ala Ser Asp Gly Gly Arg Leu Ser Val Thr
435 440 445

Leu Asn Gln Gly Leu Pro Arg Val Phe Phe Pro Thr Asp Ala Leu Ala
450 455 460

Gly Ser Gly Leu Cys Glu Asn
465 470

<210> 19

<211> 1350

<212> DNA

<213> Rhizomucor pusillus

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1350)

<400> 19

agc cct ttg ccc caa cag cag cga tat ggc aaa aga gca act tcg gat 48
Ser Pro Leu Pro Gln Gln Gln Arg Tyr Gly Lys Arg Ala Thr Ser Asp

1 5 10 15

gac tgg aaa ggc aag gcc att tat cag ctg ctt aca gat cga ttt ggc 96
Asp Trp Lys Gly Lys Ala Ile Tyr Gln Leu Leu Thr Asp Arg Phe Gly
20 25 30

cgc gcc gat gac tca aca agc aac tgc tct aat tta tcc aac tac tgt 144
Arg Ala Asp Asp Ser Thr Ser Asn Cys Ser Asn Leu Ser Asn Tyr Cys
35 40 45

ggt ggt acc tac gaa ggc att acg aag cat ctt gac tac att tcc ggt 192
Gly Gly Thr Tyr Glu Gly Ile Thr Lys His Leu Asp Tyr Ile Ser Gly
50 55 60

atg ggc ttt gat gct atc tgg ata tcg cca att ccc aag aac tcg gat 240
Met Gly Phe Asp Ala Ile Trp Ile Ser Pro Ile Pro Lys Asn Ser Asp
65 70 75 80

gga ggc tac cac ggc tac tgg gct aca gat ttc tac caa cta aac agc 288
Gly Gly Tyr His Gly Tyr Trp Ala Thr Asp Phe Tyr Gln Leu Asn Ser
85 90 95

aac ttt ggt gat gaa tcc cag ctc aaa gcg ctc atc cag gct gcc cat 336
Asn Phe Gly Asp Glu Ser Gln Leu Lys Ala Leu Ile Gln Ala Ala His
100 105 110

gaa cgt gac atg tat gtt atg ctt gat gtc gta gcc aat cat gca ggt 384
Glu Arg Asp Met Tyr Val Met Leu Asp Val Val Ala Asn His Ala Gly
115 120 125

ccc acc agc aat ggc tac tcg ggt tac aca ttc ggc gat gca agt tta 432
Pro Thr Ser Asn Gly Tyr Ser Gly Tyr Thr Phe Gly Asp Ala Ser Leu
130 135 140

tat cat cct aaa tgc acc ata gat tac aat gat cag acg tct att gag 480
Tyr His Pro Lys Cys Thr Ile Asp Tyr Asn Asp Gln Thr Ser Ile Glu
145 150 155 160

caa tgc tgg gtt gct gac gag ttg cct gat att gac act gaa aat tct 528
Gln Cys Trp Val Ala Asp Glu Leu Pro Asp Ile Asp Thr Glu Asn Ser
165 170 175

gac aac gtg gcc att ctc aac gac atc gtc tcc ggc tgg gtg ggt aac 576
Asp Asn Val Ala Ile Leu Asn Asp Ile Val Ser Gly Trp Val Gly Asn
180 185 190

tat agc ttt gac ggc atc cgc att gat act gtc aag cat att cgc aag 624
Tyr Ser Phe Asp Gly Ile Arg Ile Asp Thr Val Lys His Ile Arg Lys
195 200 205

gac ttt tgg aca ggc tac gca gaa gct gcc ggc gta ttc gca act gga 672
Asp Phe Trp Thr Gly Tyr Ala Glu Ala Ala Gly Val Phe Ala Thr Gly
210 215 220

gag gtc ttc aat ggt gat ccg gcc tac gtt gga cct tat caa aag tac 720
Glu Val Phe Asn Gly Asp Pro Ala Tyr Val Gly Pro Tyr Gln Lys Tyr
225 230 235 240

ctg cca tct ctc atc aat tac cca atg tat tac gct ttg aac gac gtc 768
Leu Pro Ser Leu Ile Asn Tyr Pro Met Tyr Tyr Ala Leu Asn Asp Val
245 250 255

ttt gta tcc aaa agc aaa gga ttc agc cgc atc agc gaa atg cta gga 816
Phe Val Ser Lys Ser Lys Gly Phe Ser Arg Ile Ser Glu Met Leu Gly
260 265 270

tca aat cgc aat gcg ttt gag gat acc agc gta ctt aca acg ttt gta 864

Ser Asn Arg Asn Ala Phe Glu Asp Thr Ser Val Leu Thr Thr Phe Val

275 280 285

gac aac cat gac aat ccg cgc ttc ttg aac agt caa agc gac aag gct 912

Asp Asn His Asp Asn Pro Arg Phe Leu Asn Ser Gln Ser Asp Lys Ala

290 295 300

ctc ttc aag aac gct ctc aca tac gta ctg cta ggt gaa ggc atc cca 960

Leu Phe Lys Asn Ala Leu Thr Tyr Val Leu Leu Gly Glu Gly Ile Pro

305 310 315 320

att gtg tat tat ggt tct gag caa ggt ttc agc gga gga gcg gat cct 1008

Ile Val Tyr Tyr Gly Ser Glu Gln Gly Phe Ser Gly Gly Ala Asp Pro

325 330 335

gct aac cgt gaa gtg ctg tgg acc acc aat tat gat aca tcc agc gat 1056

Ala Asn Arg Glu Val Leu Trp Thr Thr Asn Tyr Asp Thr Ser Ser Asp

340 345 350

ctc tac caa ttt atc aag aca gtc aac agt gtc cgc atg aaa agc aac 1104

Leu Tyr Gln Phe Ile Lys Thr Val Asn Ser Val Arg Met Lys Ser Asn

355 360 365

aag gcc gtc tac atg gat att tat gtt ggc gac aat gct tac gcc ttc 1152

Lys Ala Val Tyr Met Asp Ile Tyr Val Gly Asp Asn Ala Tyr Ala Phe

370 375 380

aag cac ggc gat gct ttg gtt gtt ctc aat aac tat gga tca ggt tcc 1200

Lys His Gly Asp Ala Leu Val Val Leu Asn Asn Tyr Gly Ser Gly Ser

385 390 395 400

aca aac caa gtc agc ttc agc gtt agt ggc aag ttc gat agc ggc gca 1248

Thr Asn Gln Val Ser Phe Ser Val Ser Gly Lys Phe Asp Ser Gly Ala

405 410 415

agc ctc atg gat att gtc agt aac att acc acc acg gtg tcc tcg gat 1296
Ser Leu Met Asp Ile Val Ser Asn Ile Thr Thr Thr Val Ser Ser Asp
420 425 430

gga aca gtc act ttc aac ctt aaa gat gga ctt ccg gct atc ttc acc 1344
Gly Thr Val Thr Phe Asn Leu Lys Asp Gly Leu Pro Ala Ile Phe Thr
435 440 445

tct gct 1350
Ser Ala
450

<210> 20
<211> 450
<212> PRT
<213> Rhizomucor pusillus

<400> 20

Ser Pro Leu Pro Gln Gln Gln Arg Tyr Gly Lys Arg Ala Thr Ser Asp
1 5 10 15

Asp Trp Lys Gly Lys Ala Ile Tyr Gln Leu Leu Thr Asp Arg Phe Gly
20 25 30

Arg Ala Asp Asp Ser Thr Ser Asn Cys Ser Asn Leu Ser Asn Tyr Cys
35 40 45

Gly Gly Thr Tyr Glu Gly Ile Thr Lys His Leu Asp Tyr Ile Ser Gly
50 55 60

Met Gly Phe Asp Ala Ile Trp Ile Ser Pro Ile Pro Lys Asn Ser Asp
65 70 75 80

Gly Gly Tyr His Gly Tyr Trp Ala Thr Asp Phe Tyr Gln Leu Asn Ser
85 90 95

Asn Phe Gly Asp Glu Ser Gln Leu Lys Ala Leu Ile Gln Ala Ala His
100 105 110

Glu Arg Asp Met Tyr Val Met Leu Asp Val Val Ala Asn His Ala Gly
115 120 125

Pro Thr Ser Asn Gly Tyr Ser Gly Tyr Thr Phe Gly Asp Ala Ser Leu
130 135 140

Tyr His Pro Lys Cys Thr Ile Asp Tyr Asn Asp Gln Thr Ser Ile Glu
145 150 155 160

Gln Cys Trp Val Ala Asp Glu Leu Pro Asp Ile Asp Thr Glu Asn Ser
165 170 175

Asp Asn Val Ala Ile Leu Asn Asp Ile Val Ser Gly Trp Val Gly Asn

180 185 190

Tyr Ser Phe Asp Gly Ile Arg Ile Asp Thr Val Lys His Ile Arg Lys
195 200 205

Asp Phe Trp Thr Gly Tyr Ala Glu Ala Ala Gly Val Phe Ala Thr Gly
210 215 220

Glu Val Phe Asn Gly Asp Pro Ala Tyr Val Gly Pro Tyr Gln Lys Tyr
225 230 235 240

Leu Pro Ser Leu Ile Asn Tyr Pro Met Tyr Tyr Ala Leu Asn Asp Val
245 250 255

Phe Val Ser Lys Ser Lys Gly Phe Ser Arg Ile Ser Glu Met Leu Gly
260 265 270

Ser Asn Arg Asn Ala Phe Glu Asp Thr Ser Val Leu Thr Thr Phe Val
275 280 285

Asp Asn His Asp Asn Pro Arg Phe Leu Asn Ser Gln Ser Asp Lys Ala
290 295 300

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

Ile Val Tyr Tyr Gly Ser Glu Gln Gly Phe Ser Gly Gly Ala Asp Pro
325 330 335

Ala Asn Arg Glu Val Leu Trp Thr Thr Asn Tyr Asp Thr Ser Ser Asp
340 345 350

Leu Tyr Gln Phe Ile Lys Thr Val Asn Ser Val Arg Met Lys Ser Asn
355 360 365

Lys Ala Val Tyr Met Asp Ile Tyr Val Gly Asp Asn Ala Tyr Ala Phe
370 375 380

Lys His Gly Asp Ala Leu Val Val Leu Asn Asn Tyr Gly Ser Gly Ser
385 390 395 400

Thr Asn Gln Val Ser Phe Ser Val Ser Gly Lys Phe Asp Ser Gly Ala
405 410 415

Ser Leu Met Asp Ile Val Ser Asn Ile Thr Thr Thr Val Ser Ser Asp
420 425 430

Gly Thr Val Thr Phe Asn Leu Lys Asp Gly Leu Pro Ala Ile Phe Thr
435 440 445

Ser Ala

450

<210> 21
<211> 1338
<212> DNA
<213> Dichotomocladium hesseltinei

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1338)

<400> 21
caa ccg gtg aac atc acg aag cga gct tct gct gct gac tgg cgc tcg 48
Gln Pro Val Asn Ile Thr Lys Arg Ala Ser Ala Ala Asp Trp Arg Ser
1 5 10 15

cgt gcc atc tac caa gtc ctg acc gac cgc ttt gcg cgt acc gat ggg 96
Arg Ala Ile Tyr Gln Val Leu Thr Asp Arg Phe Ala Arg Thr Asp Gly
20 25 30

tcc aca agc gga tgc tca aac ttg tca aat tat tgc ggt ggc acg ttc 144
Ser Thr Ser Gly Cys Ser Asn Leu Ser Asn Tyr Cys Gly Gly Thr Phe
35 40 45

aaa ggc att acc aac aag ctt gac tac att gcc aac ctg ggc ttt gac 192
Lys Gly Ile Thr Asn Lys Leu Asp Tyr Ile Ala Asn Leu Gly Phe Asp
50 55 60

gct atc tgg atc tca ccc atc cca aca aac tcg ccc ggc ggc tac cat 240
Ala Ile Trp Ile Ser Pro Ile Pro Thr Asn Ser Pro Gly Gly Tyr His
65 70 75 80

ggc tac tgg gcc acc gac ttt tat ggt atc aat agc aac ttt gga tcc 288
Gly Tyr Trp Ala Thr Asp Phe Tyr Gly Ile Asn Ser Asn Phe Gly Ser
85 90 95

tcg aac gat ctc aag gag ctt gtc aat gct gct cac gcc aag ggt atg 336
Ser Asn Asp Leu Lys Glu Leu Val Asn Ala Ala His Ala Lys Gly Met
100 105 110

tac gtc atg ctc gat gtc gtg gca aac cac gct ggt cca acc tcg aac 384
Tyr Val Met Leu Asp Val Val Ala Asn His Ala Gly Pro Thr Ser Asn
115 120 125

ggc gac tac tct ggc tac acg ttc ggt tcc tct ggc ctc tac cat aac 432
Gly Asp Tyr Ser Gly Tyr Thr Phe Gly Ser Ser Gly Leu Tyr His Asn
130 135 140

cgg tgc tcg atc aac tac aac gac cag aga tcc att gag cag tgc tgg 480
Arg Cys Ser Ile Asn Tyr Asn Asp Gln Arg Ser Ile Glu Gln Cys Trp
145 150 155 160

gtg gcc gac gat ctc cct gat att aac acc gag aac aac gac aac gtc 528
Val Ala Asp Asp Leu Pro Asp Ile Asn Thr Glu Asn Asn Asp Asn Val
165 170 175

aac aag ccc aat aac att gtg tcc acc tgg gtc aag aca tat ggc ttt 576
Asn Lys Pro Asn Asn Ile Val Ser Thr Trp Val Lys Thr Tyr Gly Phe
180 185 190

gat gct atc cgc att gac acc gtc aag cat gtc cgc aag gat ttc tgg 624
Asp Ala Ile Arg Ile Asp Thr Val Lys His Val Arg Lys Asp Phe Trp
195 200 205

cct ggt tat aca tct gct gca ggc gtg ttc gcc act ggc gag gtc ttt 672

Pro Gly Tyr Thr Ser Ala Ala Gly Val Phe Ala Thr Gly Glu Val Phe

210 215 220

gat ggt aac ccg agt tat gtg gcc gat tat caa aac tac atg gag tcg 720

Asp Gly Asn Pro Ser Tyr Val Ala Asp Tyr Gln Asn Tyr Met Glu Ser

225 230 235 240

ctc atc aac tac ccg ctc tac tac gcg ctc aat gac gtc ttt gcg tcg 768

Leu Ile Asn Tyr Pro Leu Tyr Tyr Ala Leu Asn Asp Val Phe Ala Ser

245 250 255

ggt tat agc ttc agc cgg ctg agc aac cag cgt gtc gca aac tac cac 816

Gly Tyr Ser Phe Ser Arg Leu Ser Asn Gln Arg Val Ala Asn Tyr His

260 265 270

gcc ttc aaa gac gtg agc gtc ctt ccc att ttt atc gac aac cac gac 864

Ala Phe Lys Asp Val Ser Val Leu Pro Ile Phe Ile Asp Asn His Asp

275 280 285

aac ccc cgc ttc ctc aac aaa aag aat gac atc gcc cag ttc aag aac 912

Asn Pro Arg Phe Leu Asn Lys Lys Asn Asp Ile Ala Gln Phe Lys Asn

290 295 300

gct ctg acc tac gtg ctt ctc ggt gag ggc atc cct gtc gtc tac tac 960

Ala Leu Thr Tyr Val Leu Leu Gly Glu Gly Ile Pro Val Val Tyr Tyr

305 310 315 320

ggc tcc gag caa gct tac gcg ggt ggt gcc gac ccg gcc aac cgc gag 1008

Gly Ser Glu Gln Ala Tyr Ala Gly Gly Ala Asp Pro Ala Asn Arg Glu

325 330 335

gcc ctc tgg tcg agc ggg ttc tcg acc aac tcg gac atg tac cag ttc 1056

Ala Leu Trp Ser Ser Gly Phe Ser Thr Asn Ser Asp Met Tyr Gln Phe

340 345 350

att gcc aaa ctc aat cgc gtc cgt caa aag agc aac aag agc gtg tac 1104
Ile Ala Lys Leu Asn Arg Val Arg Gln Lys Ser Asn Lys Ser Val Tyr
355 360 365

atg gac ctg gac gtc cag aac aat gtg tac gcc ttc atg cac ggc aaa 1152
Met Asp Leu Asp Val Gln Asn Asn Val Tyr Ala Phe Met His Gly Lys
370 375 380

tcg ctc gtt gtg ctc aac aac ttt ggt aac ggt gcc tcg aga cag gtt 1200
Ser Leu Val Val Leu Asn Asn Phe Gly Asn Gly Ala Ser Arg Gln Val
385 390 395 400

act gtc aat gtc gga gct cag gtg gcc agc aac acc cga ttg acg gat 1248
Thr Val Asn Val Gly Ala Gln Val Ala Ser Asn Thr Arg Leu Thr Asp
405 410 415

gtt gtc agc ggc aca tcg gtc acg gtt tcg ggc agc tct gtc acc ttc 1296
Val Val Ser Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Gly Ser Ser Val Thr Phe
420 425 430

act atc aac aac ggt ttg ccc gca gtc ttc act gtt tct tag 1338
Thr Ile Asn Asn Gly Leu Pro Ala Val Phe Thr Val Ser
435 440 445

<210> 22
<211> 445
<212> PRT
<213> Dichotomocladium hesseltinei

<400> 22

Gln Pro Val Asn Ile Thr Lys Arg Ala Ser Ala Ala Asp Trp Arg Ser
1 5 10 15

Arg Ala Ile Tyr Gln Val Leu Thr Asp Arg Phe Ala Arg Thr Asp Gly
20 25 30

Ser Thr Ser Gly Cys Ser Asn Leu Ser Asn Tyr Cys Gly Gly Thr Phe
35 40 45

Lys Gly Ile Thr Asn Lys Leu Asp Tyr Ile Ala Asn Leu Gly Phe Asp
50 55 60

Ala Ile Trp Ile Ser Pro Ile Pro Thr Asn Ser Pro Gly Gly Tyr His
65 70 75 80

Gly Tyr Trp Ala Thr Asp Phe Tyr Gly Ile Asn Ser Asn Phe Gly Ser
85 90 95

Ser Asn Asp Leu Lys Glu Leu Val Asn Ala Ala His Ala Lys Gly Met
100 105 110

Tyr Val Met Leu Asp Val Val Ala Asn His Ala Gly Pro Thr Ser Asn
115 120 125

Gly Asp Tyr Ser Gly Tyr Thr Phe Gly Ser Ser Gly Leu Tyr His Asn

130 135 140

Arg Cys Ser Ile Asn Tyr Asn Asp Gln Arg Ser Ile Glu Gln Cys Trp
145 150 155 160

Val Ala Asp Asp Leu Pro Asp Ile Asn Thr Glu Asn Asn Asp Asn Val
165 170 175

Asn Lys Pro Asn Asn Ile Val Ser Thr Trp Val Lys Thr Tyr Gly Phe
180 185 190

Asp Ala Ile Arg Ile Asp Thr Val Lys His Val Arg Lys Asp Phe Trp
195 200 205

Pro Gly Tyr Thr Ser Ala Ala Gly Val Phe Ala Thr Gly Glu Val Phe
210 215 220

Asp Gly Asn Pro Ser Tyr Val Ala Asp Tyr Gln Asn Tyr Met Glu Ser
225 230 235 240

Leu Ile Asn Tyr Pro Leu Tyr Tyr Ala Leu Asn Asp Val Phe Ala Ser
245 250 255

Gly Tyr Ser Phe Ser Arg Leu Ser Asn Gln Arg Val Ala Asn Tyr His
260 265 270

Ala Phe Lys Asp Val Ser Val Leu Pro Ile Phe Ile Asp Asn His Asp
275 280 285

Asn Pro Arg Phe Leu Asn Lys Lys Asn Asp Ile Ala Gln Phe Lys Asn
290 295 300

Ala Leu Thr Tyr Val Leu Leu Gly Glu Gly Ile Pro Val Val Tyr Tyr
305 310 315 320

Gly Ser Glu Gln Ala Tyr Ala Gly Gly Ala Asp Pro Ala Asn Arg Glu
325 330 335

Ala Leu Trp Ser Ser Gly Phe Ser Thr Asn Ser Asp Met Tyr Gln Phe
340 345 350

Ile Ala Lys Leu Asn Arg Val Arg Gln Lys Ser Asn Lys Ser Val Tyr
355 360 365

Met Asp Leu Asp Val Gln Asn Asn Val Tyr Ala Phe Met His Gly Lys
370 375 380

Ser Leu Val Val Leu Asn Asn Phe Gly Asn Gly Ala Ser Arg Gln Val
385 390 395 400

Thr Val Asn Val Gly Ala Gln Val Ala Ser Asn Thr Arg Leu Thr Asp

405 410 415

Val Val Ser Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Gly Ser Ser Val Thr Phe
420 425 430

Thr Ile Asn Asn Gly Leu Pro Ala Val Phe Thr Val Ser
435 440 445

<210> 23
<211> 1398
<212> DNA
<213> Meripilus giganteus

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1398)

<400> 23
cgc cct act gtc ttt gac gcc ggc gcg gac gca cac tcg ctg cat gcc 48
Arg Pro Thr Val Phe Asp Ala Gly Ala Asp Ala His Ser Leu His Ala
1 5 10 15

cgg gcc ccc tcc ggc agc aag gat gtc atc atc cag atg ttt gag tgg 96
Arg Ala Pro Ser Gly Ser Lys Asp Val Ile Ile Gln Met Phe Glu Trp
20 25 30

aac tgg gac agc gtc gct gcc gag tgc act aac ttc atc ggc ccc gcc 144
Asn Trp Asp Ser Val Ala Ala Glu Cys Thr Asn Phe Ile Gly Pro Ala
35 40 45

ggg tac ggc ttc gtg caa gtg agc ccg ccc cag gag acc atc cag ggc 192
Gly Tyr Gly Phe Val Gln Val Ser Pro Pro Gln Glu Thr Ile Gln Gly
50 55 60

gcg cag tgg tgg acc gac tac cag ccg gtg tcg tac acg ctc act ggg 240
Ala Gln Trp Trp Thr Asp Tyr Gln Pro Val Ser Tyr Thr Leu Thr Gly
65 70 75 80

aag cgg ggc gac cgc tcc cag ttt gcg aac atg att act acg tgc cac 288
Lys Arg Gly Asp Arg Ser Gln Phe Ala Asn Met Ile Thr Thr Cys His
85 90 95

gcc gcg ggc gtc ggc gtg atc gtt gac acc atc tgg aac cac atg gcg 336
Ala Ala Gly Val Gly Val Ile Val Asp Thr Ile Trp Asn His Met Ala
100 105 110

ggc gtc gac tcc ggc acg ggt acc gcc ggc tcg tcc ttc acg cac tac 384
Gly Val Asp Ser Gly Thr Gly Thr Ala Gly Ser Ser Phe Thr His Tyr
115 120 125

aac tac ccc ggc atc tac caa aac cag gac ttt cac cac tgc ggc ctc 432
Asn Tyr Pro Gly Ile Tyr Gln Asn Gln Asp Phe His His Cys Gly Leu
130 135 140

gag ccg ggc gat gac atc gtc aac tac gac aac gcg gtt gag gtc cag 480
Glu Pro Gly Asp Asp Ile Val Asn Tyr Asp Asn Ala Val Glu Val Gln
145 150 155 160

acc tgc gag ctt gtc aac ctc gct gac ctc gcc acc gac acg gag tat 528
Thr Cys Glu Leu Val Asn Leu Ala Asp Leu Ala Thr Asp Thr Glu Tyr
165 170 175

gtg cgc ggt cgc ctt gcc cag tac gga aac gac ctg ctc tcg ctc ggt 576

Val Arg Gly Arg Leu Ala Gln Tyr Gly Asn Asp Leu Leu Ser Leu Gly

180 185 190

gcc gat ggc ctg cgt ctt gac gct tcc aaa cac att cct gtg ggc gac 624

Ala Asp Gly Leu Arg Leu Asp Ala Ser Lys His Ile Pro Val Gly Asp

195 200 205

atc gcg aac atc ctg tct cgc ctc agt cgc tct gtc tac atc acc cag 672

Ile Ala Asn Ile Leu Ser Arg Leu Ser Arg Ser Val Tyr Ile Thr Gln

210 215 220

gaa gtc atc ttt ggg gcc ggc gag ccc atc acg ccg aac cag tac acc 720

Glu Val Ile Phe Gly Ala Gly Glu Pro Ile Thr Pro Asn Gln Tyr Thr

225 230 235 240

ggg aac ggc gac gtt cag gag ttc cgc tac acc tct gcg cta aag gac 768

Gly Asn Gly Asp Val Gln Glu Phe Arg Tyr Thr Ser Ala Leu Lys Asp

245 250 255

gcc ttc ttg agc tcg ggc ata tcc aac ctg cag gac ttc gaa aac cgt 816

Ala Phe Leu Ser Ser Gly Ile Ser Asn Leu Gln Asp Phe Glu Asn Arg

260 265 270

gga tgg gta cct ggc tcg ggc gcc aac gtg ttc gtc gtc aac cat gac 864

Gly Trp Val Pro Gly Ser Gly Ala Asn Val Phe Val Val Asn His Asp

275 280 285

acc gag cgg aac ggc gcg tcg ctg aac aac aac tcg cct tcg aac acc 912

Thr Glu Arg Asn Gly Ala Ser Leu Asn Asn Asn Ser Pro Ser Asn Thr

290 295 300

tac gtc acc gcg acg atc ttc tcg ctc gca cac ccg tac ggc acg ccc 960

Tyr Val Thr Ala Thr Ile Phe Ser Leu Ala His Pro Tyr Gly Thr Pro

305 310 315 320

acg atc ctc tcc tcg tat gat ggc ttc acg aac acc gac gcc ggt gcg 1008
Thr Ile Leu Ser Ser Tyr Asp Gly Phe Thr Asn Thr Asp Ala Gly Ala
325 330 335

ccg aac aac aac gtc ggc aca tgc tcg acc agc ggt ggt gcg aac ggg 1056
Pro Asn Asn Asn Val Gly Thr Cys Ser Thr Ser Gly Gly Ala Asn Gly
340 345 350

tgg ctc tgc cag cac cgc tgg acc gcg atc gcc ggc atg gtc ggc ttc 1104
Trp Leu Cys Gln His Arg Trp Thr Ala Ile Ala Gly Met Val Gly Phe
355 360 365

cgc aac aac gtc ggc agc gct gca ctc aac aac tgg cag gcc ccg cag 1152
Arg Asn Asn Val Gly Ser Ala Ala Leu Asn Asn Trp Gln Ala Pro Gln
370 375 380

tcg cag cag att gcg ttc ggt cgc ggc gca ctt ggc ttc gtc gcg atc 1200
Ser Gln Gln Ile Ala Phe Gly Arg Gly Ala Leu Gly Phe Val Ala Ile
385 390 395 400

aac aac gcc gac tcg gcc tgg tct acg acg ttc acc act tcc ctc ccc 1248
Asn Asn Ala Asp Ser Ala Trp Ser Thr Thr Phe Thr Thr Ser Leu Pro
405 410 415

gat ggt tcc tac tgc gat gtc atc agc ggc aag gcc tcc ggc agt agc 1296
Asp Gly Ser Tyr Cys Asp Val Ile Ser Gly Lys Ala Ser Gly Ser Ser
420 425 430

tgc acc ggt tct tcg ttc acc gtc tcc ggc ggg aag ctg acc gcc acg 1344
Cys Thr Gly Ser Ser Phe Thr Val Ser Gly Gly Lys Leu Thr Ala Thr
435 440 445

gtg ccg gcg cgt agc gcc atc gcc gtg cac acc ggt cag aaa ggt tct 1392

Val Pro Ala Arg Ser Ala Ile Ala Val His Thr Gly Gln Lys Gly Ser

450 455 460

ggt ggt 1398

Gly Gly

465

<210> 24

<211> 466

<212> PRT

<213> Meripilus giganteus

<400> 24

Arg Pro Thr Val Phe Asp Ala Gly Ala Asp Ala His Ser Leu His Ala

1 5 10 15

Arg Ala Pro Ser Gly Ser Lys Asp Val Ile Ile Gln Met Phe Glu Trp

20 25 30

Asn Trp Asp Ser Val Ala Ala Glu Cys Thr Asn Phe Ile Gly Pro Ala

35 40 45

Gly Tyr Gly Phe Val Gln Val Ser Pro Pro Gln Glu Thr Ile Gln Gly

50 55 60

Ala Gln Trp Trp Thr Asp Tyr Gln Pro Val Ser Tyr Thr Leu Thr Gly

65 70 75 80

Lys Arg Gly Asp Arg Ser Gln Phe Ala Asn Met Ile Thr Thr Cys His
85 90 95

Ala Ala Gly Val Gly Val Ile Val Asp Thr Ile Trp Asn His Met Ala
100 105 110

Gly Val Asp Ser Gly Thr Gly Thr Ala Gly Ser Ser Phe Thr His Tyr
115 120 125

Asn Tyr Pro Gly Ile Tyr Gln Asn Gln Asp Phe His His Cys Gly Leu
130 135 140

Glu Pro Gly Asp Asp Ile Val Asn Tyr Asp Asn Ala Val Glu Val Gln
145 150 155 160

Thr Cys Glu Leu Val Asn Leu Ala Asp Leu Ala Thr Asp Thr Glu Tyr
165 170 175

Val Arg Gly Arg Leu Ala Gln Tyr Gly Asn Asp Leu Leu Ser Leu Gly
180 185 190

Ala Asp Gly Leu Arg Leu Asp Ala Ser Lys His Ile Pro Val Gly Asp
195 200 205

Ile Ala Asn Ile Leu Ser Arg Leu Ser Arg Ser Val Tyr Ile Thr Gln
210 215 220

Glu Val Ile Phe Gly Ala Gly Glu Pro Ile Thr Pro Asn Gln Tyr Thr
225 230 235 240

Gly Asn Gly Asp Val Gln Glu Phe Arg Tyr Thr Ser Ala Leu Lys Asp
245 250 255

Ala Phe Leu Ser Ser Gly Ile Ser Asn Leu Gln Asp Phe Glu Asn Arg
260 265 270

Gly Trp Val Pro Gly Ser Gly Ala Asn Val Phe Val Val Asn His Asp
275 280 285

Thr Glu Arg Asn Gly Ala Ser Leu Asn Asn Asn Ser Pro Ser Asn Thr
290 295 300

Tyr Val Thr Ala Thr Ile Phe Ser Leu Ala His Pro Tyr Gly Thr Pro
305 310 315 320

Thr Ile Leu Ser Ser Tyr Asp Gly Phe Thr Asn Thr Asp Ala Gly Ala
325 330 335

Pro Asn Asn Asn Val Gly Thr Cys Ser Thr Ser Gly Gly Ala Asn Gly

340 345 350

Trp Leu Cys Gln His Arg Trp Thr Ala Ile Ala Gly Met Val Gly Phe
355 360 365

Arg Asn Asn Val Gly Ser Ala Ala Leu Asn Asn Trp Gln Ala Pro Gln
370 375 380

Ser Gln Gln Ile Ala Phe Gly Arg Gly Ala Leu Gly Phe Val Ala Ile
385 390 395 400

Asn Asn Ala Asp Ser Ala Trp Ser Thr Thr Phe Thr Thr Ser Leu Pro
405 410 415

Asp Gly Ser Tyr Cys Asp Val Ile Ser Gly Lys Ala Ser Gly Ser Ser
420 425 430

Cys Thr Gly Ser Ser Phe Thr Val Ser Gly Gly Lys Leu Thr Ala Thr
435 440 445

Val Pro Ala Arg Ser Ala Ile Ala Val His Thr Gly Gln Lys Gly Ser
450 455 460

Gly Gly
465

<210> 25

<211> 1494

<212> DNA

<213> Stereum sp.

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1494)

<400> 25

gat gat tgg aag aac cgt act atc tat cag ctc gtg acg gac cgc ttc 48
Asp Asp Trp Lys Asn Arg Thr Ile Tyr Gln Leu Val Thr Asp Arg Phe
1 5 10 15

gcg cta gcc aat gat tcc agc ggt tca tgc gac act tca gac cgt gtt 96
Ala Leu Ala Asn Asp Ser Ser Gly Ser Cys Asp Thr Ser Asp Arg Val
20 25 30

tac tgt gga gga tca tgg caa ggt gtt atc aac cac ctc gat tac atc 144
Tyr Cys Gly Gly Ser Trp Gln Gly Val Ile Asn His Leu Asp Tyr Ile
35 40 45

caa aac atg ggc ttc gac gcc gtc tgg att tct ccc gtc agc acc aac 192
Gln Asn Met Gly Phe Asp Ala Val Trp Ile Ser Pro Val Ser Thr Asn
50 55 60

ttt gaa ggc tcg agt gct tat ggc gag gcc ttc cat ggt tac tgg ccc 240
Phe Glu Gly Ser Ser Ala Tyr Gly Glu Ala Phe His Gly Tyr Trp Pro
65 70 75 80

tct gac ctt tca tct gtc aac tct cac ttc ggt tct gat gac gac ctc 288
Ser Asp Leu Ser Ser Val Asn Ser His Phe Gly Ser Asp Asp Asp Leu

85 90 95

aag agc ctt gca tca gcc ctt cat gat cgc tca atg tac ctc atg att 336
Lys Ser Leu Ala Ser Ala Leu His Asp Arg Ser Met Tyr Leu Met Ile
100 105 110

gat gtc gtc gtc aat cac ctc gtc tac ccc tcc aac cct ccc acc ttc 384
Asp Val Val Val Asn His Leu Val Tyr Pro Ser Asn Pro Pro Thr Phe
115 120 125

agt gac ttc aac cct ttc aac acc gag tcc gac ttc cat ccc gag tgc 432
Ser Asp Phe Asn Pro Phe Asn Thr Glu Ser Asp Phe His Pro Glu Cys
130 135 140

ttc atc acc gac tat aat aac caa act gat gtt gag cag tgc tgg ctc 480
Phe Ile Thr Asp Tyr Asn Asn Gln Thr Asp Val Glu Gln Cys Trp Leu
145 150 155 160

ggt gat tca aac ttg cct ctg gca gat acc aac acg gag gat gat gat 528
Gly Asp Ser Asn Leu Pro Leu Ala Asp Thr Asn Thr Glu Asp Asp Asp
165 170 175

aac gtc tcg agc ttg tac agc tgg att aag aac ctt gtc agc acg tac 576
Asn Val Ser Ser Leu Tyr Ser Trp Ile Lys Asn Leu Val Ser Thr Tyr
180 185 190

agc gct gac ggt atc cgt atc gac acc gtg aag cac atc cgt cag gac 624
Ser Ala Asp Gly Ile Arg Ile Asp Thr Val Lys His Ile Arg Gln Asp
195 200 205

ttc tgg ccc gac ttt gct agc tct gct gga gtc tac acc att gga gag 672
Phe Trp Pro Asp Phe Ala Ser Ser Ala Gly Val Tyr Thr Ile Gly Glu
210 215 220

gtt ctg agc aac gac acc gcc tac atc gcc aac tac acg caa gtc ctt 720
Val Leu Ser Asn Asp Thr Ala Tyr Ile Ala Asn Tyr Thr Gln Val Leu
225 230 235 240

gac ggt gtt ctc gat tac tct acc tgg tat cct ctc gtg gct ggc ttc 768
Asp Gly Val Leu Asp Tyr Ser Thr Trp Tyr Pro Leu Val Ala Gly Phe
245 250 255

cag tcg acc tcc gga aac ctt tcc gct atc aag gcc acc tat agc caa 816
Gln Ser Thr Ser Gly Asn Leu Ser Ala Ile Lys Ala Thr Tyr Ser Gln
260 265 270

gtc tcc agc tcg ttc aag aac ggc ggg ttc caa tca ggc tct ttc ctc 864
Val Ser Ser Ser Phe Lys Asn Gly Gly Phe Gln Ser Gly Ser Phe Leu
275 280 285

gaa aac cat gac cag ccc cgt ttc cag agc atg acc acg gat cag tct 912
Glu Asn His Asp Gln Pro Arg Phe Gln Ser Met Thr Thr Asp Gln Ser
290 295 300

ctc gtc aag aac gcg atg acc tgg ccc ttc atc aac gat ggt att ccc 960
Leu Val Lys Asn Ala Met Thr Trp Pro Phe Ile Asn Asp Gly Ile Pro
305 310 315 320

att ctg tac tac gga caa gag caa ggc tac tct ggt ggc gct gac ccc 1008
Ile Leu Tyr Tyr Gly Gln Glu Gln Gly Tyr Ser Gly Gly Ala Asp Pro
325 330 335

gct aac cgt gag gcc ctt tgg tcg tcc ggc tac gaa gag gat aag gat 1056
Ala Asn Arg Glu Ala Leu Trp Ser Ser Gly Tyr Glu Glu Asp Lys Asp
340 345 350

ctc gtt acc cac gtg aag acg ctc gtt gcc gcc cgc aag ctc gct gct 1104

Leu Val Thr His Val Lys Thr Leu Val Ala Ala Arg Lys Leu Ala Ala

355 360 365

gcc gct aac agc aac ttc cac agt acc gct gcc acg ttc ccc acg act 1152
Ala Ala Asn Ser Asn Phe His Ser Thr Ala Ala Thr Phe Pro Thr Thr

370 375 380

agc gac gaa tcc acc ctg gcc gtc ctc aaa acc cca atg ctt gcc ctc 1200
Ser Asp Glu Ser Thr Leu Ala Val Leu Lys Thr Pro Met Leu Ala Leu

385 390 395 400

ctc act aac acc ggc tca tcc ggc tct gca tcc ttc tcg act tca ggc 1248
Leu Thr Asn Thr Gly Ser Ser Gly Ser Ala Ser Phe Ser Thr Ser Gly

405 410 415

gcc ggc ttt tcc gct aac gag gcg ctc gtt gat gtc ctc act tgc aac 1296
Ala Gly Phe Ser Ala Asn Glu Ala Leu Val Asp Val Leu Thr Cys Asn

420 425 430

acc gtc acc gct gac tcg tcc ggt gag gtc ggg ctc gcg tct aag tcg 1344
Thr Val Thr Ala Asp Ser Ser Gly Glu Val Gly Leu Ala Ser Lys Ser

435 440 445

ggc ctg ccg cag gtg tta ttg ccc gtc agt gcg ctg acg tcg gcc ggt 1392
Gly Leu Pro Gln Val Leu Leu Pro Val Ser Ala Leu Thr Ser Ala Gly

450 455 460

ggc gtg tgc acg aac ttg gtg agc gcg gcg cat gtc agc gcg aga gtg 1440
Gly Val Cys Thr Asn Leu Val Ser Ala Ala His Val Ser Ala Arg Val

465 470 475 480

ccg agt gcg atg gtg gcg acg acg gtg ttg ttt gcg ctc ttc cga ttc 1488
Pro Ser Ala Met Val Ala Thr Thr Val Leu Phe Ala Leu Phe Arg Phe

485 490 495

ctg gcg 1494

Leu Ala

<210> 26

<211> 498

<212> PRT

<213> Stereum sp.

<400> 26

Asp Asp Trp Lys Asn Arg Thr Ile Tyr Gln Leu Val Thr Asp Arg Phe

1 5 10 15

Ala Leu Ala Asn Asp Ser Ser Gly Ser Cys Asp Thr Ser Asp Arg Val

20 25 30

Tyr Cys Gly Gly Ser Trp Gln Gly Val Ile Asn His Leu Asp Tyr Ile

35 40 45

Gln Asn Met Gly Phe Asp Ala Val Trp Ile Ser Pro Val Ser Thr Asn

50 55 60

Phe Glu Gly Ser Ser Ala Tyr Gly Glu Ala Phe His Gly Tyr Trp Pro

65 70 75 80

Ser Asp Leu Ser Ser Val Asn Ser His Phe Gly Ser Asp Asp Asp Leu
85 90 95

Lys Ser Leu Ala Ser Ala Leu His Asp Arg Ser Met Tyr Leu Met Ile
100 105 110

Asp Val Val Val Asn His Leu Val Tyr Pro Ser Asn Pro Pro Thr Phe
115 120 125

Ser Asp Phe Asn Pro Phe Asn Thr Glu Ser Asp Phe His Pro Glu Cys
130 135 140

Phe Ile Thr Asp Tyr Asn Asn Gln Thr Asp Val Glu Gln Cys Trp Leu
145 150 155 160

Gly Asp Ser Asn Leu Pro Leu Ala Asp Thr Asn Thr Glu Asp Asp Asp
165 170 175

Asn Val Ser Ser Leu Tyr Ser Trp Ile Lys Asn Leu Val Ser Thr Tyr
180 185 190

Ser Ala Asp Gly Ile Arg Ile Asp Thr Val Lys His Ile Arg Gln Asp
195 200 205

Phe Trp Pro Asp Phe Ala Ser Ser Ala Gly Val Tyr Thr Ile Gly Glu

210 215 220

Val Leu Ser Asn Asp Thr Ala Tyr Ile Ala Asn Tyr Thr Gln Val Leu
225 230 235 240

Asp Gly Val Leu Asp Tyr Ser Thr Trp Tyr Pro Leu Val Ala Gly Phe
245 250 255

Gln Ser Thr Ser Gly Asn Leu Ser Ala Ile Lys Ala Thr Tyr Ser Gln
260 265 270

Val Ser Ser Ser Phe Lys Asn Gly Gly Phe Gln Ser Gly Ser Phe Leu
275 280 285

Glu Asn His Asp Gln Pro Arg Phe Gln Ser Met Thr Thr Asp Gln Ser
290 295 300

Leu Val Lys Asn Ala Met Thr Trp Pro Phe Ile Asn Asp Gly Ile Pro
305 310 315 320

Ile Leu Tyr Tyr Gly Gln Glu Gln Gly Tyr Ser Gly Gly Ala Asp Pro
325 330 335

Ala Asn Arg Glu Ala Leu Trp Ser Ser Gly Tyr Glu Glu Asp Lys Asp
340 345 350

Leu Val Thr His Val Lys Thr Leu Val Ala Ala Arg Lys Leu Ala Ala
355 360 365

Ala Ala Asn Ser Asn Phe His Ser Thr Ala Ala Thr Phe Pro Thr Thr
370 375 380

Ser Asp Glu Ser Thr Leu Ala Val Leu Lys Thr Pro Met Leu Ala Leu
385 390 395 400

Leu Thr Asn Thr Gly Ser Ser Gly Ser Ala Ser Phe Ser Thr Ser Gly
405 410 415

Ala Gly Phe Ser Ala Asn Glu Ala Leu Val Asp Val Leu Thr Cys Asn
420 425 430

Thr Val Thr Ala Asp Ser Ser Gly Glu Val Gly Leu Ala Ser Lys Ser
435 440 445

Gly Leu Pro Gln Val Leu Leu Pro Val Ser Ala Leu Thr Ser Ala Gly
450 455 460

Gly Val Cys Thr Asn Leu Val Ser Ala Ala His Val Ser Ala Arg Val
465 470 475 480

Pro Ser Ala Met Val Ala Thr Thr Val Leu Phe Ala Leu Phe Arg Phe

485 490 495

Leu Ala

<210> 27

<211> 1539

<212> DNA

<213> Trametes sp.

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1539)

<400> 27

gcg agc gca gac cag tgg cag aac cgg tct atc tac cag ttg gta aca 48

Ala Ser Ala Asp Gln Trp Gln Asn Arg Ser Ile Tyr Gln Leu Val Thr

1 5 10 15

gat cgt ttt gca acc cct gac ggc tct agc ccg tca tgc gac act tcg 96

Asp Arg Phe Ala Thr Pro Asp Gly Ser Ser Pro Ser Cys Asp Thr Ser

20 25 30

caa cgc cag tat tgt ggt ggc acc tgg aaa ggc gtg gca aac aaa ctc 144

Gln Arg Gln Tyr Cys Gly Gly Thr Trp Lys Gly Val Ala Asn Lys Leu

35 40 45

gac tac att cag aac atg ggc ttt gac gcg atc tgg atc tcc ccg atc 192

Asp Tyr Ile Gln Asn Met Gly Phe Asp Ala Ile Trp Ile Ser Pro Ile

50 55 60

gtc gca aac gtc gag ggg aac acc tca tat ggc gaa gca ttc cat gga 240
Val Ala Asn Val Glu Gly Asn Thr Ser Tyr Gly Glu Ala Phe His Gly
65 70 75 80

tac tgg aca caa gac atc aac tcg ctc aac tct cat ttc ggt tcc gcc 288
Tyr Trp Thr Gln Asp Ile Asn Ser Leu Asn Ser His Phe Gly Ser Ala
85 90 95

gac gat ctc aaa gcc ctc agc tca gcc ttg cat gat cga ggc atg tac 336
Asp Asp Leu Lys Ala Leu Ser Ser Ala Leu His Asp Arg Gly Met Tyr
100 105 110

ctc atg gtc gac gtc gtt gta aac cac atg gtt ggc acc tcc gac ccg 384
Leu Met Val Asp Val Val Val Asn His Met Val Gly Thr Ser Asp Pro
115 120 125

ccc aac ttc tct tcc ttc cag ccg ttc tcg tca cag tcc gac ttc cac 432
Pro Asn Phe Ser Ser Phe Gln Pro Phe Ser Ser Gln Ser Asp Phe His
130 135 140

tcc gag tgc ttt gtg tcg aac tac gac aac cag acc gaa gtc gaa cag 480
Ser Glu Cys Phe Val Ser Asn Tyr Asp Asn Gln Thr Glu Val Glu Gln
145 150 155 160

tgc tgg cta ggc gac aag aac gtc ccc ttg gta gac ttg aac acc gag 528
Cys Trp Leu Gly Asp Lys Asn Val Pro Leu Val Asp Leu Asn Thr Glu
165 170 175

gat gcg gac atc gta aag acc atg aac aca tgg atc tct acg ctc gtt 576
Asp Ala Asp Ile Val Lys Thr Met Asn Thr Trp Ile Ser Thr Leu Val
180 185 190

ggt aac tac agc gtc gac ggt gtc cgt atc gac act gtc aag cac gtc 624

Gly Asn Tyr Ser Val Asp Gly Val Arg Ile Asp Thr Val Lys His Val

195 200 205

cgg aaa gac ttc tgg ccc gac ttc gcc aag tct gct ggc gtc ttc acc 672

Arg Lys Asp Phe Trp Pro Asp Phe Ala Lys Ser Ala Gly Val Phe Thr

210 215 220

att ggc gag gtc ctc cac aat gag acg gat tac gtc tcg gca tac act 720

Ile Gly Glu Val Leu His Asn Glu Thr Asp Tyr Val Ser Ala Tyr Thr

225 230 235 240

cag gtc ctc gac agc gtc ctc gac tac ccc acc tgg ttc ccg ctt gtg 768

Gln Val Leu Asp Ser Val Leu Asp Tyr Pro Thr Trp Phe Pro Leu Val

245 250 255

gct gct ttc cag act acg ggt ggc aat ctg tca gct ctt gct gcg acc 816

Ala Ala Phe Gln Thr Thr Gly Gly Asn Leu Ser Ala Leu Ala Ala Thr

260 265 270

gtt caa cag gcg caa ggc tct tat aag aag ggc gag ttc atg acg ggt 864

Val Gln Gln Ala Gln Gly Ser Tyr Lys Lys Gly Glu Phe Met Thr Gly

275 280 285

tcc ttc ctt gag aac cac gat cag cct cga ttc caa tcc ctc acg caa 912

Ser Phe Leu Glu Asn His Asp Gln Pro Arg Phe Gln Ser Leu Thr Gln

290 295 300

gat cag gcg ttg gta aag aac gcc atg act tgg cca ttc gtt caa gat 960

Asp Gln Ala Leu Val Lys Asn Ala Met Thr Trp Pro Phe Val Gln Asp

305 310 315 320

ggt gtc ccg att atg tac tac ggc caa gaa cag tcc tac gct gga gga 1008

Gly Val Pro Ile Met Tyr Tyr Gly Gln Glu Gln Ser Tyr Ala Gly Gly

325 330 335

cct gac ccg gcc aac cgt gaa gct ttg tgg ctc tcc ggc tat gtc gaa 1056
Pro Asp Pro Ala Asn Arg Glu Ala Leu Trp Leu Ser Gly Tyr Val Glu
340 345 350

gat aag ccc ctg gtc aag cat gtt agg gca cta aac gca gcc cgc aaa 1104
Asp Lys Pro Leu Val Lys His Val Arg Ala Leu Asn Ala Ala Arg Lys
355 360 365

gct gcg atc tcg gcg aac agt aac tat ctg aac acc ggc gtc aaa ttt 1152
Ala Ala Ile Ser Ala Asn Ser Asn Tyr Leu Asn Thr Gly Val Lys Phe
370 375 380

ttg tcc acc gga tcc gaa tcc tcc atg gcc gtg tct aag ccg ccc atg 1200
Leu Ser Thr Gly Ser Glu Ser Ser Met Ala Val Ser Lys Pro Pro Met
385 390 395 400

ctg gct ctc ctc acg aac ggc ggc agc tcg tca acg cct tcg tgg acc 1248
Leu Ala Leu Leu Thr Asn Gly Gly Ser Ser Ser Thr Pro Ser Trp Thr
405 410 415

gtc tca gat gct ggg tac caa gcc aac gag gag ctg atc gac gtg ctc 1296
Val Ser Asp Ala Gly Tyr Gln Ala Asn Glu Glu Leu Ile Asp Val Leu
420 425 430

agt tgc cag aag gtc acc gcc gac gga aac ggc ggg gtg agc gtg cag 1344
Ser Cys Gln Lys Val Thr Ala Asp Gly Asn Gly Gly Val Ser Val Gln
435 440 445

gga tcc agc ggc agc cct caa gtc ctc atg ccg acg tct gcg ctc aac 1392
Gly Ser Ser Gly Ser Pro Gln Val Leu Met Pro Thr Ser Ala Leu Asn
450 455 460

aag tct gga agc atc tgt gca gaa gac gcg acg gga ggc caa gcc tcg 1440
Lys Ser Gly Ser Ile Cys Ala Glu Asp Ala Thr Gly Gly Gln Ala Ser
465 470 475 480

gct gcg caa ggc tgg atc gaa cgt gcg gca gag tct ctg cca atc gct 1488
Ala Ala Gln Gly Trp Ile Glu Arg Ala Ala Glu Ser Leu Pro Ile Ala
485 490 495

gct gcg ctg ttg ctc gcg gga tgg gct gcg cag tcc agc ctt gtt atc 1536
Ala Ala Leu Leu Leu Ala Gly Trp Ala Ala Gln Ser Ser Leu Val Ile
500 505 510

ctg 1539
Leu

<210> 28
<211> 513
<212> PRT
<213> Trametes sp.

<400> 28

Ala Ser Ala Asp Gln Trp Gln Asn Arg Ser Ile Tyr Gln Leu Val Thr
1 5 10 15

Asp Arg Phe Ala Thr Pro Asp Gly Ser Ser Pro Ser Cys Asp Thr Ser
20 25 30

Gln Arg Gln Tyr Cys Gly Gly Thr Trp Lys Gly Val Ala Asn Lys Leu

35 40 45

Asp Tyr Ile Gln Asn Met Gly Phe Asp Ala Ile Trp Ile Ser Pro Ile
50 55 60

Val Ala Asn Val Glu Gly Asn Thr Ser Tyr Gly Glu Ala Phe His Gly
65 70 75 80

Tyr Trp Thr Gln Asp Ile Asn Ser Leu Asn Ser His Phe Gly Ser Ala
85 90 95

Asp Asp Leu Lys Ala Leu Ser Ser Ala Leu His Asp Arg Gly Met Tyr
100 105 110

Leu Met Val Asp Val Val Val Asn His Met Val Gly Thr Ser Asp Pro
115 120 125

Pro Asn Phe Ser Ser Phe Gln Pro Phe Ser Ser Gln Ser Asp Phe His
130 135 140

Ser Glu Cys Phe Val Ser Asn Tyr Asp Asn Gln Thr Glu Val Glu Gln
145 150 155 160

Cys Trp Leu Gly Asp Lys Asn Val Pro Leu Val Asp Leu Asn Thr Glu
165 170 175

Asp Ala Asp Ile Val Lys Thr Met Asn Thr Trp Ile Ser Thr Leu Val
180 185 190

Gly Asn Tyr Ser Val Asp Gly Val Arg Ile Asp Thr Val Lys His Val
195 200 205

Arg Lys Asp Phe Trp Pro Asp Phe Ala Lys Ser Ala Gly Val Phe Thr
210 215 220

Ile Gly Glu Val Leu His Asn Glu Thr Asp Tyr Val Ser Ala Tyr Thr
225 230 235 240

Gln Val Leu Asp Ser Val Leu Asp Tyr Pro Thr Trp Phe Pro Leu Val
245 250 255

Ala Ala Phe Gln Thr Thr Gly Gly Asn Leu Ser Ala Leu Ala Ala Thr
260 265 270

Val Gln Gln Ala Gln Gly Ser Tyr Lys Lys Gly Glu Phe Met Thr Gly
275 280 285

Ser Phe Leu Glu Asn His Asp Gln Pro Arg Phe Gln Ser Leu Thr Gln
290 295 300

Asp Gln Ala Leu Val Lys Asn Ala Met Thr Trp Pro Phe Val Gln Asp

305 310 315 320

Gly Val Pro Ile Met Tyr Tyr Gly Gln Glu Gln Ser Tyr Ala Gly Gly
325 330 335

Pro Asp Pro Ala Asn Arg Glu Ala Leu Trp Leu Ser Gly Tyr Val Glu
340 345 350

Asp Lys Pro Leu Val Lys His Val Arg Ala Leu Asn Ala Ala Arg Lys
355 360 365

Ala Ala Ile Ser Ala Asn Ser Asn Tyr Leu Asn Thr Gly Val Lys Phe
370 375 380

Leu Ser Thr Gly Ser Glu Ser Ser Met Ala Val Ser Lys Pro Pro Met
385 390 395 400

Leu Ala Leu Leu Thr Asn Gly Gly Ser Ser Ser Thr Pro Ser Trp Thr
405 410 415

Val Ser Asp Ala Gly Tyr Gln Ala Asn Glu Glu Leu Ile Asp Val Leu
420 425 430

Ser Cys Gln Lys Val Thr Ala Asp Gly Asn Gly Gly Val Ser Val Gln
435 440 445

Gly Ser Ser Gly Ser Pro Gln Val Leu Met Pro Thr Ser Ala Leu Asn

450 455 460

Lys Ser Gly Ser Ile Cys Ala Glu Asp Ala Thr Gly Gly Gln Ala Ser

465 470 475 480

Ala Ala Gln Gly Trp Ile Glu Arg Ala Ala Glu Ser Leu Pro Ile Ala

485 490 495

Ala Ala Leu Leu Leu Ala Gly Trp Ala Ala Gln Ser Ser Leu Val Ile

500 505 510

Leu

<210> 29

<211> 1521

<212> DNA

<213> Coriolus censor

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1521)

<400> 29

gcc tct cct gac gac tgg cgt act agg tcg atc tac cag ctt gtg acc 48

Ala Ser Pro Asp Asp Trp Arg Thr Arg Ser Ile Tyr Gln Leu Val Thr

1 5 10 15

gac aga ttt gca acc cct gat ggc tca agc cca aca tgt aac acc gag 96
Asp Arg Phe Ala Thr Pro Asp Gly Ser Ser Pro Thr Cys Asn Thr Glu
20 25 30

gac cga agg tac tgc ggt ggt aac tac aag ggt atc atc aac aag ctc 144
Asp Arg Arg Tyr Cys Gly Gly Asn Tyr Lys Gly Ile Ile Asn Lys Leu
35 40 45

gac tac att caa aac atg ggg ttt gac gcc atc tgg atc tca cct gtg 192
Asp Tyr Ile Gln Asn Met Gly Phe Asp Ala Ile Trp Ile Ser Pro Val
50 55 60

gtc gcg aat gta gag gga aat acc agt ctc ggt gaa gcc ttc cat ggc 240
Val Ala Asn Val Glu Gly Asn Thr Ser Leu Gly Glu Ala Phe His Gly
65 70 75 80

tac tgg act caa gat atc aac aaa ttg aac gat cat ttc ggg tct act 288
Tyr Trp Thr Gln Asp Ile Asn Lys Leu Asn Asp His Phe Gly Ser Thr
85 90 95

gac gat ttg aag tcg ctt tcg gat gcc ctg cac aag cgt aac atg tat 336
Asp Asp Leu Lys Ser Leu Ser Asp Ala Leu His Lys Arg Asn Met Tyr
100 105 110

ctg atg gtc gat gtg gtt gtc aac cat atg gcg gca acg tca aac cca 384
Leu Met Val Asp Val Val Val Asn His Met Ala Ala Thr Ser Asn Pro
115 120 125

ccg aac ttt ggc agt ttc gcg ccc ttc aat caa cag tcc aac ttc cac 432
Pro Asn Phe Gly Ser Phe Ala Pro Phe Asn Gln Gln Ser Asn Phe His
130 135 140

ccg gaa tgt ttt atc caa gcc tcg gac tac gac aac aat cag acc gct 480
Pro Glu Cys Phe Ile Gln Ala Ser Asp Tyr Asp Asn Asn Gln Thr Ala
145 150 155 160

gtc gaa caa tgc tgg ctt ggc gac gaa aat ctc cca ctc gcg gat atg 528
Val Glu Gln Cys Trp Leu Gly Asp Glu Asn Leu Pro Leu Ala Asp Met
165 170 175

aat acc gag gac caa aac gtg atc agc aca tgg aac aca tgg atc ggc 576
Asn Thr Glu Asp Gln Asn Val Ile Ser Thr Trp Asn Thr Trp Ile Gly
180 185 190

gac ttg gtc aag aac tat act atc gat ggt gtc cgc att gat act gtc 624
Asp Leu Val Lys Asn Tyr Thr Ile Asp Gly Val Arg Ile Asp Thr Val
195 200 205

aag cat gtg cga aag gac ttc tgg ccc gac ttt gcc aag gcc gct ggc 672
Lys His Val Arg Lys Asp Phe Trp Pro Asp Phe Ala Lys Ala Ala Gly
210 215 220

gta tac act att ggt gaa gtt ttg cac aac gat acc aac tat gtt gca 720
Val Tyr Thr Ile Gly Glu Val Leu His Asn Asp Thr Asn Tyr Val Ala
225 230 235 240

ccc tac acg cag gcg ctt tct gct gca cta gac tat cct gcc tac ttc 768
Pro Tyr Thr Gln Ala Leu Ser Ala Ala Leu Asp Tyr Pro Ala Tyr Phe
245 250 255

ttc ttg act gct ggt ttc caa acc tcc aac ggc aac tta tcg aat ttt 816
Phe Leu Thr Ala Gly Phe Gln Thr Ser Asn Gly Asn Leu Ser Asn Phe
260 265 270

gct tcg gtt atc cag gcc ggg cag ggt gca tac aac aat ggc gag cac 864

Ala Ser Val Ile Gln Ala Gly Gln Gly Ala Tyr Asn Asn Gly Glu His

275 280 285

tac atg ggc tcc ttc ctt gag aat cac gac aac cct cgt ttc caa tcc 912

Tyr Met Gly Ser Phe Leu Glu Asn His Asp Asn Pro Arg Phe Gln Ser

290 295 300

ctc act caa gat caa gca ttg gta aag aat gcg atg act tgg cca ttt 960

Leu Thr Gln Asp Gln Ala Leu Val Lys Asn Ala Met Thr Trp Pro Phe

305 310 315 320

atc caa gac ggt atc ccg atc ctt tac tac ggt cag gaa caa ggc tac 1008

Ile Gln Asp Gly Ile Pro Ile Leu Tyr Tyr Gly Gln Glu Gln Gly Tyr

325 330 335

gcc ggt gga aat gat cct gct aac cgt gaa gca ctc tgg ctg tcc ggg 1056

Ala Gly Gly Asn Asp Pro Ala Asn Arg Glu Ala Leu Trp Leu Ser Gly

340 345 350

tac ggc gaa gac aaa ccc ctg gtt cag cat gtc aag acg ttg aac gcc 1104

Tyr Gly Glu Asp Lys Pro Leu Val Gln His Val Lys Thr Leu Asn Ala

355 360 365

gcg cgt aag gcc gct gcc gct gcc aaa agc gac ttc cac acc agc agc 1152

Ala Arg Lys Ala Ala Ala Ala Ala Lys Ser Asp Phe His Thr Ser Ser

370 375 380

ctc caa ttc ctt gtc agc aca cag aac aat ctg gcc att tcg aag ccc 1200

Leu Gln Phe Leu Val Ser Thr Gln Asn Asn Leu Ala Ile Ser Lys Pro

385 390 395 400

cct atg ctt acg ctg ctc act aat gaa ggt agc act tct acg cca caa 1248

Pro Met Leu Thr Leu Leu Thr Asn Glu Gly Ser Thr Ser Thr Pro Gln

405 410 415

tgg agc gtc cca aac gct ggg ttc agc gca aac gag gaa gtc gtc gat 1296
Trp Ser Val Pro Asn Ala Gly Phe Ser Ala Asn Glu Glu Val Val Asp
420 425 430

gtg ttg act tgc acg aag ata aac gct gac gct aac gga ggt gtc act 1344
Val Leu Thr Cys Thr Lys Ile Asn Ala Asp Ala Asn Gly Gly Val Thr
435 440 445

gtc aaa ggc tcg gga ggt aat ccc caa gtc ctg atg cct act tct gcc 1392
Val Lys Gly Ser Gly Gly Asn Pro Gln Val Leu Met Pro Thr Ser Ala
450 455 460

ctt cca aaa ggc ggg acc gta tgt ccc gac tta gca acg gga gca cag 1440
Leu Pro Lys Gly Gly Thr Val Cys Pro Asp Leu Ala Thr Gly Ala Gln
465 470 475 480

tct tcc tct gct cgt tca ctc gcg gtg cag gtg ctt ggg act tct ctc 1488
Ser Ser Ser Ala Arg Ser Leu Ala Val Gln Val Leu Gly Thr Ser Leu
485 490 495

gct gcc gtt ctc act ctc gcc att gca ttc tcg 1521
Ala Ala Val Leu Thr Leu Ala Ile Ala Phe Ser
500 505

<210> 30
<211> 507
<212> PRT
<213> Coriolus censor

<400> 30

Ala Ser Pro Asp Asp Trp Arg Thr Arg Ser Ile Tyr Gln Leu Val Thr
1 5 10 15

Asp Arg Phe Ala Thr Pro Asp Gly Ser Ser Pro Thr Cys Asn Thr Glu
20 25 30

Asp Arg Arg Tyr Cys Gly Gly Asn Tyr Lys Gly Ile Ile Asn Lys Leu
35 40 45

Asp Tyr Ile Gln Asn Met Gly Phe Asp Ala Ile Trp Ile Ser Pro Val
50 55 60

Val Ala Asn Val Glu Gly Asn Thr Ser Leu Gly Glu Ala Phe His Gly
65 70 75 80

Tyr Trp Thr Gln Asp Ile Asn Lys Leu Asn Asp His Phe Gly Ser Thr
85 90 95

Asp Asp Leu Lys Ser Leu Ser Asp Ala Leu His Lys Arg Asn Met Tyr
100 105 110

Leu Met Val Asp Val Val Val Asn His Met Ala Ala Thr Ser Asn Pro
115 120 125

Pro Asn Phe Gly Ser Phe Ala Pro Phe Asn Gln Gln Ser Asn Phe His

130 135 140

Pro Glu Cys Phe Ile Gln Ala Ser Asp Tyr Asp Asn Asn Gln Thr Ala
145 150 155 160

Val Glu Gln Cys Trp Leu Gly Asp Glu Asn Leu Pro Leu Ala Asp Met
165 170 175

Asn Thr Glu Asp Gln Asn Val Ile Ser Thr Trp Asn Thr Trp Ile Gly
180 185 190

Asp Leu Val Lys Asn Tyr Thr Ile Asp Gly Val Arg Ile Asp Thr Val
195 200 205

Lys His Val Arg Lys Asp Phe Trp Pro Asp Phe Ala Lys Ala Ala Gly
210 215 220

Val Tyr Thr Ile Gly Glu Val Leu His Asn Asp Thr Asn Tyr Val Ala
225 230 235 240

Pro Tyr Thr Gln Ala Leu Ser Ala Ala Leu Asp Tyr Pro Ala Tyr Phe
245 250 255

Phe Leu Thr Ala Gly Phe Gln Thr Ser Asn Gly Asn Leu Ser Asn Phe
260 265 270

Ala Ser Val Ile Gln Ala Gly Gln Gly Ala Tyr Asn Asn Gly Glu His
275 280 285

Tyr Met Gly Ser Phe Leu Glu Asn His Asp Asn Pro Arg Phe Gln Ser
290 295 300

Leu Thr Gln Asp Gln Ala Leu Val Lys Asn Ala Met Thr Trp Pro Phe
305 310 315 320

Ile Gln Asp Gly Ile Pro Ile Leu Tyr Tyr Gly Gln Glu Gln Gly Tyr
325 330 335

Ala Gly Gly Asn Asp Pro Ala Asn Arg Glu Ala Leu Trp Leu Ser Gly
340 345 350

Tyr Gly Glu Asp Lys Pro Leu Val Gln His Val Lys Thr Leu Asn Ala
355 360 365

Ala Arg Lys Ala Ala Ala Ala Ala Lys Ser Asp Phe His Thr Ser Ser
370 375 380

Leu Gln Phe Leu Val Ser Thr Gln Asn Asn Leu Ala Ile Ser Lys Pro
385 390 395 400

Pro Met Leu Thr Leu Leu Thr Asn Glu Gly Ser Thr Ser Thr Pro Gln

405 410 415

Trp Ser Val Pro Asn Ala Gly Phe Ser Ala Asn Glu Glu Val Val Asp
420 425 430

Val Leu Thr Cys Thr Lys Ile Asn Ala Asp Ala Asn Gly Gly Val Thr
435 440 445

Val Lys Gly Ser Gly Gly Asn Pro Gln Val Leu Met Pro Thr Ser Ala
450 455 460

Leu Pro Lys Gly Gly Thr Val Cys Pro Asp Leu Ala Thr Gly Ala Gln
465 470 475 480

Ser Ser Ser Ala Arg Ser Leu Ala Val Gln Val Leu Gly Thr Ser Leu
485 490 495

Ala Ala Val Leu Thr Leu Ala Ile Ala Phe Ser
500 505

<210> 31

<211> 1443

<212> DNA

<213> Dinemasporium sp.

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1443)

<400> 31

gcc acg gca gag caa tgg agg tcg cgg gcg ata tat cag ctt ctc act 48
Ala Thr Ala Glu Gln Trp Arg Ser Arg Ala Ile Tyr Gln Leu Leu Thr
1 5 10 15

gat cga ttc gca aga cca gat aat agc acg aca gca aca tgt tat aca 96
Asp Arg Phe Ala Arg Pro Asp Asn Ser Thr Thr Ala Thr Cys Tyr Thr
20 25 30

cca gat aga aac tac tgt gga gga act tgg agt ggc atc atc agc caa 144
Pro Asp Arg Asn Tyr Cys Gly Gly Thr Trp Ser Gly Ile Ile Ser Gln
35 40 45

tta gat tac atc cag gac atg ggc ttc acc gcg ata tgg ata tct ccc 192
Leu Asp Tyr Ile Gln Asp Met Gly Phe Thr Ala Ile Trp Ile Ser Pro
50 55 60

gta act tcg aac att cct aat ata act tct tac ggc tac gct tat cac 240
Val Thr Ser Asn Ile Pro Asn Ile Thr Ser Tyr Gly Tyr Ala Tyr His
65 70 75 80

gga tac tgg caa caa gac ctt tat aag ttg aat gat cat ttt ggc act 288
Gly Tyr Trp Gln Gln Asp Leu Tyr Lys Leu Asn Asp His Phe Gly Thr
85 90 95

gcc gaa gat ttg aaa gca ctc agc cag gca ttg cat gac aga gac atg 336
Ala Glu Asp Leu Lys Ala Leu Ser Gln Ala Leu His Asp Arg Asp Met
100 105 110

tat ctg atg gta gat gta gtc gca aac cat aac ggc tgg ccc ggc gat 384
Tyr Leu Met Val Asp Val Val Ala Asn His Asn Gly Trp Pro Gly Asp
115 120 125

tct gcc tca gta aat tac tcc gcg ttc tac ccg ttc gac aat gca tca 432
Ser Ala Ser Val Asn Tyr Ser Ala Phe Tyr Pro Phe Asp Asn Ala Ser
130 135 140

cac tat cat ttg ttc tgc gtc gtc gac gat tat agc aat cag acc gac 480
His Tyr His Leu Phe Cys Val Val Asp Asp Tyr Ser Asn Gln Thr Asp
145 150 155 160

gtc gag gac tgt tgg ctc ggg gat acg aat gtc gag ctg gtg gat tta 528
Val Glu Asp Cys Trp Leu Gly Asp Thr Asn Val Glu Leu Val Asp Leu
165 170 175

gac acg aac agt caa gat gtt gtt gat ggg tac tct aaa tgg att ggt 576
Asp Thr Asn Ser Gln Asp Val Val Asp Gly Tyr Ser Lys Trp Ile Gly
180 185 190

gaa ttg gtc tcg aac tac tcc atc gac ggt ctc cgc atc gac acg gta 624
Glu Leu Val Ser Asn Tyr Ser Ile Asp Gly Leu Arg Ile Asp Thr Val
195 200 205

aag cac gtc gac aag ccc ttc tgg act tct ttc caa caa gca gcc ggc 672
Lys His Val Asp Lys Pro Phe Trp Thr Ser Phe Gln Gln Ala Ala Gly
210 215 220

gtc ttc acg aca ggg gaa ata ctc tcg ggt gat cct tcc tat act tgc 720
Val Phe Thr Thr Gly Glu Ile Leu Ser Gly Asp Pro Ser Tyr Thr Cys
225 230 235 240

gac tac cag aat tat ctt gat agt aca ttg aac tac ccg tta tgg tgg 768

Asp Tyr Gln Asn Tyr Leu Asp Ser Thr Leu Asn Tyr Pro Leu Trp Trp

245 250 255

cca gca atg gcg ttc ctc aac tca aca tct ggc tcc tcc gcc aac ctc 816

Pro Ala Met Ala Phe Leu Asn Ser Thr Ser Gly Ser Ser Ala Asn Leu

260 265 270

ctc aac cta ctg agc tcc cta cgg tct act tgc aaa gac gtc tcc gtc 864

Leu Asn Leu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Thr Cys Lys Asp Val Ser Val

275 280 285

ctc ggt gta ttc acc gag aac cac gac ctc cct cgc ttc gcc tcg caa 912

Leu Gly Val Phe Thr Glu Asn His Asp Leu Pro Arg Phe Ala Ser Gln

290 295 300

act caa gac atg gct tta gcc aag aac gct ctc gcc ctc acg atc ttg 960

Thr Gln Asp Met Ala Leu Ala Lys Asn Ala Leu Ala Leu Thr Ile Leu

305 310 315 320

tct gac ggc ata ccc ata gtc tac gca gga caa gaa caa cac tac gac 1008

Ser Asp Gly Ile Pro Ile Val Tyr Ala Gly Gln Glu Gln His Tyr Asp

325 330 335

gga tcg ggc gat ccc tac aac aga gag gca aat tgg ctc tcg ggc tac 1056

Gly Ser Gly Asp Pro Tyr Asn Arg Glu Ala Asn Trp Leu Ser Gly Tyr

340 345 350

tcg cgc tcg aac gaa ctg tac ctc ctc gtc gcc gcc gtc aac caa gtc 1104

Ser Arg Ser Asn Glu Leu Tyr Leu Leu Val Ala Ala Val Asn Gln Val

355 360 365

cgc aac aga gcc ttg tat cga gat gca aac tac gcg act tat aat gct 1152

Arg Asn Arg Ala Leu Tyr Arg Asp Ala Asn Tyr Ala Thr Tyr Asn Ala

370 375 380

acc tct atc tat agt gat caa cat act gtt gcg ttc cgc aaa ggg tac 1200
Thr Ser Ile Tyr Ser Asp Gln His Thr Val Ala Phe Arg Lys Gly Tyr
385 390 395 400

gat gga cac cag atc atc tcc gtc atc acc aat acc ggg acc tct act 1248
Asp Gly His Gln Ile Ile Ser Val Ile Thr Asn Thr Gly Thr Ser Thr
405 410 415

cct cta tgg aac ctc acg gtg ccg gac aca ggt ctg gca tct ggc act 1296
Pro Leu Trp Asn Leu Thr Val Pro Asp Thr Gly Leu Ala Ser Gly Thr
420 425 430

gct gtt gta gag att ata acg tgc gat cag tct gtc att gcg agt gat 1344
Ala Val Val Glu Ile Ile Thr Cys Asp Gln Ser Val Ile Ala Ser Asp
435 440 445

ggg agt cta gct gtg ccg atg gaa gga ggg atg ccg agg ata tat tat 1392
Gly Ser Leu Ala Val Pro Met Glu Gly Gly Met Pro Arg Ile Tyr Tyr
450 455 460

ccg gtg gat gag gcg gtt ggt agt ggg att tgt aat ctt acg agt agc 1440
Pro Val Asp Glu Ala Val Gly Ser Gly Ile Cys Asn Leu Thr Ser Ser
465 470 475 480

tat 1443
Tyr

<210> 32

<211> 481

<212> PRT

<213> Dinemasporium sp.

<400> 32

Ala Thr Ala Glu Gln Trp Arg Ser Arg Ala Ile Tyr Gln Leu Leu Thr
1 5 10 15

Asp Arg Phe Ala Arg Pro Asp Asn Ser Thr Thr Ala Thr Cys Tyr Thr
20 25 30

Pro Asp Arg Asn Tyr Cys Gly Gly Thr Trp Ser Gly Ile Ile Ser Gln
35 40 45

Leu Asp Tyr Ile Gln Asp Met Gly Phe Thr Ala Ile Trp Ile Ser Pro
50 55 60

Val Thr Ser Asn Ile Pro Asn Ile Thr Ser Tyr Gly Tyr Ala Tyr His
65 70 75 80

Gly Tyr Trp Gln Gln Asp Leu Tyr Lys Leu Asn Asp His Phe Gly Thr
85 90 95

Ala Glu Asp Leu Lys Ala Leu Ser Gln Ala Leu His Asp Arg Asp Met
100 105 110

Tyr Leu Met Val Asp Val Val Ala Asn His Asn Gly Trp Pro Gly Asp
115 120 125

Ser Ala Ser Val Asn Tyr Ser Ala Phe Tyr Pro Phe Asp Asn Ala Ser
130 135 140

His Tyr His Leu Phe Cys Val Val Asp Asp Tyr Ser Asn Gln Thr Asp
145 150 155 160

Val Glu Asp Cys Trp Leu Gly Asp Thr Asn Val Glu Leu Val Asp Leu
165 170 175

Asp Thr Asn Ser Gln Asp Val Val Asp Gly Tyr Ser Lys Trp Ile Gly
180 185 190

Glu Leu Val Ser Asn Tyr Ser Ile Asp Gly Leu Arg Ile Asp Thr Val
195 200 205

Lys His Val Asp Lys Pro Phe Trp Thr Ser Phe Gln Gln Ala Ala Gly
210 215 220

Val Phe Thr Thr Gly Glu Ile Leu Ser Gly Asp Pro Ser Tyr Thr Cys
225 230 235 240

Asp Tyr Gln Asn Tyr Leu Asp Ser Thr Leu Asn Tyr Pro Leu Trp Trp

245 250 255

Pro Ala Met Ala Phe Leu Asn Ser Thr Ser Gly Ser Ser Ala Asn Leu
260 265 270

Leu Asn Leu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Thr Cys Lys Asp Val Ser Val
275 280 285

Leu Gly Val Phe Thr Glu Asn His Asp Leu Pro Arg Phe Ala Ser Gln
290 295 300

Thr Gln Asp Met Ala Leu Ala Lys Asn Ala Leu Ala Leu Thr Ile Leu
305 310 315 320

Ser Asp Gly Ile Pro Ile Val Tyr Ala Gly Gln Glu Gln His Tyr Asp
325 330 335

Gly Ser Gly Asp Pro Tyr Asn Arg Glu Ala Asn Trp Leu Ser Gly Tyr
340 345 350

Ser Arg Ser Asn Glu Leu Tyr Leu Leu Val Ala Ala Val Asn Gln Val
355 360 365

Arg Asn Arg Ala Leu Tyr Arg Asp Ala Asn Tyr Ala Thr Tyr Asn Ala
370 375 380

Thr Ser Ile Tyr Ser Asp Gln His Thr Val Ala Phe Arg Lys Gly Tyr
385 390 395 400

Asp Gly His Gln Ile Ile Ser Val Ile Thr Asn Thr Gly Thr Ser Thr
405 410 415

Pro Leu Trp Asn Leu Thr Val Pro Asp Thr Gly Leu Ala Ser Gly Thr
420 425 430

Ala Val Val Glu Ile Ile Thr Cys Asp Gln Ser Val Ile Ala Ser Asp
435 440 445

Gly Ser Leu Ala Val Pro Met Glu Gly Gly Met Pro Arg Ile Tyr Tyr
450 455 460

Pro Val Asp Glu Ala Val Gly Ser Gly Ile Cys Asn Leu Thr Ser Ser
465 470 475 480

Tyr

<210> 33
<211> 1485
<212> DNA
<213> Cryptosporiopsis sp.

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1485)

<400> 33

ttg gac gca gca gga tgg cga aac cag agc atc tac cag gtc ctg acg 48
Leu Asp Ala Ala Gly Trp Arg Asn Gln Ser Ile Tyr Gln Val Leu Thr
1 5 10 15

gac cgc ttc gcc atg gcc gac ggc tcg aca ccc gca tgc gac gca tcc 96
Asp Arg Phe Ala Met Ala Asp Gly Ser Thr Pro Ala Cys Asp Ala Ser
20 25 30

caa ggc ctc tac tgc ggt ggc acc tgg cag ggc atc acc aac cag ttg 144
Gln Gly Leu Tyr Cys Gly Gly Thr Trp Gln Gly Ile Thr Asn Gln Leu
35 40 45

gat tac atc cag aac ctg ggt gcc acc gcc gtc tgg atc tcc cct gtc 192
Asp Tyr Ile Gln Asn Leu Gly Ala Thr Ala Val Trp Ile Ser Pro Val
50 55 60

atc aag aac gtc gag ggc aac ttt gcc gat tcc ggc gag gcc tac cac 240
Ile Lys Asn Val Glu Gly Asn Phe Ala Asp Ser Gly Glu Ala Tyr His
65 70 75 80

ggc ttc tgg gcg caa gac ctc tac tcg ctc aac tcg cat ttc ggt acc 288
Gly Phe Trp Ala Gln Asp Leu Tyr Ser Leu Asn Ser His Phe Gly Thr
85 90 95

gag gcc gac ctc aag gcc ctc gcc gac gcg ctc cac gcc cgg ggc atg 336
Glu Ala Asp Leu Lys Ala Leu Ala Asp Ala Leu His Ala Arg Gly Met
100 105 110

tac ctg atg gtc gac atc gcc ccg aac cac gtg ggc ctg aat acg gat 384
Tyr Leu Met Val Asp Ile Ala Pro Asn His Val Gly Leu Asn Thr Asp
115 120 125

gcc aac aac tat acc ggt tac act ccc ttc aac gag acc gaa tac tac 432
Ala Asn Asn Tyr Thr Gly Tyr Thr Pro Phe Asn Glu Thr Glu Tyr Tyr
130 135 140

cac gac gag tgc agc atc gtc tgg aac gtc cct acg tcc gag agg ctc 480
His Asp Glu Cys Ser Ile Val Trp Asn Val Pro Thr Ser Glu Arg Leu
145 150 155 160

tgc tgg ctc gag ggt ctg ccc gac ctg cgt acc gaa gat gcc ggc gta 528
Cys Trp Leu Glu Gly Leu Pro Asp Leu Arg Thr Glu Asp Ala Gly Val
165 170 175

cgc cag gtg tat gcg gaa tgg atc aag gac ctg gtt gcc aat tac tcc 576
Arg Gln Val Tyr Ala Glu Trp Ile Lys Asp Leu Val Ala Asn Tyr Ser
180 185 190

atc gac ggt ctc cgt atc gat acc gcc ctg gag atc gag ccg gag ttc 624
Ile Asp Gly Leu Arg Ile Asp Thr Ala Leu Glu Ile Glu Pro Glu Phe
195 200 205

tgg acc gac ggt ggt gtc cgc gag gcc gcc ggc gtc ttc ctc ctg gcc 672
Trp Thr Asp Gly Gly Val Arg Glu Ala Ala Gly Val Phe Leu Leu Ala
210 215 220

gag att aac cac agc aac ccg gag acc ctg gcg ccc tac cag cag tac 720
Glu Ile Asn His Ser Asn Pro Glu Thr Leu Ala Pro Tyr Gln Gln Tyr
225 230 235 240

ctc gac ggg tac atg gac tac agc agc tgg aac tgg atc acg gat tcg 768

Leu Asp Gly Tyr Met Asp Tyr Ser Ser Trp Asn Trp Ile Thr Asp Ser

245 250 255

ttc cag gcc gtc gac gcc agc atg acc gac ctc tac gag ggg acc aac 816

Phe Gln Ala Val Asp Ala Ser Met Thr Asp Leu Tyr Glu Gly Thr Asn

260 265 270

cag ctg gcg gcc atg acc gac atc gac ccg tcg ctc ttc ggc tcc ttt 864

Gln Leu Ala Ala Met Thr Asp Ile Asp Pro Ser Leu Phe Gly Ser Phe

275 280 285

gtc gag aac cac gac cag gtc cgg ttc ccc tac cgc aac gcc gac atg 912

Val Glu Asn His Asp Gln Val Arg Phe Pro Tyr Arg Asn Ala Asp Met

290 295 300

gcc ctg gcc aag aac ctg tac acc ctc gcc ctg ctc cgg gac ggg atc 960

Ala Leu Ala Lys Asn Leu Tyr Thr Leu Ala Leu Leu Arg Asp Gly Ile

305 310 315 320

ccc atc gtc tac tac gga cag gag cag cac ttt gac ggc ggc atc gtg 1008

Pro Ile Val Tyr Tyr Gly Gln Glu Gln His Phe Asp Gly Gly Ile Val

325 330 335

ccc agc aac cgg gag gcg ctc tgg ctc ggc acc tac gac atc tac gcc 1056

Pro Ser Asn Arg Glu Ala Leu Trp Leu Gly Thr Tyr Asp Ile Tyr Ala

340 345 350

gag ctg tac ggc tgg atc cag cag acc atc aag gcg cgc gcg cac gcc 1104

Glu Leu Tyr Gly Trp Ile Gln Gln Thr Ile Lys Ala Arg Ala His Ala

355 360 365

gcg gcg gcg gac gcc acc ttc ctc acg acg cag agg aca cag gcc atc 1152

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

370 375 380

ttc tac cag aac gcc acc gac atc aac agc agc gtc atc ggc ttc cgc 1200
Phe Tyr Gln Asn Ala Thr Asp Ile Asn Ser Ser Val Ile Gly Phe Arg
385 390 395 400

aag ggc cag atg ctc acc atg tac acc aac ggt ggc gcc gat gcc ctc 1248
Lys Gly Gln Met Leu Thr Met Tyr Thr Asn Gly Gly Ala Asp Ala Leu
405 410 415

aac ggt gcc tac ttt gcc att gcc cgc aac gtg cac ggc tac gcc atc 1296
Asn Gly Ala Tyr Phe Ala Ile Ala Arg Asn Val His Gly Tyr Ala Ile
420 425 430

ggt gag gac ctg gtc gac gtg gtg aac tgc gaa tcg ttc cag gtc gcc 1344
Gly Glu Asp Leu Val Asp Val Val Asn Cys Glu Ser Phe Gln Val Ala
435 440 445

ccc cac gga cgg ctc tgg gtc cag atg ccc aac ggt ggt ctg ccg cgt 1392
Pro His Gly Arg Leu Trp Val Gln Met Pro Asn Gly Gly Leu Pro Arg
450 455 460

gtg ttt tta ccg gtg aat cag acc gag ggg ctc tgc aac aac gtc ggc 1440
Val Phe Leu Pro Val Asn Gln Thr Glu Gly Leu Cys Asn Asn Val Gly
465 470 475 480

acg cct ttg tct aac tct acc atc act gtt gcg att gac aag gca 1485
Thr Pro Leu Ser Asn Ser Thr Ile Thr Val Ala Ile Asp Lys Ala
485 490 495

<210> 34

<211> 495

<212> PRT

<213> Cryptosporiopsis sp.

<400> 34

Leu Asp Ala Ala Gly Trp Arg Asn Gln Ser Ile Tyr Gln Val Leu Thr
1 5 10 15

Asp Arg Phe Ala Met Ala Asp Gly Ser Thr Pro Ala Cys Asp Ala Ser
20 25 30

Gln Gly Leu Tyr Cys Gly Gly Thr Trp Gln Gly Ile Thr Asn Gln Leu
35 40 45

Asp Tyr Ile Gln Asn Leu Gly Ala Thr Ala Val Trp Ile Ser Pro Val
50 55 60

Ile Lys Asn Val Glu Gly Asn Phe Ala Asp Ser Gly Glu Ala Tyr His
65 70 75 80

Gly Phe Trp Ala Gln Asp Leu Tyr Ser Leu Asn Ser His Phe Gly Thr
85 90 95

Glu Ala Asp Leu Lys Ala Leu Ala Asp Ala Leu His Ala Arg Gly Met
100 105 110

Tyr Leu Met Val Asp Ile Ala Pro Asn His Val Gly Leu Asn Thr Asp
115 120 125

Ala Asn Asn Tyr Thr Gly Tyr Thr Pro Phe Asn Glu Thr Glu Tyr Tyr
130 135 140

His Asp Glu Cys Ser Ile Val Trp Asn Val Pro Thr Ser Glu Arg Leu
145 150 155 160

Cys Trp Leu Glu Gly Leu Pro Asp Leu Arg Thr Glu Asp Ala Gly Val
165 170 175

Arg Gln Val Tyr Ala Glu Trp Ile Lys Asp Leu Val Ala Asn Tyr Ser
180 185 190

Ile Asp Gly Leu Arg Ile Asp Thr Ala Leu Glu Ile Glu Pro Glu Phe
195 200 205

Trp Thr Asp Gly Gly Val Arg Glu Ala Ala Gly Val Phe Leu Leu Ala
210 215 220

Glu Ile Asn His Ser Asn Pro Glu Thr Leu Ala Pro Tyr Gln Gln Tyr
225 230 235 240

Leu Asp Gly Tyr Met Asp Tyr Ser Ser Trp Asn Trp Ile Thr Asp Ser

245 250 255

Phe Gln Ala Val Asp Ala Ser Met Thr Asp Leu Tyr Glu Gly Thr Asn
260 265 270

Gln Leu Ala Ala Met Thr Asp Ile Asp Pro Ser Leu Phe Gly Ser Phe
275 280 285

Val Glu Asn His Asp Gln Val Arg Phe Pro Tyr Arg Asn Ala Asp Met
290 295 300

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

Pro Ile Val Tyr Tyr Gly Gln Glu Gln His Phe Asp Gly Gly Ile Val
325 330 335

Pro Ser Asn Arg Glu Ala Leu Trp Leu Gly Thr Tyr Asp Ile Tyr Ala
340 345 350

Glu Leu Tyr Gly Trp Ile Gln Gln Thr Ile Lys Ala Arg Ala His Ala
355 360 365

Ala Ala Ala Asp Ala Thr Phe Leu Thr Thr Gln Arg Thr Gln Ala Ile
370 375 380

Phe Tyr Gln Asn Ala Thr Asp Ile Asn Ser Ser Val Ile Gly Phe Arg
385 390 395 400

Lys Gly Gln Met Leu Thr Met Tyr Thr Asn Gly Gly Ala Asp Ala Leu
405 410 415

Asn Gly Ala Tyr Phe Ala Ile Ala Arg Asn Val His Gly Tyr Ala Ile
420 425 430

Gly Glu Asp Leu Val Asp Val Val Asn Cys Glu Ser Phe Gln Val Ala
435 440 445

Pro His Gly Arg Leu Trp Val Gln Met Pro Asn Gly Gly Leu Pro Arg
450 455 460

Val Phe Leu Pro Val Asn Gln Thr Glu Gly Leu Cys Asn Asn Val Gly
465 470 475 480

Thr Pro Leu Ser Asn Ser Thr Ile Thr Val Ala Ile Asp Lys Ala
485 490 495

<210> 35

<211> 1428

<212> DNA

<213> Coniochaeta sp.

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1428)

<400> 35

gca gac tgg cgt gag cag tcc atc tac cag gtc gtg acg gac cgc ttc 48
Ala Asp Trp Arg Glu Gln Ser Ile Tyr Gln Val Val Thr Asp Arg Phe
1 5 10 15

gcg cgg acg gac ctg tcc acc acg gcc acg tgc gac acc tcg gcg cag 96
Ala Arg Thr Asp Leu Ser Thr Thr Ala Thr Cys Asp Thr Ser Ala Gln
20 25 30

gtg tat tgc ggc ggc acg tac aag ggt ctg atc tcc aag ctg gat tac 144
Val Tyr Cys Gly Gly Thr Tyr Lys Gly Leu Ile Ser Lys Leu Asp Tyr
35 40 45

att cag ggc atg ggc ttc act gcc atc tgg ata tcg ccc atc gtc gag 192
Ile Gln Gly Met Gly Phe Thr Ala Ile Trp Ile Ser Pro Ile Val Glu
50 55 60

cag atg gac ggt aat act gcc gac ggc tcc tcg tat cac ggt tac tgg 240
Gln Met Asp Gly Asn Thr Ala Asp Gly Ser Ser Tyr His Gly Tyr Trp
65 70 75 80

gcg cag gat att tgg agt ctg aac ccg tcg ttc gga tcg gct ggc gac 288
Ala Gln Asp Ile Trp Ser Leu Asn Pro Ser Phe Gly Ser Ala Gly Asp
85 90 95

ctg atc gcg ctc tcc aac gcg ctg cac gcc cgg ggc atg tac ctc atg 336
Leu Ile Ala Leu Ser Asn Ala Leu His Ala Arg Gly Met Tyr Leu Met
100 105 110

ctg gac gtg gtg acc aac cac ttt gct tac aac ggc tgc ggc aac tgc 384
Leu Asp Val Val Thr Asn His Phe Ala Tyr Asn Gly Cys Gly Asn Cys
115 120 125

gtc gac tac agc atc ttc acc ccg ttc aac tcg tcg tcg tac ttc cac 432
Val Asp Tyr Ser Ile Phe Thr Pro Phe Asn Ser Ser Ser Tyr Phe His
130 135 140

ccc ttc tgc ttg atc gac tac aac aac cag acg tcg atc gag cag tgc 480
Pro Phe Cys Leu Ile Asp Tyr Asn Asn Gln Thr Ser Ile Glu Gln Cys
145 150 155 160

tgg gag gga gac aac acc gtc agc ctg ccg gac ctg cgg acg gag aac 528
Trp Glu Gly Asp Asn Thr Val Ser Leu Pro Asp Leu Arg Thr Glu Asn
165 170 175

tcc aac gta cgc gcg ata tgg aac gac tgg atc acg cag att gtg gcg 576
Ser Asn Val Arg Ala Ile Trp Asn Asp Trp Ile Thr Gln Ile Val Ala
180 185 190

gcg tac ggc atc gac ggt ctg cgc atc gac agc gtc aag cac cag gag 624
Ala Tyr Gly Ile Asp Gly Leu Arg Ile Asp Ser Val Lys His Gln Glu
195 200 205

acg tcg ttc tgg tcc ggt ttc ggg tcg gcc gcc ggc gtg ttc atg ctg 672
Thr Ser Phe Trp Ser Gly Phe Gly Ser Ala Ala Gly Val Phe Met Leu
210 215 220

ggc gag gtg tac aac ggc gat ccg acg cag ctg gcg ccg tac cag gat 720
Gly Glu Val Tyr Asn Gly Asp Pro Thr Gln Leu Ala Pro Tyr Gln Asp
225 230 235 240

tac atg ccc gga ctg ctg gac tac gcg agc tac tac tgg atc acg agg 768

Tyr Met Pro Gly Leu Leu Asp Tyr Ala Ser Tyr Tyr Trp Ile Thr Arg
245 250 255

gcg ttc cag tcg agc agc ggg agt atg agc gat ctg gcg tct ggt gtc 816
Ala Phe Gln Ser Ser Ser Gly Ser Met Ser Asp Leu Ala Ser Gly Val
260 265 270

aac aca ctc aag agc att gcc agg aac aca agc ctg tac gga tct ttc 864
Asn Thr Leu Lys Ser Ile Ala Arg Asn Thr Ser Leu Tyr Gly Ser Phe
275 280 285

ctg gag aac cac gac cag ccg cgg ttc gcg tcg ctt acc tcg gac gtc 912
Leu Glu Asn His Asp Gln Pro Arg Phe Ala Ser Leu Thr Ser Asp Val
290 295 300

gcc ttg gcg aag aat gcg ata gcg ttt act atg ctg aag gac ggt atc 960
Ala Leu Ala Lys Asn Ala Ile Ala Phe Thr Met Leu Lys Asp Gly Ile
305 310 315 320

ccg gtc gtt tac cag ggc caa gag cag cac tat gcg ggc gga aat gtc 1008
Pro Val Val Tyr Gln Gly Gln Glu Gln His Tyr Ala Gly Gly Asn Val
325 330 335

cca gct gac cgc gaa gcg atc tgg ttg tcg ggg tac tcc acg tct gcg 1056
Pro Ala Asp Arg Glu Ala Ile Trp Leu Ser Gly Tyr Ser Thr Ser Ala
340 345 350

acg ctg tac acc tgg atc gcc gcg ctg aac aag gtc cgt tcg agg gct 1104
Thr Leu Tyr Thr Trp Ile Ala Ala Leu Asn Lys Val Arg Ser Arg Ala
355 360 365

atc gcg caa gac agc agc tac ctg agc tat cag gcg tat cct gtc tat 1152
Ile Ala Gln Asp Ser Ser Tyr Leu Ser Tyr Gln Ala Tyr Pro Val Tyr

370 375 380

acg gac agc aac acc att gcc atg cgc aag gga cgg gac gga tac cag 1200
Thr Asp Ser Asn Thr Ile Ala Met Arg Lys Gly Arg Asp Gly Tyr Gln
385 390 395 400

gtc atc ggg gtg ttc acc aac aag gga tcg agc ggg ttg tcc agt ctc 1248
Val Ile Gly Val Phe Thr Asn Lys Gly Ser Ser Gly Leu Ser Ser Leu
405 410 415

acc ctc acg acg tcg atg acc gga ttc acg gcg ggc cag gcg gtc gtg 1296
Thr Leu Thr Thr Ser Met Thr Gly Phe Thr Ala Gly Gln Ala Val Val
420 425 430

gat gtc atg agc tgc acc act ttc acg acg gac tac agc ggt agc ctc 1344
Asp Val Met Ser Cys Thr Thr Phe Thr Thr Asp Tyr Ser Gly Ser Leu
435 440 445

gct gtc acc ctt tcg gga ggc att ccg cgg gtg ttc tat cca agc gcg 1392
Ala Val Thr Leu Ser Gly Gly Ile Pro Arg Val Phe Tyr Pro Ser Ala
450 455 460

agg ttg agt ggc tca gga ata tgt ggc tcc aat ggg 1428
Arg Leu Ser Gly Ser Gly Ile Cys Gly Ser Asn Gly
465 470 475

<210> 36
<211> 476
<212> PRT
<213> Coniochaeta sp.

<400> 36

Ala Asp Trp Arg Glu Gln Ser Ile Tyr Gln Val Val Thr Asp Arg Phe
1 5 10 15

Ala Arg Thr Asp Leu Ser Thr Thr Ala Thr Cys Asp Thr Ser Ala Gln
20 25 30

Val Tyr Cys Gly Gly Thr Tyr Lys Gly Leu Ile Ser Lys Leu Asp Tyr
35 40 45

Ile Gln Gly Met Gly Phe Thr Ala Ile Trp Ile Ser Pro Ile Val Glu
50 55 60

Gln Met Asp Gly Asn Thr Ala Asp Gly Ser Ser Tyr His Gly Tyr Trp
65 70 75 80

Ala Gln Asp Ile Trp Ser Leu Asn Pro Ser Phe Gly Ser Ala Gly Asp
85 90 95

Leu Ile Ala Leu Ser Asn Ala Leu His Ala Arg Gly Met Tyr Leu Met
100 105 110

Leu Asp Val Val Thr Asn His Phe Ala Tyr Asn Gly Cys Gly Asn Cys
115 120 125

Val Asp Tyr Ser Ile Phe Thr Pro Phe Asn Ser Ser Ser Tyr Phe His

130 135 140

Pro Phe Cys Leu Ile Asp Tyr Asn Asn Gln Thr Ser Ile Glu Gln Cys
145 150 155 160

Trp Glu Gly Asp Asn Thr Val Ser Leu Pro Asp Leu Arg Thr Glu Asn
165 170 175

Ser Asn Val Arg Ala Ile Trp Asn Asp Trp Ile Thr Gln Ile Val Ala
180 185 190

Ala Tyr Gly Ile Asp Gly Leu Arg Ile Asp Ser Val Lys His Gln Glu
195 200 205

Thr Ser Phe Trp Ser Gly Phe Gly Ser Ala Ala Gly Val Phe Met Leu
210 215 220

Gly Glu Val Tyr Asn Gly Asp Pro Thr Gln Leu Ala Pro Tyr Gln Asp
225 230 235 240

Tyr Met Pro Gly Leu Leu Asp Tyr Ala Ser Tyr Tyr Trp Ile Thr Arg
245 250 255

Ala Phe Gln Ser Ser Ser Gly Ser Met Ser Asp Leu Ala Ser Gly Val
260 265 270

Asn Thr Leu Lys Ser Ile Ala Arg Asn Thr Ser Leu Tyr Gly Ser Phe
275 280 285

Leu Glu Asn His Asp Gln Pro Arg Phe Ala Ser Leu Thr Ser Asp Val
290 295 300

Ala Leu Ala Lys Asn Ala Ile Ala Phe Thr Met Leu Lys Asp Gly Ile
305 310 315 320

Pro Val Val Tyr Gln Gly Gln Glu Gln His Tyr Ala Gly Gly Asn Val
325 330 335

Pro Ala Asp Arg Glu Ala Ile Trp Leu Ser Gly Tyr Ser Thr Ser Ala
340 345 350

Thr Leu Tyr Thr Trp Ile Ala Ala Leu Asn Lys Val Arg Ser Arg Ala
355 360 365

Ile Ala Gln Asp Ser Ser Tyr Leu Ser Tyr Gln Ala Tyr Pro Val Tyr
370 375 380

Thr Asp Ser Asn Thr Ile Ala Met Arg Lys Gly Arg Asp Gly Tyr Gln
385 390 395 400

Val Ile Gly Val Phe Thr Asn Lys Gly Ser Ser Gly Leu Ser Ser Leu

405 410 415

Thr Leu Thr Thr Ser Met Thr Gly Phe Thr Ala Gly Gln Ala Val Val
420 425 430

Asp Val Met Ser Cys Thr Thr Phe Thr Thr Asp Tyr Ser Gly Ser Leu
435 440 445

Ala Val Thr Leu Ser Gly Gly Ile Pro Arg Val Phe Tyr Pro Ser Ala
450 455 460

Arg Leu Ser Gly Ser Gly Ile Cys Gly Ser Asn Gly
465 470 475

<210> 37
<211> 1431
<212> DNA
<213> Diplodia sp.

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1431)

<400> 37
gct act ccc gcc caa tgg cgc tcc aag tcc atc tac cag gtc ctc act 48
Ala Thr Pro Ala Gln Trp Arg Ser Lys Ser Ile Tyr Gln Val Leu Thr
1 5 10 15

gat agg ttt gcc cgc acc gat ggc agc acc agc gca acg tgc aac acg 96
Asp Arg Phe Ala Arg Thr Asp Gly Ser Thr Ser Ala Thr Cys Asn Thr
20 25 30

cag gac aga aag tac tgc ggc gga acg tac cag gga atc atc aac caa 144
Gln Asp Arg Lys Tyr Cys Gly Gly Thr Tyr Gln Gly Ile Ile Asn Gln
35 40 45

ctg gac tac ata cag ggc atg ggc ttc act gcc att tgg atc tcc ccc 192
Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly Phe Thr Ala Ile Trp Ile Ser Pro
50 55 60

gtc gtc aag aat ctg ccc gag acc act ggc tat gga gag gcc tac cac 240
Val Val Lys Asn Leu Pro Glu Thr Thr Gly Tyr Gly Glu Ala Tyr His
65 70 75 80

ggc tac tgg cag cag gac ctg tac agc ctc aat gag aac ttt gga tct 288
Gly Tyr Trp Gln Gln Asp Leu Tyr Ser Leu Asn Glu Asn Phe Gly Ser
85 90 95

gca gct gat ctc cag gct ctc gct gcc gag ctg cat gac cgc gac atg 336
Ala Ala Asp Leu Gln Ala Leu Ala Ala Glu Leu His Asp Arg Asp Met
100 105 110

tac ttg atg gtg gat att gtc gtc aac cac aat ggc tgg gct ggc tcg 384
Tyr Leu Met Val Asp Ile Val Val Asn His Asn Gly Trp Ala Gly Ser
115 120 125

tca agc tct gtg gac tac agc agg ttc aac ccg ttc aac tcg cag gac 432
Ser Ser Ser Val Asp Tyr Ser Arg Phe Asn Pro Phe Asn Ser Gln Asp
130 135 140

tac tat cat tcg tac tgc acc gtc tcc gac tac aac aac cag gac ctc 480

Tyr Tyr His Ser Tyr Cys Thr Val Ser Asp Tyr Asn Asn Gln Asp Leu
145 150 155 160

gtc gag gat tgc tgg ctt ggt gac aac act gtc cag ctc gtc gac ctc 528
Val Glu Asp Cys Trp Leu Gly Asp Asn Thr Val Gln Leu Val Asp Leu
165 170 175

aag acc gaa gac tcg gcc gtt gcc gat ggc tac aac acc tgg atc tcc 576
Lys Thr Glu Asp Ser Ala Val Ala Asp Gly Tyr Asn Thr Trp Ile Ser
180 185 190

caa ctt gtt gca aac tac tcc att gac ggt ctg cgg atc gac acg gcc 624
Gln Leu Val Ala Asn Tyr Ser Ile Asp Gly Leu Arg Ile Asp Thr Ala
195 200 205

aag cac gtg gac aag gca ttc tac cct ccc ttt gag gct gcg gct ggt 672
Lys His Val Asp Lys Ala Phe Tyr Pro Pro Phe Glu Ala Ala Ala Gly
210 215 220

gtc ttc tcc acc ggc gaa gtc tac gat ggc aac cca tcc tac act tgt 720
Val Phe Ser Thr Gly Glu Val Tyr Asp Gly Asn Pro Ser Tyr Thr Cys
225 230 235 240

gac tac cag aac tat atg gac agc gtg ctc aac tat ccc gta tac tac 768
Asp Tyr Gln Asn Tyr Met Asp Ser Val Leu Asn Tyr Pro Val Tyr Tyr
245 250 255

ccg cta gtc cgg gcc ttc act tcg acc agt ggc tcc atc tcc gat ctt 816
Pro Leu Val Arg Ala Phe Thr Ser Thr Ser Gly Ser Ile Ser Asp Leu
260 265 270

gtg aac atg gtc agc acg ctc aag agc ggc tgc aag gac acc acg ctt 864
Val Asn Met Val Ser Thr Leu Lys Ser Gly Cys Lys Asp Thr Thr Leu

275 280 285

ctc ggc acc ttc tcc gag aac cac gac atc acg cgc ttc gcc gcc atc 912
Leu Gly Thr Phe Ser Glu Asn His Asp Ile Thr Arg Phe Ala Ala Ile
290 295 300

acg tcc gac ttc tcg cag gcc aag aac gtc atc gcc ttc aac atc ctc 960
Thr Ser Asp Phe Ser Gln Ala Lys Asn Val Ile Ala Phe Asn Ile Leu
305 310 315 320

gcc gac ggc atc cct atc atc tac cag ggc cag gag caa cac tac tcg 1008
Ala Asp Gly Ile Pro Ile Ile Tyr Gln Gly Gln Glu Gln His Tyr Ser
325 330 335

ggc gcc gag gac ccg gac aac cgc gag gcc gtc tgg ctc tcg ggc tac 1056
Gly Ala Glu Asp Pro Asp Asn Arg Glu Ala Val Trp Leu Ser Gly Tyr
340 345 350

aac acg ggc gcc gag ctg tac acc ttc acc gcc gcc gtc aac gcc atc 1104
Asn Thr Gly Ala Glu Leu Tyr Thr Phe Thr Ala Ala Val Asn Ala Ile
355 360 365

cgc aac cgc gcc atc gcc gac gac gcc gac tac ctg acg tac cag aac 1152
Arg Asn Arg Ala Ile Ala Asp Asp Ala Asp Tyr Leu Thr Tyr Gln Asn
370 375 380

tgg gtc atc tac agc gac acg acc acc atc gct atg cgc aag ggc ttc 1200
Trp Val Ile Tyr Ser Asp Thr Thr Thr Ile Ala Met Arg Lys Gly Phe
385 390 395 400

gac ggc tac cag atc atc acc gtc ttg agc aac aag ggc gcc aat ggc 1248
Asp Gly Tyr Gln Ile Ile Thr Val Leu Ser Asn Lys Gly Ala Asn Gly
405 410 415

gat gcg tac acg ctc aat ctg tcc aac acg ggc tgg acg agt gga acc 1296

Asp Ala Tyr Thr Leu Asn Leu Ser Asn Thr Gly Trp Thr Ser Gly Thr

420 425 430

gag gtc gtc gag gtg ctg acg tgc agc aga gtc acg gtg acg agc agc 1344

Glu Val Val Glu Val Leu Thr Cys Ser Arg Val Thr Val Thr Ser Ser

435 440 445

ggg acg gtg acg gta ccc atg tcg aat ggt ctg ccg agg gtc tac tac 1392

Gly Thr Val Thr Val Pro Met Ser Asn Gly Leu Pro Arg Val Tyr Tyr

450 455 460

ccg gct gcc cgg ctg agc ggg tcg ggc atc tgt gat cta 1431

Pro Ala Ala Arg Leu Ser Gly Ser Gly Ile Cys Asp Leu

465 470 475

<210> 38

<211> 477

<212> PRT

<213> Diplodia sp.

<400> 38

Ala Thr Pro Ala Gln Trp Arg Ser Lys Ser Ile Tyr Gln Val Leu Thr

1 5 10 15

Asp Arg Phe Ala Arg Thr Asp Gly Ser Thr Ser Ala Thr Cys Asn Thr

20 25 30

Gln Asp Arg Lys Tyr Cys Gly Gly Thr Tyr Gln Gly Ile Ile Asn Gln

35 40 45

Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly Phe Thr Ala Ile Trp Ile Ser Pro
50 55 60

Val Val Lys Asn Leu Pro Glu Thr Thr Gly Tyr Gly Glu Ala Tyr His
65 70 75 80

Gly Tyr Trp Gln Gln Asp Leu Tyr Ser Leu Asn Glu Asn Phe Gly Ser
85 90 95

Ala Ala Asp Leu Gln Ala Leu Ala Ala Glu Leu His Asp Arg Asp Met
100 105 110

Tyr Leu Met Val Asp Ile Val Val Asn His Asn Gly Trp Ala Gly Ser
115 120 125

Ser Ser Ser Val Asp Tyr Ser Arg Phe Asn Pro Phe Asn Ser Gln Asp
130 135 140

Tyr Tyr His Ser Tyr Cys Thr Val Ser Asp Tyr Asn Asn Gln Asp Leu
145 150 155 160

Val Glu Asp Cys Trp Leu Gly Asp Asn Thr Val Gln Leu Val Asp Leu
165 170 175

Lys Thr Glu Asp Ser Ala Val Ala Asp Gly Tyr Asn Thr Trp Ile Ser
180 185 190

Gln Leu Val Ala Asn Tyr Ser Ile Asp Gly Leu Arg Ile Asp Thr Ala
195 200 205

Lys His Val Asp Lys Ala Phe Tyr Pro Pro Phe Glu Ala Ala Ala Gly
210 215 220

Val Phe Ser Thr Gly Glu Val Tyr Asp Gly Asn Pro Ser Tyr Thr Cys
225 230 235 240

Asp Tyr Gln Asn Tyr Met Asp Ser Val Leu Asn Tyr Pro Val Tyr Tyr
245 250 255

Pro Leu Val Arg Ala Phe Thr Ser Thr Ser Gly Ser Ile Ser Asp Leu
260 265 270

Val Asn Met Val Ser Thr Leu Lys Ser Gly Cys Lys Asp Thr Thr Leu
275 280 285

Leu Gly Thr Phe Ser Glu Asn His Asp Ile Thr Arg Phe Ala Ala Ile
290 295 300

Thr Ser Asp Phe Ser Gln Ala Lys Asn Val Ile Ala Phe Asn Ile Leu

305 310 315 320

Ala Asp Gly Ile Pro Ile Ile Tyr Gln Gly Gln Glu Gln His Tyr Ser
325 330 335

Gly Ala Glu Asp Pro Asp Asn Arg Glu Ala Val Trp Leu Ser Gly Tyr
340 345 350

Asn Thr Gly Ala Glu Leu Tyr Thr Phe Thr Ala Ala Val Asn Ala Ile
355 360 365

Arg Asn Arg Ala Ile Ala Asp Asp Ala Asp Tyr Leu Thr Tyr Gln Asn
370 375 380

Trp Val Ile Tyr Ser Asp Thr Thr Thr Ile Ala Met Arg Lys Gly Phe
385 390 395 400

Asp Gly Tyr Gln Ile Ile Thr Val Leu Ser Asn Lys Gly Ala Asn Gly
405 410 415

Asp Ala Tyr Thr Leu Asn Leu Ser Asn Thr Gly Trp Thr Ser Gly Thr
420 425 430

Glu Val Val Glu Val Leu Thr Cys Ser Arg Val Thr Val Thr Ser Ser
435 440 445

Gly Thr Val Thr Val Pro Met Ser Asn Gly Leu Pro Arg Val Tyr Tyr

450 455 460

Pro Ala Ala Arg Leu Ser Gly Ser Gly Ile Cys Asp Leu

465 470 475

<210> 39

<211> 1323

<212> DNA

<213> Nectria sp.

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1323)

<400> 39

gcc gac acc cag tca tgg aag tct cgc aac atc tat ttt gcc ctg aca 48

Ala Asp Thr Gln Ser Trp Lys Ser Arg Asn Ile Tyr Phe Ala Leu Thr

1 5 10 15

gac cgc atc gcc aag agc agc tcg gac act ggc ggc agt gcc tgt ggc 96

Asp Arg Ile Ala Lys Ser Ser Ser Asp Thr Gly Gly Ser Ala Cys Gly

20 25 30

aat ctt gga aac tac tgt ggt ggc acg ttc cag ggt ctg cag tcc aag 144

Asn Leu Gly Asn Tyr Cys Gly Gly Thr Phe Gln Gly Leu Gln Ser Lys

35 40 45

ctt gac tac atc aag ggc atg ggc ttt gac gcc atc tgg ata aca ccc 192

Leu Asp Tyr Ile Lys Gly Met Gly Phe Asp Ala Ile Trp Ile Thr Pro

50 55 60

gtc gtg gag aac act gat ggt ggc tac cat gga tac tgg gcc aag gac 240
Val Val Glu Asn Thr Asp Gly Gly Tyr His Gly Tyr Trp Ala Lys Asp
65 70 75 80

ctg tac tct gtc aat tcc aag tac gga act gcg gat gac ttg aag agc 288
Leu Tyr Ser Val Asn Ser Lys Tyr Gly Thr Ala Asp Asp Leu Lys Ser
85 90 95

ttg gtc agc gca gcg cat ggc aag ggc atc tac atg atg gtt gac gtt 336
Leu Val Ser Ala Ala His Gly Lys Gly Ile Tyr Met Met Val Asp Val
100 105 110

gtt gcc aac cac atg ggt agt ggc gac atc agc aca tac aac ccc ccg 384
Val Ala Asn His Met Gly Ser Gly Asp Ile Ser Thr Tyr Asn Pro Pro
115 120 125

ccg ctc aac caa gcg agc gcc tac cac ggc tcg tgt gat atc aac tac 432
Pro Leu Asn Gln Ala Ser Ala Tyr His Gly Ser Cys Asp Ile Asn Tyr
130 135 140

gac gac cag aac agc att gag cag tgc agg att tcc ggt ctt ccg gat 480
Asp Asp Gln Asn Ser Ile Glu Gln Cys Arg Ile Ser Gly Leu Pro Asp
145 150 155 160

atc aac acg gag gat aac tca gtg aaa gcg gcc ctg cac gaa tgg gtc 528
Ile Asn Thr Glu Asp Asn Ser Val Lys Ala Ala Leu His Glu Trp Val
165 170 175

gga tgg ctt gtc aag gag tac aac ttt gac ggt gtc cgc atc gac aca 576
Gly Trp Leu Val Lys Glu Tyr Asn Phe Asp Gly Val Arg Ile Asp Thr
180 185 190

gtc aag cat gtg tcg aag agt ttc tgg cct gat ttt gcc tgg tcc tct 624
Val Lys His Val Ser Lys Ser Phe Trp Pro Asp Phe Ala Trp Ser Ser
195 200 205

gga gta tac acc att ggc gag gtc ttc aat ggc gac ccc gat tac cta 672
Gly Val Tyr Thr Ile Gly Glu Val Phe Asn Gly Asp Pro Asp Tyr Leu
210 215 220

gcc gaa tat gac aac ctc atg gga ggt ctc ctc aac tat gcc gtc tac 720
Ala Glu Tyr Asp Asn Leu Met Gly Gly Leu Leu Asn Tyr Ala Val Tyr
225 230 235 240

tac ccc atg aac cgg ttc tac cag cag gag gga tcc tcg aag gac ctt 768
Tyr Pro Met Asn Arg Phe Tyr Gln Gln Glu Gly Ser Ser Lys Asp Leu
245 250 255

gcc agc atg atc gac acg gtt agt gcc aaa ttc tcc gat ccg acg acc 816
Ala Ser Met Ile Asp Thr Val Ser Ala Lys Phe Ser Asp Pro Thr Thr
260 265 270

ctg gga aca ttc ctc gac aac cat gac aac cct cga tgg ctc aac aag 864
Leu Gly Thr Phe Leu Asp Asn His Asp Asn Pro Arg Trp Leu Asn Lys
275 280 285

aag aac gac gtc act ctg ttc aag aac gcc ctg gct ttc gtc atc ctc 912
Lys Asn Asp Val Thr Leu Phe Lys Asn Ala Leu Ala Phe Val Ile Leu
290 295 300

gct cgt ggc att ccc atc gtc tac tac ggt agt gag cag ggc tac ggc 960
Ala Arg Gly Ile Pro Ile Val Tyr Tyr Gly Ser Glu Gln Gly Tyr Gly
305 310 315 320

ggt ggt gct gat ccg cag aac cgg gag gac ctt tgg cga agc ggc ttc 1008

Gly Gly Ala Asp Pro Gln Asn Arg Glu Asp Leu Trp Arg Ser Gly Phe

325 330 335

aac acc aac tct gac ctg tac ggt gcc atc tcg cgc ctc tct gct gcg 1056

Asn Thr Asn Ser Asp Leu Tyr Gly Ala Ile Ser Arg Leu Ser Ala Ala

340 345 350

cga tca gca cat ggt ggc ctc ccc aac aac gac cac gtc cac ctc aac 1104

Arg Ser Ala His Gly Gly Leu Pro Asn Asn Asp His Val His Leu Asn

355 360 365

acc gaa gac gga ata tac gcc tgg agc cga gcg ggc ggc gat ctc gtc 1152

Thr Glu Asp Gly Ile Tyr Ala Trp Ser Arg Ala Gly Gly Asp Leu Val

370 375 380

gtc ttc act tcc aac cgc ggc tcc agc ctc aac ggc gag tac tgc ttc 1200

Val Phe Thr Ser Asn Arg Gly Ser Ser Leu Asn Gly Glu Tyr Cys Phe

385 390 395 400

act act gat cgt tca aat gga tcg tgg aac gat gtt ttt ggc agc ggg 1248

Thr Thr Asp Arg Ser Asn Gly Ser Trp Asn Asp Val Phe Gly Ser Gly

405 410 415

tcc tat act tcg gat ggt aac ggc agg gtc tgt gtc aat gtg aac aat 1296

Ser Tyr Thr Ser Asp Gly Asn Gly Arg Val Cys Val Asn Val Asn Asn

420 425 430

ggc cag ccg gtg gtc ctg agt gct aaa 1323

Gly Gln Pro Val Val Leu Ser Ala Lys

435 440

<210> 40

<211> 441

<212> PRT

<213> Nectria sp.

<400> 40

Ala Asp Thr Gln Ser Trp Lys Ser Arg Asn Ile Tyr Phe Ala Leu Thr
1 5 10 15

Asp Arg Ile Ala Lys Ser Ser Ser Asp Thr Gly Gly Ser Ala Cys Gly
20 25 30

Asn Leu Gly Asn Tyr Cys Gly Gly Thr Phe Gln Gly Leu Gln Ser Lys
35 40 45

Leu Asp Tyr Ile Lys Gly Met Gly Phe Asp Ala Ile Trp Ile Thr Pro
50 55 60

Val Val Glu Asn Thr Asp Gly Gly Tyr His Gly Tyr Trp Ala Lys Asp
65 70 75 80

Leu Tyr Ser Val Asn Ser Lys Tyr Gly Thr Ala Asp Asp Leu Lys Ser
85 90 95

Leu Val Ser Ala Ala His Gly Lys Gly Ile Tyr Met Met Val Asp Val
100 105 110

Val Ala Asn His Met Gly Ser Gly Asp Ile Ser Thr Tyr Asn Pro Pro
115 120 125

Pro Leu Asn Gln Ala Ser Ala Tyr His Gly Ser Cys Asp Ile Asn Tyr
130 135 140

Asp Asp Gln Asn Ser Ile Glu Gln Cys Arg Ile Ser Gly Leu Pro Asp
145 150 155 160

Ile Asn Thr Glu Asp Asn Ser Val Lys Ala Ala Leu His Glu Trp Val
165 170 175

Gly Trp Leu Val Lys Glu Tyr Asn Phe Asp Gly Val Arg Ile Asp Thr
180 185 190

Val Lys His Val Ser Lys Ser Phe Trp Pro Asp Phe Ala Trp Ser Ser
195 200 205

Gly Val Tyr Thr Ile Gly Glu Val Phe Asn Gly Asp Pro Asp Tyr Leu
210 215 220

Ala Glu Tyr Asp Asn Leu Met Gly Gly Leu Leu Asn Tyr Ala Val Tyr
225 230 235 240

Tyr Pro Met Asn Arg Phe Tyr Gln Gln Glu Gly Ser Ser Lys Asp Leu

245 250 255

Ala Ser Met Ile Asp Thr Val Ser Ala Lys Phe Ser Asp Pro Thr Thr

260 265 270

Leu Gly Thr Phe Leu Asp Asn His Asp Asn Pro Arg Trp Leu Asn Lys

275 280 285

Lys Asn Asp Val Thr Leu Phe Lys Asn Ala Leu Ala Phe Val Ile Leu

290 295 300

Ala Arg Gly Ile Pro Ile Val Tyr Tyr Gly Ser Glu Gln Gly Tyr Gly

305 310 315 320

Gly Gly Ala Asp Pro Gln Asn Arg Glu Asp Leu Trp Arg Ser Gly Phe

325 330 335

Asn Thr Asn Ser Asp Leu Tyr Gly Ala Ile Ser Arg Leu Ser Ala Ala

340 345 350

Arg Ser Ala His Gly Gly Leu Pro Asn Asn Asp His Val His Leu Asn

355 360 365

Thr Glu Asp Gly Ile Tyr Ala Trp Ser Arg Ala Gly Gly Asp Leu Val

370 375 380

Val Phe Thr Ser Asn Arg Gly Ser Ser Leu Asn Gly Glu Tyr Cys Phe
385 390 395 400

Thr Thr Asp Arg Ser Asn Gly Ser Trp Asn Asp Val Phe Gly Ser Gly
405 410 415

Ser Tyr Thr Ser Asp Gly Asn Gly Arg Val Cys Val Asn Val Asn Asn
420 425 430

Gly Gln Pro Val Val Leu Ser Ala Lys
435 440

<210> 41
<211> 1347
<212> DNA
<213> Gliocladium sp.

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1347)

<400> 41
gcc gac act gcc aca tgg aag tcc cgc aga att tac ttt gcg ctg acg 48
Ala Asp Thr Ala Thr Trp Lys Ser Arg Arg Ile Tyr Phe Ala Leu Thr
1 5 10 15

gac cgc att gcc cgg agc agc acc gac gcc ggt gga ggc tcg tgc agc 96
Asp Arg Ile Ala Arg Ser Ser Thr Asp Ala Gly Gly Gly Ser Cys Ser

20 25 30

gac ctt ggt agc tac tgc ggt ggc acg ttc cag ggc ctg cag gcc aag 144
Asp Leu Gly Ser Tyr Cys Gly Gly Thr Phe Gln Gly Leu Gln Ala Lys
35 40 45

ctc gac tac atc cag ggt ctg ggt ttt gac gct gtc tgg atc acg cca 192
Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Leu Gly Phe Asp Ala Val Trp Ile Thr Pro
50 55 60

gtc gtc gcg aac agc gat ggc ggc tac cac ggc tac tgg gcc gag gac 240
Val Val Ala Asn Ser Asp Gly Gly Tyr His Gly Tyr Trp Ala Glu Asp
65 70 75 80

ctc ttc gcc att aac ccc aag tac gga tct gcc gac gac ctg aag agc 288
Leu Phe Ala Ile Asn Pro Lys Tyr Gly Ser Ala Asp Asp Leu Lys Ser
85 90 95

ctc gtc aat gcg agc cac gaa aaa ggc atg ttt gtt atg gtc gac gtc 336
Leu Val Asn Ala Ser His Glu Lys Gly Met Phe Val Met Val Asp Val
100 105 110

gtc gcc aac cat atg ggc cgc gcc aac atc gcc gac gac aag ccc tcg 384
Val Ala Asn His Met Gly Arg Ala Asn Ile Ala Asp Asp Lys Pro Ser
115 120 125

ccc ctc gat cag gag acg tcc tac cac gcg cca tgc acc atc gac tac 432
Pro Leu Asp Gln Glu Thr Ser Tyr His Ala Pro Cys Thr Ile Asp Tyr
130 135 140

tcc aac cag acg agt gtc gag aac tgc cgc atc gcc gcc gat ttg ccc 480
Ser Asn Gln Thr Ser Val Glu Asn Cys Arg Ile Ala Ala Asp Leu Pro
145 150 155 160

gat gtg gac acg cat gac ccg gcc att cgg cag ctc tat cag tcg tgg 528
Asp Val Asp Thr His Asp Pro Ala Ile Arg Gln Leu Tyr Gln Ser Trp
165 170 175

gtg cac tgg ctc gtg tct gag ttc agc ttc gac ggc gtg cgc att gac 576
Val His Trp Leu Val Ser Glu Phe Ser Phe Asp Gly Val Arg Ile Asp
180 185 190

acg gtc aag cac gtc gaa aag gac ttc tgg ccg ccg ttt gct acc gcc 624
Thr Val Lys His Val Glu Lys Asp Phe Trp Pro Pro Phe Ala Thr Ala
195 200 205

gcc ggt gtc tac acc atc ggc gag gtc ttc cat ggc gat ccg gcc tac 672
Ala Gly Val Tyr Thr Ile Gly Glu Val Phe His Gly Asp Pro Ala Tyr
210 215 220

gtc gct agc tac gcg gga ctc atg tcg ggg ctg ctc aac tat gct gtc 720
Val Ala Ser Tyr Ala Gly Leu Met Ser Gly Leu Leu Asn Tyr Ala Val
225 230 235 240

tac ttc ccg ctc acc cgt ttt tac cag cag cgc ggt tcg tct cag gat 768
Tyr Phe Pro Leu Thr Arg Phe Tyr Gln Gln Arg Gly Ser Ser Gln Asp
245 250 255

ctc gtc gat atg cac gat gca gtc agc tcc aag ttc ccc gac ccg gcc 816
Leu Val Asp Met His Asp Ala Val Ser Ser Lys Phe Pro Asp Pro Ala
260 265 270

gcc ctg ggc acc ttt ctc gac aac cac gac aat ccg cgg tgg cta ggc 864
Ala Leu Gly Thr Phe Leu Asp Asn His Asp Asn Pro Arg Trp Leu Gly
275 280 285

cag aac ggc gac acc gtc ctg cta cgc aac gct ttg acg tac gta ctg 912

Gln Asn Gly Asp Thr Val Leu Leu Arg Asn Ala Leu Thr Tyr Val Leu

290 295 300

ctt gcg cgg ggg gtc ccc atc ctg tac tac ggc acc gag cag ggg ttc 960

Leu Ala Arg Gly Val Pro Ile Leu Tyr Tyr Gly Thr Glu Gln Gly Phe

305 310 315 320

tca ggt ggt gcc gac ccg gcc aac cgg gag gac ctc tgg cgc agc ggc 1008

Ser Gly Gly Ala Asp Pro Ala Asn Arg Glu Asp Leu Trp Arg Ser Gly

325 330 335

ttc gcc act gac ggg cct ctc tac aag ttc ata gcc acc atg gcg ggt 1056

Phe Ala Thr Asp Gly Pro Leu Tyr Lys Phe Ile Ala Thr Met Ala Gly

340 345 350

gta cgc agg tct gct ggt ggg ctg ccg gat aac gac cat gtg cat ctt 1104

Val Arg Arg Ser Ala Gly Gly Leu Pro Asp Asn Asp His Val His Leu

355 360 365

tac gtt gcg ggt gat gcg tac gcg tgg agc cgc gcc ggc ggt aag gtc 1152

Tyr Val Ala Gly Asp Ala Tyr Ala Trp Ser Arg Ala Gly Gly Lys Val

370 375 380

atc gca ctg acg agc aac ggc ggg agc ggc aag tcg cag cgc tac tgc 1200

Ile Ala Leu Thr Ser Asn Gly Gly Ser Gly Lys Ser Gln Arg Tyr Cys

385 390 395 400

ttc aac tca cag agg cag aac gga gcg tgg aag ggg gcc tta gac ggc 1248

Phe Asn Ser Gln Arg Gln Asn Gly Ala Trp Lys Gly Ala Leu Asp Gly

405 410 415

aag acg tac gcg tcg gat gga aga ggg cag ctt tgt gcg gac gtg acc 1296

Lys Thr Tyr Ala Ser Asp Gly Arg Gly Gln Leu Cys Ala Asp Val Thr

420 425 430

aag ggg gag ccc gtc gtc ctt gtc gct tcc acc gcc atg cca ggg gaa 1344
Lys Gly Glu Pro Val Val Leu Val Ala Ser Thr Ala Met Pro Gly Glu
435 440 445

ttg 1347
Leu

<210> 42
<211> 449
<212> PRT
<213> Gliocladium sp.

<400> 42

Ala Asp Thr Ala Thr Trp Lys Ser Arg Arg Ile Tyr Phe Ala Leu Thr
1 5 10 15

Asp Arg Ile Ala Arg Ser Ser Thr Asp Ala Gly Gly Gly Ser Cys Ser
20 25 30

Asp Leu Gly Ser Tyr Cys Gly Gly Thr Phe Gln Gly Leu Gln Ala Lys
35 40 45

Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Leu Gly Phe Asp Ala Val Trp Ile Thr Pro
50 55 60

Val Val Ala Asn Ser Asp Gly Gly Tyr His Gly Tyr Trp Ala Glu Asp
65 70 75 80

Leu Phe Ala Ile Asn Pro Lys Tyr Gly Ser Ala Asp Asp Leu Lys Ser
85 90 95

Leu Val Asn Ala Ser His Glu Lys Gly Met Phe Val Met Val Asp Val
100 105 110

Val Ala Asn His Met Gly Arg Ala Asn Ile Ala Asp Asp Lys Pro Ser
115 120 125

Pro Leu Asp Gln Glu Thr Ser Tyr His Ala Pro Cys Thr Ile Asp Tyr
130 135 140

Ser Asn Gln Thr Ser Val Glu Asn Cys Arg Ile Ala Ala Asp Leu Pro
145 150 155 160

Asp Val Asp Thr His Asp Pro Ala Ile Arg Gln Leu Tyr Gln Ser Trp
165 170 175

Val His Trp Leu Val Ser Glu Phe Ser Phe Asp Gly Val Arg Ile Asp
180 185 190

Thr Val Lys His Val Glu Lys Asp Phe Trp Pro Pro Phe Ala Thr Ala

195 200 205

Ala Gly Val Tyr Thr Ile Gly Glu Val Phe His Gly Asp Pro Ala Tyr
210 215 220

Val Ala Ser Tyr Ala Gly Leu Met Ser Gly Leu Leu Asn Tyr Ala Val
225 230 235 240

Tyr Phe Pro Leu Thr Arg Phe Tyr Gln Gln Arg Gly Ser Ser Gln Asp
245 250 255

Leu Val Asp Met His Asp Ala Val Ser Ser Lys Phe Pro Asp Pro Ala
260 265 270

Ala Leu Gly Thr Phe Leu Asp Asn His Asp Asn Pro Arg Trp Leu Gly
275 280 285

Gln Asn Gly Asp Thr Val Leu Leu Arg Asn Ala Leu Thr Tyr Val Leu
290 295 300

Leu Ala Arg Gly Val Pro Ile Leu Tyr Tyr Gly Thr Glu Gln Gly Phe
305 310 315 320

Ser Gly Gly Ala Asp Pro Ala Asn Arg Glu Asp Leu Trp Arg Ser Gly
325 330 335

Phe Ala Thr Asp Gly Pro Leu Tyr Lys Phe Ile Ala Thr Met Ala Gly
340 345 350

Val Arg Arg Ser Ala Gly Gly Leu Pro Asp Asn Asp His Val His Leu
355 360 365

Tyr Val Ala Gly Asp Ala Tyr Ala Trp Ser Arg Ala Gly Gly Lys Val
370 375 380

Ile Ala Leu Thr Ser Asn Gly Gly Ser Gly Lys Ser Gln Arg Tyr Cys
385 390 395 400

Phe Asn Ser Gln Arg Gln Asn Gly Ala Trp Lys Gly Ala Leu Asp Gly
405 410 415

Lys Thr Tyr Ala Ser Asp Gly Arg Gly Gln Leu Cys Ala Asp Val Thr
420 425 430

Lys Gly Glu Pro Val Val Leu Val Ala Ser Thr Ala Met Pro Gly Glu
435 440 445

Leu

<210> 43

<211> 1317

<212> DNA

<213> Streptomyces thermocyaneoviolaceus

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1317)

<400> 43

gct ccc gcc acc gtc gcc cac gcc tcc ccg ccc ggc acc aag gac gtc 48
Ala Pro Ala Thr Val Ala His Ala Ser Pro Pro Gly Thr Lys Asp Val
1 5 10 15

acc gcc gtc ctc ttc gag tgg gac tac gcc tcc gtg gcc aag gag tgc 96
Thr Ala Val Leu Phe Glu Trp Asp Tyr Ala Ser Val Ala Lys Glu Cys
20 25 30

acc agc acc ctc ggc ccg gcc ggc tac ggc tac gtg cag gtc tcc ccg 144
Thr Ser Thr Leu Gly Pro Ala Gly Tyr Gly Tyr Val Gln Val Ser Pro
35 40 45

ccc gcc gag cac atc cag ggc tcc cag tgg tgg acg tcg tac cag ccg 192
Pro Ala Glu His Ile Gln Gly Ser Gln Trp Trp Thr Ser Tyr Gln Pro
50 55 60

gtg agc tac aag atc gcc ggc cgg ctc ggc gac cgt gcc gcc ttc cga 240
Val Ser Tyr Lys Ile Ala Gly Arg Leu Gly Asp Arg Ala Ala Phe Arg
65 70 75 80

tcc atg gtg aac acc tgc cac gcc gcc ggg gtg aag gtg gtc gtc gac 288
Ser Met Val Asn Thr Cys His Ala Ala Gly Val Lys Val Val Val Asp
85 90 95

acg gtg atc aac cac atg tcg gcc ggc agc ggc acc ggc acc gga ggc 336
Thr Val Ile Asn His Met Ser Ala Gly Ser Gly Thr Gly Thr Gly Gly
100 105 110

tcg tcg tac acg aag tac gac tac ccg ggg ctg tac tcg gcc ccg gac 384
Ser Ser Tyr Thr Lys Tyr Asp Tyr Pro Gly Leu Tyr Ser Ala Pro Asp
115 120 125

ttc gac gac tgc acc gcg gag atc acc gac tac cag gac cgc tgg aac 432
Phe Asp Asp Cys Thr Ala Glu Ile Thr Asp Tyr Gln Asp Arg Trp Asn
130 135 140

gtc cag cac tgc gaa ctg gtg ggc ctc gcc gac ctc gac acc ggt gag 480
Val Gln His Cys Glu Leu Val Gly Leu Ala Asp Leu Asp Thr Gly Glu
145 150 155 160

gag tac gtg cga cag acg atc gcc ggc tac atg aac gac ctg ctc tcc 528
Glu Tyr Val Arg Gln Thr Ile Ala Gly Tyr Met Asn Asp Leu Leu Ser
165 170 175

ctc ggc gtc gac ggc ttc cgc atc gac gcg gcc aag cac atc ccc gcc 576
Leu Gly Val Asp Gly Phe Arg Ile Asp Ala Ala Lys His Ile Pro Ala
180 185 190

gag gac ctc gcg aac atc aag tcc cgc ctg agc aac ccg aac gcc tac 624
Glu Asp Leu Ala Asn Ile Lys Ser Arg Leu Ser Asn Pro Asn Ala Tyr
195 200 205

tgg aag cag gag gtc atc tac ggc gcc ggc gaa gcc gtc cag ccc ggc 672
Trp Lys Gln Glu Val Ile Tyr Gly Ala Gly Glu Ala Val Gln Pro Gly
210 215 220

gag tac acc ggc acc ggc gac gtc cag gag ttc cgc tac gcc tac gac 720

Glu Tyr Thr Gly Thr Gly Asp Val Gln Glu Phe Arg Tyr Ala Tyr Asp

225 230 235 240

ctc aag cgg gtc ttc acc cag gag cac ctc gcc tac ctg aag aac tac 768

Leu Lys Arg Val Phe Thr Gln Glu His Leu Ala Tyr Leu Lys Asn Tyr

245 250 255

ggc gag gac tgg ggc tac ctg agc agc acg acg gcc ggg gtc ttc gtc 816

Gly Glu Asp Trp Gly Tyr Leu Ser Ser Thr Thr Ala Gly Val Phe Val

260 265 270

gac aac cac gac acc gag cgc aac ggc tcc acg ctg aac tac aag aac 864

Asp Asn His Asp Thr Glu Arg Asn Gly Ser Thr Leu Asn Tyr Lys Asn

275 280 285

gac gcc acc tac acc ctg gcc aac gtc ttc atg ctg gcc tgg ccc tac 912

Asp Ala Thr Tyr Thr Leu Ala Asn Val Phe Met Leu Ala Trp Pro Tyr

290 295 300

ggc gcc ccc gac atc aat tcc ggc tac gag tgg tcc gac ccg gac gcc 960

Gly Ala Pro Asp Ile Asn Ser Gly Tyr Glu Trp Ser Asp Pro Asp Ala

305 310 315 320

ggc ccg ccc gac ggc ggc cac gtc gac gcc tgc tgg cag aac ggc tgg 1008

Gly Pro Pro Asp Gly Gly His Val Asp Ala Cys Trp Gln Asn Gly Trp

325 330 335

aag tgc cag cac aag tgg ccc gag atc gcc tcc atg gtc gcc ttc cgc 1056

Lys Cys Gln His Lys Trp Pro Glu Ile Ala Ser Met Val Ala Phe Arg

340 345 350

aac gcc acc cgc ggc gag ccg gtc acc gac tgg tgg gac gac ggc gcg 1104

Asn Ala Thr Arg Gly Glu Pro Val Thr Asp Trp Trp Asp Asp Gly Ala

355 360 365

gac gcc atc gcc ttc ggc cgg ggc agc aag ggc ttc gtg gcc atc aac 1152
Asp Ala Ile Ala Phe Gly Arg Gly Ser Lys Gly Phe Val Ala Ile Asn
370 375 380

cac gag tcc gcc acc gtc cag cgc acc tac cag acc tcc ctg ccc gcc 1200
His Glu Ser Ala Thr Val Gln Arg Thr Tyr Gln Thr Ser Leu Pro Ala
385 390 395 400

ggc acc tac tgc gac gtg cag agc aac acc acg gtg acg gtg gac tcc 1248
Gly Thr Tyr Cys Asp Val Gln Ser Asn Thr Thr Val Thr Val Asp Ser
405 410 415

gcc gga cgg ttc acc gcc gcg ctc ggc ccg gac acg gca ctg gcc ctg 1296
Ala Gly Arg Phe Thr Ala Ala Leu Gly Pro Asp Thr Ala Leu Ala Leu
420 425 430

cac acc ggc agg acg agc tgc 1317
His Thr Gly Arg Thr Ser Cys
435

<210> 44
<211> 439
<212> PRT
<213> Streptomyces thermocyaneoviolaceus

<400> 44

Ala Pro Ala Thr Val Ala His Ala Ser Pro Pro Gly Thr Lys Asp Val
1 5 10 15

Thr Ala Val Leu Phe Glu Trp Asp Tyr Ala Ser Val Ala Lys Glu Cys
20 25 30

Thr Ser Thr Leu Gly Pro Ala Gly Tyr Gly Tyr Val Gln Val Ser Pro
35 40 45

Pro Ala Glu His Ile Gln Gly Ser Gln Trp Trp Thr Ser Tyr Gln Pro
50 55 60

Val Ser Tyr Lys Ile Ala Gly Arg Leu Gly Asp Arg Ala Ala Phe Arg
65 70 75 80

Ser Met Val Asn Thr Cys His Ala Ala Gly Val Lys Val Val Val Asp
85 90 95

Thr Val Ile Asn His Met Ser Ala Gly Ser Gly Thr Gly Thr Gly Gly
100 105 110

Ser Ser Tyr Thr Lys Tyr Asp Tyr Pro Gly Leu Tyr Ser Ala Pro Asp
115 120 125

Phe Asp Asp Cys Thr Ala Glu Ile Thr Asp Tyr Gln Asp Arg Trp Asn
130 135 140

Val Gln His Cys Glu Leu Val Gly Leu Ala Asp Leu Asp Thr Gly Glu

145 150 155 160

Glu Tyr Val Arg Gln Thr Ile Ala Gly Tyr Met Asn Asp Leu Leu Ser
165 170 175

Leu Gly Val Asp Gly Phe Arg Ile Asp Ala Ala Lys His Ile Pro Ala
180 185 190

Glu Asp Leu Ala Asn Ile Lys Ser Arg Leu Ser Asn Pro Asn Ala Tyr
195 200 205

Trp Lys Gln Glu Val Ile Tyr Gly Ala Gly Glu Ala Val Gln Pro Gly
210 215 220

Glu Tyr Thr Gly Thr Gly Asp Val Gln Glu Phe Arg Tyr Ala Tyr Asp
225 230 235 240

Leu Lys Arg Val Phe Thr Gln Glu His Leu Ala Tyr Leu Lys Asn Tyr
245 250 255

Gly Glu Asp Trp Gly Tyr Leu Ser Ser Thr Thr Ala Gly Val Phe Val
260 265 270

Asp Asn His Asp Thr Glu Arg Asn Gly Ser Thr Leu Asn Tyr Lys Asn
275 280 285

Asp Ala Thr Tyr Thr Leu Ala Asn Val Phe Met Leu Ala Trp Pro Tyr
290 295 300

Gly Ala Pro Asp Ile Asn Ser Gly Tyr Glu Trp Ser Asp Pro Asp Ala
305 310 315 320

Gly Pro Pro Asp Gly Gly His Val Asp Ala Cys Trp Gln Asn Gly Trp
325 330 335

Lys Cys Gln His Lys Trp Pro Glu Ile Ala Ser Met Val Ala Phe Arg
340 345 350

Asn Ala Thr Arg Gly Glu Pro Val Thr Asp Trp Trp Asp Asp Gly Ala
355 360 365

Asp Ala Ile Ala Phe Gly Arg Gly Ser Lys Gly Phe Val Ala Ile Asn
370 375 380

His Glu Ser Ala Thr Val Gln Arg Thr Tyr Gln Thr Ser Leu Pro Ala
385 390 395 400

Gly Thr Tyr Cys Asp Val Gln Ser Asn Thr Thr Val Thr Val Asp Ser
405 410 415

Ala Gly Arg Phe Thr Ala Ala Leu Gly Pro Asp Thr Ala Leu Ala Leu

420 425 430

His Thr Gly Arg Thr Ser Cys
435

<210> 45
<211> 18
<212> DNA
<213> Pachykytospora papayracea

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(18)

<400> 45
ggt aac gcg ggc ccc agc 18
Gly Asn Ala Gly Pro Ser
1 5

<210> 46
<211> 6
<212> PRT
<213> Pachykytospora papayracea

<400> 46

Gly Asn Ala Gly Pro Ser
1 5

<210> 47

<211> 21

<212> DNA

<213> Trametes cingulata

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(21)

<400> 47

ggg agt ggc ggt gct ggg act 21

Gly Ser Gly Gly Ala Gly Thr

1 5

<210> 48

<211> 7

<212> PRT

<213> Trametes cingulata

<400> 48

Gly Ser Gly Gly Ala Gly Thr

1 5

<210> 49

<211> 33

<212> DNA

<213> Leucopaxillus gigantus

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(33)

<400> 49

ggg ggt ggt tca aac cca ggt ggt gga ggg tcg 33

Gly Gly Gly Ser Asn Pro Gly Gly Gly Gly Ser

1 5 10

<210> 50

<211> 11

<212> PRT

<213> Leucopaxillus gigantus

<400> 50

Gly Gly Gly Ser Asn Pro Gly Gly Gly Gly Ser

1 5 10

<210> 51

<211> 801

<212> DNA

<213> Trichophaea saccata

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(801)

<400> 51

tcg cca gtt cat cag aac acc aaa cga tct acc caa gtg tcg ttg atc 48

Ser Pro Val His Gln Asn Thr Lys Arg Ser Thr Gln Val Ser Leu Ile
1 5 10 15

agc tat acg ttt tct aac aat att ctc tct gga tcc atc agc att caa 96
Ser Tyr Thr Phe Ser Asn Asn Ile Leu Ser Gly Ser Ile Ser Ile Gln
20 25 30

aac att gct tac gcc aaa acg gtc agc gtt acc tat gcc att ggg agc 144
Asn Ile Ala Tyr Ala Lys Thr Val Ser Val Thr Tyr Ala Ile Gly Ser
35 40 45

tct tgg agc tcc tct cag gtg ata agc gct gcc tac tcc aca ggt cct 192
Ser Trp Ser Ser Ser Gln Val Ile Ser Ala Ala Tyr Ser Thr Gly Pro
50 55 60

gat agc acc ggt tat gaa gtc tgg acg ttt agc ggc aca gca acg ggg 240
Asp Ser Thr Gly Tyr Glu Val Trp Thr Phe Ser Gly Thr Ala Thr Gly
65 70 75 80

gca act cag ttc tac att gcg tat act gtc tca ggg acc acc tac tac 288
Ala Thr Gln Phe Tyr Ile Ala Tyr Thr Val Ser Gly Thr Thr Tyr Tyr
85 90 95

gat cct gga aat ggc atc aat tac acg atc ggc acg ggt tcg tcc act 336
Asp Pro Gly Asn Gly Ile Asn Tyr Thr Ile Gly Thr Gly Ser Ser Thr
100 105 110

act tcc agc aca tct gcc act tcg aca acc aaa agt tcc acc act tcc 384
Thr Ser Ser Thr Ser Ala Thr Ser Thr Thr Lys Ser Ser Thr Thr Ser
115 120 125

acg agc act gcg act agc aca agc gtg gcg acc agc agt ctc cct gct 432
Thr Ser Thr Ala Thr Ser Thr Ser Val Ala Thr Ser Ser Leu Pro Ala

130 135 140

atc att tca tcc agt att cct tct gag gcg gca gcc acc gcg ctt tct 480
Ile Ile Ser Ser Ser Ile Pro Ser Glu Ala Ala Ala Thr Ala Leu Ser
145 150 155 160

gga tgc aat act tgg gat ggt ttt gac aac tgc caa act agt ggc gtg 528
Gly Cys Asn Thr Trp Asp Gly Phe Asp Asn Cys Gln Thr Ser Gly Val
165 170 175

tac gac ttt gtg gcc agt gcc gaa aac cgc aga tgg cag acg ccc ccg 576
Tyr Asp Phe Val Ala Ser Ala Glu Asn Arg Arg Trp Gln Thr Pro Pro
180 185 190

gac ggc gat cct gcc tat gtc aat acg ttc caa gac tac cga gat ctc 624
Asp Gly Asp Pro Ala Tyr Val Asn Thr Phe Gln Asp Tyr Arg Asp Leu
195 200 205

att ggc tac gcc gat atc cag tac agc cct tca cga acc tcc gcc gtt 672
Ile Gly Tyr Ala Asp Ile Gln Tyr Ser Pro Ser Arg Thr Ser Ala Val
210 215 220

gtg act gtc aat gct gct tcg cgg acc ggc gag act ttg acc tac aaa 720
Val Thr Val Asn Ala Ala Ser Arg Thr Gly Glu Thr Leu Thr Tyr Lys
225 230 235 240

ttt ggg gga att act cag acg tct aac gcg tac acc gtg agc agc tcg 768
Phe Gly Gly Ile Thr Gln Thr Ser Asn Ala Tyr Thr Val Ser Ser Ser
245 250 255

ttt atc gga acc ctg gca atc aca gtc acc agt 801
Phe Ile Gly Thr Leu Ala Ile Thr Val Thr Ser
260 265

<210> 52

<211> 267

<212> PRT

<213> Trichophaea saccata

<400> 52

Ser Pro Val His Gln Asn Thr Lys Arg Ser Thr Gln Val Ser Leu Ile
1 5 10 15

Ser Tyr Thr Phe Ser Asn Asn Ile Leu Ser Gly Ser Ile Ser Ile Gln
20 25 30

Asn Ile Ala Tyr Ala Lys Thr Val Ser Val Thr Tyr Ala Ile Gly Ser
35 40 45

Ser Trp Ser Ser Ser Gln Val Ile Ser Ala Ala Tyr Ser Thr Gly Pro
50 55 60

Asp Ser Thr Gly Tyr Glu Val Trp Thr Phe Ser Gly Thr Ala Thr Gly
65 70 75 80

Ala Thr Gln Phe Tyr Ile Ala Tyr Thr Val Ser Gly Thr Thr Tyr Tyr
85 90 95

Asp Pro Gly Asn Gly Ile Asn Tyr Thr Ile Gly Thr Gly Ser Ser Thr
100 105 110

Thr Ser Ser Thr Ser Ala Thr Ser Thr Thr Lys Ser Ser Thr Thr Ser
115 120 125

Thr Ser Thr Ala Thr Ser Thr Ser Val Ala Thr Ser Ser Leu Pro Ala
130 135 140

Ile Ile Ser Ser Ser Ile Pro Ser Glu Ala Ala Ala Thr Ala Leu Ser
145 150 155 160

Gly Cys Asn Thr Trp Asp Gly Phe Asp Asn Cys Gln Thr Ser Gly Val
165 170 175

Tyr Asp Phe Val Ala Ser Ala Glu Asn Arg Arg Trp Gln Thr Pro Pro
180 185 190

Asp Gly Asp Pro Ala Tyr Val Asn Thr Phe Gln Asp Tyr Arg Asp Leu
195 200 205

Ile Gly Tyr Ala Asp Ile Gln Tyr Ser Pro Ser Arg Thr Ser Ala Val
210 215 220

Val Thr Val Asn Ala Ala Ser Arg Thr Gly Glu Thr Leu Thr Tyr Lys
225 230 235 240

Phe Gly Gly Ile Thr Gln Thr Ser Asn Ala Tyr Thr Val Ser Ser Ser

245 250 255

Phe Ile Gly Thr Leu Ala Ile Thr Val Thr Ser
260 265

<210> 53
<211> 75
<212> DNA
<213> Subulispora provurvata

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(75)

<400> 53
gga ggc agc ggt acc act acc acg acc act acc agc act gca ggc aca 48
Gly Gly Ser Gly Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr Ser Thr Ala Gly Thr
1 5 10 15

tcg cca act tcg aca gcg tgc tcc tcg 75
Ser Pro Thr Ser Thr Ala Cys Ser Ser
20 25

<210> 54
<211> 25
<212> PRT
<213> Subulispora provurvata

<400> 54

Gly Gly Ser Gly Thr Thr Thr Thr Thr Thr Ser Thr Ala Gly Thr
1 5 10 15

Ser Pro Thr Ser Thr Ala Cys Ser Ser
20 25

<210> 55
<211> 45
<212> DNA
<213> Valsaria rubricosa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(45)

<400> 55
acg acc acc aag acg tcc acc tcg acc gcc tcc tgc gcc gcc acc 45
Thr Thr Thr Lys Thr Ser Thr Ser Thr Ala Ser Cys Ala Ala Thr
1 5 10 15

<210> 56
<211> 15
<212> PRT
<213> Valsaria rubricosa

<400> 56

Thr Thr Thr Lys Thr Ser Thr Ser Thr Ala Ser Cys Ala Ala Thr
1 5 10 15

<210> 57

<211> 78

<212> DNA

<213> Acremonium sp.

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(78)

<400> 57

acc agc aca gcg ctg ccg acg tca agc ttg act gca gca tca gcc acg 48

Thr Ser Thr Ala Leu Pro Thr Ser Ser Leu Thr Ala Ala Ser Ala Thr

1 5 10 15

acg act gcc tca gcc tgc tcc ttg tcg gcg 78

Thr Thr Ala Ser Ala Cys Ser Leu Ser Ala

20 25

<210> 58

<211> 26

<212> PRT

<213> Acremonium sp.

<400> 58

Thr Ser Thr Ala Leu Pro Thr Ser Ser Leu Thr Ala Ala Ser Ala Thr

1 5 10 15

Thr Thr Ala Ser Ala Cys Ser Leu Ser Ala

20 25

<210> 59

<211> 45

<212> DNA

<213> Meripilus giganteus

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(45)

<400> 59

gcc acg ccc acc tcc gcc cct agt act aca cca acc agc ggc act 45

Ala Thr Pro Thr Ser Ala Pro Ser Thr Thr Pro Thr Ser Gly Thr

1 5 10 15

<210> 60

<211> 15

<212> PRT

<213> Meripilus giganteus

<400> 60

Ala Thr Pro Thr Ser Ala Pro Ser Thr Thr Pro Thr Ser Gly Thr

1 5 10 15

<210> 61

<211> 9

<212> DNA

<213> Bacillus flavothermus

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(9)

<400> 61

aac gcc aca 9

Asn Ala Thr

1

<210> 62

<211> 3

<212> PRT

<213> Bacillus flavothermus

<220>

<221> PEPTIDE

<222> (1)..(3)

<400> 62

Asn Ala Thr

1

<210> 63

<211> 186

<212> DNA

<213> Bacillus flavothermus

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(186)

<400> 63

act gag aag ttg gca ggt agc aag atc tgt agt ggc agt gga aat acc 48
Thr Glu Lys Leu Ala Gly Ser Lys Ile Cys Ser Gly Ser Gly Asn Thr
1 5 10 15

aca aca acg act acc gcg gct act agc acc agt aaa gcc act aca tca 96
Thr Thr Thr Thr Thr Ala Ala Thr Ser Thr Ser Lys Ala Thr Thr Ser
20 25 30

agt tcc agc tct tcg gcg gct gca aca act agt tca tct tgt act gct 144
Ser Ser Ser Ser Ser Ala Ala Ala Thr Thr Ser Ser Ser Cys Thr Ala
35 40 45

aca tct act acg ctg cct ata aca ttt gaa gag ctc gta acg 186
Thr Ser Thr Thr Leu Pro Ile Thr Phe Glu Glu Leu Val Thr
50 55 60

<210> 64

<211> 62

<212> PRT

<213> Bacillus flavothermus

<400> 64

Thr Glu Lys Leu Ala Gly Ser Lys Ile Cys Ser Gly Ser Gly Asn Thr
1 5 10 15

Thr Thr Thr Thr Thr Ala Ala Thr Ser Thr Ser Lys Ala Thr Thr Ser

20 25 30

Ser Ser Ser Ser Ser Ala Ala Ala Thr Thr Ser Ser Ser Cys Thr Ala
35 40 45

Thr Ser Thr Thr Leu Pro Ile Thr Phe Glu Glu Leu Val Thr
50 55 60

<210> 65
<211> 105
<212> DNA
<213> Bacillus flavothermus

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(105)

<400> 65
act gag aag ttg gca ggt agc aag atc tgt agt aca tac act acg gcc 48
Thr Glu Lys Leu Ala Gly Ser Lys Ile Cys Ser Thr Tyr Thr Thr Ala
1 5 10 15

tca cca cct ccg gga ggt tgt tct gcg gga act gta gtt ttc gat gtg 96
Ser Pro Pro Pro Gly Gly Cys Ser Ala Gly Thr Val Val Phe Asp Val
20 25 30

tat gtc caa 105
Tyr Val Gln
35

<210> 66

<211> 35

<212> PRT

<213> Bacillus flavothermus

<400> 66

Thr Glu Lys Leu Ala Gly Ser Lys Ile Cys Ser Thr Tyr Thr Thr Ala
1 5 10 15

Ser Pro Pro Pro Gly Gly Cys Ser Ala Gly Thr Val Val Phe Asp Val
20 25 30

Tyr Val Gln
35

<210> 67

<211> 33

<212> DNA

<213> Athelia rolfsii

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(33)

<400> 67

ggt gct aca agc ccg ggt ggc tcc tcg ggt agt 33
Gly Ala Thr Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser
1 5 10

<210> 68

<211> 11

<212> PRT

<213> Athelia rolfsii

<400> 68

Gly Ala Thr Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser

1 5 10

<210> 69

<211> 93

<212> DNA

<213> Aspergillus kawachii

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(93)

<400> 69

aca acc acg acc aca act gct gct gct act agt aca tcc aaa gcc acc 48

Thr Thr Thr Thr Thr Thr Ala Ala Ala Thr Ser Thr Ser Lys Ala Thr

1 5 10 15

acc tcc tct tct tct tct tct gct gct gct act act tct tca tca 93

Thr Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ala Ala Ala Thr Thr Ser Ser Ser

20 25 30

<210> 70

<211> 31

<212> PRT

<213> Aspergillus kawachii

<400> 70

Thr Thr Thr Thr Thr Thr Ala Ala Ala Thr Ser Thr Ser Lys Ala Thr
1 5 10 15

Thr Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ala Ala Ala Thr Thr Ser Ser Ser
20 25 30

<210> 71

<211> 111

<212> DNA

<213> Aspergillus niger

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(111)

<400> 71

act ggc ggc acc act acg acg gct acc ccc act gga tcc ggc agc gtg 48
Thr Gly Gly Thr Thr Thr Thr Ala Thr Pro Thr Gly Ser Gly Ser Val
1 5 10 15

acc tcg acc agc aag acc acc gcg act gct agc aag acc agc acc agt 96
Thr Ser Thr Ser Lys Thr Thr Ala Thr Ala Ser Lys Thr Ser Thr Ser
20 25 30

acg tca tca acc tcc 111

Thr Ser Ser Thr Ser

35

<210> 72

<211> 37

<212> PRT

<213> Aspergillus niger

<400> 72

Thr Gly Gly Thr Thr Thr Thr Ala Thr Pro Thr Gly Ser Gly Ser Val

1 5 10 15

Thr Ser Thr Ser Lys Thr Thr Ala Thr Ala Ser Lys Thr Ser Thr Ser

20 25 30

Thr Ser Ser Thr Ser

35

<210> 73

<211> 96

<212> DNA

<213> Coniochaeta sp.

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(96)

<400> 73

acc acg aca aca gct acg acg aag acg agc acg acg ctg acc acg tcg 48

Thr Thr Thr Thr Ala Thr Thr Lys Thr Ser Thr Thr Leu Thr Thr Ser

1 5 10 15

acg aca aca acc tcc aca aag aca agt agt tct tgc acc gcc acc gcg 96

Thr Thr Thr Thr Ser Thr Lys Thr Ser Ser Ser Cys Thr Ala Thr Ala

20 25 30

<210> 74

<211> 32

<212> PRT

<213> Coniochaeta sp.

<400> 74

Thr Thr Thr Thr Ala Thr Thr Lys Thr Ser Thr Thr Leu Thr Thr Ser

1 5 10 15

Thr Thr Thr Thr Ser Thr Lys Thr Ser Ser Ser Cys Thr Ala Thr Ala

20 25 30

<210> 75

<211> 285

<212> DNA

<213> Pachykytospora papayracea

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(285)

<400> 75

gtg aag gtg acg ttc aac gtc cag gct acg act acc ttc ggc gag aac 48
Val Lys Val Thr Phe Asn Val Gln Ala Thr Thr Thr Phe Gly Glu Asn
1 5 10 15

atc tac atc acc ggt aac acc gct gcg ctc cag aac tgg tcg ccc gat 96
Ile Tyr Ile Thr Gly Asn Thr Ala Ala Leu Gln Asn Trp Ser Pro Asp
20 25 30

aac gcg ctc ctc ctc tct gct gac aag tac ccc acc tgg agc atc acg 144
Asn Ala Leu Leu Leu Ser Ala Asp Lys Tyr Pro Thr Trp Ser Ile Thr
35 40 45

ctc gac ctc ccc gcg aac acc gtc gtc gag tac aaa tac atc cgc aag 192
Leu Asp Leu Pro Ala Asn Thr Val Val Glu Tyr Lys Tyr Ile Arg Lys
50 55 60

ttc aac ggc cag gtc acc tgg gaa tcg gac ccc aac aac tcg atc acg 240
Phe Asn Gly Gln Val Thr Trp Glu Ser Asp Pro Asn Asn Ser Ile Thr
65 70 75 80

acg ccc gcc gac ggt acc ttc acc cag aac gac acc tgg cgg tga 285
Thr Pro Ala Asp Gly Thr Phe Thr Gln Asn Asp Thr Trp Arg
85 90

<210> 76
<211> 94
<212> PRT
<213> Pachykytospora papayracea

<400> 76

Val Lys Val Thr Phe Asn Val Gln Ala Thr Thr Thr Phe Gly Glu Asn
1 5 10 15

Ile Tyr Ile Thr Gly Asn Thr Ala Ala Leu Gln Asn Trp Ser Pro Asp
20 25 30

Asn Ala Leu Leu Leu Ser Ala Asp Lys Tyr Pro Thr Trp Ser Ile Thr
35 40 45

Leu Asp Leu Pro Ala Asn Thr Val Val Glu Tyr Lys Tyr Ile Arg Lys
50 55 60

Phe Asn Gly Gln Val Thr Trp Glu Ser Asp Pro Asn Asn Ser Ile Thr
65 70 75 80

Thr Pro Ala Asp Gly Thr Phe Thr Gln Asn Asp Thr Trp Arg
85 90

<210> 77
<211> 285
<212> DNA
<213> Trametes cingulata

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(285)

<400> 77

gtg gcc gtc acc ttc aac gtg cag gcg acc acc gtg ttc ggc gag aac 48
Val Ala Val Thr Phe Asn Val Gln Ala Thr Thr Val Phe Gly Glu Asn
1 5 10 15

att tac atc aca ggc tcg gtc ccc gct ctc cag aac tgg tcg ccc gac 96
Ile Tyr Ile Thr Gly Ser Val Pro Ala Leu Gln Asn Trp Ser Pro Asp
20 25 30

aac gcg ctc atc ctc tca gcg gcc aac tac ccc act tgg agc atc acc 144
Asn Ala Leu Ile Leu Ser Ala Ala Asn Tyr Pro Thr Trp Ser Ile Thr
35 40 45

gtg aac ctg ccg gcg agc acg acg atc gag tac aag tac att cgc aag 192
Val Asn Leu Pro Ala Ser Thr Thr Ile Glu Tyr Lys Tyr Ile Arg Lys
50 55 60

ttc aac ggc gcg gtc acc tgg gag tcc gac ccg aac aac tcg atc acg 240
Phe Asn Gly Ala Val Thr Trp Glu Ser Asp Pro Asn Asn Ser Ile Thr
65 70 75 80

acg ccc gcg agc ggc acg ttc acc cag aac gac acc tgg cgg tag 285
Thr Pro Ala Ser Gly Thr Phe Thr Gln Asn Asp Thr Trp Arg
85 90

<210> 78

<211> 94

<212> PRT

<213> Trametes cingulata

<400> 78

Val Ala Val Thr Phe Asn Val Gln Ala Thr Thr Val Phe Gly Glu Asn
1 5 10 15

Ile Tyr Ile Thr Gly Ser Val Pro Ala Leu Gln Asn Trp Ser Pro Asp
20 25 30

Asn Ala Leu Ile Leu Ser Ala Ala Asn Tyr Pro Thr Trp Ser Ile Thr
35 40 45

Val Asn Leu Pro Ala Ser Thr Thr Ile Glu Tyr Lys Tyr Ile Arg Lys
50 55 60

Phe Asn Gly Ala Val Thr Trp Glu Ser Asp Pro Asn Asn Ser Ile Thr
65 70 75 80

Thr Pro Ala Ser Gly Thr Phe Thr Gln Asn Asp Thr Trp Arg
85 90

<210> 79
<211> 285
<212> DNA
<213> Leucopaxillus gigantus

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(285)

<400> 79

gtc tct gtt acg ttc aat gtt caa gct aca acc acc ttt ggt gaa aac 48
Val Ser Val Thr Phe Asn Val Gln Ala Thr Thr Thr Phe Gly Glu Asn
1 5 10 15

att ttt ttg acc ggc tcg atc aac gag tta gct aac tgg tct cct gat 96
Ile Phe Leu Thr Gly Ser Ile Asn Glu Leu Ala Asn Trp Ser Pro Asp
20 25 30

aat gct ctc gcc ctc tct gcg gcc aat tat ccc acc tgg agc agt acc 144
Asn Ala Leu Ala Leu Ser Ala Ala Asn Tyr Pro Thr Trp Ser Ser Thr
35 40 45

gtc aac gtt ccc gca agc act acg atc caa tac aag ttt atc cgt aaa 192
Val Asn Val Pro Ala Ser Thr Thr Ile Gln Tyr Lys Phe Ile Arg Lys
50 55 60

ttc aac gga gcc atc acc tgg gag tcc gac ccg aat agg cag atc aca 240
Phe Asn Gly Ala Ile Thr Trp Glu Ser Asp Pro Asn Arg Gln Ile Thr
65 70 75 80

acg ccg tct tcg gga agt ttt gtc cag aat gac tcg tgg aag tag 285
Thr Pro Ser Ser Gly Ser Phe Val Gln Asn Asp Ser Trp Lys
85 90

<210> 80

<211> 94

<212> PRT

<213> Leucopaxillus gigantus

<400> 80

Val Ser Val Thr Phe Asn Val Gln Ala Thr Thr Thr Phe Gly Glu Asn
1 5 10 15

Ile Phe Leu Thr Gly Ser Ile Asn Glu Leu Ala Asn Trp Ser Pro Asp
20 25 30

Asn Ala Leu Ala Leu Ser Ala Ala Asn Tyr Pro Thr Trp Ser Ser Thr
35 40 45

Val Asn Val Pro Ala Ser Thr Thr Ile Gln Tyr Lys Phe Ile Arg Lys
50 55 60

Phe Asn Gly Ala Ile Thr Trp Glu Ser Asp Pro Asn Arg Gln Ile Thr
65 70 75 80

Thr Pro Ser Ser Gly Ser Phe Val Gln Asn Asp Ser Trp Lys
85 90

<210> 81
<211> 306
<212> DNA
<213> Subulispora provurvata

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(306)

<400> 81

gtc ccc gta acg ttc cgc gaa acg gtc aca act acg gta gga cag aca 48
Val Pro Val Thr Phe Arg Glu Thr Val Thr Thr Thr Val Gly Gln Thr
1 5 10 15

atc aag ata tct ggc gac gtc tcc gcc ctt gga aac tgg gat acg gac 96
Ile Lys Ile Ser Gly Asp Val Ser Ala Leu Gly Asn Trp Asp Thr Asp
20 25 30

gac gcg gtg gcc ctg agc gcc gcg agc tac acg tcc agc aac ccc gtg 144
Asp Ala Val Ala Leu Ser Ala Ala Ser Tyr Thr Ser Ser Asn Pro Val
35 40 45

tgg gac gtg acc gtc agc ttc gcc ccc ggc acc gtc atc gag tac aag 192
Trp Asp Val Thr Val Ser Phe Ala Pro Gly Thr Val Ile Glu Tyr Lys
50 55 60

tac atc aac gtg gcg agc ggc ggc gcc gtg acc tgg gag gcc gac ccg 240
Tyr Ile Asn Val Ala Ser Gly Gly Ala Val Thr Trp Glu Ala Asp Pro
65 70 75 80

aac cac acc tac acg gtg cct tcg tcc tgc gcc acc gcc gtg gtc tcc 288
Asn His Thr Tyr Thr Val Pro Ser Ser Cys Ala Thr Ala Val Val Ser
85 90 95

aac acc tgg cag acg tga 306
Asn Thr Trp Gln Thr
100

<210> 82

<211> 101

<212> PRT

<213> Subulispora provurvata

<400> 82

Val Pro Val Thr Phe Arg Glu Thr Val Thr Thr Thr Val Gly Gln Thr
1 5 10 15

Ile Lys Ile Ser Gly Asp Val Ser Ala Leu Gly Asn Trp Asp Thr Asp
20 25 30

Asp Ala Val Ala Leu Ser Ala Ala Ser Tyr Thr Ser Ser Asn Pro Val
35 40 45

Trp Asp Val Thr Val Ser Phe Ala Pro Gly Thr Val Ile Glu Tyr Lys
50 55 60

Tyr Ile Asn Val Ala Ser Gly Gly Ala Val Thr Trp Glu Ala Asp Pro
65 70 75 80

Asn His Thr Tyr Thr Val Pro Ser Ser Cys Ala Thr Ala Val Val Ser
85 90 95

Asn Thr Trp Gln Thr
100

<210> 83

<211> 303

<212> DNA

<213> Valsaria rubricosa

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(303)

<400> 83

gtc gcc gtc acc ttc aac gag ctc gtc acc acg aac tac ggc gac acc 48
Val Ala Val Thr Phe Asn Glu Leu Val Thr Thr Asn Tyr Gly Asp Thr
1 5 10 15

atc cgc ctg acg ggc tcc atc tcc cag ctc agc agc tgg agc gca acc 96
Ile Arg Leu Thr Gly Ser Ile Ser Gln Leu Ser Ser Trp Ser Ala Thr
20 25 30

tcc ggg ctg gcc ctg agc gcg tcc gcg tac acg tcc agc aac ccg ctc 144
Ser Gly Leu Ala Leu Ser Ala Ser Ala Tyr Thr Ser Ser Asn Pro Leu
35 40 45

tgg agc gtg acg gtc agc ctg ccg gcc ggc acg tcg ttc gag tac aag 192
Trp Ser Val Thr Val Ser Leu Pro Ala Gly Thr Ser Phe Glu Tyr Lys
50 55 60

ttc gtc cgc atc acg agc gac ggc acc gtg acc tgg gaa tcg gac ccg 240
Phe Val Arg Ile Thr Ser Asp Gly Thr Val Thr Trp Glu Ser Asp Pro
65 70 75 80

aac cgc agc tac acc gtc ccg acg tgc gcg agc acc gcg acg atc agc 288
Asn Arg Ser Tyr Thr Val Pro Thr Cys Ala Ser Thr Ala Thr Ile Ser

85 90 95

aat acc tgg cgg tga 303

Asn Thr Trp Arg

100

<210> 84

<211> 100

<212> PRT

<213> Valsaria rubricosa

<400> 84

Val Ala Val Thr Phe Asn Glu Leu Val Thr Thr Asn Tyr Gly Asp Thr

1 5 10 15

Ile Arg Leu Thr Gly Ser Ile Ser Gln Leu Ser Ser Trp Ser Ala Thr

20 25 30

Ser Gly Leu Ala Leu Ser Ala Ser Ala Tyr Thr Ser Ser Asn Pro Leu

35 40 45

Trp Ser Val Thr Val Ser Leu Pro Ala Gly Thr Ser Phe Glu Tyr Lys

50 55 60

Phe Val Arg Ile Thr Ser Asp Gly Thr Val Thr Trp Glu Ser Asp Pro

65 70 75 80

Asn Arg Ser Tyr Thr Val Pro Thr Cys Ala Ser Thr Ala Thr Ile Ser

85 90 95

Asn Thr Trp Arg

100

<210> 85

<211> 294

<212> DNA

<213> Acremonium sp.

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(294)

<400> 85

gtg aac atc acc ttc aac gag ctc gtc acc acg gtg tgg ggg gac acg 48

Val Asn Ile Thr Phe Asn Glu Leu Val Thr Thr Val Trp Gly Asp Thr

1 5 10 15

atc aag ctg gcc ggc aac ata tcc gct ctc ggc agc tgg agc cca agc 96

Ile Lys Leu Ala Gly Asn Ile Ser Ala Leu Gly Ser Trp Ser Pro Ser

20 25 **30**

agc gcc ttg aca ctg agc gca tcg cag tat tca caa agc aat ccg ctc 144

Ser Ala Leu Thr Leu Ser Ala Ser Gln Tyr Ser Gln Ser Asn Pro Leu

35 40 45

tgg tcg gtc tca acc ctg ctc ggt cca gga acg gtg atc gag tac aag 192

Trp Ser Val Ser Thr Leu Leu Gly Pro Gly Thr Val Ile Glu Tyr Lys

50 55 60

ttt atc aag gtc agc gcc tcc ggg act gta acg tgg gag tca gac ccg 240
Phe Ile Lys Val Ser Ala Ser Gly Thr Val Thr Trp Glu Ser Asp Pro
65 70 75 80

aac cgc gtc tac act gtg ccc tgc gca act gcg acg gtc agt agc act 288
Asn Arg Val Tyr Thr Val Pro Cys Ala Thr Ala Thr Val Ser Ser Thr
85 90 95

tgg cga 294
Trp Arg

<210> 86
<211> 98
<212> PRT
<213> Acremonium sp.

<400> 86

Val Asn Ile Thr Phe Asn Glu Leu Val Thr Thr Val Trp Gly Asp Thr
1 5 10 15

Ile Lys Leu Ala Gly Asn Ile Ser Ala Leu Gly Ser Trp Ser Pro Ser
20 25 30

Ser Ala Leu Thr Leu Ser Ala Ser Gln Tyr Ser Gln Ser Asn Pro Leu
35 40 45

Trp Ser Val Ser Thr Leu Leu Gly Pro Gly Thr Val Ile Glu Tyr Lys

50 55 60

Phe Ile Lys Val Ser Ala Ser Gly Thr Val Thr Trp Glu Ser Asp Pro

65 70 75 80

Asn Arg Val Tyr Thr Val Pro Cys Ala Thr Ala Thr Val Ser Ser Thr

85 90 95

Trp Arg

<210> 87

<211> 285

<212> DNA

<213> Meripilus giganteus

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(285)

<400> 87

gtc agc atg acc ttc gct gag cag gcg acg acc acc ttc ggc gag aac 48

Val Ser Met Thr Phe Ala Glu Gln Ala Thr Thr Thr Phe Gly Glu Asn

1 5 10 15

atc ttc ctc gtc ggc agt att tcg cag ctc ggg aac tgg aac cca gcc 96

Ile Phe Leu Val Gly Ser Ile Ser Gln Leu Gly Asn Trp Asn Pro Ala

20 25 30

agc gcg atc gcc ctg tcc tct gcg gcg tac cct acg tgg tct gtg tct 144
Ser Ala Ile Ala Leu Ser Ser Ala Ala Tyr Pro Thr Trp Ser Val Ser
35 40 45

gtg aac att ccc gct gga acg acc ttc cag tac aag ttc atc cgc aag 192
Val Asn Ile Pro Ala Gly Thr Thr Phe Gln Tyr Lys Phe Ile Arg Lys
50 55 60

gag acg gac ggt agc gtc gtc tgg gag tcg gac ccc aac cgc cag gct 240
Glu Thr Asp Gly Ser Val Val Trp Glu Ser Asp Pro Asn Arg Gln Ala
65 70 75 80

acc gcg ccc gcg tcc ggt acc acc acg ctc acg tcc agc tgg cgg 285
Thr Ala Pro Ala Ser Gly Thr Thr Thr Leu Thr Ser Ser Trp Arg
85 90 95

<210> 88
<211> 95
<212> PRT
<213> Meripilus giganteus

<400> 88

Val Ser Met Thr Phe Ala Glu Gln Ala Thr Thr Thr Phe Gly Glu Asn
1 5 10 15

Ile Phe Leu Val Gly Ser Ile Ser Gln Leu Gly Asn Trp Asn Pro Ala
20 25 30

Ser Ala Ile Ala Leu Ser Ser Ala Ala Tyr Pro Thr Trp Ser Val Ser
35 40 45

Val Asn Ile Pro Ala Gly Thr Thr Phe Gln Tyr Lys Phe Ile Arg Lys
50 55 60

Glu Thr Asp Gly Ser Val Val Trp Glu Ser Asp Pro Asn Arg Gln Ala
65 70 75 80

Thr Ala Pro Ala Ser Gly Thr Thr Thr Leu Thr Ser Ser Trp Arg
85 90 95

<210> 89
<211> 261
<212> DNA
<213> Bacillus flavothermus

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(261)

<400> 89
acc gtt tgg gga caa aat gta tac gtt gtc ggg aat att tcg cag ctg 48
Thr Val Trp Gly Gln Asn Val Tyr Val Val Gly Asn Ile Ser Gln Leu
1 5 10 15

ggg aac tgg gat cca gtc cac gca gtt caa atg acg ccg tct tct tat 96
Gly Asn Trp Asp Pro Val His Ala Val Gln Met Thr Pro Ser Ser Tyr

20 25 30

cca aca tgg act gta aca atc cct ctt ctt caa ggg caa aac ata caa 144
Pro Thr Trp Thr Val Thr Ile Pro Leu Leu Gln Gly Gln Asn Ile Gln
35 40 45

ttt aaa ttt atc aaa aaa gat tca gct gga aat gtc att tgg gaa gat 192
Phe Lys Phe Ile Lys Lys Asp Ser Ala Gly Asn Val Ile Trp Glu Asp
50 55 60

ata tcg aat cga aca tac acc gtc cca act gct gca tcc gga gca tat 240
Ile Ser Asn Arg Thr Tyr Thr Val Pro Thr Ala Ala Ser Gly Ala Tyr
65 70 75 80

aca gcc agc tgg aac gtg ccc 261
Thr Ala Ser Trp Asn Val Pro
85

<210> 90
<211> 87
<212> PRT
<213> Bacillus flavothermus

<400> 90

Thr Val Trp Gly Gln Asn Val Tyr Val Val Gly Asn Ile Ser Gln Leu
1 5 10 15

Gly Asn Trp Asp Pro Val His Ala Val Gln Met Thr Pro Ser Ser Tyr
20 25 30

Pro Thr Trp Thr Val Thr Ile Pro Leu Leu Gln Gly Gln Asn Ile Gln

35 40 45

Phe Lys Phe Ile Lys Lys Asp Ser Ala Gly Asn Val Ile Trp Glu Asp

50 55 60

Ile Ser Asn Arg Thr Tyr Thr Val Pro Thr Ala Ala Ser Gly Ala Tyr

65 70 75 80

Thr Ala Ser Trp Asn Val Pro

85

<210> 91

<211> 294

<212> DNA

<213> Athelia rolfsii

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(294)

<400> 91

gtc gag gtc act ttc gac gtt tac gct acc aca gta tat ggc cag aac 48

Val Glu Val Thr Phe Asp Val Tyr Ala Thr Thr Val Tyr Gly Gln Asn

1 5 10 15

atc tat atc acc ggt gat gtg agt gag ctc ggc aac tgg aca ccc gcc 96

Ile Tyr Ile Thr Gly Asp Val Ser Glu Leu Gly Asn Trp Thr Pro Ala

20 25 30

aat ggt gtt gca ctc tct tct gct aac tac ccc acc tgg agt gcc acg 144
Asn Gly Val Ala Leu Ser Ser Ala Asn Tyr Pro Thr Trp Ser Ala Thr
35 40 45

atc gct ctc ccc gct gac acg aca atc cag tac aag tat gtc aac att 192
Ile Ala Leu Pro Ala Asp Thr Thr Ile Gln Tyr Lys Tyr Val Asn Ile
50 55 60

gac ggc agc acc gtc atc tgg gag gat gct atc agc aat cgc gag atc 240
Asp Gly Ser Thr Val Ile Trp Glu Asp Ala Ile Ser Asn Arg Glu Ile
65 70 75 80

acg acg ccc gcc agc ggc aca tac acc gaa aaa gac act tgg gat gaa 288
Thr Thr Pro Ala Ser Gly Thr Tyr Thr Glu Lys Asp Thr Trp Asp Glu
85 90 95

tct tag 294
Ser

<210> 92
<211> 97
<212> PRT
<213> Athelia rolfsii

<400> 92

Val Glu Val Thr Phe Asp Val Tyr Ala Thr Thr Val Tyr Gly Gln Asn
1 5 10 15

Ile Tyr Ile Thr Gly Asp Val Ser Glu Leu Gly Asn Trp Thr Pro Ala
20 25 30

Asn Gly Val Ala Leu Ser Ser Ala Asn Tyr Pro Thr Trp Ser Ala Thr
35 40 45

Ile Ala Leu Pro Ala Asp Thr Thr Ile Gln Tyr Lys Tyr Val Asn Ile
50 55 60

Asp Gly Ser Thr Val Ile Trp Glu Asp Ala Ile Ser Asn Arg Glu Ile
65 70 75 80

Thr Thr Pro Ala Ser Gly Thr Tyr Thr Glu Lys Asp Thr Trp Asp Glu
85 90 95

Ser

<210> 93
<211> 327
<212> DNA
<213> Aspergillus kawachii

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(327)

<400> 93

tgc acc gca aca agc acc acc ctc ccc atc acc ttc gaa gaa ctc gtc 48
Cys Thr Ala Thr Ser Thr Thr Leu Pro Ile Thr Phe Glu Glu Leu Val
1 5 10 15

acc act acc tac ggg gaa gaa gtc tac ctc agc gga tct atc tcc cag 96
Thr Thr Thr Tyr Gly Glu Glu Val Tyr Leu Ser Gly Ser Ile Ser Gln
20 25 30

ctc gga gag tgg gat acg agt gac gcg gtg aag ttg tcc gcg gat gat 144
Leu Gly Glu Trp Asp Thr Ser Asp Ala Val Lys Leu Ser Ala Asp Asp
35 40 45

tat acc tcg agt aac ccc gag tgg tct gtt act gtg tcg ttg ccg gtg 192
Tyr Thr Ser Ser Asn Pro Glu Trp Ser Val Thr Val Ser Leu Pro Val
50 55 60

ggg acg acc ttc gag tat aag ttt att aag gtc gat gag ggt gga agt 240
Gly Thr Thr Phe Glu Tyr Lys Phe Ile Lys Val Asp Glu Gly Gly Ser
65 70 75 80

gtg act tgg gaa agt gat ccg aat agg gag tat act gtg cct gaa tgt 288
Val Thr Trp Glu Ser Asp Pro Asn Arg Glu Tyr Thr Val Pro Glu Cys
85 90 95

ggg aat ggg agt ggg gag acg gtg gtt gat acg tgg agg 327
Gly Asn Gly Ser Gly Glu Thr Val Val Asp Thr Trp Arg
100 105

<210> 94

<211> 109

<212> PRT

<213> Aspergillus kawachii

<400> 94

Cys Thr Ala Thr Ser Thr Thr Leu Pro Ile Thr Phe Glu Glu Leu Val
1 5 10 15

Thr Thr Thr Tyr Gly Glu Glu Val Tyr Leu Ser Gly Ser Ile Ser Gln
20 25 30

Leu Gly Glu Trp Asp Thr Ser Asp Ala Val Lys Leu Ser Ala Asp Asp
35 40 45

Tyr Thr Ser Ser Asn Pro Glu Trp Ser Val Thr Val Ser Leu Pro Val
50 55 60

Gly Thr Thr Phe Glu Tyr Lys Phe Ile Lys Val Asp Glu Gly Gly Ser
65 70 75 80

Val Thr Trp Glu Ser Asp Pro Asn Arg Glu Tyr Thr Val Pro Glu Cys
85 90 95

Gly Asn Gly Ser Gly Glu Thr Val Val Asp Thr Trp Arg
100 105

<210> 95

<211> 324

<212> DNA

<213> Aspergillus niger

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(324)

<400> 95

tgt acc act ccc acc gcc gtg gct gtg act ttc gat ctg aca gct acc 48
Cys Thr Thr Pro Thr Ala Val Ala Val Thr Phe Asp Leu Thr Ala Thr
1 5 10 15

acc acc tac ggc gag aac atc tac ctg gtc gga tcg atc tct cag ctg 96
Thr Thr Tyr Gly Glu Asn Ile Tyr Leu Val Gly Ser Ile Ser Gln Leu
20 25 30

ggt gac tgg gaa acc agc gac ggc ata gct ctg agt gct gac aag tac 144
Gly Asp Trp Glu Thr Ser Asp Gly Ile Ala Leu Ser Ala Asp Lys Tyr
35 40 45

act tcc agc gac ccg ctc tgg tat gtc act gtg act ctg ccg gct ggt 192
Thr Ser Ser Asp Pro Leu Trp Tyr Val Thr Val Thr Leu Pro Ala Gly
50 55 60

gag tcg ttt gag tac aag ttt atc cgc att gag agc gat gac tcc gtg 240
Glu Ser Phe Glu Tyr Lys Phe Ile Arg Ile Glu Ser Asp Asp Ser Val
65 70 75 80

gag tgg gag agt gat ccc aac cga gaa tac acc gtt cct cag gcg tgc 288
Glu Trp Glu Ser Asp Pro Asn Arg Glu Tyr Thr Val Pro Gln Ala Cys
85 90 95

gga acg tcg acc gcg acg gtg act gac acc tgg cgg 324

Gly Thr Ser Thr Ala Thr Val Thr Asp Thr Trp Arg

100 105

<210> 96

<211> 108

<212> PRT

<213> Aspergillus niger

<400> 96

Cys Thr Thr Pro Thr Ala Val Ala Val Thr Phe Asp Leu Thr Ala Thr

1 5 10 15

Thr Thr Tyr Gly Glu Asn Ile Tyr Leu Val Gly Ser Ile Ser Gln Leu

20 25 30

Gly Asp Trp Glu Thr Ser Asp Gly Ile Ala Leu Ser Ala Asp Lys Tyr

35 40 45

Thr Ser Ser Asp Pro Leu Trp Tyr Val Thr Val Thr Leu Pro Ala Gly

50 55 60

Glu Ser Phe Glu Tyr Lys Phe Ile Arg Ile Glu Ser Asp Asp Ser Val

65 70 75 80

Glu Trp Glu Ser Asp Pro Asn Arg Glu Tyr Thr Val Pro Gln Ala Cys

85 90 95

Gly Thr Ser Thr Ala Thr Val Thr Asp Thr Trp Arg
100 105

<210> 97
<211> 300
<212> DNA
<213> Coniochaeta sp.

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(300)

<400> 97
gta gca atc acc ttc aac gag ctc gtg tcg acc tcc tac ggc gac aca 48
Val Ala Ile Thr Phe Asn Glu Leu Val Ser Thr Ser Tyr Gly Asp Thr
1 5 10 15

gtc aag ctc acg ggc aac ata aca gcc ctg ggc agc tgg aac acg gcc 96
Val Lys Leu Thr Gly Asn Ile Thr Ala Leu Gly Ser Trp Asn Thr Ala
20 25 30

aac gcc gtc agc ctc agc gca tcg cag tac aca tct ggt agc ccg ctc 144
Asn Ala Val Ser Leu Ser Ala Ser Gln Tyr Thr Ser Gly Ser Pro Leu
35 40 45

tgg tcg ggc acc gtg tct ctg cct ccg ggc gtc ggg gta cag tac aag 192
Trp Ser Gly Thr Val Ser Leu Pro Pro Gly Val Gly Val Gln Tyr Lys
50 55 60

ttc gtc agg gtc ggc agc tcg ggg agc gtg acg tgg gag gcg gac ccg 240

Phe Val Arg Val Gly Ser Ser Gly Ser Val Thr Trp Glu Ala Asp Pro

65 70 75 80

aac cac act tat tct gtg ccg tgc gcg gct gct act gtc ggt ggg agt 288

Asn His Thr Tyr Ser Val Pro Cys Ala Ala Ala Thr Val Gly Gly Ser

85 90 95

tgg cag agc tga 300

Trp Gln Ser

<210> 98

<211> 99

<212> PRT

<213> Coniochaeta sp.

<400> 98

Val Ala Ile Thr Phe Asn Glu Leu Val Ser Thr Ser Tyr Gly Asp Thr

1 5 10 15

Val Lys Leu Thr Gly Asn Ile Thr Ala Leu Gly Ser Trp Asn Thr Ala

20 25 30

Asn Ala Val Ser Leu Ser Ala Ser Gln Tyr Thr Ser Gly Ser Pro Leu

35 40 45

Trp Ser Gly Thr Val Ser Leu Pro Pro Gly Val Gly Val Gln Tyr Lys

50 55 60

Phe Val Arg Val Gly Ser Ser Gly Ser Val Thr Trp Glu Ala Asp Pro
65 70 75 80

Asn His Thr Tyr Ser Val Pro Cys Ala Ala Ala Thr Val Gly Gly Ser
85 90 95

Trp Gln Ser

<210> 99
<211> 1761
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> Hybrid comprising Fungamyl vatiant CD ans A.rolfsii CBM

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1761)

<400> 99
gca acg cct gcg gac tgg cga tcg caa tcc att tat ttc ctt ctc acg 48
Ala Thr Pro Ala Asp Trp Arg Ser Gln Ser Ile Tyr Phe Leu Leu Thr
1 5 10 15

gat cga ttt gca agg acg gat ggg tcg acg act gcg act tgt aat act 96
Asp Arg Phe Ala Arg Thr Asp Gly Ser Thr Thr Ala Thr Cys Asn Thr
20 25 30

gcg gat cag aaa tac tgt ggt gga aca tgg cag ggc atc atc gac aag 144
Ala Asp Gln Lys Tyr Cys Gly Gly Thr Trp Gln Gly Ile Ile Asp Lys
35 40 45

ttg gac tat atc cag gga atg ggc ttc aca gcc atc tgg atc acc ccc 192
Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly Phe Thr Ala Ile Trp Ile Thr Pro
50 55 60

gtt aca gcc cag ctg ccc cag acc acc gca tat gga gat gcc tac cat 240
Val Thr Ala Gln Leu Pro Gln Thr Thr Ala Tyr Gly Asp Ala Tyr His
65 70 75 80

ggc tac tgg cag cag gat ata tac tct ctg aac gaa aac tac ggc act 288
Gly Tyr Trp Gln Gln Asp Ile Tyr Ser Leu Asn Glu Asn Tyr Gly Thr
85 90 95

gca gat gac ttg aag gcg ctc tct tcg gcc ctt cat gag agg ggg atg 336
Ala Asp Asp Leu Lys Ala Leu Ser Ser Ala Leu His Glu Arg Gly Met
100 105 110

tat ctt atg gtc gat gtg gtt gct aac cat atg ggc tat gat gga ccg 384
Tyr Leu Met Val Asp Val Val Ala Asn His Met Gly Tyr Asp Gly Pro
115 120 125

ggt agc tca gtc gat tac agt gtg ttt gtt ccg ttc aat tcc gct agc 432
Gly Ser Ser Val Asp Tyr Ser Val Phe Val Pro Phe Asn Ser Ala Ser
130 135 140

tac ttc cac ccg ttc tgt ttc att caa aac tgg aat gat cag act cag 480

Tyr Phe His Pro Phe Cys Phe Ile Gln Asn Trp Asn Asp Gln Thr Gln
145 150 155 160

gtt gag gat tgc tgg cta gga gat aac act gtc tcc ttg cct gat ctc 528
Val Glu Asp Cys Trp Leu Gly Asp Asn Thr Val Ser Leu Pro Asp Leu
165 170 175

gat acc acc aag gat gtg gtc aag aat gaa tgg tac gac tgg gtg gga 576
Asp Thr Thr Lys Asp Val Val Lys Asn Glu Trp Tyr Asp Trp Val Gly
180 185 190

tca ttg gta tcg aac tac tcc att gac ggc ctc cgt atc gac aca gta 624
Ser Leu Val Ser Asn Tyr Ser Ile Asp Gly Leu Arg Ile Asp Thr Val
195 200 205

aaa cac gtc cag aag gac ttc tgg ccc ggg tac aac aaa gcc gca ggc 672
Lys His Val Gln Lys Asp Phe Trp Pro Gly Tyr Asn Lys Ala Ala Gly
210 215 220

gtg tac tgt atc ggc gag gtg ctc gac ggt gat ccg gcc tac act tgt 720
Val Tyr Cys Ile Gly Glu Val Leu Asp Gly Asp Pro Ala Tyr Thr Cys
225 230 235 240

ccc tac cag gaa gtc ctg gac ggc gta ctg aac tac ccc att tac tat 768
Pro Tyr Gln Glu Val Leu Asp Gly Val Leu Asn Tyr Pro Ile Tyr Tyr
245 250 255

cca ctc ctc aac gcc ttc aag tca acc tcc ggc agc atg gac gac ctc 816
Pro Leu Leu Asn Ala Phe Lys Ser Thr Ser Gly Ser Met Asp Asp Leu
260 265 270

tac aac atg atc aac acc gtc aaa tcc gac tgt cca gac tca aca ctc 864
Tyr Asn Met Ile Asn Thr Val Lys Ser Asp Cys Pro Asp Ser Thr Leu

275 280 285

ctg ggc aca ttc gtc gag aac cac gac aac cca cgg ttc gct tct tac 912
Leu Gly Thr Phe Val Glu Asn His Asp Asn Pro Arg Phe Ala Ser Tyr
290 295 300

acc aac gac ata gcc ctc gcc aag aac gtc gca gca ttc atc atc ctc 960
Thr Asn Asp Ile Ala Leu Ala Lys Asn Val Ala Ala Phe Ile Ile Leu
305 310 315 320

aac gac gga atc ccc atc atc tac gcc ggc caa gaa cag cac tac gcc 1008
Asn Asp Gly Ile Pro Ile Ile Tyr Ala Gly Gln Glu Gln His Tyr Ala
325 330 335

ggc gga aac gac ccc gcg aac cgc gaa gca acc tgg ctc tcg ggc tac 1056
Gly Gly Asn Asp Pro Ala Asn Arg Glu Ala Thr Trp Leu Ser Gly Tyr
340 345 350

ccg acc gac agc gag ctg tac aag tta att gcc tcc gcg aac gca atc 1104
Pro Thr Asp Ser Glu Leu Tyr Lys Leu Ile Ala Ser Ala Asn Ala Ile
355 360 365

cgg aac tat gcc att agc aaa gat aca gga ttc gtg acc tac aag aac 1152
Arg Asn Tyr Ala Ile Ser Lys Asp Thr Gly Phe Val Thr Tyr Lys Asn
370 375 380

tgg ccc atc tac aaa gac gac aca acg atc gcc atg cgc aag ggc aca 1200
Trp Pro Ile Tyr Lys Asp Asp Thr Thr Ile Ala Met Arg Lys Gly Thr
385 390 395 400

gat ggg tcg cag atc gtg act atc ttg tcc aac aag ggt gct tcg ggt 1248
Asp Gly Ser Gln Ile Val Thr Ile Leu Ser Asn Lys Gly Ala Ser Gly
405 410 415

gat tcg tat acc ctc tcc ttg agt ggt gcg ggt tac aca gcc ggc cag 1296
Asp Ser Tyr Thr Leu Ser Leu Ser Gly Ala Gly Tyr Thr Ala Gly Gln
420 425 430

caa ttg acg gag gtc att ggc tgc acg acc gtg acg gtt gat tcg tcg 1344
Gln Leu Thr Glu Val Ile Gly Cys Thr Thr Val Thr Val Asp Ser Ser
435 440 445

gga gat gtg cct gtt cct atg gcg ggt ggg cta cct agg gta ttg tat 1392
Gly Asp Val Pro Val Pro Met Ala Gly Gly Leu Pro Arg Val Leu Tyr
450 455 460

ccg act gag aag ttg gca ggt agc aag atc tgt agt agc tcg ggt gct 1440
Pro Thr Glu Lys Leu Ala Gly Ser Lys Ile Cys Ser Ser Ser Gly Ala
465 470 475 480

aca agc ccg ggt ggc tcc tcg ggt agt gtc gag gtc act ttc gac gtt 1488
Thr Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Val Glu Val Thr Phe Asp Val
485 490 495

tac gct acc aca gta tat ggc cag aac atc tat atc acc ggt gat gtg 1536
Tyr Ala Thr Thr Val Tyr Gly Gln Asn Ile Tyr Ile Thr Gly Asp Val
500 505 510

agt gag ctc ggc aac tgg aca ccc gcc aat ggt gtt gca ctc tct tct 1584
Ser Glu Leu Gly Asn Trp Thr Pro Ala Asn Gly Val Ala Leu Ser Ser
515 520 525

gct aac tac ccc acc tgg agt gcc acg atc gct ctc ccc gct gac acg 1632
Ala Asn Tyr Pro Thr Trp Ser Ala Thr Ile Ala Leu Pro Ala Asp Thr
530 535 540

aca atc cag tac aag tat gtc aac att gac ggc agc acc gtc atc tgg 1680

Thr Ile Gln Tyr Lys Tyr Val Asn Ile Asp Gly Ser Thr Val Ile Trp

545 550 555 560

gag gat gct atc agc aat cgc gag atc acg acg ccc gcc agc ggc aca 1728

Glu Asp Ala Ile Ser Asn Arg Glu Ile Thr Thr Pro Ala Ser Gly Thr

565 570 575

tac acc gaa aaa gac act tgg gat gaa tct tag 1761

Tyr Thr Glu Lys Asp Thr Trp Asp Glu Ser

580 585

<210> 100

<211> 586

<212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> Synthetic Construct

<400> 100

Ala Thr Pro Ala Asp Trp Arg Ser Gln Ser Ile Tyr Phe Leu Leu Thr

1 5 10 15

Asp Arg Phe Ala Arg Thr Asp Gly Ser Thr Thr Ala Thr Cys Asn Thr

20 25 30

Ala Asp Gln Lys Tyr Cys Gly Gly Thr Trp Gln Gly Ile Ile Asp Lys

35 40 45

Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly Phe Thr Ala Ile Trp Ile Thr Pro
50 55 60

Val Thr Ala Gln Leu Pro Gln Thr Thr Ala Tyr Gly Asp Ala Tyr His
65 70 75 80

Gly Tyr Trp Gln Gln Asp Ile Tyr Ser Leu Asn Glu Asn Tyr Gly Thr
85 90 95

Ala Asp Asp Leu Lys Ala Leu Ser Ser Ala Leu His Glu Arg Gly Met
100 105 110

Tyr Leu Met Val Asp Val Val Ala Asn His Met Gly Tyr Asp Gly Pro
115 120 125

Gly Ser Ser Val Asp Tyr Ser Val Phe Val Pro Phe Asn Ser Ala Ser
130 135 140

Tyr Phe His Pro Phe Cys Phe Ile Gln Asn Trp Asn Asp Gln Thr Gln
145 150 155 160

Val Glu Asp Cys Trp Leu Gly Asp Asn Thr Val Ser Leu Pro Asp Leu
165 170 175

Asp Thr Thr Lys Asp Val Val Lys Asn Glu Trp Tyr Asp Trp Val Gly

180 185 190

Ser Leu Val Ser Asn Tyr Ser Ile Asp Gly Leu Arg Ile Asp Thr Val
195 200 205

Lys His Val Gln Lys Asp Phe Trp Pro Gly Tyr Asn Lys Ala Ala Gly
210 215 220

Val Tyr Cys Ile Gly Glu Val Leu Asp Gly Asp Pro Ala Tyr Thr Cys
225 230 235 240

Pro Tyr Gln Glu Val Leu Asp Gly Val Leu Asn Tyr Pro Ile Tyr Tyr
245 250 255

Pro Leu Leu Asn Ala Phe Lys Ser Thr Ser Gly Ser Met Asp Asp Leu
260 265 270

Tyr Asn Met Ile Asn Thr Val Lys Ser Asp Cys Pro Asp Ser Thr Leu
275 280 285

Leu Gly Thr Phe Val Glu Asn His Asp Asn Pro Arg Phe Ala Ser Tyr
290 295 300

Thr Asn Asp Ile Ala Leu Ala Lys Asn Val Ala Ala Phe Ile Ile Leu
305 310 315 320

Asn Asp Gly Ile Pro Ile Ile Tyr Ala Gly Gln Glu Gln His Tyr Ala
325 330 335

Gly Gly Asn Asp Pro Ala Asn Arg Glu Ala Thr Trp Leu Ser Gly Tyr
340 345 350

Pro Thr Asp Ser Glu Leu Tyr Lys Leu Ile Ala Ser Ala Asn Ala Ile
355 360 365

Arg Asn Tyr Ala Ile Ser Lys Asp Thr Gly Phe Val Thr Tyr Lys Asn
370 375 380

Trp Pro Ile Tyr Lys Asp Asp Thr Thr Ile Ala Met Arg Lys Gly Thr
385 390 395 400

Asp Gly Ser Gln Ile Val Thr Ile Leu Ser Asn Lys Gly Ala Ser Gly
405 410 415

Asp Ser Tyr Thr Leu Ser Leu Ser Gly Ala Gly Tyr Thr Ala Gly Gln
420 425 430

Gln Leu Thr Glu Val Ile Gly Cys Thr Thr Val Thr Val Asp Ser Ser
435 440 445

Gly Asp Val Pro Val Pro Met Ala Gly Gly Leu Pro Arg Val Leu Tyr

450 455 460

Pro Thr Glu Lys Leu Ala Gly Ser Lys Ile Cys Ser Ser Ser Gly Ala
465 470 475 480

Thr Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Val Glu Val Thr Phe Asp Val
485 490 495

Tyr Ala Thr Thr Val Tyr Gly Gln Asn Ile Tyr Ile Thr Gly Asp Val
500 505 510

Ser Glu Leu Gly Asn Trp Thr Pro Ala Asn Gly Val Ala Leu Ser Ser
515 520 525

Ala Asn Tyr Pro Thr Trp Ser Ala Thr Ile Ala Leu Pro Ala Asp Thr
530 535 540

Thr Ile Gln Tyr Lys Tyr Val Asn Ile Asp Gly Ser Thr Val Ile Trp
545 550 555 560

Glu Asp Ala Ile Ser Asn Arg Glu Ile Thr Thr Pro Ala Ser Gly Thr
565 570 575

Tyr Thr Glu Lys Asp Thr Trp Asp Glu Ser
580 585

<210> 101

<211> 558

<212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> Rhizomucor pusillus amylase with linker and SBD from A. rolfsii

<400> 101

Ser Pro Leu Pro Gln Gln Gln Arg Tyr Gly Lys Arg Ala Thr Ser Asp
1 5 10 15

Asp Trp Lys Ser Lys Ala Ile Tyr Gln Leu Leu Thr Asp Arg Phe Gly
20 25 30

Arg Ala Asp Asp Ser Thr Ser Asn Cys Ser Asn Leu Ser Asn Tyr Cys
35 40 45

Gly Gly Thr Tyr Glu Gly Ile Thr Lys His Leu Asp Tyr Ile Ser Gly
50 55 60

Met Gly Phe Asp Ala Ile Trp Ile Ser Pro Ile Pro Lys Asn Ser Asp
65 70 75 80

Gly Gly Tyr His Gly Tyr Trp Ala Thr Asp Phe Tyr Gln Leu Asn Ser
85 90 95

Asn Phe Gly Asp Glu Ser Gln Leu Lys Ala Leu Ile Gln Ala Ala His
100 105 110

Glu Arg Asp Met Tyr Val Met Leu Asp Val Val Ala Asn His Ala Gly
115 120 125

Pro Thr Ser Asn Gly Tyr Ser Gly Tyr Thr Phe Gly Asp Ala Ser Leu
130 135 140

Tyr His Pro Lys Cys Thr Ile Asp Tyr Asn Asp Gln Thr Ser Ile Glu
145 150 155 160

Gln Cys Trp Val Ala Asp Glu Leu Pro Asp Ile Asp Thr Glu Asn Ser
165 170 175

Asp Asn Val Ala Ile Leu Asn Asp Ile Val Ser Gly Trp Val Gly Asn
180 185 190

Tyr Ser Phe Asp Gly Ile Arg Ile Asp Thr Val Lys His Ile Arg Lys
195 200 205

Asp Phe Trp Thr Gly Tyr Ala Glu Ala Ala Gly Val Phe Ala Thr Gly
210 215 220

Glu Val Phe Asn Gly Asp Pro Ala Tyr Val Gly Pro Tyr Gln Lys Tyr

225 230 235 240

Leu Pro Ser Leu Ile Asn Tyr Pro Met Tyr Tyr Ala Leu Asn Asp Val
245 250 255

Phe Val Ser Lys Ser Lys Gly Phe Ser Arg Ile Ser Glu Met Leu Gly
260 265 270

Ser Asn Arg Asn Ala Phe Glu Asp Thr Ser Val Leu Thr Thr Phe Val
275 280 285

Asp Asn His Asp Asn Pro Arg Phe Leu Asn Ser Gln Ser Asp Lys Ala
290 295 300

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

Ile Val Tyr Tyr Gly Ser Glu Gln Gly Phe Ser Gly Gly Ala Asp Pro
325 330 335

Ala Asn Arg Glu Val Leu Trp Thr Thr Asn Tyr Asp Thr Ser Ser Asp
340 345 350

Leu Tyr Gln Phe Ile Lys Thr Val Asn Ser Val Arg Met Lys Ser Asn
355 360 365

Lys Ala Val Tyr Met Asp Ile Tyr Val Gly Asp Asn Ala Tyr Ala Phe
370 375 380

Lys His Gly Asp Ala Leu Val Val Leu Asn Asn Tyr Gly Ser Gly Ser
385 390 395 400

Thr Asn Gln Val Ser Phe Ser Val Ser Gly Lys Phe Asp Ser Gly Ala
405 410 415

Ser Leu Met Asp Ile Val Ser Asn Ile Thr Thr Thr Val Ser Ser Asp
420 425 430

Gly Thr Val Thr Phe Asn Leu Lys Asp Gly Leu Pro Ala Ile Phe Thr
435 440 445

Ser Ala Gly Ala Thr Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Val Glu Val
450 455 460

Thr Phe Asp Val Tyr Ala Thr Thr Val Tyr Gly Gln Asn Ile Tyr Ile
465 470 475 480

Thr Gly Asp Val Ser Glu Leu Gly Asn Trp Thr Pro Ala Asn Gly Val
485 490 495

Ala Leu Ser Ser Ala Asn Tyr Pro Thr Trp Ser Ala Thr Ile Ala Leu

500 505 510

Pro Ala Asp Thr Thr Ile Gln Tyr Lys Tyr Val Asn Ile Asp Gly Ser
515 520 525

Thr Val Ile Trp Glu Asp Ala Ile Ser Asn Arg Glu Ile Thr Thr Pro
530 535 540

Ala Ser Gly Thr Tyr Thr Glu Lys Asp Thr Trp Asp Glu Ser
545 550 555

<210> 102
<211> 574
<212> PRT
<213> Artificial

<220>
<223> Hybrid of Meripilus giganteus amylase with A.rolfsii SBD

<400> 102

Arg Pro Thr Val Phe Asp Ala Gly Ala Asp Ala His Ser Leu His Ala
1 5 10 15

Arg Ala Pro Ser Gly Ser Lys Asp Val Ile Ile Gln Met Phe Glu Trp
20 25 30

Asn Trp Asp Ser Val Ala Ala Glu Cys Thr Asn Phe Ile Gly Pro Ala
35 40 45

Gly Tyr Gly Phe Val Gln Val Ser Pro Pro Gln Glu Thr Ile Gln Gly
50 55 60

Ala Gln Trp Trp Thr Asp Tyr Gln Pro Val Ser Tyr Thr Leu Thr Gly
65 70 75 80

Lys Arg Gly Asp Arg Ser Gln Phe Ala Asn Met Ile Thr Thr Cys His
85 90 95

Ala Ala Gly Val Gly Val Ile Val Asp Thr Ile Trp Asn His Met Ala
100 105 110

Gly Val Asp Ser Gly Thr Gly Thr Ala Gly Ser Ser Phe Thr His Tyr
115 120 125

Asn Tyr Pro Gly Ile Tyr Gln Asn Gln Asp Phe His His Cys Gly Leu
130 135 140

Glu Pro Gly Asp Asp Ile Val Asn Tyr Asp Asn Ala Val Glu Val Gln
145 150 155 160

Thr Cys Glu Leu Val Asn Leu Ala Asp Leu Ala Thr Asp Thr Glu Tyr

165 170 175

Val Arg Gly Arg Leu Ala Gln Tyr Gly Asn Asp Leu Leu Ser Leu Gly
180 185 190

Ala Asp Gly Leu Arg Leu Asp Ala Ser Lys His Ile Pro Val Gly Asp
195 200 205

Ile Ala Asn Ile Leu Ser Arg Leu Ser Arg Ser Val Tyr Ile Thr Gln
210 215 220

Glu Val Ile Phe Gly Ala Gly Glu Pro Ile Thr Pro Asn Gln Tyr Thr
225 230 235 240

Gly Asn Gly Asp Val Gln Glu Phe Arg Tyr Thr Ser Ala Leu Lys Asp
245 250 255

Ala Phe Leu Ser Ser Gly Ile Ser Asn Leu Gln Asp Phe Glu Asn Arg
260 265 270

Gly Trp Val Pro Gly Ser Gly Ala Asn Val Phe Val Val Asn His Asp
275 280 285

Thr Glu Arg Asn Gly Ala Ser Leu Asn Asn Asn Ser Pro Ser Asn Thr
290 295 300

Tyr Val Thr Ala Thr Ile Phe Ser Leu Ala His Pro Tyr Gly Thr Pro
305 310 315 320

Thr Ile Leu Ser Ser Tyr Asp Gly Phe Thr Asn Thr Asp Ala Gly Ala
325 330 335

Pro Asn Asn Asn Val Gly Thr Cys Ser Thr Ser Gly Gly Ala Asn Gly
340 345 350

Trp Leu Cys Gln His Arg Trp Thr Ala Ile Ala Gly Met Val Gly Phe
355 360 365

Arg Asn Asn Val Gly Ser Ala Ala Leu Asn Asn Trp Gln Ala Pro Gln
370 375 380

Ser Gln Gln Ile Ala Phe Gly Arg Gly Ala Leu Gly Phe Val Ala Ile
385 390 395 400

Asn Asn Ala Asp Ser Ala Trp Ser Thr Thr Phe Thr Thr Ser Leu Pro
405 410 415

Asp Gly Ser Tyr Cys Asp Val Ile Ser Gly Lys Ala Ser Gly Ser Ser
420 425 430

Cys Thr Gly Ser Ser Phe Thr Val Ser Gly Gly Lys Leu Thr Ala Thr

435 440 445

Val Pro Ala Arg Ser Ala Ile Ala Val His Thr Gly Gln Lys Gly Ser
450 455 460

Gly Gly Gly Ala Thr Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Val Glu Val
465 470 475 480

Thr Phe Asp Val Tyr Ala Thr Thr Val Tyr Gly Gln Asn Ile Tyr Ile
485 490 495

Thr Gly Asp Val Ser Glu Leu Gly Asn Trp Thr Pro Ala Asn Gly Val
500 505 510

Ala Leu Ser Ser Ala Asn Tyr Pro Thr Trp Ser Ala Thr Ile Ala Leu
515 520 525

Pro Ala Asp Thr Thr Ile Gln Tyr Lys Tyr Val Asn Ile Asp Gly Ser
530 535 540

Thr Val Ile Trp Glu Asp Ala Ile Ser Asn Arg Glu Ile Thr Thr Pro
545 550 555 560

Ala Ser Gly Thr Tyr Thr Glu Lys Asp Thr Trp Asp Glu Ser
565 570

<210> 103

<211> 7063

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> Plasmid for contruction of hybrids

<220>

<221> misc_feature

<222> (1)..(7063)

<400> 103

ctgcattaat gaatcggcca acgcgcgggg agaggcggtt tgcgtattgg gcgctcttcc 60

gcttcctcgc tcactgactc gctgcgctcg gtcgttcggc tgcggcgagc ggtatcagct 120

cactcaaagg cggtaatacg gttatccaca gaatcagggg ataacgcagg aaagaacatg 180

tgagcaaaag gccagcaaaa ggccaggaac cgtaaaaagg ccgcgttgct ggcgtttttc 240

cataggctcc gccccctga cgagcatcac aaaaatcgac gctcaagtca gaggtggcga 300

aacccgacag gactataaag ataccaggcg tttcccccctg gaagctccct cgtgcgctct 360

cctgttccga ccctgccgct taccggatac ctgtccgcct ttctcccttc gggaagcgtg 420

gcgctttctc atagctcacg ctgtaggtat ctcagttcgg tgtaggtcgt tcgctccaag 480

ctgggctgtg tgcacgaacc ccccgttcag cccgaccgct gcgccttatc cggtaactat 540

cgtcttgagt ccaacccggt aagacacgac ttatcgccac tggcagcagc cactggtaac 600

aggattagca gagcgaggta tgtaggcggt gctacagagt tcttgaagtg gtggcctaac 660

tacggctaca ctagaaggac agtatttggt atctgcgctc tgctgaagcc agttaccttc 720

ggaaaaagag ttggtagctc ttgatccggc aaacaaacca ccgctggtag cggtggtttt 780

tttgtttgca agcagcagat tacgcgcaga aaaaaaggat ctcaagaaga tcctttgatc 840

ttttctacgg ggtctgacgc tcagtggaac gaaaactcac gttaagggat tttggtcatg 900

agattatcaa aaaggatctt cacctagatc cttttaaatt aaaaatgaag ttttaaatca 960

atctaaagta tatatgagta aacttggtct gacagttacc aatgcttaat cagtgaggca 1020

cctatctcag cgatctgtct atttcgttca tccatagttg cctgactccc cgtcgtgtag 1080

ataactacga tacgggaggg cttaccatct ggccccagtg ctgcaatgat accgcgagac 1140

ccacgctcac cggctccaga tttatcagca ataaaccagc cagccggaag ggccgagcgc 1200

agaagtggtc ctgcaacttt atccgcctcc atccagtcta ttaattgttg ccgggaagct 1260

agagtaagta gttcgccagt taatagtttg cgcaacgttg ttgccattgc tacaggcatc 1320

gtggtgtcac gctcgtcgtt tggtatggct tcattcagct ccggttccca acgatcaagg 1380

cgagttacat gatcccccat gttgtgcaaa aaagcggtta gctccttcgg tcctccgatc 1440

gttgtcagaa gtaagttggc cgcagtgtta tcactcatgg ttatggcagc actgcataat 1500

tctcttactg tcatgccatc cgtaagatgc ttttctgtga ctggtgagta ctcaaccaag 1560

tcattctgag aatagtgtat gcggcgaccg agttgctctt gcccggcgtc aatacgggat 1620

aataccgcgc cacatagcag aactttaaaa gtgctcatca ttggaaaacg ttcttcgggg 1680

cgaaaactct caaggatctt accgctgttg agatccagtt cgatgtaacc cactcgtgca 1740

cccaactgat cttcagcatc ttttactttc accagcgttt ctgggtgagc aaaaacagga 1800

aggcaaaatg ccgcaaaaaa gggaataagg gcgacacgga aatgttgaat actcatactc 1860

ttccttttc aatgggtaat aactgatata attaaattga agctctaatt tgtgagttta 1920

gtatacatgc atttacttat aatacagttt tttagttttg ctggccgcat cttctcaaat 1980

atgcttccca gcctgctttt ctgtaacgtt caccctctac cttagcatcc cttccctttg 2040

caaatagtcc tcttccaaca ataataatgt cagatcctgt agagaccaca tcatccacgg 2100

ttctatactg ttgacccaat gcgtctccct tgtcatctaa acccacaccg ggtgtcataa 2160

tcaaccaatc gtaaccttca tctcttccac ccatgtctct ttgagcaata aagccgataa 2220

caaaatcttt gtcgctcttc gcaatgtcaa cagtaccctt agtatattct ccagtagata 2280

gggagccctt gcatgacaat tctgctaaca tcaaaaggcc tctaggttcc tttgttactt 2340

cttctgccgc ctgcttcaaa ccgctaacaa tacctgggcc caccacaccg tgtgcattcg 2400

taatgtctgc ccattctgct attctgtata cacccgcaga gtactgcaat ttgactgtat 2460

taccaatgtc agcaaatttt ctgtcttcga agagtaaaaa attgtacttg gcggataatg 2520

cctttagcgg cttaactgtg ccctccatgg aaaaatcagt caagatatcc acatgtgttt 2580

ttagtaaaca aattttggga cctaatgctt caactaactc cagtaattcg ttggtggtac 2640

gaacatccaa tgaagcacac aagtttgttt gcttttcgtg catgatatta aatagcttgg 2700

cagcaacagg actaggatga gtagcagcac gttccttata tgtagctttc gacatgattt 2760

atcttcgttt cctgcagctt ctcaatgata ttcgaatacg ctttgaggag atacagccta 2820

atatccgaca aactgtttta cagatttacg atcgtacttg ttacccatca ttgaattttg 2880

aacatccgaa cctgggagtt ttccctgaaa cagatagtat atttgaacct gtataataat 2940

atatagtcta gcgctttacg gaagacaatg tatgtatttc ggttcctgga gaaactattg 3000

catctattgc ataggtaatc ttgcacgtcg catccccggt tcattttctg cgtttccatc 3060

ttgcacttca atagcatatc tttgttaacg aagcatctgt gcttcatttt gtagaacaaa 3120

aatgcaacgc gagagcgcta atttttcaaa caaagaatct gagctgcatt tttacagaac 3180

agaaatgcaa cgcgaaagcg ctattttacc aacgaagaat ctgtgcttca tttttgtaaa 3240

acaaaaatgc aacgcgagag cgctaatttt tcaaacaaag aatctgagct gcatttttac 3300

agaacagaaa tgcaacgcga gagcgctatt ttaccaacaa agaatctata cttctttttt 3360

gttctacaaa aatgcatccc gagagcgcta tttttctaac aaagcatctt agattacttt 3420

ttttctcctt tgtgcgctct ataatgcagt ctcttgataa ctttttgcac tgtaggtccg 3480

ttaaggttag aagaaggcta ctttggtgtc tattttctct tccataaaaa aagcctgact 3540

ccacttcccg cgtttactga ttactagcga agctgcgggt gcatttttttc aagataaagg 3600

catccccgat tatattctat accgatgtgg attgcgcata ctttgtgaag agaaagtgat 3660

agcgttgatg attcttcatt ggtcagaaaa ttatgaacgg tttcttctat tttgtctcta 3720

tatactacgt ataggaaatg tttacatttt cgtattgttt tcgattcact ctatgaatag 3780

ttcttactac aatttttttg tctaaagagt aatactagag ataaacataa aaaatgtaga 3840

ggtcgagttt agatgcaagt tcaaggagcg aaaggtggat gggtaggtta tatagggata 3900

tagcacagag atatatagca aagagatact tttgagcaat gtttgtggaa gcggtattcg 3960

caatgggaag ctcccaggcc ggttgataat cagaaaagcc ccaaaaaaca ggaagattgt 4020

ataagcaaat atttaaattg taaacgttaa tattttgtta aaattcgcgt taaatttttg 4080

ttaaatcagc tcatttttta acgaatagcc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa 4140

agaatagacc gagatagggt tgagtgttgt tccagtttcc aacaagagtc cactattaaa 4200

gaacgtggac tccaacgtca aagggcgaaa aagggtctat cagggcgatg gcccactacg 4260

tgaaccatca ccctaatgaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcag taaatcggaa 4320

gggtaaacgg atgcccccat ttagagcttg acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa 4380

ggaagggaag aaagcgaaac cagcgggggc tagggcggtg ggaagtgtag gggtcacgct 4440

gggcgtaacc accacacccg ccgcgcttaa tggggcgcta cagggcgcgt ggggatatcc 4500

actagcatgc ctcagcttcc tctattgatg ttacacctgg acaccccttt tctggcatcc 4560

agtttttaat cttcagtggc atgtgagatt ctccgaaatt aattaaagca atcacacaat 4620

tctctcggat accacctcgg ttgaaactga caggtggttt gttacgctaa tgcaaaggag 4680

cctatatacc tttggctcgg ctgctgtaac agggaatata aagggcagca taatttagga 4740

gtttagtgaa cttgcaacat ttactatttt cccttcttac gtaaatattt ttctttttaa 4800

ttctaaatca atctttttca attttttgtt tgtattcttt tcttgcttaa atctataact 4860

acaaaaaaca catacagaaa ttcattcaag aatagttcaa acaagaagat tacaaactat 4920

caatttcata cacaatataa acgacgggac ccggggatcg aattcatgag attatcgact 4980

tcgagtctct tcctttccgt gtctctgctg gggaagctgg ccctcgggct gtcggctgca 5040

gaatggcgca ctcagtcgat ttacttccta ttgacggatc ggttcggtag gacggacaat 5100

tcgacgacag ctacatgcga tacgggtgac caaatctatt gtggtggcag ttggcaagga 5160

atcatcaacc atctggatta tatccagggc atgggattca cggccatctg gatctcgcct 5220

atcactgaac agctgcccca ggatactgct gatggtgaag cttaccatgg atattggcag 5280

cagaagatat acgacgtgaa ctccaacttc ggcactgcag atgacctcaa gtccctctca 5340

gatgcgcttc atgcccgcgg aatgtacctc atggtggacg tcgtccctaa ccacatgggc 5400

tacgccggca acggcaacga tgtagactac agcgtcttcg acccccttcga ttcctcctcc 5460

tacttccacc catactgcct gatcacagat tgggacaact tgaccatggt ccaagattgt 5520

tgggagggtg acaccatcgt atctctgcca gacctaaaca ccaccgaaac tgccgtgaga 5580

acaatctggt atgactgggt agccgacctg gtatccaatt attcagtcga cggactccgc 5640

atcgacagtg tcctcgaagt cgaaccagac ttcttcccgg gctaccagga agcagcaggt 5700

gtctactgcg tcggcgaagt cgacaacggc aaccctgccc tcgactgccc ataccagaag 5760

gtcctggacg gcgtcctcaa ctatccgatc tactggcaac tcctctacgc cttcgaatcc 5820

tccagcggca gcatcagcaa tctctacaac atgatcaaat ccgtcgcaag cgactgctcc 5880

gatccgacac tactcggcaa cttcatcgaa aaccacgaca atccccgttt cgcctcctac 5940

acctccgact actcgcaagc caaaaacgtc ctcagctaca tcttcctctc cgacggcatc 6000

cccatcgtct acgccggcga agaacagcac tactccggcg gcaaggtgcc ctacaaccgc 6060

gaagcgacct ggctttcagg ctacgacacc tccgcagagc tgtacacctg gatagccacc 6120

acgaacgcga tccgcaaact agccatctca gctgactcgg cctacattac ctacgcgaat 6180

gatgcattct acactgacag caacaccatc gcaatgcgca aaggcacctc agggagccaa 6240

gtcatcaccg tcctctccaa caaaggctcc tcaggaagca gctacaccct gaccctcagc 6300

ggaagcggct acacatccgg cacgaagctg atcgaagcgt acacatgcac atccgtgacc 6360

gtggactcga gcggcgatat tcccgtgccg atggcgtcgg gattaccgag agttcttctg 6420

cccgcgtccg tcgtcgatag ctcttcgctc tgtggcggga gcggaagagg tgctacaagc 6480

ccgggtggct cctcgggtag tgtcgaggtc actttcgacg tttacgctac cacagtatat 6540

ggccagaaca tctatatcac cggtgatgtg agtgagctcg gcaactggac acccgccaat 6600

ggtgttgcac tctcttctgc taactacccc acctggagtg ccacgatcgc tctccccgct 6660

gacacgacaa tccagtacaa gtatgtcaac attgacggca gcaccgtcat ctgggaggat 6720

gctatcagca atcgcgagat cacgacgccc gccagcggca catacaccga aaaagacact 6780

tgggatgaat cttaggcggc cgcgggccgc atcatgtaat tagttatgtc acgcttacat 6840

tcacgccctc cccccacatc cgctctaacc gaaaaggaag gagttagaca acctgaagtc 6900

taggtcccta tttatttttt tatagttatg ttagtattaa gaacgttatt tatatttcaa 6960

atttttcttt tttttctgta cagacgcgtg tacgcatgta acattatact gaaaaccttg 7020

cttgagaagg ttttgggacg ctcgaaggct ttaatttgcg gcc 7063

<210> 104

<211> 41

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> Primer

<220>

<221> misc_feature

<222> (1)..(41)

<400> 104

gctggggaag ctggccctcg ggagcccttt gccccaacag c 41

<210> 105

<211> 42

<212> DNA

<213> ja126r

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(42)

<400> 105
agccacccgg gcttgtagca ccagcagagg tgaagatagc cg 42

<210> 106
<211> 42
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> Primer

<400> 106
gctggggaag ctggccctcg ggcgccctac tgtctttgac gc 42

<210> 107
<211> 42
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> Primer

<400> 107
agccacccgg gcttgtagca ccaccaccag aacctttctg ac 42

<210> 108

<211> 387

<212> DNA

<213> Zea mays

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(387)

<400> 108

gtg cgt gtt cga ttt gtg ctg aaa agg cag tgc acg ttc ggg cag agc 48
Val Arg Val Arg Phe Val Leu Lys Arg Gln Cys Thr Phe Gly Gln Ser
1 5 10 15

gtc tgc ctt gtc ggc gac gac cct gcg ctc ggc ctc tgg gat ctg tcg 96
Val Cys Leu Val Gly Asp Asp Pro Ala Leu Gly Leu Trp Asp Leu Ser
20 25 30

aac gcg ttt cct ttg aag tgg gcg gaa agc cac gac tgg acc tta gag 144
Asn Ala Phe Pro Leu Lys Trp Ala Glu Ser His Asp Trp Thr Leu Glu
35 40 45

aaa gat ttg ccg gcc aac aag ctg att gag ttc aag ttc ttg ctc caa 192
Lys Asp Leu Pro Ala Asn Lys Leu Ile Glu Phe Lys Phe Leu Leu Gln
50 55 60

gat tcc aca gga aag ttg cat tgg cag ggt ggg cca aac aga agc ttt 240
Asp Ser Thr Gly Lys Leu His Trp Gln Gly Gly Pro Asn Arg Ser Phe
65 70 75 80

cag aca ggt gaa acc gcc gca aac aca ttg gtt gtg ttt gaa gat tgg 288
Gln Thr Gly Glu Thr Ala Ala Asn Thr Leu Val Val Phe Glu Asp Trp

85 90 95

ggt gat gtg aag aat cag aaa ata gta gaa gag ggg gga gtg gcg tct 336
Gly Asp Val Lys Asn Gln Lys Ile Val Glu Glu Gly Gly Val Ala Ser
100 105 110

gct ggg ata gaa caa act gtt gtt tca aat gac agc gaa agc aga aag 384
Ala Gly Ile Glu Gln Thr Val Val Ser Asn Asp Ser Glu Ser Arg Lys
115 120 125

tag 387

<210> 109
<211> 128
<212> PRT
<213> Zea mays

<400> 109

Val Arg Val Arg Phe Val Leu Lys Arg Gln Cys Thr Phe Gly Gln Ser
1 5 10 15

Val Cys Leu Val Gly Asp Asp Pro Ala Leu Gly Leu Trp Asp Leu Ser
20 25 30

Asn Ala Phe Pro Leu Lys Trp Ala Glu Ser His Asp Trp Thr Leu Glu
35 40 45

Lys Asp Leu Pro Ala Asn Lys Leu Ile Glu Phe Lys Phe Leu Leu Gln

50 55 60

Asp Ser Thr Gly Lys Leu His Trp Gln Gly Gly Pro Asn Arg Ser Phe
65 70 75 80

Gln Thr Gly Glu Thr Ala Ala Asn Thr Leu Val Val Phe Glu Asp Trp
85 90 95

Gly Asp Val Lys Asn Gln Lys Ile Val Glu Glu Gly Gly Val Ala Ser
100 105 110

Ala Gly Ile Glu Gln Thr Val Val Ser Asn Asp Ser Glu Ser Arg Lys
115 120 125

<210> 110
<211> 1428
<212> DNA
<213> Thermoascus sp.

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1428)

<400> 110
gcg acg cct gcc gaa tgg cgc tcg cag tca att tac ttt tta ctc acc 48
Ala Thr Pro Ala Glu Trp Arg Ser Gln Ser Ile Tyr Phe Leu Leu Thr
1 5 10 15

gat cgc ttt gcc cgc acc gac aac tcg aca acc gcc gaa tgt gat act 96
Asp Arg Phe Ala Arg Thr Asp Asn Ser Thr Thr Ala Glu Cys Asp Thr
20 25 30

agt gcg gtg aag tac tgt ggc ggg act tgg cag gga atc att aac cag 144
Ser Ala Val Lys Tyr Cys Gly Gly Thr Trp Gln Gly Ile Ile Asn Gln
35 40 45

ctg gac tac atc cag ggg atg ggc ttc aca gca acc tgg atc acc cca 192
Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly Phe Thr Ala Thr Trp Ile Thr Pro
50 55 60

gtg acc gcc aat ctc gag gat ggg cag cat ggg gag gca tac cat ggg 240
Val Thr Ala Asn Leu Glu Asp Gly Gln His Gly Glu Ala Tyr His Gly
65 70 75 80

tac tgg cag cag gat ata tat gcg ttg aac ccg cac ttt ggc act caa 288
Tyr Trp Gln Gln Asp Ile Tyr Ala Leu Asn Pro His Phe Gly Thr Gln
85 90 95

gac gac ctc cga gca ctg tct gac gcg ctg cac gac cga gga atg tac 336
Asp Asp Leu Arg Ala Leu Ser Asp Ala Leu His Asp Arg Gly Met Tyr
100 105 110

ctt atg gtc gac gtg gtt gcc aat cat ttt ggc tac gac gcc ccc gcc 384
Leu Met Val Asp Val Val Ala Asn His Phe Gly Tyr Asp Ala Pro Ala
115 120 125

gcg tcg gtc gac tac agc gtc ttc aac ccg ttt aac tcg gca gac tac 432
Ala Ser Val Asp Tyr Ser Val Phe Asn Pro Phe Asn Ser Ala Asp Tyr
130 135 140

ttc cac act ccc tgc gat atc acg gac tac gac aac cag acc cag gtc 480

Phe His Thr Pro Cys Asp Ile Thr Asp Tyr Asp Asn Gln Thr Gln Val
145 150 155 160

gag gat tgc tgg ctg tac acc gac gcc gtc agt ctg cca gat gtc gat 528
Glu Asp Cys Trp Leu Tyr Thr Asp Ala Val Ser Leu Pro Asp Val Asp
165 170 175

acc acc aac gag gag gtc aag gag att tgg tac gac tgg gtg ggt gac 576
Thr Thr Asn Glu Glu Val Lys Glu Ile Trp Tyr Asp Trp Val Gly Asp
180 185 190

ctt gtg tct aac tac tct atc gac ggg ctt cgc atc gac acc gct cgg 624
Leu Val Ser Asn Tyr Ser Ile Asp Gly Leu Arg Ile Asp Thr Ala Arg
195 200 205

cac gta cag aag gac ttc tgg cgc gac tac aac gat gcc gcg ggc gtg 672
His Val Gln Lys Asp Phe Trp Arg Asp Tyr Asn Asp Ala Ala Gly Val
210 215 220

tac tgc gtc ggc gag gtc ttc cag ggc gat ccc gat tac aca tgc ggg 720
Tyr Cys Val Gly Glu Val Phe Gln Gly Asp Pro Asp Tyr Thr Cys Gly
225 230 235 240

tac cag gag gtt atg gac ggg gtg ctg aac tat ccc atc tac tac ccc 768
Tyr Gln Glu Val Met Asp Gly Val Leu Asn Tyr Pro Ile Tyr Tyr Pro
245 250 255

ctg ttg cgc gct ttc agc tcc aca tct ggc agt ctc agc gat cta gcc 816
Leu Leu Arg Ala Phe Ser Ser Thr Ser Gly Ser Leu Ser Asp Leu Ala
260 265 270

aac atg atc gaa acg gtc aag tac acc tgc tca gac gct acc ttg ctg 864
Asn Met Ile Glu Thr Val Lys Tyr Thr Cys Ser Asp Ala Thr Leu Leu

275 280 285

ggc aac ttc atc gag aac cac gat aac cca cgc ttt gcc tcg tac acc 912
Gly Asn Phe Ile Glu Asn His Asp Asn Pro Arg Phe Ala Ser Tyr Thr
290 295 300

gac gac atc tcc ctc gcc aag aac gtc gcc gcc ttc gtg atc ctc tcc 960
Asp Asp Ile Ser Leu Ala Lys Asn Val Ala Ala Phe Val Ile Leu Ser
305 310 315 320

gac ggg atc ccc ata atc tac gcc ggt caa gaa cag cac tac tcc ggc 1008
Asp Gly Ile Pro Ile Ile Tyr Ala Gly Gln Glu Gln His Tyr Ser Gly
325 330 335

gca gga gac ccg gca aac cgc gag gca acc tgg cta tcc ggt tac gac 1056
Ala Gly Asp Pro Ala Asn Arg Glu Ala Thr Trp Leu Ser Gly Tyr Asp
340 345 350

aca acg agc gag ctg tac cag ttc att gcg aag acg aac cag atc cgg 1104
Thr Thr Ser Glu Leu Tyr Gln Phe Ile Ala Lys Thr Asn Gln Ile Arg
355 360 365

aat cat gct atc tgg cag aat gag acc tac ctt tct tac aaa aac tat 1152
Asn His Ala Ile Trp Gln Asn Glu Thr Tyr Leu Ser Tyr Lys Asn Tyr
370 375 380

gct atc tac aac gag aac aac gtc ctt gtc atg cgc aaa gga ttc gac 1200
Ala Ile Tyr Asn Glu Asn Asn Val Leu Val Met Arg Lys Gly Phe Asp
385 390 395 400

ggg tcg cag atc att aca atc ctc acg aac gct ggc gct gac gct ggt 1248
Gly Ser Gln Ile Ile Thr Ile Leu Thr Asn Ala Gly Ala Asp Ala Gly
405 410 415

tca tcg act gtc tcg gtt ccg aac acc ggg ttc acg gct ggt gcg gca 1296

Ser Ser Thr Val Ser Val Pro Asn Thr Gly Phe Thr Ala Gly Ala Ala

420 425 430

gtc act gag atc tat acc tgt gag gac att acg gtc tcg gac agc ggt 1344

Val Thr Glu Ile Tyr Thr Cys Glu Asp Ile Thr Val Ser Asp Ser Gly

435 440 445

gaa gtg tca gtg cct atg gag agc ggc ttg ccg agg gtt ctg tat ccg 1392

Glu Val Ser Val Pro Met Glu Ser Gly Leu Pro Arg Val Leu Tyr Pro

450 455 460

aag gcg aag ctg gaa ggg agc ggg att tgc gac ctg 1428

Lys Ala Lys Leu Glu Gly Ser Gly Ile Cys Asp Leu

465 470 475

<210> 111

<211> 476

<212> PRT

<213> Thermoascus sp.

<400> 111

Ala Thr Pro Ala Glu Trp Arg Ser Gln Ser Ile Tyr Phe Leu Leu Thr

1 5 10 15

Asp Arg Phe Ala Arg Thr Asp Asn Ser Thr Thr Ala Glu Cys Asp Thr

20 25 30

Ser Ala Val Lys Tyr Cys Gly Gly Thr Trp Gln Gly Ile Ile Asn Gln

35 40 45

Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly Phe Thr Ala Thr Trp Ile Thr Pro
50 55 60

Val Thr Ala Asn Leu Glu Asp Gly Gln His Gly Glu Ala Tyr His Gly
65 70 75 80

Tyr Trp Gln Gln Asp Ile Tyr Ala Leu Asn Pro His Phe Gly Thr Gln
85 90 95

Asp Asp Leu Arg Ala Leu Ser Asp Ala Leu His Asp Arg Gly Met Tyr
100 105 110

Leu Met Val Asp Val Val Ala Asn His Phe Gly Tyr Asp Ala Pro Ala
115 120 125

Ala Ser Val Asp Tyr Ser Val Phe Asn Pro Phe Asn Ser Ala Asp Tyr
130 135 140

Phe His Thr Pro Cys Asp Ile Thr Asp Tyr Asp Asn Gln Thr Gln Val
145 150 155 160

Glu Asp Cys Trp Leu Tyr Thr Asp Ala Val Ser Leu Pro Asp Val Asp
165 170 175

Thr Thr Asn Glu Glu Val Lys Glu Ile Trp Tyr Asp Trp Val Gly Asp
180 185 190

Leu Val Ser Asn Tyr Ser Ile Asp Gly Leu Arg Ile Asp Thr Ala Arg
195 200 205

His Val Gln Lys Asp Phe Trp Arg Asp Tyr Asn Asp Ala Ala Gly Val
210 215 220

Tyr Cys Val Gly Glu Val Phe Gln Gly Asp Pro Asp Tyr Thr Cys Gly
225 230 235 240

Tyr Gln Glu Val Met Asp Gly Val Leu Asn Tyr Pro Ile Tyr Tyr Pro
245 250 255

Leu Leu Arg Ala Phe Ser Ser Thr Ser Gly Ser Leu Ser Asp Leu Ala
260 265 270

Asn Met Ile Glu Thr Val Lys Tyr Thr Cys Ser Asp Ala Thr Leu Leu
275 280 285

Gly Asn Phe Ile Glu Asn His Asp Asn Pro Arg Phe Ala Ser Tyr Thr
290 295 300

Asp Asp Ile Ser Leu Ala Lys Asn Val Ala Ala Phe Val Ile Leu Ser

305 310 315 320

Asp Gly Ile Pro Ile Ile Tyr Ala Gly Gln Glu Gln His Tyr Ser Gly
325 330 335

Ala Gly Asp Pro Ala Asn Arg Glu Ala Thr Trp Leu Ser Gly Tyr Asp
340 345 350

Thr Thr Ser Glu Leu Tyr Gln Phe Ile Ala Lys Thr Asn Gln Ile Arg
355 360 365

Asn His Ala Ile Trp Gln Asn Glu Thr Tyr Leu Ser Tyr Lys Asn Tyr
370 375 380

Ala Ile Tyr Asn Glu Asn Asn Val Leu Val Met Arg Lys Gly Phe Asp
385 390 395 400

Gly Ser Gln Ile Ile Thr Ile Leu Thr Asn Ala Gly Ala Asp Ala Gly
405 410 415

Ser Ser Thr Val Ser Val Pro Asn Thr Gly Phe Thr Ala Gly Ala Ala
420 425 430

Val Thr Glu Ile Tyr Thr Cys Glu Asp Ile Thr Val Ser Asp Ser Gly
435 440 445

Glu Val Ser Val Pro Met Glu Ser Gly Leu Pro Arg Val Leu Tyr Pro

450 455 460

Lys Ala Lys Leu Glu Gly Ser Gly Ile Cys Asp Leu

465 470 475

<210> 112

<211> 1440

<212> DNA

<213> Coniocheata sp.

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1440)

<400> 112

ctc agc gcg gcc ggc tgg cgc cag cag tcc att tac cag gtc atg acg 48

Leu Ser Ala Ala Gly Trp Arg Gln Gln Ser Ile Tyr Gln Val Met Thr

1 5 10 15

gac cgc ttc gcg ccg acc gac ctg tcc acc acc gcc gca tgc gac acc 96

Asp Arg Phe Ala Pro Thr Asp Leu Ser Thr Thr Ala Ala Cys Asp Thr

20 25 30

tcg gcc cag gcg tac tgc ggc ggc acg tac cag ggc ctc atc tcc aag 144

Ser Ala Gln Ala Tyr Cys Gly Gly Thr Tyr Gln Gly Leu Ile Ser Lys

35 40 45

ctg gac tac atc cag ggc atg ggc ttc acc gcc gtg tgg ata tcg ccc 192

Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly Phe Thr Ala Val Trp Ile Ser Pro

50 55 60

atc gtc aag cag atg gac ggc aac acc gcc gac ggg tcc tcg tac cac 240
Ile Val Lys Gln Met Asp Gly Asn Thr Ala Asp Gly Ser Ser Tyr His
65 70 75 80

ggg tac tgg gcg cag gac atc tgg agt ctg aac ccc tcc ttc ggc acg 288
Gly Tyr Trp Ala Gln Asp Ile Trp Ser Leu Asn Pro Ser Phe Gly Thr
85 90 95

gcg ggc gac ctg atc gcg ctc tcc aat gcg ctg cac gcc cgc ggg atg 336
Ala Gly Asp Leu Ile Ala Leu Ser Asn Ala Leu His Ala Arg Gly Met
100 105 110

tac ctg atg cta gac gtg gtg acg aac cac gtc gcc tac aag ggc tgc 384
Tyr Leu Met Leu Asp Val Val Thr Asn His Val Ala Tyr Lys Gly Cys
115 120 125

ggc gcc tgc gtc gac tac agc ctc ttc acg ccg ttc gac tcg gcg tcc 432
Gly Ala Cys Val Asp Tyr Ser Leu Phe Thr Pro Phe Asp Ser Ala Ser
130 135 140

tac ttc cac ccc ttc tgt ctg atc gac tac agc aac cag acc tcc atc 480
Tyr Phe His Pro Phe Cys Leu Ile Asp Tyr Ser Asn Gln Thr Ser Ile
145 150 155 160

gag cag tgc tgg gag ggc gac aac acc gtc agc ctg ccc gac ctg cgg 528
Glu Gln Cys Trp Glu Gly Asp Asn Thr Val Ser Leu Pro Asp Leu Arg
165 170 175

acc gag gac tcc tcc gtg cgc gcc atc tgg aac gac tgg att gcg cag 576
Thr Glu Asp Ser Ser Val Arg Ala Ile Trp Asn Asp Trp Ile Ala Gln
180 185 190

gtc gtg gag acg tac ggc atc gac ggc ctg cgc gtc gac agc gtc aag 624
Val Val Glu Thr Tyr Gly Ile Asp Gly Leu Arg Val Asp Ser Val Lys
195 200 205

cac cag gag acg tcg ttc tgg tcc ggc ttc ggg gcc gcc gcc ggc gtc 672
His Gln Glu Thr Ser Phe Trp Ser Gly Phe Gly Ala Ala Ala Gly Val
210 215 220

ttc atg ctg ggc gag gtg tac aac ggc gac ccg gcg cag ctg gcg ccc 720
Phe Met Leu Gly Glu Val Tyr Asn Gly Asp Pro Ala Gln Leu Ala Pro
225 230 235 240

tac cag gac tac atg ccg ggc ctg ctg gac tac gcg agc tac tac tgg 768
Tyr Gln Asp Tyr Met Pro Gly Leu Leu Asp Tyr Ala Ser Tyr Tyr Trp
245 250 255

atc acg cgc gcc ttc cag tcg agc tcg gga agc atc agc aac ctt gcc 816
Ile Thr Arg Ala Phe Gln Ser Ser Ser Gly Ser Ile Ser Asn Leu Ala
260 265 270

tcc ggc atc aac acg ctc aag ggc gtc gcg agg aac acc agc ctg tac 864
Ser Gly Ile Asn Thr Leu Lys Gly Val Ala Arg Asn Thr Ser Leu Tyr
275 280 285

ggg agc ttc ctc gag aac cac gac cag ccg cgg ttc gcg tcg ctg act 912
Gly Ser Phe Leu Glu Asn His Asp Gln Pro Arg Phe Ala Ser Leu Thr
290 295 300

gcg gat ctc gcg ctg gcc aag aac gcg atc gcg ttc acg atg ctg aaa 960
Ala Asp Leu Ala Leu Ala Lys Asn Ala Ile Ala Phe Thr Met Leu Lys
305 310 315 320

gac ggc atc ccg gtc gtg tac cag ggc cag gag cag cac ttc gcc gga 1008

Asp Gly Ile Pro Val Val Tyr Gln Gly Gln Glu Gln His Phe Ala Gly
325 330 335

gga aac gtg ccg gcc gac cgc gag gcg ctc tgg tcg tcg ggg tac gac 1056
Gly Asn Val Pro Ala Asp Arg Glu Ala Leu Trp Ser Ser Gly Tyr Asp
340 345 350

acg tcc gcg acg ctg tac gcg tgg atc gca gcg ctg aat aag atc cgc 1104
Thr Ser Ala Thr Leu Tyr Ala Trp Ile Ala Ala Leu Asn Lys Ile Arg
355 360 365

gcg agg gcc atc gcg cag gac ggc gcg tac ctg agc tac cag gcg tat 1152
Ala Arg Ala Ile Ala Gln Asp Gly Ala Tyr Leu Ser Tyr Gln Ala Tyr
370 375 380

ccg gtg tac acg gac agc aac acc atc gcc atg cgc aaa gga cga gac 1200
Pro Val Tyr Thr Asp Ser Asn Thr Ile Ala Met Arg Lys Gly Arg Asp
385 390 395 400

ggg tac cag atc gtc ggg gtg ttc acc aac aag ggc tcc tcg gga ggg 1248
Gly Tyr Gln Ile Val Gly Val Phe Thr Asn Lys Gly Ser Ser Gly Gly
405 410 415

acg tcg agc gtc acg ctc acg acg tcg atg acg ggg ttt act gcc ggc 1296
Thr Ser Ser Val Thr Leu Thr Thr Ser Met Thr Gly Phe Thr Ala Gly
420 425 430

cag gcc gtg gtg gac gtc atg agc tgc acg acg ttc acg gcg gac tca 1344
Gln Ala Val Val Asp Val Met Ser Cys Thr Thr Phe Thr Ala Asp Ser
435 440 445

agc ggc agc ctg ggc atc acg ctc tcg ggg ggg att cca agg gtg ttc 1392
Ser Gly Ser Leu Gly Ile Thr Leu Ser Gly Gly Ile Pro Arg Val Phe

450 455 460

tac ccg agc gca agg ctg agc ggg tcc ggg ata tgc ggg tcc ggg agc 1440

Tyr Pro Ser Ala Arg Leu Ser Gly Ser Gly Ile Cys Gly Ser Gly Ser

465 470 475 480

<210> 113

<211> 480

<212> PRT

<213> Coniocheata sp.

<400> 113

Leu Ser Ala Ala Gly Trp Arg Gln Gln Ser Ile Tyr Gln Val Met Thr

1 5 10 15

Asp Arg Phe Ala Pro Thr Asp Leu Ser Thr Thr Ala Ala Cys Asp Thr

20 25 30

Ser Ala Gln Ala Tyr Cys Gly Gly Thr Tyr Gln Gly Leu Ile Ser Lys

35 40 45

Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly Phe Thr Ala Val Trp Ile Ser Pro

50 55 60

Ile Val Lys Gln Met Asp Gly Asn Thr Ala Asp Gly Ser Ser Tyr His

65 70 75 80

Gly Tyr Trp Ala Gln Asp Ile Trp Ser Leu Asn Pro Ser Phe Gly Thr
85 90 95

Ala Gly Asp Leu Ile Ala Leu Ser Asn Ala Leu His Ala Arg Gly Met
100 105 110

Tyr Leu Met Leu Asp Val Val Thr Asn His Val Ala Tyr Lys Gly Cys
115 120 125

Gly Ala Cys Val Asp Tyr Ser Leu Phe Thr Pro Phe Asp Ser Ala Ser
130 135 140

Tyr Phe His Pro Phe Cys Leu Ile Asp Tyr Ser Asn Gln Thr Ser Ile
145 150 155 160

Glu Gln Cys Trp Glu Gly Asp Asn Thr Val Ser Leu Pro Asp Leu Arg
165 170 175

Thr Glu Asp Ser Ser Val Arg Ala Ile Trp Asn Asp Trp Ile Ala Gln
180 185 190

Val Val Glu Thr Tyr Gly Ile Asp Gly Leu Arg Val Asp Ser Val Lys
195 200 205

His Gln Glu Thr Ser Phe Trp Ser Gly Phe Gly Ala Ala Ala Gly Val

210 215 220

Phe Met Leu Gly Glu Val Tyr Asn Gly Asp Pro Ala Gln Leu Ala Pro
225 230 235 240

Tyr Gln Asp Tyr Met Pro Gly Leu Leu Asp Tyr Ala Ser Tyr Tyr Trp
245 250 255

Ile Thr Arg Ala Phe Gln Ser Ser Ser Gly Ser Ile Ser Asn Leu Ala
260 265 270

Ser Gly Ile Asn Thr Leu Lys Gly Val Ala Arg Asn Thr Ser Leu Tyr
275 280 285

Gly Ser Phe Leu Glu Asn His Asp Gln Pro Arg Phe Ala Ser Leu Thr
290 295 300

Ala Asp Leu Ala Leu Ala Lys Asn Ala Ile Ala Phe Thr Met Leu Lys
305 310 315 320

Asp Gly Ile Pro Val Val Tyr Gln Gly Gln Glu Gln His Phe Ala Gly
325 330 335

Gly Asn Val Pro Ala Asp Arg Glu Ala Leu Trp Ser Ser Gly Tyr Asp
340 345 350

Thr Ser Ala Thr Leu Tyr Ala Trp Ile Ala Ala Leu Asn Lys Ile Arg
355 360 365

Ala Arg Ala Ile Ala Gln Asp Gly Ala Tyr Leu Ser Tyr Gln Ala Tyr
370 375 380

Pro Val Tyr Thr Asp Ser Asn Thr Ile Ala Met Arg Lys Gly Arg Asp
385 390 395 400

Gly Tyr Gln Ile Val Gly Val Phe Thr Asn Lys Gly Ser Ser Gly Gly
405 410 415

Thr Ser Ser Val Thr Leu Thr Thr Ser Met Thr Gly Phe Thr Ala Gly
420 425 430

Gln Ala Val Val Asp Val Met Ser Cys Thr Thr Phe Thr Ala Asp Ser
435 440 445

Ser Gly Ser Leu Gly Ile Thr Leu Ser Gly Gly Ile Pro Arg Val Phe
450 455 460

Tyr Pro Ser Ala Arg Leu Ser Gly Ser Gly Ile Cys Gly Ser Gly Ser
465 470 475 480

<210> 114

<211> 1326

<212> DNA

<213> Nectria sp.

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1326)

<400> 114

gct gat acg gcg gcg tgg aag tcc cgc aac atc tac ttc gct ttg act 48
Ala Asp Thr Ala Ala Trp Lys Ser Arg Asn Ile Tyr Phe Ala Leu Thr
1 5 10 15

gac cgt att gcc cgc tct gct gat gac ggc ggc ggc gat gca tgc gga 96
Asp Arg Ile Ala Arg Ser Ala Asp Asp Gly Gly Gly Asp Ala Cys Gly
20 25 30

aac ttg ggt cag tat tgt ggt ggc acc ttt aag ggc ctc gag ggc aag 144
Asn Leu Gly Gln Tyr Cys Gly Gly Thr Phe Lys Gly Leu Glu Gly Lys
35 40 45

ctt gat tac atc aag gga atg ggg ttc gac gcc atc tgg att aca cca 192
Leu Asp Tyr Ile Lys Gly Met Gly Phe Asp Ala Ile Trp Ile Thr Pro
50 55 60

gtt gtt caa aac agt cct ggt ggt tac cac ggc tac tgg gca aca gac 240
Val Val Gln Asn Ser Pro Gly Gly Tyr His Gly Tyr Trp Ala Thr Asp
65 70 75 80

ctc tac tct gtc aac tcc gaa tat gga act gca gat gac ctg aag agc 288

Leu Tyr Ser Val Asn Ser Glu Tyr Gly Thr Ala Asp Asp Leu Lys Ser
85 90 95

ctc gta gct act gct cat gac aag ggc att tat atc atg gcc gat gtg 336
Leu Val Ala Thr Ala His Asp Lys Gly Ile Tyr Ile Met Ala Asp Val
100 105 110

gta gca aac cac atg ggc cct act gat att tca gca aac aag ccg gag 384
Val Ala Asn His Met Gly Pro Thr Asp Ile Ser Ala Asn Lys Pro Glu
115 120 125

cct ctc aac caa ggt tca tcc tat cat gac aac tgc gac atc aac tat 432
Pro Leu Asn Gln Gly Ser Ser Tyr His Asp Asn Cys Asp Ile Asn Tyr
130 135 140

aat gac caa aat agt atc gag acg tgc cgc att gcc ggt ctc cca gat 480
Asn Asp Gln Asn Ser Ile Glu Thr Cys Arg Ile Ala Gly Leu Pro Asp
145 150 155 160

gtc aag aca gag gat gag act atc cga acc ctc tat aaa gat tgg atc 528
Val Lys Thr Glu Asp Glu Thr Ile Arg Thr Leu Tyr Lys Asp Trp Ile
165 170 175

aag tgg ctt gtt gaa gag tac tct ttc gac ggc att cgc att gac act 576
Lys Trp Leu Val Glu Glu Tyr Ser Phe Asp Gly Ile Arg Ile Asp Thr
180 185 190

gtt aag cat gtt gaa aag agc ttc tgg cct gga ttc gcc gag gcc gca 624
Val Lys His Val Glu Lys Ser Phe Trp Pro Gly Phe Ala Glu Ala Ala
195 200 205

ggg gtc tac tcc atc ggc gaa gtc ttc gac gga ggc cca gac tac ctc 672
Gly Val Tyr Ser Ile Gly Glu Val Phe Asp Gly Gly Pro Asp Tyr Leu

210 215 220

gct ggc tac gcg agc gtt ttg cct ggt ctt ctt aac tat gcc atc tat 720
Ala Gly Tyr Ala Ser Val Leu Pro Gly Leu Leu Asn Tyr Ala Ile Tyr
225 230 235 240

tat ccc atg aac agg ttc tat cag cag gcg ggt tca tcg caa gac ctg 768
Tyr Pro Met Asn Arg Phe Tyr Gln Gln Ala Gly Ser Ser Gln Asp Leu
245 250 255

gct aat atg gtt gac gag gtc tcg tcc aag ttc ccc gac cct tcc gct 816
Ala Asn Met Val Asp Glu Val Ser Ser Lys Phe Pro Asp Pro Ser Ala
260 265 270

ctt ggt act ttc ctc gat aat cac gac aac gcg cgt tgg ctc aac acc 864
Leu Gly Thr Phe Leu Asp Asn His Asp Asn Ala Arg Trp Leu Asn Thr
275 280 285

aag aac gac aag act ctg ctc aag aac gcc ctg gct tat gtg atc ctc 912
Lys Asn Asp Lys Thr Leu Leu Lys Asn Ala Leu Ala Tyr Val Ile Leu
290 295 300

gcc cga ggt atc ccc atc gtc tat tat gga acc gaa cag ggg tac gct 960
Ala Arg Gly Ile Pro Ile Val Tyr Tyr Gly Thr Glu Gln Gly Tyr Ala
305 310 315 320

ggc ggt aac gac cca gcc aac cgc gaa gat ctc tgg cgc agc agc ttc 1008
Gly Gly Asn Asp Pro Ala Asn Arg Glu Asp Leu Trp Arg Ser Ser Phe
325 330 335

agc act gat gcg gaa ctt tac caa gcc att aag cgt ctc tct gct gct 1056
Ser Thr Asp Ala Glu Leu Tyr Gln Ala Ile Lys Arg Leu Ser Ala Ala
340 345 350

aga tct gcc gtc ggt ggc cta gct gcg gac gat cat caa cat gtc ctt 1104
Arg Ser Ala Val Gly Gly Leu Ala Ala Asp Asp His Gln His Val Leu
355 360 365

gtg tct gac ggt gtt tac gct tgg aag cgc gct ggt gga gac ctc gtt 1152
Val Ser Asp Gly Val Tyr Ala Trp Lys Arg Ala Gly Gly Asp Leu Val
370 375 380

gtt ctc aca acc aac agt ggt agc agt ggt ggt ggt gag cgt tgc ctg 1200
Val Leu Thr Thr Asn Ser Gly Ser Ser Gly Gly Gly Glu Arg Cys Leu
385 390 395 400

caa act gga cgg gct aac caa aaa tac gat gac gca ttc ggt gat ggc 1248
Gln Thr Gly Arg Ala Asn Gln Lys Tyr Asp Asp Ala Phe Gly Asp Gly
405 410 415

tct tat acc gct gat gga aat ggg cag gtc tgc gtt act atc tcc ggc 1296
Ser Tyr Thr Ala Asp Gly Asn Gly Gln Val Cys Val Thr Ile Ser Gly
420 425 430

ggt aac cct gtg gtg ctg gtg gct tcg gga 1326
Gly Asn Pro Val Val Leu Val Ala Ser Gly
435 440

<210> 115
<211> 442
<212> PRT
<213> Nectria sp.

<400> 115

Ala Asp Thr Ala Ala Trp Lys Ser Arg Asn Ile Tyr Phe Ala Leu Thr
1 5 10 15

Asp Arg Ile Ala Arg Ser Ala Asp Asp Gly Gly Gly Asp Ala Cys Gly
20 25 30

Asn Leu Gly Gln Tyr Cys Gly Gly Thr Phe Lys Gly Leu Glu Gly Lys
35 40 45

Leu Asp Tyr Ile Lys Gly Met Gly Phe Asp Ala Ile Trp Ile Thr Pro
50 55 60

Val Val Gln Asn Ser Pro Gly Gly Tyr His Gly Tyr Trp Ala Thr Asp
65 70 75 80

Leu Tyr Ser Val Asn Ser Glu Tyr Gly Thr Ala Asp Asp Leu Lys Ser
85 90 95

Leu Val Ala Thr Ala His Asp Lys Gly Ile Tyr Ile Met Ala Asp Val
100 105 110

Val Ala Asn His Met Gly Pro Thr Asp Ile Ser Ala Asn Lys Pro Glu
115 120 125

Pro Leu Asn Gln Gly Ser Ser Tyr His Asp Asn Cys Asp Ile Asn Tyr

130 135 140

Asn Asp Gln Asn Ser Ile Glu Thr Cys Arg Ile Ala Gly Leu Pro Asp
145 150 155 160

Val Lys Thr Glu Asp Glu Thr Ile Arg Thr Leu Tyr Lys Asp Trp Ile
165 170 175

Lys Trp Leu Val Glu Glu Tyr Ser Phe Asp Gly Ile Arg Ile Asp Thr
180 185 190

Val Lys His Val Glu Lys Ser Phe Trp Pro Gly Phe Ala Glu Ala Ala
195 200 205

Gly Val Tyr Ser Ile Gly Glu Val Phe Asp Gly Gly Pro Asp Tyr Leu
210 215 220

Ala Gly Tyr Ala Ser Val Leu Pro Gly Leu Leu Asn Tyr Ala Ile Tyr
225 230 235 240

Tyr Pro Met Asn Arg Phe Tyr Gln Gln Ala Gly Ser Ser Gln Asp Leu
245 250 255

Ala Asn Met Val Asp Glu Val Ser Ser Lys Phe Pro Asp Pro Ser Ala
260 265 270

Leu Gly Thr Phe Leu Asp Asn His Asp Asn Ala Arg Trp Leu Asn Thr
275 280 285

Lys Asn Asp Lys Thr Leu Leu Lys Asn Ala Leu Ala Tyr Val Ile Leu
290 295 300

Ala Arg Gly Ile Pro Ile Val Tyr Tyr Gly Thr Glu Gln Gly Tyr Ala
305 310 315 320

Gly Gly Asn Asp Pro Ala Asn Arg Glu Asp Leu Trp Arg Ser Ser Phe
325 330 335

Ser Thr Asp Ala Glu Leu Tyr Gln Ala Ile Lys Arg Leu Ser Ala Ala
340 345 350

Arg Ser Ala Val Gly Gly Leu Ala Ala Asp Asp His Gln His Val Leu
355 360 365

Val Ser Asp Gly Val Tyr Ala Trp Lys Arg Ala Gly Gly Asp Leu Val
370 375 380

Val Leu Thr Thr Asn Ser Gly Ser Ser Gly Gly Gly Glu Arg Cys Leu
385 390 395 400

Gln Thr Gly Arg Ala Asn Gln Lys Tyr Asp Asp Ala Phe Gly Asp Gly

405 410 415

Ser Tyr Thr Ala Asp Gly Asn Gly Gln Val Cys Val Thr Ile Ser Gly
420 425 430

Gly Asn Pro Val Val Leu Val Ala Ser Gly
435 440

<210> 116
<211> 1323
<212> DNA
<213> Fusarium sp.

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1323)

<400> 116
gcg gac gca aac gct tgg aag tcg cga aac atc tat ttc gca ctt act 48
Ala Asp Ala Asn Ala Trp Lys Ser Arg Asn Ile Tyr Phe Ala Leu Thr
1 5 10 15

gat cgt gtt gcg cga agc gct gac gat aat ggc ggt agt gca tgc gga 96
Asp Arg Val Ala Arg Ser Ala Asp Asp Asn Gly Gly Ser Ala Cys Gly
20 25 30

aac ctc gga aat tat tgt ggt gga act ttc aag ggt ctc gag tcg aag 144
Asn Leu Gly Asn Tyr Cys Gly Gly Thr Phe Lys Gly Leu Glu Ser Lys
35 40 45

ctt gat tat atc aag ggc atg gga ttt gat gct atc tgg att act ccc 192
Leu Asp Tyr Ile Lys Gly Met Gly Phe Asp Ala Ile Trp Ile Thr Pro
50 55 60

gtt gtt gac aat act gat gga gga tac cac gga tac tgg gcc aag gat 240
Val Val Asp Asn Thr Asp Gly Gly Tyr His Gly Tyr Trp Ala Lys Asp
65 70 75 80

ctt tat gcg gtc aac ccc aag tat ggt act gca gat gac ttg aag agt 288
Leu Tyr Ala Val Asn Pro Lys Tyr Gly Thr Ala Asp Asp Leu Lys Ser
85 90 95

ctt gtc aag tct gct cat gac aag aac atg tac gtc atg tgc gac gtg 336
Leu Val Lys Ser Ala His Asp Lys Asn Met Tyr Val Met Cys Asp Val
100 105 110

gtc gca aac cac atg ggc aaa gga atc tca gac cac aaa ccc tcg ccc 384
Val Ala Asn His Met Gly Lys Gly Ile Ser Asp His Lys Pro Ser Pro
115 120 125

ctc aac gaa caa agc tca tac cac act cct tgc gac atc gac tac agc 432
Leu Asn Glu Gln Ser Ser Tyr His Thr Pro Cys Asp Ile Asp Tyr Ser
130 135 140

aac cag aac agc att gaa cag tgc gaa atc gcc ggt ctt cca gat ctc 480
Asn Gln Asn Ser Ile Glu Gln Cys Glu Ile Ala Gly Leu Pro Asp Leu
145 150 155 160

aac acc ggc agc gac act gtc aag aag gtc ctc tac gac tgg atc aaa 528
Asn Thr Gly Ser Asp Thr Val Lys Lys Val Leu Tyr Asp Trp Ile Lys
165 170 175

tgg ctc gtc tct gag tac agc ttc gac ggt atc cgc atc gac act gtc 576
Trp Leu Val Ser Glu Tyr Ser Phe Asp Gly Ile Arg Ile Asp Thr Val
180 185 190

aag cat gtt gaa aag ccc ttc tgg cct ggt ttc caa gac gcc gct ggt 624
Lys His Val Glu Lys Pro Phe Trp Pro Gly Phe Gln Asp Ala Ala Gly
195 200 205

gtt tac gcc atc ggt gaa gtc tgg gac gga ggt cct gat tat ctc gct 672
Val Tyr Ala Ile Gly Glu Val Trp Asp Gly Gly Pro Asp Tyr Leu Ala
210 215 220

ggt tat gcc cag gtc atg cct ggt ctt ttg aac tac gct atg tac tac 720
Gly Tyr Ala Gln Val Met Pro Gly Leu Leu Asn Tyr Ala Met Tyr Tyr
225 230 235 240

ccc atg aac cgc ttt tac cag caa aag gga gat cct tca gat gtt gtc 768
Pro Met Asn Arg Phe Tyr Gln Gln Lys Gly Asp Pro Ser Asp Val Val
245 250 255

gcc atg cac gat gag att agc aac aaa ttc cct gat ccc act atc ctc 816
Ala Met His Asp Glu Ile Ser Asn Lys Phe Pro Asp Pro Thr Ile Leu
260 265 270

gga aca ttc atc gac aac cac gat aac cct cgt tgg ctc agc cag aag 864
Gly Thr Phe Ile Asp Asn His Asp Asn Pro Arg Trp Leu Ser Gln Lys
275 280 285

aat gac aaa gct ctt ctg aag aac gcc ctc gca tac gtt atc ctt gct 912
Asn Asp Lys Ala Leu Leu Lys Asn Ala Leu Ala Tyr Val Ile Leu Ala
290 295 300

cga gga att ccc atc gtc tac tac gga aca gag caa ggt tac gct ggc 960

Arg Gly Ile Pro Ile Val Tyr Tyr Gly Thr Glu Gln Gly Tyr Ala Gly

305 310 315 320

ggc aat gac ccc gcc aac cgg gaa gat ctc tgg cga agc agt ttc agc 1008

Gly Asn Asp Pro Ala Asn Arg Glu Asp Leu Trp Arg Ser Ser Phe Ser

325 330 335

acc aac gca gat ctc tac caa cac atc tcg cgt ctc tct aag gct cgg 1056

Thr Asn Ala Asp Leu Tyr Gln His Ile Ser Arg Leu Ser Lys Ala Arg

340 345 350

tcg gca gtc ggt ggc ctc ggt gga aat gac cac aag cat ctt tac tct 1104

Ser Ala Val Gly Gly Leu Gly Gly Asn Asp His Lys His Leu Tyr Ser

355 360 365

cag aac agc gcc tac gcc tgg agt cgt gcg gac ggc gat ctt atc gtg 1152

Gln Asn Ser Ala Tyr Ala Trp Ser Arg Ala Asp Gly Asp Leu Ile Val

370 375 380

ctt acg ttg aac cgc ggt cag gga tac tca gga cag tac tgc ttc aac 1200

Leu Thr Leu Asn Arg Gly Gln Gly Tyr Ser Gly Gln Tyr Cys Phe Asn

385 390 395 400

act gga aag aac aac aag act tgg gac aag gta ttt gga agt ggc act 1248

Thr Gly Lys Asn Asn Lys Thr Trp Asp Lys Val Phe Gly Ser Gly Thr

405 410 415

gtt acc tct gat ggc aat gga cag gtt tgc gtt agc tac act aac ggt 1296

Val Thr Ser Asp Gly Asn Gly Gln Val Cys Val Ser Tyr Thr Asn Gly

420 425 430

gag cct gag gtc ttg gtt gcc tct agc 1323

Glu Pro Glu Val Leu Val Ala Ser Ser

435 440

<210> 117

<211> 441

<212> PRT

<213> Fusarium sp.

<400> 117

Ala Asp Ala Asn Ala Trp Lys Ser Arg Asn Ile Tyr Phe Ala Leu Thr
1 5 10 15

Asp Arg Val Ala Arg Ser Ala Asp Asp Asn Gly Gly Ser Ala Cys Gly
20 25 30

Asn Leu Gly Asn Tyr Cys Gly Gly Thr Phe Lys Gly Leu Glu Ser Lys
35 40 45

Leu Asp Tyr Ile Lys Gly Met Gly Phe Asp Ala Ile Trp Ile Thr Pro
50 55 60

Val Val Asp Asn Thr Asp Gly Gly Tyr His Gly Tyr Trp Ala Lys Asp
65 70 75 80

Leu Tyr Ala Val Asn Pro Lys Tyr Gly Thr Ala Asp Asp Leu Lys Ser
85 90 95

Leu Val Lys Ser Ala His Asp Lys Asn Met Tyr Val Met Cys Asp Val
100 105 110

Val Ala Asn His Met Gly Lys Gly Ile Ser Asp His Lys Pro Ser Pro
115 120 125

Leu Asn Glu Gln Ser Ser Tyr His Thr Pro Cys Asp Ile Asp Tyr Ser
130 135 140

Asn Gln Asn Ser Ile Glu Gln Cys Glu Ile Ala Gly Leu Pro Asp Leu
145 150 155 160

Asn Thr Gly Ser Asp Thr Val Lys Lys Val Leu Tyr Asp Trp Ile Lys
165 170 175

Trp Leu Val Ser Glu Tyr Ser Phe Asp Gly Ile Arg Ile Asp Thr Val
180 185 190

Lys His Val Glu Lys Pro Phe Trp Pro Gly Phe Gln Asp Ala Ala Gly
195 200 205

Val Tyr Ala Ile Gly Glu Val Trp Asp Gly Gly Pro Asp Tyr Leu Ala
210 215 220

Gly Tyr Ala Gln Val Met Pro Gly Leu Leu Asn Tyr Ala Met Tyr Tyr
225 230 235 240

Pro Met Asn Arg Phe Tyr Gln Gln Lys Gly Asp Pro Ser Asp Val Val
245 250 255

Ala Met His Asp Glu Ile Ser Asn Lys Phe Pro Asp Pro Thr Ile Leu
260 265 270

Gly Thr Phe Ile Asp Asn His Asp Asn Pro Arg Trp Leu Ser Gln Lys
275 280 285

Asn Asp Lys Ala Leu Leu Lys Asn Ala Leu Ala Tyr Val Ile Leu Ala
290 295 300

Arg Gly Ile Pro Ile Val Tyr Tyr Gly Thr Glu Gln Gly Tyr Ala Gly
305 310 315 320

Gly Asn Asp Pro Ala Asn Arg Glu Asp Leu Trp Arg Ser Ser Phe Ser
325 330 335

Thr Asn Ala Asp Leu Tyr Gln His Ile Ser Arg Leu Ser Lys Ala Arg
340 345 350

Ser Ala Val Gly Gly Leu Gly Gly Asn Asp His Lys His Leu Tyr Ser

355 360 365

Gln Asn Ser Ala Tyr Ala Trp Ser Arg Ala Asp Gly Asp Leu Ile Val
370 375 380

Leu Thr Leu Asn Arg Gly Gln Gly Tyr Ser Gly Gln Tyr Cys Phe Asn
385 390 395 400

Thr Gly Lys Asn Asn Lys Thr Trp Asp Lys Val Phe Gly Ser Gly Thr
405 410 415

Val Thr Ser Asp Gly Asn Gly Gln Val Cys Val Ser Tyr Thr Asn Gly
420 425 430

Glu Pro Glu Val Leu Val Ala Ser Ser
435 440

<210> 118
<211> 1371
<212> DNA
<213> Trametes currogata

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1371)

<400> 118

gcg gat acg agt gca tgg aag tcc cgc agc atc tac ttc gtt ctg acc 48
Ala Asp Thr Ser Ala Trp Lys Ser Arg Ser Ile Tyr Phe Val Leu Thr
1 5 10 15

gat cgt gtt gct cga agc agc agc gac acc ggc ggt tcc tct tgc agc 96
Asp Arg Val Ala Arg Ser Ser Ser Asp Thr Gly Gly Ser Ser Cys Ser
20 25 30

aac ctg ggc aat tac tgt gga gga act ttc aaa ggt ctc gaa tct aag 144
Asn Leu Gly Asn Tyr Cys Gly Gly Thr Phe Lys Gly Leu Glu Ser Lys
35 40 45

ctg gat tac atc caa ggc ttg ggc ttt gac gct atc tgg atc acg cct 192
Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Leu Gly Phe Asp Ala Ile Trp Ile Thr Pro
50 55 60

gtc gtt gct aac agt gct ggt ggc tac cat ggc tat tgg gca caa gac 240
Val Val Ala Asn Ser Ala Gly Gly Tyr His Gly Tyr Trp Ala Gln Asp
65 70 75 80

ttg tat tct gtc aac tcg aat tat ggt act gca gac gac cta aag agc 288
Leu Tyr Ser Val Asn Ser Asn Tyr Gly Thr Ala Asp Asp Leu Lys Ser
85 90 95

ctg gtc agc tct gct cat gcg aag ggc ata tat gtg atg gtc gat gtc 336
Leu Val Ser Ser Ala His Ala Lys Gly Ile Tyr Val Met Val Asp Val
100 105 110

gta gcc aat cat atg ggt aac ggt gca att gcc gat aac cgc cct gag 384
Val Ala Asn His Met Gly Asn Gly Ala Ile Ala Asp Asn Arg Pro Glu
115 120 125

cct ttg aac cag gct tca tcc tac cac cca gcc tgc gac atc aac tac 432
Pro Leu Asn Gln Ala Ser Ser Tyr His Pro Ala Cys Asp Ile Asn Tyr
130 135 140

gat aac cag acc agc atc gag cag tgc agc atc ggc ggt ctt gct gat 480
Asp Asn Gln Thr Ser Ile Glu Gln Cys Ser Ile Gly Gly Leu Ala Asp
145 150 155 160

ctt aac act gag agt acc gag gtt cgc act gtt ctc aac acc tgg gtt 528
Leu Asn Thr Glu Ser Thr Glu Val Arg Thr Val Leu Asn Thr Trp Val
165 170 175

tca tgg ctc gtc gac gag tac agc ttc gac gga gta cgt atc gac aca 576
Ser Trp Leu Val Asp Glu Tyr Ser Phe Asp Gly Val Arg Ile Asp Thr
180 185 190

gtc aag cac gtt caa aag gac ttc tgg cca gac ttc gtg tct tcc ata 624
Val Lys His Val Gln Lys Asp Phe Trp Pro Asp Phe Val Ser Ser Ile
195 200 205

ggc gaa tac agc atc ggt gag gtg ttt gac ggc aac cct cca tac ctc 672
Gly Glu Tyr Ser Ile Gly Glu Val Phe Asp Gly Asn Pro Pro Tyr Leu
210 215 220

gct gag tat gcc aag ctc atg cct ggg gtt cta aac tat gca gtc tac 720
Ala Glu Tyr Ala Lys Leu Met Pro Gly Val Leu Asn Tyr Ala Val Tyr
225 230 235 240

tac ccc atg aat gcc ttc tac cag caa acg ggc tca tct cag gca ctg 768
Tyr Pro Met Asn Ala Phe Tyr Gln Gln Thr Gly Ser Ser Gln Ala Leu
245 250 255

gtc gac atg atg aac acg att agc agc aca ttc cca gac ccc tca gca 816

Val Asp Met Met Asn Thr Ile Ser Ser Thr Phe Pro Asp Pro Ser Ala
260 265 270

ctc ggc acg ttc ctc gac aac cac gac aac ccg cgc tgg cta aac gtg 864
Leu Gly Thr Phe Leu Asp Asn His Asp Asn Pro Arg Trp Leu Asn Val
275 280 285

aag aac gac cag aca ctc ctg aag aac gca cta gcc tac gtc att cta 912
Lys Asn Asp Gln Thr Leu Leu Lys Asn Ala Leu Ala Tyr Val Ile Leu
290 295 300

gcc cga ggc att ccc atc cta tac tac ggc acc gag caa ggt tac tcc 960
Ala Arg Gly Ile Pro Ile Leu Tyr Tyr Gly Thr Glu Gln Gly Tyr Ser
305 310 315 320

gga ggc gcc gac cca gca aac cgc gaa gat ctt tgg cgc agc agc ttc 1008
Gly Gly Ala Asp Pro Ala Asn Arg Glu Asp Leu Trp Arg Ser Ser Phe
325 330 335

aat aca aac gcg gac ctc tac caa tcc atc aaa aag ctc acc gca gcc 1056
Asn Thr Asn Ala Asp Leu Tyr Gln Ser Ile Lys Lys Leu Thr Ala Ala
340 345 350

cga aaa gcc gcc ggc ggc ctc gcc ggc aac gac cac acg cat ctc tac 1104
Arg Lys Ala Ala Gly Gly Leu Ala Gly Asn Asp His Thr His Leu Tyr
355 360 365

gtc gcc gac acg gca tat gcc tgg agc cgg gca aac ggc gcc ctc atc 1152
Val Ala Asp Thr Ala Tyr Ala Trp Ser Arg Ala Asn Gly Ala Leu Ile
370 375 380

gtg ctc acc acc aac gcc ggc agc agc tcc aac gcg caa cac tgc ttc 1200
Val Leu Thr Thr Asn Ala Gly Ser Ser Ser Asn Ala Gln His Cys Phe

385 390 395 400

aac acg cag atg gca aac ggg aaa tgg acg aac acg tat ggt gat ggc 1248
Asn Thr Gln Met Ala Asn Gly Lys Trp Thr Asn Thr Tyr Gly Asp Gly
405 410 415

gca acg gtg acc gcg gat tcc agc ggt aat atc tgc gtc acc gtt agc 1296
Ala Thr Val Thr Ala Asp Ser Ser Gly Asn Ile Cys Val Thr Val Ser
420 425 430

aac ggc gag cct gtt gtc ctc gtc gcc agc gca tca aca acg ggg gtt 1344
Asn Gly Glu Pro Val Val Leu Val Ala Ser Ala Ser Thr Thr Gly Val
435 440 445

acg ccc act aca gct aca acg ctg cgc 1371
Thr Pro Thr Thr Ala Thr Thr Leu Arg
450 455

<210> 119
<211> 457
<212> PRT
<213> Trametes currogata

<400> 119

Ala Asp Thr Ser Ala Trp Lys Ser Arg Ser Ile Tyr Phe Val Leu Thr
1 5 10 15

Asp Arg Val Ala Arg Ser Ser Ser Asp Thr Gly Gly Ser Ser Cys Ser
20 25 30

Asn Leu Gly Asn Tyr Cys Gly Gly Thr Phe Lys Gly Leu Glu Ser Lys
35 40 45

Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Leu Gly Phe Asp Ala Ile Trp Ile Thr Pro
50 55 60

Val Val Ala Asn Ser Ala Gly Gly Tyr His Gly Tyr Trp Ala Gln Asp
65 70 75 80

Leu Tyr Ser Val Asn Ser Asn Tyr Gly Thr Ala Asp Asp Leu Lys Ser
85 90 95

Leu Val Ser Ser Ala His Ala Lys Gly Ile Tyr Val Met Val Asp Val
100 105 110

Val Ala Asn His Met Gly Asn Gly Ala Ile Ala Asp Asn Arg Pro Glu
115 120 125

Pro Leu Asn Gln Ala Ser Ser Tyr His Pro Ala Cys Asp Ile Asn Tyr
130 135 140

Asp Asn Gln Thr Ser Ile Glu Gln Cys Ser Ile Gly Gly Leu Ala Asp
145 150 155 160

Leu Asn Thr Glu Ser Thr Glu Val Arg Thr Val Leu Asn Thr Trp Val
165 170 175

Ser Trp Leu Val Asp Glu Tyr Ser Phe Asp Gly Val Arg Ile Asp Thr
180 185 190

Val Lys His Val Gln Lys Asp Phe Trp Pro Asp Phe Val Ser Ser Ile
195 200 205

Gly Glu Tyr Ser Ile Gly Glu Val Phe Asp Gly Asn Pro Pro Tyr Leu
210 215 220

Ala Glu Tyr Ala Lys Leu Met Pro Gly Val Leu Asn Tyr Ala Val Tyr
225 230 235 240

Tyr Pro Met Asn Ala Phe Tyr Gln Gln Thr Gly Ser Ser Gln Ala Leu
245 250 255

Val Asp Met Met Asn Thr Ile Ser Ser Thr Phe Pro Asp Pro Ser Ala
260 265 270

Leu Gly Thr Phe Leu Asp Asn His Asp Asn Pro Arg Trp Leu Asn Val
275 280 285

Lys Asn Asp Gln Thr Leu Leu Lys Asn Ala Leu Ala Tyr Val Ile Leu

290 295 300

Ala Arg Gly Ile Pro Ile Leu Tyr Tyr Gly Thr Glu Gln Gly Tyr Ser
305 310 315 320

Gly Gly Ala Asp Pro Ala Asn Arg Glu Asp Leu Trp Arg Ser Ser Phe
325 330 335

Asn Thr Asn Ala Asp Leu Tyr Gln Ser Ile Lys Lys Leu Thr Ala Ala
340 345 350

Arg Lys Ala Ala Gly Gly Leu Ala Gly Asn Asp His Thr His Leu Tyr
355 360 365

Val Ala Asp Thr Ala Tyr Ala Trp Ser Arg Ala Asn Gly Ala Leu Ile
370 375 380

Val Leu Thr Thr Asn Ala Gly Ser Ser Ser Asn Ala Gln His Cys Phe
385 390 395 400

Asn Thr Gln Met Ala Asn Gly Lys Trp Thr Asn Thr Tyr Gly Asp Gly
405 410 415

Ala Thr Val Thr Ala Asp Ser Ser Gly Asn Ile Cys Val Thr Val Ser
420 425 430

Asn Gly Glu Pro Val Val Leu Val Ala Ser Ala Ser Thr Thr Gly Val

435 440 445

Thr Pro Thr Thr Ala Thr Thr Leu Arg

450 455

<210> 120

<211> 1428

<212> DNA

<213> Penicillium sp.

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1428)

<400> 120

gca gaa tgg cgc agt cag tcg atc tac ttt ctt cta act gat cgc ttt 48

Ala Glu Trp Arg Ser Gln Ser Ile Tyr Phe Leu Leu Thr Asp Arg Phe

1 5 10 15

ggc cga acg gac aat tcc acc acg gca gca tgc aat gtc agc gat cgg 96

Gly Arg Thr Asp Asn Ser Thr Thr Ala Ala Cys Asn Val Ser Asp Arg

20 25 30

gtc tac tgt ggt ggc agc tgg caa gga atc atc aat cac ttg gat tac 144

Val Tyr Cys Gly Gly Ser Trp Gln Gly Ile Ile Asn His Leu Asp Tyr

35 40 45

att cag ggc atg gga ttc acc gcg att tgg att acc cct gtc aca gaa 192

Ile Gln Gly Met Gly Phe Thr Ala Ile Trp Ile Thr Pro Val Thr Glu

50 55 60

cag ctc tct caa gac act gga gat ggc gag gca tac cac gga tac tgg 240
Gln Leu Ser Gln Asp Thr Gly Asp Gly Glu Ala Tyr His Gly Tyr Trp
65 70 75 80

caa caa gag ata tac aac gtc aac aca aac tat ggc act gct gct gac 288
Gln Gln Glu Ile Tyr Asn Val Asn Thr Asn Tyr Gly Thr Ala Ala Asp
85 90 95

ctt ttg gca ctt tct aaa gcc ctg cac agt cgt ggc atg tac ctc atg 336
Leu Leu Ala Leu Ser Lys Ala Leu His Ser Arg Gly Met Tyr Leu Met
100 105 110

gta gac gtg gtt gca aac cac atg ggc tat gat gga gct gga aat act 384
Val Asp Val Val Ala Asn His Met Gly Tyr Asp Gly Ala Gly Asn Thr
115 120 125

gtt gac tac agt gtc ttt aat cca ttc gac tct tcg tct tac ttc cac 432
Val Asp Tyr Ser Val Phe Asn Pro Phe Asp Ser Ser Ser Tyr Phe His
130 135 140

tcg tat tgt gag atc agc gat tac tct gat cag aca aac gtg gag gac 480
Ser Tyr Cys Glu Ile Ser Asp Tyr Ser Asp Gln Thr Asn Val Glu Asp
145 150 155 160

tgt tgg ctt gga gac act aca gtt tct ctt cca gat ctc gac acg acc 528
Cys Trp Leu Gly Asp Thr Thr Val Ser Leu Pro Asp Leu Asp Thr Thr
165 170 175

ctt act tct gtt cag acg atc tgg tat aac tgg gtc act gaa ttg gtg 576
Leu Thr Ser Val Gln Thr Ile Trp Tyr Asn Trp Val Thr Glu Leu Val
180 185 190

tcc aac tac tcc att gat ggt ttg cga att gat aca gtc aaa cac gtg 624
Ser Asn Tyr Ser Ile Asp Gly Leu Arg Ile Asp Thr Val Lys His Val
195 200 205

cag aag tcg ttc tgg ccg ggc tac aac agt gct gca ggt gtc tac tgt 672
Gln Lys Ser Phe Trp Pro Gly Tyr Asn Ser Ala Ala Gly Val Tyr Cys
210 215 220

gtg gga gag gtg ttt gat ggg gac cca gca tac act tgc ccc tac cag 720
Val Gly Glu Val Phe Asp Gly Asp Pro Ala Tyr Thr Cys Pro Tyr Gln
225 230 235 240

agc tac ctc gat ggt gtt ctg aac tat ccg att tat tac caa ctg ctg 768
Ser Tyr Leu Asp Gly Val Leu Asn Tyr Pro Ile Tyr Tyr Gln Leu Leu
245 250 255

tac gca ttc gag tcg aca agt ggc agt atc agc ggt cta tat aat atg 816
Tyr Ala Phe Glu Ser Thr Ser Gly Ser Ile Ser Gly Leu Tyr Asn Met
260 265 270

atc aac tcc gtt gca tct gac tgt tcc gat cca acc ttg ctc gga aac 864
Ile Asn Ser Val Ala Ser Asp Cys Ser Asp Pro Thr Leu Leu Gly Asn
275 280 285

ttc atc gag aat cat gac aac cca cgc ttt gct tcc tac acg agc gat 912
Phe Ile Glu Asn His Asp Asn Pro Arg Phe Ala Ser Tyr Thr Ser Asp
290 295 300

tat tct caa gcg aag aat gtg att tct ttc atc ttc ttc tcg gat ggt 960
Tyr Ser Gln Ala Lys Asn Val Ile Ser Phe Ile Phe Phe Ser Asp Gly
305 310 315 320

att cca atc gtc tat gct ggc cag gaa caa cac tat agc ggt ggc agt 1008
Ile Pro Ile Val Tyr Ala Gly Gln Glu Gln His Tyr Ser Gly Gly Ser
325 330 335

gac cct gcc aat cgt gaa gca act tgg cta tcc gga tac gac aag aca 1056
Asp Pro Ala Asn Arg Glu Ala Thr Trp Leu Ser Gly Tyr Asp Lys Thr
340 345 350

gct cag ctt tac acc tac atc acc acc aca aac aag atc cgt gcc cta 1104
Ala Gln Leu Tyr Thr Tyr Ile Thr Thr Thr Asn Lys Ile Arg Ala Leu
355 360 365

gcc att tca aag gac agc gcc tac ata agt tcc aag aat aat gct ttc 1152
Ala Ile Ser Lys Asp Ser Ala Tyr Ile Ser Ser Lys Asn Asn Ala Phe
370 375 380

tac act gat agc aat act att gcc atg aag aaa gga tct agc ggc tcg 1200
Tyr Thr Asp Ser Asn Thr Ile Ala Met Lys Lys Gly Ser Ser Gly Ser
385 390 395 400

caa gtt ata act gtt ctt tca aac cgt ggc tca tcg ggt agc tcg tat 1248
Gln Val Ile Thr Val Leu Ser Asn Arg Gly Ser Ser Gly Ser Ser Tyr
405 410 415

acc ttg act ctt agc gga agc ggt tac tcg tct ggc acg aag ctc atg 1296
Thr Leu Thr Leu Ser Gly Ser Gly Tyr Ser Ser Gly Thr Lys Leu Met
420 425 430

gag atg tac acc tgc aca gcc gtg act gtg gac tct agt ggc aac atc 1344
Glu Met Tyr Thr Cys Thr Ala Val Thr Val Asp Ser Ser Gly Asn Ile
435 440 445

gcc gtg ccg atg gct tcc gga ctc cct cga gtc tac atg ctt gct tcc 1392

Ala Val Pro Met Ala Ser Gly Leu Pro Arg Val Tyr Met Leu Ala Ser

450 455 460

tcg gct tgc tct att tgc agt tct gcc tgt tca gca 1428

Ser Ala Cys Ser Ile Cys Ser Ser Ala Cys Ser Ala

465 470 475

<210> 121

<211> 476

<212> PRT

<213> Penicillium sp.

<400> 121

Ala Glu Trp Arg Ser Gln Ser Ile Tyr Phe Leu Leu Thr Asp Arg Phe

1 5 10 15

Gly Arg Thr Asp Asn Ser Thr Thr Ala Ala Cys Asn Val Ser Asp Arg

20 25 30

Val Tyr Cys Gly Gly Ser Trp Gln Gly Ile Ile Asn His Leu Asp Tyr

35 40 45

Ile Gln Gly Met Gly Phe Thr Ala Ile Trp Ile Thr Pro Val Thr Glu

50 55 60

Gln Leu Ser Gln Asp Thr Gly Asp Gly Glu Ala Tyr His Gly Tyr Trp

65 70 75 80

Gln Gln Glu Ile Tyr Asn Val Asn Thr Asn Tyr Gly Thr Ala Ala Asp
85 90 95

Leu Leu Ala Leu Ser Lys Ala Leu His Ser Arg Gly Met Tyr Leu Met
100 105 110

Val Asp Val Val Ala Asn His Met Gly Tyr Asp Gly Ala Gly Asn Thr
115 120 125

Val Asp Tyr Ser Val Phe Asn Pro Phe Asp Ser Ser Ser Tyr Phe His
130 135 140

Ser Tyr Cys Glu Ile Ser Asp Tyr Ser Asp Gln Thr Asn Val Glu Asp
145 150 155 160

Cys Trp Leu Gly Asp Thr Thr Val Ser Leu Pro Asp Leu Asp Thr Thr
165 170 175

Leu Thr Ser Val Gln Thr Ile Trp Tyr Asn Trp Val Thr Glu Leu Val
180 185 190

Ser Asn Tyr Ser Ile Asp Gly Leu Arg Ile Asp Thr Val Lys His Val
195 200 205

Gln Lys Ser Phe Trp Pro Gly Tyr Asn Ser Ala Ala Gly Val Tyr Cys

210 215 220

Val Gly Glu Val Phe Asp Gly Asp Pro Ala Tyr Thr Cys Pro Tyr Gln
225 230 235 240

Ser Tyr Leu Asp Gly Val Leu Asn Tyr Pro Ile Tyr Tyr Gln Leu Leu
245 250 255

Tyr Ala Phe Glu Ser Thr Ser Gly Ser Ile Ser Gly Leu Tyr Asn Met
260 265 270

Ile Asn Ser Val Ala Ser Asp Cys Ser Asp Pro Thr Leu Leu Gly Asn
275 280 285

Phe Ile Glu Asn His Asp Asn Pro Arg Phe Ala Ser Tyr Thr Ser Asp
290 295 300

Tyr Ser Gln Ala Lys Asn Val Ile Ser Phe Ile Phe Phe Ser Asp Gly
305 310 315 320

Ile Pro Ile Val Tyr Ala Gly Gln Glu Gln His Tyr Ser Gly Gly Ser
325 330 335

Asp Pro Ala Asn Arg Glu Ala Thr Trp Leu Ser Gly Tyr Asp Lys Thr
340 345 350

Ala Gln Leu Tyr Thr Tyr Ile Thr Thr Thr Asn Lys Ile Arg Ala Leu
355 360 365

Ala Ile Ser Lys Asp Ser Ala Tyr Ile Ser Ser Lys Asn Asn Ala Phe
370 375 380

Tyr Thr Asp Ser Asn Thr Ile Ala Met Lys Lys Gly Ser Ser Gly Ser
385 390 395 400

Gln Val Ile Thr Val Leu Ser Asn Arg Gly Ser Ser Gly Ser Ser Tyr
405 410 415

Thr Leu Thr Leu Ser Gly Ser Gly Tyr Ser Ser Gly Thr Lys Leu Met
420 425 430

Glu Met Tyr Thr Cys Thr Ala Val Thr Val Asp Ser Ser Gly Asn Ile
435 440 445

Ala Val Pro Met Ala Ser Gly Leu Pro Arg Val Tyr Met Leu Ala Ser
450 455 460

Ser Ala Cys Ser Ile Cys Ser Ser Ala Cys Ser Ala
465 470 475

<210> 122

<211> 1353

<212> DNA

<213> Valsaria spartii

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1353)

<400> 122

gcc agc aac gcg gat tgg aaa tcg cgc aac atc tac ttt gcc ttg acg 48
Ala Ser Asn Ala Asp Trp Lys Ser Arg Asn Ile Tyr Phe Ala Leu Thr
1 5 10 15

gac cgc gtc gct ggt cct acc ggg gga tca tgc ggc aac ctg gga aac 96
Asp Arg Val Ala Gly Pro Thr Gly Gly Ser Cys Gly Asn Leu Gly Asn
20 25 30

tac tgc ggc ggt acc tgg aac gga ttg acg gat aag ttg gac tac atc 144
Tyr Cys Gly Gly Thr Trp Asn Gly Leu Thr Asp Lys Leu Asp Tyr Ile
35 40 45

cag ggc atg gga ttc gat gcc atc tgg atc acc ccg gtc atc aag aac 192
Gln Gly Met Gly Phe Asp Ala Ile Trp Ile Thr Pro Val Ile Lys Asn
50 55 60

agc ccc ggc ggt tat cac gga tat tgg gct caa gat ctc tac agc gtg 240
Ser Pro Gly Gly Tyr His Gly Tyr Trp Ala Gln Asp Leu Tyr Ser Val
65 70 75 80

aac gag aac tat ggc act gcg caa gat ctg aag gat ttc gta aat gcg 288
Asn Glu Asn Tyr Gly Thr Ala Gln Asp Leu Lys Asp Phe Val Asn Ala
85 90 95

gcg cac gca aag ggg atc tac gtc atg gtc gac gtg gtc gca aac cac 336
Ala His Ala Lys Gly Ile Tyr Val Met Val Asp Val Val Ala Asn His
100 105 110

atg ggc aac ggt gga atc tca act ctc tcc cca cct ccc ttg aac cag 384
Met Gly Asn Gly Gly Ile Ser Thr Leu Ser Pro Pro Pro Leu Asn Gln
115 120 125

gag agt tcc tat cac tcc aaa tgc aac atc gac tac agc agc caa aac 432
Glu Ser Ser Tyr His Ser Lys Cys Asn Ile Asp Tyr Ser Ser Gln Asn
130 135 140

agc atc gag aat tgc tgg atc gct gac ctg ccc gac ctc gtc acc acc 480
Ser Ile Glu Asn Cys Trp Ile Ala Asp Leu Pro Asp Leu Val Thr Thr
145 150 155 160

gac aac acc atc cgc gat gtc ttc aag gac tgg atc gcc aac ctc acc 528
Asp Asn Thr Ile Arg Asp Val Phe Lys Asp Trp Ile Ala Asn Leu Thr
165 170 175

acc acc tac tcc ttc gac ggc ctc cgc gtc gac acc gtc aag cat gta 576
Thr Thr Tyr Ser Phe Asp Gly Leu Arg Val Asp Thr Val Lys His Val
180 185 190

gag aag gac ttt tgg ccg ggc ttc gtc gag gct gcc ggc atg tat gcc 624
Glu Lys Asp Phe Trp Pro Gly Phe Val Glu Ala Ala Gly Met Tyr Ala
195 200 205

atc ggc gag gtt ctc gat ggc ggc acc tcc tac gtt gcc ggc tac cag 672
Ile Gly Glu Val Leu Asp Gly Gly Thr Ser Tyr Val Ala Gly Tyr Gln
210 215 220

agc gtg atg cca ggc ctt ctc aac tat ccc atg tac tat cct ctc atc 720
Ser Val Met Pro Gly Leu Leu Asn Tyr Pro Met Tyr Tyr Pro Leu Ile
225 230 235 240

cgc acc ttt acc cag ggc gcc tcc ttc aac gac ttc gtc aac agt cac 768
Arg Thr Phe Thr Gln Gly Ala Ser Phe Asn Asp Phe Val Asn Ser His
245 250 255

aac gag gtt ggt tcc gga ttc tcc gat ccc acc ctc ctc ggc acc ttc 816
Asn Glu Val Gly Ser Gly Phe Ser Asp Pro Thr Leu Leu Gly Thr Phe
260 265 270

atc gac aac cac gac cag cag cgc ttc ctc tac aag aac agc gac cac 864
Ile Asp Asn His Asp Gln Gln Arg Phe Leu Tyr Lys Asn Ser Asp His
275 280 285

gcc ctc ttg aag aac gct ctg gcc tac gtg atc ctt ggc cga ggt atc 912
Ala Leu Leu Lys Asn Ala Leu Ala Tyr Val Ile Leu Gly Arg Gly Ile
290 295 300

cca atc gtg tac tac ggc acc gag caa gcc tac ggc ggt ggt gac gac 960
Pro Ile Val Tyr Tyr Gly Thr Glu Gln Ala Tyr Gly Gly Gly Asp Asp
305 310 315 320

ccg gcg aac cgc gag gac ctc tgg cga agc ggc tac tcc acc acc tcc 1008
Pro Ala Asn Arg Glu Asp Leu Trp Arg Ser Gly Tyr Ser Thr Thr Ser
325 330 335

gag ata tac acc acc atc tcg ggc cta tcc tcc gct cgc aaa tcc gcc 1056
Glu Ile Tyr Thr Thr Ile Ser Gly Leu Ser Ser Ala Arg Lys Ser Ala
340 345 350

ggc ggc ctc cca ggc aac gac cac tcc cac ctc tac acc acc aac aac 1104

Gly Gly Leu Pro Gly Asn Asp His Ser His Leu Tyr Thr Thr Asn Asn

355 360 365

gcg tac gcc tgg tcc cgc gcg gac ggg aag gtg atc gcg ttg gtg acc 1152
Ala Tyr Ala Trp Ser Arg Ala Asp Gly Lys Val Ile Ala Leu Val Thr

370 375 380

aac gcc ggc ggc tcc gac acc agc acc cac tgc ttc aac acc aag aaa 1200
Asn Ala Gly Gly Ser Asp Thr Ser Thr His Cys Phe Asn Thr Lys Lys

385 390 395 400

ccg agc ggc acg cgc tgg acc agc gtc ctc cgc agc ggc gga acc agc 1248
Pro Ser Gly Thr Arg Trp Thr Ser Val Leu Arg Ser Gly Gly Thr Ser

405 410 415

tac acc gcc gac ggc aac ggc caa atc tgc atc cag atc caa aac ggc 1296
Tyr Thr Ala Asp Gly Asn Gly Gln Ile Cys Ile Gln Ile Gln Asn Gly

420 425 430

ggg ccc gag gca atc gtc ctc tcc acc ggc acc ggc acc gaa acc aca 1344
Gly Pro Glu Ala Ile Val Leu Ser Thr Gly Thr Gly Thr Glu Thr Thr

435 440 445

tcc agc gcc 1353
Ser Ser Ala

450

<210> 123

<211> 451

<212> PRT

<213> Valsaria spartii

<400> 123

Ala Ser Asn Ala Asp Trp Lys Ser Arg Asn Ile Tyr Phe Ala Leu Thr
1 5 10 15

Asp Arg Val Ala Gly Pro Thr Gly Gly Ser Cys Gly Asn Leu Gly Asn
20 25 30

Tyr Cys Gly Gly Thr Trp Asn Gly Leu Thr Asp Lys Leu Asp Tyr Ile
35 40 45

Gln Gly Met Gly Phe Asp Ala Ile Trp Ile Thr Pro Val Ile Lys Asn
50 55 60

Ser Pro Gly Gly Tyr His Gly Tyr Trp Ala Gln Asp Leu Tyr Ser Val
65 70 75 80

Asn Glu Asn Tyr Gly Thr Ala Gln Asp Leu Lys Asp Phe Val Asn Ala
85 90 95

Ala His Ala Lys Gly Ile Tyr Val Met Val Asp Val Val Ala Asn His
100 105 110

Met Gly Asn Gly Gly Ile Ser Thr Leu Ser Pro Pro Pro Leu Asn Gln
115 120 125

Glu Ser Ser Tyr His Ser Lys Cys Asn Ile Asp Tyr Ser Ser Gln Asn
130 135 140

Ser Ile Glu Asn Cys Trp Ile Ala Asp Leu Pro Asp Leu Val Thr Thr
145 150 155 160

Asp Asn Thr Ile Arg Asp Val Phe Lys Asp Trp Ile Ala Asn Leu Thr
165 170 175

Thr Thr Tyr Ser Phe Asp Gly Leu Arg Val Asp Thr Val Lys His Val
180 185 190

Glu Lys Asp Phe Trp Pro Gly Phe Val Glu Ala Ala Gly Met Tyr Ala
195 200 205

Ile Gly Glu Val Leu Asp Gly Gly Thr Ser Tyr Val Ala Gly Tyr Gln
210 215 220

Ser Val Met Pro Gly Leu Leu Asn Tyr Pro Met Tyr Tyr Pro Leu Ile
225 230 235 240

Arg Thr Phe Thr Gln Gly Ala Ser Phe Asn Asp Phe Val Asn Ser His
245 250 255

Asn Glu Val Gly Ser Gly Phe Ser Asp Pro Thr Leu Leu Gly Thr Phe
260 265 270

Ile Asp Asn His Asp Gln Gln Arg Phe Leu Tyr Lys Asn Ser Asp His
275 280 285

Ala Leu Leu Lys Asn Ala Leu Ala Tyr Val Ile Leu Gly Arg Gly Ile
290 295 300

Pro Ile Val Tyr Tyr Gly Thr Glu Gln Ala Tyr Gly Gly Gly Asp Asp
305 310 315 320

Pro Ala Asn Arg Glu Asp Leu Trp Arg Ser Gly Tyr Ser Thr Thr Ser
325 330 335

Glu Ile Tyr Thr Thr Ile Ser Gly Leu Ser Ser Ala Arg Lys Ser Ala
340 345 350

Gly Gly Leu Pro Gly Asn Asp His Ser His Leu Tyr Thr Thr Asn Asn
355 360 365

Ala Tyr Ala Trp Ser Arg Ala Asp Gly Lys Val Ile Ala Leu Val Thr
370 375 380

Asn Ala Gly Gly Ser Asp Thr Ser Thr His Cys Phe Asn Thr Lys Lys

385 390 395 400

Pro Ser Gly Thr Arg Trp Thr Ser Val Leu Arg Ser Gly Gly Thr Ser
405 410 415

Tyr Thr Ala Asp Gly Asn Gly Gln Ile Cys Ile Gln Ile Gln Asn Gly
420 425 430

Gly Pro Glu Ala Ile Val Leu Ser Thr Gly Thr Gly Thr Glu Thr Thr
435 440 445

Ser Ser Ala
450

<210> 124
<211> 1431
<212> DNA
<213> Thermoascus auranticus

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1431)

<400> 124
gcc acg cca gcc caa tgg cgc tct cga tca gta tac ttc ctt ctg acg 48
Ala Thr Pro Ala Gln Trp Arg Ser Arg Ser Val Tyr Phe Leu Leu Thr
1 5 10 15

gac agg ttt gca agg agt gat ggg tca acc acc gct gcc tgt gac acc 96
Asp Arg Phe Ala Arg Ser Asp Gly Ser Thr Thr Ala Ala Cys Asp Thr
20 25 30

agt gca agg caa tac tgc ggc gga act tgg cag ggg ata atc gac cat 144
Ser Ala Arg Gln Tyr Cys Gly Gly Thr Trp Gln Gly Ile Ile Asp His
35 40 45

ctc gac tat atc caa gga atg gga ttc act gct att tgg att tcc ccc 192
Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly Phe Thr Ala Ile Trp Ile Ser Pro
50 55 60

gtc acc gaa cag ctg cct cag gat acg gga gat ggg aca gcg tat cat 240
Val Thr Glu Gln Leu Pro Gln Asp Thr Gly Asp Gly Thr Ala Tyr His
65 70 75 80

ggc tac tgg cag caa gat att tac tcc ctg aat ccc aac ttt ggc aca 288
Gly Tyr Trp Gln Gln Asp Ile Tyr Ser Leu Asn Pro Asn Phe Gly Thr
85 90 95

gcc gac gac ctc cgc gcg ctc gca gac gct ctc cat gca cgc gga atg 336
Ala Asp Asp Leu Arg Ala Leu Ala Asp Ala Leu His Ala Arg Gly Met
100 105 110

tac ctc atg gtc gac gtc gta gcc aac cat atg gga tac gcc ggc ccg 384
Tyr Leu Met Val Asp Val Val Ala Asn His Met Gly Tyr Ala Gly Pro
115 120 125

ggg aac tct gtc gac tac agc gtc ttc aac ccc ttc aac aaa cag gaa 432
Gly Asn Ser Val Asp Tyr Ser Val Phe Asn Pro Phe Asn Lys Gln Glu
130 135 140

tac ttc cac ccc tac tgc gag ata acc aac tac gac gac caa tcc aac 480
Tyr Phe His Pro Tyr Cys Glu Ile Thr Asn Tyr Asp Asp Gln Ser Asn
145 150 155 160

gtc gag aat tgc tgg ctc gga gac aca ata gtc tca ctg ccc gat ctg 528
Val Glu Asn Cys Trp Leu Gly Asp Thr Ile Val Ser Leu Pro Asp Leu
165 170 175

aat acg gcc agg tcg gat gta gag gat ata tgg tac agt tgg gtg agg 576
Asn Thr Ala Arg Ser Asp Val Glu Asp Ile Trp Tyr Ser Trp Val Arg
180 185 190

gct ctg gtg tcg aac tac tcg gtc gac ggc ctc cgc atc gac acc gtc 624
Ala Leu Val Ser Asn Tyr Ser Val Asp Gly Leu Arg Ile Asp Thr Val
195 200 205

aaa cac gtc cag aag gac ttc tgg ccc ggc tac aac gac gcc gcg ggc 672
Lys His Val Gln Lys Asp Phe Trp Pro Gly Tyr Asn Asp Ala Ala Gly
210 215 220

gtc tac tgc gtg ggc gag gtg ttc gac ggt gac ccc agc tac acc tgc 720
Val Tyr Cys Val Gly Glu Val Phe Asp Gly Asp Pro Ser Tyr Thr Cys
225 230 235 240

gac tac cag aac tat ctg gat ggg gtg ctg aac tat ccg atg tac tac 768
Asp Tyr Gln Asn Tyr Leu Asp Gly Val Leu Asn Tyr Pro Met Tyr Tyr
245 250 255

ccc ctc ctc aga gcg ttc tcc tcc acg agc ggc agc atc agc gac ctg 816
Pro Leu Leu Arg Ala Phe Ser Ser Thr Ser Gly Ser Ile Ser Asp Leu
260 265 270

tac aac atg atc aac acg gtg aaa tcg cag tgc gcg gat tcg acc ctc 864

Tyr Asn Met Ile Asn Thr Val Lys Ser Gln Cys Ala Asp Ser Thr Leu
275 280 285

ctg ggt acc ttt gtc gag aac cat gac gtg ccg agg ttt gct tca tac 912
Leu Gly Thr Phe Val Glu Asn His Asp Val Pro Arg Phe Ala Ser Tyr
290 295 300

acg agc gac atc gcc ctc gcc aag aac gcg atc gcg ttc acc atc ctc 960
Thr Ser Asp Ile Ala Leu Ala Lys Asn Ala Ile Ala Phe Thr Ile Leu
305 310 315 320

tcg gac ggc atc cct att atc tat gcc ggc cag gag cag cac tac agc 1008
Ser Asp Gly Ile Pro Ile Ile Tyr Ala Gly Gln Glu Gln His Tyr Ser
325 330 335

ggc ggc aac gac ccc gcg aac cgc gag gcg gtc tgg ctg tcc ggc tac 1056
Gly Gly Asn Asp Pro Ala Asn Arg Glu Ala Val Trp Leu Ser Gly Tyr
340 345 350

tcg acg acc agc gag ctc tac cag ttc atc gcg gtc tcg aac cag atc 1104
Ser Thr Thr Ser Glu Leu Tyr Gln Phe Ile Ala Val Ser Asn Gln Ile
355 360 365

cgc aat tac gcc atc tat gtg gac gag ggg tat ttg acg tac aag gcc 1152
Arg Asn Tyr Ala Ile Tyr Val Asp Glu Gly Tyr Leu Thr Tyr Lys Ala
370 375 380

tgg ccc atc tat caa gac agc cac acg ctc gca atc cgc aaa gga ttc 1200
Trp Pro Ile Tyr Gln Asp Ser His Thr Leu Ala Ile Arg Lys Gly Phe
385 390 395 400

gac ggc aat cag gtc atc acc gtg ctc tcg aac ctg ggt tcc tcc ggc 1248
Asp Gly Asn Gln Val Ile Thr Val Leu Ser Asn Leu Gly Ser Ser Gly

405 410 415

agc tcg tac acg ctc tcg ctg agc ggg acg ggc tat gct gcc ggc cag 1296
Ser Ser Tyr Thr Leu Ser Leu Ser Gly Thr Gly Tyr Ala Ala Gly Gln
420 425 430

cag gtg acc gag atc tac tcc tgc acg gat gtc acg gcc gac tcg aac 1344
Gln Val Thr Glu Ile Tyr Ser Cys Thr Asp Val Thr Ala Asp Ser Asn
435 440 445

ggg aat atc gcg gtc tcc atg ggt ggt ggg ctt ccg aag gcg ttt ttc 1392
Gly Asn Ile Ala Val Ser Met Gly Gly Gly Leu Pro Lys Ala Phe Phe
450 455 460

ccg aca gca aag ctg gct ggg agt gga atc tgt tgg aaa 1431
Pro Thr Ala Lys Leu Ala Gly Ser Gly Ile Cys Trp Lys
465 470 475

<210> 125
<211> 477
<212> PRT
<213> Thermoascus auranticus

<400> 125

Ala Thr Pro Ala Gln Trp Arg Ser Arg Ser Val Tyr Phe Leu Leu Thr
1 5 10 15

Asp Arg Phe Ala Arg Ser Asp Gly Ser Thr Thr Ala Ala Cys Asp Thr
20 25 30

Ser Ala Arg Gln Tyr Cys Gly Gly Thr Trp Gln Gly Ile Ile Asp His
35 40 45

Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly Phe Thr Ala Ile Trp Ile Ser Pro
50 55 60

Val Thr Glu Gln Leu Pro Gln Asp Thr Gly Asp Gly Thr Ala Tyr His
65 70 75 80

Gly Tyr Trp Gln Gln Asp Ile Tyr Ser Leu Asn Pro Asn Phe Gly Thr
85 90 95

Ala Asp Asp Leu Arg Ala Leu Ala Asp Ala Leu His Ala Arg Gly Met
100 105 110

Tyr Leu Met Val Asp Val Val Ala Asn His Met Gly Tyr Ala Gly Pro
115 120 125

Gly Asn Ser Val Asp Tyr Ser Val Phe Asn Pro Phe Asn Lys Gln Glu
130 135 140

Tyr Phe His Pro Tyr Cys Glu Ile Thr Asn Tyr Asp Asp Gln Ser Asn
145 150 155 160

Val Glu Asn Cys Trp Leu Gly Asp Thr Ile Val Ser Leu Pro Asp Leu
165 170 175

Asn Thr Ala Arg Ser Asp Val Glu Asp Ile Trp Tyr Ser Trp Val Arg
180 185 190

Ala Leu Val Ser Asn Tyr Ser Val Asp Gly Leu Arg Ile Asp Thr Val
195 200 205

Lys His Val Gln Lys Asp Phe Trp Pro Gly Tyr Asn Asp Ala Ala Gly
210 215 220

Val Tyr Cys Val Gly Glu Val Phe Asp Gly Asp Pro Ser Tyr Thr Cys
225 230 235 240

Asp Tyr Gln Asn Tyr Leu Asp Gly Val Leu Asn Tyr Pro Met Tyr Tyr
245 250 255

Pro Leu Leu Arg Ala Phe Ser Ser Thr Ser Gly Ser Ile Ser Asp Leu
260 265 270

Tyr Asn Met Ile Asn Thr Val Lys Ser Gln Cys Ala Asp Ser Thr Leu
275 280 285

Leu Gly Thr Phe Val Glu Asn His Asp Val Pro Arg Phe Ala Ser Tyr

290 295 300

Thr Ser Asp Ile Ala Leu Ala Lys Asn Ala Ile Ala Phe Thr Ile Leu
305 310 315 320

Ser Asp Gly Ile Pro Ile Ile Tyr Ala Gly Gln Glu Gln His Tyr Ser
325 330 335

Gly Gly Asn Asp Pro Ala Asn Arg Glu Ala Val Trp Leu Ser Gly Tyr
340 345 350

Ser Thr Thr Ser Glu Leu Tyr Gln Phe Ile Ala Val Ser Asn Gln Ile
355 360 365

Arg Asn Tyr Ala Ile Tyr Val Asp Glu Gly Tyr Leu Thr Tyr Lys Ala
370 375 380

Trp Pro Ile Tyr Gln Asp Ser His Thr Leu Ala Ile Arg Lys Gly Phe
385 390 395 400

Asp Gly Asn Gln Val Ile Thr Val Leu Ser Asn Leu Gly Ser Ser Gly
405 410 415

Ser Ser Tyr Thr Leu Ser Leu Ser Gly Thr Gly Tyr Ala Ala Gly Gln
420 425 430

Gln Val Thr Glu Ile Tyr Ser Cys Thr Asp Val Thr Ala Asp Ser Asn

435 440 445

Gly Asn Ile Ala Val Ser Met Gly Gly Gly Leu Pro Lys Ala Phe Phe

450 455 460

Pro Thr Ala Lys Leu Ala Gly Ser Gly Ile Cys Trp Lys

465 470 475

<210> 126

<211> 1347

<212> DNA

<213> Phanerochaete chryosporium

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1347)

<400> 126

gcg ccc gcg cac cat gcc gtg cgc gcg ccc tcg cag gcc aag acc gtc 48

Ala Pro Ala His His Ala Val Arg Ala Pro Ser Gln Ala Lys Thr Val

1 5 10 15

atc gcg cag atg ttc gag tgg acg tgg gac agc gtc gcc gcc gag tgc 96

Ile Ala Gln Met Phe Glu Trp Thr Trp Asp Ser Val Ala Ala Glu Cys

20 25 30

acc gcg ttc ctc ggc ccc gcc ggc tac ggc ttc gtg cag gtc agc ccc 144

Thr Ala Phe Leu Gly Pro Ala Gly Tyr Gly Phe Val Gln Val Ser Pro

35 40 45

gcg cag gag cac gtc cag ggc ccg cag tgg tgg acg gac tac cag ccc 192
Ala Gln Glu His Val Gln Gly Pro Gln Trp Trp Thr Asp Tyr Gln Pro
50 55 60

gtg tcg tac acc ctc acc tcc aag cgc ggc acg cgc gcg cag cac cag 240
Val Ser Tyr Thr Leu Thr Ser Lys Arg Gly Thr Arg Ala Gln His Gln
65 70 75 80

aac atg gtc aat acg tgc caa gcc gcc ggc gtg gga gtc att gcg gac 288
Asn Met Val Asn Thr Cys Gln Ala Ala Gly Val Gly Val Ile Ala Asp
85 90 95

acg atc ttc aat cac atg agc ggc cag gac aat ggc ggc gtc ggc gtc 336
Thr Ile Phe Asn His Met Ser Gly Gln Asp Asn Gly Gly Val Gly Val
100 105 110

gcg ggg tcg tcc ttc cag cac tat gta tac ccc ggc atc tac cag aac 384
Ala Gly Ser Ser Phe Gln His Tyr Val Tyr Pro Gly Ile Tyr Gln Asn
115 120 125

cag gac ttc cac cac tgc ggc ctc gag ccc ggc gac gac atc gtg aac 432
Gln Asp Phe His His Cys Gly Leu Glu Pro Gly Asp Asp Ile Val Asn
130 135 140

tac gac aat gcc gtc gag gtg cag acc tgc gag ctc gtg aac ctc gcc 480
Tyr Asp Asn Ala Val Glu Val Gln Thr Cys Glu Leu Val Asn Leu Ala
145 150 155 160

gac ctt gct aca gag acc gag tat gtt cgc agc cgg ctc gca gag tac 528
Asp Leu Ala Thr Glu Thr Glu Tyr Val Arg Ser Arg Leu Ala Glu Tyr
165 170 175

gcc aac gat ttg ctg tcg ttg ggc gtc gac ggg ctg cgg ctc gac gca 576
Ala Asn Asp Leu Leu Ser Leu Gly Val Asp Gly Leu Arg Leu Asp Ala
180 185 190

gcg aag cac atc aat gcg aat gac att gcc aac atc acg tct cgc ttc 624
Ala Lys His Ile Asn Ala Asn Asp Ile Ala Asn Ile Thr Ser Arg Phe
195 200 205

acg cgg aag ccc tac cta aca cag gag gtc atc tac ggg gcc ggg gag 672
Thr Arg Lys Pro Tyr Leu Thr Gln Glu Val Ile Tyr Gly Ala Gly Glu
210 215 220

ccc atc acg ccc aat caa tac gtc ttc att ggt gat gtg caa gac gcc 720
Pro Ile Thr Pro Asn Gln Tyr Val Phe Ile Gly Asp Val Gln Asp Ala
225 230 235 240

ttc tct ggc ggc ggg atc tcg agc ctg cag aac ctc gac aac caa ggc 768
Phe Ser Gly Gly Gly Ile Ser Ser Leu Gln Asn Leu Asp Asn Gln Gly
245 250 255

tgg gtc ccg ggc acc tct gcg aac gtc ttc gtc acg atc cac gac acg 816
Trp Val Pro Gly Thr Ser Ala Asn Val Phe Val Thr Ile His Asp Thr
260 265 270

gag agg aac gga gcc tcg ctg aac gca aac tcg cca tcg aac aca tac 864
Glu Arg Asn Gly Ala Ser Leu Asn Ala Asn Ser Pro Ser Asn Thr Tyr
275 280 285

acg ctc gcg atg gtc ttc tcg ctc gca cac ccg tac ggc acg ccg acg 912
Thr Leu Ala Met Val Phe Ser Leu Ala His Pro Tyr Gly Thr Pro Thr
290 295 300

atc ctc tcg agc tac agc ggc ttc acg gac acg gac gcc ggt gca ccc 960
Ile Leu Ser Ser Tyr Ser Gly Phe Thr Asp Thr Asp Ala Gly Ala Pro
305 310 315 320

aac ggc ggc aca ggc acc tgc acg gcc ggc ggc ggc gcg gac ggc tgg 1008
Asn Gly Gly Thr Gly Thr Cys Thr Ala Gly Gly Gly Ala Asp Gly Trp
325 330 335

ctg tgc cag cac cgc tgg acg gcc gtc gcg ggc atg gtc ggc ttc cgg 1056
Leu Cys Gln His Arg Trp Thr Ala Val Ala Gly Met Val Gly Phe Arg
340 345 350

aac acc gtc ggc ggc gcg ccg ctc acg aac tgg gcc gcg ccg agc gct 1104
Asn Thr Val Gly Gly Ala Pro Leu Thr Asn Trp Ala Ala Pro Ser Ala
355 360 365

gag caa att gcg ttc ggg cgc ggc gcg ctc ggg ttc gtc gcg ctc aac 1152
Glu Gln Ile Ala Phe Gly Arg Gly Ala Leu Gly Phe Val Ala Leu Asn
370 375 380

aac gcg gac gcg gtg tgg agc gcg gcg ttc agc acg gcg ctc ccc gac 1200
Asn Ala Asp Ala Val Trp Ser Ala Ala Phe Ser Thr Ala Leu Pro Asp
385 390 395 400

ggc acg tac tgc gat gtc gtc ggc ggc gcg agc cag ggt ggg aag tgc 1248
Gly Thr Tyr Cys Asp Val Val Gly Gly Ala Ser Gln Gly Gly Lys Cys
405 410 415

acg ggc agc gcg ttt acg gtc aag ggc ggg gcg ttc acc gcg aac gta 1296
Thr Gly Ser Ala Phe Thr Val Lys Gly Gly Ala Phe Thr Ala Asn Val
420 425 430

cag gcg cgc aac gcg att gcg ata cac gtc ggc gcg aag ggc acc gcg 1344

Gln Ala Arg Asn Ala Ile Ala Ile His Val Gly Ala Lys Gly Thr Ala

435 440 445

ggc 1347

Gly

<210> 127

<211> 449

<212> PRT

<213> Phanerochaete chryosporium

<400> 127

Ala Pro Ala His His Ala Val Arg Ala Pro Ser Gln Ala Lys Thr Val

1 5 10 15

Ile Ala Gln Met Phe Glu Trp Thr Trp Asp Ser Val Ala Ala Glu Cys

20 25 30

Thr Ala Phe Leu Gly Pro Ala Gly Tyr Gly Phe Val Gln Val Ser Pro

35 40 45

Ala Gln Glu His Val Gln Gly Pro Gln Trp Trp Thr Asp Tyr Gln Pro

50 55 60

Val Ser Tyr Thr Leu Thr Ser Lys Arg Gly Thr Arg Ala Gln His Gln

65 70 75 80

Asn Met Val Asn Thr Cys Gln Ala Ala Gly Val Gly Val Ile Ala Asp
85 90 95

Thr Ile Phe Asn His Met Ser Gly Gln Asp Asn Gly Gly Val Gly Val
100 105 110

Ala Gly Ser Ser Phe Gln His Tyr Val Tyr Pro Gly Ile Tyr Gln Asn
115 120 125

Gln Asp Phe His His Cys Gly Leu Glu Pro Gly Asp Asp Ile Val Asn
130 135 140

Tyr Asp Asn Ala Val Glu Val Gln Thr Cys Glu Leu Val Asn Leu Ala
145 150 155 160

Asp Leu Ala Thr Glu Thr Glu Tyr Val Arg Ser Arg Leu Ala Glu Tyr
165 170 175

Ala Asn Asp Leu Leu Ser Leu Gly Val Asp Gly Leu Arg Leu Asp Ala
180 185 190

Ala Lys His Ile Asn Ala Asn Asp Ile Ala Asn Ile Thr Ser Arg Phe
195 200 205

Thr Arg Lys Pro Tyr Leu Thr Gln Glu Val Ile Tyr Gly Ala Gly Glu

210 215 220

Pro Ile Thr Pro Asn Gln Tyr Val Phe Ile Gly Asp Val Gln Asp Ala
225 230 235 240

Phe Ser Gly Gly Gly Ile Ser Ser Leu Gln Asn Leu Asp Asn Gln Gly
245 250 255

Trp Val Pro Gly Thr Ser Ala Asn Val Phe Val Thr Ile His Asp Thr
260 265 270

Glu Arg Asn Gly Ala Ser Leu Asn Ala Asn Ser Pro Ser Asn Thr Tyr
275 280 285

Thr Leu Ala Met Val Phe Ser Leu Ala His Pro Tyr Gly Thr Pro Thr
290 295 300

Ile Leu Ser Ser Tyr Ser Gly Phe Thr Asp Thr Asp Ala Gly Ala Pro
305 310 315 320

Asn Gly Gly Thr Gly Thr Cys Thr Ala Gly Gly Gly Ala Asp Gly Trp
325 330 335

Leu Cys Gln His Arg Trp Thr Ala Val Ala Gly Met Val Gly Phe Arg
340 345 350

Asn Thr Val Gly Gly Ala Pro Leu Thr Asn Trp Ala Ala Pro Ser Ala
355 360 365

Glu Gln Ile Ala Phe Gly Arg Gly Ala Leu Gly Phe Val Ala Leu Asn
370 375 380

Asn Ala Asp Ala Val Trp Ser Ala Ala Phe Ser Thr Ala Leu Pro Asp
385 390 395 400

Gly Thr Tyr Cys Asp Val Val Gly Gly Ala Ser Gln Gly Gly Lys Cys
405 410 415

Thr Gly Ser Ala Phe Thr Val Lys Gly Gly Ala Phe Thr Ala Asn Val
420 425 430

Gln Ala Arg Asn Ala Ile Ala Ile His Val Gly Ala Lys Gly Thr Ala
435 440 445

Gly

<210> 128
<211> 1308
<212> DNA
<213> Rhizopus oryzae

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1308)

<400> 128

gcc tca gcc agc gac tgg gag aac cga gtc atc tac caa ttg tta act 48
Ala Ser Ala Ser Asp Trp Glu Asn Arg Val Ile Tyr Gln Leu Leu Thr
1 5 10 15

gat cga ttt gca aaa tcg acc gat gat acc aat ggc tgc aat aac ctg 96
Asp Arg Phe Ala Lys Ser Thr Asp Asp Thr Asn Gly Cys Asn Asn Leu
20 25 30

agt gac tac tgt ggc gga aca ttt caa gga atc att aat cac ttg gat 144
Ser Asp Tyr Cys Gly Gly Thr Phe Gln Gly Ile Ile Asn His Leu Asp
35 40 45

tac att gcc gga atg gga ttt gat gct atc tgg ata tca cct atc ccc 192
Tyr Ile Ala Gly Met Gly Phe Asp Ala Ile Trp Ile Ser Pro Ile Pro
50 55 60

aaa aat gcg aat gga ggt tac cat ggc tat tgg gct act gac ttt tct 240
Lys Asn Ala Asn Gly Gly Tyr His Gly Tyr Trp Ala Thr Asp Phe Ser
65 70 75 80

caa ata aat gag cat ttt gga act gct gat gac ttg aaa aag ttg gtt 288
Gln Ile Asn Glu His Phe Gly Thr Ala Asp Asp Leu Lys Lys Leu Val
85 90 95

gca gct gct cat gca aag aac atg tac gtt atg ctg gac gtt gtt gcc 336
Ala Ala Ala His Ala Lys Asn Met Tyr Val Met Leu Asp Val Val Ala
100 105 110

aat cat gct ggc att cct tca tca ggt ggc gac tac tct ggc tac acg 384
Asn His Ala Gly Ile Pro Ser Ser Gly Gly Asp Tyr Ser Gly Tyr Thr
115 120 125

ttc ggt caa agc tct gaa tac cac aca gcc tgt gat atc aat tac aac 432
Phe Gly Gln Ser Ser Glu Tyr His Thr Ala Cys Asp Ile Asn Tyr Asn
130 135 140

agc cag acc tct att gag cag tgc tgg att tct ggt ttg cct gat atc 480
Ser Gln Thr Ser Ile Glu Gln Cys Trp Ile Ser Gly Leu Pro Asp Ile
145 150 155 160

aac act gaa gac tcg gcc att gtt agc aaa ttg aat tcg att gtt tct 528
Asn Thr Glu Asp Ser Ala Ile Val Ser Lys Leu Asn Ser Ile Val Ser
165 170 175

ggt tgg gta tct gat tat ggc ttt gac ggt ctt cga atc gac act gtg 576
Gly Trp Val Ser Asp Tyr Gly Phe Asp Gly Leu Arg Ile Asp Thr Val
180 185 190

aag cac att cgt aaa gat ttc tgg gac ggc tat gtc tct gct gct ggt 624
Lys His Ile Arg Lys Asp Phe Trp Asp Gly Tyr Val Ser Ala Ala Gly
195 200 205

gta ttt gct acc gga gaa gtg ctt agc ggc gat gtt tct tat gtc tca 672
Val Phe Ala Thr Gly Glu Val Leu Ser Gly Asp Val Ser Tyr Val Ser
210 215 220

ccc tat cag cag cat gtt cct tct tta ctc aac tac cca ttg tat tat 720
Pro Tyr Gln Gln His Val Pro Ser Leu Leu Asn Tyr Pro Leu Tyr Tyr
225 230 235 240

cca gtc tat gat gta ttc acc aaa tcc cgt acc atg agc cgt tta agc 768
Pro Val Tyr Asp Val Phe Thr Lys Ser Arg Thr Met Ser Arg Leu Ser
245 250 255

tct ggc ttt tct gat att aaa aat gga aac ttt aaa gac att gat gtc 816
Ser Gly Phe Ser Asp Ile Lys Asn Gly Asn Phe Lys Asp Ile Asp Val
260 265 270

ttg gtc aac ttt att gac aat cac gat cag cct cgt ttg tta tcc aaa 864
Leu Val Asn Phe Ile Asp Asn His Asp Gln Pro Arg Leu Leu Ser Lys
275 280 285

gct gat caa agt ctc gtc aag aat gct ctt gct tat tct ttc atg gtc 912
Ala Asp Gln Ser Leu Val Lys Asn Ala Leu Ala Tyr Ser Phe Met Val
290 295 300

caa ggt atc cct gtc ttg tac tat ggt aca gaa caa tcc ttc aag ggt 960
Gln Gly Ile Pro Val Leu Tyr Tyr Gly Thr Glu Gln Ser Phe Lys Gly
305 310 315 320

ggt aac gat cct aac aac aga gag gtc tta tgg acc act ggt tac tcg 1008
Gly Asn Asp Pro Asn Asn Arg Glu Val Leu Trp Thr Thr Gly Tyr Ser
325 330 335

acc aca tct gat atg tac aag ttt gtc act act ctt gtc aag gca cgc 1056
Thr Thr Ser Asp Met Tyr Lys Phe Val Thr Thr Leu Val Lys Ala Arg
340 345 350

aag ggc tca aac tcc aca gta aat atg gga att gct caa acc gat aac 1104
Lys Gly Ser Asn Ser Thr Val Asn Met Gly Ile Ala Gln Thr Asp Asn
355 360 365

gtc tat gtg ttc caa aga ggt ggc tct ctg gtt gtt gtc aat aac tat 1152

Val Tyr Val Phe Gln Arg Gly Gly Ser Leu Val Val Val Asn Asn Tyr

370 375 380

ggt caa gga tca aca aac aca att act gta aag gct ggc tcg ttc tct 1200

Gly Gln Gly Ser Thr Asn Thr Ile Thr Val Lys Ala Gly Ser Phe Ser

385 390 395 400

aat gga gat act ttg act gat gtg ttc tcc aac aaa tct gtt act gtt 1248

Asn Gly Asp Thr Leu Thr Asp Val Phe Ser Asn Lys Ser Val Thr Val

405 410 415

caa aat aac cag atc aca ttc caa ttg cag aat gga aac cct gcc ata 1296

Gln Asn Asn Gln Ile Thr Phe Gln Leu Gln Asn Gly Asn Pro Ala Ile

420 425 430

ttc caa aag aaa 1308

Phe Gln Lys Lys

435

<210> 129

<211> 436

<212> PRT

<213> Rhizopus oryzae

<400> 129

Ala Ser Ala Ser Asp Trp Glu Asn Arg Val Ile Tyr Gln Leu Leu Thr

1 5 10 15

Asp Arg Phe Ala Lys Ser Thr Asp Asp Thr Asn Gly Cys Asn Asn Leu

20 25 30

Ser Asp Tyr Cys Gly Gly Thr Phe Gln Gly Ile Ile Asn His Leu Asp
35 40 45

Tyr Ile Ala Gly Met Gly Phe Asp Ala Ile Trp Ile Ser Pro Ile Pro
50 55 60

Lys Asn Ala Asn Gly Gly Tyr His Gly Tyr Trp Ala Thr Asp Phe Ser
65 70 75 80

Gln Ile Asn Glu His Phe Gly Thr Ala Asp Asp Leu Lys Lys Leu Val
85 90 95

Ala Ala Ala His Ala Lys Asn Met Tyr Val Met Leu Asp Val Val Ala
100 105 110

Asn His Ala Gly Ile Pro Ser Ser Gly Gly Asp Tyr Ser Gly Tyr Thr
115 120 125

Phe Gly Gln Ser Ser Glu Tyr His Thr Ala Cys Asp Ile Asn Tyr Asn
130 135 140

Ser Gln Thr Ser Ile Glu Gln Cys Trp Ile Ser Gly Leu Pro Asp Ile
145 150 155 160

Asn Thr Glu Asp Ser Ala Ile Val Ser Lys Leu Asn Ser Ile Val Ser

165 170 175

Gly Trp Val Ser Asp Tyr Gly Phe Asp Gly Leu Arg Ile Asp Thr Val
180 185 190

Lys His Ile Arg Lys Asp Phe Trp Asp Gly Tyr Val Ser Ala Ala Gly
195 200 205

Val Phe Ala Thr Gly Glu Val Leu Ser Gly Asp Val Ser Tyr Val Ser
210 215 220

Pro Tyr Gln Gln His Val Pro Ser Leu Leu Asn Tyr Pro Leu Tyr Tyr
225 230 235 240

Pro Val Tyr Asp Val Phe Thr Lys Ser Arg Thr Met Ser Arg Leu Ser
245 250 255

Ser Gly Phe Ser Asp Ile Lys Asn Gly Asn Phe Lys Asp Ile Asp Val
260 265 270

Leu Val Asn Phe Ile Asp Asn His Asp Gln Pro Arg Leu Leu Ser Lys
275 280 285

Ala Asp Gln Ser Leu Val Lys Asn Ala Leu Ala Tyr Ser Phe Met Val
290 295 300

Gln Gly Ile Pro Val Leu Tyr Tyr Gly Thr Glu Gln Ser Phe Lys Gly
305 310 315 320

Gly Asn Asp Pro Asn Asn Arg Glu Val Leu Trp Thr Thr Gly Tyr Ser
325 330 335

Thr Thr Ser Asp Met Tyr Lys Phe Val Thr Thr Leu Val Lys Ala Arg
340 345 350

Lys Gly Ser Asn Ser Thr Val Asn Met Gly Ile Ala Gln Thr Asp Asn
355 360 365

Val Tyr Val Phe Gln Arg Gly Gly Ser Leu Val Val Val Asn Asn Tyr
370 375 380

Gly Gln Gly Ser Thr Asn Thr Ile Thr Val Lys Ala Gly Ser Phe Ser
385 390 395 400

Asn Gly Asp Thr Leu Thr Asp Val Phe Ser Asn Lys Ser Val Thr Val
405 410 415

Gln Asn Asn Gln Ile Thr Phe Gln Leu Gln Asn Gly Asn Pro Ala Ile
420 425 430

Phe Gln Lys Lys

435

<210> 130

<211> 1338

<212> DNA

<213> Thaminidium elegans

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1338)

<400> 130

aac ggt gtc acg act ttg agc aag cgt gca gct gct gat gac tgg aaa 48
Asn Gly Val Thr Thr Leu Ser Lys Arg Ala Ala Ala Asp Asp Trp Lys
1 5 10 15

tcc cgg tcc att tac caa gtt gtg acg gat cgt ttc ggt cgc tcg gat 96
Ser Arg Ser Ile Tyr Gln Val Val Thr Asp Arg Phe Gly Arg Ser Asp
20 25 30

ggc tcg acc tct gct tgc ggt gac ctg tcc aac tac tgc ggc ggt gac 144
Gly Ser Thr Ser Ala Cys Gly Asp Leu Ser Asn Tyr Cys Gly Gly Asp
35 40 45

tac aag ggc att cag aat cag ctc gac tac att gct ggc atg ggc ttc 192
Tyr Lys Gly Ile Gln Asn Gln Leu Asp Tyr Ile Ala Gly Met Gly Phe
50 55 60

gac gcc att tgg atc tcg cct att cct gag aac aca gac ggc ggc tac 240
Asp Ala Ile Trp Ile Ser Pro Ile Pro Glu Asn Thr Asp Gly Gly Tyr
65 70 75 80

cat ggt tac tgg gca aag gac ttt gaa aag ctc aac acc aat ttt ggc 288
His Gly Tyr Trp Ala Lys Asp Phe Glu Lys Leu Asn Thr Asn Phe Gly
85 90 95

agt gcg gat gat ctc aag gct ctc gtg aca gct gcg cac ggc aag ggc 336
Ser Ala Asp Asp Leu Lys Ala Leu Val Thr Ala Ala His Gly Lys Gly
100 105 110

atg tat gtc atg ctg gat gtc gtc aca aac cac gca ggt ccc gcc agc 384
Met Tyr Val Met Leu Asp Val Val Thr Asn His Ala Gly Pro Ala Ser
115 120 125

ggc gac tac agc ggc ttc acc ttc agc tcc gcc agt aat tat cat ccg 432
Gly Asp Tyr Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Ala Ser Asn Tyr His Pro
130 135 140

cag tgc acg atc gac tgc gac aac cag act tcc gtc gag cag tgc tgg 480
Gln Cys Thr Ile Asp Cys Asp Asn Gln Thr Ser Val Glu Gln Cys Trp
145 150 155 160

gtg gcg gac aac ctg ccc gac att aac acc gag gat gat acc att gtt 528
Val Ala Asp Asn Leu Pro Asp Ile Asn Thr Glu Asp Asp Thr Ile Val
165 170 175

tcc aag ctg cac agc att gtc tct gat tgg gtc acc acc tac gat ttt 576
Ser Lys Leu His Ser Ile Val Ser Asp Trp Val Thr Thr Tyr Asp Phe
180 185 190

gat ggc att cgt atc gat act gtc aag cat atc cgt aaa gac ttc tgg 624
Asp Gly Ile Arg Ile Asp Thr Val Lys His Ile Arg Lys Asp Phe Trp
195 200 205

tct ggc tac gaa gag gct gct gga gtc ttt gct act ggc gaa gtc ttt 672
Ser Gly Tyr Glu Glu Ala Ala Gly Val Phe Ala Thr Gly Glu Val Phe
210 215 220

gac ggc gac gcg gct tat gtc ggt cct tac cag gac cag ttg agc tcg 720
Asp Gly Asp Ala Ala Tyr Val Gly Pro Tyr Gln Asp Gln Leu Ser Ser
225 230 235 240

ctc atc aac tac cca ctt tac tat gct atc cgc gat gtc ttc acc gcc 768
Leu Ile Asn Tyr Pro Leu Tyr Tyr Ala Ile Arg Asp Val Phe Thr Ala
245 250 255

ggc tcg ggc ttt agc cgc atc agc gac atg ctt tcc agc atc aac tcg 816
Gly Ser Gly Phe Ser Arg Ile Ser Asp Met Leu Ser Ser Ile Asn Ser
260 265 270

aac ttc aag gac ccc tcc gcg ctc acg acc ttt gtg gat aac caa gac 864
Asn Phe Lys Asp Pro Ser Ala Leu Thr Thr Phe Val Asp Asn Gln Asp
275 280 285

aac gcc cgc ttc ctc agt gtg aag agt gac atg tct ctg tac aag aat 912
Asn Ala Arg Phe Leu Ser Val Lys Ser Asp Met Ser Leu Tyr Lys Asn
290 295 300

gct ctt gcg ttc acg att ctg acc gag ggt atc cct gtt gtg tac tac 960
Ala Leu Ala Phe Thr Ile Leu Thr Glu Gly Ile Pro Val Val Tyr Tyr
305 310 315 320

ggc acc gag caa ggc ttc aaa ggt ggt gat gac ccc aag aac cgt gag 1008
Gly Thr Glu Gln Gly Phe Lys Gly Gly Asp Asp Pro Lys Asn Arg Glu
325 330 335

gtc ctc tgg acc tcc aac tat gat acc tcc tcg gat ctc tac aag ttt 1056

Val Leu Trp Thr Ser Asn Tyr Asp Thr Ser Ser Asp Leu Tyr Lys Phe
340 345 350

atc aag att gtg aac aat gat gtt cgc cag aaa tca aac aag tct gtg 1104
Ile Lys Ile Val Asn Asn Asp Val Arg Gln Lys Ser Asn Lys Ser Val
355 360 365

act ctg aac gta gac gtg gga acc aac acc tac gcg ttc aca cac ggc 1152
Thr Leu Asn Val Asp Val Gly Thr Asn Thr Tyr Ala Phe Thr His Gly
370 375 380

aag aat ctc atc gtt gtc aac aac tat ggc agt ggt tcc act gcg tct 1200
Lys Asn Leu Ile Val Val Asn Asn Tyr Gly Ser Gly Ser Thr Ala Ser
385 390 395 400

gtc act gtc aag gct ggt gac att gca gac ggc aca aaa ctg gtg gat 1248
Val Thr Val Lys Ala Gly Asp Ile Ala Asp Gly Thr Lys Leu Val Asp
405 410 415

gct gtc agt aac att acg gct acc gtc tcg gga ggc agc atc aca ttc 1296
Ala Val Ser Asn Ile Thr Ala Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Thr Phe
420 425 430

tcc ttg aag gac ggt ctt ccg gct ctt ttc gtg ccc agc tcg 1338
Ser Leu Lys Asp Gly Leu Pro Ala Leu Phe Val Pro Ser Ser
435 440 445

<210> 131
<211> 446
<212> PRT
<213> Thaminidium elegans

<400> 131

Asn Gly Val Thr Thr Leu Ser Lys Arg Ala Ala Ala Asp Asp Trp Lys
1 5 10 15

Ser Arg Ser Ile Tyr Gln Val Val Thr Asp Arg Phe Gly Arg Ser Asp
20 25 30

Gly Ser Thr Ser Ala Cys Gly Asp Leu Ser Asn Tyr Cys Gly Gly Asp
35 40 45

Tyr Lys Gly Ile Gln Asn Gln Leu Asp Tyr Ile Ala Gly Met Gly Phe
50 55 60

Asp Ala Ile Trp Ile Ser Pro Ile Pro Glu Asn Thr Asp Gly Gly Tyr
65 70 75 80

His Gly Tyr Trp Ala Lys Asp Phe Glu Lys Leu Asn Thr Asn Phe Gly
85 90 95

Ser Ala Asp Asp Leu Lys Ala Leu Val Thr Ala Ala His Gly Lys Gly
100 105 110

Met Tyr Val Met Leu Asp Val Val Thr Asn His Ala Gly Pro Ala Ser
115 120 125

Gly Asp Tyr Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Ala Ser Asn Tyr His Pro
130 135 140

Gln Cys Thr Ile Asp Cys Asp Asn Gln Thr Ser Val Glu Gln Cys Trp
145 150 155 160

Val Ala Asp Asn Leu Pro Asp Ile Asn Thr Glu Asp Asp Thr Ile Val
165 170 175

Ser Lys Leu His Ser Ile Val Ser Asp Trp Val Thr Thr Tyr Asp Phe
180 185 190

Asp Gly Ile Arg Ile Asp Thr Val Lys His Ile Arg Lys Asp Phe Trp
195 200 205

Ser Gly Tyr Glu Glu Ala Ala Gly Val Phe Ala Thr Gly Glu Val Phe
210 215 220

Asp Gly Asp Ala Ala Tyr Val Gly Pro Tyr Gln Asp Gln Leu Ser Ser
225 230 235 240

Leu Ile Asn Tyr Pro Leu Tyr Tyr Ala Ile Arg Asp Val Phe Thr Ala
245 250 255

Gly Ser Gly Phe Ser Arg Ile Ser Asp Met Leu Ser Ser Ile Asn Ser
260 265 270

Asn Phe Lys Asp Pro Ser Ala Leu Thr Thr Phe Val Asp Asn Gln Asp
275 280 285

Asn Ala Arg Phe Leu Ser Val Lys Ser Asp Met Ser Leu Tyr Lys Asn
290 295 300

Ala Leu Ala Phe Thr Ile Leu Thr Glu Gly Ile Pro Val Val Tyr Tyr
305 310 315 320

Gly Thr Glu Gln Gly Phe Lys Gly Gly Asp Asp Pro Lys Asn Arg Glu
325 330 335

Val Leu Trp Thr Ser Asn Tyr Asp Thr Ser Ser Asp Leu Tyr Lys Phe
340 345 350

Ile Lys Ile Val Asn Asn Asp Val Arg Gln Lys Ser Asn Lys Ser Val
355 360 365

Thr Leu Asn Val Asp Val Gly Thr Asn Thr Tyr Ala Phe Thr His Gly
370 375 380

Lys Asn Leu Ile Val Val Asn Asn Tyr Gly Ser Gly Ser Thr Ala Ser

385 390 395 400

Val Thr Val Lys Ala Gly Asp Ile Ala Asp Gly Thr Lys Leu Val Asp
405 410 415

Ala Val Ser Asn Ile Thr Ala Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Thr Phe
420 425 430

Ser Leu Lys Asp Gly Leu Pro Ala Leu Phe Val Pro Ser Ser
435 440 445

<210> 132
<211> 1305
<212> DNA
<213> Absidia crista

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1305)

<400> 132
gca ggc gcc gat gat tgg aga tca cgt tcc atc tat caa tta ttg act 48
Ala Gly Ala Asp Asp Trp Arg Ser Arg Ser Ile Tyr Gln Leu Leu Thr
1 5 10 15

gat cgc ttt gct ggt ggc ggt gat tgt tct gat tta tcc gat tat tgt 96
Asp Arg Phe Ala Gly Gly Gly Asp Cys Ser Asp Leu Ser Asp Tyr Cys
20 25 30

ggt ggt aat tat aaa ggc atg att gaa cac ctg gat tat atc caa gga 144
Gly Gly Asn Tyr Lys Gly Met Ile Glu His Leu Asp Tyr Ile Gln Gly
35 40 45

atg gga ttc gat gcc atc tgg att tcc ccc atc cct acc aac tca ccc 192
Met Gly Phe Asp Ala Ile Trp Ile Ser Pro Ile Pro Thr Asn Ser Pro
50 55 60

ggc ggt tac cat ggc tac tgg gca act gac ttc aat ggt tta aat gaa 240
Gly Gly Tyr His Gly Tyr Trp Ala Thr Asp Phe Asn Gly Leu Asn Glu
65 70 75 80

aac ttt gga acc aag gac gat ctc aag gct ttg gtg gat gca gca cat 288
Asn Phe Gly Thr Lys Asp Asp Leu Lys Ala Leu Val Asp Ala Ala His
85 90 95

aag ctc gac atg tat gtc atg ttg gat gtc gtt gcc aat cat gct gga 336
Lys Leu Asp Met Tyr Val Met Leu Asp Val Val Ala Asn His Ala Gly
100 105 110

caa ccc agt acg gca ggt gac tat tct ggc tac aca ttc gat tct aaa 384
Gln Pro Ser Thr Ala Gly Asp Tyr Ser Gly Tyr Thr Phe Asp Ser Lys
115 120 125

gac caa tac cat tcc caa tgc aaa atc gat tat gat gat caa aac tct 432
Asp Gln Tyr His Ser Gln Cys Lys Ile Asp Tyr Asp Asp Gln Asn Ser
130 135 140

att gag cag tgt tgg gtg gct gat gtg ttg cct gac atc aac act gag 480
Ile Glu Gln Cys Trp Val Ala Asp Val Leu Pro Asp Ile Asn Thr Glu
145 150 155 160

gat gat aac gtg gtc aag acg ctc aat gat att gtc agc aac tgg gta 528
Asp Asp Asn Val Val Lys Thr Leu Asn Asp Ile Val Ser Asn Trp Val
165 170 175

act aca tat ggc ttt gat ggt att cgc att gac act gtc aag cat gta 576
Thr Thr Tyr Gly Phe Asp Gly Ile Arg Ile Asp Thr Val Lys His Val
180 185 190

cgt caa gac ttt tgg gat gga tac aat gaa gca gct ggt gta ttt gct 624
Arg Gln Asp Phe Trp Asp Gly Tyr Asn Glu Ala Ala Gly Val Phe Ala
195 200 205

aca gga gaa gtc ttt gat ggt gat tca tcc tat gtt ggt gga tat caa 672
Thr Gly Glu Val Phe Asp Gly Asp Ser Ser Tyr Val Gly Gly Tyr Gln
210 215 220

aag cat ttg gac tcg ctt ctc aat tac cca atg tat tac gca ctc aat 720
Lys His Leu Asp Ser Leu Leu Asn Tyr Pro Met Tyr Tyr Ala Leu Asn
225 230 235 240

gat gta ttt ggt tct gga aag ggt ttt agt cgt atc agc gag atg att 768
Asp Val Phe Gly Ser Gly Lys Gly Phe Ser Arg Ile Ser Glu Met Ile
245 250 255

gca acc aat gca gat gca ttt gct gat acc agt gtt ctg acc aac ttt 816
Ala Thr Asn Ala Asp Ala Phe Ala Asp Thr Ser Val Leu Thr Asn Phe
260 265 270

att gac aac cat gat aac cca cgt ttc ctt aat acc aac aag gat act 864
Ile Asp Asn His Asp Asn Pro Arg Phe Leu Asn Thr Asn Lys Asp Thr
275 280 285

act ctc ttc aag aac gct ttg acc tac gtg ttg ctc gct gat ggt att 912

Thr Leu Phe Lys Asn Ala Leu Thr Tyr Val Leu Leu Ala Asp Gly Ile

290 295 300

cca gtg gtg tat tat gga tca gaa caa ggc ttt tca ggt ggt gct gat 960

Pro Val Val Tyr Tyr Gly Ser Glu Gln Gly Phe Ser Gly Gly Ala Asp

305 310 315 320

cct gcc aat cgt gaa gca tta tgg tca act gac ttt gac acc tcg tcc 1008

Pro Ala Asn Arg Glu Ala Leu Trp Ser Thr Asp Phe Asp Thr Ser Ser

325 330 335

gat ttg tac aag ttt atg gct act gtc aac aag gat gtt cgt caa aag 1056

Asp Leu Tyr Lys Phe Met Ala Thr Val Asn Lys Asp Val Arg Gln Lys

340 345 350

gaa aac aaa aag gtg gtg atg gat gtt gat gtg caa gac aac gtg tat 1104

Glu Asn Lys Lys Val Val Met Asp Val Asp Val Gln Asp Asn Val Tyr

355 360 365

gca ttc atg cac ggc gat gct ctt gtg gta ttg aac aac tac ggc agt 1152

Ala Phe Met His Gly Asp Ala Leu Val Val Leu Asn Asn Tyr Gly Ser

370 375 380

gga gcc agc aac gag gtt act gtc aag gtc gga tca cat gtt gat gat 1200

Gly Ala Ser Asn Glu Val Thr Val Lys Val Gly Ser His Val Asp Asp

385 390 395 400

gga gcc aag atg aac gac gtc ttt acc aat agc aca gtc tcg gta tct 1248

Gly Ala Lys Met Asn Asp Val Phe Thr Asn Ser Thr Val Ser Val Ser

405 410 415

ggt ggt tca ttc act ttc aaa ctt gac aat gga aat cct gcc atc ttt 1296

Gly Gly Ser Phe Thr Phe Lys Leu Asp Asn Gly Asn Pro Ala Ile Phe

420 425 430

acc act gct 1305
Thr Thr Ala
435

<210> 133
<211> 435
<212> PRT
<213> Absidia crista

<400> 133

Ala Gly Ala Asp Asp Trp Arg Ser Arg Ser Ile Tyr Gln Leu Leu Thr
1 5 10 15

Asp Arg Phe Ala Gly Gly Gly Asp Cys Ser Asp Leu Ser Asp Tyr Cys
20 25 30

Gly Gly Asn Tyr Lys Gly Met Ile Glu His Leu Asp Tyr Ile Gln Gly
35 40 45

Met Gly Phe Asp Ala Ile Trp Ile Ser Pro Ile Pro Thr Asn Ser Pro
50 55 60

Gly Gly Tyr His Gly Tyr Trp Ala Thr Asp Phe Asn Gly Leu Asn Glu
65 70 75 80

Asn Phe Gly Thr Lys Asp Asp Leu Lys Ala Leu Val Asp Ala Ala His
85 90 95

Lys Leu Asp Met Tyr Val Met Leu Asp Val Val Ala Asn His Ala Gly
100 105 110

Gln Pro Ser Thr Ala Gly Asp Tyr Ser Gly Tyr Thr Phe Asp Ser Lys
115 120 125

Asp Gln Tyr His Ser Gln Cys Lys Ile Asp Tyr Asp Asp Gln Asn Ser
130 135 140

Ile Glu Gln Cys Trp Val Ala Asp Val Leu Pro Asp Ile Asn Thr Glu
145 150 155 160

Asp Asp Asn Val Val Lys Thr Leu Asn Asp Ile Val Ser Asn Trp Val
165 170 175

Thr Thr Tyr Gly Phe Asp Gly Ile Arg Ile Asp Thr Val Lys His Val
180 185 190

Arg Gln Asp Phe Trp Asp Gly Tyr Asn Glu Ala Ala Gly Val Phe Ala
195 200 205

Thr Gly Glu Val Phe Asp Gly Asp Ser Ser Tyr Val Gly Gly Tyr Gln
210 215 220

Lys His Leu Asp Ser Leu Leu Asn Tyr Pro Met Tyr Tyr Ala Leu Asn
225 230 235 240

Asp Val Phe Gly Ser Gly Lys Gly Phe Ser Arg Ile Ser Glu Met Ile
245 250 255

Ala Thr Asn Ala Asp Ala Phe Ala Asp Thr Ser Val Leu Thr Asn Phe
260 265 270

Ile Asp Asn His Asp Asn Pro Arg Phe Leu Asn Thr Asn Lys Asp Thr
275 280 285

Thr Leu Phe Lys Asn Ala Leu Thr Tyr Val Leu Leu Ala Asp Gly Ile
290 295 300

Pro Val Val Tyr Tyr Gly Ser Glu Gln Gly Phe Ser Gly Gly Ala Asp
305 310 315 320

Pro Ala Asn Arg Glu Ala Leu Trp Ser Thr Asp Phe Asp Thr Ser Ser
325 330 335

Asp Leu Tyr Lys Phe Met Ala Thr Val Asn Lys Asp Val Arg Gln Lys

340 345 350

Glu Asn Lys Lys Val Val Met Asp Val Asp Val Gln Asp Asn Val Tyr
355 360 365

Ala Phe Met His Gly Asp Ala Leu Val Val Leu Asn Asn Tyr Gly Ser
370 375 380

Gly Ala Ser Asn Glu Val Thr Val Lys Val Gly Ser His Val Asp Asp
385 390 395 400

Gly Ala Lys Met Asn Asp Val Phe Thr Asn Ser Thr Val Ser Val Ser
405 410 415

Gly Gly Ser Phe Thr Phe Lys Leu Asp Asn Gly Asn Pro Ala Ile Phe
420 425 430

Thr Thr Ala
435

<210> 134
<211> 1308
<212> DNA
<213> Syncephalastrum racemosum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1308)

<400> 134

gcg act gct agt gac tgg gaa aat cga gtt atc tac caa ttg ttg aca 48
Ala Thr Ala Ser Asp Trp Glu Asn Arg Val Ile Tyr Gln Leu Leu Thr
1 5 10 15

gat cga ttt gct aaa agc tct gac gac aca aac ggt tgc tcc aac cta 96
Asp Arg Phe Ala Lys Ser Ser Asp Asp Thr Asn Gly Cys Ser Asn Leu
20 25 30

ggc aat tat tgt ggc ggg acg ttt caa ggg att atc aat cat cta gac 144
Gly Asn Tyr Cys Gly Gly Thr Phe Gln Gly Ile Ile Asn His Leu Asp
35 40 45

tat att gcc ggt atg gga ttc gat gcg atc tgg ata tcg cca att cct 192
Tyr Ile Ala Gly Met Gly Phe Asp Ala Ile Trp Ile Ser Pro Ile Pro
50 55 60

gaa aac tcg gat ggg ggg tat cac ggt tac tgg gct acc aac ttt tct 240
Glu Asn Ser Asp Gly Gly Tyr His Gly Tyr Trp Ala Thr Asn Phe Ser
65 70 75 80

gcc atc aac tca cat ttt ggg tcg tct aat gat ttg aag aaa ttg gtg 288
Ala Ile Asn Ser His Phe Gly Ser Ser Asn Asp Leu Lys Lys Leu Val
85 90 95

tca gca gct cat gac aag ggc atg tat gtt atg ctt gac gtg gtt gct 336
Ser Ala Ala His Asp Lys Gly Met Tyr Val Met Leu Asp Val Val Ala
100 105 110

aac cac gtt ggc ata cct tcc tcc agt ggc caa tac tcg gga tac acg 384
Asn His Val Gly Ile Pro Ser Ser Ser Gly Gln Tyr Ser Gly Tyr Thr
115 120 125

ttt gat caa agc tct cag tat cat agt tct tgt gat att aac tat gac 432
Phe Asp Gln Ser Ser Gln Tyr His Ser Ser Cys Asp Ile Asn Tyr Asp
130 135 140

aac caa aac tct att gaa caa tgc tgg atc tct ggc tta cct gat ctt 480
Asn Gln Asn Ser Ile Glu Gln Cys Trp Ile Ser Gly Leu Pro Asp Leu
145 150 155 160

aac acc gaa gat tca gcg gta gtc agc aag cta aac tcg att gtg tca 528
Asn Thr Glu Asp Ser Ala Val Val Ser Lys Leu Asn Ser Ile Val Ser
165 170 175

aac tgg gta tcc gaa tat gac ttt gat ggg ctt cgt att gat act gtc 576
Asn Trp Val Ser Glu Tyr Asp Phe Asp Gly Leu Arg Ile Asp Thr Val
180 185 190

aag cac att cgc aag gat ttt tgg gat ggc tat gta tct gct gca ggt 624
Lys His Ile Arg Lys Asp Phe Trp Asp Gly Tyr Val Ser Ala Ala Gly
195 200 205

gta ttt gcc act ggg gaa gtc ttg aac ggt gct gtt tct tat gtt gct 672
Val Phe Ala Thr Gly Glu Val Leu Asn Gly Ala Val Ser Tyr Val Ala
210 215 220

cca tac caa caa cat gtt ccc tct tta ctc aac tac cca ctg tat ttc 720
Pro Tyr Gln Gln His Val Pro Ser Leu Leu Asn Tyr Pro Leu Tyr Phe
225 230 235 240

ccc gtc aat gat gtg ttc acg aag gct tct acc atg agt cgt ttg gga 768

Pro Val Asn Asp Val Phe Thr Lys Ala Ser Thr Met Ser Arg Leu Gly

245 250 255

tca ggc tat gct gat atc cag tct ggc agc ttt aca aac aga aac cat 816

Ser Gly Tyr Ala Asp Ile Gln Ser Gly Ser Phe Thr Asn Arg Asn His

260 265 270

ctg gtt aac ttt atc gac aac cat gac aat cct cgt ttg tta tcc aag 864

Leu Val Asn Phe Ile Asp Asn His Asp Asn Pro Arg Leu Leu Ser Lys

275 280 285

tct gat cag gtc ttg gtg aag aat gct ctt aca tac acc atg atg att 912

Ser Asp Gln Val Leu Val Lys Asn Ala Leu Thr Tyr Thr Met Met Ile

290 295 300

gaa gga atc cca gcc atg tac tat ggt acc gag caa tca ttc aat gga 960

Glu Gly Ile Pro Ala Met Tyr Tyr Gly Thr Glu Gln Ser Phe Asn Gly

305 310 315 320

ggc tct gac cct gcc aac aga gag gtc tta tgg acc acg aat tat tcg 1008

Gly Ser Asp Pro Ala Asn Arg Glu Val Leu Trp Thr Thr Asn Tyr Ser

325 330 335

acc aca tcc gac atg tac aag ttt gtc act tta ctc gtc aaa aca cgc 1056

Thr Thr Ser Asp Met Tyr Lys Phe Val Thr Leu Leu Val Lys Thr Arg

340 345 350

aag agc tcg gga aac acg gtt act aca ggc att gac cag acc aac aat 1104

Lys Ser Ser Gly Asn Thr Val Thr Thr Gly Ile Asp Gln Thr Asn Asn

355 360 365

gtt tat gtg ttt caa aga gac aag tat ctg gtt gtt gtg aac aat tac 1152

Val Tyr Val Phe Gln Arg Asp Lys Tyr Leu Val Val Val Asn Asn Tyr

370 375 380

ggc tca gga tcc acc aat tcg atc act gta aag gct ggt tca ttc tcc 1200
Gly Ser Gly Ser Thr Asn Ser Ile Thr Val Lys Ala Gly Ser Phe Ser
385 390 395 400

aat ggt gtt acc ctt gtg gat ata ttc tcg aat aaa aca gtg act gtg 1248
Asn Gly Val Thr Leu Val Asp Ile Phe Ser Asn Lys Thr Val Thr Val
405 410 415

tca aac gga tcg atc acc ttc cag ctt caa aat ggt aat cct gct gta 1296
Ser Asn Gly Ser Ile Thr Phe Gln Leu Gln Asn Gly Asn Pro Ala Val
420 425 430

ttc caa agc aaa 1308
Phe Gln Ser Lys
435

<210> 135
<211> 436
<212> PRT
<213> Syncephalastrum racemosum

<400> 135

Ala Thr Ala Ser Asp Trp Glu Asn Arg Val Ile Tyr Gln Leu Leu Thr
1 5 10 15

Asp Arg Phe Ala Lys Ser Ser Asp Asp Thr Asn Gly Cys Ser Asn Leu
20 25 30

Gly Asn Tyr Cys Gly Gly Thr Phe Gln Gly Ile Ile Asn His Leu Asp
35 40 45

Tyr Ile Ala Gly Met Gly Phe Asp Ala Ile Trp Ile Ser Pro Ile Pro
50 55 60

Glu Asn Ser Asp Gly Gly Tyr His Gly Tyr Trp Ala Thr Asn Phe Ser
65 70 75 80

Ala Ile Asn Ser His Phe Gly Ser Ser Asn Asp Leu Lys Lys Leu Val
85 90 95

Ser Ala Ala His Asp Lys Gly Met Tyr Val Met Leu Asp Val Val Ala
100 105 110

Asn His Val Gly Ile Pro Ser Ser Ser Gly Gln Tyr Ser Gly Tyr Thr
115 120 125

Phe Asp Gln Ser Ser Gln Tyr His Ser Ser Cys Asp Ile Asn Tyr Asp
130 135 140

Asn Gln Asn Ser Ile Glu Gln Cys Trp Ile Ser Gly Leu Pro Asp Leu
145 150 155 160

Asn Thr Glu Asp Ser Ala Val Val Ser Lys Leu Asn Ser Ile Val Ser
165 170 175

Asn Trp Val Ser Glu Tyr Asp Phe Asp Gly Leu Arg Ile Asp Thr Val
180 185 190

Lys His Ile Arg Lys Asp Phe Trp Asp Gly Tyr Val Ser Ala Ala Gly
195 200 205

Val Phe Ala Thr Gly Glu Val Leu Asn Gly Ala Val Ser Tyr Val Ala
210 215 220

Pro Tyr Gln Gln His Val Pro Ser Leu Leu Asn Tyr Pro Leu Tyr Phe
225 230 235 240

Pro Val Asn Asp Val Phe Thr Lys Ala Ser Thr Met Ser Arg Leu Gly
245 250 255

Ser Gly Tyr Ala Asp Ile Gln Ser Gly Ser Phe Thr Asn Arg Asn His
260 265 270

Leu Val Asn Phe Ile Asp Asn His Asp Asn Pro Arg Leu Leu Ser Lys
275 280 285

Ser Asp Gln Val Leu Val Lys Asn Ala Leu Thr Tyr Thr Met Met Ile

290 295 300

Glu Gly Ile Pro Ala Met Tyr Tyr Gly Thr Glu Gln Ser Phe Asn Gly
305 310 315 320

Gly Ser Asp Pro Ala Asn Arg Glu Val Leu Trp Thr Thr Asn Tyr Ser
325 330 335

Thr Thr Ser Asp Met Tyr Lys Phe Val Thr Leu Leu Val Lys Thr Arg
340 345 350

Lys Ser Ser Gly Asn Thr Val Thr Thr Gly Ile Asp Gln Thr Asn Asn
355 360 365

Val Tyr Val Phe Gln Arg Asp Lys Tyr Leu Val Val Val Asn Asn Tyr
370 375 380

Gly Ser Gly Ser Thr Asn Ser Ile Thr Val Lys Ala Gly Ser Phe Ser
385 390 395 400

Asn Gly Val Thr Leu Val Asp Ile Phe Ser Asn Lys Thr Val Thr Val
405 410 415

Ser Asn Gly Ser Ile Thr Phe Gln Leu Gln Asn Gly Asn Pro Ala Val
420 425 430

Phe Gln Ser Lys
435

<210> 136
<211> 297
<212> DNA
<213> Coniochaeta sp.

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(297)

<400> 136
gta gcc atc acg ttc aac gag ctc gtg tcc aca gcc tac ggc gat acg 48
Val Ala Ile Thr Phe Asn Glu Leu Val Ser Thr Ala Tyr Gly Asp Thr
1 5 10 15

atc aag ctc tcc ggc aac ata acc gcc cta ggc agc tgg aac gcg gcc 96
Ile Lys Leu Ser Gly Asn Ile Thr Ala Leu Gly Ser Trp Asn Ala Ala
20 25 30

aac gcc gtc agc ctg agc gcg tcg ggg tac acg gcc gcc aac ccg ctg 144
Asn Ala Val Ser Leu Ser Ala Ser Gly Tyr Thr Ala Ala Asn Pro Leu
35 40 45

tgg tcg ggc acg gtg aac ctc gcg ccg ggg acc ggg gtg cag tac aag 192
Trp Ser Gly Thr Val Asn Leu Ala Pro Gly Thr Gly Val Gln Tyr Lys
50 55 60

ttc gtg aag gtc ggc agc tcg gga agc gtc acc tgg gag gcg gac ccg 240
Phe Val Lys Val Gly Ser Ser Gly Ser Val Thr Trp Glu Ala Asp Pro
65 70 75 80

aat cac acg tac gcc gtg ccg tgc gcg ggg gct act gtt agt ggg agc 288
Asn His Thr Tyr Ala Val Pro Cys Ala Gly Ala Thr Val Ser Gly Ser
85 90 95

tgg cag agc 297
Trp Gln Ser

<210> 137
<211> 99
<212> PRT
<213> Coniochaeta sp.

<400> 137

Val Ala Ile Thr Phe Asn Glu Leu Val Ser Thr Ala Tyr Gly Asp Thr
1 5 10 15

Ile Lys Leu Ser Gly Asn Ile Thr Ala Leu Gly Ser Trp Asn Ala Ala
20 25 30

Asn Ala Val Ser Leu Ser Ala Ser Gly Tyr Thr Ala Ala Asn Pro Leu
35 40 45

Trp Ser Gly Thr Val Asn Leu Ala Pro Gly Thr Gly Val Gln Tyr Lys

50 55 60

Phe Val Lys Val Gly Ser Ser Gly Ser Val Thr Trp Glu Ala Asp Pro
65 70 75 80

Asn His Thr Tyr Ala Val Pro Cys Ala Gly Ala Thr Val Ser Gly Ser
85 90 95

Trp Gln Ser

<210> 138
<211> 300
<212> DNA
<213> Trametes corrugata

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(300)

<400> 138
gtt gca gta tcg ttc acg cac agc atc acc act gtg ccc ggc gac act 48
Val Ala Val Ser Phe Thr His Ser Ile Thr Thr Val Pro Gly Asp Thr
1 5 10 15

atc aag atc gcg ggt aac acg acg caa ctc ggt agc tgg act gta gct 96
Ile Lys Ile Ala Gly Asn Thr Thr Gln Leu Gly Ser Trp Thr Val Ala
20 25 30

tcc gca ccc gcg ctc tca gcg tca tcg tac acg tcg agt aac cct gta 144
Ser Ala Pro Ala Leu Ser Ala Ser Ser Tyr Thr Ser Ser Asn Pro Val
35 40 45

tgg acg att acg ctg agc atg ccg gcg aag cag gcg gtg cag tat aag 192
Trp Thr Ile Thr Leu Ser Met Pro Ala Lys Gln Ala Val Gln Tyr Lys
50 55 60

ttt gtt aag gtg gcg agt ggg ggc gcg gtg acg tgg gag agc gat ccg 240
Phe Val Lys Val Ala Ser Gly Gly Ala Val Thr Trp Glu Ser Asp Pro
65 70 75 80

aat cgt agt tat agc gtc ccg gcg tgt cag gcg agt gcg gcg gtg agt 288
Asn Arg Ser Tyr Ser Val Pro Ala Cys Gln Ala Ser Ala Ala Val Ser
85 90 95

agt agt tgg cag 300
Ser Ser Trp Gln
100

<210> 139
<211> 100
<212> PRT
<213> Trametes corrugata

<400> 139

Val Ala Val Ser Phe Thr His Ser Ile Thr Thr Val Pro Gly Asp Thr
1 5 10 15

Ile Lys Ile Ala Gly Asn Thr Thr Gln Leu Gly Ser Trp Thr Val Ala
20 25 30

Ser Ala Pro Ala Leu Ser Ala Ser Ser Tyr Thr Ser Ser Asn Pro Val
35 40 45

Trp Thr Ile Thr Leu Ser Met Pro Ala Lys Gln Ala Val Gln Tyr Lys
50 55 60

Phe Val Lys Val Ala Ser Gly Gly Ala Val Thr Trp Glu Ser Asp Pro
65 70 75 80

Asn Arg Ser Tyr Ser Val Pro Ala Cys Gln Ala Ser Ala Ala Val Ser
85 90 95

Ser Ser Trp Gln
100

<210> 140
<211> 306
<212> DNA
<213> Valsario spartii

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(306)

<400> 140

gtc tcc gtc aca ttc acc aac ctc gtc aca acc cag gtc ggc gac acc 48
Val Ser Val Thr Phe Thr Asn Leu Val Thr Thr Gln Val Gly Asp Thr
1 5 10 15

atc aaa gtc acc ggc aac gtc tcg cag ctg ggc aac tgg aac cct tcc 96
Ile Lys Val Thr Gly Asn Val Ser Gln Leu Gly Asn Trp Asn Pro Ser
20 25 30

tcc gcc ccc gcc tta tcc gca acc gga tac acg gcc agc aac ccc aaa 144
Ser Ala Pro Ala Leu Ser Ala Thr Gly Tyr Thr Ala Ser Asn Pro Lys
35 40 45

tgg agc gga acc gtc aag ttg ccc gcc ggc tcg acg gtg cag tat aag 192
Trp Ser Gly Thr Val Lys Leu Pro Ala Gly Ser Thr Val Gln Tyr Lys
50 55 60

ttt gtg aag gtc gct agc ggg ggt ggc gcc gtg act tgg gag agc gat 240
Phe Val Lys Val Ala Ser Gly Gly Gly Ala Val Thr Trp Glu Ser Asp
65 70 75 80

ccc aac agg agt tat agc gtt cct agt tgt cag gct agc gcg act gtt 288
Pro Asn Arg Ser Tyr Ser Val Pro Ser Cys Gln Ala Ser Ala Thr Val
85 90 95

gat tcg agc tgg aag taa 306
Asp Ser Ser Trp Lys
100

<210> 141
<211> 101

<212> PRT

<213> Valsario spartii

<400> 141

Val Ser Val Thr Phe Thr Asn Leu Val Thr Thr Gln Val Gly Asp Thr
1 5 10 15

Ile Lys Val Thr Gly Asn Val Ser Gln Leu Gly Asn Trp Asn Pro Ser
20 25 30

Ser Ala Pro Ala Leu Ser Ala Thr Gly Tyr Thr Ala Ser Asn Pro Lys
35 40 45

Trp Ser Gly Thr Val Lys Leu Pro Ala Gly Ser Thr Val Gln Tyr Lys
50 55 60

Phe Val Lys Val Ala Ser Gly Gly Gly Ala Val Thr Trp Glu Ser Asp
65 70 75 80

Pro Asn Arg Ser Tyr Ser Val Pro Ser Cys Gln Ala Ser Ala Thr Val
85 90 95

Asp Ser Ser Trp Lys
100

<210> 142

<211> 312

<212> DNA

<213> Penicillium sp.

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(312)

<400> 142

ttg cca gtt ttg ttc aaa gag att gtc acc act tca tac ggg cag agt 48
Leu Pro Val Leu Phe Lys Glu Ile Val Thr Thr Ser Tyr Gly Gln Ser
1 5 10 15

atc tat atc tca ggc tct ata agt caa ctc gga agc tgg gac acg tct 96
Ile Tyr Ile Ser Gly Ser Ile Ser Gln Leu Gly Ser Trp Asp Thr Ser
20 25 30

agc gcc gtt gcc ctc tct gct gat cag tac aca tca tcc agc cat ctg 144
Ser Ala Val Ala Leu Ser Ala Asp Gln Tyr Thr Ser Ser Ser His Leu
35 40 45

tgg tat gtt gtc gtg aca att cca gtg ggc acc tcg ttc cag tac aag 192
Trp Tyr Val Val Val Thr Ile Pro Val Gly Thr Ser Phe Gln Tyr Lys
50 55 60

ttc atc gag gag acg agc ggg tct agt act att act tgg gag agt gat 240
Phe Ile Glu Glu Thr Ser Gly Ser Ser Thr Ile Thr Trp Glu Ser Asp
65 70 75 80

ccg aac cgc tct tat acg gtg cca acg ggc tgt gca ggc tca acg gct 288
Pro Asn Arg Ser Tyr Thr Val Pro Thr Gly Cys Ala Gly Ser Thr Ala

85 90 95

acc gtc aca gcg acc tgg aga tag 312

Thr Val Thr Ala Thr Trp Arg

100

<210> 143

<211> 103

<212> PRT

<213> Penicillium sp.

<400> 143

Leu Pro Val Leu Phe Lys Glu Ile Val Thr Thr Ser Tyr Gly Gln Ser

1 5 10 15

Ile Tyr Ile Ser Gly Ser Ile Ser Gln Leu Gly Ser Trp Asp Thr Ser

20 25 30

Ser Ala Val Ala Leu Ser Ala Asp Gln Tyr Thr Ser Ser Ser His Leu

35 40 45

Trp Tyr Val Val Val Thr Ile Pro Val Gly Thr Ser Phe Gln Tyr Lys

50 55 60

Phe Ile Glu Glu Thr Ser Gly Ser Ser Thr Ile Thr Trp Glu Ser Asp

65 70 75 80

Pro Asn Arg Ser Tyr Thr Val Pro Thr Gly Cys Ala Gly Ser Thr Ala
85 90 95

Thr Val Thr Ala Thr Trp Arg
100

<210> 144
<211> 123
<212> DNA
<213> Coniochaeta sp.

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(123)

<400> 144
acg acg tcg acg agt acg ggg acg agc tcg acc acg agg acg ggg acg 48
Thr Thr Ser Thr Ser Thr Gly Thr Ser Ser Thr Thr Arg Thr Gly Thr
1 5 10 15

acg ctg acg acg tcc acg aag act acg gcg tcg acg acg acg acg aag 96
Thr Leu Thr Thr Ser Thr Lys Thr Thr Ala Ser Thr Thr Thr Thr Lys
20 25 30

agc agc agt tcc tgc acc gcc aca gca 123
Ser Ser Ser Ser Cys Thr Ala Thr Ala
35 40

<210> 145

<211> 41

<212> PRT

<213> Coniochaeta sp.

<400> 145

Thr Thr Ser Thr Ser Thr Gly Thr Ser Ser Thr Thr Arg Thr Gly Thr
1 5 10 15

Thr Leu Thr Thr Ser Thr Lys Thr Thr Ala Ser Thr Thr Thr Thr Lys
20 25 30

Ser Ser Ser Ser Cys Thr Ala Thr Ala
35 40

<210> 146

<211> 30

<212> DNA

<213> Trametes corrugata

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(30)

<400> 146

act acc aca gcc tcc gcg tgt ccg act tcc 30
Thr Thr Thr Ala Ser Ala Cys Pro Thr Ser
1 5 10

<210> 147

<211> 10

<212> PRT

<213> Trametes corrugata

<400> 147

Thr Thr Thr Ala Ser Ala Cys Pro Thr Ser
1 5 10

<210> 148

<211> 33

<212> DNA

<213> Valsario spartii

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(33)

<400> 148

acc acc tcc cca acc gcc ggc tgc ccc tcc acc 33
Thr Thr Ser Pro Thr Ala Gly Cys Pro Ser Thr
1 5 10

<210> 149

<211> 11

<212> PRT

<213> Valsario spartii

<400> 149

Thr Thr Ser Pro Thr Ala Gly Cys Pro Ser Thr
1 5 10

<210> 150
<211> 132
<212> DNA
<213> Penicillium sp.

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(132)

<400> 150
act acc aca acc tcg tcg acg gct tct act tca acg aca acg tca acc 48
Thr Thr Thr Thr Ser Ser Thr Ala Ser Thr Ser Thr Thr Thr Ser Thr
1 5 10 15

aca ctg aag act acc acg aca acg tca act act tcg aaa act act acg 96
Thr Leu Lys Thr Thr Thr Thr Thr Ser Thr Thr Ser Lys Thr Thr Thr
20 25 30

tcc act aca tcc acg agc tgc aca cag gct act gca 132
Ser Thr Thr Ser Thr Ser Cys Thr Gln Ala Thr Ala
35 40

<210> 151
<211> 44

<212> PRT

<213> Penicillium sp.

<400> 151

Thr Thr Thr Thr Ser Ser Thr Ala Ser Thr Ser Thr Thr Thr Ser Thr
1 5 10 15

Thr Leu Lys Thr Thr Thr Thr Thr Ser Thr Thr Ser Lys Thr Thr Thr
20 25 30

Ser Thr Thr Ser Thr Ser Cys Thr Gln Ala Thr Ala
35 40

<210> 152

<400> 152
000

<210> 153

<400> 153
000

<210> 154

<211> 1221

<212> DNA

<213> Streptomyces limosus

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1221)

<400> 154

gcc ccg ccc ggg gcg aag gac gtc acc gcc gtc ctc ttc gag tgg aag 48
Ala Pro Pro Gly Ala Lys Asp Val Thr Ala Val Leu Phe Glu Trp Lys
1 5 10 15

ttc gcc tcc gta gcc cgc gcc tgc acc gac agc ctc ggc ccg gcc ggc 96
Phe Ala Ser Val Ala Arg Ala Cys Thr Asp Ser Leu Gly Pro Ala Gly
20 25 30

tac gga tac gtc cag gtc tcg ccg ccc cag gag cac atc cag ggc agc 144
Tyr Gly Tyr Val Gln Val Ser Pro Pro Gln Glu His Ile Gln Gly Ser
35 40 45

cag tgg tgg acc tcc tac cag ccc gtc agc tac aag atc gcc gga cgg 192
Gln Trp Trp Thr Ser Tyr Gln Pro Val Ser Tyr Lys Ile Ala Gly Arg
50 55 60

ctc ggc gac cgc gcc gcc ttc aag tcc atg gtc gac acc tgc cac gcg 240
Leu Gly Asp Arg Ala Ala Phe Lys Ser Met Val Asp Thr Cys His Ala
65 70 75 80

gcc ggc gtc aag gtc gtc gcc gac tcg gtc atc aac cac atg gcc gcg 288
Ala Gly Val Lys Val Val Ala Asp Ser Val Ile Asn His Met Ala Ala
85 90 95

ggt tcc ggc acc ggc acc ggc ggc agc gcg tac cag aag tac gac tac 336
Gly Ser Gly Thr Gly Thr Gly Gly Ser Ala Tyr Gln Lys Tyr Asp Tyr
100 105 110

ccg ggc atc tgg tcc ggc gcc gac atg gac gac tgc cgc agc gag atc 384
Pro Gly Ile Trp Ser Gly Ala Asp Met Asp Asp Cys Arg Ser Glu Ile
115 120 125

aac gac tac ggc aac cgc gcc aac gtc cag aac tgc gaa ctg gtc ggc 432
Asn Asp Tyr Gly Asn Arg Ala Asn Val Gln Asn Cys Glu Leu Val Gly
130 135 140

ctc gcc gac ctc gac acc ggt gag tcg tac gtc cgc gac cgc atc gcc 480
Leu Ala Asp Leu Asp Thr Gly Glu Ser Tyr Val Arg Asp Arg Ile Ala
145 150 155 160

gcc tac ctc aac gac ctg ctc tcg ctc ggt gtg gac ggc ttc cgc atc 528
Ala Tyr Leu Asn Asp Leu Leu Ser Leu Gly Val Asp Gly Phe Arg Ile
165 170 175

gac gcc gcc aag cac atg ccc gcc gcc gac ctc acc gcc atc aag gcc 576
Asp Ala Ala Lys His Met Pro Ala Ala Asp Leu Thr Ala Ile Lys Ala
180 185 190

aag gtc ggc aac ggg agc acg tac tgg aag cag gag gcc atc cac ggc 624
Lys Val Gly Asn Gly Ser Thr Tyr Trp Lys Gln Glu Ala Ile His Gly
195 200 205

gcg ggc gag gcc gtc cag ccc agc gag tac ctc ggc acc ggc gac gtc 672
Ala Gly Glu Ala Val Gln Pro Ser Glu Tyr Leu Gly Thr Gly Asp Val
210 215 220

cag gag ttc cgc tac gcc cgc gac ctc aag cgg gtc ttc cag aac gag 720
Gln Glu Phe Arg Tyr Ala Arg Asp Leu Lys Arg Val Phe Gln Asn Glu
225 230 235 240

aac ctc gcc cac ctg aag aac ttc ggc gag gac tgg ggc tac atg gcg 768

Asn Leu Ala His Leu Lys Asn Phe Gly Glu Asp Trp Gly Tyr Met Ala
245 250 255

agc ggc aag tcc gcc gtc ttc gtc gac aac cac gac acc gag cgg ggc 816
Ser Gly Lys Ser Ala Val Phe Val Asp Asn His Asp Thr Glu Arg Gly
260 265 270

ggc gac acc ctc aac tac aag aac ggc tcc gcc tac acc ctc gcc ggc 864
Gly Asp Thr Leu Asn Tyr Lys Asn Gly Ser Ala Tyr Thr Leu Ala Gly
275 280 285

gtc ttc atg ctg gcc tgg ccc tac ggc tcc ccg gac gtc cac tcc ggc 912
Val Phe Met Leu Ala Trp Pro Tyr Gly Ser Pro Asp Val His Ser Gly
290 295 300

tac gag ttc acc gac cac gac gcc ggc ccg ccc aac ggc ggc acc gtc 960
Tyr Glu Phe Thr Asp His Asp Ala Gly Pro Pro Asn Gly Gly Thr Val
305 310 315 320

aac gcc tgc tac agc gac ggc tgg aag tgc cag cac gcc tgg ccc gag 1008
Asn Ala Cys Tyr Ser Asp Gly Trp Lys Cys Gln His Ala Trp Pro Glu
325 330 335

ctc tcc tcc atg gtc ggc ctg cgc aac acc gcc tcc ggg cag ccc gtc 1056
Leu Ser Ser Met Val Gly Leu Arg Asn Thr Ala Ser Gly Gln Pro Val
340 345 350

acc aac tgg tgg gac aac ggc ggc gac cag atc gcc ttc ggc cgc ggc 1104
Thr Asn Trp Trp Asp Asn Gly Gly Asp Gln Ile Ala Phe Gly Arg Gly
355 360 365

gac aag gcg tac gtc gcc atc aac cac gag ggc tcc gcg ctg aac cgc 1152
Asp Lys Ala Tyr Val Ala Ile Asn His Glu Gly Ser Ala Leu Asn Arg

370 375 380

acc ttc cag agc ggc ctg ccc ggc ggc gcc tac tgc gac gtc cag agc 1200
Thr Phe Gln Ser Gly Leu Pro Gly Gly Ala Tyr Cys Asp Val Gln Ser
385 390 395 400

ggc agg tcc gtc acg gtc ggc 1221
Gly Arg Ser Val Thr Val Gly
405

<210> 155
<211> 407
<212> PRT
<213> Streptomyces limosus

<400> 155

Ala Pro Pro Gly Ala Lys Asp Val Thr Ala Val Leu Phe Glu Trp Lys
1 5 10 15

Phe Ala Ser Val Ala Arg Ala Cys Thr Asp Ser Leu Gly Pro Ala Gly
20 25 30

Tyr Gly Tyr Val Gln Val Ser Pro Pro Gln Glu His Ile Gln Gly Ser
35 40 45

Gln Trp Trp Thr Ser Tyr Gln Pro Val Ser Tyr Lys Ile Ala Gly Arg
50 55 60

Leu Gly Asp Arg Ala Ala Phe Lys Ser Met Val Asp Thr Cys His Ala
65 70 75 80

Ala Gly Val Lys Val Val Ala Asp Ser Val Ile Asn His Met Ala Ala
85 90 95

Gly Ser Gly Thr Gly Thr Gly Gly Ser Ala Tyr Gln Lys Tyr Asp Tyr
100 105 110

Pro Gly Ile Trp Ser Gly Ala Asp Met Asp Asp Cys Arg Ser Glu Ile
115 120 125

Asn Asp Tyr Gly Asn Arg Ala Asn Val Gln Asn Cys Glu Leu Val Gly
130 135 140

Leu Ala Asp Leu Asp Thr Gly Glu Ser Tyr Val Arg Asp Arg Ile Ala
145 150 155 160

Ala Tyr Leu Asn Asp Leu Leu Ser Leu Gly Val Asp Gly Phe Arg Ile
165 170 175

Asp Ala Ala Lys His Met Pro Ala Ala Asp Leu Thr Ala Ile Lys Ala
180 185 190

Lys Val Gly Asn Gly Ser Thr Tyr Trp Lys Gln Glu Ala Ile His Gly
195 200 205

Ala Gly Glu Ala Val Gln Pro Ser Glu Tyr Leu Gly Thr Gly Asp Val
210 215 220

Gln Glu Phe Arg Tyr Ala Arg Asp Leu Lys Arg Val Phe Gln Asn Glu
225 230 235 240

Asn Leu Ala His Leu Lys Asn Phe Gly Glu Asp Trp Gly Tyr Met Ala
245 250 255

Ser Gly Lys Ser Ala Val Phe Val Asp Asn His Asp Thr Glu Arg Gly
260 265 270

Gly Asp Thr Leu Asn Tyr Lys Asn Gly Ser Ala Tyr Thr Leu Ala Gly
275 280 285

Val Phe Met Leu Ala Trp Pro Tyr Gly Ser Pro Asp Val His Ser Gly
290 295 300

Tyr Glu Phe Thr Asp His Asp Ala Gly Pro Pro Asn Gly Gly Thr Val
305 310 315 320

Asn Ala Cys Tyr Ser Asp Gly Trp Lys Cys Gln His Ala Trp Pro Glu

325 330 335

Leu Ser Ser Met Val Gly Leu Arg Asn Thr Ala Ser Gly Gln Pro Val
340 345 350

Thr Asn Trp Trp Asp Asn Gly Gly Asp Gln Ile Ala Phe Gly Arg Gly
355 360 365

Asp Lys Ala Tyr Val Ala Ile Asn His Glu Gly Ser Ala Leu Asn Arg
370 375 380

Thr Phe Gln Ser Gly Leu Pro Gly Gly Ala Tyr Cys Asp Val Gln Ser
385 390 395 400

Gly Arg Ser Val Thr Val Gly
405

<210> 156
<211> 1443
<212> DNA
<213> Absidia cristata

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1443)

<220>

<221> sig_peptide

<222> (1)..(120)

<220>

<221> misc_feature

<222> (121)..(1443)

<223> Catalytic domain

<400> 156

atg cat cca acg cgt tgg gag ctc tcc cat atg gtc gac ctg cag gcg 48
Met His Pro Thr Arg Trp Glu Leu Ser His Met Val Asp Leu Gln Ala
1 5 10 15

gcc gca cta gtg att atg aag ctt tcc att ctt aca tta tcc aca ctc 96
Ala Ala Leu Val Ile Met Lys Leu Ser Ile Leu Thr Leu Ser Thr Leu
20 25 30

ctt tgt gct act gct gtt ctt ggt cgt ccc att gtg aag cgt gca ggc 144
Leu Cys Ala Thr Ala Val Leu Gly Arg Pro Ile Val Lys Arg Ala Gly
35 40 45

gcc gat gat tgg aga tca cgt tcc atc tat caa tta ttg act gat cgc 192
Ala Asp Asp Trp Arg Ser Arg Ser Ile Tyr Gln Leu Leu Thr Asp Arg
50 55 60

ttt gct ggt ggc ggt gat tgt tct gat tta tcc gat tat tgt ggt ggt 240
Phe Ala Gly Gly Gly Asp Cys Ser Asp Leu Ser Asp Tyr Cys Gly Gly
65 70 75 80

aat tat aaa ggc atg att gaa cac ctg gat tat atc caa gga atg gga 288
Asn Tyr Lys Gly Met Ile Glu His Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly
85 90 95

ttc gat gcc atc tgg att tcc ccc atc cct acc aac tca ccc ggc ggt 336
Phe Asp Ala Ile Trp Ile Ser Pro Ile Pro Thr Asn Ser Pro Gly Gly
100 105 110

tac cat ggc tac tgg gca act gac ttc aat ggt tta aat gaa aac ttt 384
Tyr His Gly Tyr Trp Ala Thr Asp Phe Asn Gly Leu Asn Glu Asn Phe
115 120 125

gga acc aag gac gat ctc aag gct ttg gtg gat gca gca cat aag ctc 432
Gly Thr Lys Asp Asp Leu Lys Ala Leu Val Asp Ala Ala His Lys Leu
130 135 140

gac atg tat gtc atg ttg gat gtc gtt gcc aat cat gct gga caa ccc 480
Asp Met Tyr Val Met Leu Asp Val Val Ala Asn His Ala Gly Gln Pro
145 150 155 160

agt acg gca ggt gac tat tct ggc tac aca ttc gat tct aaa gac caa 528
Ser Thr Ala Gly Asp Tyr Ser Gly Tyr Thr Phe Asp Ser Lys Asp Gln
165 170 175

tac cat tcc caa tgc aaa atc gat tat gat gat caa aac tct att gag 576
Tyr His Ser Gln Cys Lys Ile Asp Tyr Asp Asp Gln Asn Ser Ile Glu
180 185 190

cag tgt tgg gtg gct gat gtg ttg cct gac atc aac act gag gat gat 624
Gln Cys Trp Val Ala Asp Val Leu Pro Asp Ile Asn Thr Glu Asp Asp
195 200 205

aac gtg gtc aag acg ctc aat gat att gtc agc aac tgg gta act aca 672
Asn Val Val Lys Thr Leu Asn Asp Ile Val Ser Asn Trp Val Thr Thr
210 215 220

tat ggc ttt gat ggt att cgc att gac act gtc aag cat gta cgt caa 720
Tyr Gly Phe Asp Gly Ile Arg Ile Asp Thr Val Lys His Val Arg Gln
225 230 235 240

gac ttt tgg gat gga tac aat gaa gca gct ggt gta ttt gct aca gga 768
Asp Phe Trp Asp Gly Tyr Asn Glu Ala Ala Gly Val Phe Ala Thr Gly
245 250 255

gaa gtc ttt gat ggt gat tca tcc tat gtt ggt gga tat caa aag cat 816
Glu Val Phe Asp Gly Asp Ser Ser Tyr Val Gly Gly Tyr Gln Lys His
260 265 270

ttg gac tcg ctt ctc aat tac cca atg tat tac gca ctc aat gat gta 864
Leu Asp Ser Leu Leu Asn Tyr Pro Met Tyr Tyr Ala Leu Asn Asp Val
275 280 285

ttt ggt tct gga aag ggt ttt agt cgt atc agc gag atg att gca acc 912
Phe Gly Ser Gly Lys Gly Phe Ser Arg Ile Ser Glu Met Ile Ala Thr
290 295 300

aat gca gat gca ttt gct gat acc agt gtt ctg acc aac ttt att gac 960
Asn Ala Asp Ala Phe Ala Asp Thr Ser Val Leu Thr Asn Phe Ile Asp
305 310 315 320

aac cat gat aac cca cgt ttc ctt aat acc aac aag gat act act ctc 1008
Asn His Asp Asn Pro Arg Phe Leu Asn Thr Asn Lys Asp Thr Thr Leu
325 330 335

ttc aag aac gct ttg acc tac gtg ttg ctc gct gat ggt att cca gtg 1056
Phe Lys Asn Ala Leu Thr Tyr Val Leu Leu Ala Asp Gly Ile Pro Val
340 345 350

gtg tat tat gga tca gaa caa ggc ttt tca ggt ggt gct gat cct gcc 1104

Val Tyr Tyr Gly Ser Glu Gln Gly Phe Ser Gly Gly Ala Asp Pro Ala
355 360 365

aat cgt gaa gca tta tgg tca act gac ttt gac acc tcg tcc gat ttg 1152
Asn Arg Glu Ala Leu Trp Ser Thr Asp Phe Asp Thr Ser Ser Asp Leu
370 375 380

tac aag ttt atg gct act gtc aac aag gat gtt cgt caa aag gaa aac 1200
Tyr Lys Phe Met Ala Thr Val Asn Lys Asp Val Arg Gln Lys Glu Asn
385 390 395 400

aaa aag gtg gtg atg gat gtt gat gtg caa gac aac gtg tat gca ttc 1248
Lys Lys Val Val Met Asp Val Asp Val Gln Asp Asn Val Tyr Ala Phe
405 410 415

atg cac ggc gat gct ctt gtg gta ttg aac aac tac ggc agt gga gcc 1296
Met His Gly Asp Ala Leu Val Val Leu Asn Asn Tyr Gly Ser Gly Ala
420 425 430

agc aac gag gtt act gtc aag gtc gga tca cat gtt gat gat gga gcc 1344
Ser Asn Glu Val Thr Val Lys Val Gly Ser His Val Asp Asp Gly Ala
435 440 445

aag atg aac gac gtc ttt acc aat agc aca gtc tcg gta tct ggt ggt 1392
Lys Met Asn Asp Val Phe Thr Asn Ser Thr Val Ser Val Ser Gly Gly
450 455 460

tca ttc act ttc aaa ctt gac aat gga aat cct gcc atc ttt acc act 1440
Ser Phe Thr Phe Lys Leu Asp Asn Gly Asn Pro Ala Ile Phe Thr Thr
465 470 475 480

gct 1443
Ala

<210> 157

<211> 481

<212> PRT

<213> Absidia cristata

<400> 157

Met His Pro Thr Arg Trp Glu Leu Ser His Met Val Asp Leu Gln Ala
1 5 10 15

Ala Ala Leu Val Ile Met Lys Leu Ser Ile Leu Thr Leu Ser Thr Leu
20 25 30

Leu Cys Ala Thr Ala Val Leu Gly Arg Pro Ile Val Lys Arg Ala Gly
35 40 45

Ala Asp Asp Trp Arg Ser Arg Ser Ile Tyr Gln Leu Leu Thr Asp Arg
50 55 60

Phe Ala Gly Gly Gly Asp Cys Ser Asp Leu Ser Asp Tyr Cys Gly Gly
65 70 75 80

Asn Tyr Lys Gly Met Ile Glu His Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly
85 90 95

Phe Asp Ala Ile Trp Ile Ser Pro Ile Pro Thr Asn Ser Pro Gly Gly
100 105 110

Tyr His Gly Tyr Trp Ala Thr Asp Phe Asn Gly Leu Asn Glu Asn Phe
115 120 125

Gly Thr Lys Asp Asp Leu Lys Ala Leu Val Asp Ala Ala His Lys Leu
130 135 140

Asp Met Tyr Val Met Leu Asp Val Val Ala Asn His Ala Gly Gln Pro
145 150 155 160

Ser Thr Ala Gly Asp Tyr Ser Gly Tyr Thr Phe Asp Ser Lys Asp Gln
165 170 175

Tyr His Ser Gln Cys Lys Ile Asp Tyr Asp Asp Gln Asn Ser Ile Glu
180 185 190

Gln Cys Trp Val Ala Asp Val Leu Pro Asp Ile Asn Thr Glu Asp Asp
195 200 205

Asn Val Val Lys Thr Leu Asn Asp Ile Val Ser Asn Trp Val Thr Thr
210 215 220

Tyr Gly Phe Asp Gly Ile Arg Ile Asp Thr Val Lys His Val Arg Gln
225 230 235 240

Asp Phe Trp Asp Gly Tyr Asn Glu Ala Ala Gly Val Phe Ala Thr Gly
245 250 255

Glu Val Phe Asp Gly Asp Ser Ser Tyr Val Gly Gly Tyr Gln Lys His
260 265 270

Leu Asp Ser Leu Leu Asn Tyr Pro Met Tyr Tyr Ala Leu Asn Asp Val
275 280 285

Phe Gly Ser Gly Lys Gly Phe Ser Arg Ile Ser Glu Met Ile Ala Thr
290 295 300

Asn Ala Asp Ala Phe Ala Asp Thr Ser Val Leu Thr Asn Phe Ile Asp
305 310 315 320

Asn His Asp Asn Pro Arg Phe Leu Asn Thr Asn Lys Asp Thr Thr Leu
325 330 335

Phe Lys Asn Ala Leu Thr Tyr Val Leu Leu Ala Asp Gly Ile Pro Val
340 345 350

Val Tyr Tyr Gly Ser Glu Gln Gly Phe Ser Gly Gly Ala Asp Pro Ala

355 360 365

Asn Arg Glu Ala Leu Trp Ser Thr Asp Phe Asp Thr Ser Ser Asp Leu
370 375 380

Tyr Lys Phe Met Ala Thr Val Asn Lys Asp Val Arg Gln Lys Glu Asn
385 390 395 400

Lys Lys Val Val Met Asp Val Asp Val Gln Asp Asn Val Tyr Ala Phe
405 410 415

Met His Gly Asp Ala Leu Val Val Leu Asn Asn Tyr Gly Ser Gly Ala
420 425 430

Ser Asn Glu Val Thr Val Lys Val Gly Ser His Val Asp Asp Gly Ala
435 440 445

Lys Met Asn Asp Val Phe Thr Asn Ser Thr Val Ser Val Ser Gly Gly
450 455 460

Ser Phe Thr Phe Lys Leu Asp Asn Gly Asn Pro Ala Ile Phe Thr Thr
465 470 475 480

Ala

<210> 158

<211> 1878

<212> DNA

<213> Acremonium sp.

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1878)

<220>

<221> sig_peptide

<222> (1)..(63)

<220>

<221> misc_feature

<222> (64)..(1506)

<223> Catalytic domain

<220>

<221> misc_feature

<222> (1507)..(1584)

<223> Linker

<220>

<221> misc_feature

<222> (1585)..(1878)

<223> CBM

<400> 158

atg cgc act ctc cac caa gcc ctt ctt gtc ctg gcc gga gca gtc ctg 48

Met Arg Thr Leu His Gln Ala Leu Leu Val Leu Ala Gly Ala Val Leu
1 5 10 15

gaa gct tcg caa ggt gct gcc ggg ctc tcg gct gcc gag tgg cgg agc 96
Glu Ala Ser Gln Gly Ala Ala Gly Leu Ser Ala Ala Glu Trp Arg Ser
20 25 30

cag tcc atc tac cag gtt gtc acc gac agg ttc gcc cgg acc gac ctg 144
Gln Ser Ile Tyr Gln Val Val Thr Asp Arg Phe Ala Arg Thr Asp Leu
35 40 45

tcg acc acg gcg tcg tgc aac acg gca gac caa gtc tac tgc gga ggg 192
Ser Thr Thr Ala Ser Cys Asn Thr Ala Asp Gln Val Tyr Cys Gly Gly
50 55 60

aca tgg cag ggg ctc atc tcc aag ctg gac tac atc cag ggc atg ggt 240
Thr Trp Gln Gly Leu Ile Ser Lys Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly
65 70 75 80

ttc acc gcc gta tgg atc tca cca gtg gtc aag cag gtg gaa ggc aat 288
Phe Thr Ala Val Trp Ile Ser Pro Val Val Lys Gln Val Glu Gly Asn
85 90 95

tcc cag gac ggg tcg gcc tat cac gga tac tgg gcg cag gat atc tgg 336
Ser Gln Asp Gly Ser Ala Tyr His Gly Tyr Trp Ala Gln Asp Ile Trp
100 105 110

gcc ttg aat ccg gct ttt ggg acc gag gag gat ctc gct gcg ctt gcc 384
Ala Leu Asn Pro Ala Phe Gly Thr Glu Glu Asp Leu Ala Ala Leu Ala
115 120 125

gcg gcg ctg cat gcc cga ggc atg tac ctc atg gtt gac att gtc acc 432
Ala Ala Leu His Ala Arg Gly Met Tyr Leu Met Val Asp Ile Val Thr

130 135 140

aac cac atg gca tac atg ggc tgc ggc acc tgt gta gac tac agc ctg 480
Asn His Met Ala Tyr Met Gly Cys Gly Thr Cys Val Asp Tyr Ser Leu
145 150 155 160

ttc aac ccc ttc tca tcg tca tcg tac ttc cac cca tat tgc gcc atc 528
Phe Asn Pro Phe Ser Ser Ser Ser Tyr Phe His Pro Tyr Cys Ala Ile
165 170 175

gac tac agc aac cag acg tcg gtc gag gtt tgc tgg caa ggg gat aac 576
Asp Tyr Ser Asn Gln Thr Ser Val Glu Val Cys Trp Gln Gly Asp Asn
180 185 190

att gtc agt ctg cct gac ctg cgc acc gag gat gac acg gtg cgc agc 624
Ile Val Ser Leu Pro Asp Leu Arg Thr Glu Asp Asp Thr Val Arg Ser
195 200 205

atc tgg aac cgc tgg gtt agc cag ctc gtg tcc aac tac tcc atc gac 672
Ile Trp Asn Arg Trp Val Ser Gln Leu Val Ser Asn Tyr Ser Ile Asp
210 215 220

ggc ttc cga gtc gac agc gca aaa cac gtc gag acg tcc ttt tgg caa 720
Gly Phe Arg Val Asp Ser Ala Lys His Val Glu Thr Ser Phe Trp Gln
225 230 235 240

gac ttc tcg aca gcg gcg ggc gtg tac ctg ctg ggc gag gtc ttt gac 768
Asp Phe Ser Thr Ala Ala Gly Val Tyr Leu Leu Gly Glu Val Phe Asp
245 250 255

ggg gac ccg tcg tac gtg gcg cct tac cag aac tac ctc aac ggg gtt 816
Gly Asp Pro Ser Tyr Val Ala Pro Tyr Gln Asn Tyr Leu Asn Gly Val
260 265 270

ctg gat tat ccc agc tac tac tgg atc ctc cgg gct ttc cag tca tcc 864
Leu Asp Tyr Pro Ser Tyr Tyr Trp Ile Leu Arg Ala Phe Gln Ser Ser
275 280 285

agc ggc agc atc agc gac ctc gtc tcc ggg ctc aac acg ctc cat ggc 912
Ser Gly Ser Ile Ser Asp Leu Val Ser Gly Leu Asn Thr Leu His Gly
290 295 300

gtt gct ctg gac ctg agt cta tat ggg tcc ttc ctc gag aac cac gat 960
Val Ala Leu Asp Leu Ser Leu Tyr Gly Ser Phe Leu Glu Asn His Asp
305 310 315 320

gtg gcg cgg ttt gcg tcc ttc acg cag gac atg tcc cta gcg aag aat 1008
Val Ala Arg Phe Ala Ser Phe Thr Gln Asp Met Ser Leu Ala Lys Asn
325 330 335

gcc atc gca ttc aca atg ctg aaa gac ggc atc ccc atc ata tac cag 1056
Ala Ile Ala Phe Thr Met Leu Lys Asp Gly Ile Pro Ile Ile Tyr Gln
340 345 350

gga caa gag caa cat tac gct ggc gga acg acg ccc aac aac cgc gag 1104
Gly Gln Glu Gln His Tyr Ala Gly Gly Thr Thr Pro Asn Asn Arg Glu
355 360 365

gcg ctc tgg ctc tcg ggc tac tcg act agc tcc gag ctc tac aag tgg 1152
Ala Leu Trp Leu Ser Gly Tyr Ser Thr Ser Ser Glu Leu Tyr Lys Trp
370 375 380

att gcc gcc ttg aac cag atc cgg gcc cga gct att gct caa gat agc 1200
Ile Ala Ala Leu Asn Gln Ile Arg Ala Arg Ala Ile Ala Gln Asp Ser
385 390 395 400

ggc tac ctc tcc tac agc agc caa gcc atc tac tcg gac agc cat acc 1248
Gly Tyr Leu Ser Tyr Ser Ser Gln Ala Ile Tyr Ser Asp Ser His Thr
405 410 415

att gcc atg cgc aaa ggt acc tcg gga tac cag atc gtg ggc gtg ttc 1296
Ile Ala Met Arg Lys Gly Thr Ser Gly Tyr Gln Ile Val Gly Val Phe
420 425 430

acc aat gtc ggg gcc tcg tcg tcg gct acg gtc acc cta acc tct tcc 1344
Thr Asn Val Gly Ala Ser Ser Ser Ala Thr Val Thr Leu Thr Ser Ser
435 440 445

gca acg ggc ttc ggg gcg aac caa gca ctc gtc gac gtg atg agc tgc 1392
Ala Thr Gly Phe Gly Ala Asn Gln Ala Leu Val Asp Val Met Ser Cys
450 455 460

acc gct tac acc aca gat tcg acg gga gcc ctc acg gta acc ctg aac 1440
Thr Ala Tyr Thr Thr Asp Ser Thr Gly Ala Leu Thr Val Thr Leu Asn
465 470 475 480

gac ggc ctg ccc aag gtg ctt tat ccg att gcg cgg ctc tcg ggc agc 1488
Asp Gly Leu Pro Lys Val Leu Tyr Pro Ile Ala Arg Leu Ser Gly Ser
485 490 495

ggt atc tgc cca ggg cag acc agc aca gcg ctg ccg acg tca agc ttg 1536
Gly Ile Cys Pro Gly Gln Thr Ser Thr Ala Leu Pro Thr Ser Ser Leu
500 505 510

act gca gca tca gcc acg acg act gcc tca gcc tgc tcc ttg tcg gcg 1584
Thr Ala Ala Ser Ala Thr Thr Thr Ala Ser Ala Cys Ser Leu Ser Ala
515 520 525

gtg aac atc acc ttc aac gag ctc gtc acc acg gtg tgg ggg gac acg 1632

Val Asn Ile Thr Phe Asn Glu Leu Val Thr Thr Val Trp Gly Asp Thr

530 535 540

atc aag ctg gcc ggc aac ata tcc gct ctc ggc agc tgg agc cca agc 1680
Ile Lys Leu Ala Gly Asn Ile Ser Ala Leu Gly Ser Trp Ser Pro Ser
545 550 555 560

agc gcc ttg aca ctg agc gca tcg cag tat tca caa agc aat ccg ctc 1728
Ser Ala Leu Thr Leu Ser Ala Ser Gln Tyr Ser Gln Ser Asn Pro Leu
565 570 575

tgg tcg gtc tca acc ctg ctc ggt cca gga acg gtg atc gag tac aag 1776
Trp Ser Val Ser Thr Leu Leu Gly Pro Gly Thr Val Ile Glu Tyr Lys
580 585 590

ttt atc aag gtc agc gcc tcc ggg act gta acg tgg gag tca gac ccg 1824
Phe Ile Lys Val Ser Ala Ser Gly Thr Val Thr Trp Glu Ser Asp Pro
595 600 605

aac cgc gtc tac act gtg ccc tgc gca act gcg acg gtc agt agc act 1872
Asn Arg Val Tyr Thr Val Pro Cys Ala Thr Ala Thr Val Ser Ser Thr
610 615 620

tgg cga 1878
Trp Arg
625

<210> 159
<211> 626
<212> PRT
<213> Acremonium sp.

<400> 159

Met Arg Thr Leu His Gln Ala Leu Leu Val Leu Ala Gly Ala Val Leu
1 5 10 15

Glu Ala Ser Gln Gly Ala Ala Gly Leu Ser Ala Ala Glu Trp Arg Ser
20 25 30

Gln Ser Ile Tyr Gln Val Val Thr Asp Arg Phe Ala Arg Thr Asp Leu
35 40 45

Ser Thr Thr Ala Ser Cys Asn Thr Ala Asp Gln Val Tyr Cys Gly Gly
50 55 60

Thr Trp Gln Gly Leu Ile Ser Lys Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly
65 70 75 80

Phe Thr Ala Val Trp Ile Ser Pro Val Val Lys Gln Val Glu Gly Asn
85 90 95

Ser Gln Asp Gly Ser Ala Tyr His Gly Tyr Trp Ala Gln Asp Ile Trp
100 105 110

Ala Leu Asn Pro Ala Phe Gly Thr Glu Glu Asp Leu Ala Ala Leu Ala
115 120 125

Ala Ala Leu His Ala Arg Gly Met Tyr Leu Met Val Asp Ile Val Thr
130 135 140

Asn His Met Ala Tyr Met Gly Cys Gly Thr Cys Val Asp Tyr Ser Leu
145 150 155 160

Phe Asn Pro Phe Ser Ser Ser Ser Tyr Phe His Pro Tyr Cys Ala Ile
165 170 175

Asp Tyr Ser Asn Gln Thr Ser Val Glu Val Cys Trp Gln Gly Asp Asn
180 185 190

Ile Val Ser Leu Pro Asp Leu Arg Thr Glu Asp Asp Thr Val Arg Ser
195 200 205

Ile Trp Asn Arg Trp Val Ser Gln Leu Val Ser Asn Tyr Ser Ile Asp
210 215 220

Gly Phe Arg Val Asp Ser Ala Lys His Val Glu Thr Ser Phe Trp Gln
225 230 235 240

Asp Phe Ser Thr Ala Ala Gly Val Tyr Leu Leu Gly Glu Val Phe Asp
245 250 255

Gly Asp Pro Ser Tyr Val Ala Pro Tyr Gln Asn Tyr Leu Asn Gly Val
260 265 270

Leu Asp Tyr Pro Ser Tyr Tyr Trp Ile Leu Arg Ala Phe Gln Ser Ser
275 280 285

Ser Gly Ser Ile Ser Asp Leu Val Ser Gly Leu Asn Thr Leu His Gly
290 295 300

Val Ala Leu Asp Leu Ser Leu Tyr Gly Ser Phe Leu Glu Asn His Asp
305 310 315 320

Val Ala Arg Phe Ala Ser Phe Thr Gln Asp Met Ser Leu Ala Lys Asn
325 330 335

Ala Ile Ala Phe Thr Met Leu Lys Asp Gly Ile Pro Ile Ile Tyr Gln
340 345 350

Gly Gln Glu Gln His Tyr Ala Gly Gly Thr Thr Pro Asn Asn Arg Glu
355 360 365

Ala Leu Trp Leu Ser Gly Tyr Ser Thr Ser Ser Glu Leu Tyr Lys Trp
370 375 380

Ile Ala Ala Leu Asn Gln Ile Arg Ala Arg Ala Ile Ala Gln Asp Ser

385 390 395 400

Gly Tyr Leu Ser Tyr Ser Ser Gln Ala Ile Tyr Ser Asp Ser His Thr
405 410 415

Ile Ala Met Arg Lys Gly Thr Ser Gly Tyr Gln Ile Val Gly Val Phe
420 425 430

Thr Asn Val Gly Ala Ser Ser Ser Ala Thr Val Thr Leu Thr Ser Ser
435 440 445

Ala Thr Gly Phe Gly Ala Asn Gln Ala Leu Val Asp Val Met Ser Cys
450 455 460

Thr Ala Tyr Thr Thr Asp Ser Thr Gly Ala Leu Thr Val Thr Leu Asn
465 470 475 480

Asp Gly Leu Pro Lys Val Leu Tyr Pro Ile Ala Arg Leu Ser Gly Ser
485 490 495

Gly Ile Cys Pro Gly Gln Thr Ser Thr Ala Leu Pro Thr Ser Ser Leu
500 505 510

Thr Ala Ala Ser Ala Thr Thr Thr Ala Ser Ala Cys Ser Leu Ser Ala
515 520 525

Val Asn Ile Thr Phe Asn Glu Leu Val Thr Thr Val Trp Gly Asp Thr
530 535 540

Ile Lys Leu Ala Gly Asn Ile Ser Ala Leu Gly Ser Trp Ser Pro Ser
545 550 555 560

Ser Ala Leu Thr Leu Ser Ala Ser Gln Tyr Ser Gln Ser Asn Pro Leu
565 570 575

Trp Ser Val Ser Thr Leu Leu Gly Pro Gly Thr Val Ile Glu Tyr Lys
580 585 590

Phe Ile Lys Val Ser Ala Ser Gly Thr Val Thr Trp Glu Ser Asp Pro
595 600 605

Asn Arg Val Tyr Thr Val Pro Cys Ala Thr Ala Thr Val Ser Ser Thr
610 615 620

Trp Arg
625

<210> 160

<211> 1890

<212> DNA

<213> Coniochaeta sp.

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1890)

<220>
<221> sig_peptide
<222> (1)..(69)

<220>
<221> misc_feature
<222> (70)..(1497)
<223> Catalytic domain

<220>
<221> misc_feature
<222> (1498)..(1596)
<223> Linker

<220>
<221> misc_feature
<222> (1597)..(1890)
<223> CBM

<400> 160
atg cgg cct atc cta agc tgc ctc ttt ctc gcg tcc gtc gtg gcc cag 48
Met Arg Pro Ile Leu Ser Cys Leu Phe Leu Ala Ser Val Val Ala Gln
1 5 10 15

gtg gcg tgg ggc ctc agc gca gca gac tgg cgt gag cag tcc atc tac 96
Val Ala Trp Gly Leu Ser Ala Ala Asp Trp Arg Glu Gln Ser Ile Tyr

20 25 30

cag gtc gtg acg gac cgc ttc gcg cgg acg gac ctg tcc acc acg gcc 144
Gln Val Val Thr Asp Arg Phe Ala Arg Thr Asp Leu Ser Thr Thr Ala
35 40 45

acg tgc gac acc tcg gcg cag gtg tat tgc ggc ggc acg tac aag ggt 192
Thr Cys Asp Thr Ser Ala Gln Val Tyr Cys Gly Gly Thr Tyr Lys Gly
50 55 60

ctg atc tcc aag ctg gat tac att cag ggc atg ggc ttc act gcc atc 240
Leu Ile Ser Lys Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly Phe Thr Ala Ile
65 70 75 80

tgg ata tcg ccc atc gtc gag cag atg gac ggt aat act gcc gac ggc 288
Trp Ile Ser Pro Ile Val Glu Gln Met Asp Gly Asn Thr Ala Asp Gly
85 90 95

tcc tcg tat cac ggt tac tgg gcg cag gat att tgg agt ctg aac ccg 336
Ser Ser Tyr His Gly Tyr Trp Ala Gln Asp Ile Trp Ser Leu Asn Pro
100 105 110

tcg ttc gga tcg gct ggc gac ctg atc gcg ctc tcc aac gcg ctg cac 384
Ser Phe Gly Ser Ala Gly Asp Leu Ile Ala Leu Ser Asn Ala Leu His
115 120 125

gcc cgg ggc atg tac ctc atg ctg gac gtg gtg acc aac cac ttt gct 432
Ala Arg Gly Met Tyr Leu Met Leu Asp Val Val Thr Asn His Phe Ala
130 135 140

tac aac ggc tgc ggc aac tgc gtc gac tac agc atc ttc acc ccg ttc 480
Tyr Asn Gly Cys Gly Asn Cys Val Asp Tyr Ser Ile Phe Thr Pro Phe
145 150 155 160

aac tcg tcg tcg tac ttc cac ccc ttc tgc ttg atc gac tac aac aac 528
Asn Ser Ser Ser Tyr Phe His Pro Phe Cys Leu Ile Asp Tyr Asn Asn
165 170 175

cag acg tcg atc gag cag tgc tgg gag gga gac aac acc gtc agc ctg 576
Gln Thr Ser Ile Glu Gln Cys Trp Glu Gly Asp Asn Thr Val Ser Leu
180 185 190

ccg gac ctg cgg acg gag aac tcc aac gta cgc gcg ata tgg aac gac 624
Pro Asp Leu Arg Thr Glu Asn Ser Asn Val Arg Ala Ile Trp Asn Asp
195 200 205

tgg atc acg cag att gtg gcg gcg tac ggc atc gac ggt ctg cgc atc 672
Trp Ile Thr Gln Ile Val Ala Ala Tyr Gly Ile Asp Gly Leu Arg Ile
210 215 220

gac agc gtc aag cac cag gag acg tcg ttc tgg tcc ggt ttc ggg tcg 720
Asp Ser Val Lys His Gln Glu Thr Ser Phe Trp Ser Gly Phe Gly Ser
225 230 235 240

gcc gcc ggc gtg ttc atg ctg ggc gag gtg tac aac ggc gat ccg acg 768
Ala Ala Gly Val Phe Met Leu Gly Glu Val Tyr Asn Gly Asp Pro Thr
245 250 255

cag ctg gcg ccg tac cag gat tac atg ccc gga ctg ctg gac tac gcg 816
Gln Leu Ala Pro Tyr Gln Asp Tyr Met Pro Gly Leu Leu Asp Tyr Ala
260 265 270

agc tac tac tgg atc acg agg gcg ttc cag tcg agc agc ggg agt atg 864
Ser Tyr Tyr Trp Ile Thr Arg Ala Phe Gln Ser Ser Ser Gly Ser Met
275 280 285

agc gat ctg gcg tct ggt gtc aac aca ctc aag agc att gcc agg aac 912
Ser Asp Leu Ala Ser Gly Val Asn Thr Leu Lys Ser Ile Ala Arg Asn
290 295 300

aca agc ctg tac gga tct ttc ctg gag aac cac gac cag ccg cgg ttc 960
Thr Ser Leu Tyr Gly Ser Phe Leu Glu Asn His Asp Gln Pro Arg Phe
305 310 315 320

gcg tcg ctt acc tcg gac gtc gcc ttg gcg aag aat gcg ata gcg ttt 1008
Ala Ser Leu Thr Ser Asp Val Ala Leu Ala Lys Asn Ala Ile Ala Phe
325 330 335

act atg ctg aag gac ggt atc ccg gtc gtt tac cag ggc caa gag cag 1056
Thr Met Leu Lys Asp Gly Ile Pro Val Val Tyr Gln Gly Gln Glu Gln
340 345 350

cac tat gcg ggc gga aat gtc cca gct gac cgc gaa gcg atc tgg ttg 1104
His Tyr Ala Gly Gly Asn Val Pro Ala Asp Arg Glu Ala Ile Trp Leu
355 360 365

tcg ggg tac tcc acg tct gcg acg ctg tac acc tgg atc gcc gcg ctg 1152
Ser Gly Tyr Ser Thr Ser Ala Thr Leu Tyr Thr Trp Ile Ala Ala Leu
370 375 380

aac aag gtc cgt tcg agg gct atc gcg caa gac agc agc tac ctg agc 1200
Asn Lys Val Arg Ser Arg Ala Ile Ala Gln Asp Ser Ser Tyr Leu Ser
385 390 395 400

tat cag gcg tat cct gtc tat acg gac agc aac acc att gcc atg cgc 1248
Tyr Gln Ala Tyr Pro Val Tyr Thr Asp Ser Asn Thr Ile Ala Met Arg
405 410 415

aag gga cgg gac gga tac cag gtc atc ggg gtg ttc acc aac aag gga 1296

Lys Gly Arg Asp Gly Tyr Gln Val Ile Gly Val Phe Thr Asn Lys Gly
420 425 430

tcg agc ggg ttg tcc agt ctc acc ctc acg acg tcg atg acc gga ttc 1344
Ser Ser Gly Leu Ser Ser Leu Thr Leu Thr Thr Ser Met Thr Gly Phe
435 440 445

acg gcg ggc cag gcg gtc gtg gat gtc atg agc tgc acc act ttc acg 1392
Thr Ala Gly Gln Ala Val Val Asp Val Met Ser Cys Thr Thr Phe Thr
450 455 460

acg gac tac agc ggt agc ctc gct gtc acc ctt tcg gga ggc att ccg 1440
Thr Asp Tyr Ser Gly Ser Leu Ala Val Thr Leu Ser Gly Gly Ile Pro
465 470 475 480

cgg gtg ttc tat cca agc gcg agg ttg agt ggc tca gga ata tgt ggc 1488
Arg Val Phe Tyr Pro Ser Ala Arg Leu Ser Gly Ser Gly Ile Cys Gly
485 490 495

tcc aat ggg acc acg aca aca gct acg acg aag acg agc acg acg ctg 1536
Ser Asn Gly Thr Thr Thr Thr Ala Thr Thr Lys Thr Ser Thr Thr Leu
500 505 510

acc acg tcg acg aca aca acc tcc aca aag aca agt agt tct tgc acc 1584
Thr Thr Ser Thr Thr Thr Thr Ser Thr Lys Thr Ser Ser Ser Cys Thr
515 520 525

gcc acc gcg gta gca atc acc ttc aac gag ctc gtg tcg acc tcc tac 1632
Ala Thr Ala Val Ala Ile Thr Phe Asn Glu Leu Val Ser Thr Ser Tyr
530 535 540

ggc gac aca gtc aag ctc acg ggc aac ata aca gcc ctg ggc agc tgg 1680
Gly Asp Thr Val Lys Leu Thr Gly Asn Ile Thr Ala Leu Gly Ser Trp

545 550 555 560

aac acg gcc aac gcc gtc agc ctc agc gca tcg cag tac aca tct ggt 1728
Asn Thr Ala Asn Ala Val Ser Leu Ser Ala Ser Gln Tyr Thr Ser Gly
565 570 575

agc ccg ctc tgg tcg ggc acc gtg tct ctg cct ccg ggc gtc ggg gta 1776
Ser Pro Leu Trp Ser Gly Thr Val Ser Leu Pro Pro Gly Val Gly Val
580 585 590

cag tac aag ttc gtc agg gtc ggc agc tcg ggg agc gtg acg tgg gag 1824
Gln Tyr Lys Phe Val Arg Val Gly Ser Ser Gly Ser Val Thr Trp Glu
595 600 605

gcg gac ccg aac cac act tat tct gtg ccg tgc gcg gct gct act gtc 1872
Ala Asp Pro Asn His Thr Tyr Ser Val Pro Cys Ala Ala Ala Thr Val
610 615 620

ggt ggg agt tgg cag agc 1890
Gly Gly Ser Trp Gln Ser
625 630

<210> 161
<211> 630
<212> PRT
<213> Coniochaeta sp.

<400> 161

Met Arg Pro Ile Leu Ser Cys Leu Phe Leu Ala Ser Val Val Ala Gln
1 5 10 15

Val Ala Trp Gly Leu Ser Ala Ala Asp Trp Arg Glu Gln Ser Ile Tyr
20 25 30

Gln Val Val Thr Asp Arg Phe Ala Arg Thr Asp Leu Ser Thr Thr Ala
35 40 45

Thr Cys Asp Thr Ser Ala Gln Val Tyr Cys Gly Gly Thr Tyr Lys Gly
50 55 60

Leu Ile Ser Lys Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly Phe Thr Ala Ile
65 70 75 80

Trp Ile Ser Pro Ile Val Glu Gln Met Asp Gly Asn Thr Ala Asp Gly
85 90 95

Ser Ser Tyr His Gly Tyr Trp Ala Gln Asp Ile Trp Ser Leu Asn Pro
100 105 110

Ser Phe Gly Ser Ala Gly Asp Leu Ile Ala Leu Ser Asn Ala Leu His
115 120 125

Ala Arg Gly Met Tyr Leu Met Leu Asp Val Val Thr Asn His Phe Ala
130 135 140

Tyr Asn Gly Cys Gly Asn Cys Val Asp Tyr Ser Ile Phe Thr Pro Phe
145 150 155 160

Asn Ser Ser Ser Tyr Phe His Pro Phe Cys Leu Ile Asp Tyr Asn Asn
165 170 175

Gln Thr Ser Ile Glu Gln Cys Trp Glu Gly Asp Asn Thr Val Ser Leu
180 185 190

Pro Asp Leu Arg Thr Glu Asn Ser Asn Val Arg Ala Ile Trp Asn Asp
195 200 205

Trp Ile Thr Gln Ile Val Ala Ala Tyr Gly Ile Asp Gly Leu Arg Ile
210 215 220

Asp Ser Val Lys His Gln Glu Thr Ser Phe Trp Ser Gly Phe Gly Ser
225 230 235 240

Ala Ala Gly Val Phe Met Leu Gly Glu Val Tyr Asn Gly Asp Pro Thr
245 250 255

Gln Leu Ala Pro Tyr Gln Asp Tyr Met Pro Gly Leu Leu Asp Tyr Ala
260 265 270

Ser Tyr Tyr Trp Ile Thr Arg Ala Phe Gln Ser Ser Ser Gly Ser Met

275 280 285

Ser Asp Leu Ala Ser Gly Val Asn Thr Leu Lys Ser Ile Ala Arg Asn
290 295 300

Thr Ser Leu Tyr Gly Ser Phe Leu Glu Asn His Asp Gln Pro Arg Phe
305 310 315 320

Ala Ser Leu Thr Ser Asp Val Ala Leu Ala Lys Asn Ala Ile Ala Phe
325 330 335

Thr Met Leu Lys Asp Gly Ile Pro Val Val Tyr Gln Gly Gln Glu Gln
340 345 350

His Tyr Ala Gly Gly Asn Val Pro Ala Asp Arg Glu Ala Ile Trp Leu
355 360 365

Ser Gly Tyr Ser Thr Ser Ala Thr Leu Tyr Thr Trp Ile Ala Ala Leu
370 375 380

Asn Lys Val Arg Ser Arg Ala Ile Ala Gln Asp Ser Ser Tyr Leu Ser
385 390 395 400

Tyr Gln Ala Tyr Pro Val Tyr Thr Asp Ser Asn Thr Ile Ala Met Arg
405 410 415

Lys Gly Arg Asp Gly Tyr Gln Val Ile Gly Val Phe Thr Asn Lys Gly
420 425 430

Ser Ser Gly Leu Ser Ser Leu Thr Leu Thr Thr Ser Met Thr Gly Phe
435 440 445

Thr Ala Gly Gln Ala Val Val Asp Val Met Ser Cys Thr Thr Phe Thr
450 455 460

Thr Asp Tyr Ser Gly Ser Leu Ala Val Thr Leu Ser Gly Gly Ile Pro
465 470 475 480

Arg Val Phe Tyr Pro Ser Ala Arg Leu Ser Gly Ser Gly Ile Cys Gly
485 490 495

Ser Asn Gly Thr Thr Thr Thr Ala Thr Thr Lys Thr Ser Thr Thr Leu
500 505 510

Thr Thr Ser Thr Thr Thr Thr Ser Thr Lys Thr Ser Ser Ser Cys Thr
515 520 525

Ala Thr Ala Val Ala Ile Thr Phe Asn Glu Leu Val Ser Thr Ser Tyr
530 535 540

Gly Asp Thr Val Lys Leu Thr Gly Asn Ile Thr Ala Leu Gly Ser Trp
545 550 555 560

Asn Thr Ala Asn Ala Val Ser Leu Ser Ala Ser Gln Tyr Thr Ser Gly
565 570 575

Ser Pro Leu Trp Ser Gly Thr Val Ser Leu Pro Pro Gly Val Gly Val
580 585 590

Gln Tyr Lys Phe Val Arg Val Gly Ser Ser Gly Ser Val Thr Trp Glu
595 600 605

Ala Asp Pro Asn His Thr Tyr Ser Val Pro Cys Ala Ala Ala Thr Val
610 615 620

Gly Gly Ser Trp Gln Ser
625 630

<210> 162
<211> 1806
<212> DNA
<213> Meripilus giganteus

<220>
<221> CDS

<222> (1)..(1806)

<220>

<221> sig_peptide

<222> (1)..(78)

<220>

<221> misc_feature

<222> (79)..(1476)

<223> Catalytic domain

<220>

<221> misc_feature

<222> (1477)..(1521)

<223> Linker

<220>

<221> misc_feature

<222> (1522)..(1806)

<223> CBM

<400> 162

atg tca aac tgg gtc aag ctc gcc gca ctc gcc gca ctc gcc gcc ctc 48

Met Ser Asn Trp Val Lys Leu Ala Ala Leu Ala Ala Leu Ala Ala Leu

1 5 10 15

gga gtg ttc tgc acc gcc gcc gtc gac gcc cgc cct act gtc ttt gac 96

Gly Val Phe Cys Thr Ala Ala Val Asp Ala Arg Pro Thr Val Phe Asp

20 25 30

gcc ggc gcg gac gca cac tcg ctg cat gcc cgg gcc ccc tcc ggc agc 144

Ala Gly Ala Asp Ala His Ser Leu His Ala Arg Ala Pro Ser Gly Ser

35 40 45

aag gat gtc atc atc cag atg ttt gag tgg aac tgg gac agc gtc gct 192
Lys Asp Val Ile Ile Gln Met Phe Glu Trp Asn Trp Asp Ser Val Ala
50 55 60

gcc gag tgc act aac ttc atc ggc ccc gcc ggg tac ggc ttc gtg caa 240
Ala Glu Cys Thr Asn Phe Ile Gly Pro Ala Gly Tyr Gly Phe Val Gln
65 70 75 80

gtg agc ccg ccc cag gag acc atc cag ggc gcg cag tgg tgg acc gac 288
Val Ser Pro Pro Gln Glu Thr Ile Gln Gly Ala Gln Trp Trp Thr Asp
85 90 95

tac cag ccg gtg tcg tac acg ctc act ggg aag cgg ggc gac cgc tcc 336
Tyr Gln Pro Val Ser Tyr Thr Leu Thr Gly Lys Arg Gly Asp Arg Ser
100 105 110

cag ttt gcg aac atg att act acg tgc cac gcc gcg ggc gtc ggc gtg 384
Gln Phe Ala Asn Met Ile Thr Thr Cys His Ala Ala Gly Val Gly Val
115 120 125

atc gtt gac acc atc tgg aac cac atg gcg ggc gtc gac tcc ggc acg 432
Ile Val Asp Thr Ile Trp Asn His Met Ala Gly Val Asp Ser Gly Thr
130 135 140

ggt acc gcc ggc tcg tcc ttc acg cac tac aac tac ccc ggc atc tac 480
Gly Thr Ala Gly Ser Ser Phe Thr His Tyr Asn Tyr Pro Gly Ile Tyr
145 150 155 160

caa aac cag gac ttt cac cac tgc ggc ctc gag ccg ggc gat gac atc 528
Gln Asn Gln Asp Phe His His Cys Gly Leu Glu Pro Gly Asp Asp Ile
165 170 175

gtc aac tac gac aac gcg gtt gag gtc cag acc tgc gag ctt gtc aac 576
Val Asn Tyr Asp Asn Ala Val Glu Val Gln Thr Cys Glu Leu Val Asn
180 185 190

ctc gct gac ctc gcc acc gac acg gag tat gtg cgc ggt cgc ctt gcc 624
Leu Ala Asp Leu Ala Thr Asp Thr Glu Tyr Val Arg Gly Arg Leu Ala
195 200 205

cag tac gga aac gac ctg ctc tcg ctc ggt gcc gat ggc ctg cgt ctt 672
Gln Tyr Gly Asn Asp Leu Leu Ser Leu Gly Ala Asp Gly Leu Arg Leu
210 215 220

gac gct tcc aaa cac att cct gtg ggc gac atc gcg aac atc ctg tct 720
Asp Ala Ser Lys His Ile Pro Val Gly Asp Ile Ala Asn Ile Leu Ser
225 230 235 240

cgc ctc agt cgc tct gtc tac atc acc cag gaa gtc atc ttt ggg gcc 768
Arg Leu Ser Arg Ser Val Tyr Ile Thr Gln Glu Val Ile Phe Gly Ala
245 250 255

ggc gag ccc atc acg ccg aac cag tac acc ggg aac ggc gac gtt cag 816
Gly Glu Pro Ile Thr Pro Asn Gln Tyr Thr Gly Asn Gly Asp Val Gln
260 265 270

gag ttc cgc tac acc tct gcg cta aag gac gcc ttc ttg agc tcg ggc 864
Glu Phe Arg Tyr Thr Ser Ala Leu Lys Asp Ala Phe Leu Ser Ser Gly
275 280 285

ata tcc aac ctg cag gac ttc gaa aac cgt gga tgg gta cct ggc tcg 912
Ile Ser Asn Leu Gln Asp Phe Glu Asn Arg Gly Trp Val Pro Gly Ser
290 295 300

ggc gcc aac gtg ttc gtc gtc aac cat gac acc gag cgg aac ggc gcg 960

Gly Ala Asn Val Phe Val Val Asn His Asp Thr Glu Arg Asn Gly Ala

305 310 315 320

tcg ctg aac aac aac tcg cct tcg aac acc tac gtc acc gcg acg atc 1008

Ser Leu Asn Asn Asn Ser Pro Ser Asn Thr Tyr Val Thr Ala Thr Ile

325 330 335

ttc tcg ctc gca cac ccg tac ggc acg ccc acg atc ctc tcc tcg tat 1056

Phe Ser Leu Ala His Pro Tyr Gly Thr Pro Thr Ile Leu Ser Ser Tyr

340 345 350

gat ggc ttc acg aac acc gac gcc ggt gcg ccg aac aac aac gtc ggc 1104

Asp Gly Phe Thr Asn Thr Asp Ala Gly Ala Pro Asn Asn Asn Val Gly

355 360 365

aca tgc tcg acc agc ggt ggt gcg aac ggg tgg ctc tgc cag cac cgc 1152

Thr Cys Ser Thr Ser Gly Gly Ala Asn Gly Trp Leu Cys Gln His Arg

370 375 380

tgg acc gcg atc gcc ggc atg gtc ggc ttc cgc aac aac gtc ggc agc 1200

Trp Thr Ala Ile Ala Gly Met Val Gly Phe Arg Asn Asn Val Gly Ser

385 390 395 400

gct gca ctc aac aac tgg cag gcc ccg cag tcg cag cag att gcg ttc 1248

Ala Ala Leu Asn Asn Trp Gln Ala Pro Gln Ser Gln Gln Ile Ala Phe

405 410 415

ggt cgc ggc gca ctt ggc ttc gtc gcg atc aac aac gcc gac tcg gcc 1296

Gly Arg Gly Ala Leu Gly Phe Val Ala Ile Asn Asn Ala Asp Ser Ala

420 425 430

tgg tct acg acg ttc acc act tcc ctc ccc gat ggt tcc tac tgc gat 1344

Trp Ser Thr Thr Phe Thr Thr Ser Leu Pro Asp Gly Ser Tyr Cys Asp

435 440 445

gtc atc agc ggc aag gcc tcc ggc agt agc tgc acc ggt tct tcg ttc 1392
Val Ile Ser Gly Lys Ala Ser Gly Ser Ser Cys Thr Gly Ser Ser Phe
450 455 460

acc gtc tcc ggc ggg aag ctg acc gcc acg gtg ccg gcg cgt agc gcc 1440
Thr Val Ser Gly Gly Lys Leu Thr Ala Thr Val Pro Ala Arg Ser Ala
465 470 475 480

atc gcc gtg cac acc ggt cag aaa ggt tct ggt ggt gcc acg ccc acc 1488
Ile Ala Val His Thr Gly Gln Lys Gly Ser Gly Gly Ala Thr Pro Thr
485 490 495

tcc gcc cct agt act aca cca acc agc ggc act gtc agc atg acc ttc 1536
Ser Ala Pro Ser Thr Thr Pro Thr Ser Gly Thr Val Ser Met Thr Phe
500 505 510

gct gag cag gcg acg acc acc ttc ggc gag aac atc ttc ctc gtc ggc 1584
Ala Glu Gln Ala Thr Thr Thr Phe Gly Glu Asn Ile Phe Leu Val Gly
515 520 525

agt att tcg cag ctc ggg aac tgg aac cca gcc agc gcg atc gcc ctg 1632
Ser Ile Ser Gln Leu Gly Asn Trp Asn Pro Ala Ser Ala Ile Ala Leu
530 535 540

tcc tct gcg gcg tac cct acg tgg tct gtg tct gtg aac att ccc gct 1680
Ser Ser Ala Ala Tyr Pro Thr Trp Ser Val Ser Val Asn Ile Pro Ala
545 550 555 560

gga acg acc ttc cag tac aag ttc atc cgc aag gag acg gac ggt agc 1728
Gly Thr Thr Phe Gln Tyr Lys Phe Ile Arg Lys Glu Thr Asp Gly Ser
565 570 575

gtc gtc tgg gag tcg gac ccc aac cgc cag gct acc gcg ccc gcg tcc 1776

Val Val Trp Glu Ser Asp Pro Asn Arg Gln Ala Thr Ala Pro Ala Ser

580 585 590

ggt acc acc acg ctc acg tcc agc tgg cgg 1806

Gly Thr Thr Thr Leu Thr Ser Ser Trp Arg

595 600

<210> 163

<211> 602

<212> PRT

<213> Meripilus giganteus

<400> 163

Met Ser Asn Trp Val Lys Leu Ala Ala Leu Ala Ala Leu Ala Ala Leu

1 5 10 15

Gly Val Phe Cys Thr Ala Ala Val Asp Ala Arg Pro Thr Val Phe Asp

20 25 30

Ala Gly Ala Asp Ala His Ser Leu His Ala Arg Ala Pro Ser Gly Ser

35 40 45

Lys Asp Val Ile Ile Gln Met Phe Glu Trp Asn Trp Asp Ser Val Ala

50 55 60

Ala Glu Cys Thr Asn Phe Ile Gly Pro Ala Gly Tyr Gly Phe Val Gln
65 70 75 80

Val Ser Pro Pro Gln Glu Thr Ile Gln Gly Ala Gln Trp Trp Thr Asp
85 90 95

Tyr Gln Pro Val Ser Tyr Thr Leu Thr Gly Lys Arg Gly Asp Arg Ser
100 105 110

Gln Phe Ala Asn Met Ile Thr Thr Cys His Ala Ala Gly Val Gly Val
115 120 125

Ile Val Asp Thr Ile Trp Asn His Met Ala Gly Val Asp Ser Gly Thr
130 135 140

Gly Thr Ala Gly Ser Ser Phe Thr His Tyr Asn Tyr Pro Gly Ile Tyr
145 150 155 160

Gln Asn Gln Asp Phe His His Cys Gly Leu Glu Pro Gly Asp Asp Ile
165 170 175

Val Asn Tyr Asp Asn Ala Val Glu Val Gln Thr Cys Glu Leu Val Asn
180 185 190

Leu Ala Asp Leu Ala Thr Asp Thr Glu Tyr Val Arg Gly Arg Leu Ala

195 200 205

Gln Tyr Gly Asn Asp Leu Leu Ser Leu Gly Ala Asp Gly Leu Arg Leu
210 215 220

Asp Ala Ser Lys His Ile Pro Val Gly Asp Ile Ala Asn Ile Leu Ser
225 230 235 240

Arg Leu Ser Arg Ser Val Tyr Ile Thr Gln Glu Val Ile Phe Gly Ala
245 250 255

Gly Glu Pro Ile Thr Pro Asn Gln Tyr Thr Gly Asn Gly Asp Val Gln
260 265 270

Glu Phe Arg Tyr Thr Ser Ala Leu Lys Asp Ala Phe Leu Ser Ser Gly
275 280 285

Ile Ser Asn Leu Gln Asp Phe Glu Asn Arg Gly Trp Val Pro Gly Ser
290 295 300

Gly Ala Asn Val Phe Val Val Asn His Asp Thr Glu Arg Asn Gly Ala
305 310 315 320

Ser Leu Asn Asn Asn Ser Pro Ser Asn Thr Tyr Val Thr Ala Thr Ile
325 330 335

Phe Ser Leu Ala His Pro Tyr Gly Thr Pro Thr Ile Leu Ser Ser Tyr
340 345 350

Asp Gly Phe Thr Asn Thr Asp Ala Gly Ala Pro Asn Asn Asn Val Gly
355 360 365

Thr Cys Ser Thr Ser Gly Gly Ala Asn Gly Trp Leu Cys Gln His Arg
370 375 380

Trp Thr Ala Ile Ala Gly Met Val Gly Phe Arg Asn Asn Val Gly Ser
385 390 395 400

Ala Ala Leu Asn Asn Trp Gln Ala Pro Gln Ser Gln Gln Ile Ala Phe
405 410 415

Gly Arg Gly Ala Leu Gly Phe Val Ala Ile Asn Asn Ala Asp Ser Ala
420 425 430

Trp Ser Thr Thr Phe Thr Thr Ser Leu Pro Asp Gly Ser Tyr Cys Asp
435 440 445

Val Ile Ser Gly Lys Ala Ser Gly Ser Ser Cys Thr Gly Ser Ser Phe
450 455 460

Thr Val Ser Gly Gly Lys Leu Thr Ala Thr Val Pro Ala Arg Ser Ala

465 470 475 480

Ile Ala Val His Thr Gly Gln Lys Gly Ser Gly Gly Ala Thr Pro Thr
485 490 495

Ser Ala Pro Ser Thr Thr Pro Thr Ser Gly Thr Val Ser Met Thr Phe
500 505 510

Ala Glu Gln Ala Thr Thr Thr Phe Gly Glu Asn Ile Phe Leu Val Gly
515 520 525

Ser Ile Ser Gln Leu Gly Asn Trp Asn Pro Ala Ser Ala Ile Ala Leu
530 535 540

Ser Ser Ala Ala Tyr Pro Thr Trp Ser Val Ser Val Asn Ile Pro Ala
545 550 555 560

Gly Thr Thr Phe Gln Tyr Lys Phe Ile Arg Lys Glu Thr Asp Gly Ser
565 570 575

Val Val Trp Glu Ser Asp Pro Asn Arg Gln Ala Thr Ala Pro Ala Ser
580 585 590

Gly Thr Thr Thr Leu Thr Ser Ser Trp Arg
595 600

<210> 164

<211> 1929

<212> DNA

<213> Penicillium sp.

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1929)

<220>

<221> sig_peptide

<222> (1)..(60)

<220>

<221> misc_feature

<222> (61)..(1488)

<223> Catalytic domain

<220>

<221> misc_feature

<222> (1489)..(1617)

<223> Linker

<220>

<221> misc_feature

<222> (1618)..(1929)

<223> CBM

<400> 164

atg aag gca ctt gcg ttg gcc gca cta tgc ctc gcg aag gct gtt gcc 48

Met Lys Ala Leu Ala Leu Ala Ala Leu Cys Leu Ala Lys Ala Val Ala

1 5 10 15

ggt ctg acg gct gca gaa tgg cgc agt cag tcg atc tac ttt ctt cta 96

Gly Leu Thr Ala Ala Glu Trp Arg Ser Gln Ser Ile Tyr Phe Leu Leu

20 25 30

act gat cgc ttt ggc cga acg gac aat tcc acc acg gca gca tgc aat 144

Thr Asp Arg Phe Gly Arg Thr Asp Asn Ser Thr Thr Ala Ala Cys Asn

35 40 45

gtc agc gat cgg gtc tac tgt ggt ggc agc tgg caa gga atc atc aat 192

Val Ser Asp Arg Val Tyr Cys Gly Gly Ser Trp Gln Gly Ile Ile Asn

50 55 60

cac ttg gat tac att cag ggc atg gga ttc acc gcg att tgg att acc 240

His Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly Phe Thr Ala Ile Trp Ile Thr

65 70 75 80

cct gtc aca gaa cag ctc tct caa gac act gga gat ggc gag gca tac 288

Pro Val Thr Glu Gln Leu Ser Gln Asp Thr Gly Asp Gly Glu Ala Tyr

85 90 95

cac gga tac tgg caa caa gag ata tac aac gtc aac aca aac tat ggc 336

His Gly Tyr Trp Gln Gln Glu Ile Tyr Asn Val Asn Thr Asn Tyr Gly

100 105 110

act gct gct gac ctt ttg gca ctt tct aaa gcc ctg cac agt cgt ggc 384

Thr Ala Ala Asp Leu Leu Ala Leu Ser Lys Ala Leu His Ser Arg Gly

115 120 125

atg tac ctc atg gta gac gtg gtt gca aac cac atg ggc tat gat gga 432

Met Tyr Leu Met Val Asp Val Val Ala Asn His Met Gly Tyr Asp Gly

130 135 140

gct gga aat act gtt gac tac agt gtc ttt aat cca ttc gac tct tcg 480
Ala Gly Asn Thr Val Asp Tyr Ser Val Phe Asn Pro Phe Asp Ser Ser
145 150 155 160

tct tac ttc cac tcg tat tgt gag atc agc gat tac tct gat cag aca 528
Ser Tyr Phe His Ser Tyr Cys Glu Ile Ser Asp Tyr Ser Asp Gln Thr
165 170 175

aac gtg gag gac tgt tgg ctt gga gac act aca gtt tct ctt cca gat 576
Asn Val Glu Asp Cys Trp Leu Gly Asp Thr Thr Val Ser Leu Pro Asp
180 185 190

ctc gac acg acc ctt act tct gtt cag acg atc tgg tat aac tgg gtc 624
Leu Asp Thr Thr Leu Thr Ser Val Gln Thr Ile Trp Tyr Asn Trp Val
195 200 205

act gaa ttg gtg tcc aac tac tcc att gat ggt ttg cga att gat aca 672
Thr Glu Leu Val Ser Asn Tyr Ser Ile Asp Gly Leu Arg Ile Asp Thr
210 215 220

gtc aaa cac gtg cag aag tcg ttc tgg ccg ggc tac aac agt gct gca 720
Val Lys His Val Gln Lys Ser Phe Trp Pro Gly Tyr Asn Ser Ala Ala
225 230 235 240

ggt gtc tac tgt gtg gga gag gtg ttt gat ggg gac cca gca tac act 768
Gly Val Tyr Cys Val Gly Glu Val Phe Asp Gly Asp Pro Ala Tyr Thr
245 250 255

tgc ccc tac cag agc tac ctc gat ggt gtt ctg aac tat ccg att tat 816
Cys Pro Tyr Gln Ser Tyr Leu Asp Gly Val Leu Asn Tyr Pro Ile Tyr
260 265 270

tac caa ctg ctg tac gca ttc gag tcg aca agt ggc agt atc agc ggt 864
Tyr Gln Leu Leu Tyr Ala Phe Glu Ser Thr Ser Gly Ser Ile Ser Gly
275 280 285

cta tat aat atg atc aac tcc gtt gca tct gac tgt tcc gat cca acc 912
Leu Tyr Asn Met Ile Asn Ser Val Ala Ser Asp Cys Ser Asp Pro Thr
290 295 300

ttg ctc gga aac ttc atc gag aat cat gac aac cca cgc ttt gct tcc 960
Leu Leu Gly Asn Phe Ile Glu Asn His Asp Asn Pro Arg Phe Ala Ser
305 310 315 320

tac acg agc gat tat tct caa gcg aag aat gtg att tct ttc atc ttc 1008
Tyr Thr Ser Asp Tyr Ser Gln Ala Lys Asn Val Ile Ser Phe Ile Phe
325 330 335

ttc tcg gat ggt att cca atc gtc tat gct ggc cag gaa caa cac tat 1056
Phe Ser Asp Gly Ile Pro Ile Val Tyr Ala Gly Gln Glu Gln His Tyr
340 345 350

agc ggt ggc agt gac cct gcc aat cgt gaa gca act tgg cta tcc gga 1104
Ser Gly Gly Ser Asp Pro Ala Asn Arg Glu Ala Thr Trp Leu Ser Gly
355 360 365

tac gac aag aca gct cag ctt tac acc tac atc acc acc aca aac aag 1152
Tyr Asp Lys Thr Ala Gln Leu Tyr Thr Tyr Ile Thr Thr Thr Asn Lys
370 375 380

atc cgt gcc cta gcc att tca aag gac agc gcc tac ata agt tcc aag 1200
Ile Arg Ala Leu Ala Ile Ser Lys Asp Ser Ala Tyr Ile Ser Ser Lys
385 390 395 400

aat aat gct ttc tac act gat agc aat act att gcc atg aag aaa gga 1248
Asn Asn Ala Phe Tyr Thr Asp Ser Asn Thr Ile Ala Met Lys Lys Gly
405 410 415

tct agc ggc tcg caa gtt ata act gtt ctt tca aac cgt ggc tca tcg 1296
Ser Ser Gly Ser Gln Val Ile Thr Val Leu Ser Asn Arg Gly Ser Ser
420 425 430

ggt agc tcg tat acc ttg act ctt agc gga agc ggt tac tcg tct ggc 1344
Gly Ser Ser Tyr Thr Leu Thr Leu Ser Gly Ser Gly Tyr Ser Ser Gly
435 440 445

acg aag ctc atg gag atg tac acc tgc aca gcc gtg act gtg gac tct 1392
Thr Lys Leu Met Glu Met Tyr Thr Cys Thr Ala Val Thr Val Asp Ser
450 455 460

agt ggc aac atc gcc gtg ccg atg gct tcc gga ctc cct cga gtc tac 1440
Ser Gly Asn Ile Ala Val Pro Met Ala Ser Gly Leu Pro Arg Val Tyr
465 470 475 480

atg ctt gct tcc tcg gct tgc tct att tgc agt tct gcc tgt tca gca 1488
Met Leu Ala Ser Ser Ala Cys Ser Ile Cys Ser Ser Ala Cys Ser Ala
485 490 495

act acc aca acc tcg tcg acg gct tct act tca acg aca acg tca acc 1536
Thr Thr Thr Thr Ser Ser Thr Ala Ser Thr Ser Thr Thr Thr Ser Thr
500 505 510

aca ctg aag act acc acg aca acg tca act act tcg aaa act act acg 1584
Thr Leu Lys Thr Thr Thr Thr Thr Ser Thr Thr Ser Lys Thr Thr Thr
515 520 525

tcc act aca tcc acg agc tgc aca cag gct act gca ttg cca gtt ttg 1632

Ser Thr Thr Ser Thr Ser Cys Thr Gln Ala Thr Ala Leu Pro Val Leu

530 535 540

ttc aaa gag att gtc acc act tca tac ggg cag agt atc tat atc tca 1680

Phe Lys Glu Ile Val Thr Thr Ser Tyr Gly Gln Ser Ile Tyr Ile Ser

545 550 555 560

ggc tct ata agt caa ctc gga agc tgg gac acg tct agc gcc gtt gcc 1728

Gly Ser Ile Ser Gln Leu Gly Ser Trp Asp Thr Ser Ser Ala Val Ala

565 570 575

ctc tct gct gat cag tac aca tca tcc agc cat ctg tgg tat gtt gtc 1776

Leu Ser Ala Asp Gln Tyr Thr Ser Ser Ser His Leu Trp Tyr Val Val

580 585 590

gtg aca att cca gtg ggc acc tcg ttc cag tac aag ttc atc gag gag 1824

Val Thr Ile Pro Val Gly Thr Ser Phe Gln Tyr Lys Phe Ile Glu Glu

595 600 605

acg agc ggg tct agt act att act tgg gag agt gat ccg aac cgc tct 1872

Thr Ser Gly Ser Ser Thr Ile Thr Trp Glu Ser Asp Pro Asn Arg Ser

610 615 620

tat acg gtg cca acg ggc tgt gca ggc tca acg gct acc gtc aca gcg 1920

Tyr Thr Val Pro Thr Gly Cys Ala Gly Ser Thr Ala Thr Val Thr Ala

625 630 635 640

acc tgg aga 1929

Thr Trp Arg

<210> 165

<211> 643

<212> PRT

<213> Penicillium sp.

<400> 165

Met Lys Ala Leu Ala Leu Ala Ala Leu Cys Leu Ala Lys Ala Val Ala
1 5 10 15

Gly Leu Thr Ala Ala Glu Trp Arg Ser Gln Ser Ile Tyr Phe Leu Leu
20 25 30

Thr Asp Arg Phe Gly Arg Thr Asp Asn Ser Thr Thr Ala Ala Cys Asn
35 40 45

Val Ser Asp Arg Val Tyr Cys Gly Gly Ser Trp Gln Gly Ile Ile Asn
50 55 60

His Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly Phe Thr Ala Ile Trp Ile Thr
65 70 75 80

Pro Val Thr Glu Gln Leu Ser Gln Asp Thr Gly Asp Gly Glu Ala Tyr
85 90 95

His Gly Tyr Trp Gln Gln Glu Ile Tyr Asn Val Asn Thr Asn Tyr Gly
100 105 110

Thr Ala Ala Asp Leu Leu Ala Leu Ser Lys Ala Leu His Ser Arg Gly
115 120 125

Met Tyr Leu Met Val Asp Val Val Ala Asn His Met Gly Tyr Asp Gly
130 135 140

Ala Gly Asn Thr Val Asp Tyr Ser Val Phe Asn Pro Phe Asp Ser Ser
145 150 155 160

Ser Tyr Phe His Ser Tyr Cys Glu Ile Ser Asp Tyr Ser Asp Gln Thr
165 170 175

Asn Val Glu Asp Cys Trp Leu Gly Asp Thr Thr Val Ser Leu Pro Asp
180 185 190

Leu Asp Thr Thr Leu Thr Ser Val Gln Thr Ile Trp Tyr Asn Trp Val
195 200 205

Thr Glu Leu Val Ser Asn Tyr Ser Ile Asp Gly Leu Arg Ile Asp Thr
210 215 220

Val Lys His Val Gln Lys Ser Phe Trp Pro Gly Tyr Asn Ser Ala Ala
225 230 235 240

Gly Val Tyr Cys Val Gly Glu Val Phe Asp Gly Asp Pro Ala Tyr Thr
245 250 255

Cys Pro Tyr Gln Ser Tyr Leu Asp Gly Val Leu Asn Tyr Pro Ile Tyr
260 265 270

Tyr Gln Leu Leu Tyr Ala Phe Glu Ser Thr Ser Gly Ser Ile Ser Gly
275 280 285

Leu Tyr Asn Met Ile Asn Ser Val Ala Ser Asp Cys Ser Asp Pro Thr
290 295 300

Leu Leu Gly Asn Phe Ile Glu Asn His Asp Asn Pro Arg Phe Ala Ser
305 310 315 320

Tyr Thr Ser Asp Tyr Ser Gln Ala Lys Asn Val Ile Ser Phe Ile Phe
325 330 335

Phe Ser Asp Gly Ile Pro Ile Val Tyr Ala Gly Gln Glu Gln His Tyr
340 345 350

Ser Gly Gly Ser Asp Pro Ala Asn Arg Glu Ala Thr Trp Leu Ser Gly
355 360 365

Tyr Asp Lys Thr Ala Gln Leu Tyr Thr Tyr Ile Thr Thr Thr Asn Lys

370 375 380

Ile Arg Ala Leu Ala Ile Ser Lys Asp Ser Ala Tyr Ile Ser Ser Lys
385 390 395 400

Asn Asn Ala Phe Tyr Thr Asp Ser Asn Thr Ile Ala Met Lys Lys Gly
405 410 415

Ser Ser Gly Ser Gln Val Ile Thr Val Leu Ser Asn Arg Gly Ser Ser
420 425 430

Gly Ser Ser Tyr Thr Leu Thr Leu Ser Gly Ser Gly Tyr Ser Ser Gly
435 440 445

Thr Lys Leu Met Glu Met Tyr Thr Cys Thr Ala Val Thr Val Asp Ser
450 455 460

Ser Gly Asn Ile Ala Val Pro Met Ala Ser Gly Leu Pro Arg Val Tyr
465 470 475 480

Met Leu Ala Ser Ser Ala Cys Ser Ile Cys Ser Ser Ala Cys Ser Ala
485 490 495

Thr Thr Thr Thr Ser Ser Thr Ala Ser Thr Ser Thr Thr Thr Ser Thr
500 505 510

Thr Leu Lys Thr Thr Thr Thr Thr Ser Thr Thr Ser Lys Thr Thr Thr

515 520 525

Ser Thr Thr Ser Thr Ser Cys Thr Gln Ala Thr Ala Leu Pro Val Leu

530 535 540

Phe Lys Glu Ile Val Thr Thr Ser Tyr Gly Gln Ser Ile Tyr Ile Ser

545 550 555 560

Gly Ser Ile Ser Gln Leu Gly Ser Trp Asp Thr Ser Ser Ala Val Ala

565 570 575

Leu Ser Ala Asp Gln Tyr Thr Ser Ser Ser His Leu Trp Tyr Val Val

580 585 590

Val Thr Ile Pro Val Gly Thr Ser Phe Gln Tyr Lys Phe Ile Glu Glu

595 600 605

Thr Ser Gly Ser Ser Thr Ile Thr Trp Glu Ser Asp Pro Asn Arg Ser

610 615 620

Tyr Thr Val Pro Thr Gly Cys Ala Gly Ser Thr Ala Thr Val Thr Ala

625 630 635 640

Thr Trp Arg

<210> 166

<211> 1698

<212> DNA

<213> Streptomyces limosus

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1698)

<220>

<221> sig_peptide

<222> (1)..(84)

<220>

<221> misc_feature

<222> (85)..(1503)

<223> Catalytic domain

<220>

<221> misc_feature

<222> (1504)..(1701)

<223> Linker+CBM

<400> 166

atg gcc cgc aga ctc gcc acc gcg tcc cta gcc gtg ctg gcg gcg gcc 48

Met Ala Arg Arg Leu Ala Thr Ala Ser Leu Ala Val Leu Ala Ala Ala

1 5 10 15

gcc acc gcc ctc acc gcg ccc aca ccc gcc gct gcc gcc ccg ccc ggg 96

Ala Thr Ala Leu Thr Ala Pro Thr Pro Ala Ala Ala Ala Pro Pro Gly

20 25 30

gcg aag gac gtc acc gcc gtc ctc ttc gag tgg aag ttc gcc tcc gta 144
Ala Lys Asp Val Thr Ala Val Leu Phe Glu Trp Lys Phe Ala Ser Val

35 40 45

gcc cgc gcc tgc acc gac agc ctc ggc ccg gcc ggc tac gga tac gtc 192
Ala Arg Ala Cys Thr Asp Ser Leu Gly Pro Ala Gly Tyr Gly Tyr Val

50 55 60

cag gtc tcg ccg ccc cag gag cac atc cag ggc agc cag tgg tgg acc 240
Gln Val Ser Pro Pro Gln Glu His Ile Gln Gly Ser Gln Trp Trp Thr

65 70 75 80

tcc tac cag ccc gtc agc tac aag atc gcc gga cgg ctc ggc gac cgc 288
Ser Tyr Gln Pro Val Ser Tyr Lys Ile Ala Gly Arg Leu Gly Asp Arg

85 90 95

gcc gcc ttc aag tcc atg gtc gac acc tgc cac gcg gcc ggc gtc aag 336
Ala Ala Phe Lys Ser Met Val Asp Thr Cys His Ala Ala Gly Val Lys

100 105 110

gtc gtc gcc gac tcg gtc atc aac cac atg gcc gcg ggt tcc ggc acc 384
Val Val Ala Asp Ser Val Ile Asn His Met Ala Ala Gly Ser Gly Thr

115 120 125

ggc acc ggc ggc agc gcg tac cag aag tac gac tac ccg ggc atc tgg 432
Gly Thr Gly Gly Ser Ala Tyr Gln Lys Tyr Asp Tyr Pro Gly Ile Trp

130 135 140

tcc ggc gcc gac atg gac gac tgc cgc agc gag atc aac gac tac ggc 480
Ser Gly Ala Asp Met Asp Asp Cys Arg Ser Glu Ile Asn Asp Tyr Gly

145 150 155 160

aac cgc gcc aac gtc cag aac tgc gaa ctg gtc ggc ctc gcc gac ctc 528
Asn Arg Ala Asn Val Gln Asn Cys Glu Leu Val Gly Leu Ala Asp Leu
165 170 175

gac acc ggt gag tcg tac gtc cgc gac cgc atc gcc gcc tac ctc aac 576
Asp Thr Gly Glu Ser Tyr Val Arg Asp Arg Ile Ala Ala Tyr Leu Asn
180 185 190

gac ctg ctc tcg ctc ggt gtg gac ggc ttc cgc atc gac gcc gcc aag 624
Asp Leu Leu Ser Leu Gly Val Asp Gly Phe Arg Ile Asp Ala Ala Lys
195 200 205

cac atg ccc gcc gcc gac ctc acc gcc atc aag gcc aag gtc ggc aac 672
His Met Pro Ala Ala Asp Leu Thr Ala Ile Lys Ala Lys Val Gly Asn
210 215 220

ggg agc acg tac tgg aag cag gag gcc atc cac ggc gcg ggc gag gcc 720
Gly Ser Thr Tyr Trp Lys Gln Glu Ala Ile His Gly Ala Gly Glu Ala
225 230 235 240

gtc cag ccc agc gag tac ctc ggc acc ggc gac gtc cag gag ttc cgc 768
Val Gln Pro Ser Glu Tyr Leu Gly Thr Gly Asp Val Gln Glu Phe Arg
245 250 255

tac gcc cgc gac ctc aag cgg gtc ttc cag aac gag aac ctc gcc cac 816
Tyr Ala Arg Asp Leu Lys Arg Val Phe Gln Asn Glu Asn Leu Ala His
260 265 270

ctg aag aac ttc ggc gag gac tgg ggc tac atg gcg agc ggc aag tcc 864
Leu Lys Asn Phe Gly Glu Asp Trp Gly Tyr Met Ala Ser Gly Lys Ser
275 280 285

gcc gtc ttc gtc gac aac cac gac acc gag cgg ggc ggc gac acc ctc 912

Ala Val Phe Val Asp Asn His Asp Thr Glu Arg Gly Gly Asp Thr Leu

290 295 300

aac tac aag aac ggc tcc gcc tac acc ctc gcc ggc gtc ttc atg ctg 960

Asn Tyr Lys Asn Gly Ser Ala Tyr Thr Leu Ala Gly Val Phe Met Leu

305 310 315 320

gcc tgg ccc tac ggc tcc ccg gac gtc cac tcc ggc tac gag ttc acc 1008

Ala Trp Pro Tyr Gly Ser Pro Asp Val His Ser Gly Tyr Glu Phe Thr

325 330 335

gac cac gac gcc ggc ccg ccc aac ggc ggc acc gtc aac gcc tgc tac 1056

Asp His Asp Ala Gly Pro Pro Asn Gly Gly Thr Val Asn Ala Cys Tyr

340 345 350

agc gac ggc tgg aag tgc cag cac gcc tgg ccc gag ctc tcc tcc atg 1104

Ser Asp Gly Trp Lys Cys Gln His Ala Trp Pro Glu Leu Ser Ser Met

355 360 365

gtc ggc ctg cgc aac acc gcc tcc ggg cag ccc gtc acc aac tgg tgg 1152

Val Gly Leu Arg Asn Thr Ala Ser Gly Gln Pro Val Thr Asn Trp Trp

370 375 380

gac aac ggc ggc gac cag atc gcc ttc ggc cgc ggc gac aag gcg tac 1200

Asp Asn Gly Gly Asp Gln Ile Ala Phe Gly Arg Gly Asp Lys Ala Tyr

385 390 395 400

gtc gcc atc aac cac gag ggc tcc gcg ctg aac cgc acc ttc cag agc 1248

Val Ala Ile Asn His Glu Gly Ser Ala Leu Asn Arg Thr Phe Gln Ser

405 410 415

ggc ctg ccc ggc ggc gcc tac tgc gac gtc cag agc ggc agg tcc gtc 1296
Gly Leu Pro Gly Gly Ala Tyr Cys Asp Val Gln Ser Gly Arg Ser Val
420 425 430

acg gtc ggc tcc gac ggc acc ttc acc gcc acc gtc gcc gcc ggc acc 1344
Thr Val Gly Ser Asp Gly Thr Phe Thr Ala Thr Val Ala Ala Gly Thr
435 440 445

gcc ctg gcc ctg cac acc ggg gcc cgt acc tgc tcc ggc ggc gga acc 1392
Ala Leu Ala Leu His Thr Gly Ala Arg Thr Cys Ser Gly Gly Gly Thr
450 455 460

ggc ccc ggc acc ggg cag acc tcc gcc tcc ttc cac gtc aac gcc acc 1440
Gly Pro Gly Thr Gly Gln Thr Ser Ala Ser Phe His Val Asn Ala Thr
465 470 475 480

acc gcc tgg ggc gag aac atc tac gtc acc ggt gac cag gcc gcc ctc 1488
Thr Ala Trp Gly Glu Asn Ile Tyr Val Thr Gly Asp Gln Ala Ala Leu
485 490 495

ggc aac tgg gac ccg gcc cgc gcc ctc aag ctc gac ccg gcc gcc tac 1536
Gly Asn Trp Asp Pro Ala Arg Ala Leu Lys Leu Asp Pro Ala Ala Tyr
500 505 510

ccg gtg tgg aag ctc gac gtg ccg ctg gcc gcc gga acc ccc ttc cag 1584
Pro Val Trp Lys Leu Asp Val Pro Leu Ala Ala Gly Thr Pro Phe Gln
515 520 525

tac aag tac ctg cgc aag gac gcc gcg ggg aag gcc gtc tgg gag tcc 1632
Tyr Lys Tyr Leu Arg Lys Asp Ala Ala Gly Lys Ala Val Trp Glu Ser
530 535 540

ggc gcc aac cgc acg gcg acc gtc ggc acc acc ggc gcc ctc acc ctc 1680

Gly Ala Asn Arg Thr Ala Thr Val Gly Thr Thr Gly Ala Leu Thr Leu
545 550 555 560

aac gac acc tgg cgc ggc 1698
Asn Asp Thr Trp Arg Gly
565

<210> 167
<211> 566
<212> PRT
<213> Streptomyces limosus

<400> 167

Met Ala Arg Arg Leu Ala Thr Ala Ser Leu Ala Val Leu Ala Ala Ala
1 5 10 15

Ala Thr Ala Leu Thr Ala Pro Thr Pro Ala Ala Ala Ala Pro Pro Gly
20 25 30

Ala Lys Asp Val Thr Ala Val Leu Phe Glu Trp Lys Phe Ala Ser Val
35 40 45

Ala Arg Ala Cys Thr Asp Ser Leu Gly Pro Ala Gly Tyr Gly Tyr Val
50 55 60

Gln Val Ser Pro Pro Gln Glu His Ile Gln Gly Ser Gln Trp Trp Thr
65 70 75 80

Ser Tyr Gln Pro Val Ser Tyr Lys Ile Ala Gly Arg Leu Gly Asp Arg
85 90 95

Ala Ala Phe Lys Ser Met Val Asp Thr Cys His Ala Ala Gly Val Lys
100 105 110

Val Val Ala Asp Ser Val Ile Asn His Met Ala Ala Gly Ser Gly Thr
115 120 125

Gly Thr Gly Gly Ser Ala Tyr Gln Lys Tyr Asp Tyr Pro Gly Ile Trp
130 135 140

Ser Gly Ala Asp Met Asp Asp Cys Arg Ser Glu Ile Asn Asp Tyr Gly
145 150 155 160

Asn Arg Ala Asn Val Gln Asn Cys Glu Leu Val Gly Leu Ala Asp Leu
165 170 175

Asp Thr Gly Glu Ser Tyr Val Arg Asp Arg Ile Ala Ala Tyr Leu Asn
180 185 190

Asp Leu Leu Ser Leu Gly Val Asp Gly Phe Arg Ile Asp Ala Ala Lys
195 200 205

His Met Pro Ala Ala Asp Leu Thr Ala Ile Lys Ala Lys Val Gly Asn

210 215 220

Gly Ser Thr Tyr Trp Lys Gln Glu Ala Ile His Gly Ala Gly Glu Ala
225 230 235 240

Val Gln Pro Ser Glu Tyr Leu Gly Thr Gly Asp Val Gln Glu Phe Arg
245 250 255

Tyr Ala Arg Asp Leu Lys Arg Val Phe Gln Asn Glu Asn Leu Ala His
260 265 270

Leu Lys Asn Phe Gly Glu Asp Trp Gly Tyr Met Ala Ser Gly Lys Ser
275 280 285

Ala Val Phe Val Asp Asn His Asp Thr Glu Arg Gly Gly Asp Thr Leu
290 295 300

Asn Tyr Lys Asn Gly Ser Ala Tyr Thr Leu Ala Gly Val Phe Met Leu
305 310 315 320

Ala Trp Pro Tyr Gly Ser Pro Asp Val His Ser Gly Tyr Glu Phe Thr
325 330 335

Asp His Asp Ala Gly Pro Pro Asn Gly Gly Thr Val Asn Ala Cys Tyr
340 345 350

Ser Asp Gly Trp Lys Cys Gln His Ala Trp Pro Glu Leu Ser Ser Met
355 360 365

Val Gly Leu Arg Asn Thr Ala Ser Gly Gln Pro Val Thr Asn Trp Trp
370 375 380

Asp Asn Gly Gly Asp Gln Ile Ala Phe Gly Arg Gly Asp Lys Ala Tyr
385 390 395 400

Val Ala Ile Asn His Glu Gly Ser Ala Leu Asn Arg Thr Phe Gln Ser
405 410 415

Gly Leu Pro Gly Gly Ala Tyr Cys Asp Val Gln Ser Gly Arg Ser Val
420 425 430

Thr Val Gly Ser Asp Gly Thr Phe Thr Ala Thr Val Ala Ala Gly Thr
435 440 445

Ala Leu Ala Leu His Thr Gly Ala Arg Thr Cys Ser Gly Gly Gly Thr
450 455 460

Gly Pro Gly Thr Gly Gln Thr Ser Ala Ser Phe His Val Asn Ala Thr
465 470 475 480

Thr Ala Trp Gly Glu Asn Ile Tyr Val Thr Gly Asp Gln Ala Ala Leu

485 490 495

Gly Asn Trp Asp Pro Ala Arg Ala Leu Lys Leu Asp Pro Ala Ala Tyr
500 505 510

Pro Val Trp Lys Leu Asp Val Pro Leu Ala Ala Gly Thr Pro Phe Gln
515 520 525

Tyr Lys Tyr Leu Arg Lys Asp Ala Ala Gly Lys Ala Val Trp Glu Ser
530 535 540

Gly Ala Asn Arg Thr Ala Thr Val Gly Thr Thr Gly Ala Leu Thr Leu
545 550 555 560

Asn Asp Thr Trp Arg Gly
565

<210> 168
<211> 1842
<212> DNA
<213> Subulispora provurta

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1842)

<220>

<221> sig_peptide

<222> (1)..(63)

<220>

<221> misc_feature

<222> (64)..(1461)

<223> Catalytic domain

<220>

<221> misc_feature

<222> (1462)..(1536)

<223> Linker

<220>

<221> misc_feature

<222> (1537)..(1842)

<223> CBM

<400> 168

atg aag acg aac gcg ctg ttg ctg ccc ggc ctc tgg gct gcc act gcc 48

Met Lys Thr Asn Ala Leu Leu Leu Pro Gly Leu Trp Ala Ala Thr Ala

1 5 10 15

caa gcc ttg tct gcc acc gaa tgg ggg agt cag tcc atc tac cag gta 96

Gln Ala Leu Ser Ala Thr Glu Trp Gly Ser Gln Ser Ile Tyr Gln Val

20 25 30

ttg acg gat cgc ttt gcc cgc act gat ggg tct act acc gcc tcc tgt 144

Leu Thr Asp Arg Phe Ala Arg Thr Asp Gly Ser Thr Thr Ala Ser Cys

35 40 45

gat gtg aac aag tac tgc ggc ggc acc tgg cag ggc ata atc gac aag 192

Asp Val Asn Lys Tyr Cys Gly Gly Thr Trp Gln Gly Ile Ile Asp Lys

50 55 60

ctg gac tac atc cag ggc atg ggt ttc act gcg atc tgg att tcg cct 240

Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly Phe Thr Ala Ile Trp Ile Ser Pro

65 70 75 80

atc gtc gac aac atc gac gcc gat act gtt gat ggc acc tct tat cac 288

Ile Val Asp Asn Ile Asp Ala Asp Thr Val Asp Gly Thr Ser Tyr His

85 90 95

ggt tac tgg gcc cag gac atc acc tca gtg aac tcg gcg ttc ggc acg 336

Gly Tyr Trp Ala Gln Asp Ile Thr Ser Val Asn Ser Ala Phe Gly Thr

100 105 110

gag cag gac ctc atc aac ctc tca gca gct ctg cac gac agg ggc atg 384

Glu Gln Asp Leu Ile Asn Leu Ser Ala Ala Leu His Asp Arg Gly Met

115 120 125

tat ctg atg gta gac gtg gta aac aac cac atg gga tac aac ggc tgc 432

Tyr Leu Met Val Asp Val Val Asn Asn His Met Gly Tyr Asn Gly Cys

130 135 140

ggc gat tgt gtt gac tac agc ata tac acg cca ttc aac cag cag tcc 480

Gly Asp Cys Val Asp Tyr Ser Ile Tyr Thr Pro Phe Asn Gln Gln Ser

145 150 155 160

tac tac cac ccg tac tgc gcc act gat tac agc aac ctg acc tcc atc 528

Tyr Tyr His Pro Tyr Cys Ala Thr Asp Tyr Ser Asn Leu Thr Ser Ile

165 170 175

cag gtg tgc tgg gag ggt gac aac att gtc agt ctc ccc gac ctg agg 576

Gln Val Cys Trp Glu Gly Asp Asn Ile Val Ser Leu Pro Asp Leu Arg

180 185 190

aca gag gat gac gat gtc cgc acc atg tgg tac gac tgg atc acg ccg 624
Thr Glu Asp Asp Asp Val Arg Thr Met Trp Tyr Asp Trp Ile Thr Pro
195 200 205

ttg gta acc aag tac tcg atc gat gga ctg cgc atg gac agc gcc gag 672
Leu Val Thr Lys Tyr Ser Ile Asp Gly Leu Arg Met Asp Ser Ala Glu
210 215 220

cat gtc gag aag agc ttc tgg cct ggt tgg gta tcc gcc tcg gga gta 720
His Val Glu Lys Ser Phe Trp Pro Gly Trp Val Ser Ala Ser Gly Val
225 230 235 240

tac aac ata gga gag gtt gat gag ggc gac ccc acc atc ttc cca gac 768
Tyr Asn Ile Gly Glu Val Asp Glu Gly Asp Pro Thr Ile Phe Pro Asp
245 250 255

tgg ctg aac tac atc gac gga acc ttg aac tat cca gct tac tac tgg 816
Trp Leu Asn Tyr Ile Asp Gly Thr Leu Asn Tyr Pro Ala Tyr Tyr Trp
260 265 270

atc act caa gct ttc cag tca act tct ggt tct atc agc aac ctg gtt 864
Ile Thr Gln Ala Phe Gln Ser Thr Ser Gly Ser Ile Ser Asn Leu Val
275 280 285

aat gga atc aac caa atg aag ggc tca atg aaa acc agc acc ctc ggg 912
Asn Gly Ile Asn Gln Met Lys Gly Ser Met Lys Thr Ser Thr Leu Gly
290 295 300

tcg ttc ctt gag aat cac gac cag cca cga ttc cct tct ctg act agt 960
Ser Phe Leu Glu Asn His Asp Gln Pro Arg Phe Pro Ser Leu Thr Ser
305 310 315 320

gat gcg gat ttg gcg aag aac gct atc gct ttt gct atg ctt gct gat 1008
Asp Ala Asp Leu Ala Lys Asn Ala Ile Ala Phe Ala Met Leu Ala Asp
325 330 335

ggc gtc cca atc gtc tac tat ggt caa gag cag gcc tac tcg ggt ggt 1056
Gly Val Pro Ile Val Tyr Tyr Gly Gln Glu Gln Ala Tyr Ser Gly Gly
340 345 350

ggc gtg cct aat gac cgt gag cca ctg tgg aca tcg gga tac agc acc 1104
Gly Val Pro Asn Asp Arg Glu Pro Leu Trp Thr Ser Gly Tyr Ser Thr
355 360 365

aca tcg gca ggt tac acg ttc atc acg acc atc aac aaa atc cgc cgc 1152
Thr Ser Ala Gly Tyr Thr Phe Ile Thr Thr Ile Asn Lys Ile Arg Arg
370 375 380

ctg gct ctc acc cag gac agt gcc tac gta gca tac cag acc tac ccg 1200
Leu Ala Leu Thr Gln Asp Ser Ala Tyr Val Ala Tyr Gln Thr Tyr Pro
385 390 395 400

atc tat tcg gat tct cac gtc atc gcc atg aag aag agc agc gtc gtc 1248
Ile Tyr Ser Asp Ser His Val Ile Ala Met Lys Lys Ser Ser Val Val
405 410 415

tcc gtc tat agc aac att ggc tcc agc ggc agc acc tat tcg atc acc 1296
Ser Val Tyr Ser Asn Ile Gly Ser Ser Gly Ser Thr Tyr Ser Ile Thr
420 425 430

cta cct gcc ggc aca ttc act ggg agt gta gcg ctc aca gac gtg gtg 1344
Leu Pro Ala Gly Thr Phe Thr Gly Ser Val Ala Leu Thr Asp Val Val
435 440 445

agc tgc cag acg tac acg gcg agc tct act ggc agc ctc acc ttc acc 1392

Ser Cys Gln Thr Tyr Thr Ala Ser Ser Thr Gly Ser Leu Thr Phe Thr

450 455 460

ttc gga caa gtt ccc tcc gtc ttc tac ccg acg gca agc ctg tcc ggc 1440

Phe Gly Gln Val Pro Ser Val Phe Tyr Pro Thr Ala Ser Leu Ser Gly

465 470 475 480

agc ggg ctc tgc tct agc tcc gga ggc agc ggt acc act acc acg acc 1488

Ser Gly Leu Cys Ser Ser Ser Gly Gly Ser Gly Thr Thr Thr Thr Thr

485 490 495

act acc agc act gca ggc aca tcg cca act tcg aca gcg tgc tcc tcg 1536

Thr Thr Ser Thr Ala Gly Thr Ser Pro Thr Ser Thr Ala Cys Ser Ser

500 505 510

gtc ccc gta acg ttc cgc gaa acg gtc aca act acg gta gga cag aca 1584

Val Pro Val Thr Phe Arg Glu Thr Val Thr Thr Thr Val Gly Gln Thr

515 520 525

atc aag ata tct ggc gac gtc tcc gcc ctt gga aac tgg gat acg gac 1632

Ile Lys Ile Ser Gly Asp Val Ser Ala Leu Gly Asn Trp Asp Thr Asp

530 535 540

gac gcg gtg gcc ctg agc gcc gcg agc tac acg tcc agc aac ccc gtg 1680

Asp Ala Val Ala Leu Ser Ala Ala Ser Tyr Thr Ser Ser Asn Pro Val

545 550 555 560

tgg gac gtg acc gtc agc ttc gcc ccc ggc acc gtc atc gag tac aag 1728

Trp Asp Val Thr Val Ser Phe Ala Pro Gly Thr Val Ile Glu Tyr Lys

565 570 575

tac atc aac gtg gcg agc ggc ggc gcc gtg acc tgg gag gcc gac ccg 1776

Tyr Ile Asn Val Ala Ser Gly Gly Ala Val Thr Trp Glu Ala Asp Pro

580 585 590

aac cac acc tac acg gtg cct tcg tcc tgc gcc acc gcc gtg gtc tcc 1824

Asn His Thr Tyr Thr Val Pro Ser Ser Cys Ala Thr Ala Val Val Ser

595 600 605

aac acc tgg cag acg tga 1842

Asn Thr Trp Gln Thr

610

<210> 169

<211> 613

<212> PRT

<213> Subulispora provurta

<400> 169

Met Lys Thr Asn Ala Leu Leu Leu Pro Gly Leu Trp Ala Ala Thr Ala

1 5 10 15

Gln Ala Leu Ser Ala Thr Glu Trp Gly Ser Gln Ser Ile Tyr Gln Val

20 25 30

Leu Thr Asp Arg Phe Ala Arg Thr Asp Gly Ser Thr Thr Ala Ser Cys

35 40 45

Asp Val Asn Lys Tyr Cys Gly Gly Thr Trp Gln Gly Ile Ile Asp Lys

50 55 60

Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly Phe Thr Ala Ile Trp Ile Ser Pro
65 70 75 80

Ile Val Asp Asn Ile Asp Ala Asp Thr Val Asp Gly Thr Ser Tyr His
85 90 95

Gly Tyr Trp Ala Gln Asp Ile Thr Ser Val Asn Ser Ala Phe Gly Thr
100 105 110

Glu Gln Asp Leu Ile Asn Leu Ser Ala Ala Leu His Asp Arg Gly Met
115 120 125

Tyr Leu Met Val Asp Val Val Asn Asn His Met Gly Tyr Asn Gly Cys
130 135 140

Gly Asp Cys Val Asp Tyr Ser Ile Tyr Thr Pro Phe Asn Gln Gln Ser
145 150 155 160

Tyr Tyr His Pro Tyr Cys Ala Thr Asp Tyr Ser Asn Leu Thr Ser Ile
165 170 175

Gln Val Cys Trp Glu Gly Asp Asn Ile Val Ser Leu Pro Asp Leu Arg
180 185 190

Thr Glu Asp Asp Asp Val Arg Thr Met Trp Tyr Asp Trp Ile Thr Pro

195 200 205

Leu Val Thr Lys Tyr Ser Ile Asp Gly Leu Arg Met Asp Ser Ala Glu
210 215 220

His Val Glu Lys Ser Phe Trp Pro Gly Trp Val Ser Ala Ser Gly Val
225 230 235 240

Tyr Asn Ile Gly Glu Val Asp Glu Gly Asp Pro Thr Ile Phe Pro Asp
245 250 255

Trp Leu Asn Tyr Ile Asp Gly Thr Leu Asn Tyr Pro Ala Tyr Tyr Trp
260 265 270

Ile Thr Gln Ala Phe Gln Ser Thr Ser Gly Ser Ile Ser Asn Leu Val
275 280 285

Asn Gly Ile Asn Gln Met Lys Gly Ser Met Lys Thr Ser Thr Leu Gly
290 295 300

Ser Phe Leu Glu Asn His Asp Gln Pro Arg Phe Pro Ser Leu Thr Ser
305 310 315 320

Asp Ala Asp Leu Ala Lys Asn Ala Ile Ala Phe Ala Met Leu Ala Asp
325 330 335

Gly Val Pro Ile Val Tyr Tyr Gly Gln Glu Gln Ala Tyr Ser Gly Gly
340 345 350

Gly Val Pro Asn Asp Arg Glu Pro Leu Trp Thr Ser Gly Tyr Ser Thr
355 360 365

Thr Ser Ala Gly Tyr Thr Phe Ile Thr Thr Ile Asn Lys Ile Arg Arg
370 375 380

Leu Ala Leu Thr Gln Asp Ser Ala Tyr Val Ala Tyr Gln Thr Tyr Pro
385 390 395 400

Ile Tyr Ser Asp Ser His Val Ile Ala Met Lys Lys Ser Ser Val Val
405 410 415

Ser Val Tyr Ser Asn Ile Gly Ser Ser Gly Ser Thr Tyr Ser Ile Thr
420 425 430

Leu Pro Ala Gly Thr Phe Thr Gly Ser Val Ala Leu Thr Asp Val Val
435 440 445

Ser Cys Gln Thr Tyr Thr Ala Ser Ser Thr Gly Ser Leu Thr Phe Thr
450 455 460

Phe Gly Gln Val Pro Ser Val Phe Tyr Pro Thr Ala Ser Leu Ser Gly
465 470 475 480

Ser Gly Leu Cys Ser Ser Ser Gly Gly Ser Gly Thr Thr Thr Thr Thr
485 490 495

Thr Thr Ser Thr Ala Gly Thr Ser Pro Thr Ser Thr Ala Cys Ser Ser
500 505 510

Val Pro Val Thr Phe Arg Glu Thr Val Thr Thr Thr Val Gly Gln Thr
515 520 525

Ile Lys Ile Ser Gly Asp Val Ser Ala Leu Gly Asn Trp Asp Thr Asp
530 535 540

Asp Ala Val Ala Leu Ser Ala Ala Ser Tyr Thr Ser Ser Asn Pro Val
545 550 555 560

Trp Asp Val Thr Val Ser Phe Ala Pro Gly Thr Val Ile Glu Tyr Lys
565 570 575

Tyr Ile Asn Val Ala Ser Gly Gly Ala Val Thr Trp Glu Ala Asp Pro
580 585 590

Asn His Thr Tyr Thr Val Pro Ser Ser Cys Ala Thr Ala Val Val Ser

595 600 605

Asn Thr Trp Gln Thr
610

<210> 170
<211> 1389
<212> DNA
<213> Syncephalastrum racemosum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1389)

<220>
<221> sig_peptide
<222> (1)..(60)

<220>
<221> misc_feature
<222> (61)..(1389)
<223> Catalytic domain

<400> 170
atg aag gtc ttt atg aac gtt ctc tgt ggg gtc ctt ttc ctg tct ctt 48
Met Lys Val Phe Met Asn Val Leu Cys Gly Val Leu Phe Leu Ser Leu
1 5 10 15

ttg act gaa tcc aaa cct att gtg aaa aaa cgt gcg act gct agt gac 96
Leu Thr Glu Ser Lys Pro Ile Val Lys Lys Arg Ala Thr Ala Ser Asp

20 25 30

tgg gaa aat cga gtt atc tac caa ttg ttg aca gat cga ttt gct aaa 144
Trp Glu Asn Arg Val Ile Tyr Gln Leu Leu Thr Asp Arg Phe Ala Lys
35 40 45

agc tct gac gac aca aac ggt tgc tcc aac cta ggc aat tat tgt ggc 192
Ser Ser Asp Asp Thr Asn Gly Cys Ser Asn Leu Gly Asn Tyr Cys Gly
50 55 60

ggg acg ttt caa ggg att atc aat cat cta gac tat att gcc ggt atg 240
Gly Thr Phe Gln Gly Ile Ile Asn His Leu Asp Tyr Ile Ala Gly Met
65 70 75 80

gga ttc gat gcg atc tgg ata tcg cca att cct gaa aac tcg gat ggg 288
Gly Phe Asp Ala Ile Trp Ile Ser Pro Ile Pro Glu Asn Ser Asp Gly
85 90 95

ggg tat cac ggt tac tgg gct acc aac ttt tct gcc atc aac tca cat 336
Gly Tyr His Gly Tyr Trp Ala Thr Asn Phe Ser Ala Ile Asn Ser His
100 105 110

ttt ggg tcg tct aat gat ttg aag aaa ttg gtg tca gca gct cat gac 384
Phe Gly Ser Ser Asn Asp Leu Lys Lys Leu Val Ser Ala Ala His Asp
115 120 125

aag ggc atg tat gtt atg ctt gac gtg gtt gct aac cac gtt ggc ata 432
Lys Gly Met Tyr Val Met Leu Asp Val Val Ala Asn His Val Gly Ile
130 135 140

cct tcc tcc agt ggc caa tac tcg gga tac acg ttt gat caa agc tct 480
Pro Ser Ser Ser Gly Gln Tyr Ser Gly Tyr Thr Phe Asp Gln Ser Ser
145 150 155 160

cag tat cat agt tct tgt gat att aac tat gac aac caa aac tct att 528
Gln Tyr His Ser Ser Cys Asp Ile Asn Tyr Asp Asn Gln Asn Ser Ile
165 170 175

gaa caa tgc tgg atc tct ggc tta cct gat ctt aac acc gaa gat tca 576
Glu Gln Cys Trp Ile Ser Gly Leu Pro Asp Leu Asn Thr Glu Asp Ser
180 185 190

gcg gta gtc agc aag cta aac tcg att gtg tca aac tgg gta tcc gaa 624
Ala Val Val Ser Lys Leu Asn Ser Ile Val Ser Asn Trp Val Ser Glu
195 200 205

tat gac ttt gat ggg ctt cgt att gat act gtc aag cac att cgc aag 672
Tyr Asp Phe Asp Gly Leu Arg Ile Asp Thr Val Lys His Ile Arg Lys
210 215 220

gat ttt tgg gat ggc tat gta tct gct gca ggt gta ttt gcc act ggg 720
Asp Phe Trp Asp Gly Tyr Val Ser Ala Ala Gly Val Phe Ala Thr Gly
225 230 235 240

gaa gtc ttg aac ggt gct gtt tct tat gtt gct cca tac caa caa cat 768
Glu Val Leu Asn Gly Ala Val Ser Tyr Val Ala Pro Tyr Gln Gln His
245 250 255

gtt ccc tct tta ctc aac tac cca ctg tat ttc ccc gtc aat gat gtg 816
Val Pro Ser Leu Leu Asn Tyr Pro Leu Tyr Phe Pro Val Asn Asp Val
260 265 270

ttc acg aag gct tct acc atg agt cgt ttg gga tca ggc tat gct gat 864
Phe Thr Lys Ala Ser Thr Met Ser Arg Leu Gly Ser Gly Tyr Ala Asp
275 280 285

atc cag tct ggc agc ttt aca aac aga aac cat ctg gtt aac ttt atc 912

Ile Gln Ser Gly Ser Phe Thr Asn Arg Asn His Leu Val Asn Phe Ile

290 295 300

gac aac cat gac aat cct cgt ttg tta tcc aag tct gat cag gtc ttg 960

Asp Asn His Asp Asn Pro Arg Leu Leu Ser Lys Ser Asp Gln Val Leu

305 310 315 320

gtg aag aat gct ctt aca tac acc atg atg att gaa gga atc cca gcc 1008

Val Lys Asn Ala Leu Thr Tyr Thr Met Met Ile Glu Gly Ile Pro Ala

325 330 335

atg tac tat ggt acc gag caa tca ttc aat gga ggc tct gac cct gcc 1056

Met Tyr Tyr Gly Thr Glu Gln Ser Phe Asn Gly Gly Ser Asp Pro Ala

340 345 350

aac aga gag gtc tta tgg acc acg aat tat tcg acc aca tcc gac atg 1104

Asn Arg Glu Val Leu Trp Thr Thr Asn Tyr Ser Thr Thr Ser Asp Met

355 360 365

tac aag ttt gtc act tta ctc gtc aaa aca cgc aag agc tcg gga aac 1152

Tyr Lys Phe Val Thr Leu Leu Val Lys Thr Arg Lys Ser Ser Gly Asn

370 375 380

acg gtt act aca ggc att gac cag acc aac aat gtt tat gtg ttt caa 1200

Thr Val Thr Thr Gly Ile Asp Gln Thr Asn Asn Val Tyr Val Phe Gln

385 390 395 400

aga gac aag tat ctg gtt gtt gtg aac aat tac ggc tca gga tcc acc 1248

Arg Asp Lys Tyr Leu Val Val Val Asn Asn Tyr Gly Ser Gly Ser Thr

405 410 415

aat tcg atc act gta aag gct ggt tca ttc tcc aat ggt gtt acc ctt 1296

Asn Ser Ile Thr Val Lys Ala Gly Ser Phe Ser Asn Gly Val Thr Leu

420 425 430

gtg gat ata ttc tcg aat aaa aca gtg act gtg tca aac gga tcg atc 1344
Val Asp Ile Phe Ser Asn Lys Thr Val Thr Val Ser Asn Gly Ser Ile
435 440 445

acc ttc cag ctt caa aat ggt aat cct gct gta ttc caa agc aaa 1389
Thr Phe Gln Leu Gln Asn Gly Asn Pro Ala Val Phe Gln Ser Lys
450 455 460

<210> 171
<211> 463
<212> PRT
<213> Syncephalastrum racemosum

<400> 171

Met Lys Val Phe Met Asn Val Leu Cys Gly Val Leu Phe Leu Ser Leu
1 5 10 15

Leu Thr Glu Ser Lys Pro Ile Val Lys Lys Arg Ala Thr Ala Ser Asp
20 25 30

Trp Glu Asn Arg Val Ile Tyr Gln Leu Leu Thr Asp Arg Phe Ala Lys
35 40 45

Ser Ser Asp Asp Thr Asn Gly Cys Ser Asn Leu Gly Asn Tyr Cys Gly
50 55 60

Gly Thr Phe Gln Gly Ile Ile Asn His Leu Asp Tyr Ile Ala Gly Met
65 70 75 80

Gly Phe Asp Ala Ile Trp Ile Ser Pro Ile Pro Glu Asn Ser Asp Gly
85 90 95

Gly Tyr His Gly Tyr Trp Ala Thr Asn Phe Ser Ala Ile Asn Ser His
100 105 110

Phe Gly Ser Ser Asn Asp Leu Lys Lys Leu Val Ser Ala Ala His Asp
115 120 125

Lys Gly Met Tyr Val Met Leu Asp Val Val Ala Asn His Val Gly Ile
130 135 140

Pro Ser Ser Ser Gly Gln Tyr Ser Gly Tyr Thr Phe Asp Gln Ser Ser
145 150 155 160

Gln Tyr His Ser Ser Cys Asp Ile Asn Tyr Asp Asn Gln Asn Ser Ile
165 170 175

Glu Gln Cys Trp Ile Ser Gly Leu Pro Asp Leu Asn Thr Glu Asp Ser
180 185 190

Ala Val Val Ser Lys Leu Asn Ser Ile Val Ser Asn Trp Val Ser Glu

195 200 205

Tyr Asp Phe Asp Gly Leu Arg Ile Asp Thr Val Lys His Ile Arg Lys
210 215 220

Asp Phe Trp Asp Gly Tyr Val Ser Ala Ala Gly Val Phe Ala Thr Gly
225 230 235 240

Glu Val Leu Asn Gly Ala Val Ser Tyr Val Ala Pro Tyr Gln Gln His
245 250 255

Val Pro Ser Leu Leu Asn Tyr Pro Leu Tyr Phe Pro Val Asn Asp Val
260 265 270

Phe Thr Lys Ala Ser Thr Met Ser Arg Leu Gly Ser Gly Tyr Ala Asp
275 280 285

Ile Gln Ser Gly Ser Phe Thr Asn Arg Asn His Leu Val Asn Phe Ile
290 295 300

Asp Asn His Asp Asn Pro Arg Leu Leu Ser Lys Ser Asp Gln Val Leu
305 310 315 320

Val Lys Asn Ala Leu Thr Tyr Thr Met Met Ile Glu Gly Ile Pro Ala
325 330 335

Met Tyr Tyr Gly Thr Glu Gln Ser Phe Asn Gly Gly Ser Asp Pro Ala
340 345 350

Asn Arg Glu Val Leu Trp Thr Thr Asn Tyr Ser Thr Thr Ser Asp Met
355 360 365

Tyr Lys Phe Val Thr Leu Leu Val Lys Thr Arg Lys Ser Ser Gly Asn
370 375 380

Thr Val Thr Thr Gly Ile Asp Gln Thr Asn Asn Val Tyr Val Phe Gln
385 390 395 400

Arg Asp Lys Tyr Leu Val Val Val Asn Asn Tyr Gly Ser Gly Ser Thr
405 410 415

Asn Ser Ile Thr Val Lys Ala Gly Ser Phe Ser Asn Gly Val Thr Leu
420 425 430

Val Asp Ile Phe Ser Asn Lys Thr Val Thr Val Ser Asn Gly Ser Ile
435 440 445

Thr Phe Gln Leu Gln Asn Gly Asn Pro Ala Val Phe Gln Ser Lys
450 455 460

<210> 172

<211> 1764

<212> DNA

<213> Trametes corrugata

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1764)

<220>

<221> sig_peptide

<222> (1)..(60)

<220>

<221> misc_feature

<222> (61)..(1431)

<223> Catalytic domain

<220>

<221> misc_feature

<222> (1432)..(1473)

<223> Linker

<220>

<221> misc_feature

<222> (1474)..(1764)

<223> CBM

<400> 172

atg ttg ttc ctt tct acg ctc ctc tcg ttc ttc ttt tac ttc agc tcc 48

Met Leu Phe Leu Ser Thr Leu Leu Ser Phe Phe Phe Tyr Phe Ser Ser

1 5 10 15

att gtg aca gcg gcg gat acg agt gca tgg aag tcc cgc agc atc tac 96
Ile Val Thr Ala Ala Asp Thr Ser Ala Trp Lys Ser Arg Ser Ile Tyr
20 25 30

ttc gtt ctg acc gat cgt gtt gct cga agc agc agc gac acc ggc ggt 144
Phe Val Leu Thr Asp Arg Val Ala Arg Ser Ser Ser Asp Thr Gly Gly
35 40 45

tcc tct tgc agc aac ctg ggc aat tac tgt gga gga act ttc aaa ggt 192
Ser Ser Cys Ser Asn Leu Gly Asn Tyr Cys Gly Gly Thr Phe Lys Gly
50 55 60

ctc gaa tct aag ctg gat tac atc caa ggc ttg ggc ttt gac gct atc 240
Leu Glu Ser Lys Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Leu Gly Phe Asp Ala Ile
65 70 75 80

tgg atc acg cct gtc gtt gct aac agt gct ggt ggc tac cat ggc tat 288
Trp Ile Thr Pro Val Val Ala Asn Ser Ala Gly Gly Tyr His Gly Tyr
85 90 95

tgg gca caa gac ttg tat tct gtc aac tcg aat tat ggt act gca gac 336
Trp Ala Gln Asp Leu Tyr Ser Val Asn Ser Asn Tyr Gly Thr Ala Asp
100 105 110

gac cta aag agc ctg gtc agc tct gct cat gcg aag ggc ata tat gtg 384
Asp Leu Lys Ser Leu Val Ser Ser Ala His Ala Lys Gly Ile Tyr Val
115 120 125

atg gtc gat gtc gta gcc aat cat atg ggt aac ggt gca att gcc gat 432
Met Val Asp Val Val Ala Asn His Met Gly Asn Gly Ala Ile Ala Asp
130 135 140

aac cgc cct gag cct ttg aac cag gct tca tcc tac cac cca gcc tgc 480

Asn Arg Pro Glu Pro Leu Asn Gln Ala Ser Ser Tyr His Pro Ala Cys
145 150 155 160

gac atc aac tac gat aac cag acc agc atc gag cag tgc agc atc ggc 528
Asp Ile Asn Tyr Asp Asn Gln Thr Ser Ile Glu Gln Cys Ser Ile Gly
165 170 175

ggt ctt gct gat ctt aac act gag agt acc gag gtt cgc act gtt ctc 576
Gly Leu Ala Asp Leu Asn Thr Glu Ser Thr Glu Val Arg Thr Val Leu
180 185 190

aac acc tgg gtt tca tgg ctc gtc gac gag tac agc ttc gac gga gta 624
Asn Thr Trp Val Ser Trp Leu Val Asp Glu Tyr Ser Phe Asp Gly Val
195 200 205

cgt atc gac aca gtc aag cac gtt caa aag gac ttc tgg cca gac ttc 672
Arg Ile Asp Thr Val Lys His Val Gln Lys Asp Phe Trp Pro Asp Phe
210 215 220

gtg tct tcc ata ggc gaa tac agc atc ggt gag gtg ttt gac ggc aac 720
Val Ser Ser Ile Gly Glu Tyr Ser Ile Gly Glu Val Phe Asp Gly Asn
225 230 235 240

cct cca tac ctc gct gag tat gcc aag ctc atg cct ggg gtt cta aac 768
Pro Pro Tyr Leu Ala Glu Tyr Ala Lys Leu Met Pro Gly Val Leu Asn
245 250 255

tat gca gtc tac tac ccc atg aat gcc ttc tac cag caa acg ggc tca 816
Tyr Ala Val Tyr Tyr Pro Met Asn Ala Phe Tyr Gln Gln Thr Gly Ser
260 265 270

tct cag gca ctg gtc gac atg atg aac acg att agc agc aca ttc cca 864
Ser Gln Ala Leu Val Asp Met Met Asn Thr Ile Ser Ser Thr Phe Pro

275 280 285

gac ccc tca gca ctc ggc acg ttc ctc gac aac cac gac aac ccg cgc 912
Asp Pro Ser Ala Leu Gly Thr Phe Leu Asp Asn His Asp Asn Pro Arg
290 295 300

tgg cta aac gtg aag aac gac cag aca ctc ctg aag aac gca cta gcc 960
Trp Leu Asn Val Lys Asn Asp Gln Thr Leu Leu Lys Asn Ala Leu Ala
305 310 315 320

tac gtc att cta gcc cga ggc att ccc atc cta tac tac ggc acc gag 1008
Tyr Val Ile Leu Ala Arg Gly Ile Pro Ile Leu Tyr Tyr Gly Thr Glu
325 330 335

caa ggt tac tcc gga ggc gcc gac cca gca aac cgc gaa gat ctt tgg 1056
Gln Gly Tyr Ser Gly Gly Ala Asp Pro Ala Asn Arg Glu Asp Leu Trp
340 345 350

cgc agc agc ttc aat aca aac gcg gac ctc tac caa tcc atc aaa aag 1104
Arg Ser Ser Phe Asn Thr Asn Ala Asp Leu Tyr Gln Ser Ile Lys Lys
355 360 365

ctc acc gca gcc cga aaa gcc gcc ggc ggc ctc gcc ggc aac gac cac 1152
Leu Thr Ala Ala Arg Lys Ala Ala Gly Gly Leu Ala Gly Asn Asp His
370 375 380

acg cat ctc tac gtc gcc gac acg gca tat gcc tgg agc cgg gca aac 1200
Thr His Leu Tyr Val Ala Asp Thr Ala Tyr Ala Trp Ser Arg Ala Asn
385 390 395 400

ggc gcc ctc atc gtg ctc acc acc aac gcc ggc agc agc tcc aac gcg 1248
Gly Ala Leu Ile Val Leu Thr Thr Asn Ala Gly Ser Ser Ser Asn Ala
405 410 415

caa cac tgc ttc aac acg cag atg gca aac ggg aaa tgg acg aac acg 1296
Gln His Cys Phe Asn Thr Gln Met Ala Asn Gly Lys Trp Thr Asn Thr
420 425 430

tat ggt gat ggc gca acg gtg acc gcg gat tcc agc ggt aat atc tgc 1344
Tyr Gly Asp Gly Ala Thr Val Thr Ala Asp Ser Ser Gly Asn Ile Cys
435 440 445

gtc acc gtt agc aac ggc gag cct gtt gtc ctc gtc gcc agc gca tca 1392
Val Thr Val Ser Asn Gly Glu Pro Val Val Leu Val Ala Ser Ala Ser
450 455 460

aca acg ggg gtt acg ccc act aca gct aca acg ctg cgc act acc aca 1440
Thr Thr Gly Val Thr Pro Thr Thr Ala Thr Thr Leu Arg Thr Thr Thr
465 470 475 480

gcc tcc gcg tgt ccg act tcc gtt gca gta tcg ttc acg cac agc atc 1488
Ala Ser Ala Cys Pro Thr Ser Val Ala Val Ser Phe Thr His Ser Ile
485 490 495

acc act gtg ccc ggc gac act atc aag atc gcg ggt aac acg acg caa 1536
Thr Thr Val Pro Gly Asp Thr Ile Lys Ile Ala Gly Asn Thr Thr Gln
500 505 510

ctc ggt agc tgg act gta gct tcc gca ccc gcg ctc tca gcg tca tcg 1584
Leu Gly Ser Trp Thr Val Ala Ser Ala Pro Ala Leu Ser Ala Ser Ser
515 520 525

tac acg tcg agt aac cct gta tgg acg att acg ctg agc atg ccg gcg 1632
Tyr Thr Ser Ser Asn Pro Val Trp Thr Ile Thr Leu Ser Met Pro Ala
530 535 540

aag cag gcg gtg cag tat aag ttt gtt aag gtg gcg agt ggg ggc gcg 1680

Lys Gln Ala Val Gln Tyr Lys Phe Val Lys Val Ala Ser Gly Gly Ala

545 550 555 560

gtg acg tgg gag agc gat ccg aat cgt agt tat agc gtc ccg gcg tgt 1728

Val Thr Trp Glu Ser Asp Pro Asn Arg Ser Tyr Ser Val Pro Ala Cys

565 570 575

cag gcg agt gcg gcg gtg agt agt agt tgg cag tga 1764

Gln Ala Ser Ala Ala Val Ser Ser Ser Trp Gln

580 585

<210> 173

<211> 587

<212> PRT

<213> Trametes corrugata

<400> 173

Met Leu Phe Leu Ser Thr Leu Leu Ser Phe Phe Phe Tyr Phe Ser Ser

1 5 10 15

Ile Val Thr Ala Ala Asp Thr Ser Ala Trp Lys Ser Arg Ser Ile Tyr

20 25 30

Phe Val Leu Thr Asp Arg Val Ala Arg Ser Ser Ser Asp Thr Gly Gly

35 40 45

Ser Ser Cys Ser Asn Leu Gly Asn Tyr Cys Gly Gly Thr Phe Lys Gly

50 55 60

Leu Glu Ser Lys Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Leu Gly Phe Asp Ala Ile
65 70 75 80

Trp Ile Thr Pro Val Val Ala Asn Ser Ala Gly Gly Tyr His Gly Tyr
85 90 95

Trp Ala Gln Asp Leu Tyr Ser Val Asn Ser Asn Tyr Gly Thr Ala Asp
100 105 110

Asp Leu Lys Ser Leu Val Ser Ser Ala His Ala Lys Gly Ile Tyr Val
115 120 125

Met Val Asp Val Val Ala Asn His Met Gly Asn Gly Ala Ile Ala Asp
130 135 140

Asn Arg Pro Glu Pro Leu Asn Gln Ala Ser Ser Tyr His Pro Ala Cys
145 150 155 160

Asp Ile Asn Tyr Asp Asn Gln Thr Ser Ile Glu Gln Cys Ser Ile Gly
165 170 175

Gly Leu Ala Asp Leu Asn Thr Glu Ser Thr Glu Val Arg Thr Val Leu
180 185 190

Asn Thr Trp Val Ser Trp Leu Val Asp Glu Tyr Ser Phe Asp Gly Val

195 200 205

Arg Ile Asp Thr Val Lys His Val Gln Lys Asp Phe Trp Pro Asp Phe
210 215 220

Val Ser Ser Ile Gly Glu Tyr Ser Ile Gly Glu Val Phe Asp Gly Asn
225 230 235 240

Pro Pro Tyr Leu Ala Glu Tyr Ala Lys Leu Met Pro Gly Val Leu Asn
245 250 255

Tyr Ala Val Tyr Tyr Pro Met Asn Ala Phe Tyr Gln Gln Thr Gly Ser
260 265 270

Ser Gln Ala Leu Val Asp Met Met Asn Thr Ile Ser Ser Thr Phe Pro
275 280 285

Asp Pro Ser Ala Leu Gly Thr Phe Leu Asp Asn His Asp Asn Pro Arg
290 295 300

Trp Leu Asn Val Lys Asn Asp Gln Thr Leu Leu Lys Asn Ala Leu Ala
305 310 315 320

Tyr Val Ile Leu Ala Arg Gly Ile Pro Ile Leu Tyr Tyr Gly Thr Glu
325 330 335

Gln Gly Tyr Ser Gly Gly Ala Asp Pro Ala Asn Arg Glu Asp Leu Trp
340 345 350

Arg Ser Ser Phe Asn Thr Asn Ala Asp Leu Tyr Gln Ser Ile Lys Lys
355 360 365

Leu Thr Ala Ala Arg Lys Ala Ala Gly Gly Leu Ala Gly Asn Asp His
370 375 380

Thr His Leu Tyr Val Ala Asp Thr Ala Tyr Ala Trp Ser Arg Ala Asn
385 390 395 400

Gly Ala Leu Ile Val Leu Thr Thr Asn Ala Gly Ser Ser Ser Asn Ala
405 410 415

Gln His Cys Phe Asn Thr Gln Met Ala Asn Gly Lys Trp Thr Asn Thr
420 425 430

Tyr Gly Asp Gly Ala Thr Val Thr Ala Asp Ser Ser Gly Asn Ile Cys
435 440 445

Val Thr Val Ser Asn Gly Glu Pro Val Val Leu Val Ala Ser Ala Ser
450 455 460

Thr Thr Gly Val Thr Pro Thr Thr Ala Thr Thr Leu Arg Thr Thr Thr

465 470 475 480

Ala Ser Ala Cys Pro Thr Ser Val Ala Val Ser Phe Thr His Ser Ile
485 490 495

Thr Thr Val Pro Gly Asp Thr Ile Lys Ile Ala Gly Asn Thr Thr Gln
500 505 510

Leu Gly Ser Trp Thr Val Ala Ser Ala Pro Ala Leu Ser Ala Ser Ser
515 520 525

Tyr Thr Ser Ser Asn Pro Val Trp Thr Ile Thr Leu Ser Met Pro Ala
530 535 540

Lys Gln Ala Val Gln Tyr Lys Phe Val Lys Val Ala Ser Gly Gly Ala
545 550 555 560

Val Thr Trp Glu Ser Asp Pro Asn Arg Ser Tyr Ser Val Pro Ala Cys
565 570 575

Gln Ala Ser Ala Ala Val Ser Ser Ser Trp Gln
580 585

<210> 174

<211> 2322

<212> DNA

<213> Trichopheraea saccata

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(2322)

<220>

<221> sig_peptide

<222> (1)..(60)

<220>

<221> misc_feature

<222> (61)..(861)

<223> Linker + CBM (N-term)

<220>

<221> misc_feature

<222> (862)..(2322)

<223> Catalytic domain

<400> 174

atg tgt tcg ctg cgt tac ttc gcc ctt ttt ctg ttt cca ttt ctc ctt 48

Met Cys Ser Leu Arg Tyr Phe Ala Leu Phe Leu Phe Pro Phe Leu Leu

1 5 10 15

ttg gtc agt gca tcg cca gtt cat cag aac acc aaa cga tct acc caa 96

Leu Val Ser Ala Ser Pro Val His Gln Asn Thr Lys Arg Ser Thr Gln

20 25 30

gtg tcg ttg atc agc tat acg ttt tct aac aat att ctc tct gga tcc 144

Val Ser Leu Ile Ser Tyr Thr Phe Ser Asn Asn Ile Leu Ser Gly Ser

35 40 45

atc agc att caa aac att gct tac gcc aaa acg gtc agc gtt acc tat 192
Ile Ser Ile Gln Asn Ile Ala Tyr Ala Lys Thr Val Ser Val Thr Tyr
50 55 60

gcc att ggg agc tct tgg agc tcc tct cag gtg ata agc gct gcc tac 240
Ala Ile Gly Ser Ser Trp Ser Ser Ser Gln Val Ile Ser Ala Ala Tyr
65 70 75 80

tcc aca ggt cct gat agc acc ggt tat gaa gtc tgg acg ttt agc ggc 288
Ser Thr Gly Pro Asp Ser Thr Gly Tyr Glu Val Trp Thr Phe Ser Gly
85 90 95

aca gca acg ggg gca act cag ttc tac att gcg tat act gtc tca ggg 336
Thr Ala Thr Gly Ala Thr Gln Phe Tyr Ile Ala Tyr Thr Val Ser Gly
100 105 110

acc acc tac tac gat cct gga aat ggc atc aat tac acg atc ggc acg 384
Thr Thr Tyr Tyr Asp Pro Gly Asn Gly Ile Asn Tyr Thr Ile Gly Thr
115 120 125

ggt tcg tcc act act tcc agc aca tct gcc act tcg aca acc aaa agt 432
Gly Ser Ser Thr Thr Ser Ser Thr Ser Ala Thr Ser Thr Thr Lys Ser
130 135 140

tcc acc act tcc acg agc act gcg act agc aca agc gtg gcg acc agc 480
Ser Thr Thr Ser Thr Ser Thr Ala Thr Ser Thr Ser Val Ala Thr Ser
145 150 155 160

agt ctc cct gct atc att tca tcc agt att cct tct gag gcg gca gcc 528
Ser Leu Pro Ala Ile Ile Ser Ser Ser Ile Pro Ser Glu Ala Ala Ala
165 170 175

acc gcg ctt tct gga tgc aat act tgg gat ggt ttt gac aac tgc caa 576
Thr Ala Leu Ser Gly Cys Asn Thr Trp Asp Gly Phe Asp Asn Cys Gln
180 185 190

act agt ggc gtg tac gac ttt gtg gcc agt gcc gaa aac cgc aga tgg 624
Thr Ser Gly Val Tyr Asp Phe Val Ala Ser Ala Glu Asn Arg Arg Trp
195 200 205

cag acg ccc ccg gac ggc gat cct gcc tat gtc aat acg ttc caa gac 672
Gln Thr Pro Pro Asp Gly Asp Pro Ala Tyr Val Asn Thr Phe Gln Asp
210 215 220

tac cga gat ctc att ggc tac gcc gat atc cag tac agc cct tca cga 720
Tyr Arg Asp Leu Ile Gly Tyr Ala Asp Ile Gln Tyr Ser Pro Ser Arg
225 230 235 240

acc tcc gcc gtt gtg act gtc aat gct gct tcg cgg acc ggc gag act 768
Thr Ser Ala Val Val Thr Val Asn Ala Ala Ser Arg Thr Gly Glu Thr
245 250 255

ttg acc tac aaa ttt ggg gga att act cag acg tct aac gcg tac acc 816
Leu Thr Tyr Lys Phe Gly Gly Ile Thr Gln Thr Ser Asn Ala Tyr Thr
260 265 270

gtg agc agc tcg ttt atc gga acc ctg gca atc aca gtc acc agt tca 864
Val Ser Ser Ser Phe Ile Gly Thr Leu Ala Ile Thr Val Thr Ser Ser
275 280 285

tcc ggc aag aaa tta gag ctg gag gcc ctc aac ttt gtt tgg cag aat 912
Ser Gly Lys Lys Leu Glu Leu Glu Ala Leu Asn Phe Val Trp Gln Asn
290 295 300

gca gtt ctt act ggc gct cag agc act ttc aac aat ggg cag aag ggc 960

Ala Val Leu Thr Gly Ala Gln Ser Thr Phe Asn Asn Gly Gln Lys Gly

305 310 315 320

gct att gtg gag ctt ttt ggg tgg ccg tat gca gat att gca aag gag 1008

Ala Ile Val Glu Leu Phe Gly Trp Pro Tyr Ala Asp Ile Ala Lys Glu

325 330 335

tgc gct ttc ctt gga aaa gcc gga tac atg gga gtc aag gtt tgg cct 1056

Cys Ala Phe Leu Gly Lys Ala Gly Tyr Met Gly Val Lys Val Trp Pro

340 345 350

cca aac gag cac atc tgg gga tcg gac tac tac gaa acc gac aat atg 1104

Pro Asn Glu His Ile Trp Gly Ser Asp Tyr Tyr Glu Thr Asp Asn Met

355 360 365

ttc cgt ccg tgg tat ctg gtg tac cag ccg gtc agt tac aag ctt gtg 1152

Phe Arg Pro Trp Tyr Leu Val Tyr Gln Pro Val Ser Tyr Lys Leu Val

370 375 380

agc cgt caa gga acc cgt gag gag ctt cga gct atg ata act gct tgc 1200

Ser Arg Gln Gly Thr Arg Glu Glu Leu Arg Ala Met Ile Thr Ala Cys

385 390 395 400

cgg agt gct gga gtg cgc gtc tat gcc gac gcc gtc att aat cac atg 1248

Arg Ser Ala Gly Val Arg Val Tyr Ala Asp Ala Val Ile Asn His Met

405 410 415

tct gga aac gga aac gat atc caa aac cat cgt aat acc gcc tgc gcc 1296

Ser Gly Asn Gly Asn Asp Ile Gln Asn His Arg Asn Thr Ala Cys Ala

420 425 430

tac tgg aca ggc cac aac gca acc gcg aat tcg cct tac ttc acc tcc 1344

Tyr Trp Thr Gly His Asn Ala Thr Ala Asn Ser Pro Tyr Phe Thr Ser

435 440 445

ggt tac acc tat ctt att aat ccc ttc acg aac aca cgc ccc acc ttc 1392
Gly Tyr Thr Tyr Leu Ile Asn Pro Phe Thr Asn Thr Arg Pro Thr Phe
450 455 460

gag tac cca gcg gta cca tgg ggc cca act gat ttc cat tgc gtt tcc 1440
Glu Tyr Pro Ala Val Pro Trp Gly Pro Thr Asp Phe His Cys Val Ser
465 470 475 480

tct atc aca gat tgg acc aac ggc caa atc gtc aca aag ggc tat ctc 1488
Ser Ile Thr Asp Trp Thr Asn Gly Gln Ile Val Thr Lys Gly Tyr Leu
485 490 495

gtg gga ctc tcc gat ctc aac aca gag aag gat tac gtc cag gac cgc 1536
Val Gly Leu Ser Asp Leu Asn Thr Glu Lys Asp Tyr Val Gln Asp Arg
500 505 510

atc gcc act tat ctt gtg gat ctc ttg tca atc ggc ttc tcc ggc ttc 1584
Ile Ala Thr Tyr Leu Val Asp Leu Leu Ser Ile Gly Phe Ser Gly Phe
515 520 525

cgt gtt gat gcg gca aaa cat att ggc ccc acc tcc atg gca cag atc 1632
Arg Val Asp Ala Ala Lys His Ile Gly Pro Thr Ser Met Ala Gln Ile
530 535 540

ttc gga agg gtt gca aag aag atg ggc gga agt ctt cca gat gat ttt 1680
Phe Gly Arg Val Ala Lys Lys Met Gly Gly Ser Leu Pro Asp Asp Phe
545 550 555 560

atc act tgg ctt gaa gtg ttg atg ggt ggt gag aag gag cag tat gct 1728
Ile Thr Trp Leu Glu Val Leu Met Gly Gly Glu Lys Glu Gln Tyr Ala
565 570 575

tgc ggc ggc ggt gaa tgg agt tgg tac acc aac ttc aat acc cag ctt 1776
Cys Gly Gly Gly Glu Trp Ser Trp Tyr Thr Asn Phe Asn Thr Gln Leu
580 585 590

tcc aat gcg gga att agt gac act gat atc aat aag atc aag att tgg 1824
Ser Asn Ala Gly Ile Ser Asp Thr Asp Ile Asn Lys Ile Lys Ile Trp
595 600 605

agc tcc gac tat ccc aag gag ttc ccg atc tgc ggt tct tgg atc atc 1872
Ser Ser Asp Tyr Pro Lys Glu Phe Pro Ile Cys Gly Ser Trp Ile Ile
610 615 620

cca tcc act cgc ttt gtc atc caa aat gac gac cat gac cag cag aac 1920
Pro Ser Thr Arg Phe Val Ile Gln Asn Asp Asp His Asp Gln Gln Asn
625 630 635 640

ccg ggc tct tcc tcc aga gat atg ggt gac caa ggc tcc gta ctc atc 1968
Pro Gly Ser Ser Ser Arg Asp Met Gly Asp Gln Gly Ser Val Leu Ile
645 650 655

aaa gat caa gat gta gcc aag cac cgg gca ttt gag gtc aag ctc ttc 2016
Lys Asp Gln Asp Val Ala Lys His Arg Ala Phe Glu Val Lys Leu Phe
660 665 670

acc cgt acc gac ggt gac tgg caa atc agg aat atc ctc tcc tct tat 2064
Thr Arg Thr Asp Gly Asp Trp Gln Ile Arg Asn Ile Leu Ser Ser Tyr
675 680 685

atg ttt gcc tcc aac gga gca aat ggc ttc ccc gat ggt ctt tcg gat 2112
Met Phe Ala Ser Asn Gly Ala Asn Gly Phe Pro Asp Gly Leu Ser Asp
690 695 700

tgt tcc ctt tat act ggc tca cag agt gcg agt ggt tgt ttg ggt atc 2160

Cys Ser Leu Tyr Thr Gly Ser Gln Ser Ala Ser Gly Cys Leu Gly Ile

705 710 715 720

gcg aag gat acc gct tat gta gaa ggt atc tgt ggg tat act atg gtt 2208

Ala Lys Asp Thr Ala Tyr Val Glu Gly Ile Cys Gly Tyr Thr Met Val

725 730 735

gct gga agg tac acc agg ccg cat agg gat ctg agc atc att aat gct 2256

Ala Gly Arg Tyr Thr Arg Pro His Arg Asp Leu Ser Ile Ile Asn Ala

740 745 750

atg agg agt tgg gtc ggg ttg tcg agt acc aca gcg gat gct ctt gga 2304

Met Arg Ser Trp Val Gly Leu Ser Ser Thr Thr Ala Asp Ala Leu Gly

755 760 765

atc ccc ggt tgt agc tga 2322

Ile Pro Gly Cys Ser

770

<210> 175

<211> 773

<212> PRT

<213> Trichopheraea saccata

<400> 175

Met Cys Ser Leu Arg Tyr Phe Ala Leu Phe Leu Phe Pro Phe Leu Leu

1 5 10 15

Leu Val Ser Ala Ser Pro Val His Gln Asn Thr Lys Arg Ser Thr Gln

20 25 30

Val Ser Leu Ile Ser Tyr Thr Phe Ser Asn Asn Ile Leu Ser Gly Ser
35 40 45

Ile Ser Ile Gln Asn Ile Ala Tyr Ala Lys Thr Val Ser Val Thr Tyr
50 55 60

Ala Ile Gly Ser Ser Trp Ser Ser Ser Gln Val Ile Ser Ala Ala Tyr
65 70 75 80

Ser Thr Gly Pro Asp Ser Thr Gly Tyr Glu Val Trp Thr Phe Ser Gly
85 90 95

Thr Ala Thr Gly Ala Thr Gln Phe Tyr Ile Ala Tyr Thr Val Ser Gly
100 105 110

Thr Thr Tyr Tyr Asp Pro Gly Asn Gly Ile Asn Tyr Thr Ile Gly Thr
115 120 125

Gly Ser Ser Thr Thr Ser Ser Thr Ser Ala Thr Ser Thr Thr Lys Ser
130 135 140

Ser Thr Thr Ser Thr Ser Thr Ala Thr Ser Thr Ser Val Ala Thr Ser
145 150 155 160

Ser Leu Pro Ala Ile Ile Ser Ser Ser Ile Pro Ser Glu Ala Ala Ala

165 170 175

Thr Ala Leu Ser Gly Cys Asn Thr Trp Asp Gly Phe Asp Asn Cys Gln
180 185 190

Thr Ser Gly Val Tyr Asp Phe Val Ala Ser Ala Glu Asn Arg Arg Trp
195 200 205

Gln Thr Pro Pro Asp Gly Asp Pro Ala Tyr Val Asn Thr Phe Gln Asp
210 215 220

Tyr Arg Asp Leu Ile Gly Tyr Ala Asp Ile Gln Tyr Ser Pro Ser Arg
225 230 235 240

Thr Ser Ala Val Val Thr Val Asn Ala Ala Ser Arg Thr Gly Glu Thr
245 250 255

Leu Thr Tyr Lys Phe Gly Gly Ile Thr Gln Thr Ser Asn Ala Tyr Thr
260 265 270

Val Ser Ser Ser Phe Ile Gly Thr Leu Ala Ile Thr Val Thr Ser Ser
275 280 285

Ser Gly Lys Lys Leu Glu Leu Glu Ala Leu Asn Phe Val Trp Gln Asn
290 295 300

Ala Val Leu Thr Gly Ala Gln Ser Thr Phe Asn Asn Gly Gln Lys Gly
305 310 315 320

Ala Ile Val Glu Leu Phe Gly Trp Pro Tyr Ala Asp Ile Ala Lys Glu
325 330 335

Cys Ala Phe Leu Gly Lys Ala Gly Tyr Met Gly Val Lys Val Trp Pro
340 345 350

Pro Asn Glu His Ile Trp Gly Ser Asp Tyr Tyr Glu Thr Asp Asn Met
355 360 365

Phe Arg Pro Trp Tyr Leu Val Tyr Gln Pro Val Ser Tyr Lys Leu Val
370 375 380

Ser Arg Gln Gly Thr Arg Glu Glu Leu Arg Ala Met Ile Thr Ala Cys
385 390 395 400

Arg Ser Ala Gly Val Arg Val Tyr Ala Asp Ala Val Ile Asn His Met
405 410 415

Ser Gly Asn Gly Asn Asp Ile Gln Asn His Arg Asn Thr Ala Cys Ala
420 425 430

Tyr Trp Thr Gly His Asn Ala Thr Ala Asn Ser Pro Tyr Phe Thr Ser

435 440 445

Gly Tyr Thr Tyr Leu Ile Asn Pro Phe Thr Asn Thr Arg Pro Thr Phe
450 455 460

Glu Tyr Pro Ala Val Pro Trp Gly Pro Thr Asp Phe His Cys Val Ser
465 470 475 480

Ser Ile Thr Asp Trp Thr Asn Gly Gln Ile Val Thr Lys Gly Tyr Leu
485 490 495

Val Gly Leu Ser Asp Leu Asn Thr Glu Lys Asp Tyr Val Gln Asp Arg
500 505 510

Ile Ala Thr Tyr Leu Val Asp Leu Leu Ser Ile Gly Phe Ser Gly Phe
515 520 525

Arg Val Asp Ala Ala Lys His Ile Gly Pro Thr Ser Met Ala Gln Ile
530 535 540

Phe Gly Arg Val Ala Lys Lys Met Gly Gly Ser Leu Pro Asp Asp Phe
545 550 555 560

Ile Thr Trp Leu Glu Val Leu Met Gly Gly Glu Lys Glu Gln Tyr Ala
565 570 575

Cys Gly Gly Gly Glu Trp Ser Trp Tyr Thr Asn Phe Asn Thr Gln Leu
580 585 590

Ser Asn Ala Gly Ile Ser Asp Thr Asp Ile Asn Lys Ile Lys Ile Trp
595 600 605

Ser Ser Asp Tyr Pro Lys Glu Phe Pro Ile Cys Gly Ser Trp Ile Ile
610 615 620

Pro Ser Thr Arg Phe Val Ile Gln Asn Asp Asp His Asp Gln Gln Asn
625 630 635 640

Pro Gly Ser Ser Ser Arg Asp Met Gly Asp Gln Gly Ser Val Leu Ile
645 650 655

Lys Asp Gln Asp Val Ala Lys His Arg Ala Phe Glu Val Lys Leu Phe
660 665 670

Thr Arg Thr Asp Gly Asp Trp Gln Ile Arg Asn Ile Leu Ser Ser Tyr
675 680 685

Met Phe Ala Ser Asn Gly Ala Asn Gly Phe Pro Asp Gly Leu Ser Asp
690 695 700

Cys Ser Leu Tyr Thr Gly Ser Gln Ser Ala Ser Gly Cys Leu Gly Ile

705 710 715 720

Ala Lys Asp Thr Ala Tyr Val Glu Gly Ile Cys Gly Tyr Thr Met Val
725 730 735

Ala Gly Arg Tyr Thr Arg Pro His Arg Asp Leu Ser Ile Ile Asn Ala
740 745 750

Met Arg Ser Trp Val Gly Leu Ser Ser Thr Thr Ala Asp Ala Leu Gly
755 760 765

Ile Pro Gly Cys Ser
770

<210> 176
<211> 1761
<212> DNA
<213> Valsaria rubricosa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1761)

<220>
<221> sig_peptide
<222> (1)..(63)

<220>

<221> misc_feature

<222> (64)..(1413)

<223> Catalytic domain

<220>

<221> misc_feature

<222> (1414)..(1458)

<223> Linker

<220>

<221> misc_feature

<222> (1459)..(1761)

<223> CBM

<400> 176

atg cga tcc ttc ctc gcc ctc tca gcc ttg ctg ctg ctg tac ccg ctg 48
Met Arg Ser Phe Leu Ala Leu Ser Ala Leu Leu Leu Leu Tyr Pro Leu
1 5 10 15

cag ctg ctc gcc gcc agc aac tcc gac tgg agg tcc cgc aat atc tac 96
Gln Leu Leu Ala Ala Ser Asn Ser Asp Trp Arg Ser Arg Asn Ile Tyr
20 25 30

ttt gcc ttg acc gac cgc gtc gcc aat ccg tcc acc acg acc gca tgt 144
Phe Ala Leu Thr Asp Arg Val Ala Asn Pro Ser Thr Thr Thr Ala Cys
35 40 45

agt gac ctg agc aac tac tgc ggc ggc acg tgg agc ggc ctg tcg agc 192
Ser Asp Leu Ser Asn Tyr Cys Gly Gly Thr Trp Ser Gly Leu Ser Ser
50 55 60

aag ctg gac tac atc caa ggg atg ggc ttc gat tcc atc tgg att acc 240

Lys Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly Phe Asp Ser Ile Trp Ile Thr
65 70 75 80

ccc gtg gtc gag aac tgc gac ggt ggc tac cac ggc tac tgg gcc aag 288
Pro Val Val Glu Asn Cys Asp Gly Gly Tyr His Gly Tyr Trp Ala Lys
85 90 95

gcg ctc tac aac gtc aac acg aac tac ggc agt gcg gat gat ctg aag 336
Ala Leu Tyr Asn Val Asn Thr Asn Tyr Gly Ser Ala Asp Asp Leu Lys
100 105 110

aac ttc gtt gcg gcc gcc cat gcg aag ggc atg tac gtg atg gtg gac 384
Asn Phe Val Ala Ala Ala His Ala Lys Gly Met Tyr Val Met Val Asp
115 120 125

gtc gtc gcg aat cac atg ggt tcc tgc ggc atc gcc aac ctc tcc cca 432
Val Val Ala Asn His Met Gly Ser Cys Gly Ile Ala Asn Leu Ser Pro
130 135 140

cct ccc ctg aac gag cag agc tct tat cac acc cag tgc gac att gac 480
Pro Pro Leu Asn Glu Gln Ser Ser Tyr His Thr Gln Cys Asp Ile Asp
145 150 155 160

tac agc agt cag tcc agc att gag acg tgc tgg ata tcc ggc ctc cct 528
Tyr Ser Ser Gln Ser Ser Ile Glu Thr Cys Trp Ile Ser Gly Leu Pro
165 170 175

gac ctg gac acc acc gat agc act atc cga tcc ctc ttc cag acc tgg 576
Asp Leu Asp Thr Thr Asp Ser Thr Ile Arg Ser Leu Phe Gln Thr Trp
180 185 190

gtc cac ggc ctg gtc agc aac tac agc ttc gac ggt ctc cgc gtc gac 624
Val His Gly Leu Val Ser Asn Tyr Ser Phe Asp Gly Leu Arg Val Asp

195 200 205

acc gtc aag cac gtg gag aag gat tac tgg ccc ggc ttc gtg tcg gcg 672
Thr Val Lys His Val Glu Lys Asp Tyr Trp Pro Gly Phe Val Ser Ala
210 215 220

gcg ggc acc tac gcc atc ggc gaa gtc ttc tcc ggc gac acc tcc tac 720
Ala Gly Thr Tyr Ala Ile Gly Glu Val Phe Ser Gly Asp Thr Ser Tyr
225 230 235 240

gtg gcc ggc tat caa tcg gtg atg ccg ggc ttg ctc aac tat ccc atc 768
Val Ala Gly Tyr Gln Ser Val Met Pro Gly Leu Leu Asn Tyr Pro Ile
245 250 255

tac tat ccg ctc atc cgc gtc ttc gcg cag ggt gcg tcc ttc acc gat 816
Tyr Tyr Pro Leu Ile Arg Val Phe Ala Gln Gly Ala Ser Phe Thr Asp
260 265 270

ctc gtc aac aac cac gat acc gtc ggc tcg acc ttc tcc gac ccg acg 864
Leu Val Asn Asn His Asp Thr Val Gly Ser Thr Phe Ser Asp Pro Thr
275 280 285

ctg ctg ggt aac ttt atc gac aac cac gac aac cca cgt ttc ctg agc 912
Leu Leu Gly Asn Phe Ile Asp Asn His Asp Asn Pro Arg Phe Leu Ser
290 295 300

tac acc agc gac cac gcc ctc ctc aag aac gct ctg gcc tac gtc atc 960
Tyr Thr Ser Asp His Ala Leu Leu Lys Asn Ala Leu Ala Tyr Val Ile
305 310 315 320

ctg gcc aga ggc atc ccc atc gtc tac tac ggc acc gag caa ggc tac 1008
Leu Ala Arg Gly Ile Pro Ile Val Tyr Tyr Gly Thr Glu Gln Gly Tyr
325 330 335

tcg ggt tcg tcc gac ccg gcg aac cgc gag gat ctc tgg cgt agc gga 1056
Ser Gly Ser Ser Asp Pro Ala Asn Arg Glu Asp Leu Trp Arg Ser Gly
340 345 350

tac agc act acg gga gac atc tac acc acc atc gcc gcg ctc tcc gcc 1104
Tyr Ser Thr Thr Gly Asp Ile Tyr Thr Thr Ile Ala Ala Leu Ser Ala
355 360 365

gcg cgc acc gcg gcc ggt ggc ctc gcc ggt aac gac cac gtc cac ctg 1152
Ala Arg Thr Ala Ala Gly Gly Leu Ala Gly Asn Asp His Val His Leu
370 375 380

tac acg acc gac aac gcg tac gcc tgg tcc cgg gcg agc ggc aag ctc 1200
Tyr Thr Thr Asp Asn Ala Tyr Ala Trp Ser Arg Ala Ser Gly Lys Leu
385 390 395 400

atc gtc gtc acg tcc aac cgc ggc agc tcc gac agc agc acc atc tgc 1248
Ile Val Val Thr Ser Asn Arg Gly Ser Ser Asp Ser Ser Thr Ile Cys
405 410 415

ttc agc acc cag cag gcc agc ggc acc acc tgg acc agc acg atc acc 1296
Phe Ser Thr Gln Gln Ala Ser Gly Thr Thr Trp Thr Ser Thr Ile Thr
420 425 430

ggc aac tcg tac acc gcc gac agc aac ggc cag atc tgc gtg cag ctg 1344
Gly Asn Ser Tyr Thr Ala Asp Ser Asn Gly Gln Ile Cys Val Gln Leu
435 440 445

tcc agc ggc gga ccc gag gcg ctc gtc gtc tcc acc gcg acc ggc acc 1392
Ser Ser Gly Gly Pro Glu Ala Leu Val Val Ser Thr Ala Thr Gly Thr
450 455 460

gcc acc gcg acg act ctg tcc acg acc acc aag acg tcc acc tcg acc 1440

Ala Thr Ala Thr Thr Leu Ser Thr Thr Thr Lys Thr Ser Thr Ser Thr

465 470 475 480

gcc tcc tgc gcc gcc acc gtc gcc gtc acc ttc aac gag ctc gtc acc 1488

Ala Ser Cys Ala Ala Thr Val Ala Val Thr Phe Asn Glu Leu Val Thr

485 490 495

acg aac tac ggc gac acc atc cgc ctg acg ggc tcc atc tcc cag ctc 1536

Thr Asn Tyr Gly Asp Thr Ile Arg Leu Thr Gly Ser Ile Ser Gln Leu

500 505 510

agc agc tgg agc gca acc tcc ggg ctg gcc ctg agc gcg tcc gcg tac 1584

Ser Ser Trp Ser Ala Thr Ser Gly Leu Ala Leu Ser Ala Ser Ala Tyr

515 520 525

acg tcc agc aac ccg ctc tgg agc gtg acg gtc agc ctg ccg gcc ggc 1632

Thr Ser Ser Asn Pro Leu Trp Ser Val Thr Val Ser Leu Pro Ala Gly

530 535 540

acg tcg ttc gag tac aag ttc gtc cgc atc acg agc gac ggc acc gtg 1680

Thr Ser Phe Glu Tyr Lys Phe Val Arg Ile Thr Ser Asp Gly Thr Val

545 550 555 560

acc tgg gaa tcg gac ccg aac cgc agc tac acc gtc ccg acg tgc gcg 1728

Thr Trp Glu Ser Asp Pro Asn Arg Ser Tyr Thr Val Pro Thr Cys Ala

565 570 575

agc acc gcg acg atc agc aat acc tgg cgg tga 1761

Ser Thr Ala Thr Ile Ser Asn Thr Trp Arg

580 585

<210> 177

<211> 586

<212> PRT

<213> Valsaria rubricosa

<400> 177

Met Arg Ser Phe Leu Ala Leu Ser Ala Leu Leu Leu Leu Tyr Pro Leu
1 5 10 15

Gln Leu Leu Ala Ala Ser Asn Ser Asp Trp Arg Ser Arg Asn Ile Tyr
20 25 30

Phe Ala Leu Thr Asp Arg Val Ala Asn Pro Ser Thr Thr Thr Ala Cys
35 40 45

Ser Asp Leu Ser Asn Tyr Cys Gly Gly Thr Trp Ser Gly Leu Ser Ser
50 55 60

Lys Leu Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly Phe Asp Ser Ile Trp Ile Thr
65 70 75 80

Pro Val Val Glu Asn Cys Asp Gly Gly Tyr His Gly Tyr Trp Ala Lys
85 90 95

Ala Leu Tyr Asn Val Asn Thr Asn Tyr Gly Ser Ala Asp Asp Leu Lys
100 105 110

Asn Phe Val Ala Ala Ala His Ala Lys Gly Met Tyr Val Met Val Asp
115 120 125

Val Val Ala Asn His Met Gly Ser Cys Gly Ile Ala Asn Leu Ser Pro
130 135 140

Pro Pro Leu Asn Glu Gln Ser Ser Tyr His Thr Gln Cys Asp Ile Asp
145 150 155 160

Tyr Ser Ser Gln Ser Ser Ile Glu Thr Cys Trp Ile Ser Gly Leu Pro
165 170 175

Asp Leu Asp Thr Thr Asp Ser Thr Ile Arg Ser Leu Phe Gln Thr Trp
180 185 190

Val His Gly Leu Val Ser Asn Tyr Ser Phe Asp Gly Leu Arg Val Asp
195 200 205

Thr Val Lys His Val Glu Lys Asp Tyr Trp Pro Gly Phe Val Ser Ala
210 215 220

Ala Gly Thr Tyr Ala Ile Gly Glu Val Phe Ser Gly Asp Thr Ser Tyr
225 230 235 240

Val Ala Gly Tyr Gln Ser Val Met Pro Gly Leu Leu Asn Tyr Pro Ile

245 250 255

Tyr Tyr Pro Leu Ile Arg Val Phe Ala Gln Gly Ala Ser Phe Thr Asp
260 265 270

Leu Val Asn Asn His Asp Thr Val Gly Ser Thr Phe Ser Asp Pro Thr
275 280 285

Leu Leu Gly Asn Phe Ile Asp Asn His Asp Asn Pro Arg Phe Leu Ser
290 295 300

Tyr Thr Ser Asp His Ala Leu Leu Lys Asn Ala Leu Ala Tyr Val Ile
305 310 315 320

Leu Ala Arg Gly Ile Pro Ile Val Tyr Tyr Gly Thr Glu Gln Gly Tyr
325 330 335

Ser Gly Ser Ser Asp Pro Ala Asn Arg Glu Asp Leu Trp Arg Ser Gly
340 345 350

Tyr Ser Thr Thr Gly Asp Ile Tyr Thr Thr Ile Ala Ala Leu Ser Ala
355 360 365

Ala Arg Thr Ala Ala Gly Gly Leu Ala Gly Asn Asp His Val His Leu
370 375 380

Tyr Thr Thr Asp Asn Ala Tyr Ala Trp Ser Arg Ala Ser Gly Lys Leu
385 390 395 400

Ile Val Val Thr Ser Asn Arg Gly Ser Ser Asp Ser Ser Thr Ile Cys
405 410 415

Phe Ser Thr Gln Gln Ala Ser Gly Thr Thr Trp Thr Ser Thr Ile Thr
420 425 430

Gly Asn Ser Tyr Thr Ala Asp Ser Asn Gly Gln Ile Cys Val Gln Leu
435 440 445

Ser Ser Gly Gly Pro Glu Ala Leu Val Val Ser Thr Ala Thr Gly Thr
450 455 460

Ala Thr Ala Thr Thr Leu Ser Thr Thr Thr Lys Thr Ser Thr Ser Thr
465 470 475 480

Ala Ser Cys Ala Ala Thr Val Ala Val Thr Phe Asn Glu Leu Val Thr
485 490 495

Thr Asn Tyr Gly Asp Thr Ile Arg Leu Thr Gly Ser Ile Ser Gln Leu
500 505 510

Ser Ser Trp Ser Ala Thr Ser Gly Leu Ala Leu Ser Ala Ser Ala Tyr

515 520 525

Thr Ser Ser Asn Pro Leu Trp Ser Val Thr Val Ser Leu Pro Ala Gly
530 535 540

Thr Ser Phe Glu Tyr Lys Phe Val Arg Ile Thr Ser Asp Gly Thr Val
545 550 555 560

Thr Trp Glu Ser Asp Pro Asn Arg Ser Tyr Thr Val Pro Thr Cys Ala
565 570 575

Ser Thr Ala Thr Ile Ser Asn Thr Trp Arg
580 585

<210> 178
<211> 1749
<212> DNA
<213> Valsaria spartii

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1749)

<220>
<221> sig_peptide
<222> (1)..(57)

<220>

<221> misc_feature

<222> (58)..(1410)

<223> Catalytic domain

<220>

<221> misc_feature

<222> (1411)..(1443)

<223> Linker

<220>

<221> misc_feature

<222> (1444)..(1749)

<223> CBM

<400> 178

atg cag ttc ctt tgc gcc ctt gca gca ctc ctg tgc ttc cca tcg cag 48
Met Gln Phe Leu Cys Ala Leu Ala Ala Leu Leu Cys Phe Pro Ser Gln
1 5 10 15

ctt ctc gcc gcc agc aac gcg gat tgg aaa tcg cgc aac atc tac ttt 96
Leu Leu Ala Ala Ser Asn Ala Asp Trp Lys Ser Arg Asn Ile Tyr Phe
20 25 30

gcc ttg acg gac cgc gtc gct ggt cct acc ggg gga tca tgc ggc aac 144
Ala Leu Thr Asp Arg Val Ala Gly Pro Thr Gly Gly Ser Cys Gly Asn
35 40 45

ctg gga aac tac tgc ggc ggt acc tgg aac gga ttg acg gat aag ttg 192
Leu Gly Asn Tyr Cys Gly Gly Thr Trp Asn Gly Leu Thr Asp Lys Leu
50 55 60

gac tac atc cag ggc atg gga ttc gat gcc atc tgg atc acc ccg gtc 240

Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly Phe Asp Ala Ile Trp Ile Thr Pro Val
65 70 75 80

atc aag aac agc ccc ggc ggt tat cac gga tat tgg gct caa gat ctc 288
Ile Lys Asn Ser Pro Gly Gly Tyr His Gly Tyr Trp Ala Gln Asp Leu
85 90 95

tac agc gtg aac gag aac tat ggc act gcg caa gat ctg aag gat ttc 336
Tyr Ser Val Asn Glu Asn Tyr Gly Thr Ala Gln Asp Leu Lys Asp Phe
100 105 110

gta aat gcg gcg cac gca aag ggg atc tac gtc atg gtc gac gtg gtc 384
Val Asn Ala Ala His Ala Lys Gly Ile Tyr Val Met Val Asp Val Val
115 120 125

gca aac cac atg ggc aac ggt gga atc tca act ctc tcc cca cct ccc 432
Ala Asn His Met Gly Asn Gly Gly Ile Ser Thr Leu Ser Pro Pro Pro
130 135 140

ttg aac cag gag agt tcc tat cac tcc aaa tgc aac atc gac tac agc 480
Leu Asn Gln Glu Ser Ser Tyr His Ser Lys Cys Asn Ile Asp Tyr Ser
145 150 155 160

agc caa aac agc atc gag aat tgc tgg atc gct gac ctg ccc gac ctc 528
Ser Gln Asn Ser Ile Glu Asn Cys Trp Ile Ala Asp Leu Pro Asp Leu
165 170 175

gtc acc acc gac aac acc atc cgc gat gtc ttc aag gac tgg atc gcc 576
Val Thr Thr Asp Asn Thr Ile Arg Asp Val Phe Lys Asp Trp Ile Ala
180 185 190

aac ctc acc acc acc tac tcc ttc gac ggc ctc cgc gtc gac acc gtc 624
Asn Leu Thr Thr Thr Tyr Ser Phe Asp Gly Leu Arg Val Asp Thr Val

195 200 205

aag cat gta gag aag gac ttt tgg ccg ggc ttc gtc gag gct gcc ggc 672
Lys His Val Glu Lys Asp Phe Trp Pro Gly Phe Val Glu Ala Ala Gly
210 215 220

atg tat gcc atc ggc gag gtt ctc gat ggc ggc acc tcc tac gtt gcc 720
Met Tyr Ala Ile Gly Glu Val Leu Asp Gly Gly Thr Ser Tyr Val Ala
225 230 235 240

ggc tac cag agc gtg atg cca ggc ctt ctc aac tat ccc atg tac tat 768
Gly Tyr Gln Ser Val Met Pro Gly Leu Leu Asn Tyr Pro Met Tyr Tyr
245 250 255

cct ctc atc cgc acc ttt acc cag ggc gcc tcc ttc aac gac ttc gtc 816
Pro Leu Ile Arg Thr Phe Thr Gln Gly Ala Ser Phe Asn Asp Phe Val
260 265 270

aac agt cac aac gag gtt ggt tcc gga ttc tcc gat ccc acc ctc ctc 864
Asn Ser His Asn Glu Val Gly Ser Gly Phe Ser Asp Pro Thr Leu Leu
275 280 285

ggc acc ttc atc gac aac cac gac cag cag cgc ttc ctc tac aag aac 912
Gly Thr Phe Ile Asp Asn His Asp Gln Gln Arg Phe Leu Tyr Lys Asn
290 295 300

agc gac cac gcc ctc ttg aag aac gct ctg gcc tac gtg atc ctt ggc 960
Ser Asp His Ala Leu Leu Lys Asn Ala Leu Ala Tyr Val Ile Leu Gly
305 310 315 320

cga ggt atc cca atc gtg tac tac ggc acc gag caa gcc tac ggc ggt 1008
Arg Gly Ile Pro Ile Val Tyr Tyr Gly Thr Glu Gln Ala Tyr Gly Gly
325 330 335

ggt gac gac ccg gcg aac cgc gag gac ctc tgg cga agc ggc tac tcc 1056
Gly Asp Asp Pro Ala Asn Arg Glu Asp Leu Trp Arg Ser Gly Tyr Ser
340 345 350

acc acc tcc gag ata tac acc acc atc tcg ggc cta tcc tcc gct cgc 1104
Thr Thr Ser Glu Ile Tyr Thr Thr Ile Ser Gly Leu Ser Ser Ala Arg
355 360 365

aaa tcc gcc ggc ggc ctc cca ggc aac gac cac tcc cac ctc tac acc 1152
Lys Ser Ala Gly Gly Leu Pro Gly Asn Asp His Ser His Leu Tyr Thr
370 375 380

acc aac aac gcg tac gcc tgg tcc cgc gcg gac ggg aag gtg atc gcg 1200
Thr Asn Asn Ala Tyr Ala Trp Ser Arg Ala Asp Gly Lys Val Ile Ala
385 390 395 400

ttg gtg acc aac gcc ggc ggc tcc gac acc agc acc cac tgc ttc aac 1248
Leu Val Thr Asn Ala Gly Gly Ser Asp Thr Ser Thr His Cys Phe Asn
405 410 415

acc aag aaa ccg agc ggc acg cgc tgg acc agc gtc ctc cgc agc ggc 1296
Thr Lys Lys Pro Ser Gly Thr Arg Trp Thr Ser Val Leu Arg Ser Gly
420 425 430

gga acc agc tac acc gcc gac ggc aac ggc caa atc tgc atc cag atc 1344
Gly Thr Ser Tyr Thr Ala Asp Gly Asn Gly Gln Ile Cys Ile Gln Ile
435 440 445

caa aac ggc ggg ccc gag gca atc gtc ctc tcc acc ggc acc ggc acc 1392
Gln Asn Gly Gly Pro Glu Ala Ile Val Leu Ser Thr Gly Thr Gly Thr
450 455 460

gaa acc aca tcc agc gcc acc acc tcc cca acc gcc ggc tgc ccc tcc 1440

Glu Thr Thr Ser Ser Ala Thr Thr Ser Pro Thr Ala Gly Cys Pro Ser

465 470 475 480

acc gtc tcc gtc aca ttc acc aac ctc gtc aca acc cag gtc ggc gac 1488

Thr Val Ser Val Thr Phe Thr Asn Leu Val Thr Thr Gln Val Gly Asp

485 490 495

acc atc aaa gtc acc ggc aac gtc tcg cag ctg ggc aac tgg aac cct 1536

Thr Ile Lys Val Thr Gly Asn Val Ser Gln Leu Gly Asn Trp Asn Pro

500 505 510

tcc tcc gcc ccc gcc tta tcc gca acc gga tac acg gcc agc aac ccc 1584

Ser Ser Ala Pro Ala Leu Ser Ala Thr Gly Tyr Thr Ala Ser Asn Pro

515 520 525

aaa tgg agc gga acc gtc aag ttg ccc gcc ggc tcg acg gtg cag tat 1632

Lys Trp Ser Gly Thr Val Lys Leu Pro Ala Gly Ser Thr Val Gln Tyr

530 535 540

aag ttt gtg aag gtc gct agc ggg ggt ggc gcc gtg act tgg gag agc 1680

Lys Phe Val Lys Val Ala Ser Gly Gly Gly Ala Val Thr Trp Glu Ser

545 550 555 560

gat ccc aac agg agt tat agc gtt cct agt tgt cag gct agc gcg act 1728

Asp Pro Asn Arg Ser Tyr Ser Val Pro Ser Cys Gln Ala Ser Ala Thr

565 570 575

gtt gat tcg agc tgg aag taa 1749

Val Asp Ser Ser Trp Lys

580

<210> 179

<211> 582

<212> PRT

<213> Valsaria spartii

<400> 179

Met Gln Phe Leu Cys Ala Leu Ala Ala Leu Leu Cys Phe Pro Ser Gln
1 5 10 15

Leu Leu Ala Ala Ser Asn Ala Asp Trp Lys Ser Arg Asn Ile Tyr Phe
20 25 30

Ala Leu Thr Asp Arg Val Ala Gly Pro Thr Gly Gly Ser Cys Gly Asn
35 40 45

Leu Gly Asn Tyr Cys Gly Gly Thr Trp Asn Gly Leu Thr Asp Lys Leu
50 55 60

Asp Tyr Ile Gln Gly Met Gly Phe Asp Ala Ile Trp Ile Thr Pro Val
65 70 75 80

Ile Lys Asn Ser Pro Gly Gly Tyr His Gly Tyr Trp Ala Gln Asp Leu
85 90 95

Tyr Ser Val Asn Glu Asn Tyr Gly Thr Ala Gln Asp Leu Lys Asp Phe
100 105 110

Val Asn Ala Ala His Ala Lys Gly Ile Tyr Val Met Val Asp Val Val
115 120 125

Ala Asn His Met Gly Asn Gly Gly Ile Ser Thr Leu Ser Pro Pro Pro
130 135 140

Leu Asn Gln Glu Ser Ser Tyr His Ser Lys Cys Asn Ile Asp Tyr Ser
145 150 155 160

Ser Gln Asn Ser Ile Glu Asn Cys Trp Ile Ala Asp Leu Pro Asp Leu
165 170 175

Val Thr Thr Asp Asn Thr Ile Arg Asp Val Phe Lys Asp Trp Ile Ala
180 185 190

Asn Leu Thr Thr Thr Tyr Ser Phe Asp Gly Leu Arg Val Asp Thr Val
195 200 205

Lys His Val Glu Lys Asp Phe Trp Pro Gly Phe Val Glu Ala Ala Gly
210 215 220

Met Tyr Ala Ile Gly Glu Val Leu Asp Gly Gly Thr Ser Tyr Val Ala
225 230 235 240

Gly Tyr Gln Ser Val Met Pro Gly Leu Leu Asn Tyr Pro Met Tyr Tyr

245 250 255

Pro Leu Ile Arg Thr Phe Thr Gln Gly Ala Ser Phe Asn Asp Phe Val
260 265 270

Asn Ser His Asn Glu Val Gly Ser Gly Phe Ser Asp Pro Thr Leu Leu
275 280 285

Gly Thr Phe Ile Asp Asn His Asp Gln Gln Arg Phe Leu Tyr Lys Asn
290 295 300

Ser Asp His Ala Leu Leu Lys Asn Ala Leu Ala Tyr Val Ile Leu Gly
305 310 315 320

Arg Gly Ile Pro Ile Val Tyr Tyr Gly Thr Glu Gln Ala Tyr Gly Gly
325 330 335

Gly Asp Asp Pro Ala Asn Arg Glu Asp Leu Trp Arg Ser Gly Tyr Ser
340 345 350

Thr Thr Ser Glu Ile Tyr Thr Thr Ile Ser Gly Leu Ser Ser Ala Arg
355 360 365

Lys Ser Ala Gly Gly Leu Pro Gly Asn Asp His Ser His Leu Tyr Thr
370 375 380

Thr Asn Asn Ala Tyr Ala Trp Ser Arg Ala Asp Gly Lys Val Ile Ala
385 390 395 400

Leu Val Thr Asn Ala Gly Gly Ser Asp Thr Ser Thr His Cys Phe Asn
405 410 415

Thr Lys Lys Pro Ser Gly Thr Arg Trp Thr Ser Val Leu Arg Ser Gly
420 425 430

Gly Thr Ser Tyr Thr Ala Asp Gly Asn Gly Gln Ile Cys Ile Gln Ile
435 440 445

Gln Asn Gly Gly Pro Glu Ala Ile Val Leu Ser Thr Gly Thr Gly Thr
450 455 460

Glu Thr Thr Ser Ser Ala Thr Thr Ser Pro Thr Ala Gly Cys Pro Ser
465 470 475 480

Thr Val Ser Val Thr Phe Thr Asn Leu Val Thr Thr Gln Val Gly Asp
485 490 495

Thr Ile Lys Val Thr Gly Asn Val Ser Gln Leu Gly Asn Trp Asn Pro
500 505 510

Ser Ser Ala Pro Ala Leu Ser Ala Thr Gly Tyr Thr Ala Ser Asn Pro

515 520 525

Lys Trp Ser Gly Thr Val Lys Leu Pro Ala Gly Ser Thr Val Gln Tyr
530 535 540

Lys Phe Val Lys Val Ala Ser Gly Gly Gly Ala Val Thr Trp Glu Ser
545 550 555 560

Asp Pro Asn Arg Ser Tyr Ser Val Pro Ser Cys Gln Ala Ser Ala Thr
565 570 575

Val Asp Ser Ser Trp Lys
580

REIVINDICACIONES

1. Polipéptido híbrido que comprende una primera secuencia de aminoácidos que comprende un módulo catalítico con actividad de alfa-amilasa y una segunda secuencia de aminoácidos que comprende un módulo de unión a carbohidratos, donde dicha primera secuencia de aminoácidos tiene al menos 75% de identidad con la SEQ ID nº: 24 y donde dicha segunda secuencia de aminoácidos tiene al menos un 75% de identidad con cualquier secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo consistente en la SEQ ID nº: 52, SEQ ID nº: 76, SEQ ID nº: 78, SEQ ID nº: 80, SEQ ID nº: 82, SEQ ID nº: 84, SEQ ID nº: 86, SEQ ID nº: 90, SEQ ID nº: 92, SEQ ID nº: 94, SEQ ID nº: 96, SEQ ID nº: 98, SEQ ID nº: 109, SEQ ID nº: 137, SEQ ID nº: 139, SEQ ID nº: 141 y SEQ ID nº: 143.

2. Polipéptido, según la reivindicación 1, donde una secuencia enlazadora está presente en una posición entre dicha primera y dicha segunda secuencia de aminoácidos, dicha secuencia enlazadora tiene al menos un 75% de identidad con cualquier secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo que consistee en la SEQ ID nº: 46, SEQ ID nº: 48, SEQ ID nº: 50, SEQ ID nº: 54, SEQ ID nº: 56, SEQ ID nº: 58, SEQ ID nº: 60, SEQ ID nº: 62, SEQ ID nº: 64, SEQ ID nº: 66, SEQ ID nº: 68, SEQ ID nº: 70, SEQ ID nº: 72, SEQ ID nº: 74, SEQ ID nº: 145, SEQ ID nº: 147, SEQ ID nº: 149, SEQ ID nº: 151, y SEQ ID nº: 52.

3. Composición que comprende un polipéptido, según cualquiera de las reivindicaciones 1-2.

4. Proceso para la sacarificación de almidón, donde un almidón se trata con el polipéptido, según cualquiera de las reivindicaciones 1-2.

5. Proceso, según la reivindicación 4, donde el almidón es almidón gelatinizado o granulado.

6. Proceso, según cualquiera de las reivindicaciones 4-5, donde el almidón sacarificado se contacta con un organismo fermentador para producir un producto de fermentación.

7. Proceso, según la reivindicación 6, donde el organismo fermentador es una levadura y el producto de fermentación es etanol.

8. Proceso que comprende:
(a) contactar un almidón con un polipéptido que comprende un módulo catalítico con actividad de alfa-amilasa y un módulo de unión a carbohidratos, según cualquiera de las reivindicaciones 1-2;
(b) incubación de dicho almidón con dicho polipéptido;
(c) fermentación para producir un producto de fermentación,
d) opcionalmente, recuperación del producto de fermentación,
donde una enzima con actividad de glucoamilasa está ausente o presente en una cantidad de no más de o incluso menos del 0,5 AGU/g DS, más preferiblemente, no más de o incluso menos del 0,4 AGU/g DS, aún más preferiblemente, no más de o incluso menos del 0,3 AGU/g DS y, de la forma más preferible, no más de o incluso menos del 0,1 AGU, tal como no más de o incluso menos del 0,05 AGU/g DS de sustrato de almidón y donde el paso a, b, c y/o d se puede realizar separadamente o simultáneamente.

9. Proceso de producción de etanol de material que contiene almidón por fermentación, dicho proceso comprende:
(i) licuefacción de dicho material que contiene almidón con un polipéptido que comprende un módulo catalítico con actividad de alfa-amilasa y un módulo de unión de carbohidratos, según las reivindicaciones 1-2;
(ii) sacarificación del triturado licuado obtenido;
(iii) fermentación del material obtenido en la etapa (ii) en presencia de un organismo fermentador.

10. ADN representado por una secuencia que codifica un polipéptido, según cualquiera de las reivindicaciones 1-2.

11. Constructo de ADN que comprende una secuencia de ADN, según la reivindicación 10.

12. Composición, según la reivindicación 3, dicha composición comprende además una glucoamilasa.

13. Composición, según la reivindicación 12, donde la glucoamilasa se deriva de una cepa dentro de *Talaromyces, sp. Aspergillus, sp. Trametes sp*. o *Pachykytospora sp*.

14. Proceso que comprende:
(a) contactar un sustrato de almidón con una célula de levadura transformada con un constructo de ADN, según la reivindicación 11;
(b) retener dicho sustrato de almidón con dicha célula de levadura;
(c) fermentación para producir etanol;

(d) opcionalmente, recuperación del etanol;
donde los pasos a, b y c se realizan separadamente o simultáneamente.

15. Uso de la composición, según cualquiera de las reivindicaciones 12-13 para la licuefacción y/o sacarificación de un almidón gelatinizado, uno parcialmente gelatinizado o uno granulado.