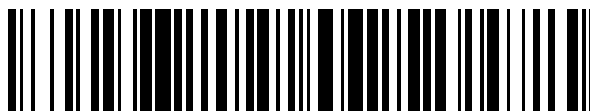


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 626 804**

51 Int. Cl.:

C12N 15/67 (2006.01)

C12N 15/81 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **26.11.2014** **E 14195026 (1)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **15.03.2017** **EP 3026116**

54 Título: **Secuencia de oligonucleótidos para uso en ingeniería de rutas**

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la
traducción de la patente:
26.07.2017

73 Titular/es:

CLARIANT INTERNATIONAL LTD (100.0%)
Rothausstrasse 61
4132 MuttENZ, CH

72 Inventor/es:

DRAGOVIC, ZDRAVKO;
REISINGER, CHRISTOPH y
DIETZ, HEIKO

74 Agente/Representante:

ELZABURU SLP, .

ES 2 626 804 T3

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

DESCRIPCIÓN

Secuencia de oligonucleótidos para uso en ingeniería de rutas

Campo de la invención

5 La presente invención comprende una nueva secuencia de oligonucleótidos artificial que puede iniciar la transcripción de un gen bajo diversas condiciones a un nivel alto. Además, la invención se refiere a un fragmento de ADN recombinante que comprende la secuencia oligonucleotídica artificial, un plásmido de expresión que comprende el fragmento de ADN recombinante y una célula huésped transformada con el fragmento de ADN recombinante.

10 Las especies de levadura *S. cerevisiae* y *S. sensu stricto* se utilizan desde hace miles de años para la producción de pan y bebidas alcohólicas como sake, vino o cerveza. A través de este largo periodo de uso industrial, las levaduras se han adaptado a las condiciones del proceso y pueden tolerar las fuerzas mecánicas en un biorreactor, las sustancias inhibitoras y los productos de fermentación. Además son resistentes contra las fluctuaciones de temperatura y pueden fermentar los azúcares a un bajo valor de pH, lo que minimiza el riesgo de contaminación. Además de esto, *S. cerevisiae* es un sistema de modelo de laboratorio clave y fácilmente puede ser modificado genéticamente y es generalmente reconocido como un seguro estado de GRAS. Un amplio conjunto de herramientas genéticas está disponible para *S. cerevisiae* y muchos procesos intracelulares como el metabolismo, la secreción, el transporte, la señalización y otras rutas están muy estudiados, lo que ayuda a modificar con éxito la levadura para una amplia variedad de aplicaciones.

20 Especialmente, la introducción de rutas de múltiples enzimas requiere un control preciso sobre el nivel de expresión génica, especialmente de la enzima clave, que puede ser heteróloga o natural, para maximizar la utilización del sustrato y/o la formación del producto. Por lo tanto, el control transcripcional tiene lugar en la secuencia oligonucleotídica que está situada en la región aguas arriba de un gen - el promotor. Por lo tanto, la fuerza del promotor y la regulación son puntos críticos para la ingeniería metabólica.

25 Dado que los promotores endógenos normalmente no cumplen completamente el continuo necesario de control transcripcional y, por lo tanto, no maximizan los niveles de transcripción alcanzables dentro de la célula, un paso crítico para la ingeniería de la levadura es la elección del promotor correcto.

Diferentes tipos de promotores son conocidos dentro de la técnica.

30 Los promotores inducibles o despresionados permiten un alto nivel de control transcripcional pero dependen de un inductor o de condiciones de proceso definidas. Los promotores regulados se limitan a la producción de proteínas tóxicas o a la creación de rutas con productos intermedios tóxicos. Además, la mayoría de los promotores del estado de la técnica sólo se conoce que permiten el control de la transcripción de un grupo específico de genes.

Por lo tanto, los promotores hasta ahora conocidos por los expertos en la técnica implican siempre ciertas desventajas que limitan severamente su uso a unas pocas aplicaciones específicas.

35 Los inventores de la presente invención se han fijado por tanto la tarea de desarrollar promotores nuevos y mejorados que permitan un alto control transcripcional de una variedad más amplia de genes y que sean altamente viables para aplicaciones industriales.

Los inventores de la presente invención encontraron sorprendentemente que esta tarea se puede resolver mediante

40 una secuencia oligonucleotídica caracterizada porque aumenta la tasa de transcripción de un ARN tipificado como fragmento de ARN mensajero que codifica para una proteína seleccionada del grupo que consiste en enzimas, proteínas estructurales, coenzimas, transportadores, anticuerpos, hormonas y reguladores, como un fragmento de ARN regulador, como un fragmento de ARN enzimáticamente activo o como un fragmento de ARN de transferencia, teniendo dicha secuencia oligonucleotídica al menos 80% de identidad de secuencia con SEQ. ID NO: 1.

45 La nomenclatura de los aminoácidos, péptidos, nucleótidos y ácidos nucleicos dentro de la presente solicitud sigue las sugerencias de la IUPAC. Generalmente, los aminoácidos son nombrados dentro de este documento según el código de una letra.

El término "oligonucleótido" de acuerdo con la presente invención debe entenderse como una molécula de ADN o ARN de cadena sencilla o bicatenaria que comprende de 2 a 1000 ácidos nucleicos, preferiblemente de 10 a 900 ácidos nucleicos, más preferiblemente de 50 a 850 nucleótidos, y lo más preferido de 100 a 820 ácidos nucleicos.

50 Los términos "ADN" y "ARN" son bien conocidos por las personas expertas en la técnica. Mientras que el ADN contiene desoxirribosa, el ARN contiene ribosa (en desoxirribosa no hay ningún grupo hidroxilo unido al anillo de pentosa en la posición 2'). La base complementaria de la adenina no es la timina, como en el ADN, sino más bien el uracilo, que es una forma no metilada de la timina.

El oligonucleótido de acuerdo con la presente invención comprende una secuencia de ácido nucleico que tiene al

menos un 80% de identidad de secuencia, preferiblemente al menos 82%, más preferiblemente al menos 85%, particularmente preferido al menos 90%, aún más preferido al menos 92%, también preferido al menos el 95%, además se prefiere al menos el 98% y lo más preferible al menos el 99% de identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 1.

- 5 En una realización particularmente preferida, la secuencia de ácido nucleico se selecciona del grupo que consiste en SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 6 y SEQ ID NO: 7.

El oligonucleótido de acuerdo con la presente invención aumenta la velocidad de transcripción de ciertos fragmentos de ARN. Por lo tanto, la expresión "aumentar la velocidad de transcripción" se entiende como un aumento en comparación con un oligonucleótido con actividad promotora del estado de la técnica. El "aumento de la velocidad de transcripción" se determina generalmente como sigue:

$$\frac{RTL_I}{RTL_S}$$

RTL_I - nivel de transcrito relativo de un sistema indicador controlado por un oligonucleótido de acuerdo con la invención

- 15 RTL_S - nivel de transcrito relativo de un sistema indicador controlado por un oligonucleótido de acuerdo con el estado de la técnica

Por lo tanto, el nivel de transcrito relativo se mide como la concentración de ARN del sistema indicador en un extracto de células en relación con la concentración del ARN de un gen doméstico en el mismo extracto de células.

- 20 Considerando que RTU_I y RTL_S se determinan mediante el uso del mismo tipo de células huésped mientras que la célula huésped se transforma con al menos un fragmento de ADN recombinante que comprende el oligonucleótido respectivo y la célula huésped se hace crecer bajo condiciones idénticas del estado de la técnica, aunque la célula huésped se recoja dentro de la fase de crecimiento exponencial.

- 25 Dentro de una realización preferida, la velocidad de transcripción es al menos 2 veces mayor cuando se cultiva una célula hospedadora de levadura, preferiblemente *S. cerevisiae*, transformada con al menos un fragmento de ADN recombinante que comprende un oligonucleótido de acuerdo con la presente invención sobre al menos dos sustratos seleccionados entre el grupo que consiste en glucosa, manosa, fructosa, galactosa, xilosa, arabinosa, sacarosa, trehalosa, rafinosa, glicerol, etanol, acetato y lactato. El aumento se determinó de la siguiente manera:

$$\frac{RTL_{Ie}}{RTL_{Se}}$$

RTU_{Ie} - nivel de transcrito relativo del ARN mensajero que codifica SEQ ID NO: 17 controlado por el oligonucleótido SEQ ID NO: 1.

- 30 RTL_{Se} - nivel de transcrito relativo del ARN mensajero que codifica SEQ ID NO: 17 controlado por el oligonucleótido SEQ ID NO: 9

Por lo tanto, el nivel de transcrito relativo se mide como la concentración de ARN mensajero que codifica SEQ ID NO: 17 en un extracto de células de levadura (*S. cerevisiae*) en relación con la concentración del ARN mensajero del gen doméstico que codifica actina en el mismo extracto celular de levadura.

- 35 Considerando que RTU_{Ie} y RTL_{Se} se determinan mediante el uso del mismo tipo de célula hospedadora de levadura (*S. cerevisiae*) mientras que la célula huésped de levadura se transforma con al menos un fragmento de ADN recombinante que comprende el oligonucleótido respectivo y la célula huésped de levadura se desarrolla en estado idéntico de las condiciones de la técnica aunque la célula huésped de la levadura se recoja dentro de la fase de crecimiento exponencial.

- 40 Dentro de una realización particularmente preferida de la presente invención, la velocidad de transcripción del gen en una célula huésped de levadura transformada con al menos un fragmento de ADN recombinante que comprende el oligonucleótido de acuerdo con la presente invención se incrementa en al menos 2 veces, más preferiblemente al menos 4 veces, particularmente preferido al menos 6 veces y lo más preferido al menos 10 veces cuando se cultiva la célula huésped de levadura en al menos dos sustratos seleccionados del grupo que consiste en glucosa, manosa, fructosa, galactosa, xilosa, arabinosa, sacarosa, trehalosa, rafinosa, glicerol, etanol, acetato y lactato.

- 45 Dentro de otra realización particularmente preferida de la presente invención, la velocidad de transcripción del gen en una célula huésped se incrementa en al menos 2 veces, preferiblemente al menos 4 veces, más preferiblemente al menos 6 veces, particularmente preferida al menos 8 veces, y lo más preferido al menos 10 veces cuando se cultiva la célula huésped en al menos dos sustratos seleccionados del grupo que consiste en glucosa, manosa,

fructosa, xilosa, sacarosa, glicerol y etanol.

Dentro de otra realización particularmente preferida de la presente invención, la velocidad de transcripción del gen en una célula huésped se incrementa en al menos 2 veces, preferiblemente al menos 4 veces, más preferiblemente al menos 6 veces, particularmente preferida al menos 8 veces, y lo más preferido al menos 10 veces cuando se cultiva la célula huésped en al menos dos sustratos seleccionados del grupo que consiste en glucosa, manosa, glicerol, etanol y xilosa.

Otra ventaja del oligonucleótido según la presente invención es que aumenta la actividad enzimática de una enzima codificada por un ARN controlado por el oligonucleótido. Por lo tanto, la expresión "actividad enzimática x veces mayor" se entiende como un incremento comparado con un oligonucleótido con actividad promotora del estado de la técnica. La "actividad enzimática x veces mayor" se determina generalmente como sigue:

$$\frac{EA_I}{EA_S}$$

EA_I - actividad enzimática de un sistema indicador controlado por un oligonucleótido según la invención

EA_S - actividad enzimática de un sistema indicador controlado por un oligonucleótido de acuerdo con el estado de la técnica.

Por lo tanto, la actividad enzimática se mide como la cantidad de un sustrato convertido por minuto por una cantidad definida de un extracto celular excluyendo la actividad de fondo del sistema indicador.

Considerando que EA_I y EA_S se determinan por el uso del mismo tipo de célula huésped mientras que la célula huésped se transforma con al menos un fragmento de ADN recombinante que comprende el oligonucleótido respectivo y la célula huésped se haga crecer bajo condiciones idénticas del estado de las condiciones de la técnica mientras que la célula huésped se recoja dentro de la fase de crecimiento exponencial.

Dentro de una realización preferida, la actividad enzimática se incrementa al menos 2 veces al cultivar una célula hospedadora de levadura, preferiblemente *S. cerevisiae*, transformada con al menos un fragmento de ADN recombinante que comprende un oligonucleótido de acuerdo con la presente invención sobre al menos dos sustratos seleccionados del grupo que consiste en glucosa, manosa, fructosa, galactosa, xilosa, arabinosa, sacarosa, trehalosa, rafinosa, glicerol, etanol, acetato y lactato.

El aumento se determinó de la siguiente manera:

$$\frac{EA_{Ie}}{EA_{Se}}$$

EA_{Ie} - actividad enzimática de la proteína SEQ ID NO: 17 controlada por el oligonucleótido SEQ ID NO: 1 o un derivado con al menos 80% de identidad de secuencia con SEQ ID NO: 1.

EA_{Se} - actividad enzimática de la proteína SEQ ID NO: 17 controlada por un oligonucleótido SEQ ID NO: 9.

Por lo tanto, la actividad enzimática se mide como la cantidad de xilosa convertida por minuto por la cantidad definida de un extracto celular excluyendo la actividad de fondo del sistema indicador.

Considerando que EA_{Ie} y EA_{Se} se determinan mediante el uso del mismo tipo de célula huésped (*S. cerevisiae*), mientras que la célula huésped se transforma con al menos un fragmento de ADN recombinante que comprende el oligonucleótido respectivo y la célula huésped se hace crecer bajo condiciones idénticas del estado de la técnica mientras que la célula huésped se recoge dentro de la fase de crecimiento exponencial.

Dentro de una realización particularmente preferida de la presente invención, la actividad enzimática en una célula huésped de levadura transformada con al menos un fragmento de ADN recombinante que comprende el oligonucleótido de acuerdo con la presente invención se incrementa en al menos 2 veces, preferiblemente al menos 4 veces más, preferiblemente al menos 6 veces, particularmente preferido al menos 8 veces y lo más preferido al menos 10 veces cuando se cultiva la célula huésped de levadura en al menos dos sustratos seleccionados del grupo que consiste en glucosa, manosa, fructosa, galactosa, xilosa, arabinosa, sacarosa, trehalosa, rafinosa, glicerol, etanol, acetato y lactato.

Dentro de otra realización particularmente preferida de la presente invención, la actividad enzimática en una célula huésped se incrementa en al menos 2 veces, preferiblemente al menos 4 veces, más preferiblemente al menos 6 veces, particularmente preferida al menos 8 veces y lo más preferido al menos 10 veces cuando se cultiva la célula huésped en al menos dos sustratos seleccionados del grupo que consiste en glucosa, manosa, fructosa, xilosa,

sacarosa, glicerol y etanol.

Dentro de otra realización particularmente preferida de la presente invención, la actividad enzimática en una célula huésped se incrementa en al menos 2 veces, preferiblemente al menos 4 veces, más preferiblemente al menos 6 veces, particularmente preferido al menos 8 veces y lo más preferido al menos 10 veces cuando se cultiva la célula huésped en al menos dos sustratos seleccionados del grupo que consiste en glucosa, manosa, glicerol, etanol y xilosa.

Dentro de la presente invención, la expresión "fragmento de ARN regulador" (fragmento de ARNr) debe entenderse como una cadena de ARN que tiene la capacidad de regular a la baja una expresión génica por ser complementaria a una parte de un ARNm o ADN de un gen. Ejemplos de "fragmentos de ARNr" son microARNs (miRNA) que actúan a través de la interferencia de ARN (ARNi), donde un complejo efector de miARN y enzimas pueden escindir el ARNm complementario, bloquear el ARNm de ser traducido o acelerar su degradación. Un ARNm puede contener elementos reguladores en sí, tales como riboconmutadores, en la región 5' no traducida o en la región 3' no traducida; estos elementos cis-reguladores regulan la actividad de ese ARNm. Las regiones no traducidas también pueden contener elementos que regulan otros genes.

Dentro de la presente invención, la expresión "fragmento de ARN enzimáticamente activo" debe entenderse como ARN que es parte de un complejo de proteínas que puede catalizar reacciones enzimáticas dentro de la célula como ARN ribosómico o ARN que forma un complejo catalíticamente activo tal como una ribozima (enzimas de ácido ribonucleico).

Dentro de la presente invención, la expresión "fragmento de ARN de transferencia" (fragmento de ARNt) debe entenderse como una cadena pequeña de ARN de aproximadamente 80 nucleótidos que tiene la capacidad de transferir un aminoácido específico a una cadena polipeptídica en crecimiento en el sitio ribosómico de la síntesis de proteína durante la traducción. Tiene sitios para la fijación de aminoácidos y una región anticodón para el reconocimiento de codones que se une a una secuencia específica en la cadena del ARN mensajero mediante enlaces de hidrógeno.

Dentro de la presente invención, la expresión "fragmento de ARN mensajero" (fragmento de ARNm) debe entenderse como una cadena pequeña de ARN que tiene la capacidad de transportar información sobre una secuencia de proteínas a los ribosomas. Cada tres nucleótidos (un codón) corresponden a un aminoácido. En las células eucariotas, una vez que un precursor de ARNm (pre-ARNm) ha sido transcrito a partir del ADN, se procesa en ARNm maduro. Esto elimina sus secciones no codificantes de intrones del pre-ARNm. El ARNm es entonces exportado desde el núcleo hasta el citoplasma, donde se une a los ribosomas y se traduce en su correspondiente proteína con la ayuda del ARNt. En las células procarióticas, que no tienen compartimentos de núcleo y citoplasma, el ARNm puede unirse a los ribosomas mientras está siendo transcrito del ADN. Después de una cierta cantidad de tiempo, el ARN mensajero se degrada en sus nucleótidos componentes con la ayuda de ribonucleasas.

Dentro de la presente invención, la expresión "proteínas estructurales" se refiere a proteínas que confieren dureza y rigidez a los componentes biológicos, de otro modo, fluidos. Las proteínas estructurales preferidas se seleccionan del grupo que consiste en proteínas fibrosas tales como colágeno, elastina y queratina; y proteínas globulares tales como actina y tubulina. Otras proteínas que sirven a funciones estructurales y que deben entenderse como "proteínas estructurales" dentro de la presente invención son proteínas motoras tales como la miosina, cinesina y dineína, que son capaces de generar fuerzas mecánicas.

Los fragmentos de ARN preferidos que codifican para una proteína estructural se seleccionan del grupo que consiste en actina, elastina, filamina, colágeno, miosina, lamina.

Los fragmentos de ARN preferidos que codifican para una coenzima se seleccionan del grupo de fragmentos de ARN que codifican para polipéptidos que se modifican después de la traducción. Ejemplos son triptófano triptofilliquinona (TTQ) y 4-metiliden-imidazol-5-ona (MIO).

Los fragmentos de ARN preferidos que codifican para un transportador se seleccionan del grupo de fragmentos de ARN que codifican portadores uniport, symport y antiport, bombas de protones, canales iónicos y acuaporinas.

Los fragmentos de ARN preferidos que codifican para un anticuerpo se seleccionan del grupo de fragmentos de ARN que codifican para IgA, IgD, IgE, EgG, IgM, IgY e IgW.

Los fragmentos de ARN preferidos que codifican una hormona se seleccionan del grupo de fragmentos de ARN que codifican para hormonas peptídicas pequeñas tales como TRH y vasopresina; insulina; hormona del crecimiento; hormonas glicoproteicas tales como hormona luteinizante, hormona estimulante del folículo y hormona estimulante tiroidea.

Los fragmentos de ARN preferidos que codifican para un regulador se seleccionan del grupo de fragmentos de ARN que codifican para receptores, factores de transcripción, sensores metabólicos, sensores de luz, electro-sensores, sensores mecánicos y transductores de señales.

Los fragmentos de ARN preferidos que codifican para una enzima se seleccionan del grupo de fragmentos de ARN que codifican para enzimas modificadoras de carbohidratos. Dentro de la presente invención, la expresión "enzima modificadora de carbohidratos" debe entenderse que comprende cualquier enzima capaz de modificar cualquier tipo de carbohidrato tal como (pero no limitado a) la escisión de carbohidratos, la oxidación de carbohidratos, la reducción de carbohidratos, la descarboxilación de carbohidratos, la desacetilación de carbohidratos, la metilación de carbohidratos, desmetilación de carbohidratos, aminación de carbohidratos, fosforilación de carbohidratos, desfosforilación de carbohidratos, isomerización de carbohidratos, epimerización de carbohidratos y desaminación de carbohidratos.

Dentro de una realización particularmente preferida de la presente invención, la enzima modificadora de carbohidratos se selecciona del grupo que consiste en las clases EC 5.1.3, EC 5.3.1, EC 2.7.1, EC 2.2.1, EC 2.2.1 y EC 1.1.1, preferiblemente las seleccionadas del grupo que consiste en EC 5.1.3.3, EC 5.3.1.5, EC 2.7.1.17, EC 2.2.1.2, EC 2.2.1.1 y EC 1.1.1.1. Dentro de otra realización particularmente preferida, la proteína se selecciona del grupo que consiste en las SEQ ID NO: 11 a 53.

Dentro de otra realización más preferida de la presente invención, de 1 a 80 nucleótidos del oligonucleótido de la presente invención están "mutados". Dentro de la presente invención, el término "mutado" debe entenderse como "sustituido", "suprimido" o "insertado". El término "mutación" debe entenderse como "sustitución", "supresión" o "inserción". Las sustituciones se clasifican como transiciones en las que una purina es intercambiada por una purina (A <-> G) o una pirimidina por una pirimidina (C <-> T) o transversiones donde una purina es intercambiada por una piridina y viceversa (C/T <-> A/G). Las inserciones añaden uno o más nucleótidos adicionales (A, C, T o G) en un oligonucleótido. La eliminación de uno o más nucleótidos del ADN se denomina deleción.

En una realización adicional, la presente invención proporciona un fragmento de ADN recombinante que comprende el oligonucleótido de acuerdo con la presente invención.

Los fragmentos de ADN recombinante particularmente preferidos de acuerdo con la presente invención comprenden un oligonucleótido seleccionado del grupo que consiste en SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 6 y SEQ ID NO: 7 y un fragmento de ARN que codifica para una proteína seleccionada del grupo que consiste en enzimas, proteínas estructurales, coenzimas, transportadores, anticuerpos, hormonas y reguladores. Se prefiere particularmente que la proteína sea una enzima y que la enzima se seleccione del grupo que consiste en las clases EC 5.1.3, EC 5.3.1, EC 2.7.1, EC 2.2.1, EC 2.2.1 y EC 1.1.1, preferiblemente seleccionadas del grupo que consiste en EC 5.1.3.3, EC 5.3.1.5, EC 2.7.1.17, EC 2.2.1.2, EC 2.2.1.1 y EC 1.1.1.1. Otros fragmentos de ADN recombinantes particularmente preferidos comprenden un oligonucleótido seleccionado del grupo que consiste en SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 6 y SEQ ID NO: 7 y un fragmento de ARN seleccionado del grupo que consiste en SEQ ID NO: 11 a 53.

En una realización adicional, la presente invención proporciona un plásmido de expresión que comprende al menos un fragmento de ADN recombinante de acuerdo con la presente invención.

La presente invención proporciona además una célula huésped transformada con al menos un fragmento de ADN recombinante que comprende el oligonucleótido de acuerdo con la presente invención. La célula huésped de acuerdo con la presente invención se usa preferiblemente para la ingeniería de rutas o para la transformación metabólica de sustratos que contienen xilosa en metabolitos preferidos.

La célula huésped recombinante de acuerdo con la presente invención se selecciona preferiblemente de bacterias, levaduras o células fúngicas. En una realización particularmente preferida, la célula huésped se selecciona del grupo que consiste en *Escherichia*, *Klebsiella*, *Pseudomonas*, *Lactobacillus*, *Bacillus*, *Streptomyces*, *Saccharomyces*, *Kluyveromyces*, *Schizosaccharomyces*, *Candida*, *Yarrowia*, *Komagataella*, *Pichia*, *Hansenula*, *Penicillium*, *Trichoderma*, *Hypocrea*, *Aspergillus*, *Cantharellu*, *Agricus*, *Boletus*, *Pleurotus*, *Trametes*, *Phanerochaete*, *Myceliophthora*, *Chaetomium*, *Humicola*, *Chrysosporium*, *Talaromyces* y *Neurospora*.

Se prefiere particularmente seleccionar la célula huésped del grupo que consiste en *Lactococcus lactis*, *Lactobacillus brevis*, *Bacillus subtilis*, *Bacillus megaterium*, *Bacillus lentus*, *Bacillus amyloliquefaciens*, *Bacillus licheniformis*, *Pseudomonas fluorescense*, *Klebsiella planticola*, *Escherichia coli*, *Streptomyces lividans*, *Saccharomyces cerevisiae*, *Saccharomyces bayanus*, *Saccharomyces uvarum*, *Saccharomyces pastorianus*, *Saccharomyces kudriavzevii*, *Saccharomyces mikatae*, *Saccharomyces carlsbergensis*, *Schizosaccharomyces pombe*, *Kluyveromyces marxianus*, *Yarrowia lipolytica*, *Hansenula polymorpha*, *Pichia angusta*, *Komagataella pastoris*, *Pichia pastoris*, *Aspergillus niger*, *Aspergillus oryzae*, *Trichoderma reesei* y *Myceliophthora thermophila*.

La célula huésped recombinante de acuerdo con la presente invención puede comprender uno o más plásmidos de acuerdo con la presente invención.

Ejemplos y figuras

A continuación se describe la presente invención mediante los ejemplos y las figuras. Los ejemplos y las figuras se consideran sólo con fines ilustrativos y no limitan el alcance de la presente invención y las reivindicaciones en ningún aspecto.

Ejemplo 1: estudio de crecimiento - selección de una cepa de selección

5 diferentes células huésped se han transformado con un plásmido que contiene un oligonucleótido ejemplar con fines de ensayo.

Tabla 1: lista de células huésped ensayadas

contador	nombre	origen
cepa A	Ethanol Red® (Lote 897/1 fecha de producción 01.05.08)	Fermentis, Francia
cepa B	Simi White™ (Lote: 02905340230601V)	Lallemand, Canada
cepa C	Rhone 2226™ (Lote: 025556551030Y9)	
cepa D	CBS 7764	Centraalbureau voor Schimmelcultures (Institute of the Royal Netherlands Academy of Arts and Sciences- KNAW), Países Bajos
cepa E	CBS 6413	

5

El plásmido se construyó por clonación de recombinación en *S. cerevisiae*: Una célula de levadura se transformó con productos de PCR ofrecidos 45 pb superpuestos entre sí. Los fragmentos fueron marcadores de levadura (pUG6 87 a 1559 pb), marcador de *E. coli* y Ori (pUG19 754 a 2534 pb), levadura Ori (*S. cerevisiae* S288C cromosoma IV 44978 a 449831 y *S. cerevisiae* S288C cromosoma II 63156 a 63454 pb) y la parte funcional (SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 54, *S. cerevisiae* S288C cromosoma XI 326407 a 326108 pb). De este modo, las partes estaban flanqueadas por los sitios de restricción SapI, SbfI, StuI y NotI, respectivamente.

10

Las cepas de levadura se transformaron con el plásmido re-aislado con el método LiAc de alta eficiencia de acuerdo con Gietz y Schiestl.

15

Las células huésped se han cultivado luego en 50 ml de un sustrato que contiene xilosa (extracto de levadura de 10 g/l, 20 g/l de pepton, 20 g/l de xilosa + 200 mg/l de G418) en condiciones aerobias en matraz de agitación de 300 ml por 30°C y 250 rpm. Los resultados se muestran en la figura 1.

La cepa B se seleccionó para otras pruebas debido al excelente rendimiento de crecimiento.

Ejemplo 2: estudio de crecimiento - comparación de diferentes plásmidos que contienen diferentes oligonucleótidos

20

La cepa B se ha transformado con 10 plásmidos. Los plásmidos se construyeron de la misma manera que se describe en el ejemplo 1 que albergaba los oligonucleótidos SEQ. ID NO: 1, SEQ. ID NO: 2, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 9 y SEQ ID NO: 10, respectivamente.

La cepa B se transformó con los plásmidos como se describe en el ejemplo 1 y se cultivó en las mismas condiciones. Los resultados se muestran en la figura 2.

25

La célula huésped transformada por los plásmidos que contienen un oligonucleótido de acuerdo con la presente invención (regulada por las SEQ ID NO: 1 a 7) mostró un rendimiento de crecimiento significativamente mayor que la célula huésped transformada por plásmidos que contenía oligonucleótidos del estado de la técnica SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 10 y SEQ ID NO: 8.

Ejemplo 3: nivel de transcrito - comparación de diferentes plásmidos que contienen diferentes oligonucleótidos

30

Las cepas de levadura que albergan los diferentes plásmidos descritos en el ejemplo 2 se cultivaron en 100 ml de sustrato que contenía glucosa, manosa, etanol, glicerol o xilosa (extracto de levadura a 10 g/l, 20 g/l de pepton, 20 g/l de fuente de carbono + 200 mg/l de G418) en un matraz de agitación de 500 ml a 30°C y 250 rpm. Se cosecharon 5 ml de los cultivos a aproximadamente OD₆₀₀ 2, se centrifugaron, se lavaron con agua y se centrifugaron (dos veces). Después de esto se almacenó el gránulo del cultivo a -80°C.

35

El ARN total se extrajo de las células usando el RNeasy Mini Kit™, Qiagen Alemania, según el manual del productor. A continuación, se tradujeron 500 ng de ARN en ADNc mediante el uso del kit de RT-PCR ThermoScript™, Life Technologies USA de acuerdo con el manual del fabricante. Mediante el uso de iQ™ SYBR® Green Supermix y iQ™ iCycler, BIO RAD Alemania, siguiendo la información del productor, la concentración de ARNm de ACT1 y XylA pudo calcularse mediante la amplificación de productos de PCR de 225 y 236 pb de longitud.

Los niveles de transcripción relativa (concentración de ARN de XilA dividido por la concentración de ARN de ACT1) se muestran en la figura 3.

	SEQ ID NO: 1	SEQ ID NO: 2	SEQ ID NO: 3	SEQ ID NO: 4	SEQ ID NO: 5	SEQ ID NO: 6	SEQ ID NO: 7
Glucosa	23,4 ± 5,7	23,9 ± 5,9	22,6 ± 5,8	24,4 ± 5,3	28,9 ± 5,1	26,4 ± 6,6	22,3 ± 4,5
Manosa	25,3 ± 6,5	27,6 ± 6,6	25,9 ± 7,0	23,3 ± 6,6	22,1 ± 4,0	22,4 ± 6,7	26,2 ± 7,3
Ethanol	4,6 ± 0,8	5,6 ± 1,1	3,9 ± 0,7	3,9 ± 0,8	4,5 ± 0,6	4,7 ± 0,6	4,9 ± 1,1
Glicerol	8,3 ± 2,2	7,6 ± 3,4	7,6 ± 2,7	9,3 ± 2,7	6,6 ± 1,3	6,8 ± 2,3	7,0 ± 2,3
Xilosa	6,8 ± 3,3	6,6 ± 5,3	5,8 ± 3,2	8,4 ± 4,1	7,1 ± 4,6	7,7 ± 4,5	7,9 ± 4,4

- 5 El sistema indicador bajo el control de los oligonucleótidos de acuerdo con la presente invención ha mostrado un aumento de 4 a 29 veces del nivel de transcripción. Los niveles de transcripción varían entre las diversas condiciones de crecimiento, pero una diferencia significativa con respecto al control del oligonucleótido SEQ ID NO: 1 a SEQ. ID NO: 7 no era visible.

Ejemplo 4: actividad enzimática - comparación de diferentes plásmidos que contienen diferentes oligonucleótidos

- 10 50 ml de los cultivos como se definen en el ejemplo 3 se recogieron aproximadamente a OD₆₀₀ 2. A continuación se almacenó el gránulo del cultivo a -80°C. Además, se trató de la misma manera un cultivo de la cepa B que portaba el plásmido descrito en el ejemplo 2 sin la parte funcional (plásmido vacío).

- 15 Los sedimentos descongelados se suspendieron en tampón de 400 µl (Tris 100 mM, pH 7,5, MgCl₂ 10 mM) y se homogeneizaron. Después de la lisis celular, los extractos brutos se diluyeron hasta una concentración total de proteína de 1 µg/µl (medida mediante ensayo de Bradford). Los ensayos de actividad de xilosa isomerasa se realizaron en 100 µl con 10% de los extractos crudos diluidos, NADH 0,25 mM, sorbitol deshidrogenasa 3 U/ml y xilosa 500 mM. Se siguieron las cinéticas de reacción fotométricamente a 340 nm.

Las actividades enzimáticas medidas (menos la actividad de fondo - plásmido vacío) se muestran en la figura 4.

Tabla 3: Cambio x veces de la actividad de xilosa isomerasa bajo el control de diferentes oligonucleótidos en comparación con la actividad de xilosa isomerasa bajo el control de SEQ ID NO: 9

	SEQ ID NO: 1	SEQID NO: 2	SEQID NO: 3	SEQID NO: 4	SEQID NO: 5	SEQID NO: 6	SEQID NO: 7
Glucosa	22,5 ± 3,6	23,7 ± 3,4	24,8 ± 3,5	24,9 ± 4,0	23,9 ± 3,9	22,8 ± 4,1	20,6 ± 3,2
Manosa	20,4 ± 4,4	20,4 ± 4,5	18,6 ± 5,4	18,9 ± 4,5	19,7 ± 4,7	19,7 ± 5,3	18,6 ± 4,2
Etanol	13,7 ± 2,2	13,0 ± 2,2	14,0 ± 2,3	15,2 ± 2,6	13,9 ± 2,3	14,6 ± 2,6	13,4 ± 2,7
Glicerina	14,8 ± 4,2	14,3 ± 3,8	16,9 ± 4,8	15,5 ± 4,3	15,4 ± 4,3	16,5 ± 4,6	15,3 ± 4,2
Xilosa	14,3 ± 2,0	15,0 ± 2,5	16,7 ± 2,6	14,8 ± 2,4	14,8 ± 2,3	14,5 ± 2,2	14,5 ± 2,4

- 20 El sistema indicador bajo el control de los oligonucleótidos de acuerdo con la presente invención ha mostrado un aumento de 14 a 25 veces de la actividad enzimática. Por lo que las actividades enzimáticas varían entre las diversas condiciones de crecimiento, pero no fue visible una diferencia significativa con respecto al control del oligonucleótido SEQ ID NO: 1 a SEQ ID NO: 7.

25 Breve descripción de las figuras

La figura 1 muestra el rendimiento del crecimiento de 5 células huésped de levadura diferentes (A a E) que han sido transformadas con un plásmido que contiene un gen que codifica SEQ. ID NO: 17 regulado por un oligonucleótido de acuerdo con el estado de la técnica: SEQ. ID NO: 10.

- 30 La figura 2 muestra el comportamiento del crecimiento de la cepa B transformada con diferentes plásmidos que contienen diferentes oligonucleótidos (oligonucleótidos del estado de la técnica y oligonucleótidos de acuerdo con la presente invención)

La figura 3 muestra un aumento de 4 a 29 veces del nivel de transcripción del sistema indicador bajo el control de los oligonucleótidos de acuerdo con la presente invención (SEQ ID N° 1 a 7) en comparación con los oligonucleótidos del estado de la técnica SEQ ID NO 8, SEQ ID NO: 9 y SEQ ID NO: 10 en diferentes sustratos (glucosa, manosa, etanol, glicerol y xilosa)

- 5 La figura 4 muestra un aumento de 14 a 25 veces de la actividad enzimática del sistema indicador bajo el control de los oligonucleótidos de acuerdo con la presente invención (SEQ ID N° 1 a 7) en comparación con los oligonucleótidos del estado de la técnica SEQ ID NO 8, SEQ ID NO: 9 y SEQ ID NO: 10 en diferentes sustratos (glucosa, manosa, etanol, glicerol y xilosa)

Descripción del listado de secuencias

- 10 SEQ. ID NO: 1: oligonucleótido sintético que consiste en una combinación de SEQ ID NO: 9 y SEQ ID NO: 8

```
ccattctctg ctgctttggt gcatcgtatc atcgcccgtt tcagccagtc ccgcataccc      60
cctttgcaac gttaacgtta ccgctagcgt ttaccatctc cacgctaaaa ggaaaaacgaa    120
gattaagata agtttgggta aaatccgggg taagaggcaa gggggtagag aaaaaaaaaac     180
cggagtcatt atatacgata ccgtccaggg taagacagtg atttctagct tccacttttt      240
tcaatttctt tttttcggtc caaatggcgt ccacccgtac atccggaatc tgacggcaca      300
agagccgatt agtggaagcc acggttacgt gattgcgggt tttttttcct acgtataacg      360
ctatgacggt agttgaatgt taaaaacgaa aacagagata ttgaattgac tcgtaggaac      420
aatttcgggc ccctgcgtgt tcttctgagg ttcattcttt acatttgctt ctgctggata      480
attttcagag gcaacaagga aaaattagat ggcaaaaagt cgtctttcaa ggaaaaatcc      540
ccaccatctt tcgagatccc ctgtaactta ttggcaactg aaagaatgaa aaggaggaaa      600
atacaaaata tactagaact gaaaaaaaaa aagtataaat agagacgata tatgccaata      660
cttcacaatg ttcgaatcta ttcttcatth gcagctattg taaaataata aaacatcaag      720
aacaacaag ctcaacttgt cttttctaag aacaaagaat aaacacaaaa acaaaaagtt      780
tttttaattt taatcaaaaa
```

ES 2 626 804 T3

SEQ ID NO: 2: oligonucleótido sintético correspondiente a SEQ ID NO: 1 que comprende las siguientes mutaciones: g315a, c322g, a623-, t679c

ccattctctg ctgctttggt gcatcgtatc atcgcccgtt tcagccagtc ccgcataccc	60
cctttgcaac gttaacgtta ccgctagcgt ttaccatctc cacgctaaaa ggaaaacgaa	120
gattaagata aagttgggta aaatccgggg taagaggcaa gggggtagag aaaaaaaaaac	180
cggagtcatt atatacgata ccgtccaggg taagacagtg atttctagct tccacttttt	240
tcaatttctt tttttcgttc caaatggcgt ccacccgtac atccggaatc tgacggcaca	300
agagccgatt agtgaaagcc agggttacgt gattgcgggt tttttttcct acgtataacg	360
ctatgacggt agttgaatgt taaaaacgaa aacagagata ttgaattgac tcgtaggaac	420
aatttcgggc ccctgcgtgt tcttctgagg ttcattcttt acatttgctt ctgctggata	480
attttcagag gcaacaagga aaaattagat ggcaaaaagt cgtctttcaa ggaaaaatcc	540
ccaccatctt tcgagatccc ctgtaactta ttggcaactg aaagaatgaa aaggaggaaa	600
atacaaaata tactagaact gaaaaaaaaa agtataaata gagacgatat atgccaatac	660
ttcacaatgt tcgaatccat tcttcatttg cagctattgt aaaataataa aacatcaaga	720
acaaacaagc tcaacttgtc ttttctaaga acaagaata aacacaaaaa caaaaagttt	780
ttttaatttt aatcaaaaa	799

SEQ ID NO: 3: oligonucleótido sintético que responde a SEQ ID NO: 1 que comprende las siguientes mutaciones: t549c, a622-, a623, c661a, t679c

5

ccattctctg ctgctttggt gcatcgtatc atcgcccgtt tcagccagtc ccgcataccc	60
cctttgcaac gttaacgtta ccgctagcgt ttaccatctc cacgctaaaa ggaaaacgaa	120
gattaagata aagttgggta aaatccgggg taagaggcaa gggggtagag aaaaaaaaaac	180
cggagtcatt atatacgata ccgtccaggg taagacagtg atttctagct tccacttttt	240
tcaatttctt tttttcgttc caaatggcgt ccacccgtac atccggaatc tgacggcaca	300
agagccgatt agtggaagcc acggttacgt gattgcgggt tttttttcct acgtataacg	360
ctatgacggt agttgaatgt taaaaacgaa aacagagata ttgaattgac tcgtaggaac	420
aatttcgggc ccctgcgtgt tcttctgagg ttcattcttt acatttgctt ctgctggata	480
attttcagag gcaacaagga aaaattagat ggcaaaaagt cgtctttcaa ggaaaaatcc	540
ccaccatcct tcgagatccc ctgtaactta ttggcaactg aaagaatgaa aaggaggaaa	600
atacaaaata tactagaact gaaaaaaaaa gtataaatag agacgatata tgccaataat	660
tcacaatgtt cgaatccatt cttcatttgc agctattgta aaataataaa acatcaagaa	720
caaacaagct caacttgctt tttctaagaa caaagaataa acacaaaaac aaaaagtttt	780
tttaatttta atcaaaaa	798

ES 2 626 804 T3

SEQ ID NO: 4: oligonucleótido sintético correspondiente a SEQ ID NO: 1 que comprende las siguientes mutaciones: c495a, g674a, t679c, a687g

ccattctctg ctgctttgtt gcatcgtatc atcgcccggt tcagccagtc ccgcataccc	60
cctttgcaac gttaacgtta ccgctagcgt ttaccatctc cacgctaaaa ggaaaacgaa	120
gattaagata aagttgggta aaatccgggg taagaggcaa gggggtagag aaaaaaaaaac	180
cggagtcatt atatacgata ccgtccaggg taagacagtg atttctagct tccacttttt	240
tcaatttctt ttttctgttc caaatggcgt ccacccgtac atccggaatc tgacggcaca	300
agagccgatt agtgaagcc acggttacgt gattgcggtt ttttttcct acgtataacg	360
ctatgacggt agttgaatgt taaaaacgaa aacagagata ttgaattgac tcgtaggaac	420
aatttcgggc ccctgcgtgt tcttctgagg ttcacttttt acatttgctt ctgctggata	480
attttcagag gcaaaaagga aaaattagat ggcaaaaagt cgtctttcaa ggaaaaatcc	540
ccaccatctt tcgagatccc ctgtaactta ttggcaactg aaagaatgaa aaggaggaaa	600
atacaaaata tactagaact gaaaaaaaaa agtataaat agagacgata tatgccaata	660
cttcacaatg ttcaaattcca ttcttcgttt gcagctattg taaaataata aaacatcaag	720
aacaacaag ctcaacttgt cttttctaag aacaagaat aaacacaaaa acaaaaagtt	780
ttttaatttt taatcaaaaa	800

SEQ ID NO: 5: oligonucleótido sintético correspondiente a SEQ ID NO: 1 que comprende las siguientes mutaciones: a171-, c322g, c430t, c431t, c495a

5

ccattctctg ctgctttgtt gcatcgtatc atcgcccggt tcagccagtc ccgcataccc	60
cctttgcaac gttaacgtta ccgctagcgt ttaccatctc cacgctaaaa ggaaaacgaa	120
gattaagata aagttgggta aaatccgggg taagaggcaa gggggtagag aaaaaaac	180
ggagtcatta tatacgatac cgtccagggt aagacagtga tttctagctt ccactttttt	240
caatttcttt ttttctgttc aaatggcgtc caccctgaca tccggaatct gacggcacia	300
gagccgatta gtggaagcca ggggttacgt attgcggtt ttttttccta cgtataacgc	360
tatgacggtg gttgaatgtt aaaaacgaaa acagagatat tgaattgact cgtaggaaca	420
atttcgggtt cctgcgtgtt cttctgaggt tcacttttta catttgcttc tgctggataa	480
ttttcagagg caaaaaggaa aaattagatg gcaaaaagtc gtctttcaag gaaaaatccc	540
caccatcttt cgagatcccc tgtaacttat tggcaactga aagaatgaaa aggaggaaaa	600
tacaaaatat actagaactg aaaaaaaaaa agtataataa gagacgatat atgccaatac	660
ttcacaatgt tcgaatctat tcttcatttg cagctattgt aaaataataa aacatcaaga	720
acaaacaagc tcaacttgct ttttctaaga acaagaata aacacaaaaa caaaaagttt	780
ttttaatttt aatcaaaaa	799

ES 2 626 804 T3

SEQ ID NO: 6: oligonucleótido sintético correspondiente a SEQ ID NO: 1 que comprende las siguientes mutaciones: c181a, c205t, c322g, t549c, a623-, t679c

ccattctctg ctgctttggt gcatcgtatc atcgcccgtt tcagccagtc ccgcataccc	60
cctttgcaac gttaacgtta ccgctagcgt ttaccatctc cacgctaaaa ggaaaacgaa	120
gattaagata aagttgggta aaatccgggg taagaggcaa gggggtagag aaaaaaaaaac	180
aggagtcatt atatacgata ccgttcaggg taagacagtg atttctagct tccacttttt	240
tcaatttctt tttttcgttc caaatggcgt ccacccgtac atccggaatc tgacggcaca	300
agagccgatt agtgaagcc agggttacgt gattgcggtt ttttttcct acgtataacg	360
ctatgacggt agttgaatgt taaaaacgaa aacagagata ttgaattgac tcgtaggaac	420
aatttcgggc ccctgcgtgt tcttctgagg ttcattttt acatttgctt ctgctggata	480
attttcagag gcaacaagga aaaattagat ggcaaaaagt cgtctttcaa ggaaaaatcc	540
ccaccatcct tcgagatccc ctgtaactta ttggcaactg aaagaatgaa aaggaggaaa	600
atacaaaata tactagaact gaaaaaaaaa agtataaata gagacgatat atgccaatac	660
ttcacaatgt tcgaatccat tcttcatttg cagctattgt aaaataataa aacatcaaga	720
acaacaagc tcaacttgct ttttctaaga acaaagaata aacacaaaaa caaaaagttt	780
ttttaatttt aatcaaaaa	799

5 SEQ ID NO: 7: oligonucleótido sintético correspondiente a SEQ ID NO: 1 que comprende las siguientes mutaciones: t186a, c322g, c430t, c431t, a623-, t679c

ccattctctg ctgctttggt gcatcgtatc atcgcccgtt tcagccagtc ccgcataccc	60
cctttgcaac gttaacgtta ccgctagcgt ttaccatctc cacgctaaaa ggaaaacgaa	120
gattaagata aagttgggta aaatccgggg taagaggcaa gggggtagag aaaaaaaaaac	180
cggagacatt atatacgata ccgtccaggg taagacagtg atttctagct tccacttttt	240
tcaatttctt tttttcgttc caaatggcgt ccacccgtac atccggaatc tgacggcaca	300
agagccgatt agtgaagcc agggttacgt gattgcggtt ttttttcct acgtataacg	360
ctatgacggt agttgaatgt taaaaacgaa aacagagata ttgaattgac tcgtaggaac	420
aatttcgggt tcctgcgtgt tcttctgagg ttcattttt acatttgctt ctgctggata	480
attttcagag gcaacaagga aaaattagat ggcaaaaagt cgtctttcaa ggaaaaatcc	540
ccaccatctt tcgagatccc ctgtaactta ttggcaactg aaagaatgaa aaggaggaaa	600
atacaaaata tactagaact gaaaaaaaaa agtataaata gagacgatat atgccaatac	660
ttcacaatgt tcgaatccat tcttcatttg cagctattgt aaaataataa aacatcaaga	720
acaacaagc tcaacttgct ttttctaaga acaaagaata aacacaaaaa caaaaagttt	780
ttttaatttt aatcaaaaa	799

SEQ ID NO: 8: oligonucleótido de *Saccharomyces cerevisiae* S288C, región aguas arriba de PFK2

SEQ ID NO: 9: oligonucleótido de *Saccharomyces cerevisiae* S288C, región aguas arriba de HXT7

- SEQ ID NO: 10: oligonucleótido de *Saccharomyces cerevisiae* S288C, región aguas arriba de PGK1
- SEQ ID NO: 11: proteína con actividad de aldosa-1-epimerasa de *Saccharomyces cerevisiae* EC1118, 104_6579
- SEQ ID NO: 12: proteína con actividad de aldosa-1-epimerasa de *Saccharomyces cerevisiae* EC1119, 1F14_0056
- SEQ ID NO: 13: proteína con actividad de aldosa-1-epimerasa de *Saccharomyces cerevisiae* S288C, YHR210C
- 5 SEQ ID N° 14: proteína con actividad de aldosa-1-epimerasa de *Saccharomyces cerevisiae* x *Saccharomyces kudriavzevii* VIN7, tipo YHR210C
- SEQ ID NO: 15: proteína con actividad de aldosa-1-epimerasa de *Saccharomyces cerevisiae* AWRI796, tipo YHR210C
- SEQ ID NO: 16: proteína con actividad de aldosa-1-epimerasa de *Lactococcus lactis*, XylM
- 10 SEQ ID NO: 17: proteína con actividad de xilosa isomerasa de *Eubacterium saburreum*, XylA
- SEQ ID NO: 18: proteína con actividad de xilosa isomerasa de *Piromyces* sp. E2, XylA
- SEQ ID NO: 19: proteína con actividad de xilosa isomerasa de *Orpinomyces* sp. ukkl, XylA
- SEQ ID NO: 20: proteína con actividad de xilosa isomerasa de *Clostridium phytofermentans*, XylA
- SEQ ID NO: 21: proteína con actividad de xilosa isomerasa de *Ruminococcus flavefaciens*, XylA
- 15 SEQ ID NO: 22: proteína con actividad de xilosa isomerasa de *Bacteroides uniformis*, XylA
- SEQ ID NO: 23: proteína con actividad de xilosa isomerasa de *Clostridium cellulolyticum*, XylA
- SEQ ID NO: 24: proteína con actividad de xilosa isomerasa de *Thermotoga maritima*, XylA
- SEQ ID NO: 25: proteína con actividad de xilosa isomerasa de *Bacillus stearothermophilus*, XylA
- SEQ ID NO: 26: proteína con actividad de xilosa isomerasa de *Bacteroides stercoris*, XylA
- 20 SEQ ID NO: 27: proteína con actividad de xilosa isomerasa de *Parabacteroides distasonis*, XylA
- SEQ ID NO: 28: proteína con actividad de xilosa isomerasa de *Prevotella ruminicola*, XylA
- SEQ ID NO: 29: proteína con actividad de xilosa isomerasa de *Agrobacterium tumefaciens*, XylA
- SEQ ID NO: 30: proteína con actividad de xilosa isomerasa de *Clostridium cellulovorans*, XylA
- SEQ ID NO: 31: proteína con actividad de xilosa isomerasa de *Burkholderia cenocepacia*, XylA
- 25 SEQ ID NO: 32: proteína con actividad de xilosa isomerasa de *Lactococcus lactis*, proteína XylA
- SEQ ID NO: 33: proteína con actividad de xilosa isomerasa de *Thermoanaerobacter thermohydrosulfuricus*, XylA
- SEQ ID NO: 34: proteína con actividad de xilosa isomerasa de *Reticulitermes speratus*, proteína XylA, XylA
- SEQ ID NO: 35: proteína con actividad de xilosa isomerasa de bacterias no cultivadas de rumen de vaca, número de secuencia 2 dentro del documento WO 2014 164392
- 30 SEQ ID NO: 36: proteína con actividad de xilosa isomerasa de bacterias no cultivadas de rumen de vaca, número de secuencia 1 dentro del documento WO 2014 164392
- SEQ ID NO: 37: proteína con actividad de xilosa isomerasa de *Lachnospiraceae bacterium* ICM7, XylA
- SEQ ID NO: 38: proteína con actividad de xilosa isomerasa del taxón oral de *Lachnospiraceae bacterium* 107, XilA
- SEQ ID NO: 39: proteína con actividad de xilosa isomerasa del taxón oral de *Lachnospiraceae bacterium* 082, XilA
- 35 SEQ ID NO: 40: proteína con actividad de xilosa isomerasa de la bacteria no cultivada, XYM1 de Parachin, N.S. Y Gorwa-Grauslund, M.F. Isolation of xylose isomerases by sequence-and function-based screening from a soil metagenome library, *Biotechnol Biofuels* 4 (1), 9 (2011)
- SEQ ID NO: 41: proteína con actividad de xilosa isomerasa de la bacteria no cultivada, XYM2 de Parachin, N.S. Y Gorwa-Grauslund, M.F. Isolation of xylose isomerases by sequence-and function-based screening from a soil metagenome library, *Biotechnol Biofuels* 4 (1), 9 (2011)
- 40

- SEQ ID NO: 42: proteína con actividad de xilosa isomerasa de *Thermus thermophilus*, XylA
- SEQ ID NO: 43: proteína con actividad de xilosa isomerasa de *Escherichia coli*, XylA
- SEQ ID NO: 44: proteína con actividad de xilulocinasa de *Saccharomyces cerevisiae* S288C, XKSI
- SEQ ID NO: 45: proteína con actividad de xiluloquinasa de *Scheffersomyces (Pichia) stipites* CBS 6054, XKSI
- 5 SEQ ID NO: 46: proteína con actividad de xilulocinasa de *Trichoderma reesei* QM6a, TRIREDRAFT_123288
- SEQ ID NO: 47: proteína con actividad de transaldolasa de *Saccharomyces cerevisiae* S288C, TALI
- SEQ ID NO: 48: proteína con actividad de transaldolasa de *Saccharomyces cerevisiae* S288C, NQM1
- SEQ ID NO: 49: proteína con actividad de transaldolasa de *Scheffersomyces (Pichia) stipitis* CBS 6054, TALI
- SEQ ID NO: 50: proteína con actividad de transcetolasa de *Saccharomyces cerevisiae* S288C, TKL1
- 10 SEQ ID NO: 51: proteína con actividad de transcetolasa de *Saccharomyces cerevisiae* S288C, TKL2
- SEQ ID NO: 52: proteína con actividad de transcetolasa de *Scheffersomyces (Pichia) stipitis* CBS 6054, TKL1
- SEQ ID NO: 53: proteína con actividad de alcohol deshidrogenasa de *Saccharomyces cerevisiae* S288C, ADH1
- SEQ ID NO: 54: secuencia de ADN sintético que codifica para SEQ ID NO: 17

atgaaggaat tcttcccagg tatttctcca gttaagttcg aaggtagaga ctctaagaac	60
ccattgtctt tcaagtacta cgacgctaag agagttatta tgggtaagac catggaagaa	120
cacttgctt tgcctatggc ttggtggcac aacttggtgt cttgtggtgt tgacatgttc	180
ggtcaaggta ccgttgacaa gtctttcggg gaatcttctg gtaccatgga acacgctaga	240
gctaagggtt acgctgggat tgaattcatg aagaagttgg gtattaagta ctactgtttc	300
cacgacaccg acattgtttc agaagaccaa gaagacatta acgttaccaa cgctagattg	360
gacgaaatta ccgactacat tttggaaaag accaaggaca ccgacattaa gtgtttgtgg	420
accacctgta acatgtttct taaccaaga ttcatgaacg gtgctgggtc ttctaactct	480
gctgacgtt tctgtttcgc tgctgctcaa gctaagaagg gtttgaaaa cgctgttaag	540
ttgggtgcta aggggttctgt tttctggggt ggtagagaag gttacgaaac cttgttgaa	600
accgacatga agttggaaga agaaaacatt gctaccttgt tcaccatgtg tagagactac	660
ggtagatcta ttgggttcat gggtgacttc tacattgaac caaagccaaa ggaaccaatg	720
aagcaccaat acgacttcga cgctgctacc gctattggtt tcttgagaaa gtacggtttg	780
gacaaggact tcaagttgaa cattgaagct aaccacgcta ccttggtggt tcacaccttc	840
caacacgaat tgagagtttg tgctgttaac ggtatgatgg gttctgttga cgctaaccaa	900
ggtgacacct tgttggttg ggacaccgac caattcccaa ccaacgttta cgacaccacc	960
ttggctatgt acgaaatctt gaaggctggt ggttgagag gtggttgaa cttcgactct	1020
aagaacagaa gaccatctaa caccgctgac gacatgttct acggtttcat tgctggtatg	1080
gacaccttcg ctttggtttt gattaaggct gctgaaatta ttgaagacgg tagaattgac	1140
gacttcgtta aggaaagata cgcttcttac aactctggtt ttggtaagaa gattagaaac	1200
agaaagggtt ccttgattga atgtgctgaa tacgctgcta agttgaagaa gccagaattg	1260
ccagaatctg gtagacaaga atacttgga tctgttgtca acaacatctt gttcgggtgt	1320
tctggttaa	1329

Listado de secuencias

<110> Clariant International Ltd

<120> Secuencia de oligonucleótidos para uso en ingeniería de rutas

5 <130> 2014DE617-EP-EPA

<160> 54

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 800

10 <212> DNA

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 1

ES 2 626 804 T3

```
ccattctctg ctgctttggt gcacgtatc atcgccggt tcagccagtc ccgcataccc 60
cctttgcaac gttaacgtta ccgctagcgt ttaccatctc cacgctaaaa ggaaaaacgaa 120
gattaagata aagttgggta aaatccgggg taagaggcaa gggggtagag aaaaaaaaaac 180
cggagtcatt atatacgata ccgtccaggg taagacagtg atttctagct tccacttttt 240
tcaatttctt tttttcggtc caaatggcgt ccacccgtac atccggaatc tgacggcaca 300
agagccgatt agtgaagcc acgggttacgt gattgcgggt tttttttcct acgtataacg 360
ctatgacggt agttgaatgt taaaaacgaa aacagagata ttgaattgac tcgtaggaac 420
aatttcgggc ccctgcgtgt tcttctgagg ttcatctttt acatttgctt ctgctggata 480
attttcagag gcaacaagga aaaattagat ggcaaaaagt cgtctttcaa ggaaaaatcc 540
ccaccatctt tcgagatccc ctgtaactta ttggcaactg aaagaatgaa aaggaggaaa 600
atacaaaata tactagaact gaaaaaaaaa agtataaat agagacgata tatgccaata 660
cttcacaatg ttcgaatcta ttttcatctt gcagctattg taaaataata aaacatcaag 720
aacaacaag ctcaacttgt cttttctaag aacaagaat aaacacaaaa acaaaaagtt 780
ttttaatttt taatcaaaaa 800
```

<210> 2

<211> 799

<212> DNA

5 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 2

```
ccattctctg ctgctttggt gcacgtatc atcgccggt tcagccagtc ccgcataccc 60
cctttgcaac gttaacgtta ccgctagcgt ttaccatctc cacgctaaaa ggaaaaacgaa 120
gattaagata aagttgggta aaatccgggg taagaggcaa gggggtagag aaaaaaaaaac 180
cggagtcatt atatacgata ccgtccaggg taagacagtg atttctagct tccacttttt 240
tcaatttctt tttttcggtc caaatggcgt ccacccgtac atccggaatc tgacggcaca 300
agagccgatt agtgaagcc aggggttacgt gattgcgggt tttttttcct acgtataacg 360
ctatgacggt agttgaatgt taaaaacgaa aacagagata ttgaattgac tcgtaggaac 420
aatttcgggc ccctgcgtgt tcttctgagg ttcatctttt acatttgctt ctgctggata 480
attttcagag gcaacaagga aaaattagat ggcaaaaagt cgtctttcaa ggaaaaatcc 540
ccaccatctt tcgagatccc ctgtaactta ttggcaactg aaagaatgaa aaggaggaaa 600
atacaaaata tactagaact gaaaaaaaaa agtataaata gagacgatat atgccaatac 660
ttcacaatgt tcgaatccat ttttcatctt cagctattgt aaaataataa aacatcaaga 720
acaaacaagc tcaacttgtc ttttctaaga acaagaata aacacaaaaa caaaaagttt 780
ttttaatttt aatcaaaaa 799
```

<210> 3

<211> 798

<212> DNA

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 3

10

```
ccattctctg ctgctttggt gcatcgtatc atcgcccggt tcagccagtc ccgcataccc 60
cctttgcaac gttaacgtta ccgctagcgt ttaccatctc cacgctaaaa ggaaaacgaa 120
gattaagata aagttgggta aaatccgggg taagaggcaa gggggtagag aaaaaaaac 180
cggagtcatt atatacgata ccgtccaggg taagacagtg atttctagct tccacttttt 240
tcaattttctt tttttcgttc caaatggcgt ccacccgtac atccggaatc tgacggcaca 300
agagccgatt agtgaagcc acggttacgt gattgcggtt tttttttcct acgtataacg 360
ctatgacggt agttgaatgt taaaaacgaa aacagagata ttgaattgac tcgtaggaac 420
aatttcgggc ccctgcgtgt tcttctgagg ttcatctttt acatttgctt ctgctggata 480
attttcagag gcaacaagga aaaattagat ggcaaaaagt cgtctttcaa ggaaaaatcc 540
ccaccatcct tcgagatccc ctgtaactta ttggcaactg aaagaatgaa aaggaggaaa 600
atacaaaata tactagaact gaaaaaaaaa gtataaatag agacgatata tgccaataat 660
tcacaatggt cgaatccatt cttcatttgc agctattgta aaataataaa acatcaagaa 720
caaacaagct caacttgtct tttctaagaa caaagaataa acacaaaaac aaaaagtfff 780
tttaatttta atcaaaaa 798
```

<210> 4

<211> 800

<212> DNA

5 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 4

```
ccattctctg ctgctttggt gcatcgtatc atcgcccggt tcagccagtc ccgcataccc 60
cctttgcaac gttaacgtta ccgctagcgt ttaccatctc cacgctaaaa ggaaaacgaa 120
gattaagata aagttgggta aaatccgggg taagaggcaa gggggtagag aaaaaaaac 180
cggagtcatt atatacgata ccgtccaggg taagacagtg atttctagct tccacttttt 240
tcaattttctt tttttcgttc caaatggcgt ccacccgtac atccggaatc tgacggcaca 300
agagccgatt agtgaagcc acggttacgt gattgcggtt tttttttcct acgtataacg 360
ctatgacggt agttgaatgt taaaaacgaa aacagagata ttgaattgac tcgtaggaac 420
aatttcgggc ccctgcgtgt tcttctgagg ttcatctttt acatttgctt ctgctggata 480
attttcagag gcaaaaagga aaaattagat ggcaaaaagt cgtctttcaa ggaaaaatcc 540
ccaccatcct tcgagatccc ctgtaactta ttggcaactg aaagaatgaa aaggaggaaa 600
atacaaaata tactagaact gaaaaaaaaa agtataaat agagacgata tatgccaata 660
cttcacaatg ttcaaataca ttcttcgttt gcagctattg taaaataata aaacatcaag 720
aacaacaag ctcaacttgt cttttctaag aacaagaat aaacacaaaa acaaaaagtt 780
tttttaattt taatcaaaaa 800
```

<210> 5

<211> 799

<212> DNA

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 5

10

```
ccattctctg ctgctttggt gcatcgtatc atcgcccggt tcagccagtc ccgcataccc 60
cctttgcaac gttaacgtta ccgctagcgt ttaccatctc cacgctaaaa ggaaaaacgaa 120
gattaagata aagttgggta aaatccgggg taagaggcaa gggggtagag aaaaaaaccc 180
ggagtcatta tatacgatac cgtccagggt aagacagtga tttctagctt ccactttttt 240
caattttctt ttttcgttcc aaatggcggt caccgcgtaca tccggaatct gacggcacia 300
gagccgatta gtggaagcca ggggttacgt attgcgggtt ttttttccta cgtataacgc 360
tatgacggta gttgaatgtt aaaaacgaaa acagagatat tgaattgact cgtaggaaca 420
atctcggtgt cctgcgtgtt cttctgaggt tcatctttta catttgcttc tgctggataa 480
ttttcagagg caaaaaggaa aaattagatg gcaaaaagtc gtctttcaag gaaaaatccc 540
caccatcttt cgagatcccc tgtaacttat tggcaactga aagaatgaaa aggaggaaaa 600
tacaaaaat actagaactg aaaaaaaaaa agtataaata gagacgatat atgccaatac 660
ttcacaatgt tcgaatctat tcttcatttg cagctattgt aaaataataa aacatcaaga 720
acaaacaagc tcaacttgct ttttctaaga acaaagaata aacacaaaaa caaaaagtgt 780
ttttaatttt aatcaaaaa 799
```

<210> 6

<211> 799

<212> DNA

5 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 6

```
ccattctctg ctgctttggt gcatcgtatc atcgcccggt tcagccagtc ccgcataccc 60
cctttgcaac gttaacgtta ccgctagcgt ttaccatctc cacgctaaaa ggaaaaacgaa 120
gattaagata aagttgggta aaatccgggg taagaggcaa gggggtagag aaaaaaaccc 180
aggagtcatt atatacgata ccgttcagggt taagacagtg atttctagct tccacttttt 240
tcaatttctt tttttcgttc caaatggcgt ccaccgcgtac atccggaatc tgacggcaca 300
agagccgatt agtgaagcc aggggttacgt gattgcgggt tttttttcct acgtataacg 360
ctatgacggt agttgaatgt taaaaacgaa aacagagata ttgaattgac tcgtaggaac 420
aatttcgggc ccctgcgtgt tcttctgagg ttcatctttt acatttgctt ctgctggata 480
atcttcagag gcaacaagga aaaattagat ggcaaaaagt cgtctttcaa ggaaaaatcc 540
ccaccatcct tcgagatccc ctgtaactta ttggcaactg aaagaatgaa aaggaggaaa 600
atacaaaata tactagaact gaaaaaaaaa agtataaata gagacgatat atgccaatac 660
ttcacaatgt tcgaatccat tcttcatttg cagctattgt aaaataataa aacatcaaga 720
acaaacaagc tcaacttgct ttttctaaga acaaagaata aacacaaaaa caaaaagtgt 780
ttttaatttt aatcaaaaa 799
```

<210> 7

<211> 799

<212> DNA

10 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 7

```
ccattctctg ctgctttggt gcatcgtatc atcgcccggt tcagccagtc ccgcataccc 60
cctttgcaac gttaacgtta ccgctagcgt ttaccatctc cacgctaaaa ggaaaacgaa 120
gattaagata aagttgggta aaatccgggg taagaggcaa gggggtagag aaaaaaaac 180
cggagacatt atatacgata ccgtccaggg taagacagtg atttctagct tccacttttt 240
tcaatttctt tttttcggtc caaatggcgt ccacccgtag atccggaatc tgacggcaca 300
agagccgatt agtgaagcc agggttacgt gattgcggtt tttttttcct acgtataacg 360
ctatgacggt agttgaatgt taaaaacgaa aacagagata ttgaattgac tcgtaggaac 420
aatttcgggt tctgctgtgt tcttctgagg ttcatctttt acatttgctt ctgctggata 480
attttcagag gcaacaagga aaaattagat ggcaaaaagt cgtctttcaa ggaaaaatcc 540
ccaccatctt tcgagatccc ctgtaactta ttggcaactg aaagaatgaa aaggaggaaa 600
atacaaaata tactagaact gaaaaaaaaa agtataaata gagacgatat atgccaatac 660
ttcacaatgt tcgaatccat tcttcatttg cagctattgt aaaataataa aacatcaaga 720
acaacaagc tcaacttgct ttttctaaga acaagaata aacacaaaaa caaaaagttt 780
ttttaatttt aatcaaaaa 799
```

5 <210> 8
<211> 409
<212> DNA
<213> *Saccharomyces cerevisiae*

```
<400> 8
ccattctctg ctgctttggt gcatcgtatc atcgcccggt tcagccagtc ccgcataccc 60
cctttgcaac gttaacgtta ccgctagcgt ttaccatctc cacgctaaaa ggaaaacgaa 120
gattaagata aagttgggta aaatccgggg taagaggcaa gggggtagag aaaaaaaac 180
cggagtcatt atatacgata ccgtccaggg taagacagtg atttctagct tccacttttt 240
tcaatttctt tttttcggtc caaatggcgt ccacccgtag atccggaatc tgacggcaca 300
agagccgatt agtgaagcc acggttacgt gattgcggtt tttttttcct acgtataacg 360
ctatgacggt agttgaatgt taaaaacgaa aacagagata ttgaattga 409
```

10 <210> 9
<211> 391
<212> DNA
<213> *Saccharomyces cerevisiae*

```
<400> 9
ctcgtaggaa caatttcggg cccctgcgtg ttcttctgag gttcatcttt tacatttgct 60
tctgctggat aattttcaga ggcaacaagg aaaaattaga tggcaaaaag tcgtctttca 120
aggaaaaatc cccaccatct ttcgagatcc cctgtaactt attggcaact gaaagaatga 180
aaaggaggaa aatacaaaat atactagaac tgaaaaaaa aaagtataaa tagagacgat 240
atatgccaat acttcacaat gttcgaatct attcttcatt tgcagctatt gtaaaataat 300
aaaacatcaa gaacaaacaa gctcaacttg tcttttctaa gaacaaagaa taaacacaaa 360
```

15 aacaaaaagt ttttttaatt ttaatcaaaa a 391

<210> 10
<211> 500

ES 2 626 804 T3

<212> DNA

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 10

tgtttgcaaa aagaacaaaa ctgaaaaaac ccagacacgc tcgacttcct gtcttcctat	60
tgattgcagc ttccaatttc gtcacacaac aaggtcctag cgacggctca caggttttgt	120
aacaagcaat cgaaggttct ggaatggcgg gaaagggttt agtaccacat gctatgatgc	180
ccactgtgat ctccagagca aagttcgttc gatcgtactg ttactctctc tctttcaaac	240
agaattgtcc gaatcgtgtg acaacaacag cctgttctca cacactcttt tcttctaacc	300
aagggggtgg tttagtttag tagaacctcg tgaaacttac atttacatat atataaactt	360
gcataaattg gtcaatgcaa gaaatacata tttggtcttt tctaattcgt agtttttcaa	420
gttcttagat gctttctttt tctctttttt acagatcatc aaggaagtaa ttatctactt	480
tttacaacaa agacaagaaa	500

<210> 11

<211> 342

<212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 11

ES 2 626 804 T3

Met	Lys	Asp	Asn	Gln	Glu	Asn	His	Asp	Gln	Lys	Pro	Phe	Ile	Ile	Leu
1			5						10					15	
Gly	Asp	Lys	Asn	Lys	Phe	Glu	Ala	Thr	Ile	Ala	Lys	Val	Gly	Ala	Thr
			20					25					30		
Leu	Val	Asp	Leu	Lys	Val	Asn	Gly	Gln	Ser	Val	Val	Leu	Gly	Tyr	Pro
		35					40					45			
Asp	Val	Lys	Gly	Tyr	Leu	Asn	Asp	Pro	Gly	Asn	Leu	Val	Gly	Ala	Asn
	50					55					60				
Val	Gly	Arg	Tyr	Ala	Asn	Arg	Ile	Tyr	Lys	Gly	Val	Phe	Asn	Thr	Pro
65					70					75					80
Asp	Gly	Ala	His	Gln	Leu	Thr	Val	Asn	Asn	Cys	Gly	Asn	Ala	Asn	His
				85					90					95	
Ser	Ser	Ile	Ser	Cys	Phe	Asn	Arg	Lys	Thr	Phe	Val	Ala	Ser	Pro	Val
			100					105					110		
Glu	Asn	Ser	Ser	Arg	Asp	Val	Tyr	Ile	Ala	Lys	Leu	Thr	Leu	Leu	Asp
		115					120					125			
Asp	His	Thr	Val	Pro	Asn	Glu	Phe	Pro	Gly	Asp	Leu	Glu	Val	Thr	Val
	130					135					140				
Thr	Tyr	Thr	Leu	Asn	Val	Ala	Glu	Met	Thr	Leu	Asp	Leu	Asp	Tyr	Arg
145					150					155					160
Ala	His	Leu	Val	Lys	Gly	Asp	Ala	Thr	Pro	Ile	Asn	Met	Thr	Asn	His
				165					170					175	
Thr	Tyr	Phe	Asn	Leu	Asn	Lys	Thr	Arg	Asn	Glu	Glu	Ser	Ile	Ile	Gly
			180					185					190		

ES 2 626 804 T3

Thr Glu Ile Asn Ile Cys Ser Asp Lys Ser Leu Glu Val Thr Glu Gly
195 200 205

Ala Leu Ile Pro Thr Gly Lys Ile Ile Lys Arg Asp Ile Ala Thr Phe
210 215 220

Gln Ser Ala His Pro Thr Thr Leu Gly Ser Lys Ala Pro Val Tyr Asp
225 230 235 240

Phe Cys Phe Ile Val Asp Ala Asn Lys Asp Leu Arg Ser Thr Asp Ser
245 250 255

Thr Ser Val Asn Lys Leu Val Pro Val Phe Lys Ala Tyr His Pro Glu
260 265 270

Ser Asn Ile Arg Leu Gln Val Ser Thr Thr Glu Pro Thr Val His Phe
275 280 285

Tyr Thr Gly Asp Ser Leu Gly Gly Lys Phe Val Pro Arg Ser Gly Phe
290 295 300

Ala Val Glu Gln Gly Arg Tyr Ile Asp Ala Ile Asn Arg Ser Glu Trp
305 310 315 320

Arg Asn Cys Val Leu Leu Lys Arg Gly Glu Val Tyr Thr Ser Lys Thr
325 330 335

Gln Tyr Cys Phe Lys Asn
340

<210> 12

<211> 359

<212> PRT

5 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 12

Met Gly Ser Lys Asn Thr Leu Leu Val Phe His Leu Lys Gly Val Lys
1 5 10 15

Thr Asp Leu Ala Gly Ala Val Asn Asp Tyr Glu Asn Arg Phe Ile Thr
20 25 30

Ile Gly Ala Gly Ser Lys Phe Glu Ala Thr Ile Ala Asn Leu Gly Ala
35 40 45

Thr Leu Val Asp Leu Lys Val Asn Gly Gln Ser Val Val Leu Gly Tyr
50 55 60

ES 2 626 804 T3

Ser Arg Ala Glu Asp Tyr Asn Ser Asp Gly Gly Asn Tyr Ile Gly Ala
 65 70 75 80
 Thr Val Gly Arg Phe Ala Asn Arg Ile Lys Glu Gly Leu Phe Thr Leu
 85 90 95
 Gln Asp Gly Thr His Lys Leu Thr Val Asp Asn Cys Asp Asn Thr Asn
 100 105 110
 His Ser Ser Ile Ser Ser Phe His Val Lys Lys Phe Leu Gly Pro Leu
 115 120 125
 Ile Glu Asn Pro Ser Asp Glu Ile Tyr Thr Ala Glu Phe Leu Leu Leu
 130 135 140
 Asp Asp His Ser Ile Pro Asn Glu Phe Pro Gly Asp Leu Glu Val Ile
 145 150 155 160
 Val Lys Phe Thr Leu Asn Ile Ala Glu Met Ser Leu Lys Phe Ser Tyr
 165 170 175
 Gln Ala Gln Leu Ile Asn Gly Glu Ala Thr Pro Ile Asn Met Thr Ser
 180 185 190
 His Thr Tyr Phe Asn Leu Asn Lys Phe His Asn Glu Gln Ser Ile Ser
 195 200 205
 Gly Thr Glu Val Arg Val Cys Ser Thr Lys Ser Leu Glu Val Ser Glu
 210 215 220
 Gly Ala Leu Ile Pro Thr Gly Lys Val Ile Asp Arg Asp Val Ala Thr
 225 230 235 240
 Phe Asp Ser Ala Gly Pro Thr Thr Leu Gly Gly Asp Gly Pro Thr Tyr
 245 250 255
 Asp Tyr Cys Phe Ile Ser Asp Glu Asn Lys Gly Leu Lys Ser Pro Asp
 260 265 270
 Ser Arg Ser Gln Asn Glu Leu Arg Pro Val Leu Lys Ala Tyr His Pro
 275 280 285
 Glu Ser Lys Ile Thr Leu Glu Val Ser Thr Thr Glu Pro Ser Phe Val
 290 295 300
 Leu Tyr Ser Gly Asp Asn Leu Phe Gly Lys Phe Ile Pro Arg Gln Gly
 305 310 315 320
 Phe Cys Val Glu Gln Gly Arg Tyr Ile Asp Ala Ile Asn Arg Asp Asp
 325 330 335
 Trp Lys Asp Cys Val Leu Leu Lys Arg Gly Asp Val Tyr Thr Ser Glu
 340 345 350
 Thr Gln Tyr Arg Phe Glu Asn
 355

ES 2 626 804 T3

<210> 13
 <211> 341
 <212> PRT
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

5 <400> 13
 Met Ser Asn Asn Lys Ala Gly Gly Glu Tyr Glu Val Ile Thr Ile Gly
 1 5 10 15
 Asp Ala Lys Lys Leu Gln Ala Thr Ile Ser Glu Leu Gly Ala Thr Leu
 20 25 30
 Leu Asp Leu Lys Val Asn Asn Glu Ser Ile Val Leu Gly Tyr Pro Asp
 35 40 45
 Ile His Gly Tyr Ile Ser Asp Gly Tyr Asn Tyr Ile Gly Ala Thr Val
 50 55 60
 Gly Arg Tyr Ala Asn Arg Ile Tyr Lys Gly Met Phe Ser Met Glu Asp
 65 70 75 80
 Gly Pro His Gln Leu Thr Val Asn Asn Cys Gly Asn Thr Asn His Ser
 85 90 95
 Ser Ile Ser Ser Phe His Leu Lys Lys Tyr Lys Ala Ser Lys Val Gln
 100 105 110
 Asn Pro Leu Asp Asp Leu Tyr Ile Val Glu Phe Thr Leu Leu Asp Asp
 115 120 125
 Arg Thr Leu Pro Asn Glu Phe Pro Gly Asp Leu Ala Val Asn Leu Lys
 130 135 140
 Tyr Thr Leu Asn Val Ala Asp Met Thr Leu Asp Leu Glu Tyr Glu Ala
 145 150 155 160
 Lys Leu Val Ser Gly Glu Ala Thr Pro Ile Asn Met Thr Asn His Thr
 165 170 175

ES 2 626 804 T3

Tyr Phe Asn Leu Asn Lys Thr Met Asp Lys Lys Ser Ile Ser Gly Thr
180 185 190

Glu Val Arg Leu Cys Ser Asp Lys Ser Leu Glu Val Ser Glu Gly Ala
195 200 205

Leu Ile Pro Thr Gly Lys Ile Val Gln Arg Lys Ile Ala Thr Phe Asp
210 215 220

Ser Ser Lys Pro Thr Ile Leu Gln Asp Asp Gly Pro Ile Tyr Asp Tyr
225 230 235 240

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

Ser Val Asn Lys Leu Val Pro Ala Phe Lys Ala Tyr His Pro Ala Ser
260 265 270

Arg Leu Ser Leu Glu Val Ser Thr Thr Glu Pro Thr Val Leu Phe Tyr
275 280 285

Thr Gly Asp Asn Leu Cys Asp Gly Phe Thr Pro Arg Ser Gly Phe Ala
290 295 300

Val Glu Gln Gly Arg Tyr Val Asp Ala Ile Asn Arg Asp Gly Trp Arg
305 310 315 320

Asp Cys Val Leu Leu Arg Arg Gly Glu Val Tyr Thr Ser Lys Thr Arg
325 330 335

Tyr Arg Phe Ala Val
340

<210> 14

<211> 360

<212> PRT

5 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 14

Met Ser Asn Asp Gly Gln Gln Lys Lys Leu Ala Thr Ile Asp Asn Lys
1 5 10 15

Leu Glu Met Thr Asn Ser Asn Thr Glu Asn Lys Tyr Lys Val Ile Thr
20 25 30

Ile Gly Asp Glu Lys Arg Phe Gln Ala Thr Ile Ala Pro Leu Gly Ala
35 40 45

ES 2 626 804 T3

Thr Leu Val Asp Leu Lys Val Asn Asn Gln Ser Val Val Gln Gly Tyr
 50 55 60
 Ser Asn Val Gln Asp Tyr Leu Thr Asp Gly Asn Met Met Gly Ala Thr
 65 70 75 80
 Val Gly Arg Tyr Ala Asn Arg Ile Ala Lys Gly Val Phe Ser Leu Glu
 85 90 95
 Asp Gly Pro His Lys Leu Thr Val Asn Asn Cys Gly Asn Thr Asn His
 100 105 110
 Ser Ser Ile Ser Ser Leu Asn Leu Lys Gln Tyr Arg Ala Ser Pro Val
 115 120 125
 Glu Asn Pro Ser Lys Asp Val Phe Val Val Glu Phe Lys Leu Leu Asp
 130 135 140
 Asp His Thr Gln Pro Asn Pro Asn Glu Phe Pro Gly Asp Leu Glu Val
 145 150 155 160
 Thr Val Lys Tyr Thr Leu Asn Val Ala Glu Met Thr Leu Gly Met Lys
 165 170 175
 Tyr Gln Ala Gln Leu Val Arg Gly Asp Ala Thr Pro Ile Asn Met Thr
 180 185 190
 Asn His Ser Tyr Phe Asn Leu Asn Lys Thr Lys Asn Glu Lys Ser Ile
 195 200 205
 Ser Gly Thr Glu Val Lys Val Cys Ser Asn Lys Ser Leu Glu Val Thr
 210 215 220
 Glu Gly Ala Leu Leu Pro Thr Glu Lys Ile Ile Glu Arg Lys Ile Ala
 225 230 235 240
 Thr Phe Asp Ser Ala Lys Pro Thr Val Leu His Asp Asp Ala Pro Val
 245 250 255
 Phe Asp Cys Thr Phe Ile Ile Asp Ala Asn Lys Asp Leu His Thr Thr
 260 265 270
 Asp Ser Val Ser Val Asn Lys Leu Val Pro Val Phe Lys Ala Tyr His
 275 280 285
 Pro Glu Ser Arg Ile Thr Phe Glu Val Ser Thr Thr Glu Pro Thr Val

ES 2 626 804 T3

290

295

300

His Leu Tyr Thr Gly Asp Asn Leu Cys Gly Lys Phe Thr Pro Arg Ser
305 310 315 320

Gly Phe Ala Val Gln Gln Gly Arg Tyr Val Asp Ala Ile Asn His Asp
325 330 335

Lys Trp Arg Asp Cys Val Leu Leu Lys Arg Gly Glu Val Tyr Thr Ser
340 345 350

Glu Thr Gln Tyr Arg Phe Gly Ile
355 360

<210> 15

<211> 342

<212> PRT

5 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 15

Met Ser Asn Ser Asn Gly Asp Asn Lys Tyr Gly Val Ile Thr Ile Gly
1 5 10 15

Asp Glu Lys Lys Phe Gln Ala Thr Ile Ala Pro Leu Gly Ala Thr Leu
20 25 30

Val Asp Leu Lys Val Asn Gly Gln Ser Val Val Gln Gly Tyr Ser Asn
35 40 45

Val Gln Asp Tyr Leu Thr Asp Gly Asn Met Met Gly Ala Thr Val Gly
50 55 60

Arg Tyr Ala Asn Arg Ile Ala Lys Gly Val Phe Ser Leu Asp Asp Gly
65 70 75 80

Pro His Lys Leu Thr Val Asn Asn Cys Gly Asn Thr Asn His Ser Ser
85 90 95

Ile Ser Ser Leu Asn Leu Lys Gln Tyr Lys Ala Ser Pro Val Glu Asn
100 105 110

Pro Ser Lys Gly Val Tyr Val Val Glu Phe Lys Leu Leu Asp Asp His
115 120 125

Thr Gln Pro Asn Pro Asn Glu Phe Pro Gly Asp Leu Glu Val Thr Val
130 135 140

Lys Tyr Thr Leu Asn Val Ala Glu Met Thr Leu Asp Met Glu Tyr Gln

ES 2 626 804 T3

145		150		155		160									
Ala	Gln	Leu	Val	Arg	Gly	Asp	Ala	Thr	Pro	Ile	Asn	Met	Thr	Asn	His
				165					170					175	
Ser	Tyr	Phe	Asn	Leu	Asn	Lys	Val	Lys	Ser	Glu	Lys	Ser	Ile	Arg	Gly
			180					185					190		
Thr	Glu	Val	Lys	Val	Cys	Ser	Asn	Lys	Ser	Leu	Glu	Val	Thr	Glu	Gly
		195						200				205			
Ala	Leu	Leu	Pro	Thr	Gly	Lys	Ile	Ile	Glu	Arg	Asn	Ile	Ala	Thr	Phe
	210					215					220				
Asp	Ser	Thr	Lys	Pro	Thr	Val	Leu	His	Glu	Asp	Thr	Pro	Val	Phe	Asp
225					230				235						240
Cys	Thr	Phe	Ile	Ile	Asp	Ala	Asn	Lys	Asp	Leu	Lys	Thr	Thr	Asp	Ser
			245						250					255	
Val	Ser	Val	Asn	Lys	Leu	Val	Pro	Val	Phe	Lys	Ala	Tyr	His	Pro	Glu
			260					265					270		
Ser	His	Ile	Lys	Phe	Glu	Val	Ser	Thr	Thr	Glu	Pro	Thr	Val	His	Leu
		275						280				285			
Tyr	Thr	Gly	Asp	Asn	Leu	Cys	Gly	Lys	Phe	Val	Pro	Arg	Ser	Gly	Phe
	290					295					300				
Ala	Val	Gln	Gln	Gly	Arg	Tyr	Val	Asp	Ala	Ile	Asn	Arg	Asp	Glu	Trp
305					310					315					320
Arg	Gly	Cys	Val	Leu	Leu	Lys	Arg	Gly	Glu	Val	Tyr	Thr	Ser	Lys	Thr
				325					330					335	
Gln	Tyr	Lys	Phe	Asp	Ile										
			340												

<210> 16
 <211> 334
 <212> PRT
 5 <213> Lactococcus lactis

<400> 16
 Met Thr Phe Thr Ile Ser Lys Glu Ser Leu Pro Phe Arg Ala Asp Lys
 1 5 10 15

Ser Ile Ser Gln Ile Thr Leu Ser Asn Glu Arg Leu Thr Ile Val Val

ES 2 626 804 T3

20										25					30															
His	Asp	Tyr	Gly	Ala	Arg	Ala	His	Gln	Leu	Leu	Thr	Pro	Asp	Lys	Asn															
		35					40					45																		
Gly	Thr	Phe	Glu	Asn	Ile	Leu	Leu	Ser	Lys	Asn	Asp	Ser	Glu	Thr	Tyr															
	50					55					60																			
Ala	Asn	Asp	Gly	Gly	Tyr	Tyr	Gly	Val	Ile	Cys	Gly	Pro	Val	Ala	Gly															
65					70					75					80															
Arg	Ile	Ser	Gly	Ala	Thr	Tyr	Asp	Ser	Val	Ser	Leu	Glu	Ala	Asn	Glu															
				85					90					95																
Gly	Lys	Asn	Asn	Leu	His	Ser	Gly	Ser	His	Gly	Trp	Glu	Arg	Gln	Phe															
		100						105					110																	
Trp	Ser	Tyr	Glu	Thr	Phe	Glu	Thr	Ala	Ser	Ser	Leu	Gly	Ile	Lys	Leu															
		115					120					125																		
Ser	Leu	Arg	Asp	Glu	Glu	Ser	Gly	Phe	Pro	Gly	Gln	Ile	Gln	Ala	Glu															
	130					135					140																			
Val	Thr	Tyr	Lys	Leu	Thr	Asp	Asn	Lys	Leu	Glu	Val	Thr	Ile	Ser	Gly															
145					150					155					160															
Leu	Ser	Val	Thr	Asp	Thr	Val	Phe	Asn	Pro	Ala	Trp	His	Pro	Tyr	Phe															
				165				170						175																
Asn	Leu	Ser	Ala	Glu	Leu	Ser	Thr	Thr	His	Glu	His	Phe	Ile	Gln	Ala															
		180						185					190																	
Asn	Val	Asp	Phe	Leu	Val	Glu	Thr	Asn	Gln	Glu	Asn	Ile	Pro	Thr	Gly															
		195					200					205																		
Arg	Leu	Leu	Thr	Val	Asp	Asp	Ser	Ser	Tyr	Ser	Ile	Lys	Glu	Ser	Val															
	210					215					220																			
Ser	Ile	Lys	Lys	Leu	Leu	Lys	Asp	Asn	Pro	Glu	Gly	Leu	Asp	Asp	Cys															
225					230					235					240															
Phe	Val	Phe	Asn	Pro	Lys	Gly	Asp	Lys	Ser	Leu	Met	Leu	Tyr	Asp	Pro															
				245					250					255																
Leu	Ser	Gly	Arg	Lys	Leu	Val	Ala	Gln	Thr	Asp	Arg	Gln	Ala	Val	Val															
			260					265					270																	

ES 2 626 804 T3

Ile Tyr Thr Ala Thr Asn Pro Glu Ile Glu Ser Met Ile Asn Gly Arg
275 280 285

Pro Met Ser Lys Asn Arg Gly Ile Ala Ile Glu Phe Gln Glu Ile Pro
290 295 300

Asp Leu Val His His Pro Glu Trp Gly Thr Ile Glu Leu Lys Ala Gly
305 310 315 320

Gln Lys Lys Thr Phe Ile Thr Glu Tyr Leu Phe Thr Thr Asn
325 330

<210> 17

<211> 442

<212> PRT

5 <213> Eubacterium saburreum

<400> 17

Met Lys Glu Phe Phe Pro Gly Ile Ser Pro Val Lys Phe Glu Gly Arg
1 5 10 15

Asp Ser Lys Asn Pro Leu Ser Phe Lys Tyr Tyr Asp Ala Lys Arg Val
20 25 30

Ile Met Gly Lys Thr Met Glu Glu His Leu Ser Phe Ala Met Ala Trp
35 40 45

Trp His Asn Leu Cys Ala Cys Gly Val Asp Met Phe Gly Gln Gly Thr
50 55 60

Val Asp Lys Ser Phe Gly Glu Ser Ser Gly Thr Met Glu His Ala Arg
65 70 75 80

Ala Lys Val Asp Ala Gly Ile Glu Phe Met Lys Lys Leu Gly Ile Lys
85 90 95

Tyr Tyr Cys Phe His Asp Thr Asp Ile Val Pro Glu Asp Gln Glu Asp
100 105 110

Ile Asn Val Thr Asn Ala Arg Leu Asp Glu Ile Thr Asp Tyr Ile Leu
115 120 125

Glu Lys Thr Lys Asp Thr Asp Ile Lys Cys Leu Trp Thr Thr Cys Asn
130 135 140

Met Phe Ser Asn Pro Arg Phe Met Asn Gly Ala Gly Ser Ser Asn Ser
145 150 155 160

ES 2 626 804 T3

Ala Asp Val Phe Cys Phe Ala Ala Ala Gln Ala Lys Lys Gly Leu Glu
165 170 175

Asn Ala Val Lys Leu Gly Ala Lys Gly Phe Val Phe Trp Gly Gly Arg
180 185 190

Glu Gly Tyr Glu Thr Leu Leu Asn Thr Asp Met Lys Leu Glu Glu Glu
195 200 205

Asn Ile Ala Thr Leu Phe Thr Met Cys Arg Asp Tyr Gly Arg Ser Ile
210 215 220

Gly Phe Met Gly Asp Phe Tyr Ile Glu Pro Lys Pro Lys Glu Pro Met
225 230 235 240

Lys His Gln Tyr Asp Phe Asp Ala Ala Thr Ala Ile Gly Phe Leu Arg
245 250 255

Lys Tyr Gly Leu Asp Lys Asp Phe Lys Leu Asn Ile Glu Ala Asn His
260 265 270

Ala Thr Leu Ala Gly His Thr Phe Gln His Glu Leu Arg Val Cys Ala
275 280 285

Val Asn Gly Met Met Gly Ser Val Asp Ala Asn Gln Gly Asp Thr Leu
290 295 300

Leu Gly Trp Asp Thr Asp Gln Phe Pro Thr Asn Val Tyr Asp Thr Thr
305 310 315 320

Leu Ala Met Tyr Glu Ile Leu Lys Ala Gly Gly Leu Arg Gly Gly Leu
325 330 335

Asn Phe Asp Ser Lys Asn Arg Arg Pro Ser Asn Thr Ala Asp Asp Met
340 345 350

Phe Tyr Gly Phe Ile Ala Gly Met Asp Thr Phe Ala Leu Gly Leu Ile
355 360 365

Lys Ala Ala Glu Ile Ile Glu Asp Gly Arg Ile Asp Asp Phe Val Lys
370 375 380

Glu Arg Tyr Ala Ser Tyr Asn Ser Gly Ile Gly Lys Lys Ile Arg Asn
385 390 395 400

Arg Lys Val Thr Leu Ile Glu Cys Ala Glu Tyr Ala Ala Lys Leu Lys
405 410 415

Lys Pro Glu Leu Pro Glu Ser Gly Arg Gln Glu Tyr Leu Glu Ser Val
420 425 430

Val Asn Asn Ile Leu Phe Gly Gly Ser Gly
435 440

<210> 18

<211> 437

<212> PRT

<213> Piromyces sp. E2

ES 2 626 804 T3

<400> 18

Met Ala Lys Glu Tyr Phe Pro Gln Ile Gln Lys Ile Lys Phe Glu Gly
1 5 10 15

Lys Asp Ser Lys Asn Pro Leu Ala Phe His Tyr Tyr Asp Ala Glu Lys
20 25 30

Glu Val Met Gly Lys Lys Met Lys Asp Trp Leu Arg Phe Ala Met Ala
35 40 45

Trp Trp His Thr Leu Cys Ala Glu Gly Ala Asp Gln Phe Gly Gly Gly
50 55 60

Thr Lys Ser Phe Pro Trp Asn Glu Gly Thr Asp Ala Ile Glu Ile Ala
65 70 75 80

Lys Gln Lys Val Asp Ala Gly Phe Glu Ile Met Gln Lys Leu Gly Ile
85 90 95

Pro Tyr Tyr Cys Phe His Asp Val Asp Leu Val Ser Glu Gly Asn Ser
100 105 110

Ile Glu Glu Tyr Glu Ser Asn Leu Lys Ala Val Val Ala Tyr Leu Lys
115 120 125

Glu Lys Gln Lys Glu Thr Gly Ile Lys Leu Leu Trp Ser Thr Ala Asn
130 135 140

Val Phe Gly His Lys Arg Tyr Met Asn Gly Ala Ser Thr Asn Pro Asp
145 150 155 160

Phe Asp Val Val Ala Arg Ala Ile Val Gln Ile Lys Asn Ala Ile Asp
165 170 175

Ala Gly Ile Glu Leu Gly Ala Glu Asn Tyr Val Phe Trp Gly Gly Arg
180 185 190

ES 2 626 804 T3

Glu Gly Tyr Met Ser Leu Leu Asn Thr Asp Gln Lys Arg Glu Lys Glu
195 200 205

His Met Ala Thr Met Leu Thr Met Ala Arg Asp Tyr Ala Arg Ser Lys
210 215 220

Gly Phe Lys Gly Thr Phe Leu Ile Glu Pro Lys Pro Met Glu Pro Thr
225 230 235 240

Lys His Gln Tyr Asp Val Asp Thr Glu Thr Ala Ile Gly Phe Leu Lys
245 250 255

Ala His Asn Leu Asp Lys Asp Phe Lys Val Asn Ile Glu Val Asn His
260 265 270

Ala Thr Leu Ala Gly His Thr Phe Glu His Glu Leu Ala Cys Ala Val
275 280 285

Asp Ala Gly Met Leu Gly Ser Ile Asp Ala Asn Arg Gly Asp Tyr Gln
290 295 300

Asn Gly Trp Asp Thr Asp Gln Phe Pro Ile Asp Gln Tyr Glu Leu Val
305 310 315 320

Gln Ala Trp Met Glu Ile Ile Arg Gly Gly Gly Phe Val Thr Gly Gly
325 330 335

Thr Asn Phe Asp Ala Lys Thr Arg Arg Asn Ser Thr Asp Leu Glu Asp
340 345 350

Ile Ile Ile Ala His Val Ser Gly Met Asp Ala Met Ala Arg Ala Leu
355 360 365

Glu Asn Ala Ala Lys Leu Leu Gln Glu Ser Pro Tyr Thr Lys Met Lys
370 375 380

Lys Glu Arg Tyr Ala Ser Phe Asp Ser Gly Ile Gly Lys Asp Phe Glu
385 390 395 400

Asp Gly Lys Leu Thr Leu Glu Gln Val Tyr Glu Tyr Gly Lys Lys Asn
405 410 415

Gly Glu Pro Lys Gln Thr Ser Gly Lys Gln Glu Leu Tyr Glu Ala Ile
420 425 430

Val Ala Met Tyr Gln
435

<210> 19

<211> 437

<212> PRT

5 <213> Orpinomyces sp. PC-2

<400> 19

ES 2 626 804 T3

Met	Thr	Lys	Glu	Tyr	Phe	Pro	Thr	Ile	Gly	Lys	Ile	Arg	Phe	Glu	Gly	1	5	10	15
Lys	Asp	Ser	Lys	Asn	Pro	Met	Ala	Phe	His	Tyr	Tyr	Asp	Ala	Glu	Lys	20	25	30	
Glu	Val	Met	Gly	Lys	Lys	Met	Lys	Asp	Trp	Leu	Arg	Phe	Ala	Met	Ala	35	40	45	
Trp	Trp	His	Thr	Leu	Cys	Ala	Asp	Gly	Ala	Asp	Gln	Phe	Gly	Val	Gly	50	55	60	
Thr	Lys	Ser	Phe	Pro	Trp	Asn	Glu	Gly	Thr	Asp	Pro	Ile	Ala	Ile	Ala	65	70	75	80
Lys	Gln	Lys	Val	Asp	Ala	Gly	Phe	Glu	Ile	Met	Thr	Lys	Leu	Gly	Ile	85	90	95	
Glu	His	Tyr	Cys	Phe	His	Asp	Val	Asp	Leu	Val	Ser	Glu	Gly	Asn	Ser	100	105	110	
Ile	Glu	Glu	Tyr	Glu	Ser	Asn	Leu	Lys	Gln	Val	Val	Ala	Tyr	Leu	Lys	115	120	125	
Gln	Lys	Gln	Gln	Glu	Thr	Gly	Ile	Lys	Leu	Leu	Trp	Ser	Thr	Ala	Asn	130	135	140	
Val	Phe	Gly	Asn	Pro	Arg	Tyr	Met	Asn	Gly	Ala	Ser	Thr	Asn	Pro	Asp	145	150	155	160
Phe	Asp	Val	Val	Ala	Arg	Ala	Ile	Val	Gln	Ile	Lys	Asn	Ala	Met	Asp	165	170	175	
Ala	Gly	Ile	Glu	Leu	Gly	Ala	Glu	Asn	Tyr	Val	Phe	Trp	Gly	Gly	Arg	180	185	190	
Glu	Gly	Tyr	Met	Ser	Leu	Leu	Asn	Thr	Asp	Gln	Lys	Arg	Glu	Lys	Glu	195	200	205	
His	Met	Ala	Thr	Met	Leu	Thr	Met	Ala	Arg	Asp	Tyr	Ala	Arg	Ser	Lys	210	215	220	

ES 2 626 804 T3

Gly Phe Lys Gly Thr Phe Leu Ile Glu Pro Lys Pro Met Glu Pro Thr
225 230 235 240

Lys His Gln Tyr Asp Val Asp Thr Glu Thr Val Ile Gly Phe Leu Arg
245 250 255

Ala His Asn Leu Asp Lys Asp Phe Lys Val Asn Ile Glu Val Asn His
260 265 270

Ala Thr Leu Ala Gly His Thr Phe Glu His Glu Leu Ala Cys Ala Val
275 280 285

Asp Ala Gly Met Leu Gly Ser Ile Asp Ala Asn Arg Gly Asp Tyr Gln
290 295 300

Asn Gly Trp Asp Thr Asp Gln Phe Pro Ile Asp Gln Tyr Glu Leu Val
305 310 315 320

Gln Ala Trp Met Glu Ile Ile Arg Gly Gly Gly Phe Val Thr Gly Gly
325 330 335

Thr Asn Phe Asp Ala Lys Thr Arg Arg Asn Ser Thr Asp Leu Glu Asp
340 345 350

Ile Ile Ile Ala His Ile Ser Gly Met Asp Ala Met Ala Arg Ala Leu
355 360 365

Glu Asn Ala Ala Lys Leu Leu Gln Glu Ser Pro Tyr Cys Asn Met Lys
370 375 380

Lys Glu Arg Tyr Ala Ser Phe Asp Ser Gly Ile Gly Lys Asp Phe Glu
385 390 395 400

Asp Gly Lys Leu Thr Leu Glu Gln Val Tyr Glu Tyr Gly Lys Lys Asn
405 410 415

Gly Glu Pro Lys Val Thr Ser Gly Lys Gln Glu Leu Tyr Glu Ala Ile
420 425 430

Val Ala Met Tyr Gln
435

<210> 20

<211> 438

<212> PRT

5 <213> Clostrium phytofermentans

<400> 20

ES 2 626 804 T3

Met	Lys	Asn	Tyr	Phe	Pro	Asn	Val	Pro	Glu	Val	Lys	Tyr	Glu	Gly	Pro	1	5	10	15
Asn	Ser	Thr	Asn	Pro	Phe	Ala	Phe	Lys	Tyr	Tyr	Asp	Ala	Glu	Arg	Ile	20	25	30	
Val	Ala	Gly	Lys	Thr	Met	Lys	Glu	His	Cys	Arg	Phe	Ala	Leu	Ser	Trp	35	40	45	
Trp	His	Thr	Leu	Cys	Ala	Gly	Gly	Ala	Asp	Pro	Phe	Gly	Val	Thr	Thr	50	55	60	
Met	Asp	Arg	Ser	Tyr	Gly	Asn	Ile	Thr	Asp	Pro	Met	Glu	Phe	Ala	Lys	65	70	75	80
Ala	Lys	Val	Asp	Ala	Gly	Phe	Glu	Leu	Met	Thr	Lys	Leu	Gly	Ile	Glu	85	90	95	
Tyr	Phe	Cys	Phe	His	Asp	Ala	Asp	Ile	Ala	Pro	Glu	Gly	Glu	Asn	Phe	100	105	110	
Glu	Glu	Ser	Lys	Lys	Asn	Leu	Phe	Val	Ile	Val	Asp	Tyr	Ile	Lys	Glu	115	120	125	
Lys	Met	Asp	Gln	Thr	Gly	Ile	Lys	Leu	Leu	Trp	Gly	Thr	Ala	Asn	Asn	130	135	140	
Phe	Gly	His	Pro	Arg	Phe	Met	His	Gly	Ala	Ser	Thr	Ser	Cys	Asn	Ala	145	150	155	160
Asp	Val	Phe	Ala	Tyr	Ala	Ala	Ala	Lys	Ile	Lys	Asn	Ala	Leu	Asp	Ala	165	170	175	
Thr	Ile	Lys	Leu	Gly	Gly	Lys	Gly	Tyr	Val	Phe	Trp	Gly	Gly	Arg	Glu	180	185	190	
Gly	Tyr	Glu	Thr	Leu	Leu	Asn	Thr	Asp	Leu	Gly	Leu	Glu	Leu	Asp	Asn	195	200	205	
Met	Ala	Arg	Leu	Met	Lys	Met	Ala	Val	Glu	Tyr	Gly	Arg	Ala	Asn	Gly	210	215	220	
Phe	Asp	Gly	Asp	Phe	Tyr	Ile	Glu	Pro	Lys	Pro	Lys	Glu	Pro	Thr	Lys	225	230	235	240
His	Gln	Tyr	Asp	Phe	Asp	Thr	Ala	Thr	Val	Leu	Gly	Phe	Leu	Arg	Lys				

ES 2 626 804 T3

[illegible]

<210> 21

<211> 438

<212> PRT

5 <213> Ruminococcus flavefaciens

<400> 21

Met Glu Phe Phe Ser Asn Ile Gly Lys Ile Gln Tyr Gln Gly Pro Lys
1 5 10 15

Ser Thr Asp Pro Leu Ser Phe Lys Tyr Tyr Asn Pro Glu Glu Val Ile

ES 2 626 804 T3

20					25					30					
Asn	Gly	Lys	Thr	Met	Arg	Glu	His	Leu	Lys	Phe	Ala	Leu	Ser	Trp	Trp
		35					40					45			
His	Thr	Met	Gly	Gly	Asp	Gly	Thr	Asp	Met	Phe	Gly	Cys	Gly	Thr	Thr
	50					55					60				
Asp	Lys	Thr	Trp	Gly	Gln	Ser	Asp	Pro	Ala	Ala	Arg	Ala	Lys	Ala	Lys
65					70					75					80
Val	Asp	Ala	Ala	Phe	Glu	Ile	Met	Asp	Lys	Leu	Ser	Ile	Asp	Tyr	Tyr
				85					90					95	
Cys	Phe	His	Asp	Arg	Asp	Leu	Ser	Pro	Glu	Tyr	Gly	Ser	Leu	Lys	Ala
			100					105					110		
Thr	Asn	Asp	Gln	Leu	Asp	Ile	Val	Thr	Asp	Tyr	Ile	Lys	Glu	Lys	Gln
		115					120					125			
Gly	Asp	Lys	Phe	Lys	Cys	Leu	Trp	Gly	Thr	Ala	Lys	Cys	Phe	Asp	His
	130					135					140				
Pro	Arg	Phe	Met	His	Gly	Ala	Gly	Thr	Ser	Pro	Ser	Ala	Asp	Val	Phe
145					150					155					160
Ala	Phe	Ser	Ala	Ala	Gln	Ile	Lys	Lys	Ala	Leu	Glu	Ser	Thr	Val	Lys
				165					170					175	
Leu	Gly	Gly	Asn	Gly	Tyr	Val	Phe	Trp	Gly	Gly	Arg	Glu	Gly	Tyr	Glu
			180					185					190		
Thr	Leu	Leu	Asn	Thr	Asn	Met	Gly	Leu	Glu	Leu	Asp	Asn	Met	Ala	Arg
		195					200					205			
Leu	Met	Lys	Met	Ala	Val	Glu	Tyr	Gly	Arg	Ser	Ile	Gly	Phe	Lys	Gly
	210					215					220				
Asp	Phe	Tyr	Ile	Glu	Pro	Lys	Pro	Lys	Glu	Pro	Thr	Lys	His	Gln	Tyr
225					230					235					240
Asp	Phe	Asp	Thr	Ala	Thr	Val	Leu	Gly	Phe	Leu	Arg	Lys	Tyr	Gly	Leu
				245					250					255	
Asp	Lys	Asp	Phe	Lys	Met	Asn	Ile	Glu	Ala	Asn	His	Ala	Thr	Leu	Ala
			260					265					270		

ES 2 626 804 T3

Gln His Thr Phe Gln His Glu Leu Arg Val Ala Arg Asp Asn Gly Val
275 280 285

Phe Gly Ser Ile Asp Ala Asn Gln Gly Asp Val Leu Leu Gly Trp Asp
290 295 300

Thr Asp Gln Phe Pro Thr Asn Ile Tyr Asp Thr Thr Met Cys Met Tyr
305 310 315 320

Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Phe Thr Asn Gly Gly Leu Asn Phe Asp
325 330 335

Ala Lys Ala Arg Arg Gly Ser Phe Thr Pro Glu Asp Ile Phe Tyr Ser
340 345 350

Tyr Ile Ala Gly Met Asp Ala Phe Ala Leu Gly Phe Arg Ala Ala Leu
355 360 365

Lys Leu Ile Glu Asp Gly Arg Ile Asp Lys Phe Val Ala Asp Arg Tyr
370 375 380

Ala Ser Trp Asn Thr Gly Ile Gly Ala Asp Ile Ile Ala Gly Lys Ala
385 390 395 400

Asp Phe Ala Ser Leu Glu Lys Tyr Ala Leu Glu Lys Gly Glu Val Thr
405 410 415

Ala Ser Leu Ser Ser Gly Arg Gln Glu Met Leu Glu Ser Ile Val Asn
420 425 430

Asn Val Leu Phe Ser Leu
435

<210> 22

<211> 438

<212> PRT

5 <213> Bacteroides uniformis

<400> 22

Met Ala Thr Lys Glu Tyr Phe Pro Gly Ile Gly Lys Ile Lys Phe Glu
1 5 10 15

Gly Lys Glu Ser Lys Asn Pro Met Ala Phe Arg Tyr Tyr Asp Ala Asp
20 25 30

Lys Val Ile Met Gly Lys Lys Met Ser Glu Trp Leu Lys Phe Ala Met
35 40 45

ES 2 626 804 T3

Ala Trp Trp His Thr Leu Cys Ala Glu Gly Gly Asp Gln Phe Gly Gly
 50 55 60

Gly Thr Lys Lys Phe Pro Trp Asn Gly Glu Ala Asp Lys Val Gln Ala
 65 70 75 80

Ala Lys Asn Lys Met Asp Ala Gly Phe Glu Phe Met Gln Lys Met Gly
 85 90 95

Ile Glu Tyr Tyr Cys Phe His Asp Val Asp Leu Cys Glu Glu Ala Glu
 100 105 110

Thr Ile Glu Glu Tyr Glu Ala Asn Leu Lys Glu Ile Val Ala Tyr Ala
 115 120 125

Lys Gln Lys Gln Ala Glu Thr Gly Ile Lys Leu Leu Trp Gly Thr Ala
 130 135 140

Asn Val Phe Gly His Ala Arg Tyr Met Asn Gly Ala Ala Thr Asn Pro
 145 150 155 160

Asp Phe Asp Val Val Ala Arg Ala Ala Ile Gln Ile Lys Asn Ala Ile
 165 170 175

Asp Ala Thr Ile Glu Leu Gly Gly Ser Asn Tyr Val Phe Trp Gly Gly
 180 185 190

Arg Glu Gly Tyr Met Ser Leu Leu Asn Thr Asp Gln Lys Arg Glu Lys
 195 200 205

Glu His Leu Ala Gln Met Leu Thr Ile Ala Arg Asp Tyr Ala Arg Ala
 210 215 220

Arg Gly Phe Lys Gly Thr Phe Leu Ile Glu Pro Lys Pro Met Glu Pro
 225 230 235 240

Thr Lys His Gln Tyr Asp Val Asp Thr Glu Thr Val Ile Gly Phe Leu
 245 250 255

Lys Ala His Asn Leu Asp Lys Asp Phe Lys Val Asn Ile Glu Val Asn
 260 265 270

His Ala Thr Leu Ala Gly His Thr Phe Glu His Glu Leu Ala Val Ala
 275 280 285

Val Asp Asn Gly Met Leu Gly Ser Ile Asp Ala Asn Arg Gly Asp Tyr
 290 295 300

ES 2 626 804 T3

Gln Asn Gly Trp Asp Thr Asp Gln Phe Pro Ile Asp Asn Phe Glu Leu
305 310 315 320

Thr Gln Ala Met Met Gln Ile Ile Arg Asn Gly Gly Phe Gly Asn Gly
325 330 335

Gly Thr Asn Phe Asp Ala Lys Thr Arg Arg Asn Ser Thr Asp Leu Glu
340 345 350

Asp Ile Phe Ile Ala His Ile Ala Gly Met Asp Val Met Ala Arg Ala
355 360 365

Leu Glu Ser Ala Ala Lys Leu Leu Glu Glu Ser Pro Tyr Lys Lys Met
370 375 380

Leu Ala Asp Arg Tyr Ala Ser Phe Asp Ser Gly Lys Gly Lys Glu Phe
385 390 395 400

Glu Asp Gly Lys Leu Thr Leu Glu Asp Leu Val Ala Tyr Ala Lys Ala
405 410 415

Asn Gly Glu Pro Lys Gln Thr Ser Gly Lys Gln Glu Leu Tyr Glu Ala
420 425 430

Ile Val Asn Met Tyr Cys
435

<210> 23

<211> 439

<212> PRT

5 <213> Clostridium cellulolyticum

<400> 23

Met Ser Glu Val Phe Ser Gly Ile Ser Asn Ile Lys Phe Glu Gly Ser
1 5 10 15

Gly Ser Asp Asn Pro Leu Ala Phe Lys Tyr Tyr Asp Pro Lys Ala Val
20 25 30

Ile Gly Gly Lys Thr Met Glu Glu His Leu Arg Phe Ala Val Ala Tyr
35 40 45

Trp His Thr Phe Ala Ala Pro Gly Ala Asp Met Phe Gly Ala Gly Ser
50 55 60

Tyr Val Arg Pro Trp Asn Thr Met Ser Asp Pro Leu Glu Ile Ala Lys
65 70 75 80

ES 2 626 804 T3

Tyr Lys Val Glu Ala Asn Phe Glu Phe Ile Glu Lys Leu Gly Ala Pro
 85 90 95
 Phe Phe Ala Phe His Asp Arg Asp Ile Ala Pro Glu Gly Asp Thr Leu
 100 105 110
 Ala Glu Thr Asn Lys Asn Leu Asp Thr Ile Val Ser Val Ile Lys Asp
 115 120 125
 Arg Met Lys Ser Ser Pro Val Lys Leu Leu Trp Gly Thr Thr Asn Ala
 130 135 140
 Phe Gly Asn Pro Arg Phe Met His Gly Ala Ser Thr Ser Pro Asn Ala
 145 150 155 160
 Asp Ile Phe Ala Tyr Ala Ala Ala Gln Val Lys Lys Ala Met Glu Ile
 165 170 175
 Thr Lys Glu Leu Gly Gly Glu Asn Tyr Val Phe Trp Gly Gly Arg Glu
 180 185 190
 Gly Tyr Glu Thr Leu Leu Asn Thr Asp Met Lys Leu Glu Leu Asp Asn
 195 200 205
 Leu Ala Arg Phe Leu Lys Met Ala Val Asp Tyr Ala Lys Glu Ile Gly
 210 215 220
 Phe Asp Gly Gln Phe Leu Ile Glu Pro Lys Pro Lys Glu Pro Thr Lys
 225 230 235 240
 His Gln Tyr Asp Phe Asp Thr Ala Thr Val Ile Gly Phe Leu Lys Thr
 245 250 255
 Tyr Gly Leu Asp Pro Tyr Phe Lys Met Asn Ile Glu Ala Asn His Ala
 260 265 270
 Thr Leu Ala Gly His Thr Phe Gln His Glu Leu Ala Met Cys Arg Ile
 275 280 285
 Asn Asp Met Leu Gly Ser Ile Asp Ala Asn Gln Gly Asp Val Met Leu
 290 295 300
 Gly Trp Asp Thr Asp Gln Phe Pro Thr Asn Leu Tyr Asp Ala Thr Leu
 305 310 315 320
 Ala Met Val Glu Val Leu Lys Ala Gly Gly Leu Lys Lys Gly Gly Leu
 325 330 335

ES 2 626 804 T3

Asn Phe Asp Ser Lys Val Arg Arg Gly Ser Phe Glu Pro Ser Asp Leu
340 345 350

Phe Tyr Gly His Ile Ala Gly Met Asp Thr Phe Ala Lys Gly Leu Ile
355 360 365

Ile Ala Asn Lys Ile Val Glu Asp Gly Lys Phe Asp Ala Phe Val Ala
370 375 380

Asp Arg Tyr Ser Ser Tyr Thr Asn Gly Ile Gly Lys Asp Ile Val Glu
385 390 395 400

Gly Lys Val Gly Phe Lys Glu Leu Glu Gln Tyr Ala Leu Thr Ala Lys
405 410 415

Ile Gln Asn Lys Ser Gly Arg Gln Glu Met Leu Glu Ala Leu Leu Asn
420 425 430

Gln Tyr Ile Leu Glu Thr Lys
435

<210> 24

<211> 444

<212> PRT

5 <213> Thermotoga maritima

<400> 24

Met Ala Glu Phe Phe Pro Glu Ile Pro Lys Ile Gln Phe Glu Gly Lys
1 5 10 15

Glu Ser Thr Asn Pro Leu Ala Phe Arg Phe Tyr Asp Pro Asn Glu Val
20 25 30

Ile Asp Gly Lys Pro Leu Lys Asp His Leu Lys Phe Ser Val Ala Phe
35 40 45

Trp His Thr Phe Val Asn Glu Gly Arg Asp Pro Phe Gly Asp Pro Thr
50 55 60

Ala Glu Arg Pro Trp Asn Arg Phe Ser Asp Pro Met Asp Lys Ala Phe
65 70 75 80

Ala Arg Val Asp Ala Leu Phe Glu Phe Cys Glu Lys Leu Asn Ile Glu
85 90 95

Tyr Phe Cys Phe His Asp Arg Asp Ile Ala Pro Glu Gly Lys Thr Leu
100 105 110

ES 2 626 804 T3

Arg Glu Thr Asn Lys Ile Leu Asp Lys Val Val Glu Arg Ile Lys Glu
 115 120 125
 Arg Met Lys Asp Ser Asn Val Lys Leu Leu Trp Gly Thr Ala Asn Leu
 130 135 140
 Phe Ser His Pro Arg Tyr Met His Gly Ala Ala Thr Thr Cys Ser Ala
 145 150 155 160
 Asp Val Phe Ala Tyr Ala Ala Ala Gln Val Lys Lys Ala Leu Glu Ile
 165 170 175
 Thr Lys Glu Leu Gly Gly Glu Gly Tyr Val Phe Trp Gly Gly Arg Glu
 180 185 190
 Gly Tyr Glu Thr Leu Leu Asn Thr Asp Leu Gly Leu Glu Leu Glu Asn
 195 200 205
 Leu Ala Arg Phe Leu Arg Met Ala Val Glu Tyr Ala Lys Lys Ile Gly
 210 215 220
 Phe Thr Gly Gln Phe Leu Ile Glu Pro Lys Pro Lys Glu Pro Thr Lys
 225 230 235 240
 His Gln Tyr Asp Phe Asp Val Ala Thr Ala Tyr Ala Phe Leu Lys Asn
 245 250 255
 His Gly Leu Asp Glu Tyr Phe Lys Phe Asn Ile Glu Ala Asn His Ala
 260 265 270
 Thr Leu Ala Gly His Thr Phe Gln His Glu Leu Arg Met Ala Arg Ile
 275 280 285
 Leu Gly Lys Leu Gly Ser Ile Asp Ala Asn Gln Gly Asp Leu Leu Leu
 290 295 300
 Gly Trp Asp Thr Asp Gln Phe Pro Thr Asn Ile Tyr Asp Thr Thr Leu
 305 310 315 320
 Ala Met Tyr Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Phe Thr Lys Gly Gly Leu
 325 330 335
 Asn Phe Asp Ala Lys Val Arg Arg Ala Ser Tyr Lys Val Glu Asp Leu
 340 345 350
 Phe Ile Gly His Ile Ala Gly Met Asp Thr Phe Ala Leu Gly Phe Lys

ES 2 626 804 T3

355

360

365

Ile Ala Tyr Lys Leu Ala Lys Asp Gly Val Phe Asp Lys Phe Ile Glu
370 375 380

Glu Lys Tyr Arg Ser Phe Lys Glu Gly Ile Gly Lys Glu Ile Val Glu
385 390 395 400

Gly Lys Thr Asp Phe Glu Lys Leu Glu Glu Tyr Ile Ile Asp Lys Glu
405 410 415

Asp Ile Glu Leu Pro Ser Gly Lys Gln Glu Tyr Leu Glu Ser Leu Leu
420 425 430

Asn Ser Tyr Ile Val Lys Thr Ile Ala Glu Leu Arg
435 440

<210> 25

<211> 441

<212> PRT

5 <213> Bacillus stearothermophilus

<400> 25

Met Pro Tyr Phe Asp Asn Ile Ser Thr Ile Ala Tyr Glu Gly Pro Ala
1 5 10 15

Ser Lys Asn Pro Leu Ala Phe Lys Phe Tyr Asn Pro Glu Glu Lys Val
20 25 30

Gly Asp Lys Thr Met Glu Glu His Leu Arg Phe Ser Val Ala Tyr Trp
35 40 45

His Thr Phe Thr Gly Asp Gly Ser Asp Pro Phe Gly Ala Gly Asn Met
50 55 60

Ile Arg Pro Trp Asn Lys Tyr Ser Gly Met Asp Leu Ala Lys Ala Arg
65 70 75 80

Val Glu Ala Ala Phe Glu Phe Phe Glu Lys Leu Asn Ile Pro Phe Phe
85 90 95

Cys Phe His Asp Val Asp Ile Ala Pro Glu Gly Glu Thr Leu Lys Glu
100 105 110

Thr Tyr Lys Asn Leu Asp Ile Ile Val Asp Met Ile Glu Glu Tyr Met
115 120 125

Lys Thr Ser Lys Thr Lys Leu Leu Trp Asn Thr Ala Asn Leu Phe Thr

ES 2 626 804 T3

130		135		140
His Pro Arg Phe Val	His Gly Ala Ala Thr	Ser Cys Asn Ala Asp Val		
145	150	155		160
Phe Ala Tyr Ala Ala	Ala Lys Val Lys	Gly Leu Glu Ile Ala Lys		
	165	170		175
Arg Leu Gly Ala Glu	Asn Tyr Val Phe	Trp Gly Gly Arg Glu Gly Tyr		
	180	185		190
Glu Thr Leu Leu Asn Thr	Asp Met Lys Leu Glu	Leu Asp Asn Leu Ala		
	195	200		205
Arg Phe Leu His Met Ala	Val Asp Tyr Ala Lys	Glu Ile Gly Phe Asp		
	210	215		220
Gly Gln Phe Leu Ile Glu	Pro Lys Pro Lys	Glu Pro Thr Lys His Gln		
	230	235		240
Tyr Asp Phe Asp Val Ala	Thr Ala Leu Ala Phe	Leu Gln Thr Tyr Gly		
	245	250		255
Leu Lys Asp Tyr Phe Lys	Phe Asn Ile Glu Ala	Asn His Ala Thr Leu		
	260	265		270
Ala Gly His Thr Phe Glu	His Glu Leu Arg Val	Ala Arg Ile His Gly		
	275	280		285
Met Leu Gly Ser Val Asp	Ala Asn Gln Gly Asp	Met Leu Leu Gly Trp		
	290	295		300
Asp Thr Asp Glu Phe Pro	Thr Asp Leu Tyr Ser	Thr Thr Leu Ala Met		
	305	310		315
Tyr Glu Ile Leu Lys Asn	Gly Gly Leu Gly Arg	Gly Gly Leu Asn Phe		
	325	330		335
Asp Ala Lys Val Arg Arg	Gly Ser Phe Glu Pro	Glu Asp Leu Phe Tyr		
	340	345		350
Ala His Ile Ala Gly Met	Asp Ser Phe Ala Val	Gly Leu Lys Val Ala		
	355	360		365
His Arg Leu Ile Glu Asp	Arg Val Phe Asp Glu	Phe Ile Glu Glu Arg		
	370	375		380

ES 2 626 804 T3

Tyr Lys Ser Tyr Thr Glu Gly Ile Gly Arg Glu Ile Val Glu Gly Thr
385 390 395 400

Ala Asp Phe His Lys Leu Glu Ala His Ala Leu Gln Leu Gly Glu Ile
405 410 415

Gln Asn Gln Ser Gly Arg Gln Glu Arg Leu Lys Thr Leu Leu Asn Gln
420 425 430

Tyr Leu Leu Glu Val Cys Ala Ala Arg
435 440

<210> 26

<211> 438

<212> PRT

5 <213> Bacteroides stercoris

<400> 26

Met Ala Thr Lys Glu Tyr Phe Pro Gly Ile Gly Lys Ile Lys Phe Glu
1 5 10 15

Gly Lys Glu Ser Lys Asn Pro Met Ala Phe Arg Tyr Tyr Asp Ala Glu
20 25 30

Lys Val Ile Met Gly Lys Lys Met Lys Asp Trp Leu Lys Phe Ser Met
35 40 45

Ala Trp Trp His Thr Leu Cys Ala Glu Gly Gly Asp Gln Phe Gly Gly
50 55 60

Gly Thr Lys His Phe Pro Trp Asn Gly Asp Ala Asp Lys Leu Gln Ala
65 70 75 80

Ala Lys Asn Lys Met Asp Ala Gly Phe Glu Phe Met Gln Lys Met Gly
85 90 95

Ile Glu Tyr Tyr Cys Phe His Asp Val Asp Leu Cys Asp Glu Ala Asp
100 105 110

Thr Ile Glu Glu Tyr Glu Ala Asn Leu Lys Ala Ile Val Ala Tyr Ala
115 120 125

Lys Gln Lys Gln Glu Glu Thr Gly Ile Lys Leu Leu Trp Gly Thr Ala
130 135 140

Asn Val Phe Gly His Ala Arg Tyr Met Asn Gly Ala Ala Thr Asn Pro
145 150 155 160

ES 2 626 804 T3

Asp Phe Asp Val Val Ala Arg Ala Ala Val Gln Ile Lys Asn Ala Ile
 165 170 175
 Asp Ala Thr Ile Glu Leu Gly Gly Ser Asn Tyr Val Phe Trp Gly Gly
 180 185 190
 Arg Glu Gly Tyr Met Ser Leu Leu Asn Thr Asp Gln Lys Arg Glu Lys
 195 200 205
 Glu His Leu Ala Gln Met Leu Thr Ile Ala Arg Asp Tyr Ala Arg Ala
 210 215 220
 Arg Gly Phe Lys Gly Thr Phe Leu Ile Glu Pro Lys Pro Met Glu Pro
 225 230 235 240
 Thr Lys His Gln Tyr Asp Ala Asp Thr Glu Thr Val Val Gly Phe Leu
 245 250 255
 Lys Ala His Gly Leu Asp Lys Asp Phe Lys Val Asn Ile Glu Val Asn
 260 265 270
 His Ala Thr Leu Ala Gly His Thr Phe Glu His Glu Leu Ala Val Ala
 275 280 285
 Val Asp Asn Gly Met Leu Gly Ser Ile Asp Ala Asn Arg Gly Asp Tyr
 290 295 300
 Gln Asn Gly Trp Asp Thr Asp Gln Phe Pro Ile Asp Asn Tyr Glu Leu
 305 310 315 320
 Thr Gln Ala Met Met Gln Ile Ile Arg Asn Gly Gly Phe Gly Asp Gly
 325 330 335
 Gly Thr Asn Phe Asp Ala Lys Thr Arg Arg Asn Ser Thr Asp Leu Glu
 340 345 350
 Asp Ile Phe Ile Ala His Ile Ala Gly Met Asp Val Met Ala Arg Ala
 355 360 365
 Leu Glu Ser Ala Ala Lys Leu Leu Glu Glu Ser Pro Tyr Lys Lys Met
 370 375 380
 Leu Ala Asp Arg Tyr Ala Ser Phe Asp Ser Gly Lys Gly Lys Glu Phe
 385 390 395 400
 Glu Glu Gly Lys Leu Thr Leu Glu Asp Val Val Ala Tyr Ala Lys Ala
 405 410 415
 Asn Gly Glu Pro Lys Gln Thr Ser Gly Lys Gln Glu Leu Tyr Glu Ala
 420 425 430
 Ile Val Asn Met Tyr Cys
 435

<210> 27

<211> 442

<212> PRT

<213> Parabacteroides distasonis

ES 2 626 804 T3

<400> 27

Met Ser Tyr Phe Lys Gly Glu Lys Glu Phe Phe Pro Gly Ile Gly Gln
1 5 10 15

Ile Gln Phe Glu Gly Arg Glu Ser Lys Asn Pro Leu Ala Phe His Tyr
20 25 30

Tyr Asp Ala Asp Lys Val Val Met Gly Lys Thr Leu Lys Asp His Leu
35 40 45

Arg Phe Ala Met Ala Tyr Trp His Thr Leu Cys Ala Glu Gly Gly Asp
50 55 60

Gln Phe Gly Gly Gly Thr Lys Thr Phe Pro Trp Asn Asp Ser Thr Asp
65 70 75 80

Ala Ile Thr Arg Ala Lys Tyr Lys Met Asp Ala Ala Phe Glu Phe Met
85 90 95

Thr Lys Cys Asn Ile Pro Tyr Tyr Cys Phe His Asp Val Asp Val Val
100 105 110

Asp Glu Ala Pro Thr Leu Gly Glu Phe Glu Lys Arg Leu Gln Thr Met
115 120 125

Val Glu His Ala Lys Glu His Gln Ala Ala Thr Gly Lys Lys Leu Leu
130 135 140

Trp Ser Thr Ala Asn Val Phe Gly His Lys Arg Tyr Met Asn Gly Ala
145 150 155 160

Ala Thr Asn Pro Tyr Phe Pro Thr Val Ala Cys Ala Gly Thr Gln Ile
165 170 175

Lys Asn Ala Ile Asp Ala Cys Ile Ala Leu Gly Gly Glu Asn Tyr Val
180 185 190

ES 2 626 804 T3

Phe Trp Gly Gly Arg Glu Gly Tyr Met Ser Leu Leu Asn Thr Asn Met
195 200 205

Lys Arg Glu Lys Asp His Leu Ala Met Met Leu Thr Met Ala Arg Asp
210 215 220

Tyr Gly Arg Lys Asn Gly Phe Lys Gly Thr Phe Leu Ile Glu Pro Lys
225 230 235 240

Pro Met Glu Pro Thr Lys His Gln Tyr Asp Val Asp Ser Glu Thr Val
245 250 255

Ile Gly Phe Leu Arg His Tyr Gly Leu Asp Lys Asp Phe Ala Leu Asn
260 265 270

Ile Glu Val Asn His Ala Thr Leu Ala Gly His Thr Phe Glu His Glu
275 280 285

Leu Gln Ala Ala Ala Asp Ala Gly Met Leu Cys Ser Ile Asp Ala Asn
290 295 300

Arg Gly Asp Tyr Gln Asn Gly Trp Asp Thr Asp Gln Phe Pro Met Asp
305 310 315 320

Ile Tyr Glu Leu Ala Gln Ala Trp Leu Val Ile Leu Glu Gly Gly Gly
325 330 335

Leu Thr Thr Gly Gly Thr Asn Phe Asp Ala Lys Thr Arg Arg Asn Ser
340 345 350

Thr Asp Leu Glu Asp Ile Phe Ile Ala His Ile Gly Gly Met Asp Ala
355 360 365

Phe Ala Arg Ala Leu Met Ile Ala Ala Asp Ile Leu Glu Asn Ser Asp
370 375 380

Tyr Arg Lys Met Arg Ala Glu Arg Tyr Ala Ser Phe Asp Ala Gly Glu
385 390 395 400

Gly Lys Ala Phe Glu Asp Gly Lys Leu Thr Leu Glu Asp Leu Arg Thr
405 410 415

Ile Ala Leu Arg Asp Gly Glu Pro Lys Gln Ile Ser Gly Lys Gln Glu
420 425 430

Leu Tyr Glu Met Ile Val Asn Leu His Ile
435 440

<210> 28

<211> 439

<212> PRT

5 <213> Prevotella ruminicola

<400> 28

ES 2 626 804 T3

Met	Ala	Lys	Glu	Tyr	Phe	Pro	Phe	Thr	Gly	Lys	Ile	Pro	Phe	Glu	Gly	1	5	10	15
Lys	Asp	Ser	Lys	Asn	Val	Met	Ala	Phe	His	Tyr	Tyr	Glu	Pro	Glu	Lys	20	25	30	
Val	Val	Met	Gly	Lys	Lys	Met	Lys	Asp	Trp	Leu	Lys	Phe	Ala	Met	Ala	35	40	45	
Trp	Trp	His	Thr	Leu	Gly	Gly	Ala	Ser	Ala	Asp	Gln	Phe	Gly	Gly	Gln	50	55	60	
Thr	Arg	Ser	Tyr	Glu	Trp	Asp	Lys	Ala	Ala	Asp	Ala	Val	Gln	Arg	Ala	65	70	75	80
Lys	Asp	Lys	Met	Asp	Ala	Gly	Phe	Glu	Ile	Met	Asp	Lys	Leu	Gly	Ile	85	90	95	
Glu	Tyr	Phe	Cys	Phe	His	Asp	Val	Asp	Leu	Val	Glu	Glu	Gly	Glu	Thr	100	105	110	
Ile	Ala	Glu	Tyr	Glu	Arg	Arg	Met	Lys	Glu	Ile	Thr	Asp	Tyr	Ala	Leu	115	120	125	
Val	Lys	Met	Lys	Glu	Tyr	Pro	Asn	Ile	Lys	Leu	Leu	Trp	Gly	Thr	Ala	130	135	140	
Asn	Val	Phe	Gly	Asn	Lys	Arg	Tyr	Ala	Asn	Gly	Ala	Ser	Thr	Asn	Pro	145	150	155	160
Asp	Phe	Asp	Val	Val	Ala	Arg	Ala	Ile	Val	Gln	Ile	Lys	Asn	Ala	Ile	165	170	175	
Asp	Ala	Thr	Ile	Lys	Leu	Gly	Gly	Thr	Asn	Tyr	Val	Phe	Trp	Gly	Gly	180	185	190	
Arg	Glu	Gly	Tyr	Met	Ser	Leu	Leu	Asn	Thr	Asp	Gln	Lys	Arg	Glu	Lys	195	200	205	
Glu	His	Met	Ala	Thr	Met	Leu	Thr	Met	Ala	Arg	Asp	Tyr	Ala	Arg	Ala	210	215	220	

ES 2 626 804 T3

Lys Gly Phe Lys Gly Thr Phe Leu Ile Glu Pro Lys Pro Met Glu Pro
225 230 235 240

Ser Lys His Gln Tyr Asp Val Asp Thr Glu Thr Val Cys Gly Phe Leu
245 250 255

Arg Ala His Gly Leu Asp Lys Asp Phe Lys Val Asn Ile Glu Val Asn
260 265 270

His Ala Thr Leu Ala Gly His Thr Phe Glu His Glu Leu Ala Cys Ala
275 280 285

Val Asp Asn Gly Met Leu Gly Ser Ile Asp Ala Asn Arg Gly Asp Ala
290 295 300

Gln Asn Gly Trp Asp Thr Asp Gln Phe Pro Ile Asp Asn Phe Glu Leu
305 310 315 320

Thr Gln Ala Met Leu Glu Ile Ile Arg Asn Gly Gly Leu Gly Asn Gly
325 330 335

Gly Thr Asn Phe Asp Ala Lys Ile Arg Arg Asn Ser Thr Asp Leu Glu
340 345 350

Asp Leu Phe Ile Ala His Ile Ser Gly Met Asp Ala Met Ala Arg Ala
355 360 365

Leu Met Asn Ala Ala Ala Ile Leu Glu Glu Ser Glu Leu Pro Lys Met
370 375 380

Lys Lys Glu Arg Tyr Ala Ser Phe Asp Asn Gly Ile Gly Lys Asp Phe
385 390 395 400

Glu Asp Gly Lys Leu Thr Leu Glu Gln Ala Tyr Glu Tyr Gly Lys Lys
405 410 415

Val Glu Glu Pro Lys Gln Thr Ser Gly Lys Gln Glu Lys Tyr Glu Thr
420 425 430

Thr Val Ala Leu Tyr Cys Lys
435

<210> 29

<211> 436

<212> PRT

5 <213> Agrobacterium tumefaciens

<400> 29

ES 2 626 804 T3

Met	Ser	Thr	Gly	Phe	Phe	Gly	Asp	Ile	Thr	Lys	Ile	Lys	Tyr	Glu	Gly	1	5	10	15
Pro	Asp	Ser	Thr	Asn	Pro	Leu	Ala	Phe	Arg	His	Tyr	Asn	Pro	Asp	Glu	20	25	30	
Ile	Val	Ala	Gly	Lys	Arg	Met	Glu	Asp	His	Leu	Arg	Phe	Ala	Val	Ala	35	40	45	
Tyr	Trp	His	Thr	Phe	Thr	Trp	Pro	Gly	Gly	Asp	Pro	Phe	Gly	Gly	Gln	50	55	60	
Thr	Phe	Gln	Arg	Pro	Trp	Phe	Glu	Asp	Thr	Met	Gln	Ala	Ala	Lys	Leu	65	70	75	80
Lys	Ala	Asp	Val	Ala	Phe	Glu	Phe	Phe	Ser	Leu	Leu	Gly	Ser	Pro	Phe	85	90	95	
Tyr	Cys	Phe	His	Asp	Ala	Asp	Val	Arg	Pro	Glu	Gly	Lys	Asn	Phe	Ala	100	105	110	
Glu	Asn	Thr	Lys	Asn	Leu	Asn	Glu	Ile	Val	Asp	Tyr	Phe	Ala	Glu	Lys	115	120	125	
Gln	Ala	Gln	Thr	Gly	Val	Lys	Leu	Leu	Trp	Gly	Thr	Ala	Asn	Leu	Phe	130	135	140	
Ser	Asn	Arg	Arg	Phe	Met	Ser	Gly	Ala	Ala	Thr	Asn	Pro	Asp	Pro	Asp	145	150	155	160
Val	Phe	Ala	Phe	Ser	Ala	Ala	Thr	Val	Lys	Thr	Cys	Leu	Asp	Ala	Thr	165	170	175	
Lys	Lys	Leu	Gly	Gly	Ala	Asn	Tyr	Val	Leu	Trp	Gly	Gly	Arg	Glu	Gly	180	185	190	
Tyr	Glu	Thr	Leu	Leu	Asn	Thr	Asp	Leu	Ser	Arg	Glu	Leu	Asp	Gln	Met	195	200	205	
Gly	Arg	Phe	Leu	Asn	Leu	Val	Val	Glu	Tyr	Lys	Tyr	Lys	Ile	Gly	Phe	210	215	220	
Glu	Gly	Thr	Ile	Leu	Ile	Glu	Pro	Lys	Pro	Gln	Glu	Pro	Thr	Lys	His	225	230	235	240
Gln	Tyr	Asp	Tyr	Asp	Val	Ala	Thr	Val	Tyr	Ala	Phe	Leu	Gln	Lys	Asn				

ES 2 626 804 T3

	245		250		255										
Gly	Leu	Glu	Lys	Glu	Val	Lys	Val	Asn	Ile	Glu	Gln	Gly	His	Ala	Ile
			260					265					270		
Leu	Ala	Gly	His	Ser	Phe	Glu	His	Glu	Leu	Ala	Leu	Ala	Asn	Ala	Phe
		275					280					285			
Gly	Ile	Phe	Gly	Ser	Ile	Asp	Met	Asn	Arg	Asn	Asp	Tyr	Gln	Ser	Gly
	290					295					300				
Trp	Asp	Thr	Asp	Gln	Phe	Pro	Asn	Asn	Val	Pro	Glu	Met	Ala	Leu	Ala
305					310					315					320
Tyr	Tyr	His	Val	Leu	Ala	Gly	Gly	Gly	Phe	Lys	Asn	Gly	Gly	Thr	Asn
				325					330					335	
Phe	Asp	Ala	Lys	Leu	Arg	Arg	Gln	Ser	Leu	Asp	Pro	Gln	Asp	Leu	Leu
			340					345					350		
Ile	Gly	His	Ile	Gly	Gly	Met	Asp	Cys	Cys	Ala	Arg	Gly	Leu	Lys	Ala
		355					360					365			
Ala	Ala	Lys	Met	Ile	Glu	Asp	Gly	Ala	Leu	Ser	Lys	Pro	Leu	Ser	Glu
	370					375					380				
Arg	Tyr	Ala	Lys	Trp	Asp	Ser	Ala	Glu	Ala	Gln	Lys	Met	Leu	Arg	Gly
385					390					395					400
Glu	Leu	Lys	Leu	Asp	Asp	Ile	Ala	Ala	Leu	Val	Glu	Arg	Glu	Asp	Ile
				405					410					415	
Asn	Pro	Glu	Pro	Lys	Ser	Gly	Arg	Gln	Glu	Tyr	Leu	Glu	Asn	Val	Val
			420					425					430		
Asn	Arg	Tyr	Val												
			435												
<210>	30														
<211>	439														
<212>	PRT														
5	<213>	Clostridium	cellulovorans												
<400>	30														
Met	Arg	Glu	Tyr	Phe	Ala	Asn	Val	Pro	Lys	Ile	Lys	Tyr	Glu	Gly	Lys
1				5					10					15	
Asp	Ser	Lys	Asn	Pro	Leu	Ala	Phe	Lys	Tyr	Tyr	Asn	Pro	Asp	Glu	Val

ES 2 626 804 T3

	20					25					30				
Val	Gly	Gly	Lys	Thr	Met	Lys	Glu	His	Leu	Arg	Phe	Thr	Leu	Ser	Tyr
		35					40					45			
Trp	His	Thr	Leu	Thr	Gly	Ala	Gly	Ser	Asp	Pro	Phe	Gly	Val	Gly	Thr
	50					55					60				
Met	Leu	Arg	Pro	Trp	Asp	Cys	Ala	Glu	Asp	Glu	Met	Glu	Leu	Ala	Lys
65					70					75					80
Met	Arg	Met	Glu	Ala	Asn	Phe	Glu	Leu	Met	Asp	Lys	Leu	Gly	Ile	Glu
				85					90					95	
Tyr	Phe	Ala	Phe	His	Asp	Arg	Asp	Ile	Ala	Pro	Glu	Gly	Lys	Thr	Leu
			100					105					110		
Ala	Asp	Thr	Asn	Glu	Lys	Leu	Asp	Glu	Ile	Val	Ala	Tyr	Cys	Lys	Glu
		115					120					125			
Leu	Met	Gln	Lys	His	Gly	Lys	Lys	Leu	Leu	Trp	Gly	Thr	Ala	Asn	Met
	130					135					140				
Phe	Gly	Asn	Pro	Arg	Phe	Val	His	Gly	Ala	Ala	Thr	Thr	Cys	Asn	Ala
145					150					155					160
Asp	Val	Phe	Ala	Tyr	Ala	Ala	Ala	Gln	Thr	Lys	Lys	Ala	Met	Asp	Val
				165					170					175	
Thr	Lys	Glu	Leu	Gly	Gly	Glu	Asn	Tyr	Val	Phe	Trp	Gly	Gly	Arg	Glu
			180					185					190		
Gly	Tyr	Glu	Thr	Leu	Leu	Asn	Thr	Asp	Leu	Gly	Leu	Glu	Gln	Asp	Asn
		195					200					205			
Leu	Ala	Arg	Phe	Phe	Gln	Met	Ala	Val	Asp	Tyr	Ala	Lys	Lys	Ile	Gly
	210					215					220				
Phe	Thr	Gly	Gln	Phe	Leu	Ile	Glu	Pro	Lys	Pro	Lys	Glu	Pro	Thr	Lys
225					230					235					240
His	Gln	Tyr	Asp	Phe	Asp	Val	Ala	Thr	Val	Leu	Gly	Phe	Leu	Arg	Lys
				245					250					255	
Tyr	Asn	Leu	Glu	Lys	Tyr	Phe	Lys	Met	Asn	Ile	Glu	Ala	Asn	His	Ala
			260					265					270		

ES 2 626 804 T3

Thr Leu Ala Gln His Thr Phe Gln His Glu Val Ala Val Ala Arg Val
275 280 285

Asn Gly Val Leu Gly Ser Leu Asp Val Asn Gln Gly Asp Pro Asn Leu
290 295 300

Gly Trp Asp Thr Asp Gln Phe Pro Thr Asn Ile Tyr Asp Ala Thr Met
305 310 315 320

Val Met Tyr Glu Val Leu Lys Asn Gly Gly Ile Ala Pro Gly Gly Leu
325 330 335

Asn Phe Asp Ala Lys Thr Arg Arg Ala Ser Phe Glu Pro Glu Asp Leu
340 345 350

Phe Leu Ser Tyr Ile Ala Gly Met Asp Thr Met Ala Lys Gly Leu Arg
355 360 365

Val Ala Tyr Ser Leu Leu Asp Asp Ala Val Leu Glu Asn Asn Thr Ser
370 375 380

Glu Arg Tyr Lys Thr Phe Ser Glu Gly Ile Gly Lys Asp Ile Val Glu
385 390 395 400

Gly Lys Val Asp Phe Glu Ser Leu Glu Lys Tyr Ala Leu Glu Asn Ser
405 410 415

Val Ile Ser Asn Lys Ser Gly Arg Gln Glu Tyr Leu Glu Ser Val Val
420 425 430

Asn Gln Tyr Ile Phe Asn Asp
435

<210> 31

<211> 440

<212> PRT

5 <213> Burkholderia cenocepacia

<400> 31

Met Ser Tyr Phe Glu His Ile Pro Ala Ile Arg Tyr Glu Gly Pro Gln
1 5 10 15

Ser Asp Asn Pro Leu Ala Tyr His His Tyr Asp Pro Asp Lys Arg Val
20 25 30

Leu Gly Lys Thr Leu Ala Glu His Leu Arg Ile Ala Val Cys Tyr Trp
35 40 45

ES 2 626 804 T3

His Thr Phe Val Trp Pro Gly His Asp Ile Phe Gly Gln Gly Ala Phe
 50 55 60
 Gln Arg Pro Trp Gln Gln Pro Gly Asp Ala Leu Glu Arg Ala Arg Gln
 65 70 75 80
 Lys Ala Asp Ala Ala Phe Glu Phe Phe Thr Lys Leu Gly Thr Pro Phe
 85 90 95
 Tyr Thr Phe His Asp Thr Asp Val Ala Pro Glu Gly Asp Ser Leu Arg
 100 105 110
 Asp Tyr Ala Ala Asn Phe Ala Arg Met Val Asp Tyr Leu Gly Glu Arg
 115 120 125
 Gln Gln Ala Ser Gly Val Arg Leu Leu Trp Gly Thr Ala Asn Leu Phe
 130 135 140
 Ser His Pro Arg Phe Ala Ala Gly Ala Ala Thr Asn Pro Asn Pro Asp
 145 150 155 160
 Val Phe Ala Trp Ala Ala Thr Gln Val Cys His Ala Leu Asp Ala Thr
 165 170 175
 His Arg Leu Gly Gly Glu Asn Tyr Val Leu Trp Gly Gly Arg Glu Gly
 180 185 190
 Tyr Glu Thr Leu Leu Asn Thr Asp Leu Lys Arg Glu Arg Asp Gln Phe
 195 200 205
 Ala Arg Phe Leu Ser Met Val Val Glu His Lys His Arg Ile Gly Phe
 210 215 220
 Lys Gly Ala Leu Leu Ile Glu Pro Lys Pro Gln Glu Pro Thr Lys His
 225 230 235 240
 Gln Tyr Asp Tyr Asp Val Ala Thr Val His Gly Phe Leu Val Gln Tyr
 245 250 255
 Gly Leu Gln Asn Glu Ile Arg Val Asn Ile Glu Ala Asn His Ala Thr
 260 265 270
 Leu Ala Gly His Ser Phe His His Glu Ile Ala Asn Ala Phe Ala Leu
 275 280 285
 Gly Val Phe Gly Ser Val Asp Ala Asn Arg Gly Asp Pro Gln Asn Gly
 290 295 300

ES 2 626 804 T3

Trp Asp Thr Asp Gln Phe Pro Asn Ser Val Glu Glu Leu Thr Leu Ala
305 310 315 320

Phe Tyr Glu Ile Leu Arg His Gly Gly Phe Thr Thr Gly Gly Met Asn
325 330 335

Phe Asp Ala Lys Val Arg Arg Gln Ser Ile Asp Pro Glu Asp Leu Phe
340 345 350

Tyr Gly His Val Gly Ala Ile Asp Val Leu Ala Leu Ala Leu Glu Arg
355 360 365

Ala Ala Val Leu Val Glu Asn Asp Arg Leu Asp Ala Leu Arg Arg Gln
370 375 380

Arg Tyr Ala Gln Trp Asp Asp Ala Phe Gly Arg Lys Ile Leu Ser Gly
385 390 395 400

Gly Tyr Thr Leu Glu Ser Leu Ala Ala Asp Ala Leu Ala Arg Gly Val
405 410 415

Asn Pro Arg His Ala Ser Gly Ala Gln Glu Arg Leu Glu Asn Ile Val
420 425 430

Asn Gln Ala Ile Tyr Gly Leu Arg
435 440

<210> 32

<211> 439

<212> PRT

5 <213> Lactococcus lactis

<400> 32

Met Ala Tyr Phe Asn Asp Ile Ala Pro Ile Lys Tyr Glu Gly Thr Lys
1 5 10 15

Thr Lys Asn Met Phe Ala Phe Arg His Tyr Asn Pro Glu Glu Val Val
20 25 30

Ala Gly Lys Thr Met Glu Glu Gln Leu His Phe Ala Leu Ala Phe Trp
35 40 45

His Thr Ile Thr Met Asp Gly Ser Asp Pro Phe Gly Gly Ala Thr Met
50 55 60

Glu Arg Pro Trp Asp Leu Glu Gly Gly Ser Glu Leu Asp Arg Ala His
65 70 75 80

ES 2 626 804 T3

Arg	Arg	Val	Asp	Ala	Phe	Phe	Glu	Ile	Ala	Glu	Lys	Leu	Gly	Val	Lys		
			85						90					95			
Tyr	Tyr	Cys	Phe	His	Asp	Ile	Asp	Ile	Ala	Pro	Thr	Gly	Asn	Ser	Leu		
			100					105					110				
Lys	Glu	Phe	Tyr	Ala	Asn	Leu	Asp	Glu	Ile	Thr	Asp	His	Leu	Leu	Glu		
		115					120					125					
Lys	Gln	Lys	Ala	Thr	Gly	Ile	Lys	Leu	Leu	Trp	Asn	Thr	Ala	Asn	Met		
	130					135					140						
Phe	Ser	Asn	Pro	Arg	Tyr	Met	Asn	Gly	Val	Ser	Thr	Ser	Asn	Arg	Ala		
145					150					155					160		
Glu	Val	Phe	Ala	Tyr	Gly	Ala	Ala	Gln	Val	Lys	Lys	Gly	Leu	Glu	Leu		
				165				170							175		
Ser	Lys	Lys	Leu	Gly	Gly	Glu	Asn	Tyr	Val	Phe	Trp	Gly	Gly	Arg	Glu		
			180					185					190				
Gly	Tyr	Glu	Ser	Leu	Leu	Asn	Thr	Asp	Met	Gly	Leu	Glu	Met	Asp	His		
	195						200					205					
Met	Ala	Lys	Phe	Phe	His	Leu	Ala	Ile	Asp	Tyr	Ala	Lys	Ser	Ile	Asn		
	210					215					220						
His	Leu	Pro	Ile	Phe	Leu	Ile	Glu	Pro	Lys	Pro	Lys	Glu	Pro	Met	Thr		
225					230					235					240		
His	Gln	Tyr	Asp	Phe	Asp	Ser	Ala	Thr	Ala	Leu	Ala	Phe	Leu	Gln	Lys		
				245					250					255			
Tyr	Asp	Leu	Asp	Lys	Tyr	Phe	Lys	Leu	Asn	Leu	Glu	Thr	Asn	His	Ala		
			260					265					270				
Trp	Leu	Ala	Gly	His	Thr	Phe	Glu	His	Glu	Leu	Asn	Thr	Ala	Arg	Thr		
		275					280					285					
Phe	Asn	Ala	Leu	Gly	Ser	Ile	Asp	Ala	Asn	Gln	Gly	Asn	Tyr	Leu	Leu		
	290					295					300						
Gly	Trp	Asp	Thr	Asp	Glu	Phe	Pro	Thr	Leu	Val	Ile	Asp	Ile	Thr	Leu		
305					310					315					320		
Ala	Met	His	Gln	Ile	Leu	Leu	Asn	Gly	Gly	Leu	Gly	Lys	Gly	Gly	Ile		
				325					330						335		

ES 2 626 804 T3

Asn Phe Asp Ala Lys Val Arg Arg Thr Ser Phe Lys Ala Glu Asp Leu
340 345 350

Ile Leu Ala His Ile Ala Gly Met Asp Thr Tyr Ala Arg Ala Leu Lys
355 360 365

Gly Ala Ala Ala Ile Ile Glu Asp Lys Phe Leu Ser Asp Ile Val Asp
370 375 380

Glu Arg Tyr Ser Ser Tyr Arg Asn Thr Glu Val Gly Gln Ser Ile Glu
385 390 395 400

Asn Gly Thr Ala Thr Phe Glu Ser Leu Ala Ala Phe Ala Leu Glu Tyr
405 410 415

Gly Asp Asp Ile Glu Leu Asp Ser Asn His Leu Glu Tyr Ile Lys Ser
420 425 430

Val Leu Asn Asp Tyr Leu Val
435

<210> 33

<211> 438

<212> PRT

5 <213> Thermoanaerobacter thermohydrosulfuricus

<400> 33

Met Glu Tyr Phe Lys Asn Val Pro Gln Ile Lys Tyr Glu Gly Pro Lys
1 5 10 15

Ser Asn Asn Pro Tyr Ala Phe Lys Phe Tyr Asn Pro Asp Glu Ile Ile
20 25 30

Asp Gly Lys Pro Leu Lys Glu His Leu Arg Phe Ser Val Ala Tyr Trp
35 40 45

His Thr Phe Thr Ala Asn Gly Thr Asp Pro Phe Gly Ala Pro Thr Met
50 55 60

Gln Arg Pro Trp Asp His Phe Thr Asp Pro Met Asp Ile Ala Lys Ala
65 70 75 80

Arg Val Glu Ala Ala Phe Glu Leu Phe Glu Lys Leu Asp Val Pro Phe
85 90 95

Phe Cys Phe His Asp Arg Asp Ile Ala Pro Glu Gly Glu Thr Leu Arg
100 105 110

ES 2 626 804 T3

Glu Thr Asn Lys Asn Leu Asp Thr Ile Val Ala Met Ile Lys Asp Tyr
 115 120 125
 Leu Lys Thr Ser Lys Thr Lys Val Leu Trp Gly Thr Ala Asn Leu Phe
 130 135 140
 Ser Asn Pro Arg Phe Val His Gly Ala Ala Thr Ser Cys Asn Ala Asp
 145 150 155 160
 Val Phe Ala Tyr Ala Ala Ala Gln Val Lys Lys Ala Leu Glu Ile Thr
 165 170 175
 Lys Glu Leu Gly Gly Gln Asn Tyr Val Phe Trp Gly Gly Arg Glu Gly
 180 185 190
 Tyr Glu Thr Leu Leu Asn Thr Asp Met Glu Leu Glu Leu Asp Asn Leu
 195 200 205
 Ala Arg Phe Leu His Met Ala Val Glu Tyr Ala Gln Glu Ile Gly Phe
 210 215 220
 Glu Gly Gln Phe Leu Ile Glu Pro Lys Pro Lys Glu Pro Thr Lys His
 225 230 235 240
 Gln Tyr Asp Phe Asp Ala Ala Ser Val His Ala Phe Leu Lys Lys Tyr
 245 250 255
 Asp Leu Asp Lys Tyr Phe Lys Leu Asn Ile Glu Ala Asn His Ala Thr
 260 265 270
 Leu Ala Gly His Asp Phe Gln His Glu Leu Arg Tyr Ala Arg Ile Asn
 275 280 285
 Asn Met Leu Gly Ser Ile Asp Ala Asn Met Gly Asp Met Leu Leu Gly
 290 295 300
 Trp Asp Thr Asp Gln Tyr Pro Thr Asp Ile Arg Met Thr Thr Leu Ala
 305 310 315 320
 Met Tyr Glu Val Ile Lys Met Gly Gly Phe Asn Lys Gly Gly Leu Asn
 325 330 335
 Phe Asp Ala Lys Val Arg Arg Ala Ser Phe Glu Pro Glu Asp Leu Phe
 340 345 350
 Leu Gly His Ile Ala Gly Met Asp Ala Phe Ala Lys Gly Phe Lys Val

ES 2 626 804 T3

355 360 365
 Ala Tyr Lys Leu Val Lys Asp Gly Val Phe Asp Arg Phe Ile Glu Glu
 370 375 380
 Arg Tyr Lys Ser Tyr Arg Glu Gly Ile Gly Ala Glu Ile Val Ser Gly
 385 390 395 400
 Lys Ala Asn Phe Lys Thr Leu Glu Glu Tyr Ala Leu Asn Asn Pro Lys
 405 410 415
 Ile Glu Asn Lys Ser Gly Lys Gln Glu Leu Leu Glu Ser Ile Leu Asn
 420 425 430
 Gln Tyr Leu Phe Ser Glu
 435
 <210> 34
 <211> 439
 <212> PRT
 5 <213> Reticulitermes speratus
 <400> 34
 Met Ser Gln Ile Phe Lys Asp Ile Pro Val Ile Lys Tyr Glu Gly Pro
 1 5 10 15
 Ala Ser Lys Asn Pro Leu Ser Phe Lys Tyr Tyr Asp Ala Asn Lys Val
 20 25 30
 Ile Asp Gly Lys Pro Met Lys Glu His Leu Arg Tyr Ala Met Ala Trp
 35 40 45
 Trp His Asn Leu Cys Ala Thr Gly Gln Asp Met Phe Gly Pro Gly Thr
 50 55 60
 Ala Asp Lys Ser Phe Gly Ser Lys Thr Val Gly Thr Met Glu His Ala
 65 70 75 80
 His Ala Lys Val Asp Ala Gly Phe Glu Phe Met Ser Lys Leu Gly Val
 85 90 95
 Glu Tyr Phe Cys Phe His Asp Ala Asp Leu Val Pro Glu Ala Asp Thr
 100 105 110
 Leu Ser Glu Thr Asn Lys Arg Leu Asp Glu Ile Ala Glu His Ile Val
 115 120 125
 Ala Lys Gln Lys Ala Thr Gly Ile Lys Cys Leu Trp Gly Thr Ala Asn

ES 2 626 804 T3

130		135		140
Leu Phe Ser Asn Pro Arg Phe Leu Asn Gly Ser Gly Ser Ser Asn Ser				
145		150		155
Ala Asp Val Tyr Ala Tyr Ala Ala Ala Gln Ile Lys Lys Ala Leu Asp				
	165		170	175
Leu Thr Val Lys Phe Gly Gly Val Gly Tyr Val Phe Trp Gly Gly Arg				
	180		185	190
Glu Gly Tyr Glu Thr Leu Leu Asn Thr Asp Val Lys Phe Glu Gln Glu				
	195		200	205
Asn Ile Ala Asn Leu Met His Leu Ala Val Thr Tyr Gly Arg Ser Ile				
210		215		220
Gly Phe Lys Gly Asp Phe Tyr Ile Glu Pro Lys Pro Lys Glu Pro Thr				
225		230		235
Lys His Gln Tyr Asp Phe Asp Ala Ala Thr Thr Ile Gly Phe Ile Arg				
	245		250	255
Gln Tyr Gly Leu Glu Lys Asp Phe Lys Leu Asn Ile Glu Ala Asn His				
	260		265	270
Ala Thr Leu Ala Gly His Thr Phe Gln His Asp Leu Arg Ile Ser Ala				
	275		280	285
Ile Asn Gly Met Leu Gly Ser Val Asp Ala Asn Thr Gly Asp Pro Leu				
290		295		300
Leu Gly Trp Asp Thr Asp Glu Phe Pro Tyr Ser Val Tyr Asp Thr Thr				
305		310		315
Leu Ala Met Tyr Glu Ile Ile Lys Ala Gly Gly Leu Thr Gly Gly Leu				
	325		330	335
Asn Phe Asp Ser Lys Val Arg Arg Pro Ser Tyr Thr His Glu Asp Leu				
	340		345	350
Phe Tyr Gly Phe Ile Leu Gly Met Asp Ser Phe Ala Leu Gly Leu Ile				
	355		360	365
Lys Ala Lys Ala Leu Ile Ala Asp Gly Arg Leu Asp Ser Phe Val Lys				
370		375		380

ES 2 626 804 T3

Asp Arg Tyr Ala Ser Tyr Gly Ser Gly Ile Gly Ala Lys Ile Arg Asp
385 390 395 400

His Ser Ala Thr Leu Glu Glu Leu Ala Ala Tyr Ala Leu Ala Lys Asp
405 410 415

Thr Val Ala Leu Pro Gly Ser Gly Arg Gln Glu Tyr Leu Glu Ser Ile
420 425 430

Ile Asn Gln Ile Leu Phe Gln
435

<210> 35

<211> 438

<212> PRT

5 <213> bacterias no cultivadas de rumen de vaca

<400> 35

Met Ser Glu Ile Phe Ala Asn Ile Pro Val Ile Pro Tyr Glu Gly Pro
1 5 10 15

Gln Ser Lys Asn Pro Leu Ala Phe Lys Phe Tyr Asp Ala Asp Lys Val
20 25 30

Ile Leu Gly Lys Lys Met Ser Glu His Leu Pro Phe Ala Met Ala Trp
35 40 45

Trp His Asn Leu Cys Ala Gly Gly Thr Asp Met Phe Gly Arg Asp Thr
50 55 60

Ala Asp Lys Ser Phe Gly Ala Glu Lys Gly Thr Met Ala His Ala Arg
65 70 75 80

Ala Lys Val Asp Ala Gly Phe Glu Phe Met Lys Lys Val Gly Val Lys
85 90 95

Tyr Phe Cys Phe His Asp Val Asp Leu Val Pro Glu Ala Asp Asp Ile
100 105 110

Lys Glu Thr Asn Arg Arg Leu Asp Glu Ile Ser Asp Tyr Ile Leu Glu
115 120 125

Lys Met Lys Gly Thr Asp Ile Lys Cys Leu Trp Gly Thr Ala Asn Met
130 135 140

Phe Gly Asn Pro Arg Tyr Met Asn Gly Ala Gly Ser Thr Asn Ser Ala
145 150 155 160

ES 2 626 804 T3

Asp Val Phe Cys Phe Ala Ala Ala Gln Ile Lys Lys Ala Leu Asp Leu
 165 170 175
 Thr Val Lys Leu Gly Gly Arg Gly Tyr Val Phe Trp Gly Gly Arg Glu
 180 185 190
 Gly Tyr Glu Thr Leu Leu Asn Thr Asp Met Lys Phe Glu Gln Glu Asn
 195 200 205
 Ile Ala Arg Leu Met His Leu Ala Val Asp Tyr Gly Arg Ser Ile Gly
 210 215 220
 Phe Thr Gly Asp Phe Tyr Ile Glu Pro Lys Pro Lys Glu Pro Met Lys
 225 230 235 240
 His Gln Tyr Asp Phe Asp Ala Ala Thr Ala Ile Gly Phe Leu Arg Gln
 245 250 255
 Tyr Gly Leu Asp Lys Asp Phe Lys Met Asn Ile Glu Ala Asn His Ala
 260 265 270
 Thr Leu Ala Gly His Thr Phe Gln His Asp Leu Arg Ile Ser Ala Ile
 275 280 285
 Asn Gly Met Leu Gly Ser Ile Asp Ala Asn Gln Gly Asp Leu Leu Leu
 290 295 300
 Gly Trp Asp Thr Asp Glu Phe Pro Phe Asn Val Tyr Glu Ala Thr Leu
 305 310 315 320
 Cys Met Tyr Glu Val Leu Lys Ala Gly Gly Leu Thr Gly Gly Phe Asn
 325 330 335
 Phe Asp Ser Lys Thr Arg Arg Pro Ser Tyr Thr Leu Glu Asp Met Phe
 340 345 350
 His Ala Tyr Ile Leu Gly Met Asp Thr Phe Ala Leu Gly Leu Ile Lys
 355 360 365
 Ala Ala Ala Leu Ile Glu Asp Gly Arg Leu Asp Gln Phe Val Ala Asp
 370 375 380
 Arg Tyr Ala Ser Tyr Lys Thr Gly Ile Gly Ala Lys Ile Arg Ser Gly
 385 390 395 400
 Glu Thr Thr Leu Ala Glu Leu Ala Ala Tyr Ala Asp Lys Leu Gly Ala
 405 410 415
 Pro Ala Leu Pro Ser Ser Gly Arg Gln Glu Tyr Leu Glu Ser Ile Val
 420 425 430
 Asn Ser Ile Leu Phe Gly
 435

<210> 36

<211> 438

<212> PRT

<213> bacterias no cultivadas de rumen de vaca

ES 2 626 804 T3

<400> 36

Met Ala Glu Ile Phe Lys Gly Ile Pro Glu Ile Arg Tyr Glu Gly Pro
1 5 10 15

Asn Ser Thr Asn Pro Leu Ser Phe Lys Tyr Tyr Asp Pro Asp Lys Val
20 25 30

Ile Leu Gly Lys Pro Met Lys Glu His Leu Pro Phe Ala Met Ala Trp
35 40 45

Trp His Asn Leu Gly Ala Ala Gly Thr Asp Met Phe Gly Arg Asp Thr
50 55 60

Ala Asp Lys Ser Phe Gly Ala Glu Lys Gly Thr Met Glu His Ala Lys
65 70 75 80

Ala Lys Val Asp Ala Gly Phe Glu Phe Met Lys Lys Leu Gly Ile Arg
85 90 95

Tyr Phe Cys Phe His Asp Val Asp Leu Val Pro Glu Ala Asp Asp Ile
100 105 110

Lys Val Thr Asn Ala Arg Leu Asp Glu Ile Ser Asp Tyr Ile Leu Glu
115 120 125

Lys Met Lys Gly Thr Asp Ile Lys Cys Leu Trp Gly Thr Ala Asn Met
130 135 140

Phe Ser Asn Pro Arg Phe Met Asn Gly Ala Gly Ser Thr Asn Ser Ala
145 150 155 160

Asp Val Phe Cys Phe Ala Ala Ala Gln Val Lys Lys Ala Leu Asp Ile
165 170 175

Thr Val Lys Leu Gly Gly Lys Gly Tyr Val Phe Trp Gly Gly Arg Glu
180 185 190

ES 2 626 804 T3

Gly Tyr Glu Thr Leu Leu Asn Thr Asp Val Lys Phe Glu Gln Glu Asn
195 200 205

Ile Ala Lys Leu Met His Leu Ala Val Asp Tyr Gly Arg Ser Ile Gly
210 215 220

Phe Lys Gly Asp Phe Phe Ile Glu Pro Lys Pro Lys Glu Pro Met Lys
225 230 235 240

His Gln Tyr Asp Phe Asp Ala Ala Thr Ala Ile Gly Phe Val Arg Gln
245 250 255

Tyr Gly Leu Asp Lys Asp Phe Lys Met Asn Ile Glu Ala Asn His Ala
260 265 270

Thr Leu Ala Gly His Thr Phe Gln His Glu Leu Arg Ile Ser Ala Ile
275 280 285

Asn Gly Met Leu Gly Ser Ile Asp Ala Asn Gln Gly Asp Met Leu Leu
290 295 300

Gly Trp Asp Thr Asp Glu Phe Pro Phe Asn Val Tyr Asp Thr Thr Leu
305 310 315 320

Cys Met Tyr Glu Val Leu Lys Asn Gly Gly Ile Pro Gly Gly Phe Asn
325 330 335

Phe Asp Ala Lys Asn Arg Arg Pro Ser Tyr Thr Ala Glu Asp Met Phe
340 345 350

Tyr Gly Phe Ile Leu Gly Met Asp Ser Phe Ala Leu Gly Leu Ile Lys
355 360 365

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

Arg Tyr Ala Ser Tyr Lys Asp Gly Ile Gly Lys Lys Ile Arg Asp Gly
385 390 395 400

Glu Thr Thr Leu Ala Glu Leu Ala Ala Tyr Ala Asp Gln Leu Gly Ala
405 410 415

Pro Lys Leu Pro Gly Ser Gly Arg Gln Glu Asp Leu Glu Ser Val Phe
420 425 430

Asn Gln Val Leu Phe Gly
435

<210> 37

<211> 442

<212> PRT

5 <213> Lachnospiraceae bacterium

<400> 37

ES 2 626 804 T3

Met	Lys	Glu	Phe	Phe	Pro	Ser	Ile	Ser	Pro	Ile	Lys	Phe	Glu	Gly	Ser	1	5	10	15
Glu	Ser	Lys	Asn	Pro	Leu	Ser	Phe	Lys	Tyr	Tyr	Asp	Ala	Lys	Arg	Val	20	25	30	
Ile	Met	Gly	Lys	Thr	Met	Glu	Glu	His	Leu	Ser	Phe	Ala	Met	Ala	Trp	35	40	45	
Trp	His	Asn	Leu	Cys	Ala	Ser	Gly	Val	Asp	Met	Phe	Gly	Gln	Gly	Thr	50	55	60	
Ala	Asp	Lys	Gly	Phe	Gly	Glu	Asn	Leu	Gly	Thr	Met	Glu	His	Ala	Lys	65	70	75	80
Ala	Lys	Val	Asp	Ala	Gly	Ile	Glu	Phe	Met	Gln	Lys	Leu	Gly	Ile	Lys	85	90	95	
Tyr	Tyr	Cys	Phe	His	Asp	Thr	Asp	Ile	Val	Pro	Glu	Asp	Gln	Glu	Asp	100	105	110	
Ile	Asn	Val	Thr	Asn	Ala	Arg	Leu	Asp	Glu	Ile	Thr	Asp	Tyr	Ile	Leu	115	120	125	
Glu	Lys	Thr	Lys	Gly	Thr	Asp	Ile	Lys	Cys	Leu	Trp	Ala	Thr	Cys	Asn	130	135	140	
Met	Phe	Ser	Asn	Pro	Arg	Phe	Met	Asn	Gly	Ala	Gly	Ser	Ser	Asn	Ser	145	150	155	160
Ala	Asp	Val	Phe	Cys	Phe	Ala	Ala	Ala	Gln	Ala	Lys	Lys	Gly	Leu	Glu	165	170	175	
Asn	Ala	Val	Lys	Leu	Gly	Ala	Lys	Gly	Phe	Val	Phe	Trp	Gly	Gly	Arg	180	185	190	
Glu	Gly	Tyr	Glu	Thr	Leu	Leu	Asn	Thr	Asp	Met	Lys	Leu	Glu	Glu	Glu	195	200	205	
Asn	Ile	Ala	Thr	Leu	Phe	Thr	Met	Cys	Arg	Asp	Tyr	Gly	Arg	Ser	Ile	210	215	220	

ES 2 626 804 T3

Gly Phe Lys Gly Asp Phe Tyr Ile Glu Pro Lys Pro Lys Glu Pro Met
 225 230 235 240
 Lys His Gln Tyr Asp Phe Asp Ala Ala Thr Ala Ile Gly Phe Leu Arg
 245 250 255
 Lys Tyr Gly Leu Asp Lys Asp Phe Lys Met Asn Ile Glu Ala Asn His
 260 265 270
 Ala Thr Leu Ala Gly His Thr Phe Gln His Glu Leu Arg Val Ser Ala
 275 280 285
 Ile Asn Gly Met Leu Gly Ser Val Asp Ala Asn Gln Gly Asp Thr Leu
 290 295 300
 Leu Gly Trp Asp Thr Asp Gln Phe Pro Thr Asn Val Tyr Asp Thr Thr
 305 310 315 320
 Leu Ala Met Tyr Glu Ile Leu Lys Ala Gly Gly Leu Ser Gly Gly Leu
 325 330 335
 Asn Phe Asp Ser Lys Asn Arg Arg Pro Ser Asn Thr Ala Glu Asp Met
 340 345 350
 Phe Tyr Gly Phe Ile Ala Gly Met Asp Thr Phe Ala Leu Gly Leu Ile
 355 360 365
 Lys Ala Ala Gln Ile Ile Glu Asp Gly Arg Ile Asp Glu Phe Val Lys
 370 375 380
 Glu Arg Tyr Ser Ser Tyr Asn Ser Gly Ile Gly Glu Lys Ile Arg Asn
 385 390 395 400
 Arg Ser Val Thr Leu Val Glu Cys Ala Glu Tyr Ala Leu Lys Met Lys
 405 410 415
 Lys Pro Glu Leu Pro Glu Ser Gly Arg Gln Glu Tyr Leu Glu Thr Val
 420 425 430
 Val Asn Asn Ile Phe Phe Asn Ser Lys Leu
 435 440

<210> 38

<211> 442

<212> PRT

5 <213> Lachnospiraceae bacterium

<400> 38

ES 2 626 804 T3

Met	Lys	Glu	Phe	Phe	Pro	Gly	Ile	Ser	Pro	Val	Lys	Phe	Glu	Gly	Ser	1	5	10	15
Glu	Ser	Lys	Asn	Pro	Leu	Ser	Phe	Lys	Tyr	Tyr	Asp	Ala	Lys	Arg	Val	20	25	30	
Ile	Met	Gly	Lys	Thr	Met	Glu	Glu	His	Leu	Ser	Phe	Ala	Met	Ala	Trp	35	40	45	
Trp	His	Asn	Leu	Cys	Ala	Ser	Gly	Val	Asp	Met	Phe	Gly	Gln	Gly	Thr	50	55	60	
Ala	Asp	Lys	Gly	Phe	Gly	Glu	Ser	Ser	Gly	Thr	Met	Gly	His	Ala	Lys	65	70	75	80
Ala	Lys	Val	Asp	Ala	Gly	Ile	Glu	Phe	Met	Lys	Lys	Leu	Gly	Ile	Lys	85	90	95	
Tyr	Tyr	Cys	Phe	His	Asp	Thr	Asp	Ile	Val	Pro	Glu	Asp	Gln	Glu	Asp	100	105	110	
Ile	Asn	Val	Thr	Asn	Ala	Arg	Leu	Asp	Glu	Ile	Thr	Asp	Tyr	Ile	Leu	115	120	125	
Glu	Lys	Thr	Lys	Gly	Ser	Asp	Ile	Lys	Cys	Leu	Trp	Thr	Thr	Cys	Asn	130	135	140	
Met	Phe	Gly	Asn	Pro	Arg	Phe	Met	Asn	Gly	Ala	Gly	Ser	Ser	Asn	Ser	145	150	155	160
Ala	Asp	Val	Phe	Cys	Phe	Ala	Ala	Ala	Gln	Ala	Lys	Lys	Gly	Leu	Glu	165	170	175	
Asn	Ala	Val	Lys	Leu	Gly	Ala	Lys	Gly	Phe	Val	Phe	Trp	Gly	Gly	Arg	180	185	190	
Glu	Gly	Tyr	Glu	Thr	Leu	Leu	Asn	Thr	Asp	Met	Lys	Leu	Glu	Glu	Glu	195	200	205	
Asn	Ile	Ala	Thr	Leu	Phe	Thr	Met	Cys	Arg	Asp	Tyr	Gly	Arg	Ser	Ile	210	215	220	
Gly	Phe	Lys	Gly	Asp	Phe	Tyr	Ile	Glu	Pro	Lys	Pro	Lys	Glu	Pro	Met	225	230	235	240
Lys	His	Gln	Tyr	Asp	Phe	Asp	Ala	Ala	Thr	Ala	Ile	Gly	Phe	Leu	Arg				

ES 2 626 804 T3

	245		250		255
Lys Tyr Gly	Leu Asp Lys Asp Phe Lys	Leu Asn Ile Glu	Ala Asn His		
	260	265	270		
Ala Thr Leu	Ala Gly His Thr Phe Gln His Glu	Leu Arg Val	Ser Ala		
	275	280	285		
Ile Asn Gly	Met Leu Gly Ser Val Asp Ala Asn	Gln Gly Asp	Thr Leu		
	290	295	300		
Leu Gly Trp	Asp Thr Asp Gln Phe Pro Thr Asn	Ile Tyr Asp	Thr Thr		
	305	310	315		320
Phe Ala Met	Tyr Glu Ile Leu Lys Ala Gly	Gly Leu Ser Gly	Gly Leu		
	325	330	335		
Asn Phe Asp	Ser Lys Asn Arg Arg Pro Ser Asn	Thr Ala Glu Asp	Met		
	340	345	350		
Phe Tyr Gly	Phe Ile Ala Gly Met Asp Thr Phe	Ala Leu Gly	Leu Ile		
	355	360	365		
Lys Ala Ala	Gln Ile Ile Glu Asp Gly Arg Ile	Asp Glu Phe	Ile Lys		
	370	375	380		
Glu Arg Tyr	Ser Ser Tyr Ser Thr Gly Ile Gly	Glu Lys Ile Arg	Asn		
	385	390	395	400	
Lys Ser Val	Thr Leu Glu Glu Cys Ala Glu Tyr	Ala Ala Lys	Leu Lys		
	405	410	415		
Lys Pro Glu	Leu Pro Glu Ser Gly Arg Gln Glu	Tyr Leu Glu	Thr Val		
	420	425	430		
Val Asn Asn	Ile Leu Phe Asn Ser Lys Leu				
	435	440			

<210> 39

<211> 439

<212> PRT

5 <213> Lachnospiraceae bacterium

<400> 39

Met Lys	Glu Phe	Phe Pro	Gly Ile	Ser Pro	Val Lys	Phe Glu	Gly Lys
1	5			10			15

Asp Ser Lys Asn Pro Leu Ser Phe Lys Tyr Tyr Asp Ala Lys Arg Val

ES 2 626 804 T3

20										25					30															
Ile	Met	Gly	Lys	Thr	Met	Glu	Glu	His	Leu	Ser	Phe	Ala	Met	Ala	Trp															
		35					40					45																		
Trp	His	Asn	Leu	Cys	Ala	Cys	Gly	Val	Asp	Met	Phe	Gly	Gln	Gly	Thr															
	50					55					60																			
Ile	Asp	Lys	Ser	Phe	Gly	Ala	Leu	Pro	Gly	Thr	Met	Glu	His	Ala	Lys															
65					70					75					80															
Ala	Lys	Val	Asp	Ala	Gly	Ile	Glu	Phe	Met	Gln	Lys	Leu	Gly	Ile	Lys															
				85					90					95																
Tyr	Tyr	Cys	Phe	His	Asp	Thr	Asp	Ile	Val	Pro	Glu	Asp	Gln	Glu	Asp															
			100					105					110																	
Ile	Asn	Val	Thr	Asn	Ala	Arg	Leu	Asp	Glu	Ile	Thr	Asp	Tyr	Ile	Leu															
		115					120					125																		
Glu	Lys	Thr	Lys	Gly	Thr	Asp	Ile	Lys	Cys	Leu	Trp	Thr	Thr	Cys	Asn															
	130					135					140																			
Met	Phe	Ser	Asn	Pro	Arg	Phe	Met	Asn	Gly	Ala	Gly	Ser	Ser	Asn	Ser															
145					150					155					160															
Ala	Asp	Val	Phe	Cys	Phe	Ala	Ala	Ala	Gln	Ala	Lys	Lys	Gly	Leu	Glu															
				165					170					175																
Asn	Ala	Val	Lys	Leu	Gly	Ala	Lys	Gly	Phe	Val	Phe	Trp	Gly	Gly	Arg															
			180					185					190																	
Glu	Gly	Tyr	Glu	Thr	Leu	Leu	Asn	Thr	Asp	Met	Lys	Leu	Glu	Glu	Glu															
		195					200					205																		
Asn	Ile	Ala	Thr	Leu	Phe	Thr	Met	Cys	Arg	Asp	Tyr	Gly	Arg	Ser	Ile															
	210					215					220																			
Gly	Phe	Met	Gly	Asp	Phe	Tyr	Ile	Glu	Pro	Lys	Pro	Lys	Glu	Pro	Met															
225					230					235					240															
Lys	His	Gln	Tyr	Asp	Phe	Asp	Ala	Ala	Thr	Ala	Ile	Gly	Phe	Leu	Arg															
				245					250					255																
Lys	Tyr	Gly	Leu	Glu	Lys	Asp	Phe	Lys	Met	Asn	Ile	Glu	Ala	Asn	His															
			260					265					270																	

ES 2 626 804 T3

Ala Thr Leu Ala Gly His Thr Phe Gln His Glu Leu Arg Val Cys Ala
275 280 285

Val Asn Gly Met Ile Gly Ser Val Asp Ala Asn Gln Gly Asp Thr Leu
290 295 300

Leu Gly Trp Asp Thr Asp Gln Phe Pro Thr Asn Val Tyr Asp Thr Thr
305 310 315 320

Leu Ala Met Tyr Glu Ile Leu Lys Ala Gly Gly Leu Arg Gly Gly Leu
325 330 335

Asn Phe Asp Ser Lys Asn Arg Arg Pro Ser Asn Thr Ala Asp Asp Met
340 345 350

Phe Tyr Gly Phe Ile Ala Gly Met Asp Ala Phe Ala Leu Gly Leu Ile
355 360 365

Lys Ala Ala Glu Ile Ile Glu Asp Gly Arg Ile Asp Glu Phe Val Lys
370 375 380

Glu Arg Tyr Ser Ser Tyr Asn Ser Gly Ile Gly Glu Lys Ile Arg Asn
385 390 395 400

Arg Ala Val Thr Leu Val Glu Cys Ala Glu Tyr Ala Ala Lys Leu Lys
405 410 415

Lys Pro Glu Leu Pro Asp Ser Gly Lys Gln Glu Tyr Leu Glu Ser Val
420 425 430

Val Asn Asn Ile Leu Phe Gly
435

<210> 40

<211> 443

<212> PRT

5 <213> bacteria no cultivada

<400> 40

Met Ser Val Val Leu Gly Asp Lys Glu Tyr Phe Pro Gly Val Gly Lys
1 5 10 15

Ile Ala Tyr Glu Gly Pro Glu Ser Asp Asn Pro Leu Ser Phe Lys Trp
20 25 30

Tyr Asp Glu Asn Arg Val Val Ala Gly Lys Thr Leu Lys Asp His Phe
35 40 45

ES 2 626 804 T3

Lys Phe Ala Val Cys Tyr Trp His Thr Phe Cys Gly Ala Gly His Asp
 50 55 60
 Ser Phe Gly Pro Gly Pro Phe Val Phe Pro Trp Gly Ala Gly Ser Asp
 65 70 75 80
 Ala Leu Ser Arg Ala Lys Met Lys Ala Asp Ala Ala Phe Glu Phe Ile
 85 90 95
 Thr Lys Leu Gly Val Pro Tyr Tyr Cys Phe His Asp Ile Asp Leu Ile
 100 105 110
 Glu Glu Gly Ser Ser Arg Ala Glu Thr Ala Lys Arg Val Met Asp Ile
 115 120 125
 Val Glu Tyr Ala Lys Gln Lys Gln Ala Ala Ser Gly Val Lys Leu Leu
 130 135 140
 Trp Gly Thr Ala Asn Leu Phe Ser Asn Pro Arg Tyr Ile Asn Gly Ala
 145 150 155 160
 Ser Thr Asn Pro Asp Phe Ala Val Val Ala His Ala Gly Ala Gln Leu
 165 170 175
 Lys Asp Ala Leu Asp Ala Thr Ile Ala Leu Gly Gly Glu Asn Tyr Val
 180 185 190
 Phe Trp Gly Gly Arg Glu Gly Tyr Met Ser Pro Leu Asn Thr Asp Met
 195 200 205
 Lys Arg Glu Val Glu Arg Phe Ala Arg Phe Leu Thr Met Ala Arg Asp
 210 215 220
 Tyr Ala Arg Gly Gln Gly Phe Lys Gly Val Phe Phe Ile Glu Pro Lys
 225 230 235 240
 Pro Met Glu Pro Ser Lys His Gln Tyr Asp Phe Asp Cys Ala Thr Val
 245 250 255
 Ile Gly Phe Leu Arg Gln Tyr Gly Leu Asp Lys Asp Phe Lys Leu Asn
 260 265 270
 Ile Glu Thr Asn His Ala Thr Leu Ala Gly His Thr Met Glu His Glu
 275 280 285
 Met Gln Val Ala Ala Asp Ala Gly Met Leu Gly Ser Ile Asp Ala Asn
 290 295 300

ES 2 626 804 T3

Arg Gly Asp Tyr Gln Asn Ala Trp Asp Thr Asp Gln Phe Pro Asn Asn
305 310 315 320

Ile Asn Glu Thr Thr Glu Met Met Leu Val Leu Leu Arg Ser Gly Gly
325 330 335

Phe Gln Gly Gly Gly Val Asn Phe Asp Ala Lys Arg Arg Arg Asn Ser
340 345 350

Thr Asp Pro Asn Asp Thr Phe His Gly His Ile Gly Gly Met Asp Thr
355 360 365

Phe Ala Arg Ser Leu Ile Ile Ala Gly Asp Ile Leu Glu Lys Ser Pro
370 375 380

Ile Glu Lys Met Arg Lys Glu Arg Tyr Ala Ser Phe Asp Ala Gly Lys
385 390 395 400

Gly Ala Glu Phe Glu Ala Gly Lys Leu Ser Leu Val Gln Leu Ala Glu
405 410 415

Leu Gly Asn Lys Gly Gly Glu Pro Thr Gln Lys Ser Gly Arg Gln Glu
420 425 430

Leu Tyr Glu Asn Ile Met Asn Arg Trp Ile Arg
435 440

<210> 41

<211> 442

<212> PRT

5 <213> bacteria no cultivada

<400> 41

Met Lys Leu Thr Val Gly Asp Lys Glu Tyr Phe Lys Gly Ile Lys Pro
1 5 10 15

Ile Lys Phe Glu Gly Lys Asp Ser Asp Asn Pro Leu Ala Phe Lys Tyr
20 25 30

Tyr Asn Pro Ser Gln Lys Val Gly Lys Lys Thr Met Glu Glu His Phe
35 40 45

Arg Phe Ala Ile Ala Tyr Trp His Thr Phe Cys Gly Thr Gly Gly Asp
50 55 60

Pro Phe Gly Pro Gly Thr Lys Thr Phe Pro Trp Leu Gln Asn Ser Asp
65 70 75 80

ES 2 626 804 T3

Ala Val Gln Arg Ala Tyr Asp Lys Met Asp Ala Ala Phe Glu Phe Ile
 85 90 95
 Thr Lys Ile Gly Ala Pro Phe Tyr Cys Phe His Asp Tyr Asp Leu Val
 100 105 110
 Asp Glu Gly Pro Thr Leu Lys Glu Ser Glu Ser Arg Leu Gln Lys Val
 115 120 125
 Val Asp Tyr Ala Lys Lys Lys Gln Lys Ala Ser Gly Val Lys Leu Leu
 130 135 140
 Trp Gly Thr Ala Asn Leu Phe Ser His Pro Arg Tyr Met Asn Gly Ala
 145 150 155 160
 Ala Thr Asn Pro Asp Phe Asp Val Val Cys Tyr Ala Ala Ser Gln Val
 165 170 175
 Lys Asn Ala Leu Asp Ala Thr Ile Ala Leu Gly Gly Ala Asn Tyr Val
 180 185 190
 Phe Trp Gly Gly Arg Glu Gly Tyr Met Ser Leu Leu Asn Thr Asn Met
 195 200 205
 Lys Arg Glu Gln Glu His Met Ala Lys Phe Leu His Met Ala Lys Asp
 210 215 220
 Tyr Ala Arg Ala Asn Gly Phe Lys Gly Thr Phe Phe Ile Glu Pro Lys
 225 230 235 240
 Pro Met Glu Pro Ser Lys His Gln Tyr Asp Phe Asp Ser Ala Thr Val
 245 250 255
 Ile Gly Phe Leu Arg Gln Phe Asp Leu Leu Gly Asp Phe Lys Leu Asn
 260 265 270
 Ile Glu Val Asn His Ala Thr Leu Ala His His Thr Phe Gln His Glu
 275 280 285
 Leu Gln Val Ala Ala Asp Ala Gly Ala Leu Gly Ser Ile Asp Ala Asn
 290 295 300
 Arg Gly Asp Tyr Gln Asn Gly Trp Asp Thr Asp Gln Phe Pro Asn Asn
 305 310 315 320
 Leu Tyr Glu Leu Ala Glu Ser Met Leu Val Ile Leu Glu Ala Gly Gly
 325 330 335

ES 2 626 804 T3

Phe Lys Ser Gly Gly Val Asn Phe Asp Ala Lys Thr Arg Arg Asn Ser
340 345 350

Thr Asp Leu Val Asp Ile Phe His Ala His Ile Gly Gly Met Asp Thr
355 360 365

Phe Ala Arg Ser Leu Leu Ile Ala Gln Ala Val Leu Asp Asn Gly Glu
370 375 380

Tyr Thr Lys Ile Arg Lys Asp Arg Tyr Ser Ser Phe Asp Ser Gly Lys
385 390 395 400

Gly Lys Gln Phe Asp Gln Gly Lys Leu Ser Leu Glu Asp Leu Arg Asn
405 410 415

Leu Ala His Lys Ala Gly Glu Pro Lys Gln Leu Ser Gly Lys Gln Glu
420 425 430

Tyr Ile Glu Asn Leu Ile Ser Arg Phe Ile
435 440

<210> 42

<211> 387

<212> PRT

5 <213> Thermus thermophilus

<400> 42

Met Tyr Glu Pro Lys Pro Glu His Arg Phe Thr Phe Gly Leu Trp Thr
1 5 10 15

Val Gly Asn Val Gly Arg Asp Pro Phe Gly Asp Ala Val Arg Glu Arg
20 25 30

Leu Asp Pro Val Tyr Val Val His Lys Leu Ala Glu Leu Gly Ala Tyr
35 40 45

Gly Val Asn Leu His Asp Glu Asp Leu Ile Pro Arg Gly Thr Pro Pro
50 55 60

Gln Glu Arg Asp Gln Ile Val Arg Arg Phe Lys Lys Ala Leu Asp Glu
65 70 75 80

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

Ala Phe Lys Asp Gly Ala Phe Thr Ser Pro Asp Pro Trp Val Arg Ala
100 105 110

ES 2 626 804 T3

Tyr Ala Leu Arg Lys Ser Leu Glu Thr Met Asp Leu Gly Ala Glu Leu
 115 120 125
 Gly Ala Glu Ile Tyr Val Val Trp Pro Gly Arg Glu Gly Ala Glu Val
 130 135 140
 Glu Ala Thr Gly Lys Ala Arg Lys Val Trp Asp Trp Val Arg Glu Ala
 145 150 155 160
 Leu Asn Phe Met Ala Ala Tyr Ala Glu Asp Gln Gly Tyr Gly Tyr Arg
 165 170 175
 Phe Ala Leu Glu Pro Lys Pro Asn Glu Pro Arg Gly Asp Ile Tyr Phe
 180 185 190
 Ala Thr Val Gly Ser Met Leu Ala Phe Ile His Thr Leu Asp Arg Pro
 195 200 205
 Glu Arg Phe Gly Leu Asn Pro Glu Phe Ala His Glu Thr Met Ala Gly
 210 215 220
 Leu Asn Phe Val His Ala Val Ala Gln Ala Leu Asp Ala Gly Lys Leu
 225 230 235 240
 Phe His Ile Asp Leu Asn Asp Gln Arg Met Ser Arg Phe Asp Gln Asp
 245 250 255
 Leu Arg Phe Gly Ser Glu Asn Leu Lys Ala Ala Phe Phe Leu Val Asp
 260 265 270
 Leu Leu Glu Ser Ser Gly Tyr Gln Gly Pro Arg His Phe Asp Ala His
 275 280 285
 Ala Leu Arg Thr Glu Asp Glu Glu Gly Val Trp Ala Phe Ala Arg Gly
 290 295 300
 Cys Met Arg Thr Tyr Leu Ile Leu Lys Glu Arg Ala Glu Ala Phe Arg
 305 310 315 320
 Glu Asp Pro Glu Val Lys Glu Leu Leu Ala Ala Tyr Tyr Gln Glu Asp
 325 330 335
 Pro Ala Ala Leu Ala Leu Leu Gly Pro Tyr Ser Arg Glu Lys Ala Glu
 340 345 350
 Ala Leu Lys Arg Ala Glu Leu Pro Leu Glu Ala Lys Arg Arg Arg Gly
 355 360 365
 Tyr Ala Leu Glu Arg Leu Asp Gln Leu Ala Val Glu Tyr Leu Leu Gly
 370 375 380
 Val Arg Gly
 385
 <210> 43

ES 2 626 804 T3

<211> 440

<212> PRT

<213> Escherichia coli

<400> 43

Met Gln Ala Tyr Phe Asp Gln Leu Asp Arg Val Arg Tyr Glu Gly Ser
1 5 10 15

Lys Ser Ser Asn Pro Leu Ala Phe Arg His Tyr Asn Pro Asp Glu Leu
20 25 30

Val Leu Gly Lys Arg Met Glu Glu His Leu Arg Phe Ala Ala Cys Tyr
35 40 45

Trp His Thr Phe Cys Trp Asn Gly Ala Asp Met Phe Gly Val Gly Ala
50 55 60

Phe Asn Arg Pro Trp Gln Gln Pro Gly Glu Ala Leu Ala Leu Ala Lys
65 70 75 80

Arg Lys Ala Asp Val Ala Phe Glu Phe Phe His Lys Leu His Val Pro
85 90 95

Phe Tyr Cys Phe His Asp Val Asp Val Ser Pro Glu Gly Ala Ser Leu
100 105 110

Lys Glu Tyr Ile Asn Asn Phe Ala Gln Met Val Asp Val Leu Ala Gly
115 120 125

Lys Gln Glu Glu Ser Gly Val Lys Leu Leu Trp Gly Thr Ala Asn Cys
130 135 140

Phe Thr Asn Pro Arg Tyr Gly Ala Gly Ala Ala Thr Asn Pro Asp Pro
145 150 155 160

Glu Val Phe Ser Trp Ala Ala Thr Gln Val Val Thr Ala Met Glu Ala
165 170 175

5 Thr His Lys Leu Gly Gly Glu Asn Tyr Val Leu Trp Gly Gly Arg Glu

ES 2 626 804 T3

180	185	190
Gly Tyr Glu Thr Leu Leu Asn Thr Asp Leu Arg Gln Glu Arg Glu Gln 195 200 205		
Leu Gly Arg Phe Met Gln Met Val Val Glu His Lys His Lys Ile Gly 210 215 220		
Phe Gln Gly Thr Leu Leu Ile Glu Pro Lys Pro Gln Glu Pro Thr Lys 225 230 235 240		
His Gln Tyr Asp Tyr Asp Ala Ala Thr Val Tyr Gly Phe Leu Lys Gln 245 250 255		
Phe Gly Leu Glu Lys Glu Ile Lys Leu Asn Ile Glu Ala Asn His Ala 260 265 270		
Thr Leu Ala Gly His Ser Phe His His Glu Ile Ala Thr Ala Ile Ala 275 280 285		
Leu Gly Leu Phe Gly Ser Val Asp Ala Asn Arg Gly Asp Ala Gln Leu 290 295 300		
Gly Trp Asp Thr Asp Gln Phe Pro Asn Ser Val Glu Glu Asn Ala Leu 305 310 315 320		
Val Met Tyr Glu Ile Leu Lys Ala Gly Gly Phe Thr Thr Gly Gly Leu 325 330 335		
Asn Phe Asp Ala Lys Val Arg Arg Gln Ser Thr Asp Lys Tyr Asp Leu 340 345 350		
Phe Tyr Gly His Ile Gly Ala Met Asp Thr Met Ala Leu Ala Leu Lys 355 360 365		
Ile Ala Ala Arg Met Ile Glu Asp Gly Glu Leu Asp Lys Arg Ile Ala 370 375 380		
Gln Arg Tyr Ser Gly Trp Asn Ser Glu Leu Gly Gln Gln Ile Leu Lys 385 390 395 400		
Gly Gln Met Ser Leu Ala Asp Leu Ala Lys Tyr Ala Gln Glu His His 405 410 415		
Leu Ser Pro Val His Gln Ser Gly Arg Gln Glu Gln Leu Glu Asn Leu 420 425 430		
Val Asn His Tyr Leu Phe Asp Lys 435 440		

<210> 44

<211> 600

<212> PRT

<213> Saccharomyces cerevisiae

<400> 44

ES 2 626 804 T3

Met	Leu	Cys	Ser	Val	Ile	Gln	Arg	Gln	Thr	Arg	Glu	Val	Ser	Asn	Thr	1	5	10	15
Met	Ser	Leu	Asp	Ser	Tyr	Tyr	Leu	Gly	Phe	Asp	Leu	Ser	Thr	Gln	Gln	20	25	30	
Leu	Lys	Cys	Leu	Ala	Ile	Asn	Gln	Asp	Leu	Lys	Ile	Val	His	Ser	Glu	35	40	45	
Thr	Val	Glu	Phe	Glu	Lys	Asp	Leu	Pro	His	Tyr	His	Thr	Lys	Lys	Gly	50	55	60	
Val	Tyr	Ile	His	Gly	Asp	Thr	Ile	Glu	Cys	Pro	Val	Ala	Met	Trp	Leu	65	70	75	80
Glu	Ala	Leu	Asp	Leu	Val	Leu	Ser	Lys	Tyr	Arg	Glu	Ala	Lys	Phe	Pro	85	90	95	
Leu	Asn	Lys	Val	Met	Ala	Val	Ser	Gly	Ser	Cys	Gln	Gln	His	Gly	Ser	100	105	110	
Val	Tyr	Trp	Ser	Ser	Gln	Ala	Glu	Ser	Leu	Leu	Glu	Gln	Leu	Asn	Lys	115	120	125	
Lys	Pro	Glu	Lys	Asp	Leu	Leu	His	Tyr	Val	Ser	Ser	Val	Ala	Phe	Ala	130	135	140	
Arg	Gln	Thr	Ala	Pro	Asn	Trp	Gln	Asp	His	Ser	Thr	Ala	Lys	Gln	Cys	145	150	155	160
Gln	Glu	Phe	Glu	Glu	Cys	Ile	Gly	Gly	Pro	Glu	Lys	Met	Ala	Gln	Leu	165	170	175	
Thr	Gly	Ser	Arg	Ala	His	Phe	Arg	Phe	Thr	Gly	Pro	Gln	Ile	Leu	Lys	180	185	190	
Ile	Ala	Gln	Leu	Glu	Pro	Glu	Ala	Tyr	Glu	Lys	Thr	Lys	Thr	Ile	Ser	195	200	205	

ES 2 626 804 T3

Leu Val Ser Asn Phe Leu Thr Ser Ile Leu Val Gly His Leu Val Glu
 210 215 220
 Leu Glu Glu Ala Asp Ala Cys Gly Met Asn Leu Tyr Asp Ile Arg Glu
 225 230 235 240
 Arg Lys Phe Ser Asp Glu Leu Leu His Leu Ile Asp Ser Ser Ser Lys
 245 250 255
 Asp Lys Thr Ile Arg Gln Lys Leu Met Arg Ala Pro Met Lys Asn Leu
 260 265 270
 Ile Ala Gly Thr Ile Cys Lys Tyr Phe Ile Glu Lys Tyr Gly Phe Asn
 275 280 285
 Thr Asn Cys Lys Val Ser Pro Met Thr Gly Asp Asn Leu Ala Thr Ile
 290 295 300
 Cys Ser Leu Pro Leu Arg Lys Asn Asp Val Leu Val Ser Leu Gly Thr
 305 310 315 320
 Ser Thr Thr Val Leu Leu Val Thr Asp Lys Tyr His Pro Ser Pro Asn
 325 330 335
 Tyr His Leu Phe Ile His Pro Thr Leu Pro Asn His Tyr Met Gly Met
 340 345 350
 Ile Cys Tyr Cys Asn Gly Ser Leu Ala Arg Glu Arg Ile Arg Asp Glu
 355 360 365
 Leu Asn Lys Glu Arg Glu Asn Asn Tyr Glu Lys Thr Asn Asp Trp Thr
 370 375 380
 Leu Phe Asn Gln Ala Val Leu Asp Asp Ser Glu Ser Ser Glu Asn Glu
 385 390 395 400
 Leu Gly Val Tyr Phe Pro Leu Gly Glu Ile Val Pro Ser Val Lys Ala
 405 410 415
 Ile Asn Lys Arg Val Ile Phe Asn Pro Lys Thr Gly Met Ile Glu Arg
 420 425 430
 Glu Val Ala Lys Phe Lys Asp Lys Arg His Asp Ala Lys Asn Ile Val
 435 440 445
 Glu Ser Gln Ala Leu Ser Cys Arg Val Arg Ile Ser Pro Leu Leu Ser
 450 455 460

ES 2 626 804 T3

Asp Ser Asn Ala Ser Ser Gln Gln Arg Leu Asn Glu Asp Thr Ile Val
465 470 475 480

Lys Phe Asp Tyr Asp Glu Ser Pro Leu Arg Asp Tyr Leu Asn Lys Arg
485 490 495

Pro Glu Arg Thr Phe Phe Val Gly Gly Ala Ser Lys Asn Asp Ala Ile
500 505 510

Val Lys Lys Phe Ala Gln Val Ile Gly Ala Thr Lys Gly Asn Phe Arg
515 520 525

Leu Glu Thr Pro Asn Ser Cys Ala Leu Gly Gly Cys Tyr Lys Ala Met
530 535 540

Trp Ser Leu Leu Tyr Asp Ser Asn Lys Ile Ala Val Pro Phe Asp Lys
545 550 555 560

Phe Leu Asn Asp Asn Phe Pro Trp His Val Met Glu Ser Ile Ser Asp
565 570 575

Val Asp Asn Glu Asn Trp Asp Arg Tyr Asn Ser Lys Ile Val Pro Leu
580 585 590

Ser Glu Leu Glu Lys Thr Leu Ile
595 600

<210> 45

<211> 623

<212> PRT

5 <213> Pichia stipitis

<400> 45

Met Thr Thr Thr Pro Phe Asp Ala Pro Asp Lys Leu Phe Leu Gly Phe
1 5 10 15

Asp Leu Ser Thr Gln Gln Leu Lys Ile Ile Val Thr Asp Glu Asn Leu
20 25 30

Ala Ala Leu Lys Thr Tyr Asn Val Glu Phe Asp Ser Ile Asn Ser Ser
35 40 45

Val Gln Lys Gly Val Ile Ala Ile Asn Asp Glu Ile Ser Lys Gly Ala
50 55 60

Ile Ile Ser Pro Val Tyr Met Trp Leu Asp Ala Leu Asp His Val Phe
65 70 75 80

ES 2 626 804 T3

Glu Asp Met Lys Lys Asp Gly Phe Pro Phe Asn Lys Val Val Gly Ile
 85 90 95
 Ser Gly Ser Cys Gln Gln His Gly Ser Val Tyr Trp Ser Arg Thr Ala
 100 105 110
 Glu Lys Val Leu Ser Glu Leu Asp Ala Glu Ser Ser Leu Ser Ser Gln
 115 120 125
 Met Arg Ser Ala Phe Thr Phe Lys His Ala Pro Asn Trp Gln Asp His
 130 135 140
 Ser Thr Gly Lys Glu Leu Glu Glu Phe Glu Arg Val Ile Gly Ala Asp
 145 150 155 160
 Ala Leu Ala Asp Ile Ser Gly Ser Arg Ala His Tyr Arg Phe Thr Gly
 165 170 175
 Leu Gln Ile Arg Lys Leu Ser Thr Arg Phe Lys Pro Glu Lys Tyr Asn
 180 185 190
 Arg Thr Ala Arg Ile Ser Leu Val Ser Ser Phe Val Ala Ser Val Leu
 195 200 205
 Leu Gly Arg Ile Thr Ser Ile Glu Glu Ala Asp Ala Cys Gly Met Asn
 210 215 220
 Leu Tyr Asp Ile Glu Lys Arg Glu Phe Asn Glu Glu Leu Leu Ala Ile
 225 230 235 240
 Ala Ala Gly Val His Pro Glu Leu Asp Gly Val Glu Gln Asp Gly Glu
 245 250 255
 Ile Tyr Arg Ala Gly Ile Asn Glu Leu Lys Arg Lys Leu Gly Pro Val
 260 265 270
 Lys Pro Ile Thr Tyr Glu Ser Glu Gly Asp Ile Ala Ser Tyr Phe Val
 275 280 285
 Thr Arg Tyr Gly Phe Asn Pro Asp Cys Lys Ile Tyr Ser Phe Thr Gly
 290 295 300
 Asp Asn Leu Ala Thr Ile Ile Ser Leu Pro Leu Ala Pro Asn Asp Ala
 305 310 315 320
 Leu Ile Ser Leu Gly Thr Ser Thr Thr Val Leu Ile Ile Thr Lys Asn
 325 330 335

ES 2 626 804 T3

Tyr Ala Pro Ser Ser Gln Tyr His Leu Phe Lys His Pro Thr Met Pro
 340 345 350
 Asp His Tyr Met Gly Met Ile Cys Tyr Cys Asn Gly Ser Leu Ala Arg
 355 360 365
 Glu Lys Val Arg Asp Glu Val Asn Glu Lys Phe Asn Val Glu Asp Lys
 370 375 380
 Lys Ser Trp Asp Lys Phe Asn Glu Ile Leu Asp Lys Ser Thr Asp Phe
 385 390 395 400
 Asn Asn Lys Leu Gly Ile Tyr Phe Pro Leu Gly Glu Ile Val Pro Asn
 405 410 415
 Ala Ala Ala Gln Ile Lys Arg Ser Val Leu Asn Ser Lys Asn Glu Ile
 420 425 430
 Val Asp Val Glu Leu Gly Asp Lys Asn Trp Gln Pro Glu Asp Asp Val
 435 440 445
 Ser Ser Ile Val Glu Ser Gln Thr Leu Ser Cys Arg Leu Arg Thr Gly
 450 455 460
 Pro Met Leu Ser Lys Ser Gly Asp Ser Ser Ala Ser Ser Ser Ala Ser
 465 470 475 480
 Pro Gln Pro Glu Gly Asp Gly Thr Asp Leu His Lys Val Tyr Gln Asp
 485 490 495
 Leu Val Lys Lys Phe Gly Asp Leu Tyr Thr Asp Gly Lys Lys Gln Thr
 500 505 510
 Phe Glu Ser Leu Thr Ala Arg Pro Asn Arg Cys Tyr Tyr Val Gly Gly
 515 520 525
 Ala Ser Asn Asn Gly Ser Ile Ile Arg Lys Met Gly Ser Ile Leu Ala
 530 535 540
 Pro Val Asn Gly Asn Tyr Lys Val Asp Ile Pro Asn Ala Cys Ala Leu
 545 550 555 560
 Gly Gly Ala Tyr Lys Ala Ser Trp Ser Tyr Glu Cys Glu Ala Lys Lys
 565 570 575
 Glu Trp Ile Gly Tyr Asp Gln Tyr Ile Asn Arg Leu Phe Glu Val Ser
 580 585 590
 Asp Glu Met Asn Ser Phe Glu Val Lys Asp Lys Trp Leu Glu Tyr Ala
 595 600 605
 Asn Gly Val Gly Met Leu Ala Lys Met Glu Ser Glu Leu Lys His
 610 615 620
 <210> 46

<211> 575

<212> PRT

<213> Hypocrea jecorina

<400> 46

Met Ser Glu Glu Lys Gly Pro Leu Tyr Leu Gly Phe Asp Leu Ser Thr
 1 5 10 15

Gln Gln Leu Lys Ala Ile Val Val Asn Ser Asn Leu Lys Ser Ile Ala
 20 25 30

Glu Ala Lys Val Asp Phe Asp Gln Asp Phe Gly Pro Gln Tyr Gly Ile
 35 40 45

Gln Lys Gly Val His Val Arg Glu Ser Thr Gly Glu Val Phe Ala Pro
 50 55 60

Val Ala Leu Trp Leu Glu Ser Leu Asp Leu Val Leu Ser Arg Leu Ser
 65 70 75 80

Lys Ala Met His Pro Leu Pro Met Ser Arg Ile Arg Gly Val Ser Gly
 85 90 95

Ser Gly Gln Gln His Gly Ala Val Phe Trp Asn Ala Ser Ala Glu Glu
 100 105 110

Leu Leu Gly Gly Leu Asp Ala Ala Lys Gly Ser Leu Val Glu Gln Leu
 115 120 125

Arg Gly Ala Leu Ala His Glu Phe Ala Pro Asn Trp Gln Asp His Ser
 130 135 140

Thr Gln Glu Glu Leu Val Ala Phe Asp Ala Glu Leu Gly Asp Arg Glu
 145 150 155 160

Lys Leu Ala Glu Val Thr Gly Ser Gly Ala His His Arg Phe Thr Gly
 165 170 175

5 Leu Gln Ile Met Arg Ile Arg Arg Val Leu Pro Gln Val Tyr Ala Asn

ES 2 626 804 T3

180							185					190				
Ala	Lys	Arg	Ile	Ser	Leu	Val	Ser	Ser	Trp	Leu	Ala	Ser	Val	Leu	Met	
		195					200					205				
Gly	Ser	Ile	Ala	Pro	Leu	Asp	Val	Ser	Asp	Val	Cys	Gly	Met	Asn	Leu	
		210					215					220				
Trp	Asp	Ile	Pro	Asn	Gln	Ala	Trp	Ser	Glu	Lys	Leu	Leu	Ala	Leu	Ser	
		225					230					235				
Gly	Gly	Gly	Gly	Leu	Asp	Gly	Ala	Ala	Asn	Leu	Arg	Arg	Lys	Leu	Gly	
				245					250					255		
Glu	Pro	Arg	Met	Asp	Gly	Gly	Gly	Ser	Met	Gly	Ser	Ile	Ser	Arg	Tyr	
			260					265					270			
Tyr	Val	Ser	Lys	Tyr	Gly	Phe	Ser	Pro	Glu	Cys	Gln	Ile	Thr	Pro	Phe	
		275					280					285				
Thr	Gly	Asp	Asn	Pro	Ala	Thr	Ile	Leu	Ala	Leu	Pro	Leu	Arg	Pro	Leu	
		290					295					300				
Asp	Ala	Ile	Val	Ser	Leu	Gly	Thr	Ser	Thr	Thr	Phe	Leu	Met	Asn	Thr	
		305					310					315				
Pro	Ala	Tyr	Lys	Pro	Asp	Gly	Ser	Tyr	His	Phe	Phe	Asn	His	Pro	Thr	
				325					330					335		
Thr	Pro	Gly	Asn	Tyr	Met	Phe	Met	Leu	Cys	Tyr	Lys	Asn	Gly	Gly	Leu	
			340					345					350			
Ala	Arg	Glu	Lys	Val	Arg	Asp	Thr	Leu	Pro	Lys	Pro	Glu	Gly	Gly	Ala	
		355					360					365				
Thr	Gly	Trp	Glu	Thr	Phe	Asn	Glu	Ala	Ile	Met	Ala	Thr	Lys	Pro	Leu	
		370					375					380				
Gly	Ile	Glu	Ser	Asp	Gly	Asp	Arg	Ala	Lys	Leu	Gly	Leu	Tyr	Phe	Tyr	
		385					390					395				
Leu	Arg	Glu	Thr	Val	Pro	Asn	Ile	Arg	Ala	Gly	Thr	Trp	Arg	Phe	Thr	
				405					410					415		
Cys	Arg	Gln	Asp	Gly	Ser	Asp	Leu	Gln	Glu	Ala	Arg	Glu	Ala	Trp	Pro	
			420					425					430			

ES 2 626 804 T3

Lys Glu Ala Asp Ala Arg Ala Ile Val Glu Ser Gln Ala Leu Ser Met
435 440 445

Arg Leu Arg Ser Gln Lys Leu Val His Ser Pro Arg Asp Gly Leu Pro
450 455 460

Ala Gln Pro Arg Arg Ile Tyr Val Val Gly Gly Gly Ser Leu Asn Pro
465 470 475 480

Ala Ile Thr Arg Val Leu Gly Glu Val Leu Gly Gly Ala Asp Gly Val
485 490 495

Tyr Lys Leu Asp Val Gly Gly Asn Ala Cys Ala Leu Gly Gly Ala Tyr
500 505 510

Lys Ala Leu Trp Ala Leu Glu Arg Lys Asp Gly Glu Thr Phe Asp Asp
515 520 525

Leu Ile Gly Gly Arg Trp Thr Glu Glu Gly Ser Ile Asp Lys Val Asp
530 535 540

Val Gly Tyr Arg Glu Gly Thr Tyr Glu Arg Tyr Gly Lys Val Leu Gly
545 550 555 560

Ala Phe Glu Glu Met Glu Arg Arg Leu Leu Ala Glu Glu Glu His
565 570 575

<210> 47

<211> 335

<212> PRT

5 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 47

Met Ser Glu Pro Ala Gln Lys Lys Gln Lys Val Ala Asn Asn Ser Leu
1 5 10 15

Glu Gln Leu Lys Ala Ser Gly Thr Val Val Val Ala Asp Thr Gly Asp
20 25 30

Phe Gly Ser Ile Ala Lys Phe Gln Pro Gln Asp Ser Thr Thr Asn Pro
35 40 45

Ser Leu Ile Leu Ala Ala Ala Lys Gln Pro Thr Tyr Ala Lys Leu Ile
50 55 60

Asp Val Ala Val Glu Tyr Gly Lys Lys His Gly Lys Thr Thr Glu Glu
65 70 75 80

ES 2 626 804 T3

Gln Val Glu Asn Ala Val Asp Arg Leu Leu Val Glu Phe Gly Lys Glu
85 90 95

Ile Leu Lys Ile Val Pro Gly Arg Val Ser Thr Glu Val Asp Ala Arg
100 105 110

Leu Ser Phe Asp Thr Gln Ala Thr Ile Glu Lys Ala Arg His Ile Ile
115 120 125

Lys Leu Phe Glu Gln Glu Gly Val Ser Lys Glu Arg Val Leu Ile Lys
130 135 140

Ile Ala Ser Thr Trp Glu Gly Ile Gln Ala Ala Lys Glu Leu Glu Glu
145 150 155 160

Lys Asp Gly Ile His Cys Asn Leu Thr Leu Leu Phe Ser Phe Val Gln
165 170 175

Ala Val Ala Cys Ala Glu Ala Gln Val Thr Leu Ile Ser Pro Phe Val
180 185 190

Gly Arg Ile Leu Asp Trp Tyr Lys Ser Ser Thr Gly Lys Asp Tyr Lys
195 200 205

Gly Glu Ala Asp Pro Gly Val Ile Ser Val Lys Lys Ile Tyr Asn Tyr
210 215 220

Tyr Lys Lys Tyr Gly Tyr Lys Thr Ile Val Met Gly Ala Ser Phe Arg
225 230 235 240

Ser Thr Asp Glu Ile Lys Asn Leu Ala Gly Val Asp Tyr Leu Thr Ile
245 250 255

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

Arg Val Leu Asp Pro Val Ser Ala Lys Lys Glu Ala Gly Asp Lys Ile
275 280 285

Ser Tyr Ile Ser Asp Glu Ser Lys Phe Arg Phe Asp Leu Asn Glu Asp
290 295 300

Ala Met Ala Thr Glu Lys Leu Ser Glu Gly Ile Arg Lys Phe Ser Ala
305 310 315 320

Asp Ile Val Thr Leu Phe Asp Leu Ile Glu Lys Lys Val Thr Ala
325 330 335

<210> 48

<211> 333

<212> PRT

5 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 48

ES 2 626 804 T3

Met	Ser	Glu	Pro	Ser	Glu	Lys	Lys	Gln	Lys	Val	Ala	Thr	Ser	Ser	Leu	1	5	10	15
Glu	Gln	Leu	Lys	Lys	Ala	Gly	Thr	His	Val	Val	Ala	Asp	Ser	Gly	Asp	20	25	30	
Phe	Glu	Ala	Ile	Ser	Lys	Tyr	Glu	Pro	Gln	Asp	Ser	Thr	Thr	Asn	Pro	35	40	45	
Ser	Leu	Ile	Leu	Ala	Ala	Ser	Lys	Leu	Glu	Lys	Tyr	Ala	Arg	Phe	Ile	50	55	60	
Asp	Ala	Ala	Val	Glu	Tyr	Gly	Arg	Lys	His	Gly	Lys	Thr	Asp	His	Glu	65	70	75	80
Lys	Ile	Glu	Asn	Ala	Met	Asp	Lys	Ile	Leu	Val	Glu	Phe	Gly	Thr	Gln	85	90	95	
Ile	Leu	Lys	Val	Val	Pro	Gly	Arg	Val	Ser	Thr	Glu	Val	Asp	Ala	Arg	100	105	110	
Leu	Ser	Phe	Asp	Lys	Lys	Ala	Thr	Val	Lys	Lys	Ala	Leu	His	Ile	Ile	115	120	125	
Lys	Leu	Tyr	Lys	Asp	Ala	Gly	Val	Pro	Lys	Glu	Arg	Val	Leu	Ile	Lys	130	135	140	
Ile	Ala	Ser	Thr	Trp	Glu	Gly	Ile	Gln	Ala	Ala	Arg	Glu	Leu	Glu	Val	145	150	155	160
Lys	His	Gly	Ile	His	Cys	Asn	Met	Thr	Leu	Leu	Phe	Ser	Phe	Thr	Gln	165	170	175	
Ala	Val	Ala	Cys	Ala	Glu	Ala	Asn	Val	Thr	Leu	Ile	Ser	Pro	Phe	Val	180	185	190	
Gly	Arg	Ile	Met	Asp	Phe	Tyr	Lys	Ala	Leu	Ser	Gly	Lys	Asp	Tyr	Thr	195	200	205	
Ala	Glu	Thr	Asp	Pro	Gly	Val	Leu	Ser	Val	Lys	Lys	Ile	Tyr	Ser	Tyr	210	215	220	

ES 2 626 804 T3

Tyr Lys Arg His Gly Tyr Ala Thr Glu Val Met Ala Ala Ser Phe Arg
225 230 235 240

Asn Leu Asp Glu Leu Lys Ala Leu Ala Gly Ile Asp Asn Met Thr Leu
245 250 255

Pro Leu Asn Leu Leu Glu Gln Leu Tyr Glu Ser Thr Asp Pro Ile Glu
260 265 270

Asn Lys Leu Asn Ser Glu Ser Ala Lys Glu Glu Gly Val Glu Lys Val
275 280 285

Ser Phe Ile Asn Asp Glu Pro His Phe Arg Tyr Val Leu Asn Glu Asp
290 295 300

Gln Met Ala Thr Glu Lys Leu Ser Asp Gly Ile Arg Lys Phe Ser Ala
305 310 315 320

Asp Ile Glu Ala Leu Tyr Lys Leu Val Glu Glu Lys Met
325 330

<210> 49

<211> 323

<212> PRT

5 <213> Scheffersomyces stipitis

<400> 49

Met Ser Ser Asn Ser Leu Glu Gln Leu Lys Ala Thr Gly Thr Val Ile
1 5 10 15

Val Thr Asp Thr Gly Glu Phe Asp Ser Ile Ala Lys Tyr Thr Pro Gln
20 25 30

Asp Ala Thr Thr Asn Pro Ser Leu Ile Leu Ala Ala Lys Lys Pro
35 40 45

Glu Tyr Ala Lys Val Ile Asp Val Ala Ile Glu Tyr Ala Lys Asp Lys
50 55 60

Gly Ser Ser Lys Lys Glu Lys Ala Glu Ile Ala Leu Asp Arg Leu Leu
65 70 75 80

Ile Glu Phe Gly Lys Asn Ile Leu Ala Ile Val Pro Gly Arg Val Ser
85 90 95

Thr Glu Val Asp Ala Arg Leu Ser Phe Asp Lys Glu Ala Thr Ile Lys
100 105 110

ES 2 626 804 T3

Lys Ala Leu Glu Leu Ile Ala Leu Tyr Glu Ser Gln Gly Ile Ser Lys
115 120 125

Asp Arg Ile Leu Ile Lys Ile Ala Ser Thr Trp Glu Gly Ile Gln Ala
130 135 140

Ala Arg Glu Leu Glu Ala Lys His Gly Ile His Cys Asn Leu Thr Leu
145 150 155 160

Leu Phe Ser Phe Val Gln Ala Val Ala Cys Ala Glu Ala Lys Val Thr
165 170 175

Leu Ile Ser Pro Phe Val Gly Arg Ile Leu Asp Trp Tyr Lys Ala Ser
180 185 190

Thr Gly Lys Thr Tyr Glu Gly Asp Glu Asp Pro Gly Val Ile Ser Val
195 200 205

Arg Ala Ile Tyr Asn Tyr Tyr Lys Lys Tyr Gly Tyr Lys Thr Ile Val
210 215 220

Met Gly Ala Ser Phe Arg Asn Thr Gly Glu Ile Lys Ala Leu Ala Gly
225 230 235 240

Cys Asp Tyr Leu Thr Val Ala Pro Lys Leu Leu Glu Glu Leu Leu Asn
245 250 255

Ser Thr Glu Pro Val Pro Gln Val Leu Asp Ala Ala Ser Ala Ser Ala
260 265 270

Thr Asp Val Glu Lys Val Ser Tyr Val Asp Asp Glu Ala Thr Phe Arg
275 280 285

Tyr Leu Phe Asn Glu Asp Ala Met Ala Thr Glu Lys Leu Ala Gln Gly
290 295 300

Ile Arg Ala Phe Gly Lys Asp Ala Val Thr Leu Leu Glu Gln Leu Glu
305 310 315 320

Ala Arg Phe

<210> 50

<211> 680

<212> PRT

5 <213> Saccharomyces cerevisiae

<400> 50

ES 2 626 804 T3

Met	Thr	Gln	Phe	Thr	Asp	Ile	Asp	Lys	Leu	Ala	Val	Ser	Thr	Ile	Arg	1	5	10	15
Ile	Leu	Ala	Val	Asp	Thr	Val	Ser	Lys	Ala	Asn	Ser	Gly	His	Pro	Gly	20	25	30	
Ala	Pro	Leu	Gly	Met	Ala	Pro	Ala	Ala	His	Val	Leu	Trp	Ser	Gln	Met	35	40	45	
Arg	Met	Asn	Pro	Thr	Asn	Pro	Asp	Trp	Ile	Asn	Arg	Asp	Arg	Phe	Val	50	55	60	
Leu	Ser	Asn	Gly	His	Ala	Val	Ala	Leu	Leu	Tyr	Ser	Met	Leu	His	Leu	65	70	75	80
Thr	Gly	Tyr	Asp	Leu	Ser	Ile	Glu	Asp	Leu	Lys	Gln	Phe	Arg	Gln	Leu	85	90	95	
Gly	Ser	Arg	Thr	Pro	Gly	His	Pro	Glu	Phe	Glu	Leu	Pro	Gly	Val	Glu	100	105	110	
Val	Thr	Thr	Gly	Pro	Leu	Gly	Gln	Gly	Ile	Ser	Asn	Ala	Val	Gly	Met	115	120	125	
Ala	Met	Ala	Gln	Ala	Asn	Leu	Ala	Ala	Thr	Tyr	Asn	Lys	Pro	Gly	Phe	130	135	140	
Thr	Leu	Ser	Asp	Asn	Tyr	Thr	Tyr	Val	Phe	Leu	Gly	Asp	Gly	Cys	Leu	145	150	155	160
Gln	Glu	Gly	Ile	Ser	Ser	Glu	Ala	Ser	Ser	Leu	Ala	Gly	His	Leu	Lys	165	170	175	
Leu	Gly	Asn	Leu	Ile	Ala	Ile	Tyr	Asp	Asp	Asn	Lys	Ile	Thr	Ile	Asp	180	185	190	
Gly	Ala	Thr	Ser	Ile	Ser	Phe	Asp	Glu	Asp	Val	Ala	Lys	Arg	Tyr	Glu	195	200	205	
Ala	Tyr	Gly	Trp	Glu	Val	Leu	Tyr	Val	Glu	Asn	Gly	Asn	Glu	Asp	Leu	210	215	220	
Ala	Gly	Ile	Ala	Lys	Ala	Ile	Ala	Gln	Ala	Lys	Leu	Ser	Lys	Asp	Lys	225	230	235	240
Pro	Thr	Leu	Ile	Lys	Met	Thr	Thr	Thr	Ile	Gly	Tyr	Gly	Ser	Leu	His	245	250	255	

ES 2 626 804 T3

Ala Gly Ser His Ser Val His Gly Ala Pro Leu Lys Ala Asp Asp Val
 260 265 270
 Lys Gln Leu Lys Ser Lys Phe Gly Phe Asn Pro Asp Lys Ser Phe Val
 275 280 285
 Val Pro Gln Glu Val Tyr Asp His Tyr Gln Lys Thr Ile Leu Lys Pro
 290 295 300
 Gly Val Glu Ala Asn Asn Lys Trp Asn Lys Leu Phe Ser Glu Tyr Gln
 305 310 315 320
 Lys Lys Phe Pro Glu Leu Gly Ala Glu Leu Ala Arg Arg Leu Ser Gly
 325 330 335
 Gln Leu Pro Ala Asn Trp Glu Ser Lys Leu Pro Thr Tyr Thr Ala Lys
 340 345 350
 Asp Ser Ala Val Ala Thr Arg Lys Leu Ser Glu Thr Val Leu Glu Asp
 355 360 365
 Val Tyr Asn Gln Leu Pro Glu Leu Ile Gly Gly Ser Ala Asp Leu Thr
 370 375 380
 Pro Ser Asn Leu Thr Arg Trp Lys Glu Ala Leu Asp Phe Gln Pro Pro
 385 390 395 400
 Ser Ser Gly Ser Gly Asn Tyr Ser Gly Arg Tyr Ile Arg Tyr Gly Ile
 405 410 415
 Arg Glu His Ala Met Gly Ala Ile Met Asn Gly Ile Ser Ala Phe Gly
 420 425 430
 Ala Asn Tyr Lys Pro Tyr Gly Gly Thr Phe Leu Asn Phe Val Ser Tyr
 435 440 445
 Ala Ala Gly Ala Val Arg Leu Ser Ala Leu Ser Gly His Pro Val Ile
 450 455 460
 Trp Val Ala Thr His Asp Ser Ile Gly Val Gly Glu Asp Gly Pro Thr
 465 470 475 480
 His Gln Pro Ile Glu Thr Leu Ala His Phe Arg Ser Leu Pro Asn Ile
 485 490 495
 Gln Val Trp Arg Pro Ala Asp Gly Asn Glu Val Ser Ala Ala Tyr Lys

ES 2 626 804 T3

500	505	510
Asn Ser Leu Glu Ser Lys His Thr Pro Ser Ile Ile Ala Leu Ser Arg		
515	520	525
Gln Asn Leu Pro Gln Leu Glu Gly Ser Ser Ile Glu Ser Ala Ser Lys		
530	535	540
Gly Gly Tyr Val Leu Gln Asp Val Ala Asn Pro Asp Ile Ile Leu Val		
545	550	555
Ala Thr Gly Ser Glu Val Ser Leu Ser Val Glu Ala Ala Lys Thr Leu		
	565	570
Ala Ala Lys Asn Ile Lys Ala Arg Val Val Ser Leu Pro Asp Phe Phe		
	580	585
Thr Phe Asp Lys Gln Pro Leu Glu Tyr Arg Leu Ser Val Leu Pro Asp		
	595	600
Asn Val Pro Ile Met Ser Val Glu Val Leu Ala Thr Thr Cys Trp Gly		
	610	615
Lys Tyr Ala His Gln Ser Phe Gly Ile Asp Arg Phe Gly Ala Ser Gly		
	625	630
Lys Ala Pro Glu Val Phe Lys Phe Phe Gly Phe Thr Pro Glu Gly Val		
	645	650
Ala Glu Arg Ala Gln Lys Thr Ile Ala Phe Tyr Lys Gly Asp Lys Leu		
	660	665
Ile Ser Pro Leu Lys Lys Ala Phe		
	675	680
<210> 51		
<211> 681		
<212> PRT		
5 <213> Saccharomyces cerevisiae		
<400> 51		
Met Ala Gln Phe Ser Asp Ile Asp Lys Leu Ala Val Ser Thr Leu Arg		
1	5	10
Leu Leu Ser Val Asp Gln Val Glu Ser Ala Gln Ser Gly His Pro Gly		
	20	25
Ala Pro Leu Gly Leu Ala Pro Val Ala His Val Ile Phe Lys Gln Leu		

ES 2 626 804 T3

35					40					45					
Arg	Cys	Asn	Pro	Asn	Asn	Glu	His	Trp	Ile	Asn	Arg	Asp	Arg	Phe	Val
50						55					60				
Leu	Ser	Asn	Gly	His	Ser	Cys	Ala	Leu	Leu	Tyr	Ser	Met	Leu	His	Leu
65				70						75					80
Leu	Gly	Tyr	Asp	Tyr	Ser	Ile	Glu	Asp	Leu	Arg	Gln	Phe	Arg	Gln	Val
				85					90					95	
Asn	Ser	Arg	Thr	Pro	Gly	His	Pro	Glu	Phe	His	Ser	Ala	Gly	Val	Glu
		100						105					110		
Ile	Thr	Ser	Gly	Pro	Leu	Gly	Gln	Gly	Ile	Ser	Asn	Ala	Val	Gly	Met
		115				120						125			
Ala	Ile	Ala	Gln	Ala	Asn	Phe	Ala	Ala	Thr	Tyr	Asn	Glu	Asp	Gly	Phe
130						135					140				
Pro	Ile	Ser	Asp	Ser	Tyr	Thr	Phe	Ala	Ile	Val	Gly	Asp	Gly	Cys	Leu
145				150						155					160
Gln	Glu	Gly	Val	Ser	Ser	Glu	Thr	Ser	Ser	Leu	Ala	Gly	His	Leu	Gln
				165					170					175	
Leu	Gly	Asn	Leu	Ile	Thr	Phe	Tyr	Asp	Ser	Asn	Ser	Ile	Ser	Ile	Asp
		180						185					190		
Gly	Lys	Thr	Ser	Tyr	Ser	Phe	Asp	Glu	Asp	Val	Leu	Lys	Arg	Tyr	Glu
		195				200						205			
Ala	Tyr	Gly	Trp	Glu	Val	Met	Glu	Val	Asp	Lys	Gly	Asp	Asp	Asp	Met
210						215					220				
Glu	Ser	Ile	Ser	Ser	Ala	Leu	Glu	Lys	Ala	Lys	Leu	Ser	Lys	Asp	Lys
225				230						235					240
Pro	Thr	Ile	Ile	Lys	Val	Thr	Thr	Thr	Ile	Gly	Phe	Gly	Ser	Leu	Gln
				245					250					255	
Gln	Gly	Thr	Ala	Gly	Val	His	Gly	Ser	Ala	Leu	Lys	Ala	Asp	Asp	Val
		260						265					270		
Lys	Gln	Leu	Lys	Lys	Arg	Trp	Gly	Phe	Asp	Pro	Asn	Lys	Ser	Phe	Val
275						280						285			

ES 2 626 804 T3

Val Pro Gln Glu Val Tyr Asp Tyr Tyr Lys Lys Thr Val Val Glu Pro
 290 295 300
 Gly Gln Lys Leu Asn Glu Glu Trp Asp Arg Met Phe Glu Glu Tyr Lys
 305 310 315 320
 Thr Lys Phe Pro Glu Lys Gly Lys Glu Leu Gln Arg Arg Leu Asn Gly
 325 330 335
 Glu Leu Pro Glu Gly Trp Glu Lys His Leu Pro Lys Phe Thr Pro Asp
 340 345 350
 Asp Asp Ala Leu Ala Thr Arg Lys Thr Ser Gln Gln Val Leu Thr Asn
 355 360 365
 Met Val Gln Val Leu Pro Glu Leu Ile Gly Gly Ser Ala Asp Leu Thr
 370 375 380
 Pro Ser Asn Leu Thr Arg Trp Glu Gly Ala Val Asp Phe Gln Pro Pro
 385 390 395 400
 Ile Thr Gln Leu Gly Asn Tyr Ala Gly Arg Tyr Ile Arg Tyr Gly Val
 405 410 415
 Arg Glu His Gly Met Gly Ala Ile Met Asn Gly Ile Ser Ala Phe Gly
 420 425 430
 Ala Asn Tyr Lys Pro Tyr Gly Gly Thr Phe Leu Asn Phe Val Ser Tyr
 435 440 445
 Ala Ala Gly Ala Val Arg Leu Ala Ala Leu Ser Gly Asn Pro Val Ile
 450 455 460
 Trp Val Ala Thr His Asp Ser Ile Gly Leu Gly Glu Asp Gly Pro Thr
 465 470 475 480
 His Gln Pro Ile Glu Thr Leu Ala His Leu Arg Ala Ile Pro Asn Met
 485 490 495
 His Val Trp Arg Pro Ala Asp Gly Asn Glu Thr Ser Ala Ala Tyr Tyr
 500 505 510
 Ser Ala Ile Lys Ser Gly Arg Thr Pro Ser Val Val Ala Leu Ser Arg
 515 520 525
 Gln Asn Leu Pro Gln Leu Glu His Ser Ser Phe Glu Lys Ala Leu Lys
 530 535 540

ES 2 626 804 T3

Gly Gly Tyr Val Ile His Asp Val Glu Asn Pro Asp Ile Ile Leu Val
545 550 555 560

Ser Thr Gly Ser Glu Val Ser Ile Ser Ile Asp Ala Ala Lys Lys Leu
565 570 575

Tyr Asp Thr Lys Lys Ile Lys Ala Arg Val Val Ser Leu Pro Asp Phe
580 585 590

Tyr Thr Phe Asp Arg Gln Ser Glu Glu Tyr Arg Phe Ser Val Leu Pro
595 600 605

Asp Gly Val Pro Ile Met Ser Phe Glu Val Leu Ala Thr Ser Ser Trp
610 615 620

Gly Lys Tyr Ala His Gln Ser Phe Gly Leu Asp Glu Phe Gly Arg Ser
625 630 635 640

Gly Lys Gly Pro Glu Ile Tyr Lys Leu Phe Asp Phe Thr Ala Asp Gly
645 650 655

Val Ala Ser Arg Ala Glu Lys Thr Ile Asn Tyr Tyr Lys Gly Lys Gln
660 665 670

Leu Leu Ser Pro Met Gly Arg Ala Phe
675 680

<210> 52

<211> 677

<212> PRT

5 <213> Pichia stipitis

<400> 52

Met Ser Ser Val Asp Gln Lys Ala Ile Ser Thr Ile Arg Leu Leu Ala
1 5 10 15

Val Asp Ala Val Ala Ala Ala Asn Ser Gly His Pro Gly Ala Pro Leu
20 25 30

Gly Leu Ala Pro Ala Ala His Ala Val Phe Lys Lys Met Arg Phe Asn
35 40 45

Pro Lys Asp Thr Lys Trp Ile Asn Arg Asp Arg Phe Val Leu Ser Asn
50 55 60

Gly His Ala Cys Ala Leu Leu Tyr Ser Met Leu Val Leu Tyr Gly Tyr
65 70 75 80

ES 2 626 804 T3

Asp Leu Thr Val Glu Asp Leu Lys Lys Phe Arg Gln Leu Gly Ser Lys
 85 90 95

Thr Pro Gly His Pro Glu Asn Thr Asp Val Pro Gly Ala Glu Val Thr
 100 105 110

Thr Gly Pro Leu Gly Gln Gly Ile Cys Asn Gly Val Gly Ile Ala Leu
 115 120 125

Ala Gln Ala Gln Phe Ala Ala Thr Tyr Asn Lys Pro Asp Phe Pro Ile
 130 135 140

Ser Asp Ser Tyr Thr Tyr Val Phe Leu Gly Asp Gly Cys Leu Met Glu
 145 150 155 160

Gly Val Ser Ser Glu Ala Ser Ser Leu Ala Gly His Leu Gln Leu Gly
 165 170 175

Asn Leu Ile Ala Phe Trp Asp Asp Asn Lys Ile Ser Ile Asp Gly Ser
 180 185 190

Thr Glu Val Ala Phe Thr Glu Asp Val Ile Ala Arg Tyr Lys Ser Tyr
 195 200 205

Gly Trp His Ile Val Glu Val Ser Asp Ala Asp Thr Asp Ile Thr Ala
 210 215 220

Ile Ala Ala Ala Ile Asp Glu Ala Lys Lys Val Thr Asn Lys Pro Thr
 225 230 235 240

Leu Val Arg Leu Thr Thr Thr Ile Gly Phe Gly Ser Leu Ala Gln Gly
 245 250 255

Thr His Gly Val His Gly Ala Pro Leu Lys Ala Asp Asp Ile Lys Gln
 260 265 270

Leu Lys Thr Lys Trp Gly Phe Asn Pro Glu Glu Ser Phe Ala Val Pro
 275 280 285

Ala Glu Val Thr Ala Ser Tyr Asn Glu His Val Ala Glu Asn Gln Lys
 290 295 300

Ile Gln Gln Gln Trp Asn Glu Leu Phe Ala Ala Tyr Lys Gln Lys Tyr
 305 310 315 320

Pro Glu Leu Gly Ala Glu Leu Gln Arg Arg Leu Asp Gly Lys Leu Pro
 325 330 335

ES 2 626 804 T3

Glu Asn Trp Asp Lys Ala Leu Pro Val Tyr Thr Pro Ala Asp Ala Ala
 340 345 350
 Val Ala Thr Arg Lys Leu Ser Glu Ile Val Leu Ser Lys Ile Ile Pro
 355 360 365
 Glu Val Pro Glu Ile Ile Gly Gly Ser Ala Asp Leu Thr Pro Ser Asn
 370 375 380
 Leu Thr Lys Ala Lys Gly Thr Val Asp Phe Gln Pro Ala Ala Thr Gly
 385 390 395 400
 Leu Gly Asp Tyr Ser Gly Arg Tyr Ile Arg Tyr Gly Val Arg Glu His
 405 410 415
 Ala Met Gly Ala Ile Met Asn Gly Ile Ala Ala Phe Gly Ala Asn Tyr
 420 425 430
 Lys Asn Tyr Gly Gly Thr Phe Leu Asn Phe Val Ser Tyr Ala Ala Gly
 435 440 445
 Ala Val Arg Leu Ser Ala Leu Ser Glu Phe Pro Ile Thr Trp Val Ala
 450 455 460
 Thr His Asp Ser Ile Gly Leu Gly Glu Asp Gly Pro Thr His Gln Pro
 465 470 475 480
 Ile Glu Thr Leu Ala His Phe Arg Ala Thr Pro Asn Ile Ser Val Trp
 485 490 495
 Arg Pro Ala Asp Gly Asn Glu Thr Ser Ala Ala Tyr Lys Ser Ala Ile
 500 505 510
 Glu Ser Thr His Thr Pro His Ile Leu Ala Leu Thr Arg Gln Asn Leu
 515 520 525
 Pro Gln Leu Glu Gly Ser Ser Ile Glu Lys Ala Ser Lys Gly Gly Tyr
 530 535 540
 Thr Leu Val Gln Gln Asp Lys Ala Asp Ile Ile Ile Val Ala Thr Gly
 545 550 555 560
 Ser Glu Val Ser Leu Ala Val Asp Ala Leu Lys Val Leu Glu Gly Gln
 565 570 575
 Gly Ile Lys Ala Gly Val Val Ser Leu Pro Asp Gln Leu Thr Phe Asp

ES 2 626 804 T3

580

585

590

Lys Gln Ser Glu Glu Tyr Lys Leu Ser Val Leu Pro Asp Gly Val Pro
595 600 605

Ile Leu Ser Val Glu Val Met Ser Thr Phe Gly Trp Ser Lys Tyr Ser
610 615 620

His Gln Gln Phe Gly Leu Asn Arg Phe Gly Ala Ser Gly Lys Ala Pro
625 630 635 640

Glu Ile Phe Lys Leu Phe Glu Phe Thr Pro Glu Gly Val Ala Glu Arg
645 650 655

Ala Ala Lys Thr Val Ala Phe Tyr Lys Gly Lys Asp Val Val Ser Pro
660 665 670

Leu Arg Ser Ala Phe
675

<210> 53

<211> 348

<212> PRT

5 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 53

Met Ser Ile Pro Glu Thr Gln Lys Gly Val Ile Phe Tyr Glu Ser His
1 5 10 15

Gly Lys Leu Glu Tyr Lys Asp Ile Pro Val Pro Lys Pro Lys Ala Asn
20 25 30

Glu Leu Leu Ile Asn Val Lys Tyr Ser Gly Val Cys His Thr Asp Leu
35 40 45

His Ala Trp His Gly Asp Trp Pro Leu Pro Val Lys Leu Pro Leu Val
50 55 60

Gly Gly His Glu Gly Ala Gly Val Val Val Gly Met Gly Glu Asn Val
65 70 75 80

Lys Gly Trp Lys Ile Gly Asp Tyr Ala Gly Ile Lys Trp Leu Asn Gly
85 90 95

Ser Cys Met Ala Cys Glu Tyr Cys Glu Leu Gly Asn Glu Ser Asn Cys
100 105 110

Pro His Ala Asp Leu Ser Gly Tyr Thr His Asp Gly Ser Phe Gln Gln

ES 2 626 804 T3

115	120	125
Tyr Ala Thr Ala Asp Ala Val Gln Ala Ala His Ile Pro Gln Gly Thr 130 135 140		
Asp Leu Ala Gln Val Ala Pro Ile Leu Cys Ala Gly Ile Thr Val Tyr 145 150 155 160		
Lys Ala Leu Lys Ser Ala Asn Leu Met Ala Gly His Trp Val Ala Ile 165 170 175		
Ser Gly Ala Ala Gly Gly Leu Gly Ser Leu Ala Val Gln Tyr Ala Lys 180 185 190		
Ala Met Gly Tyr Arg Val Leu Gly Ile Asp Gly Gly Glu Gly Lys Glu 195 200 205		
Glu Leu Phe Arg Ser Ile Gly Gly Glu Val Phe Ile Asp Phe Thr Lys 210 215 220		
Glu Lys Asp Ile Val Gly Ala Val Leu Lys Ala Thr Asp Gly Gly Ala 225 230 235 240		
His Gly Val Ile Asn Val Ser Val Ser Glu Ala Ala Ile Glu Ala Ser 245 250 255		
Thr Arg Tyr Val Arg Ala Asn Gly Thr Thr Val Leu Val Gly Met Pro 260 265 270		
Ala Gly Ala Lys Cys Cys Ser Asp Val Phe Asn Gln Val Val Lys Ser 275 280 285		
Ile Ser Ile Val Gly Ser Tyr Val Gly Asn Arg Ala Asp Thr Arg Glu 290 295 300		
Ala Leu Asp Phe Phe Ala Arg Gly Leu Val Lys Ser Pro Ile Lys Val 305 310 315 320		
Val Gly Leu Ser Thr Leu Pro Glu Ile Tyr Glu Lys Met Glu Lys Gly 325 330 335		
Gln Ile Val Gly Arg Tyr Val Val Asp Thr Ser Lys 340 345		

<210> 54

<211> 1329

<212> DNA

5 <213> Eubacterium saburreum

<400> 54

ES 2 626 804 T3

atgaaggaat tcttcccagg tatttctcca gttaagttcg aaggtagaga ctctaagaac	60
ccattgtctt tcaagtacta cgacgctaag agagttatta tgggtaagac catggaagaa	120
cacttgtctt tcgctatggc ttggtggcac aacttgtgtg cttgtggtgt tgacatgttc	180
ggtcaaggta ccgttgacaa gtctttcggg gaatcttctg gtaccatgga acacgctaga	240
gctaaggttg acgctgggat tgaattcatg aagaagttgg gtattaagta ctactgtttc	300
cacgacaccg acattgttcc agaagaccaa gaagacatta acgttaccaa cgctagattg	360
gacgaaatta ccgactacat tttggaaaag accaaggaca ccgacattaa gtgtttgtgg	420
accacctgta acatgttctc taaccaaga ttcatgaacg gtgctggttc ttctaactct	480
gctgacgttt tctgtttcgc tgctgctcaa gctaagaagg gtttgaaaaa cgctgttaag	540
ttgggtgcta agggtttcgt tttctggggt ggtagagaag gttacgaaac cttgttgaac	600
accgacatga agttggaaga agaaaacatt gctaccttgt tcaccatgtg tagagactac	660
ggtagatcta ttggtttcat gggtgacttc tacattgaac caaagccaaa ggaaccaatg	720
aagcaccaat acgacttcga cgctgctacc gctattgggt tcttgagaaa gtacggtttg	780
gacaaggact tcaagttgaa cattgaagct aaccacgcta ccttggctgg tcacaccttc	840
caacacgaat tgagagtttg tgctgttaac ggtatgatgg gttctgttga cgctaaccaa	900
ggtgacacct tgttgggttg ggacaccgac caattcccaa ccaacgttta cgacaccacc	960
ttggctatgt acgaaathtt gaaggctggg ggtttgagag gtggtttgaa cttcgactct	1020
aagaacagaa gaccatctaa caccgctgac gacatgttct acggtttcat tgctggtatg	1080
gacaccttcg ctttgggttt gattaaggct gctgaaatta ttgaagacgg tagaattgac	1140
gacttcgtta aggaaagata cgcttcttac aactctggta ttggtaagaa gattagaaac	1200
agaaaggtta ccttgattga atgtgctgaa tacgctgcta agttgaagaa gccagaattg	1260
ccagaatctg gtagacaaga atacttgaa tctgttgtca acaacathtt gttcggtggt	1320
tctggttaa	1329

REIVINDICACIONES

1. Una secuencia de oligonucleótidos caracterizada porque aumenta la velocidad de transcripción de un ARN tipificado como fragmento de ARN mensajero que codifica para una proteína seleccionada del grupo que consiste en enzimas, proteínas estructurales, coenzimas, transportadores, anticuerpos, hormonas y reguladores, como fragmento de ARN regulador, como fragmento de ARN enzimáticamente activo o como fragmento de ARN de transferencia, teniendo dicha secuencia oligonucleotídica al menos 80% de identidad de secuencia con SEQ ID NO: 1.
2. La secuencia de oligonucleótidos según la reivindicación 1, en la que dicha secuencia oligonucleotídica tiene al menos un 85% de identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 1.
3. La secuencia de oligonucleótidos según la reivindicación 1 ó 2, en la que la velocidad de transcripción del fragmento de ARN en una célula huésped de levadura se incrementa al menos 2 veces al cultivar la célula huésped de levadura transformada con al menos un fragmento de ADN recombinante que comprende el oligonucleótido en al menos dos sustratos seleccionados del grupo que consiste en glucosa, manosa, fructosa, galactosa, xilosa, arabinosa, sacarosa, trehalosa, rafinosa, glicerol, etanol, acetato y lactato.
4. La secuencia de oligonucleótidos según la reivindicación 1 ó 2, en la que la actividad de una enzima codificada por el fragmento de ARN controlado por el oligonucleótido en una célula hospedadora de levadura se incrementa al menos 2 veces cuando se cultiva la célula huésped de levadura transformada con al menos un fragmento de ADN recombinante que comprende el oligonucleótido en al menos dos sustratos seleccionados del grupo que consiste en glucosa, manosa, fructosa, galactosa, xilosa, arabinosa, sacarosa, trehalosa, rafinosa, glicerol, etanol, acetato y lactato.
5. La secuencia de oligonucleótidos según cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en la que la enzima es una enzima modificadora de carbohidratos.
6. La secuencia de oligonucleótidos según cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en la que la enzima es una enzima modificadora de carbohidratos seleccionada del grupo que consiste en EC 5.1.3, EC 5.3.1, EC 2.7.1, EC 2.2.1, EC 2.2.1 y EC 1.1.1.
7. La secuencia de oligonucleótidos según cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en la que la proteína se selecciona del grupo consistente en SEQ ID NO: 11 a 53.
8. La secuencia de oligonucleótidos según cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en la que de 1 a 80 nucleótidos están sustituidos, suprimidos o insertados.
9. Un fragmento de ADN recombinante que comprende la secuencia oligonucleotídica de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 8.
10. Un plásmido de expresión que comprende al menos un fragmento de ADN recombinante de acuerdo con la reivindicación 9.
11. Una célula huésped transformada con al menos un fragmento de ADN recombinante según la reivindicación 9 o transformada con al menos un plásmido de expresión según la reivindicación 10.

Fig. 1

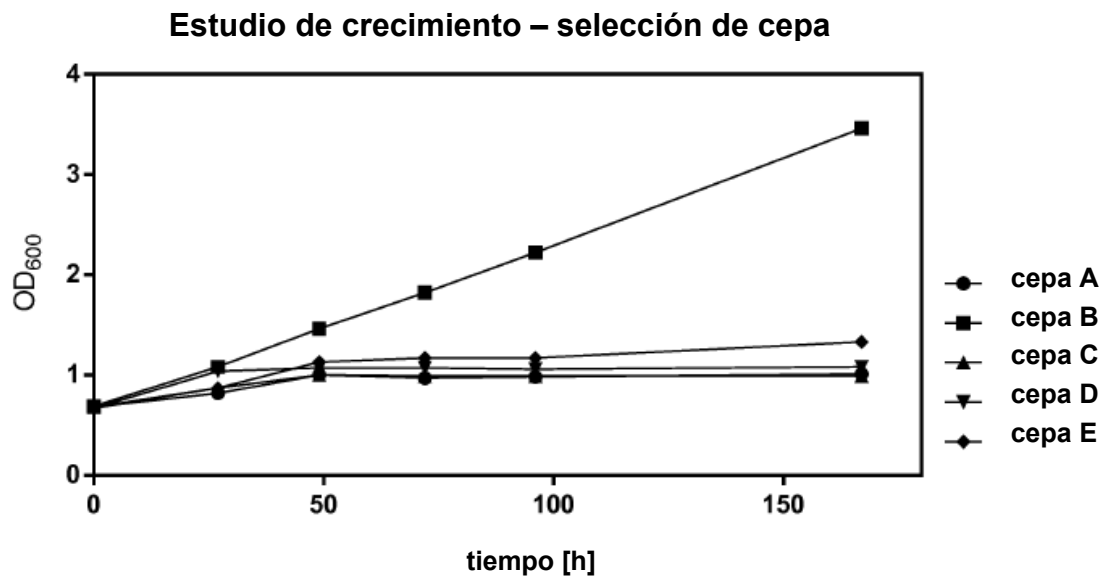


Fig. 2

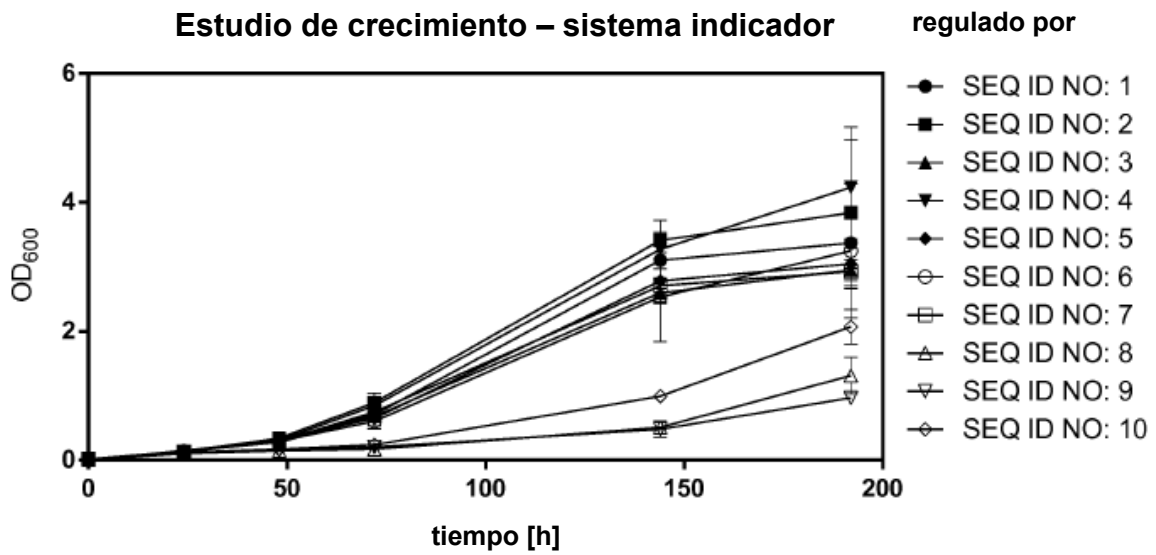


Fig. 3

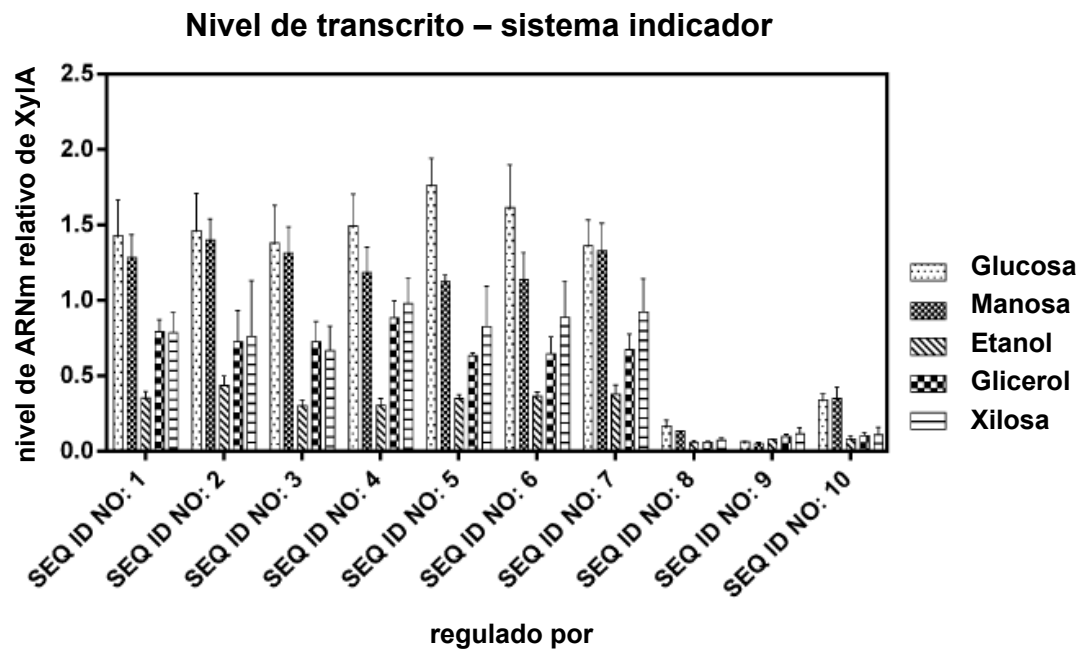


Fig. 4

