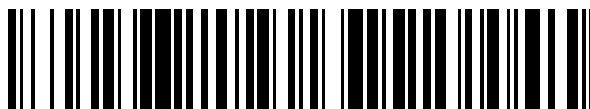


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 655 710**

51 Int. Cl.:

C12P 7/44

(2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **11.03.2009 PCT/NL2009/050115**

87 Fecha y número de publicación internacional: **17.09.2009 WO09113853**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **11.03.2009 E 09720217 (0)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **22.11.2017 EP 2252698**

54 Título: **Síntesis de éster o tioéster de adipato**

30 Prioridad:

11.03.2008 EP 08152595

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

21.02.2018

73 Titular/es:

**GENOMATICA, INC. (100.0%)
4757 Nexus Center Drive
San Diego, CA 92121, US**

72 Inventor/es:

**WU, LIANG;
TREFZER, AXEL, CHRISTOPH;
DE WILDEMAN, STEFAAN, MARIE, ANDRÉ y
VAN DEN BERG, MARCO, ALEXANDER**

74 Agente/Representante:

ELZABURU, S.L.P

ES 2 655 710 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

Síntesis de éster o tioéster de adipato

La presente invención se refiere a un método para preparar un éster o tioéster de adipato. La invención se refiere además a un método para preparar ácido adípico a partir de dicho éster o tioéster. Además, la invención proporciona
5 varios métodos para preparar un intermedio para dicho éster o tioéster. Además, la invención se refiere a un método para preparar ácido 6-aminocaproico (6-ACA), un método para preparar ácido 5-formil valérico (5-FVA), y un método para preparar caprolactama. Además, se describe una célula hospedadora para el uso en un método según la invención.

El ácido adípico (ácido hexanodioico) se usa, entre otros, para la producción de poliamida. Además, los ésteres de
10 ácido adípico se pueden usar en plastificantes, lubricantes, disolventes y en una diversidad de resinas de poliuretano. Otros usos del ácido adípico son como acidulantes alimentarios, aplicaciones en adhesivos, insecticidas, bronceantes y colorantes. Los métodos de preparación conocidos incluyen la oxidación de ciclohexanol o ciclohexanona o una mezcla de los mismos (aceite KA) con ácido nítrico.

La caprolactama es una lactama que se puede usar también para la producción de poliamida, por ejemplo nailon-6 o
15 copolímeros de caprolactama-lauro lactama (nailon-6,12). En la técnica se conocen diversas maneras de preparar caprolactama a partir de productos químicos en bruto, e incluyen la preparación de caprolactama a partir de ciclohexanona, tolueno, fenol, ciclohexanol, benceno o ciclohexano.

Los compuestos intermedios, tales como ciclohexanol, ciclohexanona o fenol, para preparar ácido adípico o
20 caprolactama se obtienen en general de un aceite mineral. En vista del deseo creciente de preparar materiales mediante el uso de una tecnología más sostenible, sería deseable proporcionar un método en el que se prepare ácido adípico o caprolactama a partir de un compuesto intermedio que se puede obtener a partir de una fuente biológicamente renovable, o al menos a partir de un compuesto intermedio que se convierte en ácido adípico o caprolactama mediante el uso de un método bioquímico.

En el documento US 5.487.987 se describe un método para la producción de ácido adípico, en el que se usa una
25 célula bacteriana, en el que se convierte una fuente de carbono en 3-deshidroshikimato mediante las enzimas de la ruta común o la biosíntesis de aminoácidos aromáticos de la célula bacteriana, para producir ácido *cis*, *cis* mucónico, mediante la conversión biocatalítica de 3-deshidroshikimato. El ácido *cis*, *cis* mucónico se reduce químicamente a continuación (mediante el uso de un catalizador de platino) para producir ácido adípico. Así, la etapa final requiere la catálisis química. Los presentes inventores prevén además que los intermedios aromáticos formados en la célula
30 bacteriana pueden ser tóxicos para la célula, lo que probablemente requiere que su concentración sea baja *in vivo*, así como en el cultivo celular.

Se sabe preparar caprolactama a partir de ácido 6-aminocaproico (6-ACA), p.ej. como se describe en el documento
US-A 6.194.572. Como se describe en el documento WO 2005/068643, se puede preparar 6-ACA bioquímicamente convirtiendo ácido 6-aminohept-2-enoico (6-AHEA) en presencia de una enzima que tiene actividad de α,β -enoato
35 reductasa. El 6-AHEA se puede preparar a partir de lisina, p.ej. bioquímicamente o mediante síntesis química pura. Aunque se puede preparar 6-ACA por medio de la reducción de 6-AHEA mediante los métodos descritos en el documento WO 2005/068643, los inventores han descubierto que, en las condiciones de la reacción de reducción, 6-AHEA se puede ciclar de manera espontánea y sustancialmente irreversible para formar un subproducto indeseado, en particular β -homoprolina. Esta ciclación puede ser un cuello de botella en la producción de 6-ACA, y conduce a
40 una pérdida considerable de rendimiento.

La entrada de UniProt A1C497 (Fedorova et al., 2007) describe la secuencia proteica de la supuesta Acetil-CoA
hidrolasa Ach1 de *Aspergillus clavatus*.

El documento WO 2009/151728 (17 de diciembre de 2009) describe microorganismos para la producción de ácido
adípico y otros compuestos.

Un objetivo de la invención es proporcionar un método nuevo para preparar ácido adípico o caprolactama, que se
45 puede usar, entre otros, para la preparación de poliamida, o un compuesto intermedio para ácido adípico o caprolactama, que puede servir como alternativa a los métodos conocidos.

Un objetivo adicional es proporcionar un método nuevo que superaría una o más de las desventajas mencionadas
anteriormente.

Uno o más objetivos adicionales que se pueden resolver de acuerdo con la invención se deducirán a partir de la
50 descripción, más adelante.

Los inventores se han dado cuenta de que se puede producir adipato (o un éster o tioéster del mismo) a partir de
succinato (o un éster o tioéster del mismo). En particular, los inventores llegaron a la conclusión de que se puede
55 preparar un (tio)éster de adipato a partir de un (tio)éster de succinato y (tio)éster de acetato por medio de una secuencia de reacciones específicas, p.ej. similares a una beta-oxidación inversa y biosíntesis de ácidos grasos en

células vivas, como se muestra en la Figura 2. En la presente memoria, cada R representa independientemente un grupo activante (que facilita la reacción), p.ej. como se describe más adelante en la presente memoria. Cada X representa independientemente un S o un O. ED/EDH₂ ejemplifica donantes de electrones oxidados/reducidos, por ejemplo NAD/NADH, NADP/NADPH, FAD/FADH₂, o ferredoxina oxidada /ferredoxina reducida. La transferencia real de electrones se puede dar directamente, o puede estar mediada por transportadores de electrones intermedios tales como coenzimas o flavoproteínas de transferencia de electrones (ETF). Y-NH₂ se refiere a un donante de amino, p.ej. como se describe más adelante en la presente memoria.

Así, los inventores llegaron a la conclusión de que debería ser posible preparar biocatalíticamente ácido adípico (o un éster o tioéster del mismo) por medio de una cascada de reacciones desde succinato (o un éster o tioéster del mismo) y acetato (o un éster o tioéster del mismo). Además, se dieron cuenta de que el ácido adípico se puede convertir biocatalíticamente en ácido 5-formilpentanoico ("5-FVA", ácido 5-formilvalérico), que es un intermedio para la preparación de 6-ACA, y que para esta conversión se puede usar un biocatalizador específico.

Por lo tanto, la presente invención se refiere a un método para preparar un éster o tioéster de adipato a partir de un éster o tioéster de succinato, por medio de una diversidad de reacciones, en el que al menos una de las reacciones se cataliza mediante un biocatalizador.

En particular, la invención se refiere a un método para preparar un éster de adipato o tioéster de adipato, que comprende convertir un éster de 2,3-deshidroadiapato (nombre de la IUPAC: 5-carboxi-2-pentanoato) o tioéster de 2,3-deshidroadiapato en el éster o tioéster de adipato en presencia de un biocatalizador.

Cuando se hace referencia en la presente memoria a ácidos carboxílicos o carboxilatos, p.ej. 6-ACA, otro aminoácido, 5-FVA, ácido adípico/adipato, ácido succínico/succinato, ácido acético/acetato, estas expresiones pretenden incluir el ácido carboxílico protonado (ácido libre), el carboxilato correspondiente (su base conjugada), así como una sal de los mismos, a menos que se especifique de otra manera. Cuando se hace referencia en la presente memoria a aminoácidos, p.ej. 6-ACA, esta expresión pretende incluir los aminoácidos en su forma dipolar (en la que el grupo amino está en la forma protonada y el grupo carboxilato está en la forma desprotonada), el aminoácido en el que el grupo amino está protonado y el grupo carboxílico está en su forma neutra, y el aminoácido en el que el grupo amino está en su forma neutra y el grupo carboxilato está en la forma desprotonada, así como las sales de los mismos.

Cuando se hace referencia a un éster o tioéster de un ácido carboxílico, p.ej. un éster o tioéster de adipato, éster o tioéster de acetato, éster o tioéster de succinato, estas expresiones pretenden incluir cualquier grupo activante, en particular cualquier grupo activante biológico, que incluye coenzima A (también denominada CoA), fosfo-panteteína, que se puede unir a una proteína transportadora de acilo o peptidilo (ACP o PCP, respectivamente), N-acetil-cisteamina, tio-glicolato de metilo, mercapto-propionato de metilo, mercapto-propionato de etilo, mercapto-butilato de metilo, mercapto-butilato de etilo, mercaptopropionato y otros ésteres o tioésteres que proporcionan la misma función o una función similar. En caso de usar células vivas como biocatalizador, el éster o tioéster, en particular CoA, se puede producir mediante el biocatalizador usado, o se puede originar a partir de un organismo también capaz de producir una enzima adecuada para catalizar la reacción. Las CoA-ligasas y CoA-transferasas se han identificado en muchos organismos, y pueden proporcionar los ésteres o tioésteres activados deseados.

La preparación del éster o tioéster de adipato a partir del éster o tioéster de succinato puede comprender en particular las etapas de reacción siguientes (los números entre paréntesis también corresponden a la Figura 1):

(1) proporcionar un éster o tioéster de succinato y hacer reaccionar dicho éster o tioéster con un éster o tioéster de acetato, por lo que se forma un éster o tioéster de 3-oxoadipato;

(2) hidrogenar el grupo 3-oxo del éster o tioéster de 3-oxoadipato, por lo que se forma un éster o tioéster de 3-hidroxiadipato;

(3) deshidratar el éster o tioéster de 3-hidroxiadipato, por lo que se forma un éster o tioéster de 2,3-deshidroadiapato; y

(4) hidrogenar el doble enlace C-C del éster o tioéster de 2,3-deshidroadiapato, por lo que se forma un éster o tioéster de adipato.

La invención también se refiere a un método para preparar un compuesto intermedio, adecuado para el uso en un método para preparar ácido adípico, que comprende llevar a cabo una o más de dichas etapas de reacción 1-4, en presencia de un biocatalizador que cataliza dicha etapa de reacción.

En una realización, el éster o tioéster de adipato se convierte en 5-FVA (5).

Si se desea, el éster o tioéster de adipato se puede convertir en ácido adípico. Esto se puede llevar a cabo hidrolizando el enlace éster o el enlace tioéster (7), y de ese modo se forma ácido adípico, o mediante una reacción de transferencia, en la que el resto "alcohol" o "tiol" (tal como CoA) se transfiere desde el éster o tioéster de adipato hasta un ácido diferente de ácido adípico, y de ese modo se forma ácido adípico y un (tio)éster del ácido diferente de

ácido adípico (7). Si se usa ácido succínico o acetato como ácido diferente, esta reacción puede ser ventajosa ya que el resto alcohol o tiol, tal como CoA, se puede reciclar. P.ej., adipil-CoA + succinato o acetato se pueden convertir (normalmente en presencia de una CoA transferasa) para formar succinil-CoA o acetil-CoA + ácido adípico. El succinil-CoA o acetil-CoA se pueden usar después como compuesto de partida en un método de la invención.

- 5 El ácido adípico (o un éster o tioéster del mismo) se puede convertir, p.ej., en 5-FVA (8).

En una realización, 5-FVA, obtenido en un método de la invención, se convierte en 6-ACA (6). A continuación, se puede convertir 6-ACA en caprolactama, p.ej. de una manera conocida por sí misma en la técnica.

En una realización adicional, el ácido adípico o la caprolactama obtenida en un método según la invención se usa para la preparación de poliamida.

- 10 El término "un" o "uno", tal como se usa en la presente memoria, se define como "al menos uno", a menos que se especifique de otra manera.

Cuando se hace referencia a un nombre (p.ej. un compuesto, un aditivo, etc.) en singular, se pretende incluir el plural.

- 15 Cuando se hace referencia a un compuesto del cual existen varios isómeros (p.ej. un isómero *cis* y *trans*, un enantiómero R y S), el compuesto incluye en principio todos los enantiómeros, diastereómeros e isómeros *cis/trans* de ese compuesto que se pueden usar en el método particular de la invención.

- 20 Cuando se menciona una enzima con referencia a una clase de enzima (EC) entre paréntesis, la clase de enzima es una clase en la que se clasifica o se puede clasificar la enzima, basándose en la Nomenclatura de Enzimas proporcionada por el Comité de Nomenclatura de la Unión Internacional de Bioquímica y Biología Molecular (NC-IUBMB), cuya nomenclatura se puede hallar en <http://www.chem.qmul.ac.uk/iubmb/enzyme/>. Otras enzimas adecuadas que (todavía) no se han clasificado en una clase especificada, pero que se pueden clasificar como tales, pretenden estar incluidas.

- 25 Cuando en la presente memoria se hace referencia a una proteína mediante referencia a un número de acceso, este número en particular se usa para referirse a una proteína que tiene una secuencia tal como se halla en Uniprot el 11 de marzo de 2008, a menos que se especifique de otra manera.

- 30 El término "homólogo" se usa en la presente memoria en particular para polinucleótidos o polipéptidos que tienen una identidad de secuencia de al menos un 70%, más preferiblemente al menos un 75%, más preferiblemente al menos un 80%, en particular al menos un 85%, más en particular al menos un 90%, al menos un 91%, al menos un 92%, al menos un 93%, al menos un 94%, al menos un 95%, al menos un 96%, al menos un 97%, al menos un 98% o al menos un 99%. El término homólogo también pretende incluir secuencias de ácido nucleico (secuencias polinucleotídicas) que difieren de otra secuencia de ácido nucleico debido a la degeneración del código genético, y que codifican la misma secuencia polipeptídica.

- 35 La identidad o similitud de secuencia se define en la presente memoria como una relación entre dos o más secuencias polipeptídicas o dos o más secuencias de ácido nucleico, tal como se determina comparando las secuencias. Normalmente, las identidades o similitudes de secuencia se comparan a lo largo de la longitud completa de las secuencias, pero sin embargo también se pueden comparar solamente en una parte de las secuencias alineadas entre sí. En la técnica, "identidad" o "similitud" también significa el grado de relación de secuencia entre secuencias polipeptídicas o secuencias de ácido nucleico, según sea el caso, tal como se determina mediante la coincidencia entre tales secuencias. Los métodos preferidos para determinar la identidad o similitud están diseñados para proporcionar la mayor coincidencia entre las secuencias analizadas. En el contexto de esta invención, un método preferido mediante un programa informático para determinar la identidad y similitud entre dos secuencias incluye BLASTP y BLASTN (Altschul, S. F. et al., J. Mol. Biol. 1990, 215, 403-410, disponible públicamente en el NCBI y otras fuentes (BLAST Manual, Altschul, S., et al., NCBI NLM NIH Bethesda, MD 20894). Los parámetros preferidos para la comparación de secuencias polipeptídicas mediante el uso de BLASTP son: apertura de hueco 10,0, prolongación de hueco 0,5, matriz Blosum 62. Los parámetros preferidos para la comparación de secuencias de ácido nucleico mediante el uso de BLASTN son: apertura de hueco 10,0, prolongación de hueco 0,5, matriz completa de ADN (matriz de identidad de ADN).

- 45 En un método de la invención, se usa un biocatalizador, es decir, al menos una etapa de reacción del método se cataliza mediante un material biológico o resto derivado de una fuente biológica, por ejemplo un organismo o una biomolécula derivada de él. El biocatalizador puede comprender en particular una o más enzimas. El biocatalizador se puede usar en cualquier forma. En una realización, se usan una o más enzimas aisladas del medio natural (aisladas del organismo en el que se han producido), por ejemplo en forma de una disolución, una emulsión, una dispersión, (una suspensión) de células liofilizadas, un lisado, o inmovilizadas sobre un soporte. El uso de una enzima aislada del organismo del que se origina puede ser útil en particular a la vista de la flexibilidad incrementada al ajustar las condiciones de reacción de forma que el equilibrio de reacción se desplace al lado deseado.

En una realización, una o más enzimas forman parte de un organismo vivo (tal como células vivas completas). Las enzimas pueden llevar a cabo una función catalítica dentro de la célula. También es posible que la enzima se pueda secretar en un medio en el que las células están presentes.

- 5 Las células vivas pueden ser células en crecimiento, células en reposo o latentes (p.ej. esporas) o células en una fase estacionaria. También es posible usar una enzima que forma parte de una célula permeabilizada (es decir, hecha permeable hacia un sustrato de la enzima o un precursor de un sustrato de la enzima o enzimas).

- 10 Un biocatalizador usado en un método de la invención puede ser en principio cualquier organismo, o se puede obtener o puede derivar de cualquier organismo. El organismo puede ser un eucariota, una bacteria o una arquea. En particular, el organismo se puede seleccionar de animales (que incluyen seres humanos), vegetales, bacterias, arqueas, levaduras y hongos.

- 15 Las bacterias adecuadas se pueden seleccionar en particular del grupo de *Absidia*, *Achromobacter*, *Acinetobacter*, *Agrobacterium*, *Aeromonas*, *Alcaligenes*, *Arthrobacter*, *Arzoarcus*, *Azomonas*, *Azospirillum*, *Azotobacter*, *Bacillus*, *Beijerinckia*, *Bradyrhizobium*, *Burkholderia*, *Byssochlamys*, *Citrobacter*, *Clostridium*, *Comamonas*, *Corynebacterium*, *Deinococcus*, *Escherichia*, *Enterobacter*, *Flavobacterium*, *Fusobacterium*, *Gossypium*, *Klebsiella*, *Lactobacillus*, *Listeria*, *Megasphaera*, *Micrococcus*, *Mycobacterium*, *Norcadia*, *Porphyromonas*, *Propionibacterium*, *Pseudomonas*, *Ralstonia*, *Rhizobium*, *Rhodopseudomonas*, *Rhodospirillum*, *Rodococcus*, *Roseburia*, *Shewanella*, *Streptomyces*, *Xanthomonas*, *Xylella*, *Yersinia*, *Treponema*, *Vibrio*, *Streptococcus*, *Lactococcus*, *Zymomonas*, *Staphylococcus*, *Salmonella*, *Brucella*, *Microscilla*.

- 20 Los eucariotas adecuados se pueden seleccionar en particular del grupo de hongos; metazoos; *Viridiplantae* (en particular *Arabidopsis* y *Chlamydomonadales*); *Diplomonadida* (en particular *Giardiinae*); *Entamoebidae* (en particular *Entamoeba*); *Euglenozoa* (en particular *Euglena*); *Pelobiontida* (en particular *Mastigamoeba*); y *Alveolata* (en particular *Cryptosporidium*).

- 25 Los hongos adecuados incluyen en particular los hongos y levaduras seleccionados del grupo de *Rhizopus*, *Neurospora*, *Penicillium*, *Aspergillus*, *Piromyces*, *Trichosporon*, *Candida*, *Hansenula*, *Kluyveromyces*, *Saccharomyces*, *Rhodotorula*, *Schizosaccharomyces*, *Yarrowia* (tal como *Yarrowia lypolytica*).

- Los metazoos incluyen en particular metazoos seleccionados del grupo de mamíferos (que incluye el ser humano), más en particular seleccionados del grupo de *Leporidae*, *Muridae*, *Suidae*, *Bovidae*, *hominidae*. Un biocatalizador se puede originar de cualquier parte de un metazoo, p.ej. hígado, páncreas, cerebro, riñón, corazón u otro órgano. Un metazoo adecuado también puede incluir en particular *Caenorhabditis* y *Drosophila*.

- 30 Los organismos que pueden proporcionar en particular un biocatalizador adecuado para una etapa de reacción específica se mencionan más adelante, cuando que describen las etapas de reacción específicas de un método de la invención.

- 35 Será evidente para la persona experta en la técnica que se puede usar un biocatalizador natural (de tipo natural) o un mutante de un biocatalizador natural con una actividad adecuada en un método según la invención. Las propiedades de un biocatalizador natural se pueden mejorar mediante técnicas biológicas conocidas para la persona experta en la técnica, tales como, p.ej., evolución molecular o diseño racional. Se pueden hacer mutantes de los biocatalizadores de tipo natural, por ejemplo modificando el ADN codificante de un organismo capaz de actuar como biocatalizador o capaz de producir un resto biocatalítico (tal como una enzima) mediante el uso de técnicas de mutagénesis conocidas para la persona experta en la técnica (mutagénesis aleatoria, mutagénesis dirigida, evolución dirigida, recombinación genética, etc.). En particular, el ADN se puede modificar de forma que codifique una enzima que difiera en al menos un aminoácido de la enzima de tipo natural, de forma que codifique una enzima que comprenda una o más sustituciones, deleciones y/o inserciones de aminoácidos en comparación con la de tipo natural, o de forma que los mutantes combinen secuencias de dos o más enzimas originales o llevando a cabo la expresión del ADN así modificado en una célula (hospedadora) adecuada. Esto último se puede conseguir mediante métodos conocidos para la persona experta en la técnica, tales como optimización de codones u optimización de pares de codones, p.ej. basándose en un método como se describe en el documento WO 2008/000632.

- 40 Un biocatalizador mutante puede tener propiedades mejoradas, por ejemplo con respecto a uno o más de los siguientes aspectos: selectividad hacia el sustrato, actividad, estabilidad, tolerancia a disolventes, perfil de pH, perfil de temperatura, perfil del sustrato, susceptibilidad a la inhibición, utilización de cofactores y afinidad por el sustrato.
- 50 Los mutantes con propiedades mejoradas se pueden identificar aplicando, p.ej., un cribado de alto rendimiento adecuado o métodos de selección basados en tales métodos conocidos para la persona experta en la técnica.

- Se puede modificar la especificidad por el sustrato de las enzimas que actúan sobre los alquilos o ésteres o tioésteres de alquilo. Se puede utilizar la evolución molecular para crear diversidad, seguido de cribado de los mutantes deseados y/o ingeniería racional de bolsillos de unión del sustrato. Las técnicas para modificar la especificidad por el sustrato de una enzima usada en un método de la invención se pueden basar en las descritas en la técnica. Por ejemplo, la ingeniería racional mediante el empleo de información estructural y de secuencia para diseñar mutaciones específicas se ha utilizado para modificar la especificidad por el sustrato del dominio 4 de acil transferasa de la eritromicina polícétido sintasa para que acepte donantes de acilo alternativos. Se ha demostrado

que la modificación del sitio de unión al sustrato propuesto dio como resultado un bolsillo de unión modificado capaz de acomodar sustratos alternativos, lo que dio como resultado una proporción diferente de productos (Reeves, C. D.; Murli, S.; Ashley, G. W.; Piagentini, M.; Hutchinson, C. R.; McDaniel, R. *Biochemistry* 2001, 40(51), 15464-15470). Las aproximaciones de diseño racional y de evolución molecular se han usado para alterar la especificidad por el sustrato del biocatalizador BM3, lo que dio como resultado un gran número de mutantes capaces de oxidar una gran diversidad de diferentes alquenos, cicloalquenos, arenos y heteroarenos en vez de o además del sustrato natural de ácidos grasos de cadena media (p.ej. ácido mirístico) (Peters, M. W.; Meinhold, P.; Glieder, A.; Arnold, F. H. *Journal of the American Chemical Society* 2003, 125(44), 13442-13450; Appel, D.; Lutz-Wahl, S.; Fischer, P.; Schwaneberg, U.; Schmid, R. D. *Journal of Biotechnology* 2001, 88(2), 167-171 y las referencias de ese documento).

- 10 Cuando se hace referencia a un biocatalizador, en particular una enzima, de una fuente particular, se pretende incluir específicamente como biocatalizadores los biocatalizadores recombinantes, en particular enzimas, que se originan de un primer organismo, pero que se producen realmente en un segundo organismo (modificado genéticamente), en particular enzimas, de ese primer organismo.

Preparación de (éster o tioéster) de 3-oxoadipato ("Reacción 1")

- 15 En una realización de la invención, se prepara un (éster o tioéster) de 3-oxoadipato a partir de succinato y acetato, a cuyo succinato y/o acetato se le proporciona normalmente un grupo activante, en particular para producir un éster o un tioéster, lo que facilita la reacción.

El (éster de tioéster) de 3-oxoadipato se puede conseguir biocatalíticamente o químicamente, en particular mediante una "condensación de Claisen", en la que se acopla un éster o tioéster de acetato y un éster o tioéster de succinato.

- 20 En un método preferido de la invención, la preparación comprende una reacción biocatalítica en presencia de un biocatalizador capaz de catalizar una transferencia de un grupo acilo. Una enzima que tiene tal actividad catalítica, por lo tanto, se puede denominar aciltransferasa.

- 25 En un método preferido, la transferencia de acilo tiene lugar entre dos tioésteres de acilo o ésteres de acilo. Los tioésteres de acilo preferidos son acetil-CoA y succinil-CoA. Preferiblemente, dicho biocatalizador es selectivo hacia dichos tioésteres de acilo.

- 30 El biocatalizador puede comprender en particular una enzima capaz de transferir grupos acilo seleccionados del grupo de aciltransferasas (E.C. 2.3.1), preferiblemente del grupo de acetil-CoA:acetil-CoA C-acetiltransferasas (EC 2.3.1.9), acil-CoA:acetil-CoA C-aciltransferasas (EC 2.3.1.16) y succinil-CoA:acetil-CoA C-succiniltransferasas (EC 2.3.1.174, también conocidas como beta-cetoadipil-CoA tiolasas). La actividad de aciltransferasa se ha descrito, por ejemplo, en la beta-oxidación, la biosíntesis de ácidos grasos, la biosíntesis de policétidos, o el metabolismo de butanoato en la base de datos KEGG (Enciclopedia de Genes y Genomas de Kyoto).

Una aciltransferasa puede ser en particular una aciltransferasa de un organismo seleccionado del grupo de arqueas, bacterias y eucariotas.

- 35 En particular, la enzima se puede originar de un microorganismo que es capaz de degradar compuestos orgánicos que comprenden una estructura cíclica aromática o alicíclica, en particular una estructura cíclica de 5, 6 o 7 miembros. El compuesto orgánico puede comprender opcionalmente uno o más heteroátomos en el anillo o como sustituyente o una parte de un sustituyente. Por ejemplo, el resto orgánico puede ser un compuesto aromático, en particular un compuesto aromático que comprende un anillo de seis miembros. En particular, el compuesto aromático se puede seleccionar del grupo de fenilacetato, benzoato, catecol, protocatecuato y gentisato. El compuesto orgánico puede ser un compuesto alicíclico, en particular un alcohol cíclico, tal como ciclohexanol, una cetona cíclica, tal como ciclohexanona, o un cicloalcano, tal como ciclohexano. El compuesto orgánico puede ser una lactama, tal como caprolactama. En una realización, la enzima se origina de un organismo capaz de degradar un ácido dicarboxílico (normalmente C₆ - C₁₀), en particular un ácido dicarboxílico saturado de cadena lineal, tal como ácido adipico.

- 45 En una realización adicional, la enzima se origina de un organismo capaz de sintetizar 3-ceto-adipato, p.ej. como parte de un metabolito secundario (p.ej. malonomicina), por ejemplo, de *Streptomyces* (en particular *Streptomyces rimosus*), de *Actinomicetos*, de otras *Actinobacterias* u otros productores de metabolitos secundarios conocidos.

- 50 El microorganismo preferido para proporcionar un biocatalizador capaz de catalizar la preparación de (éster o tioéster) de 3-oxoadipato incluye además *Acinetobacter* (en particular la cepa ADP1 del género *Acinetobacter* y *A. calcoaceticus*), *Agrobacterium* (en particular *A. tumefaciens*), *Aliccaligenes* (en particular la cepa D2 de *Aliccaligenes* y *A. eutrophus*), *Arthrobacter*, *Arzoarcus* (en particular *A. evansii*), *Azomonas*, *Azotobacter*, *Bacillus* (en particular *B. halodurans*), *Beijerinckia*, *Bradyrhizobium*, *Burkholderia*, *Clostridia* (en particular *C. kluyveri*, *C. acetobutylicum*, *C. beijerinckii*), *Comamonas*, *Corynebacterium* (en particular *C. glutamicum* y *C. aurantiacum*), *E. coli*, *Enterobacter*, *Flavobacterium*, *Megasphera* (en particular *M. elsdenii*), *Norcadia*, *Pseudomonas* (en particular *P. putida*, *P. aeruginosa* y la cepa B13 del género *Pseudomonas*), *Ralstonia* (en particular *R. eutropha*), *Rhizobium*, *Rhodopseudomonas* (en particular *R. palustris*), *Rhodococcus* (en particular *R. erythropolis*, *R. opacus*, y la cepa RHA1 del género *Rhodococcus*), *Aspergillus* (en particular *A. niger*), *Euglenozoa* (en particular *Euglena gracilis*),

Neurospora (en particular *N. crassa*), *Penicillium* (en particular *P. chrysogenum*), *Rhodotorula*, *Saccharomyces*, *Trichosporon* (en particular *T. cutaneum*).

En una realización específica, el biocatalizador comprende una enzima que comprende una secuencia de aminoácidos como se identifica en cualquiera de SEQ ID N°s: 1-13 o un homólogo como se definió anteriormente.

5 Preparación de (éster o tioéster) de 3-hidroxiadipato ("Reacción 2")

En una realización, se prepara (éster o tioéster) de 3-hidroxiadipato a partir de (éster o tioéster) de 3-oxoadipato. Normalmente, al 3-oxoadipato se le proporciona un grupo activante, como se indicó anteriormente.

En principio, el (éster o tioéster) de 3-hidroxiadipato se puede preparar químicamente, p.ej. mediante hidrogenación selectiva del grupo 3-oxo del (éster o tioéster) de 3-oxoadipato.

- 10 Esta reacción se puede llevar a cabo en particular en presencia de un biocatalizador, que cataliza esta etapa de reacción, en particular un biocatalizador que es capaz de catalizar la reducción de un grupo oxo, en particular un grupo carbonilo hasta un grupo hidroxilo.

En una realización específica, el 3-oxoadipato está presente en forma de su tioéster con coenzima A (más adelante en la presente memoria, el tioéster de 3-oxoadipato y coenzima A se denominará 3-oxoadipil-CoA).

- 15 En un método preferido de la invención, la preparación comprende una reacción biocatalítica en presencia de un biocatalizador capaz de catalizar la reducción de un (éster o tioéster) de 3-oxoacilo hasta un (éster o tioéster) de 3-hidroxiacilo.

Una enzima que tiene tal actividad catalítica se puede denominar, por lo tanto, (éster o tioéster) de 3-hidroxiacilo deshidrogenasa. Una enzima que tiene tal actividad catalítica hacia el tioéster 3-hidroxiacil-CoA se puede denominar, por lo tanto, 3-hidroxiacil-CoA deshidrogenasa. Preferiblemente, dicha 3-hidroxiacil-CoA deshidrogenasa es selectiva hacia el sustrato 3-oxoadipil-CoA.

- 20 Una enzima capaz de catalizar la reducción de (éster o tioéster) de 3-oxoacilo hasta un (éster o tioéster) de 3-hidroxiacilo se puede seleccionar en particular del grupo de deshidrogenasas (E.C. 1.1.1), preferiblemente del grupo de 3-hidroxiacil-CoA deshidrogenasa (EC 1.1.1.35 y EC 1.1.1.36), 3-hidroxiacil-CoA deshidrogenasa (EC 1.1.1.157), 3-hidroxiacil-CoA deshidrogenasa (EC 1.1.1.259) y 3-hidroxiacil-CoA deshidrogenasas (EC 1.1.1.211). Las enzimas pueden usar NADH o NADPH como cofactor. La actividad de 3-hidroxiacil-CoA deshidrogenasa se ha descrito, por ejemplo, en el metabolismo de ácidos grasos, la biosíntesis de policétidos, el metabolismo de polihidroxialcanoato, el metabolismo de butanoato, así como la degradación de compuestos aromáticos según la base de datos KEGG (Enciclopedia de Genes y Genomas de Kyoto).

- 30 En particular, los microorganismos que son capaces de degradar un compuesto orgánico, como se identificó anteriormente (véase la "reacción 1"), en particular un compuesto aromático, un compuesto alicíclico o un ácido dicarboxílico.

Otros organismos preferidos para proporcionar un biocatalizador capaz de catalizar la preparación de (éster o tioéster) de 3-hidroxiadipato incluyen: *Acinetobacter* (en particular la cepa ADP1 del género *Acinetobacter* y *A. calcoaceticus*), *Alicigenes* (en particular la cepa D2 de *Alicigenes* y *A. eutrophus*), *Arzoarcus* (en particular *A. evansii*), *Bacillus* (en particular *B. halodurans*), *Bordetella* (en particular *B. pertussis*), *Burkholderia* (en particular *B. pseudomallei* y *B. xenovorans*), *Corynebacterium* (en particular *C. glutamicum*, *C. aurantiacum* y *C. efficiens*), *Deinococcus* (en particular *D. radiodurans*), *E. coli*, *Flavobacterium*, *Klebsiella* (en particular *K. pneumonia*), *Pseudomonas* (en particular *P. putida* y *P. fluorescens*), *Rhodopseudomonas* (en particular *R. palustris*), *Rodococcus* (en particular *R. erythropolis*, *R. opacus*, y la cepa RHA1 del género *Rodococcus*), *Aspergillus* (en particular *A. niger*), *Neurospora* (en particular *N. crassa*), *Penicillium* (en particular *P. chrysogenum*), *Saccharomyces* (en particular *S. cerevisiae*).

- 45 Un organismo adecuado para proporcionar una enzima de EC 1.1.1.35, que actúa sobre 3-cetoheptanoil-CoA, puede ser de cualquier organismo que incluye mamíferos, en particular mamíferos seleccionados del grupo de *Bos taurus*, *Rattus norvegicus*, *Sus scrofa*, y *Homo sapiens*.

Un biocatalizador adecuado implicado en la síntesis (anaerobia) de ácidos grasos, la biosíntesis de policétidos o el metabolismo de polihidroxialcanoatos puede ser de cualquier organismo, en particular microorganismos que incluyen: *Clostridia* (en particular *C. acetobutylicum* y *C. kluyveri*), Euglenozoa (en particular *Euglena gracilis*), *Megasphaera* (en particular *Megasphaera elsdenii*), *Ralstonia* (en particular *Ralstonia eutropha*), y *Zoogloea* (en particular *Zoogloea ramigera*).

- 50 En una realización específica, el biocatalizador (que cataliza la "reacción 2") comprende una enzima que comprende una secuencia de aminoácidos como se identifica en cualquiera de SEQ IDs 15-26, 29 o un homólogo como se definió anteriormente. Se prevé que, en particular, una enzima que comprende una secuencia de aminoácidos según SEQ ID 26 puede catalizar tanto la "reacción 2" como la "reacción 3".

Preparación de (éster o tioéster) de 2,3-deshidroadiopato ("Reacción 3")

En una realización, se prepara (éster o tioéster) de 2,3-deshidroadiopato (5-carboxi-2-pentenoato) a partir de (éster o tioéster) de 3-hidroxiadiopato. Opcionalmente, el 2,3-deshidroadiopato y el 3-hidroxiadiopato se acoplan a una coenzima, ACP u otro grupo activante, como se indicó anteriormente.

- 5 En una realización de la invención, el (éster o tioéster) de 2,3-deshidroadiopato se prepara convirtiendo (éster o tioéster) de 3-hidroxiadiopato químicamente, p.ej. mediante deshidratación en un medio exento de agua en presencia, p.ej., de ácido sulfúrico.

El 2,3-deshidroadiopato se puede preparar en particular a partir de 3-hidroxiadiopato mediante el uso de al menos un biocatalizador.

- 10 Un biocatalizador preferido es un biocatalizador que es capaz de catalizar la deshidratación de un éster o tioéster de 3-hidroxiacilo hasta un éster de 2-enoilo o tioéster de 2-enoilo del mismo.

En una realización específica, el 2,3-deshidroadiopato está presente en forma de su tioéster con coenzima A (más adelante en la presente memoria, el tioéster de 2,3-deshidroadiopato y la coenzima A se denominarán 5-carboxi-2-pentenoil-CoA).

- 15 En una realización específica, el biocatalizador cataliza la deshidratación de 3-hidroxiadiopil-CoA hasta 5-carboxi-2-pentenoil-CoA.

En particular, la reacción biocatalítica se puede llevar a cabo en presencia de un biocatalizador capaz de catalizar la deshidratación de un (tio)éster de 3-hidroxiacilo hasta un tioéster de 2,3-deshidroacilo.

- 20 Una enzima que tiene tal actividad catalítica se puede denominar, por lo tanto, (éster o tioéster) de 3-hidroxiacilo deshidratasa. Una enzima que tiene tal actividad catalítica hacia el tioéster 3-hidroxiacil-CoA se puede denominar, por lo tanto, 3-hidroxiacil-CoA deshidratasa. Preferiblemente, dicha 3-hidroxiacil-CoA deshidratasa es selectiva hacia el sustrato 3-hidroxiadiopil-CoA.

- 25 Una enzima capaz de catalizar la deshidratación de (éster o tioéster) de 3-hidroxiacilo hasta un (éster o tioéster) de 2,3-deshidroacilo se puede seleccionar en particular del grupo de hidrolisas (E.C. 4.2.1), preferiblemente del grupo de enoil-CoA hidratasas (EC 4.2.1.17), 3-hidroxiacil-CoA deshidratasas (EC 4.2.1.55) y enoil de cadena larga-CoA hidratasas (EC 4.2.1.74). La actividad de 3-hidroxiacil-CoA deshidratasa se ha descrito, por ejemplo, en el metabolismo de ácidos grasos, la síntesis de policétidos, o el metabolismo de butanoato, así como la degradación de compuestos aromáticos según la base de datos KEGG.

- 30 Un (éster o tioéster) de 3-hidroxiacilo deshidratasa puede ser una (éster o tioéster) de 3-hidroxiacilo deshidratasa de un organismo seleccionado del grupo de arqueas, bacterias, y eucariotas, por ejemplo del grupo de levaduras, hongos y mamíferos.

- 35 En particular, los microorganismos que son capaces de degradar un compuesto orgánico, como se identificó anteriormente (véase la "reacción 1"), en particular un compuesto aromático, un compuesto alicíclico o un ácido dicarboxílico, son fuentes preferidas de un biocatalizador que cataliza la preparación de (éster o tioéster) de 2,3-deshidroadiopato.

- 40 Los microorganismos capaces de degradar un compuesto aromático, un compuesto alicíclico o un ácido dicarboxílico incluyen *Acinetobacter* (en particular la cepa ADP1 del género *Acinetobacter* y *A. calcoaceticus*), *Alicigenes* (en particular la cepa D2 de *Alicigenes*), *Aspergillus* (en particular *A. niger*), *Azoarcus* (en particular *A. evansii*), *Bacillus* (en particular *B. halodurans*), *Corynebacterium* (en particular *C. glutamicum* y *C. aurantiacum*), *E. coli*, *Flavobacterium*, *Neurospora* (en particular *N. crassa*), *Penicillium* (en particular *P. chrysogenum*), *Pseudomonas* (en particular *P. putida* y *P. fluorescens*), *Rhodopseudomonas* (en particular *R. palustris*), *Rhodococcus* (en particular la cepa RHA1 del género *Rhodococcus*).

- 45 Un organismo preferido para proporcionar una enzima de EC 4.2.1.17, que actúa sobre 3-hidroxihexanoil-CoA, incluye un organismo seleccionado del grupo de mamíferos y microorganismos. Una enzima adecuada de EC 4.2.1.17 de un mamífero puede ser en particular de un mamífero seleccionado del grupo de *Bos taurus*, *Homo sapiens*, *Rattus norvegicus*, y *Sus scrofa*. Una enzima adecuada de EC 4.2.1.17 de un microorganismo puede ser en particular de un microorganismo seleccionado del grupo de *Aeromonas* (en particular *A. caviae*), *Clostridium* (en particular *C. acetobutylicum*), *Gossypium* (en particular *G. hirsutum*), *Rhodospirillum* (en particular *R. rubrum*), y *Ralstonia* (en particular *Ralstonia eutropha*).

- 50 También se prefieren los microorganismos capaces de realizar la biosíntesis (anaerobia) de ácidos grasos. Tales microorganismos incluyen *Clostridia*, en particular (*C. acetobutylicum* y *C. kluyveri*), *Euglenozoa* (en particular *Euglena gracilis*, *Megasphaera* (en particular *M. elsdenii*), y *Saccharomyces* (en particular *S. cerevisiae*).

Una enzima adecuada puede comprender en particular una secuencia de aminoácidos según cualquiera de las SEQ IDs 14, 27, 28, 30-41, 92, o un homólogo de la misma.

Preparación de (éster o tioéster) de adipato a partir de (éster o tioéster) de 2,3-deshidroadiipato ("Reacción 4")

En todas las realizaciones, se prepara (éster o tioéster) de adipato a partir de (éster o tioéster) de 2,3-deshidroadiipato. Se puede preparar (éster o tioéster) de adipato químicamente a partir de (éster o tioéster) de 2,3-deshidroadiipato, p.ej. mediante la hidrogenación selectiva del doble enlace C₂-C₃, o biocatalíticamente.

- 5 Normalmente, al 2,3-deshidroadiipato se le proporciona un grupo activante, como se indicó anteriormente.

El (éster o tioéster) de adipato se prepara preferiblemente a partir de (éster o tioéster) de 2,3-deshidroadiipato mediante el uso de al menos un biocatalizador, que cataliza la hidrogenación del doble enlace carbono-carbono del (éster o tioéster) de 5-carboxi-2-pentenoato.

- 10 En un método preferido de la invención, la preparación comprende una reacción biocatalítica en presencia de un biocatalizador capaz de catalizar la reducción de un (éster o tioéster) de *cis* o *trans* 2-enoilo hasta un (éster o tioéster) de acilo. El biocatalizador puede usar una diversidad de donantes de electrones, por ejemplo, un donante de electrones seleccionado del grupo de NADH, NADPH, FADH₂ y ferredoxina reducida. Los electrones se pueden transferir directamente desde el donante de electrones hasta el biocatalizador, o, de manera alternativa, mediado en particular por la denominada flavoproteína de transferencia de electrones (ETF). Una enzima que tiene tal actividad catalítica se puede denominar, por lo tanto, (éster o tioéster) de 2-enoilo reductasa (ER). Una enzima que tiene tal actividad catalítica hacia el tioéster 2-enoil-CoA se puede denominar, por lo tanto, una 2-enoil-CoA reductasa. Preferiblemente, dicha 2-enoil-CoA reductasa es selectiva hacia el sustrato 2,3-deshidroadiipil-CoA.

- 20 Una enzima capaz de catalizar la reducción de (éster o tioéster) de 2-enoilo se puede seleccionar en particular del grupo de oxidorreductasas (EC 1.3.1 y EC 1.3.99), preferiblemente del grupo de enoil-CoA reductasas EC 1.3.1.8, EC 1.3.1.38 y EC 1.3.1.44, del grupo de enoil-[proteína portadora de acilo] reductasas EC 1.3.1.9, EC 1.3.1.10 y EC 1.3.1.39, y del grupo de butiril-CoA deshidrogenasa (EC 1.3.99.2), acil-CoA deshidrogenasa (1.3.99.3) y acilo de cadena larga-CoA deshidrogenasa (EC 1.3.99.13). Se ha descrito la actividad de (éster o tioéster) de *trans*-2-enoilo reductasa, por ejemplo, en el metabolismo de ácidos grasos, la síntesis de policétidos, el metabolismo de butanoato y la biosíntesis mitocondrial de ácidos grasos según la base de datos KEGG.

- 25 Una (éster o tioéster) de 2-enoilo reductasa en principio se puede obtener o derivar de cualquier organismo. En particular, el organismo se puede seleccionar de bacterias, arqueas o eucariotas, tal como del grupo de levaduras, hongos, protistas, vegetales y animales (que incluyen seres humanos).

- 30 En una realización, el organismo se puede seleccionar de las siguientes bacterias: *E. coli*, *Vibrio*, *Bacillus* (en particular *B. subtilis*), *Clostridia* (en particular *C. kluyveri*, *C. acetobutylicum*, *C. beijerinckii* y *C. perfringens*), *Streptomyces* (en particular *S. coelicolor* y *S. avermitilis*), *Pseudomonas* (en particular *P. putida* y *P. aeruginosa*), *Shewanella*, *Xanthomonas*, *Xylella*, *Yersinia*, *Treponema* (en particular *T. denticola*), *Aeromonas* (en particular *Aeromonas hydrophila*), *Microscilla* (en particular *Microscilla marina*), *Megasphera* (en particular *Megasphera elsdenii*), *Deinococcus* (en particular *Deinococcus radiourans*), *Yarrowia* (en particular *Y. lipolytica*) y *Eubacterium* (en particular *E. pyruvativorans*).

- 35 En una realización, una (éster o tioéster) de 2-enoilo reductasa es de un organismo seleccionado del grupo de *Euglenozoa*, en particular *Euglena gracilis*.

En una realización, una (éster o tioéster) de 2-enoilo reductasa es de un organismo seleccionado del grupo de *Saccharomyces* (en particular *S. cerevisiae*), *Kluyveromyces* (en particular *K. lactis*), *Schizosaccharomyces* (en particular *S. pombe*), *Candida* (en particular *C. tropicalis*).

- 40 En una realización, un (éster o tioéster) de 2-enoilo reductasa es de un organismo seleccionado del grupo de *Aspergillus* (en particular *A. niger* y *A. nidulans*), y *Penicillium* (en particular *P. chrysogenum*).

En una realización, una (éster o tioéster) de 2-enoilo reductasa es de un organismo seleccionado del grupo de *Arabidopsis* (en particular *A. thaliana*).

- 45 En una realización, una (éster o tioéster) de 2-enoilo reductasa es de un organismo seleccionado del grupo de *Homo sapiens*, *Rattus norvegicus*, *Bos Taurus*, género *Cavia*, *Caenorhabditis elegans*, y *Drosophila melanogaster*.

- 50 Una enzima adecuada puede comprender en particular una secuencia de aminoácidos según cualquiera de las SEQ IDs 42-67, 94, 96, 98, 100, 105, 107, 109, 111, 113, o un homólogo de la misma, en particular una secuencia de aminoácidos según cualquiera de las SEQ IDs 60, 63, 96, 100 o un homólogo de la misma. Las secuencias de nucleótidos ejemplares que codifican una enzima adecuada para catalizar la "reacción 4" se representan mediante la (éster o tioéster) de 2-enoilo reductasa 93, 95, 97, 99, 104, 106, 108, 110 y 112.

En una realización ventajosa, además de la (éster o tioéster) de 2-enoilo reductasa, se usa una ETF, que puede ser beneficiosa para la actividad de dicha reductasa. Tal ETF se puede obtener o derivar de un organismo del cual se puede obtener o derivar una reductasa, como se identificó anteriormente. En particular, se puede obtener o derivar de un organismo del mismo género, más en particular de la misma especie, que la reductasa que se usa. Las ETFs

específicas comprenden secuencias de aminoácidos representadas mediante SEQ IDs 102, 103, 115, 116. Las SEQ IDs 101 y 114 representan secuencias de nucleótidos que codifican una ETF específica. Normalmente, tales ETFs comprenden dos subunidades (etfA y etfB) codificadas mediante dos genes diferentes. Estos se usan juntos en general para producir la proteína ETF activa. P.ej., se podrían usar las combinaciones siguientes: La SEQ ID 102 con la SEQ ID 103, o la SEQ ID 116 con la SEQ ID 115. La persona experta será capaz de seleccionar otras combinaciones adecuadas de ETFs, conocidas en la técnica por sí mismas.

En una realización de la invención, un biocatalizador que no tiene por sí mismo una actividad deseada o especificidad hacia el sustrato se puede modificar mediante métodos conocidos en la técnica, p.ej. mediante diseño racional o evolución molecular para crear mutantes capaces de catalizar la conversión de (éster o tioéster) de 2,3-deshidroadiopato en (éster o tioéster) de adipato a una velocidad o selectividad deseable. Se prefieren los biocatalizadores que tienen actividad con derivados de 2-enoil-CoA con una longitud de cadena de 6, en particular los biocatalizadores de *C. kluyveri*, *Bos taurus*, *Euglena gracilis*, *Cavia sp.*, *S. cerevisiae*, *C. tropicalis*, *Homo sapiens*, y *E. pyruvativorans*.

Preparación de ácido adípico ("Reacción 7")

De acuerdo con la invención, se puede usar un éster o tioéster de adipato para preparar ácido adípico mediante hidrólisis del enlace éster o tioéster. Esto se puede llevar a cabo químicamente, p.ej. mediante hidrólisis química en presencia de un ácido o base, o biocatalíticamente.

En un método preferido de la invención, la preparación comprende una reacción biocatalítica en presencia de un biocatalizador capaz de catalizar la hidrólisis de un (tio)éster de acilo.

Una enzima que tiene tal actividad catalítica, por lo tanto, se puede denominar (tio)éster de acilo hidrolasa. Una enzima que tiene tal actividad catalítica hacia el tioéster de acil-CoA se puede denominar, por lo tanto, acil-CoA hidrolasa. Preferiblemente, dicha acil-CoA hidrolasa es selectiva hacia el sustrato adipil-CoA.

Una enzima capaz de catalizar la hidrólisis de un (tio)éster de acilo se puede seleccionar en particular del grupo de hidrolasas (EC 3.1.2), preferiblemente del grupo de acil-CoA hidrolasa (EC 3.1.2.20), acetil-CoA hidrolasa (EC 3.1.2.1), acilo graso de cadena larga-CoA hidrolasa (EC 3.1.2.2), succinil-CoA hidrolasa (EC 3.1.2.3) y acil-[proteína portadora de acilo]-hidrolasa (EC 3.1.2.14).

El biocatalizador puede comprender una enzima que se origina de cualquier organismo, que incluye arqueas, bacterias o eucariotas.

En particular, el biocatalizador puede comprender una enzima de una bacteria seleccionada del grupo de *E. coli*, *Brucella*, (en particular *Brucella melitensis*), *Agrobacterium* (en particular *A. tumefaciens*), *Xanthomonas*, *Sinorhizobium* (en particular *Sinorhizobium meliloti*), *Mesorhizobium* (en particular *Mesorhizobium loti*), *Vibrio*, *Streptomyces* (en particular *S. coelicolor* y *S. avermitilis*), *Rhodopseudomonas* (en particular *Rhodopseudomonas palustris*), *Xylella*, *Yersinia*, *Pseudomonas* (en particular *P. putida* y *P. aeruginosa*), *Shewanella*, *Shigella*, *Salmonella*, *Corynebacterium*, *Mycobacterium*, *Hyphomonas* (en particular *Hyphomonas neptunium*) y *Propionibacterium*.

Se puede hallar un biocatalizador adecuado en particular en una levadura seleccionada del grupo de *Saccharomyces* (en particular *Saccharomyces cerevisiae*) y *Kluyveromyces* (en particular *K. lactis*).

Se puede hallar un biocatalizador adecuado en particular en un hongo seleccionado del grupo de *Aspergillus* (en particular *A. niger*, *A. fumigatus* y *A. nidulans*) y *Penicillium* (en particular *P. chrysogenum*).

En una realización adicional, el organismo se selecciona del grupo de *Arabidopsis* (en particular *A. thaliana*), *Muridae* (en particular *Rattus norvegicus*, *Mus musculus*), *Bovidae* (en particular *Bos taurus*, *Ovis aries*), *Homo sapiens*, y *Caenorhabditis* (en particular *Caenorhabditis elegans*).

En una realización de la invención, un biocatalizador que no tiene por sí mismo la actividad deseada o especificidad hacia el sustrato se puede modificar mediante métodos conocidos en la técnica, p.ej. mediante diseño racional o evolución molecular, para crear mutantes capaces de convertir de manera eficaz un éster o tioéster de adipato en adipato. Se prefiere un biocatalizador que tiene una actividad inicial con un derivado de acil-CoA de un ácido C4-C8, preferiblemente que incluye ácidos dicarboxílicos. Por ejemplo, se puede crear un mutante basándose en una acil-CoA-tioesterasa de *Mus musculus* (p.ej. tal como se proporciona en SEQ ID 73).

En una realización específica de la invención, la preparación comprende una reacción biocatalítica en presencia de un biocatalizador capaz de catalizar la transferencia de un grupo activante, en particular un éster o tio-éster, más en particular CoA.

Una enzima que tiene tal actividad catalítica, por lo tanto, se puede denominar CoA transferasa. Preferiblemente, dicha CoA transferasa es selectiva hacia un ácido dicarboxílico-CoA como sustrato donante de CoA. Más preferiblemente, dicho ácido dicarboxílico-CoA es adipil-CoA. Preferiblemente, dicha CoA transferasa es selectiva

hacia acetato como sustrato aceptor de CoA.

Una enzima capaz de catalizar la transferencia de un grupo CoA se puede seleccionar en particular del grupo de CoA transferasas (EC 2.8.3), preferiblemente del grupo de ácido dicarboxílico-CoA:ácido dicarboxílico CoA transferasa, adipato:succinil-CoA CoA transferasa, 3-oxoácido CoA-transferasa (EC 2.8.3.5), 3-oxoadipato CoA-transferasa (EC 2.8.3.6) y acetato CoA-transferasa (EC 2.8.3.8).

Una CoA transferasa se puede obtener o derivar en principio de cualquier organismo. El organismo puede ser bacterias, arqueas o eucariotas. En particular, se prefieren los organismos que son capaces de degradar ácidos dicarboxílicos, en particular ácido adípico.

El organismo puede ser en particular una bacteria seleccionada del grupo de *Acinetobacter* (en particular la cepa ADP1 de *Acinetobacter*, *A. calcoaceticus*), *Clostridium* (en particular *C. kluyveri*, *C. acetobutylicum* o *C. beijerinckii*), *Pseudomonas* (en particular *P. putida* y *P. fluorescens*), *Agrobacterium*, *Alcaligenes*, *Athrobacter*, *Azomonas*, *Azospirillum*, *Azotobacter*, *Bacillus*, *Beijerinckia*, *Bradyrhizobium*, *Burkholderia*, *Comamonas*, *Corynebacterium*, *Norcadia*, *Rhizobium*, *Rhodotorula*, *Rodococcus*, *Trichosporon*, y *Roseburia*.

El organismo puede ser en particular una levadura u hongo seleccionado del grupo de *Aspergillus* (en particular *A. niger*), *Penicillium* (en particular *P. chrysogenum*), y *Neurospora*.

En particular, se puede obtener o derivar una CoA transferasa adecuada de una especie de la familia de *Hominidea*, más en particular de *Homo sapiens*.

Una enzima adecuada para la reacción 7 puede comprender en particular una secuencia de aminoácidos según cualquiera de las SEQ IDs 68-73, 85, 116, 117, 119-124, o un homólogo de la misma.

La preparación de ácido adípico a partir de un tioéster se puede catalizar en particular mediante un biocatalizador que comprende una acil-CoA hidrolasa que comprende una secuencia de aminoácidos según cualquiera de las SEQ IDs 68-73, 117, 119, o un homólogo de la misma.

La preparación de ácido adípico a partir de un tioéster se puede catalizar en particular mediante un biocatalizador que comprende una CoA transferasa que comprende una secuencia de aminoácidos según cualquiera de las SEQ IDs 85, 121, 122, 123, 124, 125, 126 o un homólogo de la misma.

La CoA-transferasa puede estar codificada por un único gen o mediante más de un gen. Por ejemplo, algunas CoA-transferasas comprenden dos subunidades codificadas por dos genes diferentes. Estos se usan juntos en general para producir la proteína CoA transferasa activa. P.ej., se podrían usar las combinaciones siguientes: La SEQ ID 121 con la SEQ ID 122, o la SEQ ID 125 con la SEQ ID 126.

Preparación de 5-FVA a partir de un éster de adipato o un tioéster de adipato ("Reacción 5")

En una realización, se prepara pentanoato de 5-formilo (5-FVA) a partir de un éster de adipato o un tioéster de adipato. Esto se puede realizar químicamente, o biocatalíticamente. El adipato se puede acoplar en particular a CoA u otro grupo activante, como se indicó anteriormente.

En particular, la presente invención también proporciona un método para preparar 5-FVA a partir de un éster de adipato o un tioéster de adipato, en particular un método para preparar 5-FVA a partir de tioéster de adipil-CoA, en presencia de un biocatalizador capaz de catalizar la reducción de un éster o tioéster de acilo hasta un aldehído.

Una enzima que tiene tal actividad catalítica, por lo tanto, se puede denominar aldehído deshidrogenasa. Una enzima que tiene tal actividad catalítica hacia un éster de acilo o tioéster de acilo, por ejemplo, tioéster de acil-CoA, se puede denominar, por lo tanto, una aldehído deshidrogenasa (acetilante). Preferiblemente, el biocatalizador, que comprende una aldehído deshidrogenasa (acetilante), es selectivo hacia el sustrato de éster o tioéster de adipato.

Una enzima capaz de catalizar la reducción de un (tio)éster de acilo se puede seleccionar en particular del grupo de oxidoreductasas (EC 1.2.1), preferiblemente del grupo de aldehído deshidrogenasas (acetilantes) (EC 1.2.1.10), acilo graso-CoA reductasas (EC 1.2.1.42), acilo graso de cadena larga-CoA reductasas (EC 1.2.1.50), butanal deshidrogenasas (EC 1.2.1.57) y succinato semialdehído deshidrogenasas (acetilantes) (véase, p.ej., Sohling et al. 1996. J Bacteriol. 178: 871-880).

Una aldehído deshidrogenasa se puede obtener o derivar en principio de cualquier organismo. Se entiende que la enzima también se puede obtener de fuentes metagenómicas mediante aislamiento directo del ácido nucleico codificante y la determinación posterior de la actividad en un hospedador heterólogo, o mediante la homología de secuencia hallada en el ADN metagenómico. El organismo puede ser bacterias, arqueas o eucariotas. En particular, el organismo se puede seleccionar de bacterias, más en particular del grupo de *E. coli*, *Clostridium* (en particular *C. kluyveri*, *C. beijerinckii*, *C. acetobutylicum*, *C. botylicum*, *C. tetani*, *C. perfringens* y *C. novyi*), *Porphyromonas gingivalis*, *Listeria*, *Propionibacterium* (en particular *P. freudenreichii*), *Enterococcus*, *Fusobacterium*, *Lactobacillus* (en particular *L. lactis*), *Bacillus* (en particular *B. thuringiensis*), *Burkholderia* (en particular *B. thailandensis* y *B. mallei*), *Pseudomonas* (en particular *P. putida*), *Rhodococcus* (en particular la cepa RHA1 del género *R.*)y

Salmonella (en particular *S. typhimurium*). El organismo también se puede seleccionar de eucariotas, más en particular del grupo de *Giardia* (en particular *G. lamblia*), *Entamoeba* (en particular *E. Histolytica*), *Mastigamoeba balamuthi*, *Chlamydomonas reinhardtii*, *Polytomella*, *Piromyces*, *Cryptosporidium*, y *Spironucleus barkhanus*.

- 5 Una deshidrogenasa adecuada puede comprender en particular una secuencia de aminoácidos según cualquiera de las SEQ IDs 74-81, 139-148, o un homólogo de la misma.

10 En una realización de la invención, un biocatalizador que no tiene por sí mismo la actividad deseada o especificidad hacia el sustrato se puede modificar mediante métodos conocidos en la técnica, p.ej. mediante diseño racional o evolución molecular, para crear mutantes capaces de convertir un éster o tioéster de adipato en 5-FVA. Se prefieren los biocatalizadores que tienen actividad acilante de aldehído deshidrogenasa con derivados de acil-CoA con una longitud de cadena de 4-8, que incluyen, pero sin limitación, biocatalizadores tales como succinato semialdehído deshidrogenasa (acetilante) de *C. kluyveri* (SEQ ID 74) o *P. gingivalis* (SEQ ID 75) y butiraldehído deshidrogenasa (acetilante) de *C. acetobutylicum* (SEQ ID 80, 81) o *Propionibacterium freudenreichii* (SEQ ID 79).

Preparación de 5-FVA a partir de ácido adípico ("Reacción 8")

15 De acuerdo con la invención, se puede usar ácido adípico para preparar 5-FVA, mediante la reducción de uno de los grupos de ácido carboxílico. Esto se puede llevar a cabo químicamente, p.ej. mediante reducción química selectiva, que incluye opcionalmente la protección de un grupo de ácido carboxílico, o biocatalíticamente. En un método preferido de la invención, la preparación comprende una reacción biocatalítica en presencia de un biocatalizador capaz de catalizar la reducción un ácido carboxílico. El biocatalizador puede usar NADH o NADPH como donante de electrones.

- 20 Una enzima que tiene tal actividad catalítica, por lo tanto, se puede denominar aldehído deshidrogenasa. Preferiblemente, dicha aldehído deshidrogenasa es selectiva hacia el sustrato de adipato.

25 Una enzima capaz de catalizar la reducción de un ácido carboxílico se puede seleccionar en particular del grupo de oxidoreductasas (EC 1.2.1), preferiblemente del grupo de aldehído deshidrogenasa (EC 1.2.1.3, EC 1.2.1.4 y EC 1.2.1.5), malonato-semialdehído deshidrogenasa (EC 1.2.1.15), succinato-semialdehído deshidrogenasa (EC 1.2.1.16 y EC 1.2.1.24); glutarato-semialdehído deshidrogenasa (EC 1.2.1.20), amino adipato semialdehído deshidrogenasa (EC 1.2.1.31), adipato semialdehído deshidrogenasa (EC 1.2.1.63), que también se puede denominar 6-oxohexanoato deshidrogenasa. La actividad de adipato semialdehído deshidrogenasa se ha descrito, por ejemplo, en la ruta de degradación de caprolactama en la base de datos KEGG. En particular, se puede usar una 6-oxohexanoato deshidrogenasa. Los ejemplos de 6-oxohexanoato deshidrogenasas son enzimas que comprenden una secuencia tal como se representa mediante SEQ ID 127, 128 o un homólogo de las mismas.

30 Una aldehído deshidrogenasa se puede obtener o derivar en principio de cualquier organismo. El organismo puede ser procariótico o eucariótico. En particular, el organismo se puede seleccionar de bacterias, arqueas, levaduras, hongos, protistas, vegetales y animales (que incluyen seres humanos).

35 En una realización, la bacteria se selecciona del grupo de *Acinetobacter* (en particular la cepa NCIMB9871 del género *Acinetobacter*), *Ralstonia*, *Bordetella*, *Burkholderia*, *Methylobacterium*, *Xanthobacter*, *Sinorhizobium*, *Rhizobium*, *Nitrobacter*, *Brucella* (en particular *B. melitensis*), *Pseudomonas*, *Agrobacterium* (en particular *Agrobacterium tumefaciens*), *Bacillus*, *Listeria*, *Alcaligenes*, *Corynebacterium*, y *Flavobacterium*.

En una realización, el organismo se selecciona del grupo de levaduras y hongos, en particular del grupo de *Aspergillus* (en particular *A. niger* y *A. nidulans*) y *Penicillium* (en particular *P. chrysogenum*)

- 40 En una realización, el organismo es un vegetal, en particular *Arabidopsis*, más en particular *A. thaliana*.

Preparación de 6-ACA ("Reacción 6")

En una realización de la invención, se usa 5-FVA para preparar 6-ACA.

45 En una realización, se obtiene 6-ACA mediante hidrogenación sobre PtO₂ de ácido 6-oximocaproico, preparado mediante la reacción de 5-FVA e hidroxilamina. (véase, p.ej., F.O. Ayorinde, E.Y. Nana, P.D. Nicely, A.S. Woods, E.O. Price, C.P. Nwaonicha *J. Am. Oil Chem. Soc.* 1997, 74, 531-538 para la síntesis del ácido 12-aminododecanoico homólogo).

50 6-ACA se puede preparar con un rendimiento elevado mediante la aminación reductora de 5-FVA con amoníaco sobre un catalizador de hidrogenación, por ejemplo Ni sobre un soporte de SiO₂/Al₂O₃, como se describió para el ácido 9-aminononanoico (ácido 9-aminopelargónico) y ácido 12-aminododecanoico (ácido 12-aminoláurico) en los documentos EP-A 628 535 o DE 4 322 065.

En una realización adicional, se prepara 6-ACA biocatalíticamente. En un método preferido, la preparación de 6-ACA a partir de 5-FVA comprende una reacción enzimática en presencia de una enzima capaz de catalizar una reacción de transaminación en presencia de un donante de amino, seleccionado del grupo de aminotransferasas (E.C. 2.6.1).

En general, una aminotransferasa adecuada tiene actividad de 6-ACA 6-aminotransferasa, capaz de catalizar la conversión de 5-FVA en 6-ACA.

La aminotransferasa se puede seleccionar en particular de las aminotransferasas de un mamífero; *Mercurialis*, en particular *Mercurialis perennis*, más en particular brotes de *Mercurialis perennis*; *Asplenium*, más en particular *Asplenium unilaterale* o *Asplenium septentrionale*; *Cerantonia*, más en particular *Cerantonia siliqua*; *Rhodobacter*, en particular *Rhodobacter sphaeroides*, *Staphylococcus*, en particular *Staphylococcus aureus*; *Vibrio*, en particular *Vibrio fluvialis*; *Pseudomonas*, en particular *Pseudomonas aeruginosa*; *Rhodopseudomonas*; *Bacillus*, en particular *Bacillus weihenstephanensis* y *Bacillus subtilis*; *Legionella*; *Nitrosomas*; *Neisseria*; o levaduras, en particular *Saccharomyces cerevisiae*.

En caso de que la enzima sea de un mamífero, se puede originar en particular de riñón de mamífero, de hígado de mamífero, de corazón de mamífero o de cerebro de mamífero. Por ejemplo, una enzima adecuada se puede seleccionar del grupo de β -aminoisobutirato: α -cetoglutarato aminotransferasa de riñón de mamífero, en particular β -aminoisobutirato: α -cetoglutarato aminotransferasa de riñón de cerdo; β -alanina aminotransferasa de hígado de mamífero, en particular β -alanina aminotransferasa de hígado de conejo; aspartato aminotransferasa de corazón de mamífero; en particular, aspartato aminotransferasa de corazón de cerdo; 4-amino-butirato aminotransferasa de hígado de mamífero, en particular 4-amino-butirato aminotransferasa de hígado de cerdo; 4-amino-butirato aminotransferasa de cerebro de mamífero, en particular 4-aminobutirato aminotransferasa de cerebro de ser humano, cerdo, o rata; α -cetoadipato-glutamato aminotransferasa de *Neurospora*, en particular α -cetoadipato:glutamato aminotransferasa de *Neurospora crassa*; 4-amino-butirato aminotransferasa de *E. coli*, o α -aminoadipato aminotransferasa de *Thermus*, en particular α -aminoadipato aminotransferasa de *Thermus thermophilus*, y 5-aminovalerato aminotransferasa de *Clostridium*, en particular de *Clostridium aminovalericum*. Se puede proporcionar una 2-aminoadipato aminotransferasa adecuada, p.ej., de *Pyrobaculum islandicum*.

En una realización específica, se usa una aminotransferasa que comprende una secuencia de aminoácidos según la SEQ ID 82, SEQ ID 83, SEQ ID 84, SEQ ID 134, SEQ ID 136, SEQ 138, o un homólogo de cualquiera de estas secuencias. Las SEQ IDs 86 (tipo natural) y 88 (optimización de codones) representan la secuencia que codifica una enzima representada mediante la SEQ ID 82 (=87). Las SEQ IDs 89 (tipo natural) y 91 (optimización de codones) representan la secuencia que codifica una enzima representada mediante la SEQ ID 83 (=90). Las SEQ ID 133, SEQ ID 135, SEQ 137 representan secuencias codificantes para SEQ ID 134, SEQ ID 136, SEQ 138, respectivamente.

En particular, el donante de amino se puede seleccionar del grupo de amoniaco, iones amonio, aminos y aminoácidos. Las aminos adecuadas son aminos primarias y aminos secundarias. El aminoácido puede tener una configuración D o L. Los ejemplos de donantes de amino son alanina, glutamato, isopropilamina, 2-aminobutano, 2-aminoheptano, fenilmetanamina, 1-fenil-1-aminoetano, glutamina, tirosina, fenilalanina, aspartato, β -aminoisobutirato, β -alanina, 4-aminobutirato, y α -aminoadipato.

En una realización preferida adicional, el método para preparar 6-ACA comprende una reacción biocatalítica en presencia de una enzima capaz de catalizar una reacción de aminación reductora en presencia de una fuente de amoniaco, seleccionada del grupo de oxidorreductasas que actúan sobre el grupo CH-NH₂ de los donantes (EC 1.4), en particular del grupo de aminoácido deshidrogenasas (E.C. 1.4.1). En general, una aminoácido deshidrogenasa adecuada tiene actividad de ácido 6-aminocaproico 6-deshidrogenasa, y cataliza la conversión de 5-FVA en 6-ACA, o tiene actividad de α -aminopimelato 2-deshidrogenasa, y cataliza la conversión de AKP en AAP. En particular, una aminoácido deshidrogenasa adecuada se selecciona del grupo de diaminopimelato deshidrogenasas (EC 1.4.1.16), lisina 6-deshidrogenasas (EC 1.4.1.18), glutamato deshidrogenasas (EC 1.4.1.3; EC 1.4.1.4), y leucina deshidrogenasas (EC 1.4.1.9).

En una realización, una aminoácido deshidrogenasa se puede seleccionar de aminoácido deshidrogenasas clasificadas como glutamato deshidrogenasas que actúan con NAD o NADP como aceptores (EC 1.4.1.3), glutamato deshidrogenasas que actúan con NADP como aceptores (EC 1.4.1.4), leucina deshidrogenasas (EC 1.4.1.9), diaminopimelato deshidrogenasas (EC 1.4.1.16), y lisina 6-deshidrogenasas (EC 1.4.1.18).

Una aminoácido deshidrogenasa se puede originar en particular de un organismo seleccionado del grupo de *Corynebacterium*, en particular *Corynebacterium glutamicum*; *Proteus*, en particular *Proteus vulgaris*; *Agrobacterium*, en particular *Agrobacterium tumefaciens*; *Geobacillus*, en particular *Geobacillus stearothermophilus*; *Acinetobacter*, en particular la cepa ADP1 del género *Acinetobacter*; *Ralstonia*, en particular *Ralstonia solanacearum*; *Salmonella*, en particular *Salmonella typhimurium*; *Saccharomyces*, en particular *Saccharomyces cerevisiae*; *Brevibacterium*, en particular *Brevibacterium flavum*; y *Bacillus*, en particular *Bacillus sphaericus*, *Bacillus cereus* o *Bacillus subtilis*. Por ejemplo, una aminoácido deshidrogenasa adecuada se puede seleccionar de diaminopimelato deshidrogenasas de *Bacillus*, en particular *Bacillus sphaericus*; diaminopimelato deshidrogenasas del género *Brevibacterium*; diaminopimelato deshidrogenasas de *Corynebacterium*, en particular diaminopimelato deshidrogenasas de *Corynebacterium glutamicum*; diaminopimelato deshidrogenasas de *Proteus*, en particular diaminopimelato deshidrogenasa de *Proteus vulgaris*; lisina 6-deshidrogenasas de *Agrobacterium*, en particular *Agrobacterium tumefaciens*, lisina 6-deshidrogenasas de *Geobacillus*, en particular de *Geobacillus stearothermophilus*; glutamato deshidrogenasas que actúan con NADH o NADPH como cofactor (EC 1.4.1.3) de *Acinetobacter*, en particular

glutamato deshidrogenasas de la cepa ADP1 del género *Acinetobacter*; glutamato deshidrogenasas (EC 1.4.1.3) de *Ralstonia*, en particular glutamato deshidrogenasas de *Ralstonia solanacearum*; glutamato deshidrogenasas que actúan con NADPH como cofactor (EC 1.4.1.4) de *Salmonella*, en particular glutamato deshidrogenasas de *Salmonella typhimurium*; glutamato deshidrogenasas (EC 1.4.1.4) de *Saccharomyces*, en particular glutamato deshidrogenasas de *Saccharomyces cerevisiae*; glutamato deshidrogenasas (EC 1.4.1.4) de *Brevibacterium*, en particular glutamato deshidrogenasas de *Brevibacterium flavum*; y leucina deshidrogenasas de *Bacillus*, en particular leucina deshidrogenasas de *Bacillus cereus* o *Bacillus subtilis*.

En una realización, el 6-ACA preparado en un método de la invención se usa para preparar caprolactama. Tal método comprende ciclar el ácido 6-aminocaproico, opcionalmente en presencia de un biocatalizador.

- 10 Las condiciones de reacción para cualquier etapa biocatalítica en el contexto de la presente invención se pueden elegir dependiendo de las condiciones conocidas para el biocatalizador, en particular la enzima, la información descrita en la presente memoria y opcionalmente cierta experimentación rutinaria.

En principio, el pH del medio de reacción usado se puede elegir dentro de límites amplios, con tal de que el biocatalizador sea activo en las condiciones de pH. Se pueden usar condiciones alcalinas, neutras o ácidas, dependiendo del biocatalizador y otros factores. En caso de que el método incluya el uso de un microorganismo, p.ej. para expresar una enzima que cataliza un método de la invención, el pH se selecciona de forma que el microorganismo sea capaz de llevar a cabo su función o funciones deseadas. El pH se puede elegir en particular dentro del intervalo de cuatro unidades de pH por debajo del pH neutro y dos unidades de pH por encima del pH neutro, es decir, entre pH 3 y pH 9 en caso de un sistema básicamente acuoso a 25 °C. Un sistema se considera acuoso si el agua es el único disolvente o el disolvente predominante (> 50% en peso, en particular > 90% en peso, basado en el líquido total), en el que, p.ej., se puede disolver una cantidad menor (< 50% en peso, en particular < 10% en peso, basada en el líquido total) de alcohol u otro disolvente (p.ej. como fuente de carbono) a tal concentración que los microorganismos que pueden estar presentes sigan siendo activos. En particular, en el caso de usar una levadura y/o un hongo, se pueden preferir condiciones ácidas, en particular el pH puede estar en el intervalo de pH 3 a pH 8, basado en un sistema básicamente acuoso a 25 °C. Si se desea, el pH se puede ajustar mediante el uso de un ácido y/o una base, o tamponarlo con una combinación adecuada de un ácido y una base.

En principio, las condiciones de incubación se pueden elegir dentro de límites amplios, con tal de que el biocatalizador muestre suficiente actividad y/o crecimiento. Esto incluye condiciones aerobias, microaerobias, con limitación de oxígeno y anaerobias.

- 30 Las condiciones anaerobias se definen en la presente memoria como condiciones sin oxígeno, o en las que el biocatalizador sustancialmente no consume oxígeno, en particular un microorganismo, y normalmente corresponden a un consumo de oxígeno menor de 5 mmol/l.h, en particular a un consumo de oxígeno menor de 2,5 mmol/l.h, o menor de 1 mmol/l.h.

35 Las condiciones aerobias son condiciones en las que hay disuelto en el medio un nivel suficiente de oxígeno para el crecimiento ilimitado, capaz de soportar una velocidad de consumo de oxígeno de al menos 10 mmol/l.h, más preferiblemente más de 20 mmol/l.h, aún más preferiblemente más de 50 mmol/l.h, y lo más preferiblemente más de 100 mmol/l.h.

40 Las condiciones con limitación de oxígeno se definen como condiciones en las que el consumo de oxígeno se limita mediante la transferencia de oxígeno del gas al líquido. El límite inferior para las condiciones con limitación de oxígeno se determina mediante el límite superior para las condiciones anaerobias, es decir, normalmente al menos 1 mmol/l.h, y en particular al menos 2,5 mmol/l.h, o al menos 5 mmol/l.h. El límite superior para las condiciones con limitación de oxígeno se determina mediante el límite inferior para las condiciones aerobias, es decir, menor de 100 mmol/l.h, menor de 50 mmol/l.h, menor de 20 mmol/l.h, o menor de 10 mmol/l.h.

45 Si las condiciones son aerobias, anaerobias o con limitación de oxígeno depende de las condiciones en las que se lleva a cabo el método, en particular por la cantidad y composición del flujo de gas de entrada, las propiedades reales de mezcla/transferencia de masa del equipo usado, el tipo de microorganismo usado y la densidad del microorganismo.

50 En principio, la temperatura usada no es crítica, con tal de que el biocatalizador, en particular la enzima, muestre una actividad sustancial. En general, la temperatura puede ser al menos 0 °C, en particular al menos 15 °C, más en particular al menos 20 °C. La temperatura máxima deseada depende del biocatalizador. En general, dicha temperatura máxima se conoce en la técnica, p.ej. se indica en una ficha técnica del producto en caso de un biocatalizador disponible comercialmente, o se puede determinar de manera rutinaria basándose en el conocimiento general habitual y la información descrita en la presente memoria. La temperatura es normalmente 90 °C o menos, preferiblemente 70 °C o menos, en particular 50 °C o menos, más en particular 40 °C o menos.

55 Además, los disolventes, reactivos adicionales y agentes auxiliares adicionales, p.ej. cofactores (por ejemplo cofactor FAD/FADH y/o NAD/NADH) se pueden elegir basándose en principios de reacción conocidos, para realizar o acelerar una reacción específica, y/o se pueden tomar medidas para desplazar el equilibrio al lado deseado. En particular, si se lleva a cabo una reacción biocatalítica fuera de un organismo hospedador, se puede usar un medio

de reacción que comprende un disolvente orgánico a una concentración elevada (p.ej. más del 50%, o más del 90% en peso), en caso de que se use una enzima que conserva una actividad suficiente en tal medio.

El (éster o tioéster) de succinato y (éster o tioéster) de acetato usados en un método de la invención se pueden obtener en principio de cualquier manera.

- 5 El succinato, p.ej., se forma de manera natural como intermedio del ciclo del ácido cítrico (ciclo de Krebs), o como producto final en el metabolismo celular. Así, se puede obtener de una fuente de carbono renovable mediante el uso de un biocatalizador adecuado. Los biocatalizadores, en particular microorganismos, se pueden usar para producir succinato a partir de una fuente adecuada de carbono. El microorganismo puede ser un procariota o un eucariota. El microorganismo puede ser recombinante o de tipo natural.
 - 10 En un microorganismo recombinante, se puede alterar el metabolismo para incrementar el rendimiento y la productividad de succinato con una fuente adecuada de carbono. Se han descrito métodos para incrementar la producción de succinato en procariotas en Song y Lee, *Enzyme and Microbial Technology*, 2006, 39: 352-361. También se puede producir succinato en un eucariota. Además y de manera alternativa, se puede aplicar una evolución adaptativa, tal como se describe en la solicitud de EE.UU. 2007/111294.
 - 15 Se puede obtener éster o tioéster de succinato a partir de succinato de cualquier manera. En particular, se puede obtener éster o tioéster de succinato a partir de succinato mediante el uso de un biocatalizador. En particular, se puede obtener succinil-CoA a partir de succinato mediante el uso de un biocatalizador que comprende una enzima seleccionada del grupo de ácido-tiol ligasa (EC 6.2.1), preferiblemente del grupo de succinil-CoA sintasa (EC 6.2.1.4 y EC 6.2.1.5). Además o de manera alternativa, se puede obtener succinil-CoA a partir de succinato mediante el uso
 - 20 de un biocatalizador que comprende una enzima seleccionada del grupo de CoA transferasas (EC 2.8.3) tal como se especificó para la reacción 7.
- También se puede obtener éster o tioéster de succinato a partir de moléculas distintas de succinato de cualquier manera. En particular, se puede obtener succinil-CoA a partir de 2-oxoglutarato mediante el uso de un biocatalizador que comprende un complejo de 2-oxoglutarato deshidrogenasa. El complejo de 2-oxoglutarato deshidrogenasa es un
- 25 complejo multienzimático que participa en el ciclo TCA, conocido para los expertos en la técnica. Además o de manera alternativa, se puede obtener succinil-CoA a partir de 2-oxoglutarato mediante el uso de un biocatalizador que comprende una 2-oxoglutarato: ferredoxina oxidoreductasa (EC 1.2.7.3).
- El acetato es un intermedio natural o producto final en el metabolismo celular. Así, se puede obtener de una fuente de carbono renovable mediante el uso de un biocatalizador adecuado. Los biocatalizadores, en particular
- 30 microorganismos, se pueden usar para producir succinato a partir de una fuente adecuada de carbono. El microorganismo puede ser un procariota o un eucariota. El microorganismo puede ser recombinante o de tipo natural.
- Se puede obtener éster o tioéster de acetato a partir de acetato de cualquier manera. En particular, se puede obtener acetil-CoA a partir de acetato mediante el uso de un biocatalizador que comprende una enzima seleccionada del grupo de ácido-tiol ligasa (EC 6.2.1), preferiblemente acetil-CoA sintasa (EC 6.2.1.1 y EC 6.2.1.13). Además o de
- 35 manera alternativa, se puede obtener acetil-CoA a partir de acetato mediante el uso de un biocatalizador que comprende una enzima seleccionada del grupo de CoA transferasas (EC 2.8.3) tal como se especificó para la reacción 7.
- También se puede obtener éster o tioéster de acetato a partir de moléculas distintas de acetato de cualquier manera.
- 40 En particular, se puede obtener acetil-CoA a partir de piruvato mediante el uso de un biocatalizador que comprende una enzima seleccionada del grupo de complejo de piruvato deshidrogenasa, piruvato deshidrogenasa (NADP+) (EC 1.2.1.51), piruvato formiato liasa (EC 2.3.1.54) o un biocatalizador o enzima que convierte de manera eficaz piruvato en acetil-CoA. El complejo de piruvato deshidrogenasa es un complejo multienzimático que convierte piruvato en acetil-CoA, conocido para los expertos en la técnica.
- También se puede obtener acetil-CoA a partir de acetaldehído mediante el uso de un biocatalizador que comprende una enzima seleccionada del grupo de oxidoreductasas (EC 1:2.1), preferiblemente del grupo de aldehído deshidrogenasas (acetilante) (EC 1.2.1.10), acilo graso-CoA reductasas (EC 1.2.1.42), butanal deshidrogenasas (EC 1.2.1.57) y succinato semialdehído deshidrogenasas (acetilante) (como se describe en Sohling et al. 1996. *J Bacteriol.* 178: 871-880).
- 45 También se puede obtener acetil-CoA a partir de acetaldehído mediante el uso de un biocatalizador que comprende una enzima seleccionada del grupo de oxidoreductasas (EC 1:2.1), preferiblemente del grupo de aldehído deshidrogenasas (acetilante) (EC 1.2.1.10), acilo graso-CoA reductasas (EC 1.2.1.42), butanal deshidrogenasas (EC 1.2.1.57) y succinato semialdehído deshidrogenasas (acetilante) (como se describe en Sohling et al. 1996. *J Bacteriol.* 178: 871-880).
- Cuando el biocatalizador es un eucariota, el suministro de acetil-CoA, preferiblemente en el compartimento citosólico de la célula hospedadora, se puede incrementar sobreexpresando genes homólogos y/o heterólogos que codifican enzimas que catalizan la conversión de una molécula precursora en acetil-CoA. La molécula precursora puede ser, por ejemplo, acetato, como se describe en Shiba et al., *Metabolic Engineering*, 2007, 9: 160-8.
- 50 Cuando el biocatalizador es un eucariota, el suministro de acetil-CoA, preferiblemente en el compartimento citosólico de la célula hospedadora, se puede incrementar sobreexpresando genes homólogos y/o heterólogos que codifican enzimas que catalizan la conversión de una molécula precursora en acetil-CoA. La molécula precursora puede ser, por ejemplo, acetato, como se describe en Shiba et al., *Metabolic Engineering*, 2007, 9: 160-8.
- En un método ventajoso de la invención, en particular un método para preparar 6-ACA, ácido adípico o un compuesto intermedio para 6-ACA o ácido adípico, se usa una biotransformación con células completas del sustrato para 6-ACA, ácido adípico o un intermedio de los mismos, que comprende el uso de un microorganismo en el que se producen una o más enzimas que catalizan cualquiera de las reacciones anteriores, y una fuente de carbono para el
- 55 En un método ventajoso de la invención, en particular un método para preparar 6-ACA, ácido adípico o un compuesto intermedio para 6-ACA o ácido adípico, se usa una biotransformación con células completas del sustrato para 6-ACA, ácido adípico o un intermedio de los mismos, que comprende el uso de un microorganismo en el que se producen una o más enzimas que catalizan cualquiera de las reacciones anteriores, y una fuente de carbono para el

microorganismo.

La fuente de carbono puede contener en particular al menos un compuesto seleccionado del grupo de alcoholes monohídricos, alcoholes polihídricos, ácidos carboxílicos, dióxido de carbono, ácidos grasos, glicéridos, lo que incluye las mezclas que comprenden cualquiera de dichos compuestos. Los alcoholes monohídricos adecuados incluyen metanol y etanol. Los polioles adecuados incluyen glicerol y carbohidratos. Los ácidos grasos o glicéridos adecuados se pueden proporcionar en particular en forma de un aceite comestible, preferiblemente de origen vegetal.

En particular se puede usar un carbohidrato, ya que normalmente los carbohidratos se pueden obtener en grandes cantidades a partir de una fuente biológicamente renovable, tal como un producto agrícola, por ejemplo un material de desecho agrícola. Preferiblemente se usa un carbohidrato seleccionado del grupo de glucosa, fructosa, sacarosa, lactosa, sacarosa, almidón, celulosa y hemicelulosa. Se prefiere en particular glucosa, oligosacáridos que comprenden glucosa y polisacáridos que comprenden glucosa.

En un método específico de la invención, el método es un método de fermentación. Tal método puede comprender, en particular, poner en contacto células que comprenden un biocatalizador, opcionalmente una célula hospedadora como se describe en la presente memoria, con una fuente de carbono fermentable, en el que la fuente de carbono contiene cualquiera de dichos compuestos que se van a convertir en el compuesto a preparar, o en el que las células preparan el compuesto a convertir en el compuesto a preparar a partir de la fuente de carbono.

Se puede construir una célula que comprende una o más enzimas para catalizar una etapa de reacción en un método de la invención mediante el uso de técnicas de biología molecular, que se conocen en la técnica por sí mismas. Por ejemplo, si se van a producir uno o más biocatalizadores en un sistema heterólogo, tales técnicas se pueden usar para proporcionar un vector que comprende uno o más genes que codifican uno o más de dichos biocatalizadores. Un vector que comprende uno o más de tales genes puede comprender uno o más elementos reguladores, p.ej. uno o más promotores, que pueden estar unidos de forma operable a un gen que codifica un biocatalizador.

Tal como se usa en la presente memoria, la expresión "unido de forma operable" se refiere a una unión de elementos polinucleotídicos (o secuencias codificantes o secuencias de ácido nucleico) en una relación funcional. Una secuencia de ácido nucleico está "unida de forma operable" cuando está colocada en una relación funcional con otra secuencia de ácido nucleico. Por ejemplo, un promotor o potenciador está unido de forma operable a una secuencia codificante si afecta a la transcripción de la secuencia codificante.

Tal como se usa en la presente memoria, el término "promotor" se refiere a un fragmento de ácido nucleico que funciona para controlar la transcripción de uno o más genes, localizados en posición anterior con respecto a la dirección de la transcripción del sitio de inicio de la transcripción del gen, y se identifica estructuralmente mediante la presencia de un sitio de unión para la ARN polimerasa dependiente de ADN, sitios de inicio de la transcripción y cualquier otra secuencia de ADN, que incluye, pero sin limitación, sitios de unión de factores de transcripción, sitios de unión de proteínas represoras y activadoras, y cualquier otra secuencia de nucleótidos conocida para un experto en la técnica que actúan directamente o indirectamente para regular la cantidad de transcripción del promotor. Un promotor "constitutivo" es un promotor que es activo en la mayoría de condiciones ambientales y del desarrollo. Un promotor "inducible" es un promotor que es activo en la regulación ambiental o del desarrollo. El término "homólogo", cuando se usa para indicar la relación entre una molécula de ácido nucleico (recombinante) o polipéptido determinado y un organismo hospedador o célula hospedadora determinada, se entiende que significa que en la naturaleza la molécula de ácido nucleico o polipéptido es producida por una célula hospedadora u organismo hospedador de la misma especie, preferiblemente de la misma variedad o cepa.

El promotor que se podría usar para llevar a cabo la expresión de las secuencias de nucleótidos codificantes de una enzima para el uso en un método de la invención tal como se describió anteriormente en la presente memoria puede ser nativo respecto de la secuencia de nucleótidos codificante de la enzima a expresar, o puede ser heterólogo respecto de la secuencia de nucleótidos (secuencia codificante) a la que está unido de forma operable. Preferiblemente, el promotor es homólogo, es decir, endógeno respecto de la célula hospedadora.

Si se usa un promotor heterólogo (respecto de la secuencia de nucleótidos que codifica la enzima de interés), el promotor heterólogo preferiblemente es capaz de producir un mayor nivel en el estado estacionario del transcrito que comprende la secuencia codificante (o es capaz de producir más moléculas de transcrito, es decir, moléculas de mRNA, por unidad de tiempo) que el promotor que es nativo respecto de la secuencia codificante. Los promotores adecuados en este contexto incluyen los promotores naturales tanto constitutivos como inducibles, así como los promotores modificados, que son muy conocidos para la persona experta en la técnica.

Un "promotor constitutivo fuerte" es uno que provoca que los mARNs se inicien con una frecuencia elevada en comparación con una célula hospedadora nativa. Los ejemplos de tales promotores constitutivos fuertes en los microorganismos Gram-positivos incluyen SP01-26, SP01-15, *veg*, *pyc* (promotor de piruvato carboxilasa), y *amyE*.

Los ejemplos de promotores inducibles en microorganismos Gram-positivos incluyen el promotor Pspac inducible con IPTG, el promotor PxilA inducible con xilosa.

Los ejemplos de promotores constitutivos e inducibles en microorganismos Gram-negativos incluyen *tac*, *tet*, *trp-fet*, *lpp*, *lac*, *lpp-lac*, *lacIq*, *T7*, *T5*, *T3*, *gal*, *trc*, *ara* (*P_{BAD}*), SP6, λ -P_R, y λ -P_L.

El término "heterólogo", cuando se usa con respecto a un ácido nucleico (ADN o ARN) o proteína, se refiere a un ácido nucleico o proteína que no se da de manera natural como parte del organismo, célula, genoma o secuencia de ADN o ARN en el que está presente, o que se halla en una célula o localización o localizaciones en el genoma o secuencia de ADN o ARN que difieren de aquella en la que se halla en la naturaleza. Las proteínas o ácidos nucleicos heterólogos no son endógenos respecto de la célula en la que se introducen, sino que se han obtenido de otras células o se han producido de manera sintética o recombinante. En general, aunque no necesariamente, tales ácidos nucleicos codifican proteínas que no se producen normalmente en la célula en la que se transcribe o expresa el ADN. De forma similar, el ARN exógeno codifica proteínas que no se expresan normalmente en la célula en la que está presente el ARN exógeno. Las proteínas y ácidos nucleicos heterólogos también se pueden denominar proteínas o ácidos nucleicos exógenos. Cualquier proteína o ácido nucleico que un experto en la técnica reconocería como heterólogo o exógeno respecto de la célula en la que se expresa, está abarcado en la presente memoria por la expresión proteína o ácido nucleico heterólogo.

Un método según la invención se puede llevar a cabo mediante el uso de un organismo, que puede ser un organismo hospedador, en particular un microorganismo hospedador, o un microorganismo de tipo natural. Por lo tanto, también se describe una célula (hospedadora), que puede ser un microorganismo, que comprende un biocatalizador capaz de catalizar al menos una etapa de reacción en un método de la invención, y preferiblemente la célula es capaz de producir una enzima o una diversidad de enzimas, por lo que se catalizan dos o más etapas de reacción en un método de la invención. La descripción se refiere además a un vector nuevo que comprende uno o más genes que codifican una o más enzimas capaces de catalizar al menos una etapa de reacción en un método de la invención.

Además se describe una célula o un vector que comprende una secuencia de ácido nucleico, que puede ser recombinante, que codifica una enzima con actividad de éster o tioéster de 5-carboxi-2-pentenoilo hidrogenasa, en particular actividad de 5-carboxi-2-pentenoilo hidrogenasa.

Preferiblemente, la célula comprende además al menos (un vector recombinante que comprende) una secuencia de ácido nucleico que codifica una enzima seleccionada del grupo de enzimas capaces de catalizar la conversión de un éster o tioéster de adipilo, en particular adipil-CoA, en 5-FVA y enzimas que catalizan la conversión de éster o tioéster de adipilo, en particular adipil-CoA, en ácido adípico.

En particular, cuando la célula comprende una enzima capaz de catalizar la conversión de un éster o tioéster de adipilo en 5-FVA, la célula puede comprender de manera ventajosa (un vector recombinante que comprende) una secuencia de ácido nucleico que codifica una enzima capaz de catalizar la conversión de 5-FVA en 6-ACA. Tal enzima puede ser en particular una enzima con actividad de 5-FVA aminotransferasa.

Además o de manera alternativa, la célula (hospedadora) respectivamente comprende al menos una de las secuencias de ácido nucleico siguientes:

- una secuencia de ácido nucleico que codifica una enzima capaz de catalizar la formación de éster o tioéster de 3-oxoadipilo haciendo reaccionar un éster o tioéster de succinilo con un éster o tioéster de acetato;
- una secuencia de ácido nucleico que codifica una enzima capaz de catalizar la formación de un éster o tioéster de 3-hidroxiadipilo a partir de un éster o tioéster de 3-oxoadipilo;
- una secuencia de ácido nucleico que codifica una enzima capaz de catalizar la formación de un éster o tioéster de 5-carboxi-2-pentenoilo a partir de un éster o tioéster de 3-hidroxiadipilo;
- una secuencia de ácido nucleico que codifica una enzima capaz de catalizar la formación de un éster o tioéster de adipilo a partir de éster o tioéster de 5-carboxi-2-pentenoilo.

Se puede seleccionar en particular uno o más genes adecuados de los genes que codifican una enzima como se mencionó anteriormente en la presente memoria, más en particular de los genes que codifican una enzima según cualquiera de las SEQ IDs 1-67, 94, 96, 98, 100, 102, 103, 105, 107, 109, 111, 113, 115, 116 o un homólogo de las mismas.

La célula hospedadora puede ser procariota o eucariota. En particular, la célula hospedadora se puede seleccionar de bacterias, arqueas, levaduras, hongos, protistas, vegetales y animales (que incluyen seres humanos).

En particular, se puede seleccionar una célula hospedadora usada en un método según la invención del grupo de géneros que consiste en *Aspergillus*, *Bacillus*, *Corynebacterium*, *Escherichia*, *Saccharomyces*, *Pseudomonas*, *Gluconobacter*, *Penicillium*, *Pichia*. En particular, se puede seleccionar una cepa hospedadora y, así, una célula hospedadora del grupo de *E. coli*, *Bacillus subtilis*, *Bacillus amyloliquefaciens*, *Corynebacterium glutamicum*, *Aspergillus niger*, *Penicillium chrysogenum*, *Pichia pastoris*, *Saccharomyces cerevisiae*.

Pueden ser ventajosas las células hospedadoras capaces de producir ácidos grasos de cadena corta tales como succinato y/o acetato y/o ésteres o tio-ésteres de los mismos. Los organismos capaces de ello están presentes en general en el rumen de los rumiantes. En particular, se prefiere un organismo capaz de coproducir succinato y acetato o ésteres o tioésteres de los mismos.

- 5 El microorganismo puede ser recombinante o de tipo natural. En particular, los microorganismos capaces de producir succinato incluyen *E. coli*, *Actinobacillus* (en particular *A. succinogenes*), *Mannheimia* (en particular *M. succiniciproducens*), *Saccharomyces cerevisiae*, *Aspergillus* (en particular *A. niger*), *Penicillium* (en particular *P. chrysogenum* y *P. simplicissimum*) y otros organismos mencionados en Kaemwich Jantama, M.J. Haupt, Spyros A. Svoronos, Xueli Zhang, J.C. Moore, K.T. Shanmugam, L.O. Ingram. *Biotechnology and Bioengineering* (2007) 99, 5:1140-1153.

- 10 En particular, los microorganismos capaces de producir acetato incluyen *Enterobacteriaceae* (en particular *E. coli*, *Salmonella*, y *Shigella*), bacterias de ácido acético (que incluyen *Acetobacter* (en particular *Acetobacter aceti*), *Gluconobacter* (en particular *Gluconobacter oxidans*), *Acidomonas*, *Gluconacetobacter*, *Asaia*, *Kozakia*, *Swaminathania*, *Saccharibacter*, *Neoasaia*, *Granulibacter*, *Clostridium* (en particular *C. aceticum*, *C. thermoaceticum*, *C. thermoautotrophicum*, *C. formicoaceticum*, *C. kluyveri*, *C. propionicum*), *Megasphaera* (en particular *M. elsdenii*), *Acetobacterium* (en particular *A. woodii* y *A. wieringae*), *Lactobacillus* (en particular *L. plantarum*, *L. brevum*), *Bifidobacterium* (en particular *B. bifidum*), y *Leuconostoc*.

- 15 También se describen nuevos polipéptidos y secuencias de nucleótidos que codifican tales polipéptidos. En particular, se describe un polipéptido que comprende una secuencia de aminoácidos según cualquiera de SEQ IDs 57, 68-72, 79, 85 y los homólogos de las mismas. En particular, se describe un polinucleótido que codifica un polipéptido que comprende una secuencia de aminoácidos según cualquiera de SEQ IDs 57, 68-72, 79, 85 y los homólogos de las mismas.

Ejemplos

Ejemplo 1: Métodos Generales

- 25 Técnicas moleculares y genéticas

- Las técnicas habituales de genética y biología molecular se conocen en general en la técnica, y se han descrito previamente (Maniatis et al. 1982 "Molecular cloning: a laboratory manual". Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, N.Y.; Miller 1972 "Experiments in molecular genetics", Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor; Sambrook y Russell 2001 "Molecular cloning: a laboratory manual" (3ª edición), Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press; F. Ausubel et al, eds., "Current protocols in molecular biology", Green Publishing and Wiley Interscience, Nueva York 1987).

Plásmidos y Cepas

- 35 Se obtuvo pBAD/Myc-His C y pET21d de Invitrogen (Carlsbad, CA, EE.UU.) y EMD Biosciences (Darmstadt, Alemania), respectivamente. pF113 (un derivado de pJF119EH (Fürste, J. P., W. Pansegrau, R. Frank, H. Blocker, P. Scholz, M. Bagdasarian, y E. Lanka. 1986. Molecular cloning of the plasmid RP4 primase region in a multi-host-range tacP expression vector. *Gene* 48:119-131) que contiene dos sitios NotI en las posiciones 515 y 5176, respectivamente, siendo el promotor tac el inicio de la numeración), pACYC-tac (Krämer, M. (2000). Untersuchungen zum Einfluss erhöhter Bereitstellung von Erythrose-4-Phosphat und Phosphoenolpyruvat auf den Kohlenstofffluss in den Aromatenbiosyntheseweg von *Escherichia coli*. *Berichte des Forschungszentrums Jülich*, 3824. ISSN 0944-2952 (Tesis PhD, Universidad de Düsseldorf) y pMS470 (Balzer, D.; Ziegelin, G.; Pansegrau, W.; Kruff, V.; Lanka, E. *Nucleic Acids Research* 1992, 20(8), 1851-1858) se han descrito previamente. Se usó TOP10 de *E. coli* (Invitrogen, Carlsbad, CA, EE.UU.) para todos los procedimientos de clonación. Las cepas de *E. coli* Top10 (Invitrogen, Carlsbad, CA, EE.UU.), Rv308 (ATCC31608), Rv308Δ*araB*, y BL21 A1 (Invitrogen, Carlsbad, CA, EE.UU.) se usaron para la expresión de proteínas.

- 45 Todos los vectores se adaptaron insertando un ligador común para permitir una estrategia de clonación idéntica. El esquema de adaptación y clonación general se muestra en la Figura 2.

Medios

- 50 Se usó el medio 2xTY (16 g/l de triptopeptona, 10 g/l de extracto de levadura, 5 g/l de NaCl) para el cultivo de *E. coli*. Se aportaron antibióticos (100 µg/ml de ampicilina) para mantener los plásmidos. Para la inducción de la expresión génica se usó arabinosa (para derivados de pBAD), IPTG (para derivados de pMS470 y pF113), y una combinación de arabinosa e IPTG (para derivados de pET21d en BL21-A1 de *E. coli*) a concentraciones finales del 0,005-0,2% (arabinosa) y 0,1-0,5 mM (IPTG).

Identificación de plásmidos

Los plásmidos que portaban los diferentes genes se identificaron mediante medios genéticos, bioquímicos, y/o fenotípicos conocidos en general en la técnica, tales como la resistencia de los transformantes a antibióticos, el análisis de diagnóstico mediante PCR de los transformantes o la purificación del ADN plasmídico, el análisis de restricción del ADN plasmídico purificado o el análisis de la secuencia de ADN.

Método de análisis mediante HPLC-MS para la determinación de derivados de CoA

Las concentraciones de adipil-CoA y 6-carboxi-2,3-en-hexanoil-CoA se determinaron mediante LC-MS. Se usó una columna Agilent SB-C18 de 2,1*50 mm para la separación con acetonitrilo/agua tamponado con 750 mg/l de acetato de octilamonio (pH=7,5) como fase móvil. El flujo fue de 300 µl/min, y la elución se realizó con un gradiente (Inicio: 70% de agua, disminución hasta 58% en 3 min, escalón hasta 45%, disminución adicional hasta 20% en 1,5 min, seguido de reequilibrado de la columna, de tal manera que el tiempo total de funcionamiento fue 7 min). Se usó un aparato LTQ Orbitrap en modo de ionización negativa por electronebulización, con barrido a m/z 765-900. El adipil-CoA y 6-carboxi-2,3-en-hexanoil-CoA eluyeron a 2,25 min y 2,5 min, respectivamente. La selectividad del método se incrementó observando las moléculas protonadas exactas de los compuestos solicitados (adipil-CoA: 894,15123-894,16017, 6-carboxi-2,3-en-hexanoil-CoA: 892,13437-892,14329). Para determinar las concentraciones, se realizó una curva patrón de compuestos preparados de manera sintética para calcular un factor de respuesta para los iones respectivos. Esto se usó para calcular las concentraciones en las muestras desconocidas.

Se puede detectar el adipato y cuantificarlo como se describe en Kippenberger, M.; Winterhalter, R.; Moortgat, G. K. Anal. Bioanal. Chem. 2008, 392(7-8), 1459-1470.

Ejemplo 2: Determinación de la actividad de 6-carboxi-2,3-en-hexanoil-CoA reductasa

Construcciones de expresión

Se seleccionaron supuestas 6-carboxi-2,3-en-hexanoil-CoA reductasas de las bases de datos (Tabla 1).

Los genes objetivo que codificaban las proteínas seleccionadas se optimizaron con respecto a los pares de codones (mediante el uso de la metodología descrita en el documento WO08000632) y se construyeron de manera sintética (Geneart, Regensburg, Alemania). Antes de la optimización, las secuencias selectivas (p.ej. las señales de secreción o las secuencias de selección peroxisómicas/mitocondriales) se eliminaron de la secuencia de aminoácidos. Tales secuencias selectivas se pueden identificar mediante herramientas bioinformáticas muy conocidas en la técnica, tal como se describe en Emanuelsson et al. 2007. Nature protocols, 2: 953-971). En el procedimiento de optimización, se evitaban los sitios de restricción internos, y se introdujeron sitios de restricción comunes en el inicio y la parada para permitir la clonación según la estrategia mostrada en la Figura 2. Estas modificaciones pueden dar como resultado cambios menores para las secuencias de las proteínas respectivas, que se considera que no alteran las propiedades de la proteína respectiva de ninguna manera. Cada ORF fue precedido por un sitio consenso de unión al ribosoma y una secuencia líder para controlar la traducción en pF113, pMS470 y pET21d. En la traducción de pBAD, el vector proporciona las señales de inicio. Los genes objetivo "Adi4", "Adi5", "Adi8" y "Adi9" se clonaron en los cuatro plásmidos con y sin lectura de la etiqueta de His C-terminal proporcionada por la secuencia ligadora.

Expresión de proteínas en *E. coli*

Los cultivos iniciadores se cultivaron durante la noche en placas de 96 pocillos con 200 µl de medio/pocillo. Se transfirieron 40-160 µl a placas nuevas de 24 pocillos profundos con 4 ml de medio. Para las construcciones de pBAD en TOP10 de *E. coli* o Rv308ΔaraB de *E. coli*, este medio contuvo directamente un 0,005% de arabinosa para las inducciones. Las placas se incubaron en un agitador orbital (Infors, 550 rpm) a 25 °C. Después de 4-6 h se añadieron los inductores (IPTG 0,5 mM para pF113 y pMS470 en Rv308 de *E. coli*, BL21 de *E. coli* o TOP10 de *E. coli*; IPTG 0,5 mM y 0,2% de arabinosa para pET21d en BL21A1 de *E. coli*), y las placas se incubaron durante otras 4-48 h hasta que se recogieron las células mediante centrifugación.

Preparación de un extracto exento de células y purificación mediante la etiqueta de His

Las células del cultivo a pequeña escala (véase el párrafo previo) se recogieron mediante centrifugación, y se descartó el sobrenadante. Los sedimentos celulares formados durante la centrifugación se congelaron a -20 °C durante al menos 16 h, y después se descongelaron sobre hielo. Se añadieron 2 ml de tampón de lisis recién preparado (fosfato potásico 50 mM de pH 7,5, 0,1 mg/ml de ADNasa I (Roche, Almere, NL), 2 mg/ml de Lisozima, MgSO₄ 0,5 mM, ditiotritol 1 mM, e inhibidores de proteasas (comprimidos Complete Mini EDTA-free™, Roche, Almere, NL, usados según las especificaciones del fabricante) a cada pocillo, y las células se resuspendieron agitando en vórtex energicamente la placa durante 2-5 min. Para conseguir la lisis, la placa se incubó a temperatura ambiente durante 30 min. Para eliminar los restos celulares, la placa se centrifugó a 4 °C y 6000 g durante 20 min. El sobrenadante se transfirió a una placa nueva, y se mantuvo sobre hielo hasta su uso posterior. Para la purificación de proteínas con etiqueta de His, se usaron placas con filtro His Multitrap HP (GE Healthcare bioscience AB, Uppsala, Suecia) según las instrucciones del fabricante.

Síntesis de sustratos

El sustrato (J.R. Stern, A. del Campillo, J. Biol. Chem., 1956, 985. A.K. Das, M.D. Uhler, A.K. Hajra, J. Biol. Chem., 2000, 24333. H. Oku, N. Futamori, K. Masuda, Y. Shimabukuro, T. Omine, H. Iwasaki, Biosc. Biotech. Biochem., 2003, 2107. Elvidge et. al, J. Chem. Soc., 1953, 1793. F. Liu, H-Y. Zha, Z-J. Yao, J. Org. Chem., 2003, 6679-6684) y el producto (documento WO2004/106347) de la reacción bioquímica deseada fueron sintetizados por Syncom (Groningen, NL) según los procedimientos publicados.

Ensayo enzimático de enoil-CoA

Se preparó una mezcla de reacción que comprendía tampón de potasio 50 mM (pH 7,5), NADH y NADPH cada uno 0,7 mM, y aproximadamente 20 µM del sustrato 6-carboxi-2,3-en-hexanoil-CoA. Se dispensaron 190 µl de la mezcla de reacción en cada pocillo de placas de 96 pocillos. De la misma manera, se usaron 10 µl de extracto exento de células preparado a partir de la cepa respectiva que portaba el vector vacío en las reacciones de control. Para iniciar la reacción, se añadieron 10 µl de los extractos exentos de células o proteína purificada a cada uno de los pocillos. Las mezclas de reacción se incubaron a temperatura ambiente (20-25 °C) durante 15 min a 24 h con monitorización en línea de la absorción UV a 340 nm. Al final, las reacciones se pararon añadiendo un volumen igual de MeOH, y las muestras se centrifugaron. El sobrenadante se transfirió a una placa nueva y se almacenó a -80 °C hasta el análisis posterior mediante HPLC-MS. El adipil-CoA se halló como se muestra en la Tabla 1.

Tabla 1: Adipil-CoA (la cantidad se indica mediante el área relativa del pico) hallado en el ensayo enzimático.

Biocatalizador	SEQ ID N°	Modificaciones ¹	adipil-CoA ²
Adi4	63	134 AA del extremo N-terminal eliminados	3266
Adi5	96		196031
Adi8	60	22 AA del extremo N-terminal eliminados	581859
Adi9	100	12 AA del extremo N-terminal eliminados	117077
- (vector de control)			0

¹ Si el polipéptido resultante tras la modificación no se inicia con una metionina en el extremo N-terminal, el polipéptido resultante se modifica adicionalmente añadiendo una metionina en el extremo N-terminal.

² Los resultados mostrados se obtuvieron con BL21 de *E. coli* que contenía el gen adi clonado en pMS470 tras una incubación de 20 h. También se obtuvieron resultados positivos con otros vectores de expresión y cepas hospedadoras (tales como pET21d en BL21-A1 de *E. coli*, pBAD/Myc-His C en Rv308 de *E. coli* y pF113 en BL21 de *E. coli*) y diferentes periodos de incubación (p.ej. 2 h).

Ejemplo 3: Producción de adipato mediante un microorganismo heterólogo

Construcción de una ruta biosintética de adipato

Se diseñó una ruta sintética que consistió en las actividades enzimáticas mostradas en la Figura 3. Las enzimas que codificaban estas actividades se identificaron en las bases de datos. Los genes objetivo que codificaban estas enzimas se optimizaron para los pares de codones y se construyeron de manera sintética (Geneart, Regensburg, Alemania). En el procedimiento de optimización, se eliminaron los sitios de restricción internos, las secuencias selectivas indeseadas (p.ej. señales de secreción o secuencias selectivas peroxisómicas), y se introdujeron sitios de restricción en el inicio y en la parada para permitir el montaje de la ruta en los vectores de expresión según la Figura 4. Estas modificaciones pueden dar como resultado cambios menores para las secuencias de las proteínas, que se considera que no alteran las propiedades de la proteína respectiva de ninguna manera. Cada ORF fue precedido por un sitio consenso de unión al ribosoma y una secuencia líder para controlar la traducción.

Para las reacciones 1, 2, y 3, se usaron las combinaciones de adi21+22+23 o adi26+27+28. Para la reacción 7, se usó adi29, adi30 o una combinación de adi24+25. Para la reacción 4, se puede usar adi1-20 con adi8, adi6, adi13+12.

Tabla 2: SEQ IDs de las diferentes proteínas Adi.

Proteína	SEQ ID N°
Adi21	5
Adi22	18
Adi23	33
Adi24	119
Adi25	120
Adi26	3
Adi27	29
Adi28	14
Adi29	116
Adi30	117

Construcción de una cepa de *E. coli* que produce adipato

Para construir cepas de *E. coli* que producen adipato, se transformaron plásmidos que codificaban una ruta completa de adipato en las cepas hospedadoras adecuadas para la expresión de los genes clonados. Las construcciones de pMS470 que contenían las rutas completas se transformaron en BL21, TOP10 y Rv308 de *E. coli*. Las construcciones de pBAD/Myc-His C se transformaron en TOP10 y Rv308ΔaraB de *E. coli*. Las construcciones en pF113 o pACYC-tac se transformaron junto con construcciones compatibles pF113, pACYC-tac o pMS470 de manera que la cepa final contuvo una ruta completa de adipato. Estos plásmidos se cotransformaron en TOP10, BL21, y Rv308 de *E. coli*.

10 Producción de adipato

Para la producción de adipato, se hicieron cultivos iniciadores durante la noche en placas de 96 pocillos con 200 µl de medio a 30 °C. Se transfirieron 50 µl a una placa nueva de 24 pocillos con 4 ml de medio y se cultivaron durante 4-6 h a 25 °C, y después se añadieron inductores para inducir la expresión de la ruta de adipato. Los cultivos se incubaron durante otras 12 h - 72 h a 25 °C. Las placas se centrifugaron y las muestras se prepararon para el análisis mediante LC-MS. El sobrenadante se mezcló en una proporción 1:1 con MeOH para precipitar las proteínas, y después se analizó directamente. Los metabolitos de las células se extrajeron resuspendiendo el sedimento en 1 ml de etanol. La suspensión celular se transfirió a un tubo con rosca superior y se calentó en un baño de agua hirviendo durante 3 min. Tras la centrifugación, el sobrenadante se transfirió a un tubo nuevo y se evaporó en un aparato Speed-Vac. Las muestras secas se resuspendieron en 100 µl de fase móvil antes del análisis.

20 Ejemplo 4: Preparación de 5-FVA a partir de adipil-CoA

Método de análisis mediante HPLC-MS para la determinación de 5-FVA

5-FVA se detectó mediante monitorización selectiva de reacciones (SRM)-MS, que mide la transición de m/z 129→83. Las concentraciones de 5-FVA se calcularon midiendo el área del pico de 5-FVA que eluye aproximadamente a los 6 min. La calibración se llevó a cabo mediante el uso de un procedimiento de patrón externo. Todos los experimentos de LC-MS se llevaron a cabo en un sistema Agilent 1200 LC, que consistió en una bomba cuaternaria, un automuestreador y un horno de columnas, acoplado con un triple cuadrupolo de MS modelo Agilent 6410 QQQ.

Condiciones de LC:

Columna: Precolumna de 50 x 4,6 mm Nucleosil C18, 5 µm (Machery & Nagel) acoplada a una 250 x 4,6 mm d.i. Prevail C18, 5 µm (Alltech)

ES 2 655 710 T3

Temperatura de la columna: temperatura ambiente

Eluyente: A: agua que contiene un 0,1% de ácido fórmico
B: acetonitrilo que contiene un 0,1% de ácido fórmico

Gradiente:	Tiempo (min)	% de eluyente B
	0	10
	6	50
	6,1	10
	11	10

Flujo: 1,2 ml/min, antes de entrar en MS el flujo se divide 1:3

5 Volumen de inyección: 2 µl

Condiciones de MS:

Ionización: electronebulización de iones negativos
condiciones de la fuente: tensión de nebulización iónica : 5 kV
temperatura : 350 °C

10 tensión del fragmentador y energía de colisión optimizada

Modo de barrido: modo de reacción selectiva: transición m/z 129 → 83

Construcciones de Expresión

15 Se seleccionaron las supuestas adipil-CoA-reductasas (SEQ ID 74, 75, 77, 79, 80, 139-148). Se diseñan construcciones de expresión y se preparan de la misma manera que se describió antes en el Ejemplo 2 mediante el uso de pBAD/Myc-His C y pET21d.

Expresión, extracción y purificación de proteínas

Todas las etapas se llevan a cabo como se describió en el Ejemplo 2.

Ensayo enzimático de adipil-CoA reductasa

20 Se prepara una mezcla de reacción que comprende tampón de potasio 50 mM (pH 7,5), NADH y NADPH cada uno 0,7 mM, y 10 µM-10 mM del sustrato adipil-CoA. Se dispensan 190 µl de la mezcla de reacción en cada pocillo de placas de 96 pocillos. El adipil-CoA se preparó como se describió en el Ejemplo 2. Para iniciar la reacción, se añaden 10 µl de los extractos exentos de células o proteína purificada a cada uno de los pocillos. De la misma manera, se usan 10 µl de extracto exento de células preparado a partir de la cepa respectiva que porta el vector vacío en las reacciones de control. Las mezclas de reacción se incuban a temperatura ambiente (20-25 °C) durante 15 min - 24 h con monitorización en línea de la absorción UV a 340 nm. Al final, las reacciones se paran añadiendo un volumen igual de MeOH, y las muestras se centrifugan. El sobrenadante se transfiere a una placa nueva y se almacena a -80 °C hasta la detección de 5-FVA mediante HPLC-MS. La medida de 5-FVA demuestra la actividad de adipil-CoA reductasa de las enzimas seleccionadas.

Ejemplo 5 Preparación de 6-ACA a partir de 5-FVA

30 Análisis mediante HPLC-MS para la determinación de 6-ACA

Calibración:

La calibración se llevó a cabo mediante una línea de calibración externa de 6-ACA (m/z 132 → m/z 114, Rt 7,5 min). Todos los experimentos de LC-MS se llevaron a cabo en un aparato Agilent 1100, equipado con una bomba cuaternaria, desgasificador, automuestreador, horno de columna, y un aparato de MS de cuadrupolo simple (Agilent, Waldbronn, Alemania). Las condiciones de LC-MS fueron:

Columna: 50*4 Nucleosil (Mancherey-Nagel) + 250 x 4,6 Prevail C18 (Alltech), ambas a temperatura ambiente (TA)

Eluyente: A = 0,1 (v/v) de ácido fórmico en agua ultrapura

B = Acetonitrilo (pa, Merck)

Flujo: 1,0 ml/min, antes de entrar en MS el flujo se dividió 1:3

Gradiente: El gradiente se inició a t=0 minutos con un 100% (v/v) de A, permaneció durante 15 minutos y cambió en 15 minutos a un 80% (v/v) de B (t=30 minutos). De 30 a 31 minutos el gradiente se mantuvo constante a un 80% (v/v) de B.

Volumen de inyección: 5 µl

Detección MS: ESI(+)-MS

La ionización por electronebulización (ESI) se realizó en el modo de barrido positivo con las siguientes condiciones; m/z 50-500, fragmentador a 50 V, tamaño de escalón de m/z 0,1, temperatura del gas de secado de 350 °C, gas de secado a 10 L de N₂/min, presión del nebulizador de 344,7 kPa (50 psig) y tensión del capilar de 2,5 kV.

Clonación de los genes objetivo

Diseño de construcciones de expresión

Se añadieron sitios *attB* a todos los genes en posición anterior al sitio de unión al ribosoma y al codón de inicio, y en posición posterior al codón de parada para facilitar la clonación mediante el uso de la tecnología de Gateway (Invitrogen, Carlsbad, CA, EE.UU.).

Síntesis de genes y construcción de plásmidos

Se obtuvieron genes sintéticos de DNA2.0 y se optimizaron los codones para la expresión en *E. coli* según los procedimientos habituales de DNA2.0. En los genes de aminotransferasas de JS17 de *Vibrio fluvialis* [SEQ ID N° 86] y KBAB4 de *Bacillus weihenstephanensis* [SEQ ID N° 89] que codificaban las secuencias de aminoácidos de la ω-aminotransferasa de JS17 de *V. fluvialis* [SEQ ID N° 82] y la aminotransferasa de KBAB4 de *B. weihenstephanensis* (ZP_01186960) [SEQ ID N° 83], respectivamente, se optimizaron los codones, y se obtuvieron las secuencias resultantes [SEQ ID N° 88] y [SEQ ID N° 91] mediante síntesis de ADN.

Las células a las que se proporcionaron dichos genes se denominan más adelante en la presente memoria *E. coli* TOP10/pBAD-*Vfl*_AT y *E. coli* TOP10/pBAD-*Bwe*_AT, respectivamente

Clonación mediante PCR

Se amplificaron diversos genes que codificaban un biocatalizador a partir de ADN genómico mediante PCR con el uso del kit PCR Supermix High Fidelity (Invitrogen) según las especificaciones del fabricante.

Las reacciones de PCR se analizaron mediante electroforesis en gel de agarosa, y los productos de PCR del tamaño correcto se eluyeron del gel mediante el uso del kit de purificación mediante PCR QIAquick (Qiagen, Hilden, Alemania). Los productos de PCR purificados se clonaron en vectores de expresión pBAD/*Myc*-His-DEST mediante el uso de la tecnología de Gateway (Invitrogen) por medio de los sitios *attB* introducidos y pDONR-zeo (Invitrogen) como vector de entrada como se describe en los protocolos del fabricante. La secuencia de los genes clonados mediante PCR se verificó mediante secuenciación de ADN. De esta manera, se obtuvieron los vectores de expresión, pBAD-*Bsu*_gi1-6077991_AT (que comprende un gen representado mediante SEQ ID 133, que codifica un péptido representado mediante SEQ ID 134), pBAD-*Pae*_gi9946143_AT (mediante el uso de los cebadores identificados en SEQ IDs 130 y 131), pBAD-*Pae*_gi9951072_AT (que comprende un gen representado mediante SEQ ID 135, que codifica un péptido representado mediante SEQ ID 136), pBAD-*Pae*_gi9951630_AT (que comprende un gen representado mediante SEQ ID 137, que codifica un péptido representado mediante SEQ ID 138). Se obtuvieron las cepas de expresión correspondientes mediante la transformación de TOP10 de *E. coli* químicamente competentes (Invitrogen) con las construcciones pBAD.

Reacciones enzimáticas para la conversión de ácido 5-formilpentanoico en 6-ACA

A menos que se especifique de otra manera, se preparó una mezcla de reacción que comprendía ácido 5-formilpentanoico 10 mM, α-metilbencilamina racémica 20 mM, y piridoxal-5'-fosfato 200 µM en tampón de fosfato potásico 50 mM, pH 7,0. Se dispensaron 100 µl de la mezcla de reacción en cada pocillo de las placas de pocillos. Para iniciar la reacción, se añadieron 20 µl de los extractos exentos de células a cada uno de los pocillos. Las mezclas de reacción se incubaron en un agitador a 37 °C durante 24 h. Además, se incubó una mezcla de blanco químico (sin extracto exento de células) y un blanco biológico (TOP10 de *E. coli* con pBAD/*Myc*-His C) en las mismas condiciones. Las muestras se analizaron mediante HPLC-MS. Los resultados se resumen en la tabla siguiente.

Tabla 3: Formación de 6-ACA a partir de 5-FVA en presencia de aminotransferasas

ES 2 655 710 T3

Biocatalizador	Concentración de 6-ACA [mg/kg]
<i>E. coli</i> TOP10/pBAD- <i>Vfl</i> _AT	43*
<i>E. coli</i> TOP10/pBAD- <i>Pae</i> _pBAD- <i>Pae</i> _gi_9946143	930
<i>E. coli</i> TOP10/pBAD- <i>Pae</i> _AT	25*
<i>E. coli</i> TOP10/pBAD- <i>Bwe</i> _AT	24*
<i>E. coli</i> TOP101/pBAD- <i>Bsu</i> _gi16077991_AT	288
<i>E. coli</i> TOP10/pBAD- <i>Pae</i> _gi9951072_AT	1087
<i>E. coli</i> TOP10/pBAD- <i>Pae</i> _gi9951630_AT	92
<i>E. coli</i> TOP10 con pBAD/ <i>Myc</i> -His C (blanco biológico)	0,6
Nada (blanco químico)	no detectable

* El método difirió en que se usaron 10 μ l de extracto exento de células en vez de 20 μ l, la concentración de piridoxal-5'-fosfato fue 50 μ M en vez de 200 μ M, y el volumen de la mezcla de reacción en los pocillos fue 190 μ l en vez de 100 μ l

Se muestra que se forma 6-ACA a partir de 5-FVA en presencia de una aminotransferasa, y que *E. coli* es capaz de catalizar esta formación.

LISTA DE SECUENCIAS

- <110> DSM IP ASSETS B.V.
WU, Liang
5 Trefzer, Axel Christoph
De Wildeman, Stefaan Marie Andre
Berg, Marco Alexander
- <120> Síntesis de (éster o tioéster) de adipato.
- 10 <130> P84199PC00
- <150> EP 08152595.8
<151> 03-11-2008
- 15 <160> 148
- <170> PatentIn versión 3.3
- 20 <210> 1
<211> 419
<212> PRT
<213> Penicillium chrysogenum
- 25 <400> 1
- | | | | | | | | | | | | | | | | |
|------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Met. | Ser | Asn | Ala | Gln | Gln | Arg | Leu | Ser | Gln | Val | Ser | Ser | His | Phe | Gly |
| 1 | | | | 5 | | | | | 10 | | | | | 15 | |
| Pro | Gly | Gly | Lys | Lys | Gly | Ala | Ala | Ala | Ile | Thr | Glu | Lys | His | Pro | Asp |
| | | | 20 | | | | | 25 | | | | | 30 | | |
| Asp | Ile | Val | Val | Thr | Cys | Ala | Leu | Arg | Thr | Ala | Leu | Thr | Lys | Gly | Gly |
| | | 35 | | | | | 40 | | | | | 45 | | | |
| Lys | Gly | Gly | Phe | Lys | Asp | Thr | Ala | Gly | Ala | Asp | Leu | Leu | Ala | Gly | Val |
| | 50 | | | | | 55 | | | | | 60 | | | | |
| Phe | Lys | Ala | Val | Leu | Asn | Lys | Ser | Gly | Val | Asp | Pro | Ser | Ser | Val | Gln |
| 65 | | | | | 70 | | | | 75 | | | | | | 80 |
| Asp | Ile | Ala | Val | Gly | Ser | Val | Leu | Ala | Pro | Gly | Gly | Gly | Ala | Thr | Glu |
| | | | 85 | | | | | 90 | | | | | | 95 | |
| Phe | Arg | Ala | Ala | Ala | Leu | Val | Ala | Gly | Phe | Pro | Glu | Ser | Thr | Ala | Val |
| | | 100 | | | | | | 105 | | | | | 110 | | |
| Lys | Ser | Leu | Asn | Arg | Gln | Cys | Ser | Ser | Gly | Leu | Gln | Ala | Ile | Ala | Asp |
| | | 115 | | | | | 120 | | | | | 125 | | | |
| Ile | Ala | Asn | Ala | Ile | Gln | Ser | Gly | Met | Ile | Asp | Val | Gly | Ile | Gly | Ala |
| | 130 | | | | | 135 | | | | | 140 | | | | |
| Gly | Val | Glu | Ser | Met | Ser | Ser | Gln | Tyr | Gly | Pro | Gly | Ala | Val | Thr | Glu |

ES 2 655 710 T3

145 150 155 160
 Phe Ser Asp Leu Leu Glu Ser His Pro Glu Ser Ala Asn Cys Lys Val
 165 170 175
 Pro Met Gly Val Leu Ser Glu Asn Met Ala Lys Asp Arg Gly Val Thr
 180 185 190
 Arg Ala Ser Gln Asp Ser Phe Ala Ala Gln Ser Tyr Gln Lys Ala Val
 195 200 205
 Ala Ala Gln Lys Ala Gly Leu Phe Asn Glu Glu Ile Ala Pro Leu Asp
 210 215 220
 Val Lys Trp Thr Asp Pro Lys Thr Gly Glu Glu Lys Thr Ile Thr Val
 225 230 235 240
 Lys Ala Asp Asp Gly Val Arg Gln Gly Ile Thr Ala Glu Ser Leu Gly
 245 250 255
 Lys Ile Lys Pro Ala Phe Ala Lys Asp Gly Ser Ile His Ala Gly Asn
 260 265 270
 Ala Ser Gln Ile Ser Asp Gly Ala Ala Ala Val Leu Leu Met Lys Arg
 275 280 285
 Ser Thr Ala Glu Arg Leu Gly Gln Lys Ile Leu Gly Lys Tyr Val Thr
 290 295 300
 Ala Ser Val Val Gly Val Lys Pro Leu Leu Met Gly Val Gly Pro Trp
 305 310 315 320
 Lys Ala Ile Pro Val Ala Leu Glu Lys Ala Gly Ile Thr Lys Asp Asp
 325 330 335
 Val Asp Ile Tyr Glu Ile Asn Glu Ala Phe Ala Ser Gln Cys Val Trp
 340 345 350
 Cys Val Asn Glu Leu Gly Ile Pro Ala Glu Lys Val Asn Pro Lys Gly
 355 360 365
 Gly Ala Ile Ala Phe Gly His Pro Leu Gly Cys Thr Gly Ala Arg Gln
 370 375 380
 Val Ser Thr Leu Phe Thr Glu Leu Lys Arg Thr Asn Lys Lys Ile Gly
 385 390 395 400
 Val Thr Ser Met Cys Val Gly Thr Gly Met Gly Met Ala Ala Val Trp
 405 410 415
 Val Ser Glu

5 <210> 2
 <211> 418
 <212> PRT

<213> *Penicillium chrysogenum*

<400> 2

```

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

Pro Gly Ser Ala Arg Gln Lys Ile Leu Ala Lys Asn Pro Asp Asp Val
      20      25      30

Val Ile Thr Tyr Leu Ala Arg Thr Pro Leu Thr Lys Ala Arg Lys Gly
      35      40      45

Gly Leu Lys Asp Thr Thr Val Asp Asp Leu Leu Ile Ser Leu Leu Thr
      50      55      60

Thr Val Arg Glu Lys Ser Asn Leu Asp Pro Asn Leu Val Glu Asp Val
      65      70      75      80

Cys Val Gly Asn Val Leu Cys Pro Gly Ser Ala Tyr Val Ala Arg Ser
      85      90      95

Ala Val Leu Ala Ala Gly Tyr Pro Val Thr Ala Ala Ala Ser Ile Ala
      100      105      110

Asn Arg Phe Cys Ser Ser Gly Leu Leu Ala Val Gln Asn Ile Ala Asn
      115      120      125

Gln Ile Ile Ala Gly Ser Ile Asp Val Gly Val Ala Val Gly Ala Glu
      130      135      140

Ser Met Ser Lys Asn Ala Asp Gly Gly Ala Pro Glu Met Ser Glu Arg
      145      150      155      160

Ile Thr Lys His Pro Ile Ala Ser Gln Asn Ser Gln Pro Met Gly Gln
      165      170      175

Thr Ser Glu Asn Val Ala Asn Gln Phe Asn Ile Ser Arg Glu Gln His
      180      185      190

```

ES 2 655 710 T3

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

<210> 3

<211> 418

<212> PRT

<213> Penicillium chrysogenum

<400> 3

ES 2 655 710 T3

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

Gly Ile Arg Pro Gly Thr Thr Phe Glu Ser Leu Ser Lys Ile Arg Pro
245 250 255

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

Val Thr Asp Gly Ala Ala Ser Val Leu Leu Met Arg Arg Ser Lys Ala
275 280 285

Ile Glu Leu Asn Gln Pro Ile Leu Ala Lys Phe Cys Gly Ala Thr Val
290 295 300

Ala Gly Val Pro Pro Arg Val Met Gly Ile Gly Pro Thr Ala Ala Ile
305 310 315 320

Pro Lys Leu Leu Ser Lys Phe Gln Leu Asp Lys Asn Asp Ile Asp Ile
325 330 335

Tyr Glu Ile Asn Glu Ala Phe Ala Ser Met Ala Val Tyr Cys Val Lys
340 345 350

Asn Leu Gly Leu Asp His Ala Lys Val Asn Pro Arg Gly Gly Ala Ile
355 360 365

Ala Leu Gly His Pro Leu Gly Ala Thr Gly Ala Arg Gln Ile Ala Thr
370 375 380

Ile Leu Ser Glu Ala Arg Arg Thr Lys Ser Lys Ile Leu Val Thr Ser
385 390 395 400

Met Cys Ile Gly Thr Gly Gln Gly Met Ala Gly Leu Phe Val Asn Glu
405 410 415

Gln Leu

<210> 4

<211> 413

<212> PRT

<213> Penicillium chrysogenum

<400> 4

Met Ala Ser Pro Ile Pro Arg Gly Leu Arg Gln Val Leu Gln Lys Ser
1 5 10 15

Ser Asn Asp Ile Val Ile Leu Ser Ser Leu Arg Thr Pro Val Thr Arg
20 25 30

Ala Lys Lys Gly Gly Phe Lys Asp Ala Tyr Pro Glu Glu Leu Leu Ala
35 40 45

Ser Val Leu Gln Ala Thr Leu Lys Ala Asn Pro Asn Leu Asp Pro Ala
50 55 60

Gln Ile Asp Asp Val Leu Ile Gly Ser Val Leu Gln Glu Leu Gly Gly
65 70 75 80

Ala Lys Ala Gly Arg Met Gly Gln Ile His Ala Gly Phe Pro His Ser
85 90 95

Val Pro Phe Asn Thr Ile Asn Arg Gln Cys Ser Ser Gly Leu Ala Ala
100 105 110

Ile Thr Thr Ile Ala Asn Gly Ile Arg Ala Gly Ala Ile Asn Val Gly
115 120 125

Val Gly Gly Gly Met Glu Ser Met Thr Arg Asn Tyr Gly Ser Arg Ala
130 135 140

Ile Pro Thr Val Leu Trp Pro Glu Leu Lys Glu Ser Tyr Ser Gln Asp
145 150 155 160

Ala Arg Asp Cys Ile Met Pro Met Gly Ile Thr Ser Glu Asn Val Ala
165 170 175

Ser Arg Tyr Gly Val Ser Arg Ala Asp Gln Asp Ala Phe Ala Val Glu
180 185 190

Ser His Ala Lys Ala Ser Ala Ala Gln Lys Ala Gly Arg Phe Asp Ser
195 200 205

Glu Ile Val Ser Val Thr Thr Lys Thr Leu Asp Pro Glu Asn Pro Asp
210 215 220

Ala Pro Ala Arg Asp Val Thr Val Ser Gln Asp Asp Gly Ile Arg His
225 230 235 240

Gly Leu Ser Ile Glu Lys Val Gly Ala Leu Lys Pro Ala Phe Ser Pro
245 250 255

Thr Gly Ala Ser Thr Ala Gly Asn Ser Ser Gln Val Ser Asp Gly Ala
260 265 270

Ala Ala Thr Leu Leu Met Arg Arg Ser Thr Ala Glu Glu Leu Gly Leu
275 280 285

Ser Gly Ser Ile Lys Ala Arg Trp Val Ala Ser Ala Val Ala Gly Cys
290 295 300

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

Leu Gln Thr Val Gly Val Glu Val Pro Glu Val Gly Val Trp Glu Ile
325 330 335

Asn Glu Ala Phe Ala Ser Gln Ala Leu Tyr Ser Val Arg Lys Leu Gly
340 345 350

Ile Asp Gln Ala Lys Val Asn Pro Asn Gly Gly Ala Ile Ala Ile Gly
355 360 365

His Pro Leu Gly Ala Thr Gly Ala Arg Gln Leu Ala Thr Leu Leu Pro
370 375 380

Glu Leu Glu Arg Ser Gly Gln Glu Ile Gly Val Ile Ser Met Cys Ile
385 390 395 400

Gly Thr Gly Met Gly Met Ala Gly Met Phe Val Arg Glu
405 410

<210> 5

<211> 401

<212> PRT

<213> Acinetobacter sp.

<400> 5

Met Leu Asn Ala Tyr Ile Tyr Asp Gly Leu Arg Thr Pro Phe Gly Arg
1 5 10 15

His Ala Gly Glu Leu Ala Ser Ile Arg Pro Asp Asp Leu Ala Gly Leu
20 25 30

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

Glu Asp Val Ile Phe Gly Asp Thr Asn Gln Ala Gly Glu Asp Ser Arg
50 55 60

Asn Ile Ala Arg His Ala Ala Leu Leu Ala Gly Leu Pro Val Thr Val
65 70 75 80

Pro Gly Gln Thr Val Asn Arg Leu Cys Ala Ser Gly Leu Ala Ala Ile
85 90 95

Ile Asp Ser Ala Arg Ala Ile Thr Cys Gly Glu Gly Asp Leu Tyr Ile
100 105 110

Ala Gly Gly Val Glu Ser Met Ser Arg Ala Pro Phe Val Met Gly Lys
115 120 125

Ala Glu Ser Ala Tyr Ser Arg Asp Ala Lys Ile Tyr Asp Thr Thr Ile
130 135 140

Gly Thr Arg Phe Pro Asn Lys Lys Ile Val Ala Gln Tyr Gly Gly His
145 150 155 160

Ser Met Pro Glu Thr Gly Asp Asn Val Ala Val Glu Tyr Gly Ile Ser
165 170 175

Arg Glu Gln Ala Asp Leu Phe Ala Ala Gln Ser Gln Ala Lys Tyr Gln
180 185 190

Lys Ala Leu Glu Glu Gly Phe Phe Ala Gly Glu Ile Thr Ala Val Glu
195 200 205

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

His Pro Arg Pro Ser Ser Thr Leu Glu Ala Leu Ser Lys Leu Lys Pro
225 230 235 240

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

Asp Gly Ala Ala Ala Leu Leu Ile Gly Ser Glu Val Ala Gly Gln Lys
260 265 270

Tyr Gly Leu Thr Pro Met Ala Lys Ile Leu Ser Ala Ala Ala Ala Gly
275 280 285

Val Glu Pro Arg Ile Met Gly Ala Gly Pro Ile Glu Ala Ile Lys Lys
290 295 300

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

Ile Asn Glu Ala Phe Ala Ser Gln Val Leu Ser Cys Leu Lys Gly Leu
325 330 335

Gly Ile Asp Phe Asn Asp Pro Arg Val Asn Pro Asn Gly Gly Ala Ile

340 345 350

Ala Val Gly His Pro Leu Gly Ala Ser Gly Ala Arg Leu Ala Leu Thr
355 360 365

Val Ala Arg Glu Leu Gln Arg Arg Asn Lys Lys Tyr Ala Val Val Ser
370 375 380

Leu Cys Ile Gly Val Gly Gln Gly Leu Ala Met Val Ile Glu Asn Val
385 390 395 400

Ser

<210> 6

<211> 393

5 <212> PRT

<213> Clostridium kluyveri

<400> 6

Met Arg Glu Val Val Ile Val Ser Ala Val Arg Thr Ala Ile Gly Ser
1 5 10 15

Phe Gly Gly Thr Leu Lys Asp Val Ser Ala Val Asp Leu Gly Ala Ile
20 25 30

Val Ile Lys Glu Ala Val Lys Arg Ala Gly Ile Lys Pro Glu Gln Val
35 40 45

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

Leu Ala Arg Gln Ser Ala Val Tyr Ala Gly Leu Pro Val Glu Val Pro
65 70 75 80

Ala Phe Thr Val Asn Lys Leu Cys Gly Ser Gly Leu Arg Thr Val Ser
85 90 95

Leu Ala Ala Ser Leu Ile Ser Asn Gly Asp Ala Asp Thr Ile Val Val
100 105 110

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

Arg Phe Gly Tyr Arg Met Gly Glu Ala Lys Ile Tyr Asp Ala Met Leu
130 135 140

His Asp Gly Leu Ile Asp Ser Phe Asn Asn Tyr His Met Gly Ile Thr

ES 2 655 710 T3

145 150 155 160
 Ala Glu Asn Ile Ala Glu Lys Trp Gly Ile Thr Arg Glu Asp Gln Asp
 165 170 175
 Lys Phe Ala Leu Ala Ser Gln Gln Lys Ala Glu Ala Ala Ile Lys Ala
 180 185 190
 Gly Lys Phe Lys Asp Glu Ile Val Pro Val Thr Val Lys Met Lys Lys
 195 200 205
 Lys Glu Val Val Phe Asp Thr Asp Glu Asp Pro Arg Phe Gly Thr Thr
 210 215 220
 Ile Glu Thr Leu Ala Lys Leu Lys Pro Ala Phe Lys Arg Asp Gly Thr
 225 230 235 240
 Gly Thr Val Thr Ala Gly Asn Ser Ser Gly Ile Asn Asp Ser Ser Ala
 245 250 255
 Ala Leu Ile Leu Met Ser Ala Asp Lys Ala Lys Glu Leu Gly Val Lys
 260 265 270
 Pro Met Ala Lys Tyr Val Asp Phe Ala Ser Ala Gly Leu Asp Pro Ala
 275 280 285
 Ile Met Gly Tyr Gly Pro Tyr Tyr Ala Thr Lys Lys Val Leu Ala Lys
 290 295 300
 Thr Asn Leu Thr Ile Lys Asp Phe Asp Leu Ile Glu Ala Asn Glu Ala
 305 310 315 320
 Phe Ala Ala Gln Ser Ile Ala Val Ala Arg Asp Leu Glu Phe Asp Met
 325 330 335
 Ser Lys Val Asn Val Asn Gly Gly Ala Ile Ala Leu Gly His Pro Val
 340 345 350
 Gly Cys Ser Gly Ala Arg Ile Leu Val Thr Leu Leu His Glu Met Gln
 355 360 365
 Lys Arg Asp Ala Lys Lys Gly Leu Ala Thr Leu Cys Ile Gly Gly Gly
 370 375 380
 Gln Gly Thr Ala Val Val Val Glu Arg
 385 390

<210> 7

<211> 391

<212> PRT

<213> Clostridium kluyveri

<400> 7

ES 2 655 710 T3

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

Phe Gly Gly Thr Leu Lys Asp Ile Ser Ala Val Asp Leu Gly Ala Ile
20 25 30

Val Ile Lys Glu Ala Val Lys Arg Ala Gly Ile Lys Pro Glu Gln Val
35 40 45

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

Pro Ala Arg Gln Ala Ala Val Lys Ala Gly Ile Pro Val Glu Val Pro
65 70 75 80

Ala Phe Thr Leu Asn Lys Val Cys Gly Ser Gly Leu Arg Ser Val Ser
85 90 95

Leu Ala Ala Gln Leu Ile Lys Ile Gly Asp Asp Asp Ile Val Val Val
100 105 110

Gly Gly Thr Glu Asn Met Ser Ala Ala Pro Tyr Leu Leu Pro Lys Ala
115 120 125

Arg Trp Gly His Arg Met Gly Glu Gly Lys Leu Val Asp Ala Met Ile
130 135 140

Lys Asp Gly Leu Trp Glu Ala Phe Asn Asn Tyr His Met Gly Ile Thr
145 150 155 160

Ala Glu Asn Ile Ala Glu Lys Trp Gly Ile Thr Arg Asp Met Gln Asp
165 170 175

Glu Phe Ala Leu Ala Ser Gln Gln Lys Ala Glu Ala Ala Ile Lys Ala
180 185 190

Gly Lys Phe Lys Asp Glu Ile Val Pro Val Thr Val Lys Gln Lys Lys
195 200 205

Lys Glu Ile Ile Phe Asp Thr Asp Glu Phe Pro Arg Phe Gly Thr Thr
210 215 220

ES 2 655 710 T3

Ile Glu Ala Leu Ala Lys Leu Lys Pro Ser Phe Lys Lys Asp Gly Thr
225 230 235 240

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

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

Ala Lys Ile Val Ser Tyr Gly Ser Lys Gly Leu Asp Pro Thr Ile Met
275 280 285

Gly Tyr Gly Pro Phe Tyr Ala Thr Lys Leu Ala Leu Glu Lys Ala Asn
290 295 300

Leu Ser Ile Ala Asp Leu Asp Leu Ile Glu Ala Asn Glu Ala Phe Ala
305 310 315 320

Ser Gln Ser Leu Ala Val Ala Lys Asp Leu Glu Phe Asp Met Ser Lys
325 330 335

Val Asn Val Asn Gly Gly Ala Ile Ala Leu Gly His Pro Val Gly Cys
340 345 350

Ser Gly Ala Arg Ile Leu Val Thr Leu Leu Tyr Glu Met Gln Arg Arg
355 360 365

Asp Ala Lys Lys Gly Leu Ala Thr Leu Cys Ile Gly Gly Gly Met Gly
370 375 380

Thr Ala Leu Ile Val Glu Arg
385 390

<210> 8

<211> 391

5 <212> PRT

<213> Clostridium kluyveri

<400> 8

Met Arg Glu Val Val Ile Val Ser Ala Val Arg Thr Ala Ile Gly Ser
1 5 10 15

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

Val Ile Lys Glu Ala Val Lys Arg Ala Asn Val Lys Pro Glu Gln Ile
35 40 45

ES 2 655 710 T3

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

Leu Ser Val Ala Asp Leu Asp Leu Ile Glu Ala Asn Glu Ala Phe Ala
305 310 315 320

Ser Gln Ser Leu Ala Val Ala Lys Asp Leu Glu Phe Asp Met Ser Lys
325 330 335

Val Asn Val Asn Gly Gly Ala Ile Ala Leu Gly His Pro Val Gly Ala
340 345 350

Ser Gly Ala Arg Ile Leu Val Thr Leu Leu His Glu Met Gln Arg Arg
355 360 365

Asp Ala Lys Lys Gly Leu Ala Thr Leu Cys Ile Gly Gly Gly Met Gly
370 375 380

Thr Ala Leu Ile Val Glu Arg
385 390

<210> 9

<211> 408

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 9

Met Asn Pro Gln Asp Ile Val Ile Cys Ser Pro Leu Arg Thr Pro Val
1 5 10 15

Gly Ala Tyr Gly Gly Ser Phe Thr Gly Val Pro Val Glu Glu Leu Ala
20 25 30

Thr Thr Val Ile Asn Ala Ile Val Glu Ala Thr Gly Ile Thr Gly Asp
35 40 45

Asp Val Asp Asp Leu Ile Leu Gly Gln Ala Ser Pro Asn Gly Ala Ala
50 55 60

Pro Ala Leu Gly Arg Val Val Ala Leu Asp Ser Lys Leu Gly Gln Asn
65 70 75 80

Val Pro Gly Met Gln Leu Asp Arg Arg Cys Gly Ser Gly Leu Gln Ala
85 90 95

Ile Val Thr Ala Ala Ala His Val Ala Ser Gly Ala Ala Asp Leu Ile
100 105 110

Ile Ala Gly Gly Ala Glu Ser Met Ser Arg Val Glu Tyr Thr Val Ser
115 120 125

5

10

Gly Asp Ile Arg Trp Gly Val Lys Gly Gly Asp Met Gln Leu Arg Asp
130 135 140

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

Pro Gly Gly Met Ile Glu Thr Ala Glu Asn Leu Arg Arg Glu Tyr Gly
165 170 175

Ile Ser Arg Glu Glu Gln Asp Lys Ile Ser Ala Ala Ser Gln Gln Arg
180 185 190

Trp Gly Lys Ala Ala Asp Ala Gly Leu Phe Asp Asp Glu Ile Val Pro
195 200 205

Val Thr Val Pro Ala Lys Lys Arg Gly Gln Glu Pro Thr Ile Val Ser
210 215 220

Arg Asp Glu His Gly Arg Pro Gly Thr Thr Val Glu Lys Leu Ala Ala
225 230 235 240

Leu Arg Pro Ile Met Gly Arg Gln Asp Ala Glu Ala Thr Val Thr Ala
245 250 255

Gly Asn Ala Ser Gly Gln Asn Asp Gly Ala Ala Ala Val Ile Val Thr
260 265 270

Thr Arg Ala Lys Ala Glu Glu Lys Gly Leu Arg Pro Val Met Arg Leu
275 280 285

Ala Gly Trp Ser Val Ala Ala Val Pro Pro Glu Thr Met Gly Ile Gly
290 295 300

Pro Val Pro Ala Thr Lys Lys Val Leu Asp Arg Leu Gly Leu Thr Leu
305 310 315 320

Glu Asp Ile Gly Ala Ile Glu Leu Asn Glu Ala Phe Ala Ala Gln Ala
325 330 335

Leu Ser Val Leu Lys Glu Trp Asn Ile Ser Trp Glu Asp Glu Arg Val
340 345 350

Asn Pro Leu Gly Ser Gly Ile Ser Met Gly His Pro Val Gly Ala Thr
355 360 365

~~Gly Ala Arg Met Ala Val Thr Leu Ala His Arg Met Gln Arg Glu Asn~~
~~370 375 380~~

Thr Gln Tyr Gly Leu Ala Thr Met Cys Ile Gly Gly Gly Gln Gly Leu
385 390 395 400

Ala Ala Val Phe Glu Lys Glu Asn
405

<211> 401
 <212> PRT
 <213> Escherichia coli

5 <400> 10

```

Met Arg Glu Ala Phe Ile Cys Asp Gly Ile Arg Thr Pro Ile Gly Arg
 1           5           10           15

Tyr Gly Gly Ala Leu Ser Ser Val Arg Ala Asp Asp Leu Ala Ala Ile
      20           25           30

Pro Leu Arg Glu Leu Leu Val Arg Asn Pro Arg Leu Asp Ala Glu Cys
      35           40           45

Ile Asp Asp Val Ile Leu Gly Cys Ala Asn Gln Ala Gly Glu Asp Asn
      50           55           60

Arg Asn Val Ala Arg Met Ala Thr Leu Leu Ala Gly Leu Pro Gln Ser
      65           70           75           80

Val Ser Gly Thr Thr Ile Asn Arg Leu Cys Gly Ser Gly Leu Asp Ala
      85           90           95

Leu Gly Phe Ala Ala Arg Ala Ile Lys Ala Gly Asp Gly Asp Leu Leu
      100          105          110

Ile Ala Gly Gly Val Glu Ser Met Ser Arg Ala Pro Phe Val Met Gly
      115          120          125

Lys Ala Ala Ser Ala Phe Ser Arg Gln Ala Glu Met Phe Asp Thr Thr
      130          135          140

Ile Gly Trp Arg Phe Val Asn Pro Leu Met Ala Gln Gln Phe Gly Thr
      145          150          155          160

Asp Ser Met Pro Glu Thr Ala Glu Asn Val Ala Glu Leu Leu Lys Ile
      165          170          175

Ser Arg Glu Asp Gln Asp Ser Phe Ala Leu Arg Ser Gln Gln Arg Thr
      180          185          190

```

ES 2 655 710 T3

Ala Lys Ala Gln Ser Ser Gly Ile Leu Ala Glu Glu Ile Val Pro Val
195 200 205

Val Leu Lys Asn Lys Lys Gly Val Val Thr Glu Ile Gln His Asp Glu
210 215 220

His Leu Arg Pro Glu Thr Thr Leu Glu Gln Leu Arg Gly Leu Lys Ala
225 230 235 240

Pro Phe Arg Ala Asn Gly Val Ile Thr Ala Gly Asn Ala Ser Gly Val
245 250 255

Asn Asp Gly Ala Ala Ala Leu Ile Ile Ala Ser Glu Gln Met Ala Ala
260 265 270

Ala Gln Gly Leu Thr Pro Arg Ala Arg Ile Val Ala Met Ala Thr Ala
275 280 285

Gly Val Glu Pro Arg Leu Met Gly Leu Gly Pro Val Pro Ala Thr Arg
290 295 300

Arg Val Leu Glu Arg Ala Gly Leu Ser Ile His Asp Met Asp Val Ile
305 310 315 320

Glu Leu Asn Glu Ala Phe Ala Ala Gln Ala Leu Gly Val Leu Arg Glu
325 330 335

Leu Gly Leu Pro Asp Asp Ala Pro His Val Asn Pro Asn Gly Gly Ala
340 345 350

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

Ala Ala Ser His Glu Leu His Arg Arg Asn Gly Arg Tyr Ala Leu Cys
370 375 380

Thr Met Cys Ile Gly Val Gly Gln Gly Ile Ala Met Ile Leu Glu Arg
385 390 395 400

Val

<210> 11
<211> 400
5 <212> PRT
<213> Pseudomonas putida
<400> 11

ES 2 655 710 T3

Met His Asp Val Phe Ile Cys Asp Ala Ile Arg Thr Pro Ile Gly Arg
1 5 10 15

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

Pro Leu Lys Ala Leu Ile Glu Arg Asn Pro Gly Val Gln Trp Asp Gln
35 40 45

Val Asp Glu Val Phe Phe Gly Cys Ala Asn Gln Ala Gly Glu Asp Asn
50 55 60

Arg Asn Val Ala Arg Met Ala Leu Leu Leu Ala Gly Leu Pro Glu Ser
65 70 75 80

Ile Pro Gly Val Thr Leu Asn Arg Leu Cys Ala Ser Gly Met Asp Ala
85 90 95

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

Ile Ala Gly Gly Val Glu Ser Met Ser Arg Ala Pro Phe Val Met Gly
115 120 125

Lys Ala Glu Ser Ala Tyr Ser Arg Asn Met Lys Leu Glu Asp Thr Thr
130 135 140

Ile Gly Trp Arg Phe Ile Asn Pro Leu Met Lys Ser Gln Tyr Gly Val
145 150 155 160

Asp Ser Met Pro Glu Thr Ala Asp Asn Val Ala Asp Asp Tyr Gln Val
165 170 175

Ser Arg Ala Asp Gln Asp Ala Phe Ala Leu Arg Ser Gln Gln Lys Ala
180 185 190

Ala Ala Ala Gln Ala Ala Gly Phe Phe Ala Glu Glu Ile Val Pro Val
195 200 205

Arg Ile Ala His Lys Lys Gly Glu Ile Ile Val Glu Arg Asp Glu His
210 215 220

Leu Arg Pro Glu Thr Thr Leu Glu Ala Leu Thr Lys Leu Lys Pro Val
225 230 235 240

Asn Gly Pro Asp Lys Thr Val Thr Ala Gly Asn Ala Ser Gly Val Asn

ES 2 655 710 T3

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

<210> 12
 <211> 394
 5 <212> PRT
 <213> Ralstonia eutropha

<400> 12
 Met Thr Arg Glu Val Val Val Val Ser Gly Val Arg Thr Ala Ile Gly
 1 5 10 15
 Thr Phe Gly Gly Ser Leu Lys Asp Val Ala Pro Ala Glu Leu Gly Ala
 20 25 30
 Leu Val Val Arg Glu Ala Leu Ala Arg Ala Gln Val Ser Gly Asp Asp
 35 40 45
 Val Gly His Val Val Phe Gly Asn Val Ile Gln Thr Glu Pro Arg Asp
 50 55 60
 Met Tyr Leu Gly Arg Val Ala Ala Val Asn Gly Gly Val Thr Ile Asn

ES 2 655 710 T3

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

Phe Ala Ala Gln Ala Cys Ala Val Thr Lys Ala Leu Gly Leu Asp Pro
325 330 335

Ala Lys Val Asn Pro Asn Gly Ser Gly Ile Ser Leu Gly His Pro Ile
340 345 350

Gly Ala Thr Gly Ala Leu Ile Thr Val Lys Ala Leu His Glu Leu Asn
355 360 365

Arg Val Gln Gly Arg Tyr Ala Leu Val Thr Met Cys Ile Gly Gly Gly
370 375 380

Gln Gly Ile Ala Ala Ile Phe Glu Arg Ile
385 390

<210> 13

<211> 406

<212> PRT

<213> Rhodococcus sp.

<400> 13

Met Ala Glu Val Phe Leu Val Asp Gly Ala Arg Thr Pro Gln Gly Arg
1 5 10 15

Tyr Gly Gly Ala Leu Ala Gly Val Arg Pro Asp Asp Leu Ala Gly Leu
20 25 30

Val Val Ala Glu Ala Ala Arg Arg Ala Gly Ile Pro Gly Asp Ala Val
35 40 45

Asp Glu Val Ile Leu Gly Ala Ala Asn Gln Ala Gly Glu Asp Asn Arg
50 55 60

Asp Val Ala Arg Met Ala Val Leu Leu Ala Gly Leu Pro Asp Ser Val
65 70 75 80

Pro Gly Tyr Thr Val Asn Arg Leu Cys Ala Ser Gly Leu Thr Ala Val
85 90 95

Ala Ser Ala Ala His Thr Ile Arg Ser Gly Glu Ala Asp Ile Val Ile
100 105 110

Ala Gly Gly Val Glu Ser Met Thr Arg Ala Pro Trp Val Met Ala Lys
115 120 125

Pro Gly Thr Pro Trp Ala Arg Pro Gly Glu Val Ala Asp Thr Ser Leu
130 135 140

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

Pro Ala Gly Ala Gly Pro Asp Val Arg Lys Val Thr Leu Ser Met Gly
165 170 175

Glu Thr Ala Glu Glu Val Ala Ala Leu Glu Gly Val Thr Arg Ala Glu
180 185 190

Ser Asp Ala Phe Ala Leu Arg Ser Gln Glu Arg Ala Ile Ala Ala Val
195 200 205

Asp Ala Gly Arg Phe Glu Arg Glu Ile Val Pro Val Pro Val Arg Asp
210 215 220

Gly Glu Leu Ala Ala Asp Glu Thr Pro Arg Arg Gly Thr Thr Leu Glu
225 230 235 240

Lys Leu Gly Ser Leu Lys Pro Val Phe Arg Thr Gly Gly Ile Val Thr
245 250 255

Ala Gly Ser Ser Ser Ser Leu Ser Asp Gly Ala Ala Ala Leu Val Val
260 265 270

Ala Ser Glu Ala Ala Val Glu Lys Tyr Gly Leu Thr Val Arg Gly Arg
275 280 285

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

Gly Pro Val Pro Ala Thr Arg Lys Ala Leu Ala Arg Ala Asn Trp Ser
305 310 315 320

Ile Ser Asp Leu Gly Ala Ala Glu Leu Asn Glu Ala Phe Ala Ala Gln
325 330 335

Ser Leu Gly Val Ile Arg Gln Leu Lys Leu Asp Glu Ser Ile Val Asn
340 345 350

Ala Asp Gly Gly Ala Ile Ala Leu Gly His Pro Leu Gly Cys Ser Gly
355 360 365

Ala Arg Ile Leu Leu Thr Leu Leu Gly Arg Met Glu Arg Glu Gly Ala
370 375 380

Arg Arg Gly Leu Ala Thr Leu Cys Val Gly Val Gly Gln Gly Val Ala
385 390 395 400

Met Leu Ile Glu Ala Pro
405

- 5 <210> 14
<211> 327
<212> PRT
<213> Penicillium chrysogenum

<400> 14

Met Ser Ala Pro Gly Ala Gly His Glu Phe Pro Ala Gln Glu Val Ser
 1 5 10 15

Trp Gln Lys Arg Asp Val Leu Leu Phe Ala Asn Ser Ile Gly Val Lys
 20 25 30

Ala Asp Glu Leu His Phe Leu Tyr Glu Leu His Pro Asn Phe Ala Val
 35 40 45

Phe Pro Thr Tyr Ser Leu Ile Leu Arg Met Ser Lys Asn Thr Ser Asp
 50 55 60

Phe Arg Thr Ile Ala Leu Thr Pro Lys Pro Leu Ala Phe Lys Leu Thr
 65 70 75 80

Asp Gln Glu Val Thr Asp Phe Tyr Ala Arg Gln Lys Ala Val His Ile
 85 90 95

Pro Gly Val Pro Asp Leu Asp His Arg His Gly Val Asp Gly Gln Arg
 100 105 110

Lys Ile Thr Ile Leu Lys Pro Leu Pro Thr Thr Ser Ala Gly Arg Lys
 115 120 125

Phe Glu Leu Arg Asn Lys Val Ile Gly Val Tyr Asp Lys Gly Lys Pro
 130 135 140

Gly Thr Val Ile Glu Thr Glu Gln Ser Ile Val Asp Lys Glu Ser Gly
 145 150 155 160

Glu Val Tyr Ser Lys Val Val Ser Ser Gly Phe Leu Val Gly Gln Gly
 165 170 175

Gly Trp Gly Gly Pro Lys Gly Pro Ser Thr Val Asn Tyr Ala Pro Pro
 180 185 190

Glu Gly Arg Ala Pro Asp Ala Thr His Val Val Gln Ser Asn Ser Glu
 195 200 205

Thr Ala His Leu Tyr Arg Leu Asn Gly Asp Tyr Asn Pro Leu His Ala
210 215 220

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

Gly Leu Phe Ser Trp Asn Ser Ala Ala His Gly Ile Leu Arg Glu Phe
245 250 255

Gly Gly Ser Asn Pro Ala Asn Met Lys Glu Phe Gln Ala Arg Phe Ala
260 265 270

Ser Pro Val Arg Pro Gly Asp Lys Leu Thr Thr Glu Ile Trp Arg Met
275 280 285

Gly Asn Ile Gln Asp Gly Tyr Glu Glu Ile Arg Phe Val Thr Lys Asn
290 295 300

Asp Lys Gly Arg Val Val Leu Ser Asn Gly Arg Cys Leu Leu Lys Val
305 310 315 320

Thr Gly Val Lys Ser Lys Leu
325

<210> 15

<211> 901

5 <212> PRT

<213> Penicillium chrysogenum

<400> 15

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

Gly Gly Gly Leu Gly Lys Ala Tyr Ala Leu Phe Phe Ala Ser Arg Gly
20 25 30

Ala Asn Val Val Val Asn Asp Leu Gly Ala Ser His Lys Gly Glu Gly
35 40 45

Lys Ser Gly Lys Ala Ala Asp Val Val Val Glu Glu Ile Arg Ala Ala
50 55 60

Gly Gly Lys Ala Val Ala Asn Tyr Asp Ser Val Glu Asn Gly Asp Ala
65 70 75 80

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

ES 2 655 710 T3

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

Gln Glu Ile Lys Lys Leu Gly Gly Lys Ala Val Gly Asn Lys Ala Ser
355 360 365

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

Arg Ile Asp Ile Leu Val Asn Asn Ala Gly Ile Leu Arg Asp Lys Ala
385 390 395 400

Phe Thr Asn Met Asp Asp Asn Leu Trp Asn Ser Val Val Asn Val His
405 410 415

Leu Arg Gly Thr Tyr Lys Val Thr Lys Ala Ala Trp Pro Tyr Phe Leu
420 425 430

Lys Gln Lys Tyr Gly Arg Val Val Asn Thr Ala Ser Thr Ser Gly Ile
435 440 445

Tyr Gly Asn Phe Gly Gln Ala Asn Tyr Ala Ala Lys Leu Gly Ile
450 455 460

Leu Gly Leu Ser Arg Thr Leu Ala Leu Glu Gly Ala Lys Tyr Asn Ile
465 470 475 480

Lys Val Asn Thr Ile Ala Pro Asn Ala Gly Thr Asn Met Thr Arg Thr
485 490 495

Ile Met Pro Glu Glu Met Val Gln Ala Phe Lys Pro Asp Tyr Val Ala
500 505 510

Pro Leu Val Val Leu Leu Cys Ser Asp Met Ala Pro Glu Pro Ser Thr
515 520 525

Lys Gly Leu Phe Glu Cys Gly Ser Gly Trp Phe Gly Arg Thr Arg Trp
530 535 540

Gln Arg Thr Gly Gly His Gly Phe Pro Val Asp Val Lys Leu Thr Pro
545 550 555 560

Glu Glu Val Val Arg Asn Trp Lys Gln Ile Ile Asn Phe Asp Asp Gly
565 570 575

Arg Ala Asp His Pro Glu Asp Gly Gln Ala Gly Ala Glu Lys Ile Met
580 585 590

Ala Asn Met Ser Asn Arg Val His Gly Asp Thr Ser Thr Glu Asn Glu

ES 2 655 710 T3

595		600		605
Thr Leu Lys Asn Ile Lys Lys Ala Lys Ala Leu Ser Ser Glu Gly Thr				
610		615		620
Pro Phe Asn Tyr Glu Asp Arg Asp Val Ile Leu Tyr Asn Leu Ser Leu				
625		630		635 640
Gly Ala Lys Arg Thr Asp Leu Pro Leu Val Tyr Glu Asn Asn Asp Gln				
	645		650	655
Phe Gln Ala Leu Pro Ser Tyr Gly Val Val Pro Trp Phe Asn Thr Ala				
	660		665	670
Thr Pro Trp Asn Met Asp Asp Leu Val Lys Asp Phe Ser Pro Met Met				
	675		680	685
Leu Leu His Gly Glu Gln Tyr Met Glu Val Arg Lys Phe Pro Ile Pro				
	690		695	700
Thr Thr Ala Asn Thr Leu Thr Tyr Pro Lys Leu Ile Asp Val Ile Asp				
705		710		715 720
Lys Gly Asn Ala Ala Ile Val Val Ala Gly Tyr Thr Thr Lys Asp Ala				
	725		730	735
Lys Thr Gly Glu Asp Leu Phe Tyr Asn Glu Ser Ser Val Phe Ile Arg				
	740		745	750
Gly Ser Gly Gly Phe Gly Gly Ser Pro Lys Pro Thr Ala Val Arg Pro				
	755		760	765
Lys Ala Ala Thr Ala Ala Tyr Lys Ala Pro Gln Arg Gln Pro Asp Ala				
	770		775	780
Val Val Glu Glu Lys Thr Ser Glu Asp Gln Ala Ala Leu Tyr Arg Leu				
785		790		795 800
Asn Gly Asp Arg Asn Pro Leu His Ile Asp Pro Glu Phe Ser Lys Val				
	805		810	815
Gly Gly Phe Lys Thr Pro Ile Leu His Gly Leu Cys Ser Leu Gly Val				
	820		825	830
Ser Ala Lys Ala Val Phe Ser Lys Tyr Gly Pro Tyr Lys Asn Leu Lys				
	835		840	845

ES 2 655 710 T3

Val Arg Phe Ala Gly Val Val Leu Pro Gly Gln Thr Leu Lys Thr Glu
850 855 860

Met Trp Lys Glu Gly Asn Thr Val Leu Phe Gln Ala Thr Val Val Glu
865 870 875 880

Thr Gly Lys Pro Ala Ile Thr Gly Ala Gly Ala Glu Leu Leu Glu Gly
885 890 895

Ala Lys Ala Lys Leu
900

<210> 16

<211> 319

5 <212> PRT

<213> Penicillium chrysogenum

<400> 16

Met Leu Asn Ser Thr Leu Arg Phe Val Ser Leu Arg Arg Gly Pro Thr
1 5 10 15

Val Ala Arg Asn Phe Cys Ser Thr Ser Ala Val Arg Ala Ala Glu Val
20 25 30

Lys Ser Leu Gly Val Val Gly Ala Gly Gln Met Gly Leu Gly Ile Ala
35 40 45

Leu Val Ala Ala Gln Lys Ala Asn Val Pro Val Thr Leu Val Asp Thr
50 55 60

Ser Gln Ala Ser Leu Asp Lys Gly Leu Lys Phe Ala Asp Lys Leu Leu
65 70 75 80

Glu Lys Asp Val Ala Lys Gln Arg Leu Thr Arg Glu Ala Ala Asp Glu
85 90 95

Ala Arg Gly Leu Ile Ser Thr Ser Leu Thr Leu Asp Gly Leu Ser Ala
100 105 110

Val Asp Phe Val Ile Glu Ala Val Pro Glu Ile Pro Asp Leu Lys Thr
115 120 125

Lys Ile Phe Ala Ser Leu Ala Gln Ile Ala Pro Lys His Ala Ile Leu
130 135 140

Ala Thr Asn Thr Ser Ser Ile Ser Ile Thr Lys Ile Ala Ala Ala Thr
145 150 155 160

Ser Ala Asp Pro Thr Asp Leu Gln Ala Ser Ser Arg Val Ile Ser Thr
165 170 175

His Phe Met Asn Pro Val Pro Ile Gln Lys Gly Val Glu Ile Ile Arg
180 185 190

Gly Leu Gln Thr Ser Glu Glu Thr Met Asp Thr Ala Ile Ala Phe Val
195 200 205

Gln Arg Met Gly Lys Val Ala Ser Val Ser Ala Asp Thr Pro Gly Phe
210 215 220

Leu Ala Asn Arg Ile Leu Met Pro Tyr Ile Asn Glu Ala Val Ile Cys
225 230 235 240

Leu Glu Thr Gly Val Gly Gln Arg Glu Asp Ile Asp Asn Ile Met Lys
245 250 255

Thr Gly Thr Asn Val Pro Met Gly Pro Leu Val Leu Ala Asp Phe Ile
260 265 270

Gly Leu Asp Thr Cys Leu Ala Ile Met Asn Val Leu His Gln Asp Thr
275 280 285

Gly Asp Ser Lys Tyr Arg Pro Ala Gly Leu Leu Arg Arg Met Val Asp
290 295 300

Ala Gly Trp Leu Gly Lys Lys Ser Gly Lys Gly Phe Tyr Asp Tyr
305 310 315

<210> 17
<211> 335
5 <212> PRT
<213> Penicillium chrysogenum

<400> 17
Met Ala Thr Glu Tyr Pro His Arg Ile Ala Leu Leu Gly Leu Gly Thr
1 5 10 15

Ile Gly Leu Ser Met Leu Ala Met His Leu Arg Arg Pro Asp Thr Ser
20 25 30

Ile Thr Val Tyr Asp Pro Arg Pro Asn Tyr Glu Ser Gln Ile Arg Ser
35 40 45

Thr Leu Pro Ser Leu Leu Asp Cys Pro Glu Ser Thr Thr Leu Ile Asp
50 55 60

ES 2 655 710 T3

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

- 5 <210> 18
 <211> 505
 <212> PRT
 <213> Acinetobacter sp.

<400> 18

Met Thr His Pro Ile Lys Lys Ile Ala Ile Ile Gly Val Gly Val Met
 1 5 10 15

Gly Ser Gly Ile Ala Gln Ile Ala Ala Gln Ser Gly His Ile Thr Tyr
 20 25 30

Leu Tyr Asp Ala Lys Ala Gly Ala Ala Gln Gln Ala Lys Gln Gln Leu
 35 40 45

Ala Ile Thr Phe Gln Lys Leu Leu Asp Lys Asn Lys Ile Thr Thr Glu
 50 55 60

Tyr Ala Asp Ala Ala Asn Ala Asn Leu Leu Ile Ala Asn Glu Leu His
 65 70 75 80

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

Asp Ile Lys Gln Ser Leu Met Ser Gln Leu Glu Ala Ile Val Pro Glu
 100 105 110

Thr Thr Ile Leu Ala Ser Asn Thr Ser Ser Leu Ser Ile Thr Ala Ile
 115 120 125

Ala Ser Asn Cys Lys His Pro Glu Arg Val Ala Gly Tyr His Phe Phe
 130 135 140

Asn Pro Val Pro Leu Met Lys Val Val Glu Val Ile Gln Gly Leu Lys
 145 150 155 160

Thr Asp Pro Lys His Ile Glu Thr Leu Asn Gln Leu Ser Arg Val Leu
 165 170 175

Gly His Arg Pro Val Val Ala Lys Asp Thr Pro Gly Phe Ile Ile Asn
 180 185 190

His Ala Gly Arg Ala Tyr Gly Thr Glu Ala Leu Lys Ile Leu Asn Glu
 195 200 205

Asn Val Thr Asp Ile Ser Glu Ile Asp Arg Ile Leu Arg Asp Gly Val
 210 215 220
 Gly Phe Arg Met Gly Pro Phe Glu Leu Met Asp Leu Thr Gly Leu Asp
 225 230 235 240
 Val Ser His Pro Val Met Glu Ser Ile Tyr His Gln Tyr Tyr Glu Glu
 245 250 255
 Ala Arg Tyr Arg Pro Asn Ser Leu Thr Lys Gln Met Leu Glu Ala Lys
 260 265 270
 Gln Leu Gly Arg Lys Val Gly Gln Gly Phe Tyr Asp Tyr Arg Thr Gly
 275 280 285
 Ser Lys Thr Gly Glu Thr Ser Ala Lys Val Ala Glu Arg Leu Thr Leu
 290 295 300
 Tyr Pro Lys Val Trp Ile Ala Ala Asp Phe Glu Asp Asp Lys Gln Leu
 305 310 315 320
 Leu Ile Asn Tyr Leu Thr Thr His Asn Ile Gln Leu Asp Val Gly Ala
 325 330 335
 Lys Pro Gln Ala Asp Ser Leu Cys Leu Leu Ala Cys Tyr Gly Glu Asp
 340 345 350
 Thr Thr His Ala Ala Leu Arg Leu Asn Val Asn Pro Ala His Ser Val
 355 360 365
 Ala Ile Asp Met Leu Tyr Gly Ile Glu Lys His Arg Thr Leu Met Pro
 370 375 380
 Ser Leu Ile Thr Glu Val Thr Tyr Ser His Ala Ala His Ser Ile Phe
 385 390 395 400
 Asn Leu Asp Gly Ala Met Val Ser Thr Ile Gly Glu Ser Ile Gly Phe
 405 410 415
 Val Ala Gln Arg Ile Leu Ala Met Val Ile Asn Leu Gly Cys Asp Ile
 420 425 430
 Ala Gln Gln Ala Ile Ala Ser Val Asp Asp Ile Asn Ala Ala Val Arg
 435 440 445
 Leu Gly Leu Gly Tyr Pro Phe Gly Pro Ile Glu Trp Gly Asp Glu Ile
 450 455 460
 Gly Ser Asn Lys Ile Leu Leu Ile Leu Asn Arg Ile Thr Ala Leu Thr
 465 470 475 480
 Ser Asp Pro Arg Tyr Arg Pro Ser Pro Trp Leu Gln Arg Arg Val Ala
 485 490 495
 Leu Asn Leu Pro Leu Thr Phe Thr Thr
 500 505

<210> 19

<211> 282

<212> PRT

5 <213> Clostridium kluyveri

<400> 19

```

Met Ser_Ile Lys Ser Val Ala Val Leu Gly Ser Gly Thr Met Ser Arg
 1          5          10          15

Gly Ile Val Gln Ala Phe Ala Glu Ala Gly Ile Asp Val Ile Ile Arg
 20          25          30

Gly Arg Thr Glu Gly Ser Ile Gly Lys Gly Leu Ala Ala Val Lys Lys
 35          40          45

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

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

Ala Asp Cys Asp Leu Ile Ile Glu Ala Ala Ser Glu Asp Met Asn Ile
 85          90          95

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

Ile Phe Ala Thr Asn Thr Ser Ser Leu Ser Ile Thr Glu Val Ala Thr
115          120          125

Ala Thr Lys Arg Pro Asp Lys Phe Ile Gly Met His Phe Phe Asn Pro
130          135          140

Ala Asn Val Met Lys Leu Val Glu Ile Ile Arg Gly Met Asn Thr Ser
145          150          155          160

Gln Glu Thr Phe Asp Ile Ile Lys Glu Ala Ser Ile Lys Ile Gly Lys
165          170          175

```

Thr Pro Val Glu Val Ala Glu Ala Pro Gly Phe Val Val Asn Lys Ile
180 185 190

Leu Val Pro Met Ile Asn Glu Ala Val Gly Ile Leu Ala Glu Gly Ile
195 200 205

Ala Ser Ala Glu Asp Ile Asp Thr Ala Met Lys Leu Gly Ala Asn His
210 215 220

Pro Met Gly Pro Leu Ala Leu Gly Asp Leu Ile Gly Leu Asp Val Val
225 230 235 240

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

Arg Ala His Thr Leu Leu Arg Lys Tyr Val Arg Ala Gly Trp Leu Gly
260 265 270

Arg Lys Ser Gly Lys Gly Phe Phe Ala Tyr
275 280

<210> 20
<211> 319
5 <212> PRT
<213> Clostridium kluyveri

<400> 20

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

Gly Ile Val Gln Leu Cys Ala Glu Ser Gly Leu Asn Val Asn Met Phe
20 25 30

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

Ser Leu Lys Asn Leu Glu Glu Lys Gly Lys Ile Lys Thr Asn Ile Ser
50 55 60

Lys Glu Ile Leu Lys Arg Ile Lys Gly Val Lys Thr Ile Glu Glu Ala
65 70 75 80

Val Glu Gly Val Asp Phe Val Ile Glu Cys Ile Ala Glu Asp Leu Glu
85 90 95

Leu Lys Gln Glu Val Phe Ser Lys Leu Asp Glu Ile Cys Ala Pro Glu
100 105 110

ES 2 655 710 T3

Val Ile Leu Ala Ser Asn Thr Ser Gly Leu Ser Pro Thr Asp Ile Ala
115 120 125

Ile Asn Thr Lys His Pro Glu Arg Val Val Ile Ala His Phe Trp Asn
130 135 140

Pro Pro Gln Phe Ile Pro Leu Val Glu Val Val Pro Gly Lys His Thr
145 150 155 160

Asp Ser Lys Thr Val Asp Ile Thr Met Asp Trp Ile Glu His Ile Gly
165 170 175

Lys Lys Gly Val Lys Met Arg Lys Glu Cys Leu Gly Phe Ile Gly Asn
180 185 190

Arg Leu Gln Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ala Leu Tyr Ile Val Glu Gln
195 200 205

Gly Phe Ala Thr Ala Glu Glu Val Asp Lys Ala Ile Glu Tyr Gly His
210 215 220

Gly Arg Arg Leu Pro Val Thr Gly Pro Ile Cys Ser Ala Asp Leu Gly
225 230 235 240

Gly Leu Asp Ile Phe Asn Asn Ile Ser Ser Tyr Leu Phe Lys Asp Leu
245 250 255

Cys Asn Asp Thr Glu Pro Ser Lys Leu Leu Lys Ser Lys Val Asp Gly
260 265 270

Gly Asn Leu Gly Ser Lys Thr Gly Lys Gly Phe Tyr Asn Trp Thr Pro
275 280 285

Glu Phe Leu Gln Lys Lys Gln Asn Glu Arg Ile Gln Leu Leu Met Asp
290 295 300

Phe Leu Glu Lys Asp Lys Asn Asp Lys Ser Ile Glu Arg Asn Ile
305 310 315

<210> 21

<211> 475

<212> PRT

<213> Escherichia coli

<400> 21

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

ES 2 655 710 T3

Gly Ala Gly Ile Ala Glu Val Ala Ala Ser His Gly His Gln Val Leu
20 25 30

Leu Tyr Asp Ile Ser Ala Glu Ala Leu Thr Arg Ala Ile Asp Gly Ile
35 40 45

His Ala Arg Leu Asn Ser Arg Val Thr Arg Gly Lys Leu Thr Ala Glu
50 55 60

Thr Cys Glu Arg Thr Leu Lys Arg Leu Ile Pro Val Thr Asp Ile His
65 70 75 80

Ala Leu Ala Ala Ala Asp Leu Val Ile Glu Ala Ala Ser Glu Arg Leu
85 90 95

Glu Val Lys Lys Ala Leu Phe Ala Gln Leu Ala Glu Val Cys Pro Pro
100 105 110

Gln Thr Leu Leu Thr Thr Asn Thr Ser Ser Ile Ser Ile Thr Ala Ile
115 120 125

Ala Ala Glu Ile Lys Asn Pro Glu Arg Val Ala Gly Leu His Phe Phe
130 135 140

Asn Pro Ala Pro Val Met Lys Leu Val Glu Val Val Ser Gly Leu Ala
145 150 155 160

Thr Ala Ala Glu Val Val Glu Gln Leu Cys Glu Leu Thr Leu Ser Trp
165 170 175

Gly Lys Gln Pro Val Arg Cys His Ser Thr Pro Gly Phe Ile Val Asn
180 185 190

Arg Val Ala Arg Pro Tyr Tyr Ser Glu Ala Trp Arg Ala Leu Glu Glu
195 200 205

Gln Val Ala Ala Pro Glu Val Ile Asp Ala Ala Leu Arg Asp Gly Ala
210 215 220

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

Val Asn Phe Ala Val Thr Cys Ser Val Phe Asn Ala Phe Trp Gln Glu
245 250 255

Arg Arg Phe Leu Pro Ser Leu Val Gln Gln Glu Leu Val Ile Gly Gly

ES 2 655 710 T3

260	265	270
Arg Leu Gly Lys Lys Ser Gly Leu Gly Val Tyr Asp Trp Arg Ala Glu		
275	280	285
Arg Glu Ala Val Val Gly Leu Glu Ala Val Ser Asp Ser Phe Ser Pro		
290	295	300
Met Lys Val Glu Lys Lys Ser Asp Gly Val Thr Glu Ile Asp Asp Val		
305	310	315
Leu Leu Ile Glu Thr Gln Gly Glu Thr Ala Gln Ala Leu Ala Ile Arg		
	325	330
Leu Ala Arg Pro Val Val Val Ile Asp Lys Met Ala Gly Lys Val Val		
	340	345
Thr Ile Ala Ala Ala Ala Val Asn Pro Asp Ser Ala Thr Arg Lys Ala		
	355	360
Ile Tyr Tyr Leu Gln Gln Gln Gly Lys Thr Val Leu Gln Ile Ala Asp		
	370	375
Tyr Pro Gly Met Leu Ile Trp Arg Thr Val Ala Met Ile Ile Asn Glu		
385	390	395
Ala Leu Asp Ala Leu Gln Lys Gly Val Ala Ser Glu Gln Asp Ile Asp		
	405	410
Thr Ala Met Arg Leu Gly Val Asn Tyr Pro Tyr Gly Pro Leu Ala Trp		
	420	425
Gly Ala Gln Leu Gly Trp Gln Arg Ile Leu Arg Leu Leu Glu Asn Leu		
	435	440
Gln His His Tyr Gly Glu Glu Arg Tyr Arg Pro Cys Ser Leu Leu Arg		
	450	455
Gln Arg Ala Leu Leu Glu Ser Gly Tyr Glu Ser		
465	470	475

<210> 22
 <211> 320
 <212> PRT
 <213> Euglena gracilis

<400> 22

Met Met Ser Arg Asn Val Phe Thr Cys Cys Arg Ala Ile Arg Thr Tyr

1 5 10 15

Ala Thr Ala Pro Gly Leu Ser Thr Val Gly Val Val Gly Met Gly Ala
20 25 30

Met Gly His Gly Ile Ala Gln Met Thr Ala Ala Ala Gly Tyr Lys Val
35 40 45

Val Ala Val Asp Ile Asp Ala Asn Met Leu Ser Lys Gly Ile Lys Ala
50 55 60

Val Glu Asp Ser Leu Ser Lys Val Ala Ala Lys Ala Val Lys Asp Gly
65 70 75 80

Lys Ala Asp Lys Ala Thr Ala Glu Lys Asn Ala Ala Asp Val Arg Ser
85 90 95

Arg Ile Thr Thr Ser Gly Asp Ile Gly Ala Leu Ser Ser Cys Asp Leu
100 105 110

Val Ile Glu Ser Ile Ile Glu Asp Leu Asn Ile Lys Lys Lys Phe Phe
115 120 125

Ala Asp Leu Gly Lys Val Ala Gly Ala Asn Ala Ile Leu Ala Ser Asn
130 135 140

Thr Ser Ser Phe Pro Ile Thr Gln Leu Gly Glu Ala Ser Gly Arg Thr
145 150 155 160

Ser Asn Phe Leu Gly Leu His Phe Phe Asn Pro Val Gln Met Met Lys
165 170 175

Leu Val Glu Val Ile Lys Thr Lys Asp Thr Lys Glu Asp Val Tyr Lys
180 185 190

Leu Gly Phe Ala Phe Ser Lys Ser Ile Gly Lys Glu Pro Val Ala Cys
195 200 205

Gly Asp Thr Pro Gly Phe Ile Val Asn Arg Leu Leu Val Pro Phe Leu
210 215 220

Ala Gln Gly Leu Leu Met Leu Asp Arg Gly Val Ala Ser Val Gln Asp
225 230 235 240

Ile Asp Val Ala Met Met Tyr Gly Ala Gly Met Pro Met Gly Pro Leu
245 250 255

Thr Leu Ala Asp Tyr Val Gly Leu Asp Val Cys Met His Ile Leu Glu
260 265 270

Gly Trp Thr Ser Gln Tyr Pro Asn Glu Pro Ala Phe Val Ile Pro Gln
275 280 285

Pro Leu Lys Ala Lys Val Ala Ala Gly Lys Leu Gly Arg Lys Thr Gly
290 295 300

Glu Gly Phe Trp Lys Trp Glu Gly Asp Lys Pro Val Ala Pro Ala Ala
305 310 315 320

<210> 23

<211> 505

5 <212> PRT

<213> Pseudomonas putida

<400> 23

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

Ala Met Gly Ala Gly Ile Ala Gln Val Ala Ala Gln Ala Gly His Pro
20 25 30

Val Lys Leu Tyr Asp Asn Arg Pro Gly Ala Ala Ala Gln Ala Val Thr
35 40 45

Gly Ile Asp Arg Gln Leu Ala Arg Leu Val Asp Lys Gly Lys Leu Leu
50 55 60

Ala Ala Glu Arg Glu Thr Ile Asn Ala Arg Leu Cys Pro Val Asp Thr
65 70 75 80

Leu Glu Ala Leu Ala Asp Ala Gly Leu Val Ile Glu Ala Ile Val Glu
85 90 95

Asn Leu Gln Val Lys Gln Ala Leu Phe Ser Gln Leu Glu Thr Leu Cys
100 105 110

Ala Ala Asp Cys Ile Leu Ala Ser Asn Thr Ser Ser Leu Ser Ile Thr
115 120 125

Ser Leu Ala Ala Gly Leu Glu Arg Pro Gln His Val Val Gly Met His
130 135 140

Phe Phe Asn Pro Ala Pro Leu Met Ala Leu Val Glu Val Val Ser Gly
145 150 155 160

ES 2 655 710 T3

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

Gly Leu Val Val Leu Arg Thr Val Ala Met Leu Ala Asn Glu Ala Ala
420 425 430

Asp Ala Val Leu Gln Gly Val Gly Ser Ala Ala Asp Ile Asp Leu Ala
435 440 445

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

Asn Ile Gly Ile Ala His Thr Leu Arg Val Leu Asp Asn Leu Gln Cys
465 470 475 480

Ser Tyr Gly Glu Ser Arg Tyr Arg Pro Ser Leu Leu Leu Arg Arg Cys
485 490 495

Glu Ala Lys Gly Gly Thr Leu His Asp
500 505

<210> 24

<211> 246

5 <212> PRT

<213> Ralstonia eutropha

<400> 24

Met Thr Gln Arg Ile Ala Tyr Val Thr Gly Gly Met Gly Gly Ile Gly
1 5 10 15

Thr Ala Ile Cys Gln Arg Leu Ala Lys Asp Gly Phe Arg Val Val Ala
20 25 30

Gly Cys Gly Pro Asn Ser Pro Arg Arg Glu Lys Trp Leu Glu Gln Gln
35 40 45

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

Trp Asp Ser Thr Lys Thr Ala Phe Asp Lys Val Lys Ser Glu Val Gly
65 70 75 80

Glu Val Asp Val Leu Ile Asn Asn Ala Gly Ile Thr Arg Asp Val Val
85 90 95

Phe Arg Lys Met Thr Arg Ala Asp Trp Asp Ala Val Ile Asp Thr Asn
100 105 110

Leu Thr Ser Leu Phe Asn Val Thr Lys Gln Val Ile Asp Gly Met Ala
115 120 125

Asp Arg Gly Trp Gly Arg Ile Val Asn Ile Ser Ser Val Asn Gly Gln
130 135 140

Lys Gly Gln Phe Gly Gln Thr Asn Tyr Ser Thr Ala Lys Ala Gly Leu
145 150 155 160

His Gly Phe Thr Met Ala Leu Ala Gln Glu Val Ala Thr Lys Gly Val
165 170 175

Thr Val Asn Thr Val Ser Pro Gly Tyr Ile Ala Thr Asp Met Val Lys
180 185 190

Ala Ile Arg Gln Asp Val Leu Asp Lys Ile Val Ala Thr Ile Pro Val
195 200 205

Lys Arg Leu Gly Leu Pro Glu Glu Ile Ala Ser Ile Cys Ala Trp Leu
210 215 220

Ser Ser Glu Glu Ser Gly Phe Ser Thr Gly Ala Asp Phe Ser Leu Asn
225 230 235 240

Gly Gly Leu His Met Gly
245

<210> 25

<211> 284

<212> PRT

<213> Rhodococcus sp.

<400> 25

Met Thr Ser Thr Ala Pro Lys Asn Val Gly Val Val Gly Gly Gly Arg
1 5 10 15

Met Gly Ala Gly Ile Ala Gln Val Phe Ala Thr Leu Gly Ser Thr Val
20 25 30

Ile Ile Ala Glu Ser Gly Asp Arg Glu Ala Ala Val Lys Arg Val Ser
35 40 45

Asp Gly Leu Asp Arg Ala His Glu Arg Gly Lys Leu Gly Asp Val Asp
50 55 60

Pro Ala Thr Ile Leu Gly Arg Val Ser Thr Val Ala Ala Pro Asp Ala
65 70 75 80

Leu Pro Pro Ala Leu Asp Leu Val Val Glu Ala Val Pro Glu Leu Val
85 90 95

Asp Leu Lys Leu Ser Val Leu Ser Leu Val Glu Lys Thr Val Ser Pro
100 105 110

Thr Thr Val Ile Ala Ser Asn Thr Ser Ser Ile Ser Ile Ala Glu Leu
115 120 125

Gly Ser Ala Leu Gly Asp Pro Ala Arg Leu Ile Gly Met His Phe Phe
130 135 140

Asn Pro Val Pro Ala Ser Ser Leu Val Glu Ile Val Arg Ala Pro Ala
145 150 155 160

Thr Asp Ala Gly Val Val Glu Lys Val Arg Glu Trp Val Ala Gln Leu
165 170 175

Gly Lys Thr Glu Val Leu Val Asn Asp Ser Pro Gly Phe Ala Thr Ser
180 185 190

Arg Leu Gly Val Cys Leu Gly Leu Glu Ala Ile Arg Met Leu Glu Glu
195 200 205

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

Arg His Pro Met Gly Pro Leu Arg Ser Thr Asp Leu Val Gly Leu Asp
225 230 235 240

Val Arg Leu Ala Ile Ala Glu His Leu Ala Lys Thr Leu Gly Asp Arg
245 250 255

Phe Ala Pro Pro Ala Leu Leu Arg Glu Lys Val Ala Lys Gly Glu Leu
260 265 270

Gly Arg Lys Thr Gly Gln Gly Phe Phe Thr Trp Ser
275 280

<210> 26

<211> 699

5 <212> PRT

<213> Rhodopseudomonas palustris

<400> 26

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

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

ES 2 655 710 T3

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

ES 2 655 710 T3

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

ES 2 655 710 T3

530

535

540

Asp Ala Leu Cys Glu Ala Gly Arg Phe Gly Gln Lys Thr Gly Lys Gly
545 550 555 560

Tyr Tyr Lys Tyr Glu Gln Gly Ser Arg Ala Pro Met Pro Asp Pro Glu
565 570 575

Val Glu Thr Leu Ile Asn Asp Thr Leu Ala Lys Leu Gly Leu Lys Arg
580 585 590

Arg Asp Ile Thr Asp Glu Glu Ile Leu Glu Arg Met Val Tyr Pro Met
595 600 605

Ile Asn Glu Gly Ala Arg Ile Leu Glu Glu Lys Ile Ala Ala Arg Pro
610 615 620

Ser Asp Ile Asp Val Val Trp Leu Tyr Gly Tyr Gly Trp Pro Ile Tyr
625 630 635 640

Arg Gly Gly Pro Met His Tyr Ala Asp Ser Val Gly Leu Lys His Ile
645 650 655

Ala Glu Arg Leu Ser Ala Tyr Ala Lys Ala Thr Asn Asp Pro Ser Leu
660 665 670

Glu Pro Ala Pro Leu Leu Ala Arg Leu Ala Ala Glu Gly Lys Thr Phe
675 680 685

Ala Ser Leu Thr Gln Pro Ser Lys Ala Ala Ala
690 695

<210> 27

<211> 278

<212> PRT

<213> Penicillium chrysogenum

<400> 27

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

His Leu Thr Ile Ser His Ala Gln Lys Leu Asn Ser Leu Thr Thr Pro
20 25 30

Leu Leu Thr Ser Leu Thr Gln Thr Leu Ser Lys Leu Ser Asn Thr Asn
35 40 45

Leu His Ala Ile Thr Leu Thr Gly Ala Gly Gln Lys Ser Phe Ile Gly

5

10

ES 2 655 710 T3

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

<210> 28
 <211> 244
 <212> PRT
 <213> Penicillium chrysogenum

<400> 28

ES 2 655 710 T3

Met Thr Glu Ile Pro Thr Phe His Asn Leu Ser Leu Glu Arg His Gly
1 5 10 15

Asn Val Phe Val Leu Thr Met Gln Lys Pro Pro Glu Asn Arg Leu Asn
20 25 30

Ser Ser Tyr Cys Gln Glu Met Ile Arg Ala Tyr Arg Ser Val Glu Arg
35 40 45

Ile Leu Gly Ser Asp Ser Glu Gly Ala Val Ile Thr Arg Gly Asn Asp
50 55 60

Ala Lys Phe Trp Cys Thr Gly Leu Glu Leu Asp Glu Ser Asp Ser Asn
65 70 75 80

Pro Phe Ala Asn Thr Asp Gly Phe Tyr Pro Leu Ile His Thr Ile Leu
85 90 95

Asp Phe Pro Phe Pro Thr Val Ala Leu Leu Thr Gly His Thr Phe Gly
100 105 110

Gly Ala Cys Pro Leu Ala Leu Ala His Asp Tyr Arg Ile Met Asn Ser
115 120 125

Arg Arg Gly Phe Ile Ser Met Pro Pro Val Asn Leu Gly Leu His Phe
130 135 140

Asp Gly Ile Gly Ser Leu Pro Arg Leu Lys Leu Arg Pro Gln Val Ala
145 150 155 160

Arg Lys Met Leu Leu Glu Ala His Arg Trp Thr Gly Pro Glu Ala Leu
165 170 175

Glu Asp Gly Ile Val Asp Ala Val Ala Glu Pro Glu Asp Met Leu Asn
180 185 190

Val Ala Leu Glu Leu Gly Ala Lys Trp Ala Pro Lys Ala Lys Met Gly
195 200 205

Val Tyr Ala Leu Leu Arg Gln Glu Leu Trp Gly Asp Ala Ile Lys Lys
210 215 220

Phe Gln Arg Ile Ser Tyr Val His Ser Arg Val Thr Ser Ala Pro Ala
225 230 235 240

Lys Val Lys Ile

- 5 <210> 29
- <211> 300
- <212> PRT
- <213> Penicillium chrysogenum

- 10 <400> 29

ES 2 655 710 T3

Met Ala Pro Ser Asp Arg Leu Thr Gln Val Asn Glu His Leu Asn Tyr
1 5 10 15

Pro Ala Gly Leu Leu Ala Gly Gln Val Ala Ile Ile Thr Gly Ala Gly
20 25 30

Gln Gly Ile Gly Ala Glu Ala Ala Arg Leu Phe Ala Asn Glu Gly Ala
35 40 45

Lys Val Val Val Ala Asp Ile Asp Ser Lys Lys Ala Asn Ala Val Ala
50 55 60

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

Asp Val Leu Asp Ser Asn Tyr Ile Thr Glu Leu Val Lys Lys Thr Ala
85 90 95

Glu Phe Gly Asn Gly Lys Ile His Ile Ile Val Asn Asn Ala Gly Phe
100 105 110

Thr Trp Asp Gly Val Ile His Lys Met Thr Asp Lys Gln Trp Glu Thr
115 120 125

Met Leu Ala Val His Asn Thr Ala Pro Phe Gln Leu Val Arg Ala Ala
130 135 140

Ala Pro Tyr Phe Arg Val Lys Asp Gln Glu Pro Arg Val Val Ile Asn
145 150 155 160

Ile Ser Ser Thr Ser Gly Val His Gly Asn Ala Gly Gln Ala Asn Tyr
165 170 175

Ala Val Ala Lys Ala Gly Val Val Gly Leu Thr Arg Thr Ile Ala Lys
180 185 190

Glu Trp Gly Pro Ser Phe Gly Val Arg Ser Asn Thr Ile Ala Phe Gly
195 200 205

Phe Val Thr Thr Arg Leu Thr Ala Ala Lys Glu Glu Gly Ala Phe Ile
210 215 220

Thr Thr Pro Asp Gly Thr Lys Val Ala Leu Gly Ile Pro Gly Lys Gln
225 230 235 240

Leu Ala Thr Lys Lys Gly Ser Ala Asp Gln Glu Lys Lys Ala Ala Pro
245 250 255

Thr Tyr Pro Asp Ile Pro Leu Gly Arg Pro Ala Thr Pro Glu Glu Ala
260 265 270

Ala Arg Ala Val Leu Gly Val Ala Ser Pro Trp Phe Ser Tyr Val Asn
275 280 285

Gly Glu Thr Ile Arg Val Thr Gly Gly Arg Asn Met
290 295 300

<210> 30

<211> 327

<212> PRT

<213> Penicillium chrysogenum

<400> 30

Met Ser Ala Pro Gly Ala Gly His Glu Phe Pro Ala Gln Glu Val Ser
1 5 10 15

Trp Gln Lys Arg Asp Val Leu Leu Phe Ala Asn Ser Ile Gly Val Lys
20 25 30

Ala Asp Glu Leu His Phe Leu Tyr Glu Leu His Pro Asn Phe Ala Val
35 40 45

Phe Pro Thr Tyr Ser Leu Ile Leu Arg Met Ser Lys Asn Thr Ser Asp
50 55 60

Phe Arg Thr Ile Ala Leu Thr Pro Lys Pro Leu Ala Phe Lys Leu Thr
65 70 75 80

Asp Gln Glu Val Thr Asp Phe Tyr Ala Arg Gln Lys Ala Val His Ile
85 90 95

Pro Gly Val Pro Asp Leu Asp His Arg His Gly Val Asp Gly Gln Arg
100 105 110

Lys Ile Thr Ile Leu Lys Pro Leu Pro Thr Thr Ser Ala Gly Arg Lys
115 120 125

5

10

ES 2 655 710 T3

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

<210> 31

<211> 901

<212> PRT

<213> Penicillium Chrysogenum

<400> 31

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

ES 2 655 710 T3

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

ES 2 655 710 T3

Asn Asp Val Asn Asp Phe Ser Gln Pro Glu Tyr Pro Thr Gly Pro Ala
 275 280 285
 Asp Phe Met Ala Phe Leu Glu Asp Gly Leu Lys Thr Pro Ser Ala Gln
 290 295 300
 Pro Gly Gln Glu Pro Asp Phe Lys Gly Arg Val Ala Leu Val Thr Gly
 305 310 315 320
 Gly Gly Ala Gly Leu Gly Arg Ala Tyr Cys Leu Gln Phe Ala Lys Leu
 325 330 335
 Gly Ala Ser Val Val Val Asn Asp Leu Val Asp Pro Glu Pro Val Val
 340 345 350
 Gln Glu Ile Lys Lys Leu Gly Gly Lys Ala Val Gly Asn Lys Ala Ser
 355 360 365
 Cys Glu Asp Gly Asp Ala Val Val Lys Ser Ala Ile Asp Ala Phe Gly
 370 375 380
 Arg Ile Asp Ile Leu Val Asn Asn Ala Gly Ile Leu Arg Asp Lys Ala
 385 390 395 400
 Phe Thr Asn Met Asp Asp Asn Leu Trp Asn Ser Val Val Asn Val His
 405 410 415
 Leu Arg Gly Thr Tyr Lys Val Thr Lys Ala Ala Trp Pro Tyr Phe Leu
 420 425 430
 Lys Gln Lys Tyr Gly Arg Val Val Asn Thr Ala Ser Thr Ser Gly Ile
 435 440 445
 Tyr Gly Asn Phe Gly Gln Ala Asn Tyr Ala Ala Ala Lys Leu Gly Ile
 450 455 460
 Leu Gly Leu Ser Arg Thr Leu Ala Leu Glu Gly Ala Lys Tyr Asn Ile
 465 470 475 480
 Lys Val Asn Thr Ile Ala Pro Asn Ala Gly Thr Asn Met Thr Arg Thr
 485 490 495
 Ile Met Pro Glu Glu Met Val Gln Ala Phe Lys Pro Asp Tyr Val Ala
 500 505 510
 Pro Leu Val Val Leu Leu Cys Ser Asp Met Ala Pro Glu Pro Ser Thr
 515 520 525

ES 2 655 710 T3

Lys Gly Leu Phe Glu Cys Gly Ser Gly Trp Phe Gly Arg Thr Arg Trp
530 535 540

Gln Arg Thr Gly Gly His Gly Phe Pro Val Asp Val Lys Leu Thr Pro
545 550 555 560

Glu Glu Val Val Arg Asn Trp Lys Gln Ile Ile Asn Phe Asp Asp Gly
565 570 575

Arg Ala Asp His Pro Glu Asp Gly Gln Ala Gly Ala Glu Lys Ile Met
580 585 590

Ala Asn Met Ser Asn Arg Val His Gly Asp Thr Ser Thr Glu Asn Glu
595 600 605

Thr Leu Lys Asn Ile Lys Lys Ala Lys Ala Leu Ser Ser Glu Gly Thr
610 615 620

Pro Phe Asn Tyr Glu Asp Arg Asp Val Ile Leu Tyr Asn Leu Ser Leu
625 630 635 640

Gly Ala Lys Arg Thr Asp Leu Pro Leu Val Tyr Glu Asn Asn Asp Gln
645 650 655

Phe Gln Ala Leu Pro Ser Tyr Gly Val Val Pro Trp Phe Asn Thr Ala
660 665 670

Thr Pro Trp Asn Met Asp Asp Leu Val Lys Asp Phe Ser Pro Met Met
675 680 685

Leu Leu His Gly Glu Gln Tyr Met Glu Val Arg Lys Phe Pro Ile Pro
690 695 700

Thr Thr Ala Asn Thr Leu Thr Tyr Pro Lys Leu Ile Asp Val Ile Asp
705 710 715 720

Lys Gly Asn Ala Ala Ile Val Val Ala Gly Tyr Thr Thr Lys Asp Ala
725 730 735

Lys Thr Gly Glu Asp Leu Phe Tyr Asn Glu Ser Ser Val Phe Ile Arg
740 745 750

Gly Ser Gly Gly Phe Gly Gly Ser Pro Lys Pro Thr Ala Val Arg Pro
755 760 765

Lys Ala Ala Thr Ala Ala Tyr Lys Ala Pro Gln Arg Gln Pro Asp Ala

ES 2 655 710 T3

770

775

780

Val Val Glu Glu Lys Thr Ser Glu Asp Gln Ala Ala Leu Tyr Arg Leu
785 790 795 800

Asn Gly Asp Arg Asn Pro Leu His Ile Asp Pro Glu Phe Ser Lys Val
805 810 815

Gly Gly Phe Lys Thr Pro Ile Leu His Gly Leu Cys Ser Leu Gly Val
820 825 830

Ser Ala Lys Ala Val Phe Ser Lys Tyr Gly Pro Tyr Lys Asn Leu Lys
835 840 845

Val Arg Phe Ala Gly Val Val Leu Pro Gly Gln Thr Leu Lys Thr Glu
850 855 860

Met Trp Lys Glu Gly Asn Thr Val Leu Phe Gln Ala Thr Val Val Glu
865 870 875 880

Thr Gly Lys Pro Ala Ile Thr Gly Ala Gly Ala Glu Leu Leu Glu Gly
885 890 895

Ala Lys Ala Lys Leu
900

<210> 32

<211> 293

5 <212> PRT

<213> Penicillium chrysogenum

<400> 32

Met Phe Ala Arg Gln Cys Thr Arg Leu Ala Thr Ser Arg Thr Ser Ala
1 5 10 15

Pro Leu Thr Ser Tyr Leu Ala Arg Val Arg Gly Tyr Ser Ser Ala Ala
20 25 30

Gly Ser Tyr Glu His Ile Leu Thr Ser Thr Pro Lys Pro Gly Val Gly
35 40 45

Leu Ile Thr Leu Asn Arg Pro Lys Ala Leu Asn Ala Leu Cys Ser Pro
50 55 60

Leu Phe Lys Glu Leu Asn Glu Ala Leu Ser Asn Tyr Asp Asn Asp Lys
65 70 75 80

Ser Ile Gly Ala Ile Ile Ile Thr Gly Ser Glu Lys Ala Phe Ala Ala

10

ES 2 655 710 T3

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

<210> 33
 <211> 261
 <212> PRT
 <213> Acinetobacter sp.

<400> 33

Met Ile Pro Asp Gln Asp Asn Phe Val Glu Ile Asp Phe Ser Ile Glu

ES 2 655 710 T3

1 5 10 15
 Gln Ile Ala Ile Val Lys Ile Asn Arg Pro Ala Ser Lys Asn Ala Leu
 20 25 30
 Asn Thr Glu Val Arg Lys Gln Leu Ala Gln Ala Phe Thr Glu Leu Ser
 35 40 45
 Phe Asn Asp Gln Ile Asn Ala Ile Val Leu Thr Gly Gly Glu Asp Val
 50 55 60
 Phe Ala Ala Gly Ala Asp Leu Lys Glu Met Ala Thr Ala Ser Ser Thr
 65 70 75 80
 Asp Met Leu Leu Arg His Thr Glu Arg Tyr Trp Asn Ala Ile Ala Gln
 85 90 95
 Cys Pro Lys Pro Val Ile Ala Ala Val Asn Gly Tyr Ala Leu Gly Gly
 100 105 110
 Gly Cys Glu Leu Ala Met His Thr Asp Ile Ile Ile Ala Gly Lys Ser
 115 120 125
 Ala Thr Phe Gly Gln Pro Glu Ile Lys Val Gly Leu Met Pro Gly Ala
 130 135 140
 Gly Gly Thr Gln Arg Leu Phe Arg Ala Val Gly Lys Phe His Ala Met
 145 150 155 160
 Arg Met Ile Met Thr Gly Val-Met Val Pro Ala Glu Glu Ala Tyr Leu
 165 170 175
 Ile Gly Leu Val Ser Gln Val Thr Glu Asp Ser Gln Thr Ile Pro Thr
 180 185 190
 Ala Ile Lys Met Ala Gln Ser Leu Ala Lys Met Pro Pro Ile Ala Leu
 195 200 205
 Gln Gln Ile Lys Glu Val Ala Leu Met Ser Glu Asp Val Pro Leu Asn
 210 215 220
 Ala Gly Leu Thr Leu Glu Arg Lys Ser Phe Gln Leu Leu Phe Ser Thr
 225 230 235 240
 Glu Asp Lys Asn Glu Gly Ile Asn Ala Phe Ile Glu Lys Arg Lys Pro
 245 250 255
 Ser Tyr His Gly Lys
 260

5 <210> 34
 <211> 136
 <212> PRT
 <213> Aeromonas salmonicida

10 <400> 34

ES 2 655 710 T3

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

Arg Phe Gly Ala Ala Glu Val Glu Ala Phe Ala Gly Leu Ser Glu Asp
20 25 30

Phe Asn Pro Leu His Leu Asp Ser Ala Phe Ala Ala Thr Thr Pro Phe
35 40 45

Glu Arg Pro Ile Val His Gly Met Leu Leu Ala Ser Leu Phe Ser Gly
50 55 60

Leu Leu Gly Gln Gln Leu Pro Gly Lys Gly Thr Val Tyr Leu Gly Gln
65 70 75 80

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

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

Ala Thr Arg Ile Leu Ala Ala Gly Gly Ala Leu Ala Leu Ala Val Thr
115 120 125

Gly Glu Ala Val Val Lys Val Gly
130 135

<210> 35

<211> 259

5 <212> PRT

<213> Clostridium kluyveri

<400> 35

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

Ile Thr Leu Asn Arg Pro Lys Ala Leu Asn Ala Leu Asn Ala Ala Thr
20 25 30

Leu Lys Glu Ile Asp Ala Ala Ile Asn Asp Ile Ala Glu Asp Asp Asn

10

ES 2 655 710 T3

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

Lys Asn Lys

<210> 36

<211> 257

<212> PRT

<213> Clostridium kluyveri

<400> 36

ES 2 655 710 T3

Met Thr Tyr Lys Thr Leu Leu Leu Glu Lys Gln Asn Gly Ile Thr Ile
1 5 10 15

Ile Lys Met Asn Thr Pro His Asn Leu Asn Ala Ile Ser Gln Gln Ser
20 25 30

Val Glu Asp Leu Phe Ala Val Leu Gln Val Ile Lys Asn Asp Asp Asn
35 40 45

Cys Arg Val Val Ile Leu Thr Gly Glu Gly Lys Gly Phe Ile Gly Gly
50 55 60

Ala Asp Ile Lys His Met Ala Cys Leu Asp Ala Ile Glu Gly Gly Gln
65 70 75 80

Phe Cys Phe Ala Val Ser Lys Cys Thr Leu Glu Met Glu Lys Met Gly
85 90 95

Lys Val Phe Ile Ala Ala Val Asn Gly Phe Ala Leu Gly Ala Gly Leu
100 105 110

Glu Val Ala Leu Gly Cys Asp Ile Arg Ile Phe Ser Lys His Ala Lys
115 120 125

Ile Gly Phe Pro Glu Thr Gly Leu Gly Val Ile Pro Gly Ala Gly Gly
130 135 140

Ala Gln Arg Leu Gln Arg Leu Val Gly Ile Gly Lys Ala Ser Glu Ile
145 150 155 160

Ile Phe Thr Gly Asp Ile Ile Gly Ala Asp Asp Ala Leu Arg Phe Gly
165 170 175

Ile Ala Asn Gln Val Thr Glu Pro Glu Ser Leu Met Asp Thr Ala Met
180 185 190

Ser Met Ala Glu Lys Ile Leu Thr Lys Ser Pro Val Gly Thr Arg Leu
195 200 205

Ala Lys Glu Ala Leu Gln Lys Gly Arg Asp Thr Asp Leu Glu Lys Ala
210 215 220

Leu Glu Tyr Asp Lys Asn Leu Phe Gly Leu Cys Phe Ser Thr Glu Asp
225 230 235 240

Lys Lys Glu Gly Met Ala Ala Phe Ile Glu Lys Arg Lys Pro Val Phe
245 250 255

Lys

5 <210> 37
<211> 255
<212> PRT

ES 2 655 710 T3

<213> Escherichia coli

<400> 37

```

Met Ser Glu Leu Ile Val Ser Arg Gln Gln Arg Val Leu Leu Leu Thr
 1      5      10      15

Leu Asn Arg Pro Ala Ala Arg Asn Ala Leu Asn Asn Ala Leu Leu Met
 20      25      30

Gln Leu Val Asn Glu Leu Glu Ala Ala Ala Thr Asp Thr Ser Ile Ser
 35      40      45

Val Cys Val Ile Thr Gly Asn Ala Arg Phe Phe Ala Ala Gly Ala Asp
 50      55      60

Leu Asn Glu Met Ala Glu Lys Asp Leu Ala Ala Thr Leu Asn Asp Thr
 65      70      75      80

Arg Pro Gln Leu Trp Ala Arg Leu Gln Ala Phe Asn Lys Pro Leu Ile
 85      90      95

Ala Ala Val Asn Gly Tyr Ala Leu Gly Ala Gly Cys Glu Leu Ala Leu
 100     105     110

Leu Cys Asp Val Val Val Ala Gly Glu Asn Ala Arg Phe Gly Leu Pro
 115     120     125

Glu Ile Thr Leu Gly Ile Met Pro Gly Ala Gly Gly Thr Gln Arg Leu
 130     135     140

Ile Arg Ser Val Gly Lys Ser Leu Ala Ser Lys Met Val Leu Ser Gly
 145     150     155     160

Glu Ser Ile Thr Ala Gln Gln Ala Gln Gln Ala Gly Leu Val Ser Asp
 165     170     175

Val Phe Pro Ser Asp Leu Thr Leu Glu Tyr Ala Leu Gln Leu Ala Ser
 180     185     190

Lys Met Ala Arg His Ser Pro Leu Ala Leu Gln Ala Ala Lys Gln Ala
 195     200     205

Leu Arg Gln Ser Gln Glu Val Ala Leu Gln Ala Gly Leu Ala Gln Glu
 210     215     220

Arg Gln Leu Phe Thr Leu Leu Ala Ala Thr Glu Asp Arg His Glu Gly
 225     230     235     240

Ile Ser Ala Phe Leu Gln Lys Arg Thr Pro Asp Phe Lys Gly Arg
 245     250     255

```

5

<210> 38

<211> 257

<212> PRT

10

<213> Pseudomonas putida

<400> 38

Met Pro Arg Tyr Leu Asp Val Gln Ala Pro Glu Asn Gly Val Gln Leu
1 5 10 15

Ile Thr Leu Gln Arg Pro Glu Ala Leu Asn Ala Leu Cys Thr Glu Leu
20 25 30

Leu Ala Glu Leu Ala Thr Ala Leu Asp Ala Ala Ala Arg Asp Asp Gln
35 40 45

Ile Gly Val Val Val Leu Thr Gly Ser Arg Lys Ala Phe Ala Ala Gly
50 55 60

Ala Asp Ile Arg Glu Met Ala Glu Arg Asp Leu Val Gly Ile Leu Asn
65 70 75 80

Asp Pro Arg Val Ala His Trp Gln Arg Ile Ala Ala Phe Ala Lys Pro
85 90 95

Leu Ile Ala Ala Val Asn Gly Tyr Ala Leu Gly Gly Gly Cys Glu Leu
100 105 110

Val Met Cys Ala Asp Ile Val Ile Ala Gly Ser Asp Ala Arg Phe Gly
115 120 125

Gln Pro Glu Ile Asn Leu Gly Ile Ile Pro Gly Ala Gly Gly Thr Gln
130 135 140

Arg Leu Leu Arg Ala Val Gly Lys Pro Leu Ala Met Gln Met Val Leu
145 150 155 160

Thr Gly Glu Ala Ile Thr Ala Arg His Ala Gln Gln Ala Gly Leu Val
165 170 175

Ser Glu Ile Thr Gln Pro Glu Phe Thr Val Glu Arg Ala Met Gln Ile
180 185 190

Ala Arg Asn Ile Ala Ala Lys Ala Pro Leu Ala Val Arg Leu Ala Lys
195 200 205

Glu Ala Leu Leu Lys Ala Gly Asp Thr Asp Leu Ala Ser Gly Leu Arg
210 215 220

Phe Glu Arg His Ala Phe Thr Leu Leu Ala Gly Thr Ala Asp Arg Asp
225 230 235 240

Glu Gly Ile Gln Ala Phe Gln Glu Lys Arg Pro Ala Arg Phe Gln Gly
245 250 255

Arg

ES 2 655 710 T3

<210> 39
 <211> 263
 <212> PRT
 <213> Pseudomonas putida

5

<400> 39

Met Thr Phe Gln His Ile Leu Phe Ser Ile Glu Asp Gly Val Ala Phe
 1 5 10 15

Leu Ser Leu Asn Arg Pro Glu Gln Leu Asn Ser Phe Asn Ala Ala Met
 20 25 30

His Leu Glu Val Arg Glu Ala Leu Lys Gln Val Arg Gln Ser Ser Asp
 35 40 45

Ala Arg Val Leu Leu Leu Thr Ala Glu Gly Arg Gly Phe Cys Ala Gly
 50 55 60

Gln Asp Leu Ser Asp Arg Asn Val Ala Pro Asp Ala Glu Val Pro Asp
 65 70 75 80

Leu Gly Glu Ser Ile Asp Lys Phe Tyr Asn Pro Leu Val Arg Thr Leu
 85 90 95

Arg Asp Leu Pro Leu Pro Val Ile Cys Ala Val Asn Gly Val Ala Ala
 100 105 110

Gly Ala Gly Ala Asn Ile Pro Leu Ala Cys Asp Leu Val Leu Ala Gly
115 120 125

Arg Ser Ala Ser Phe Ile Gln Ala Phe Cys Lys Ile Gly Leu Val Pro
130 135 140

Asp Ser Gly Gly Thr Trp Leu Leu Pro Arg Leu Val Gly Met Ala Arg
145 150 155 160

Ala Lys Ala Leu Ala Met Leu Gly Glu Arg Leu Gly Ala Glu Gln Ala
165 170 175

Gln Gln Trp Gly Leu Ile His Arg Val Val Asp Asp Ala Ala Leu Arg
180 185 190

Asp Glu Ala Leu Thr Leu Ala Arg Gln Leu Ala Ser Gln Pro Thr Tyr
195 200 205

Gly Leu Ala Leu Ile Lys Arg Ser Leu Asn Ala Ser Phe Asp Asn Gly
210 215 220

Phe Asp Glu Gln Leu Glu Leu Glu Arg Asp Leu Gln Arg Leu Ala Gly
225 230 235 240

Arg Ser Glu Asp Tyr Arg Glu Gly Val Ser Ala Phe Met Asn Lys Arg
245 250 255

Thr Pro Ala Phe Lys Gly Arg
260

<210> 40
<211> 699
5 <212> PRT
<213> Rhodopseudomonas palustris

<400> 40
Met Ser Glu Val Val Thr Arg Ala Thr Gln Asp Gln Val Ala Ile Val
1 5 10 15

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

Gly Ile Leu Glu Asn Val Asn Ala Ala Val Ala Asp Pro Ala Val Gln
35 40 45

Ala Ile Val Leu Val Cys Ala Gly Arg Thr Phe Ile Ala Gly Ala Asp
50 55 60

ES 2 655 710 T3

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

Ile Ala Ala Leu Glu Asn Ser Pro Lys Pro Thr Ile Ala Ala Ile His
85 90 95

Gly Thr Ala Leu Gly Gly Gly Leu Glu Val Ala Leu Gly Cys His Phe
100 105 110

Arg Val Ala Val Lys Glu Ala Lys Leu Gly Leu Pro Glu Val Lys Leu
115 120 125

Gly Leu Leu Pro Gly Ala Gly Gly Thr Gln Arg Leu Pro Arg Ala Val
130 135 140

Gly Pro Glu Leu Ala Val Gln Met Ile Val Gly Gly Ser Pro Ile Gly
145 150 155 160

Ala Ala Glu Ala Leu Lys His Gly Leu Val Glu Glu Val Val Glu Asn
165 170 175

Leu Val Ala Gly Ala Val Ala Phe Ala Lys Lys Val Leu Ala Glu Lys
180 185 190

Arg Pro Leu Arg Arg Leu Arg Asp Asp Asp Ser Lys Leu Ala Ala Ala
195 200 205

Lys Ala Asp Arg Ser Ile Phe Thr Asn Ala Val Ala Ala Met Thr Lys
210 215 220

Lys Ala Arg Gly Leu Glu Ala Pro Phe Ala Cys Ala Asp Ala Ile Gly
225 230 235 240

Ala Ala Ile Asp Leu Pro Phe Glu Glu Gly Leu Lys Lys Glu Arg Glu
245 250 255

Gly Phe Met Lys Leu Val Val Ser Asp Gln Ser Lys Ala Gln Arg Tyr
260 265 270

Ala Phe Phe Ala Glu Arg Glu Ala Ala Lys Val Asp Gly Val Pro Asp
275 280 285

Gly Thr Lys Pro Arg Pro Val Ser Arg Val Ala Ile Ile Gly Ala Gly
290 295 300

Thr Met Gly Gly Gly Ile Ala Met Ser Phe Ala Asn Ala Gly Ile Pro
305 310 315 320

ES 2 655 710 T3

Val Thr Leu Ile Glu Thr Gly Glu Glu Gln Leu Lys Arg Gly Leu Gly
325 330 335

Ile Met Gln Lys Asn Trp Glu Ala Thr Ala Ala Arg Gly Gly Leu Pro
340 345 350

Pro Asp Ala Pro Ala Lys Arg Met Ala Leu Ile Thr Gly Leu Val Gly
355 360 365

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

Thr Met Ala Val Lys Lys Glu Val Phe Thr Ala Val Asp Ala His Ala
385 390 395 400

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

Glu Ile Ala Ala Thr Thr Lys Arg Pro Gln Asp Val Leu Gly Met His
420 425 430

Phe Phe Ser Pro Ala Asn Val Met Lys Leu Cys Glu Ile Val Arg Gly
435 440 445

Ala Lys Thr Ala Pro Asp Ala Leu Leu Thr Ala Val Ser Ile Ala Lys
450 455 460

Lys Ile Ala Lys Val Pro Val Val Val Gly Val Cys Asp Gly Phe Val
465 470 475 480

Gly Asn Arg Met Leu Ala Ala Arg Ser Lys Gln Ser Glu Lys Leu Leu
485 490 495

Phe Glu Gly Ala Leu Pro Gln Gln Val Asp Ala Val Val Thr Lys Phe
500 505 510

Gly Met Pro Met Gly Pro Phe Ala Met Gly Asp Leu Ala Gly Leu Asp
515 520 525

Ile Gly Trp Arg Ser Arg Lys Asp Arg Gly Ile Lys Ser Glu Ile Ala
530 535 540

Asp Ala Leu Cys Glu Ala Gly Arg Phe Gly Gln Lys Thr Gly Lys Gly
545 550 555 560

Tyr Tyr Lys Tyr Glu Gln Gly Ser Arg Ala Pro Met Pro Asp Pro Glu
565 570 575

Val Glu Thr Leu Ile Asn Asp Thr Leu Ala Lys Leu Gly Leu Lys Arg
580 585 590

Arg Asp Ile Thr Asp Glu Glu Ile Leu Glu Arg Met Val Tyr Pro Met
595 600 605

Ile Asn Glu Gly Ala Arg Ile Leu Glu Glu Lys Ile Ala Ala Arg Pro
610 615 620

Ser Asp Ile Asp Val Val Trp Leu Tyr Gly Tyr Gly Trp Pro Ile Tyr
625 630 635 640

Arg Gly Gly Pro Met His Tyr Ala Asp Ser Val Gly Leu Lys His Ile
645 650 655

Ala Glu Arg Leu Ser Ala Tyr Ala Lys Ala Thr Asn Asp Pro Ser Leu
660 665 670

Glu Pro Ala Pro Leu Leu Ala Arg Leu Ala Ala Glu Gly Lys Thr Phe
675 680 685

Ala Ser Leu Thr Gln Pro Ser Lys Ala Ala Ala
690 695

<210> 41

<211> 242

<212> PRT

<213> Rhodococcus sp.

<900> 41

Met Asn Thr Leu Lys Ile Glu Asp Arg Asp Asp Arg Met Val Val Thr
1 5 10 15

Leu His Arg Pro Ala Gln Arg Asn Ala Ile Asn Ala Glu Met Ile Gly
20 25 30

Glu Leu His Gln Val Cys Ala Ser Leu Glu Ala Thr Pro Lys Pro Met
35 40 45

Leu Leu Thr Gly Glu Gly Asp His Phe Ala Gly Gly Ala Asp Ile Ala
50 55 60

Glu Leu Arg Glu Arg Gly Arg Asp Glu Ala Phe Ala Gly Ile Asn Arg
65 70 75 80

Asn Leu Phe Asp Arg Ile Ala Lys Leu Pro Met Pro Thr Val Ala Ala
85 90 95

ES 2 655 710 T3

Val Ser Gly Tyr Ala Leu Gly Gly Gly Ala Glu Leu Ser Tyr Ala Cys
100 105 110

Asp Ile Arg Ile Ala Thr Glu Thr Ala Val Phe Gly Asn Pro Glu Pro
115 120 125

Gly Leu Gly Ile Met Ala Ala Ala Gly Ala Ser Tyr Arg Leu Pro Glu
130 135 140

Leu Val Gly Thr Ser Val Ala Lys Gln Val Leu Leu Gly Gly Arg Asn
145 150 155 160

Leu Asp Ala Gln Asp Ala Leu Arg Ser Gly Leu Val Met Ser Val Val
165 170 175

Ala Pro Gly Glu His Ile Asp Ala Ala His Lys Val Ile Asp Arg Ile
180 185 190

Thr Arg Ser Ala Pro Leu Ala Leu Lys Leu Thr Lys Met Ile Val Asp
195 200 205

Ala Pro Gly Ser His Pro Phe Ala Asp Asp Ile Ala Gln Ala Val Leu
210 215 220

Phe Glu Ser Arg Asp Lys His Asp Arg Met Thr Ala Phe Leu Glu Lys
225 230 235 240

Lys Lys

<210> 42

<211> 689

5 <212> PRT

<213> Penicillium chrysogenum

<400> 42

Met Pro Asp Phe Thr Asp Asn Leu Arg Pro Ser Gln Pro Asp Gly Pro
1 5 10 15

Thr Thr Leu Ala Arg Glu Arg Gln Lys Ser Asn Ile Ala Thr Glu Glu
20 25 30

Leu Gly Gln His Leu Leu Gly Ser Asp Gly Phe Leu Val Arg Gln Ala
35 40 45

Arg Ile Leu Pro Ile Ile Gln Gln Glu Pro Leu Phe Ser Lys Asp Gln
50 55 60

10

ES 2 655 710 T3

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

Ala Lys Leu Leu Arg Gln Met Lys Asp Thr His Lys Trp Ser His Leu
85 90 95

Glu Tyr Gln Met Ala Glu Tyr Leu Val Asp Asp Val Ser Pro Tyr Phe
100 105 110

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

Glu Gln Gln Ala His Trp Leu Pro Leu Ile Glu Leu Trp Lys Ile Ile
130 135 140

Gly Ala Tyr Ala Gln Thr Glu Leu Gly His Gly Ser Asn Val Arg Gly
145 150 155 160

Leu Glu Leu Glu Ala Arg Trp Asp Asn Arg Thr Lys Glu Phe Val Leu
165 170 175

His Ser Pro Thr Leu Thr Ala Ser Lys Trp Trp Asn Gly Ser Leu Gly
180 185 190

Arg Leu Ala Asn His Ala Ile Val Val Ala Gln Leu Leu Leu Pro Asp
195 200 205

Pro Ser Ser Pro Asp Gln Tyr Val Ser His Gly Pro His Pro Phe Ile
210 215 220

Val Gln Val Arg Asp Met Lys Thr His Gln Pro Leu Asn Gly Ile Val
225 230 235 240

Val Gly Asp Ile Gly Pro Lys Tyr Gly Tyr Ile Thr Met Asp Asn Ala
245 250 255

Tyr Met Leu Phe Asp Gln Phe Arg Ile Pro His Ser Ala Met Leu Ser
260 265 270

Arg Tyr Ser Lys Val Asp Leu Asn Thr Gly Ile Tyr Thr Lys Pro Glu
275 280 285

Lys Pro Ala Leu Val Tyr Gly Ser Leu Thr Tyr Val Arg Ser Asn Met
290 295 300

Val His Arg Ala Arg Leu Val Leu Ala Arg Ala Val Thr Val Ala Val

ES 2 655 710 T3

305 310 315 320
 Arg Tyr Ser Ser Val Arg Arg Gln Phe Gln Asp Arg Asp Gly Asp Lys
 325 330 335
 Thr Gly Pro Glu Met Ser Val Leu Asp Tyr Pro Thr Val Gln Ile Arg
 340 345 350
 Ile Leu Pro Leu Leu Ala Thr Thr Phe Ala Leu His Tyr Thr Gly Leu
 355 360 365
 Ala Met Gln Thr Val Tyr Lys Asn Ala Arg Gln Asp Ile Glu Glu Gly
 370 375 380
 Asn Phe Asn Ser Leu Ala His Met His Ser Met Ser Ser Gly Leu Lys
 385 390 395 400
 Ser Leu Cys Thr Ile Phe Ala Ala Asp Gly Ile Glu Thr Cys Arg Arg
 405 410 415
 Ala Met Gly Gly His Gly Phe Gly Gly Gly Ser Gly Leu Ile Gln Val
 420 425 430
 Asn Asn Asp Tyr Leu Ser Lys Pro Thr Val Glu Gly Asp Asn Trp Met
 435 440 445
 Ile Thr Gln Gln Val Ala Ala Tyr Val Ile Lys Lys Met Thr Ala Ala
 450 455 460
 Val Gly Ser Pro Asp Thr Pro Gly Ile Asp Glu Thr Asp Ala Arg Phe
 465 470 475 480
 Lys Glu Phe Ile Arg Asn Lys Arg Arg Pro Glu Ser Glu Lys Arg Thr
 485 490 495
 Tyr Asp Ile Leu Asn Ser Asp Leu Asp Ile Val Lys Ser Phe Glu Leu
 500 505 510
 Arg Ala Thr Ala Met Ala Ser Ser Thr Lys Leu Ile Arg Val Ile Lys
 515 520 525
 Lys Arg Asn Trp Asn Ser Leu Leu Ile Gln Leu His Lys Leu Ser Arg
 530 535 540
 Ala Gln Ser Glu Ser Ile Ile Val Ala Thr Phe Phe Asp Ala Leu Ser
 545 550 555 560

Asn Asp Lys Thr Leu Ser Ala Pro Thr Lys Asn Val Leu Trp Asp Cys
565 570 575

Tyr Arg Leu Phe Ala Leu Tyr Ser Met Glu Asn Glu Ser Phe Glu Phe
580 585 590

Leu Arg Thr Asn Ala Val Ser Gln Thr Asp Leu Asp Ser Leu Ala Ser
595 600 605

Arg Val Gln Asp Leu Met Ala Arg Ile Arg Pro His Ala Val Thr Leu
610 615 620

Val Asp Ser Trp Met Ile Pro Asp Tyr Leu Leu Asp Ser Ala Leu Gly
625 630 635 640

Arg Tyr Asp Gly Arg Val Tyr Glu Asp Leu Phe Asn Arg Ala His Arg
645 650 655

Leu Asn Pro Leu Asn Arg Ile Thr Phe Asn Pro Asn Tyr Trp Glu Asp
660 665 670

Glu Ile Val Lys Gly Ser Gly Asp Asn Gly Arg Gly Ile Leu Ser Lys
675 680 685

Leu

<210> 43

<211> 425

<212> PRT

<213> Penicillium chrysogenum

<400> 43

Met Ser Val Ser Asn Val Pro Phe Ala Asp Pro Leu Trp Leu Asn Arg
1 5 10 15

Lys His Ser Pro Tyr Tyr Lys Asp Ser His Arg Lys Leu Gln Lys Glu
20 25 30

Val Arg Gln Tyr Val Asp Glu His Ile Ser Pro Phe Cys Glu Glu Trp
35 40 45

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

Leu Gly Tyr Thr Ala Val Ala Ser Phe Pro Leu Ala Ala Asp Tyr Leu
65 70 75 80

5

10

ES 2 655 710 T3

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

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

Asn Leu Lys Val Leu Ala Gly Gln Thr Leu Glu Lys Val Asn Arg Glu
355 360 365

Ser Gln Gln Val Met Gly Gly Leu Gly Tyr Ser Lys Asn Gly Arg Gly
370 375 380

Ser Arg Ile Glu Gln Val Ser Arg Asp Val Arg Val Met Val Val Gly
385 390 395 400

Gly Gly Ser Glu Glu Ile Leu Ser Glu Leu Ala Val Asn Gln Glu Ile
405 410 415

Lys Ala Met Lys Lys Gln Ser Lys Leu
420 425

<210> 44

<211> 605

5 <212> PRT

<213> Penicillium chrysogenum

<400> 44

Met Ala Ala Gln Ser Arg Val Pro Ala Thr Ala Glu Ser Gly Thr Phe
1 5 10 15

Thr Gln Leu Gly Pro Leu Pro Asn Thr Tyr Thr Ser Asp Ile Ser Leu
20 25 30

Gln Arg Met Leu Gly Trp Tyr Leu Pro Ala Gln Thr Leu Lys Leu Ile
35 40 45

Glu Pro His Leu Ala Gln Leu Gly Glu Glu Ala Val Ser Pro Gln Val
50 55 60

Phe Ala Trp Asn Ala Asp Ala Glu Thr Asn Leu Pro Tyr Val Lys Lys
65 70 75 80

Tyr Asn Val Trp Gly Gln Arg Tyr Ala Tyr Asp Arg Leu Val Thr Thr
85 90 95

Asp Gly Trp Lys Gln Leu Gly Lys Trp Gly Ala Lys His Gly Val Val
100 105 110

Ser Leu Gly Tyr Asp His Thr Tyr Gly Val Tyr Arg Arg Thr Ala Gln
115 120 125

ES 2 655 710 T3

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

ES 2 655 710 T3

Phe Arg Val Leu Thr Ala Thr Ser Lys Gly Val Val Ser Lys Met Ser
385 390 395 400

Met Val Gly Val Gln Glu Cys Gln Glu Ala Ile Gly Gly Val Gly Tyr
405 410 415

Ile Asp Glu Pro Asp Glu Pro Glu Phe Asn Ile Ser Arg Leu Leu Arg
420 425 430

Ser Ala Ala Val Tyr Pro Ile Trp Glu Gly Thr Thr Asn Val Leu Ala
435 440 445

Ser Glu Leu Val Arg Phe Leu Met Lys Gly Asp Asn Leu Ser Ile Leu
450 455 460

Ser Gly Trp Leu Gly His Val Val Ser Leu Ile Arg Thr Pro Ser Leu
465 470 475 480

Ala Gly Ala Leu Lys Gln Ala Met Ala Ser Tyr Leu Ser Arg Val Thr
485 490 495

Ser Thr Arg Pro Gln Ala Ala Leu Leu Ala Asp Ala Arg Arg Val Met
500 505 510

Phe Thr Phe Ala Trp Ile Leu Ser Gly Ala Leu Leu Thr Leu Asp Ala
515 520 525

Glu Arg Asp Glu Asp Glu Val Ala Met Glu Ile Ala Arg Arg Trp Val
530 535 540

Leu Leu Gly Glu Gly Gly Val Gly Glu Phe Val Tyr Arg Asp Ile Ala
545 550 555 560

Lys Pro Tyr Gln Cys Phe Asn Leu Arg Ser Gly Arg Asp Glu His Thr
565 570 575

Arg Leu Asp Cys Lys Ile Ala Trp Gly Val Glu Leu Pro Gly Lys Ile
580 585 590

Val Phe Gly His Arg Ser Leu Ser Glu Ser Ser Lys Leu
595 600 605

<210> 45

<211> 425

5 <212> PRT

<213> Penicillium chrysogenum

<400> 45

ES 2 655 710 T3

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

ES 2 655 710 T3

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

<210> 46
 <211> 633
 <212> PRT
 <213> Penicillium chrysogenum

<400> 46

Met Ser Ser Ser Gln Pro Ala Thr Ala Asp Ser Gly Tyr Ile Thr Asp
 1 5 10 15
 Pro Gly Pro Leu Glu Asn Thr Tyr Thr Ser Asp Pro Ser Leu Gln Arg
 20 25 30
 Ala Leu Ala Trp Tyr Leu Pro Ser Ala Thr Leu Gln Ser Val Gln Pro

ES 2 655 710 T3

35	40	45
His Leu Thr Gln Phe Gly Ala Glu Ala Ile Ser Glu Gln Val Arg Glu		
50	55	60
Trp Ser Ala Asp Ala Glu Arg Asn Val Pro Tyr Val Lys Ser His Asn		
65	70	75
Val Trp Gly Lys Arg Tyr Asp Tyr Asp Arg Leu Val Thr Thr Glu Gly		
	85	90
Trp Lys Gln Leu Gly Lys Trp Gly Ala Arg Asn Arg Ile Val Ser Ala		
	100	105
Gly Tyr Asp Lys Ser Leu Gly Val Asp Arg Arg Thr Val Gln Tyr Ala		
	115	120
Leu Asn Tyr Leu Tyr Ser Pro Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Cys Pro Ile		
	130	135
Ser Met Thr Asp Gly Ala Ala Phe Ile Leu Ser Ser Arg Ile Asn Lys		
	145	150
Leu Pro Ser Thr His Pro Phe His Thr Ala Phe Gln Gly Leu Ile Ser		
	165	170
Glu Lys Asp Asp His Trp Thr Ser Gly Gln Trp Met Thr Glu Arg Ala		
	180	185
Gly Gly Ser Asp Val Gln Asn Thr Glu Thr Trp Ala Thr Tyr Ser Pro		
	195	200
Leu Ala Ser Ser Ser Gly Ser Glu Pro Leu Gly Asp Gly Asp Tyr Leu		
	210	215
Ile Ser Gly Phe Lys Phe Phe Ser Ser Ala Thr Asp Ala Asn Leu Ala		
	225	230
Leu Leu Leu Ala Lys Thr Pro Ser Gly Lys Leu Ser Thr Phe Leu Ala		
	245	250
Pro Leu Arg Arg Thr Val Val Gly Gly Asp Gly Val Ser Arg Val Val		
	260	265
Ser Asn Gly Val Arg Ile His Arg Leu Lys Asn Lys Leu Gly Thr Lys		
	275	280
		285

ES 2 655 710 T3

Glu Leu Pro Thr Ala Glu Leu Glu Leu Lys Asp Met Arg Ala His Leu
 290 295 300

Ile Gly Glu Ile Asp Gln Gly Ile Val Thr Ile Ala Pro Leu Leu Asn
 305 310 315 320

Val Thr Arg Leu His Thr Phe Val Gly Ser Leu Ala Gly Trp Arg Arg
 325 330 335

Ala Ile Ser Ile Thr Lys Ser Phe Ala Lys Ala Arg Thr Thr Val Gly
 340 345 350

Glu Pro Leu Trp Leu Ile Pro Met His Leu Arg Leu Leu Ala Asp Met
 355 360 365

Glu Val Lys His Arg Gly Ala Met Asn Leu Ala Trp Phe Thr Val Ala
 370 375 380

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

His Leu Pro Gln Pro Gly Lys Glu Ala Glu Val Val Phe Arg Thr Leu
 405 410 415

Thr Ala Thr Ala Lys Ala Val Ile Ser Lys Met Ala Thr Ala Gly Ile
 420 425 430

Gln Glu Cys Gln Glu Ser Met Gly Gly Val Gly Tyr Met Asp Glu Ala
 435 440 445

Asp Glu Pro Glu Phe Asn Ile Ser Arg Ile Leu Arg Asn Asn Ala Val
 450 455 460

Asn Ser Ile Trp Glu Gly Thr Thr Asn Val Leu Ala Ser Glu Phe Val
 465 470 475 480

Arg Phe Leu Ile Lys Lys Asp Asn Leu Lys Ile Phe Gly Thr Trp Leu
 485 490 495

Asp Arg Thr Leu Ala Leu Ile Gln Ser Val Asp Leu Arg Asn Ala Leu
 500 505 510

Thr Ala Ala Trp Leu Ala Leu His Ala Arg Phe Met Thr Gln Asp Pro
 515 520 525

Ala Thr Thr Val Ala Asp Gly Arg Arg Phe Met Phe Thr Val Ala Trp
 530 535 540

Ile Leu Ser Gly Ala Leu Leu Ala Leu Asp Thr Glu Arg Asp Asn Asp
545 550 555 560

Pro Val Thr Ala Glu Ile Ala Arg Arg Trp Ile Leu Ser Ala Glu Gly
565 570 575

Gly Val Gly Glu Gln Val Phe His Asp Ile Val Thr Val Ser Gly Thr
580 585 590

Ala Ser Ala Thr Ser Gly Gly Glu Glu His Leu Gln Trp Asp Cys Arg
595 600 605

Ile Ala Trp Gly Val Asp Leu Pro Ala Asn Arg Ala Ser Gly His Arg
610 615 620

Ser Leu Gln Lys Ala Gly Ser Lys Leu
625 630

<210> 47

<211> 695

<212> PRT

<213> Penicillium chrysogenum

<400> 47

Met Pro Ser Pro Pro Pro Asp Trp Val Lys Ala Leu Lys Pro Ser Gly
1 5 10 15

Pro Gln Gly Ser Glu Leu Leu His Gln Glu Arg Ala Gln Ser Asn Val
20 25 30

Asp Val Glu Arg Leu Ser Glu Leu Leu His Thr Lys Glu Thr Leu Glu
35 40 45

Arg Arg Ala Ser Leu Leu Ala Leu Leu Gln Pro Glu Lys Val Phe Asp
50 55 60

Lys Ser Gln Asn His Ser Leu Gly Arg Val Glu Arg Leu Gln Arg Ser
65 70 75 80

Leu Ala Lys Ala Lys Arg Leu Gln Gln Leu Ala Glu Glu His Lys Trp
85 90 95

Ser Met Gln Glu Leu His Ala Ala Asn Asp Leu Ile Gly Glu Pro Thr
100 105 110

Pro Tyr Gly Leu His Ala Ser Met Phe Leu Val Thr Leu Arg Glu Gln
115 120 125

5

10

ES 2 655 710 T3

Gly Thr Pro Glu Gln His Lys Leu Phe Leu Glu Arg Ala Glu Lys Tyr
 130 135 140

Glu Ile Ile Gly Cys Tyr Ala Gln Thr Glu Leu Gly His Gly Ser Asn
 145 150 155 160

Val Arg Gly Leu Glu Thr Thr Ala Thr Trp Asn Ser Asn Asp Lys Thr
 165 170 175

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

Ser Leu Gly Arg Thr Ala Asn His Ala Val Val Met Ala Gln Leu Phe
 195 200 205

Ile Asp Gly Lys Asn Tyr Gly Pro His Pro Phe Val Val Gln Val Arg
 210 215 220

Asp Leu Glu Thr His Gln Pro Leu Asp Asn Val Tyr Val Gly Asp Ile
 225 230 235 240

Gly Pro Lys Phe Gly Tyr Asn Thr Met Asp Asn Gly Phe Leu Leu Phe
 245 250 255

Asn Asn Val Lys Ile Pro His Val Asn Met Leu Ala Arg Phe Cys Gln
 260 265 270

Val Asp Lys Glu Thr Asn Gln Tyr Ala Lys Pro Ala Met Pro Ser Leu
 275 280 285

Val Phe Gly Thr Met Thr Trp Val Arg Ala Asn Ile Val Leu Asp Ala
 290 295 300

Gly Gly Val Leu Ala Arg Gly Val Thr Ile Ala Thr Arg Tyr Cys Ala
 305 310 315 320

Val Arg Arg Gln Phe Gln Asp Arg Asp Ala Asp Pro His Ala Gly Glu
 325 330 335

Thr Gln Val Leu Asn Tyr Lys Met Val Gln Val Arg Leu Leu Pro Leu
 340 345 350

Leu Ala Ser Met Tyr Ala Leu His Phe Thr Gly Arg Gly Met Met Arg
 355 360 365

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

ES 2 655 710 T3

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

ES 2 655 710 T3

625 630 635 640

Ile Pro Asp Trp Gln Leu Asp Ser Ser Leu Gly Arg Tyr Asp Gly Lys
 645 650 655

Val Tyr Glu Asp Leu Phe Arg Arg Ala Ser Glu Glu Asn Pro Val Asn
 660 665 670

Glu Leu Val Phe Asp Pro Tyr Pro Trp Asn Ser Ala Leu Leu Lys Asn
 675 680 685

Glu Pro Ala Lys Ser Lys Leu
 690 695

<210> 48
 <211> 542
 5 <212> PRT
 <213> Penicillium chrysogenum

<400> 48

Met Ala Lys Thr Phe Ser Lys Glu Asp Val Ala Ser His Ser Lys Gly
 1 5 10 15

Asp Ser Pro Trp Ile Ile Ile Asp Glu Asp Val Tyr Asp Val Ser Lys
 20 25 30

Phe Gln Glu Glu His Pro Val Leu Gln Arg Val Ala Gly Lys Asp Ala
 35 40 45

Ser Lys Gln Phe Trp Lys Tyr His Asn Glu Gly Ile Leu Lys Lys Tyr
 50 55 60

Lys Gly Gln Leu Gln Ile Gly Ser Leu Asp Thr Lys Lys Ala Ala Pro
 65 70 75 80

Ala Pro Pro Thr Pro Ala Pro Ala Pro Lys Lys Ala Ala Pro Glu Pro
 85 90 95

Lys Ser Thr Ala Ser Ser Ser Ser Val Thr Pro Pro Ala Thr Gly Ala
 100 105 110

Pro Gln Asp Pro Tyr Gly Glu Leu Ile Pro Phe Ala Asp Pro Ser Trp
 115 120 125

Tyr Gln Gly Tyr Ala Ser Pro Tyr Phe Asn Glu Ser His Ala Ala Leu
 130 135 140

Arg Asp Glu Val Arg Gln Trp Val Glu Ser Glu Ile Glu Pro Tyr Val

ES 2 655 710 T3

145		150		155		160
Thr Glu Trp Asp Glu Ala Lys Glu Val Pro Ala His Ile Tyr Lys Gln						
	165		170		175	
Met Gly Glu Arg Gly Tyr Leu Ala Gly Leu Leu Gly Val His Phe Pro						
	180		185		190	
Glu Lys His Thr Pro His Arg Val Lys Ser Val Ser Pro Asp Arg Trp						
	195		200		205	
Asp Leu Phe His Glu Met Leu Leu Thr Asp Glu Leu Ser Arg Ala Gly						
	210		215		220	
Ser Gly Gly Leu Val Trp Ser Leu Ile Gly Gly Tyr Gly Ile Gly Cys						
	225		230		235	240
Pro Pro Leu Val Lys Phe Gly Lys Lys Pro Leu Val Asp Arg Ile Leu						
	245		250		255	
Pro Gly Ile Leu Ala Gly Asp Lys Arg Ile Cys Leu Ala Ile Thr Glu						
	260		265		270	
Pro Asp Ala Gly Ser Asp Val Ala Asn Leu Gly Cys Glu Ala Lys Leu						
	275		280		285	
Thr Glu Asp Gly Lys His Tyr Ile Val Asn Gly Glu Lys Lys Trp Ile						
	290		295		300	
Thr Asn Gly Ile Tyr Ser Asp Tyr Phe Thr Thr Ala Val Arg Thr Gly						
	305		310		315	320
Lys Asp Gly Met Asn Gly Leu Ser Val Leu Leu Ile Glu Arg Glu Ala						
	325		330		335	
Gly Gly Val Ser Thr Arg Arg Met Asp Cys Gln Gly Val Trp Ser Ser						
	340		345		350	
Gly Thr Thr Tyr Val Thr Phe Glu Asp Val Lys Val Pro Val Glu Asn						
	355		360		365	
Leu Ile Gly Lys Glu Asn Gln Gly Phe Lys Val Ile Met Thr Asn Phe						
	370		375		380	
Asn His Glu Arg Ile Gly Ile Val Ile Gln Cys Val Arg Phe Ser Arg						
	385		390		395	400

Val Cys Tyr Glu Glu Ser Met Lys Tyr Ala His Lys Arg Lys Thr Phe
405 410 415

Gly Lys Arg Leu Ile Asp His Pro Val Ile Arg Met Lys Leu Ala His
420 425 430

Met Ala Arg Gln Ile Glu Ala Thr Tyr Asn Trp Leu Glu Asn Ile Ile
435 440 445

Phe Gln Cys Gln Ser Met Glu Asp Thr Glu Ala Met Leu Lys Leu Gly
450 455 460

Gly Ala Ile Ala Gly Leu Lys Ala Gln Ser Thr Gln Cys Phe Glu Phe
465 470 475 480

Cys Ala Arg Glu Ala Ser Gln Ile Phe Gly Gly Leu Ser Tyr Ser Arg
485 490 495

Gly Gly Gln Gly Gly Lys Ile Glu Arg Leu Tyr Arg Asp Val Arg Ala
500 505 510

Tyr Ala Ile Pro Gly Gly Ser Glu Glu Ile Met Leu Asp Leu Ser Met
515 520 525

Arg Gln Ser Leu Arg Val His Gly Met Phe Gly Met Lys Leu
530 535 540

<210> 49

<211> 438

5 <212> PRT

<213> Penicillium chrysogenum

<400> 49

Met Ala Asp Thr Leu Arg Pro Ala Thr Ala Pro Tyr Ser Glu Pro Leu
1 5 10 15

Leu Pro Gln Leu Asp Val Arg Asn Pro Tyr Tyr Thr Asp Leu His His
20 25 30

Asn Leu Arg Ala Thr Val Arg Glu Tyr Val Asp Thr Tyr Ile Ser Pro
35 40 45

Tyr Ala Ala Glu Trp Glu Glu Ala Gly Gln Val Pro Glu Ala Val Arg
50 55 60

Arg Arg His Cys Lys Leu Gly Tyr Ser Ile Val His Pro Leu Thr Ser
65 70 75 80

ES 2 655 710 T3

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

Asn Ile Leu Glu Leu Thr Lys Asp Arg Pro Ser Asp Asp Val Asn Ile
 340 345 350

Gly Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Met Ser Thr Arg Ala Leu Glu
 355 360 365

Lys Ser Val Arg Glu Ala Gln Gln Ile Met Gly Gly Ala Gly Tyr Asn
 370 375 380

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

Val His Val Val Gly Gly Gly Ser Glu Glu Ile Met Ala Gly Leu Ala
 405 410 415

Leu Arg Glu Glu Thr Lys Ala Ile Arg Thr Arg Arg Lys Ala Leu Glu
 420 425 430

Lys Arg Gln Ser Lys Val
 435

<210> 50
 <211> 453
 <212> PRT
 <213> Penicillium chrysogenum

<400> 50

Met Asn Phe Asp Leu Pro Ala Asp Leu Lys Thr His Leu Glu Ser Ile
 1 5 10 15

Asp Ser Phe Ile His Ser Thr Ile Leu Pro Leu Gln His Ser Asn Asp
 20 25 30

Asn Asn Arg Phe Phe Asp His Arg Arg Glu Tyr Glu Arg Thr Asp Trp
 35 40 45

Glu Asn Asn Gly Asn Pro Arg Lys Glu Trp Glu Glu Leu Leu Gly Glu
 50 55 60

Ala Arg Thr Leu Ala Asp Ser Ser Gly Leu Tyr Arg Phe Ala Leu Pro
 65 70 75 80

Arg Val Tyr Gly Gly Gln Ser His Pro Asp Val Asn Leu Trp Met Ser
 85 90 95

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

Gly Leu Ala Asn Asp Leu Gln Asn Glu His Cys Ile Val Gly Asn Phe
115 120 125

Pro Asp Val Leu Met Leu His His Phe Gly Asn Glu Gln Gln Arg Asn
130 135 140

Thr Leu Ile Pro Ala Arg Leu Arg Gly Glu Phe Arg Thr Thr Phe Gly
145 150 155 160

Leu Thr Glu Pro Asp His Gly Ser Asp Ala Thr Phe Met Ser Thr Thr
165 170 175

Ala Arg Pro Thr Arg Gly Gly Phe Glu Ile Lys Gly Ala Lys Lys Trp
180 185 190

Gln Thr Gly Ala His His Cys Thr His Phe Leu Ile Phe Ala Arg Thr
195 200 205

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

Arg Asp Thr Arg Gly Val Arg Ile Val Ser Tyr Glu Trp Thr Leu Asn
225 230 235 240

Met Pro Thr Asp His Ala Thr Val Glu Leu Asn Ser Val Trp Val Pro
245 250 255

Glu Ser Ala Val Leu Gly Ser Ile Asp Gln Gly Leu Ala Ile Ala Gln
260 265 270

Thr Phe Val His Glu Asn Arg Ile Arg Gln Ala Ala Ser Ser Cys Gly
275 280 285

Ala Ala Arg Tyr Cys Leu Asp Arg Ser Ile Asp Arg Ala Arg Ala Arg
290 295 300

Lys Ile Trp Gly Glu Gly Lys Ser Leu Ala Asp Asn Gln Ala Ile Gln
305 310 315 320

Phe Pro Val Val Glu Leu Met Thr Gln Val Glu Met Leu Arg Leu Phe
325 330 335

Ile Leu Lys Thr Ser Trp Glu Met Asp Arg Ile Val Ala Glu Cys Gln
340 345 350

Ser Ser Lys Ala Gln Arg Ala Pro Trp Val Glu Ile Glu Gly Arg Leu
355 360 365

Ser Asp Gln Val Ala Met Cys Asn Phe Trp Ala Asn Arg Leu Cys Cys
370 375 380

Gln Ala Ala Asp Arg Ala Ile Gln Ile His Gly Gly Asp Gly Tyr Ser
385 390 395 400

Arg His Tyr Pro Phe Glu His Ile Tyr Arg His Phe Arg Arg Tyr Arg
405 410 415

Ile Thr Glu Gly Ala Glu Glu Ile Gln Met Arg Lys Ile Gly Ala Tyr
420 425 430

Ile Phe Gly Phe Ala Gly Pro Lys Lys Arg Glu Met Lys His Glu His
435 440 445

Ser Lys Ala Arg Ile
450

<210> 51

<211> 441

5 <212> PRT

<213> Penicillium chrysogenum

<400> 51

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

Ile Arg Gly Leu Pro Ser Pro Tyr Ile Thr Pro Ala His Arg Arg Phe
20 25 30

Gln Gln Ala Cys Arg Lys Phe Ala Thr Glu Asn Leu Ile Gln His Ala
35 40 45

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

Phe Cys Lys His Asn Met Leu Leu Pro Asn Met Pro Ala Pro Leu Pro
65 70 75 80

Val Asp Trp Leu Lys Arg Leu Gly Ile Asn Asp Ile Leu Gly Val Lys
85 90 95

Val Glu Asp Trp Asp Tyr Ile Tyr Thr Gly Ile Tyr Cys Asp Glu Met
100 105 110

Ala Arg Ser Gly Leu Ser Gly Pro Ser Gly Ser Leu Asn Ala Gly Phe
115 120 125

Ala Phe Gly Ile Ala Pro Ile Tyr Lys Phe Gly Ser Thr Glu Leu Gln
130 135 140

Glu Arg Phe Leu Pro Glu Leu Leu Thr Gly Lys Lys Arg Gly Cys Ile
145 150 155 160

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

Thr Ala Val Lys Ser Ala Asp Gly Gln His Tyr Ile Leu Asn Gly Ser
180 185 190

Lys Lys Trp Ile Thr Asn Gly Ile Trp Ser Asp Tyr Ala Thr Met Ala
195 200 205

Val Arg Thr Gly Gly Pro Gly Ala Ala Gly Leu Ser Val Leu Val Val
210 215 220

Pro Leu Lys Gly His Pro Gly Val Ser Met Arg Arg Leu Lys Val Ser
225 230 235 240

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

Val Pro Val Ser Asn Ile Ile Gly Lys Glu Gly Asp Gly Met Arg Ile
260 265 270

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

Thr Arg Gln Ala Arg Val Ala Leu Ser Ala Ala Phe Ser Tyr Cys Leu
290 295 300

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

His Arg Leu Ala Lys Ala Gly Ala Glu Leu Glu Ser Met Trp Ala Trp
325 330 335

Val Glu Gln Ile Leu Tyr Gln Leu Val His Leu Ser Lys Glu Glu Gly
340 345 350

Asp Arg Gln Leu Gly Gly Leu Thr Ala Leu Ala Lys Ala Lys Ser Ala
355 360 365

Met Val Leu Asn Glu Cys Ala Gln Thr Ala Val Leu Leu Phe Gly Gly

ES 2 655 710 T3

370

375

380

Asn Gly Phe Thr Lys Thr Gly Gln Gly Glu Leu Val Glu Ala Ile Leu
385 390 395 400

Arg Asp Val Pro Gly Ala Arg Ile Pro Gly Gly Ser Glu Asp Val Leu
405 410 415

Leu Asp Leu Ser Val Arg Gln Leu Val Lys Leu Tyr Gln Ala Glu Glu
420 425 430

Lys Lys Leu Ser Lys Asn Ala Lys Ile
435 440

<210> 52

<211> 439

5 <212> PRT

<213> Penicillium chrysogenum

<400> 52

Met Tyr Arg Ser Gln Ile Gln Arg Ala Leu Arg Ser Gln Trp Pro Ala
1 5 10 15

Leu Arg Gln Leu Gln Cys Arg Thr Gly Leu Ser Pro Arg Ala Arg Ala
20 25 30

Ala Phe Ser Thr Ser Gly Arg Arg Asp Ile Met Gly Met Thr Gly Phe
35 40 45

Thr Asp Glu Gln Leu Thr Val Arg Glu Ala Ile Ser His Ile Cys Ser
50 55 60

Arg Phe Pro Asn Thr Tyr Trp Gln Glu Arg Asp Gln Gln Glu Lys Asp
65 70 75 80

Pro Lys Glu Phe His Ala Ala Leu Ala Lys Asp Gly Trp Leu Gly Ile
85 90 95

Ala Leu Pro Glu Ser Leu Gly Gly Ala Gly Leu Gly Ile Ser Glu Ala
100 105 110

Thr Met Met Met Gln Thr Ile Thr Gln Ser Gly Ala Gly Met Ala Gly
115 120 125

Ala Gln Ala Ile His Ala Asn Val Tyr Ala Thr Gln Pro Leu Ala Lys
130 135 140

Phe Gly Thr Lys Glu Gln Leu Glu Thr Thr Ile Pro Asn Ile Ile Asn

10

ES 2 655 710 T3

145		150		155		160
Gly Thr Trp Arg Thr Cys Phe Gly Val Thr Glu Pro Asn Thr Gly Leu						
		165		170		175
Glu Thr Leu Lys Leu Thr Thr Leu Ala Ser Lys Thr Asp Asp Gly Tyr						
		180		185		190
Ser Val Thr Gly Gln Lys Ile Trp Ile Thr Cys Ala Gln Val Ala Ser						
		195		200		205
Lys Met Ile Leu Leu Ala Arg Thr Thr Pro Leu Glu Glu Val Lys Lys						
		210		215		220
Ser Ser Glu Gly Leu Ser Leu Phe Cys Ile Asp Ile Asp Arg Glu Asn						
		225		230		235
Pro Gly Leu Asp Leu Arg Lys Ile Lys Lys Met Gly Gly Arg Ala Val						
		245		250		255
Asp Ala Asn Glu Val Phe Phe Asp His Tyr Lys Ile Pro Ala Asn Thr						
		260		265		270
Leu Ile Gly Glu Glu Asn Gln Gly Phe Lys Ile Ile Leu His Gly Met						
		275		280		285
Asn Ala Glu Arg Cys Leu Leu Ala Gly Glu Ala Leu Gly Leu Gly Tyr						
		290		295		300
Ala Ala Leu Glu Lys Ala Ser Gln Tyr Ala Lys Asp Arg Val Val Phe						
		305		310		315
Gly Arg Pro Ile Gly Gln Asn Gln Gly Val Ala His Pro Leu Ala Asp						
		325		330		335
Ala Phe Met Lys Leu Glu Ala Ala Lys Leu Ala Thr Tyr His Ala Ala						
		340		345		350
Arg Leu Tyr Asp Thr Asn Asp Gly Ser Val Pro Phe His Glu Ile Gly						
		355		360		365
Val Ala Cys Asn Ser Ala Lys Tyr Leu Ala Ala Glu Ala Ala Phe Thr						
		370		375		380
Ala Cys Glu Arg Ala Val Leu Ala His Gly Gly Met Gly Tyr Ala Val						
		385		390		395
						400

Glu Tyr Asp Val Glu Arg Tyr Met Arg Glu Cys Phe Val Pro Arg Ile
405 410 415

Ala Pro Val Ser Arg Glu Met Ile Leu Asn Tyr Val Ser Glu Lys Val
420 425 430

Leu Asp Leu Pro Arg Ser Tyr
435

<210> 53

<211> 446

5 <212> PRT

<213> Penicillium chrysogenum

<400> 53

Met Ser Ala Ser Ser Arg Ile Pro Pro Ile Ala Gln Pro Phe Val Ser
1 5 10 15

Glu His Ala Lys Arg Thr Leu Asp Leu Val Glu Glu Phe Val Glu Lys
20 25 30

Asp Cys Ile Pro Ala Asp Thr Val Phe Ser Ala Gln Leu Gly Glu Gly
35 40 45

Glu Lys Arg Trp Thr Thr Thr Pro Thr Val Leu Glu Gly Leu Lys Glu
50 55 60

Lys Ala Lys Lys Leu Gly Leu Trp Asn Met Phe Leu Pro Lys Asn His
65 70 75 80

Phe Thr Gln Gly Ala Gly Phe Ser Asn Leu Glu Tyr Gly Leu Met Ala
85 90 95

Glu Leu Leu Gly Lys Ser Lys Val Ala Ser Glu Ala Thr Asn Asn Ala
100 105 110

Ala Pro Asp Thr Gly Asn Met Glu Val Phe Ala Lys Tyr Gly Asn Asp
115 120 125

Ala Gln Lys Lys Gln Trp Leu Ala Pro Leu Leu Glu Gly Lys Ile Arg
130 135 140

Ser Ala Phe Leu Met Thr Glu Pro Asp Val Ala Ser Ser Asp Ala Thr
145 150 155 160

Asn Ile Glu Leu Asn Ile Arg Arg Glu Gly Asn Glu Tyr Val Leu Asn
165 170 175

Gly Ser Lys Trp Trp Ser Ser Gly Ala Gly Asp Pro Arg Cys Ala Ile
180 185 190

Tyr Leu Val Met Gly Lys Thr Asp Pro Thr Asn Pro Asp Thr Tyr Lys
195 200 205

Gln Gln Ser Val Ile Leu Val Pro Ala Gly Leu Pro Gly Ile Thr Val
210 215 220

His Arg Met Leu Thr Val Tyr Gly Tyr Asp Asp Ala Pro His Gly His
225 230 235 240

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

Leu Gly Glu Gly Arg Gly Phe Glu Ile Ile Gln Gly Arg Leu Gly Pro
260 265 270

Gly Arg Ile His His Ala Met Arg Ala Ile Gly Ala Ala Glu Arg Ala
275 280 285

Leu Glu Trp Leu Ile Ala Arg Val Asn Asp Glu Arg Lys Met Thr Phe
290 295 300

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

Ser Arg Ile Glu Val Asp Ala Ala Arg Leu Ile Val Leu Asn Ala Ala
325 330 335

Ile Lys Ile Asp Gln Gly Asp Ala Lys Ser Ala Leu Lys Glu Ile Ala
340 345 350

Gln Ala Lys Val Leu Val Pro Gln Thr Ala Leu Thr Ile Ile Asp Arg
355 360 365

Ala Val Gln Ala Tyr Gly Ala Ala Gly Val Cys Gln Asp Thr Pro Leu
370 375 380

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

Asp Glu Val His Leu Gln Gln Leu Gly Lys Arg Glu Asn Lys Ala Arg
405 410 415

Lys Asp Ala Val Thr Ala Lys Leu Asn Trp Gln Arg Glu Glu Ala Asp
420 425 430

Arg Leu Leu Ala Ala Ser Gly Phe Lys Pro Lys Ser His Leu
435 440 445

- 5 <210> 54
<211> 513
<212> PRT
<213> Penicillium chrysogenum

<400> 54

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

ES 2 655 710 T3

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

ES 2 655 710 T3

Arg Gly Leu Thr Gln Ser Gly Met Gly Lys Val Ile Glu Met Phe His
465 470 475 480

Arg Thr Tyr Lys Phe Asp Ala Ile Leu Gly Gly Thr Glu Glu Ile Leu
485 490 495

Ala Asp Leu Gly Val Arg Gln Ala Met Lys Asn Phe Pro Lys Ser Met
500 505 510

Leu

<210> 55

<211> 436

<212> PRT

5 <213> Penicillium chrysogenum

<400> 55

Met Ala Ser Ile Ile Arg Ala Leu Arg Pro Leu Ser Arg Asn Pro Ser
1 5 10 15

Val Arg Leu Ala Gly Lys Arg Leu Ala Ala Gly Arg Pro Val Gln Ser
20 25 30

Ala Tyr Ala Phe Ser Thr Thr Pro Arg Arg Arg Glu Val Asp Leu Ser
35 40 45

Glu Leu Thr Pro Thr Pro Ile Thr Leu Leu Ser Glu Thr Glu Ser Leu
50 55 60

Met Ala Asp Ser Val Ser Lys Phe Ala Val Glu Gln Ile Gly Pro Lys
65 70 75 80

Val Arg Glu Met Asp Glu Ala Glu Thr Met Asp Ala Lys Val Val Glu
85 90 95

Gln Leu Phe Glu Gln Gly Leu Met Gly Ile Glu Val Pro Glu Glu Phe
100 105 110

Gly Gly Ala Gly Met Asn Phe Thr Ala Ala Ile Val Ala Ile Glu Glu
115 120 125

Leu Ala Arg Val Asp Pro Ser Val Ser Val Leu Val Asp Val His Asn
130 135 140

Thr Leu Val Asn Thr Ala Ile Met Lys Tyr Gly Asp Ala Lys Ala Gln
145 150 155 160

ES 2 655 710 T3

Arg Thr Trp Leu Pro Lys Leu Thr Thr Gly Thr Val Gly Ser Phe Cys
165 170 175

Leu Ser Glu Pro Ala Ser Gly Ser Asp Ala Phe Ala Leu Gln Thr Lys
180 185 190

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

Ile Thr Asn Ser Met Glu Ala Gly Val Phe Ile Val Phe Ala Asn Ile
210 215 220

Asp Pro Ser Lys Gly Tyr Lys Gly Ile Thr Ala Phe Ile Val Glu Lys
225 230 235 240

Asp Thr Pro Gly Phe Ser Ile Ala Lys Lys Glu Lys Lys Leu Gly Ile
245 250 255

Arg Ala Ser Ser Thr Cys Val Leu Asn Phe Asp Asp Cys Val Ile Pro
260 265 270

Lys Ser Asn Leu Leu Gly Glu Glu Gly Gln Gly Tyr Lys Tyr Ala Ile
275 280 285

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

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

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

Gln Ile Ala Gln Ala Tyr Thr Glu Ile Ala Ala Ala Arg Ala Leu Val
340 345 350

Tyr Asn Ala Ala Arg Lys Lys Glu Ala Gly Gln Asp Phe Val Gln Asp
355 360 365

Ala Ala Met Ala Lys Leu Tyr Ala Ser Gln Val Ala Gly Arg Val Ser
370 375 380

Ser Ser Ala Val Glu Trp Met Gly Gly Met Gly Phe Val Arg Glu Gly
385 390 395 400

Ile Ala Glu Lys Met Phe Arg Asp Ser Lys Ile Gly Ala Ile Tyr Glu

405

410

415

Gly Thr Ser Asn Ile Gln Leu Gln Thr Ile Ala Lys Leu Leu Gln Lys
420 425 430

Gln Tyr Thr Asn
435

<210> 56

<211> 429

<212> PRT

5 <213> Penicillium chrysogenum

<400> 56

Met Ala Ser Leu Thr Leu Pro Ser Leu Leu Arg Thr Ser Thr Arg Ala
1 5 10 15

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

Ser Thr Lys His Pro Lys Gly Phe Ile Pro Pro Ser Glu Asp Asp Leu
35 40 45

Leu Glu Leu Arg Glu Arg Val Gln Asp Phe Thr Arg Arg Glu Ile Pro
50 55 60

Ala Asp Val Ala Ala Arg Thr Asp Glu Gln Asn Glu Phe Pro Ala Glu
65 70 75 80

Met Trp Arg Lys Met Gly Asp Ala Gly Phe Leu Gly Val Thr Ala Asn
85 90 95

Glu Glu Tyr Gly Gly Leu Gly Met Gly Tyr Gln Ala His Cys Val Val
100 105 110

Met Glu Glu Ile Ser Arg Ala Ser Gly Ser Ile Gly Leu Ser Tyr Ala
115 120 125

Ala His Ser Gln Leu Cys Val Asn Gln Leu Ser Leu Asn Gly Ser Thr
130 135 140

Glu Gln Lys Glu Arg Ile Leu Pro Gly Leu Leu Ser Gly Glu Lys Val
145 150 155 160

Gly Ala Leu Ala Met Ser Glu His Ser Ala Gly Ser Asp Val Val Ser
165 170 175

Met Lys Thr Thr Ala Lys Glu Val Asp Gly Gly Trp Leu Leu Asn Gly

ES 2 655 710 T3

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

<210> 57

<211> 405

<212> PRT

<213> Penicillium Chrysogenum

<400> 57

ES 2 655 710 T3

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

Lys Thr Leu Asn Val Ile Arg Gln Arg Lys Thr Pro Glu Glu Thr Glu
 225 230 235 240

Ala Leu Lys Gln Glu Leu Arg Asp Leu Gly Ala Thr Val Val Ile Thr
 245 250 255

Glu Glu Glu Met Leu Asn Gly Asn Phe Arg Asp Met Val His Glu Phe
 260 265 270

Thr Arg Lys Gly Arg Glu Pro Ile Arg Leu Ala Leu Asn Cys Val Gly
 275 280 285

Gly Lys Asn Ala Thr Ala Leu Ala Lys Thr Leu Ala Pro Asp Ser His
 290 295 300

Met Val Thr Tyr Gly Ala Met Ser Lys Gln Pro Val Ala Leu Pro Ser
 305 310 315 320

Gly Leu Leu Ile Phe Lys Asn Leu Ala Phe Asp Gly Phe Trp Val Ser
 325 330 335

Lys Trp Gly Asp Lys Asn Pro Gln Leu Lys Glu Ser Thr Ile Lys Asp
 340 345 350

Val Leu Gln Leu Thr Arg Ser Gly Lys Phe Lys Asp Ile Pro Val Asp
 355 360 365

Glu Val Lys Trp Asn Trp Glu Thr Glu Gly Pro Glu Leu Ala Glu Ser
 370 375 380

Val Gln Gly Thr Leu Gly Gly Tyr Arg Ser Gly Lys Gly Val Phe Thr
 385 390 395 400

Phe Ser Gly Gly Asp
 405

<210> 58
 <211> 373
 <212> PRT
 <213> Bos taurus

<400> 58

Met Trp Val Cys Gly Ala Leu Cys Arg Thr Arg Ala Pro Ala Gln Leu
 1 5 10 15

Gly Gln Arg Leu Leu Pro Glu Ser Arg Arg Arg Arg Pro Ala Ser Ala
 20 25 30

ES 2 655 710 T3

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

Ala Lys Gln Pro Val Ile Ala Ser Val Ser Gln Leu Ile Phe Lys Asp
290 295 300

Leu Lys Leu Arg Gly Phe Trp Leu Ser Gln Trp Lys Lys Asp His Ser
305 310 315 320

Pro Asp Gln Phe Lys Glu Leu Ile Leu Thr Leu Cys Asp Leu Ile Arg
325 330 335

Arg Gly Gln Leu Thr Ala Pro Ala Cys Ser Glu Val Pro Leu Gln Asp
340 345 350

Tyr Leu Cys Ala Leu Glu Ala Ser Thr Gln Pro Phe Val Ser Ser Lys
355 360 365

Gln Ile Leu Thr Met
370

<210> 59

<211> 302

5 <212> PRT

<213> Cavia sp.

<400> 59

Met Gly Ser Trp Thr Lys Cys Gln Ser Cys Leu Ala Pro Gly Leu Leu
1 5 10 15

Gln Asn Arg Ala Ala Ile Val Thr Gly Gly Gly Thr Gly Ile Gly Lys
20 25 30

Ala Ile Ala Lys Glu Leu Leu His Leu Gly Cys Asn Val Val Ile Ala
35 40 45

Ser Arg Lys Phe Asp Arg Leu Arg Ala Ala Ala Glu Glu Leu Lys Ala
50 55 60

Thr Leu Pro Pro Ser Asn Lys Ala Glu Val Thr Pro Ile Gln Cys Asn
65 70 75 80

Ile Arg Lys Glu Glu Glu Val Asn Asn Leu Met Lys Ser Thr Leu Ala
85 90 95

Leu Tyr Gly Lys Ile Asp Phe Leu Val Asn Asn Gly Gly Gly Gln Phe
100 105 110

Trp Ser Ser Pro Glu His Ile Ser Ser Lys Gly Trp His Ala Val Ile
115 120 125

Glu Thr Asn Leu Thr Gly Thr Phe Tyr Met Cys Lys Ala Ala Tyr Asn
130 135 140

Ser Trp Met Lys Glu His Gly Gly Ala Ile Val Asn Ile Ile Ile Leu
145 150 155 160

Leu Asn Gly Gln Pro Phe Val Ala His Ser Gly Ala Ala Arg Gly Gly
165 170 175

Val Tyr Asn Leu Thr Lys Ser Leu Ala Leu Gly Trp Ala Arg Ser Gly
180 185 190

Ile Arg Ile Asn Cys Val Ala Pro Gly Thr Val Tyr Ser Gln Thr Ala
195 200 205

Met Asp Asn Tyr Gly Asp Met Gly Lys Thr Leu Phe Ala Asp Ala Phe
210 215 220

Gln Lys Ile Pro Ala Lys Arg Leu Gly Val Pro Glu Glu Val Ser Ser
225 230 235 240

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

Leu Val Asn Val Asp Gly Gly Gln Ser Leu Tyr Cys Gln Asn His Asp
260 265 270

Ile Pro Asp His Asp Asn Trp Pro Glu Gly Val Gly Asp Leu Ser Thr
275 280 285

Val Lys Lys Met Lys Glu Ser Phe Lys Gln Lys Ala Lys Leu
290 295 300

<210> 60
<211> 386
5 <212> PRT
<213> Candida tropicalis

<400> 60
Met Tyr Ser Val Leu Lys Gln Ser Ile Arg Pro Arg Leu Leu Ala Thr
1 5 10 15

His Asn Gln Phe Arg Thr Met Ile Thr Ala Gln Ala Val Leu Tyr Thr
20 25 30

Gln His Gly Glu Pro Lys Asp Val Leu Phe Thr Gln Ser Phe Glu Ile
35 40 45

ES 2 655 710 T3

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

Thr Ile Pro Thr Ser Leu Tyr Ile Phe Lys Asn Phe Thr Ser Ala Gly
305 310 315 320

Phe Trp Val Thr Glu Leu Leu Lys Asn Asn Lys Glu Leu Lys Thr Ser
325 330 335

Thr Leu Asn Gln Ile Ile Ala Trp Tyr Glu Glu Gly Lys Leu Thr Asp
340 345 350

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

Leu Tyr Gln Asp Gly Val Ala Asn Ser Lys Asp Gly Lys Gln Leu Ile
370 375 380

Thr Tyr
385

<210> 61

<211> 379

<212> PRT

<213> Clostridium kluyveri

<400> 61

Met Asp Phe Thr Leu Thr Asn Glu Gln Lys Phe Val Glu Gln Met Val
1 5 10 15

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

Glu Thr Glu Arg Phe Pro Leu Glu Thr Val Glu Lys Phe Ala Lys Tyr
35 40 45

Gly Met Met Gly Met Pro Phe Pro Val Glu Tyr Gly Gly Ser Gly Thr
50 55 60

Asp Tyr Leu Ser Tyr Ile Ile Ala Val Glu Gly Leu Ala Lys Ser Cys
65 70 75 80

Thr Ser Ser Ser Thr Ile Leu Ser Ala His Thr Ser Leu Cys Ala Ala
85 90 95

Pro Ile Tyr Asp Trp Gly Thr Glu Glu Gln Lys Gln Lys Tyr Leu Val
100 105 110

Pro Leu Ala Lys Gly Glu Lys Leu Gly Ala Phe Gly Leu Thr Glu Pro
115 120 125

5

10

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

370

375

- 5 <210> 62
 <211> 562
 <212> PRT
 <213> Clostridium kluyveri

- 10 <400> 62

ES 2 655 710 T3

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

ES 2 655 710 T3

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

Gln Ser Leu Ala Asp Thr Val Gly Ala Glu Leu Gly Cys Ser Arg Pro
465 470 475 480

Val Ala Glu Glu Arg Glu Trp Leu Pro Leu Asp Arg Tyr Val Gly Ile
485 490 495

Ser Gly Gln Lys Phe Gly Gly Thr Phe Tyr Leu Ala Ile Gly Ile Ser
500 505 510

Gly Gln Val Gln His Leu Lys Gly Ile Glu Asn Ala Gly Ile Ile Thr
515 520 525

Ala Ile Asn Ile Asp Glu Asp Ala Pro Ile Phe Lys Ser Ser Asp Tyr
530 535 540

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

Leu Lys

<210> 63
<211> 539
<212> PRT
<213> Euglena gracilis

<400> 63

Met Ser Cys Pro Ala Ser Pro Ser Ala Ala Val Val Ser Ala Gly Ala
1 5 10 15

Leu Cys Leu Cys Val Ala Thr Val Leu Leu Ala Thr Gly Ser Asn Pro
20 25 30

Thr Ala Leu Ser Thr Ala Ser Thr Arg Ser Pro Thr Ser Leu Val Arg
35 40 45

Gly Val Asp Arg Gly Leu Met Arg Pro Thr Thr Ala Ala Ala Leu Thr
50 55 60

Thr Met Arg Glu Val Pro Gln Met Ala Glu Gly Phe Ser Gly Glu Ala
65 70 75 80

Thr Ser Ala Trp Ala Ala Ala Gly Pro Gln Trp Ala Ala Pro Leu Val
85 90 95

Ala Ala Ala Ser Ser Ala Leu Ala Leu Trp Trp Trp Ala Ala Arg Arg
100 105 110

ES 2 655 710 T3

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

Gly Pro Glu Met Thr Trp Pro Val Tyr Trp Ser Gly Thr Ile Gly Glu
370 375 380

Ala Lys Lys Asp Val Glu Lys Ala Ala Lys Arg Ile Thr Gln Gln Tyr
385 390 395 400

Gly Cys Pro Ala Tyr Pro Val Val Ala Lys Ala Leu Val Thr Gln Ala
405 410 415

Ser Ser Ala Ile Pro Val Val Pro Leu Tyr Ile Cys Leu Leu Tyr Arg
420 425 430

Val Met Lys Glu Lys Gly Thr His Glu Gly Cys Ile Glu Gln Met Val
435 440 445

Arg Leu Leu Thr Thr Lys Leu Tyr Pro Glu Asn Gly Ala Pro Ile Val
450 455 460

Asp Glu Ala Gly Arg Val Arg Val Asp Asp Trp Glu Met Ala Glu Asp
465 470 475 480

Val Gln Gln Ala Val Lys Asp Leu Trp Ser Gln Val Ser Thr Ala Asn
485 490 495

Leu Lys Asp Ile Ser Asp Phe Ala Gly Tyr Gln Thr Glu Phe Leu Arg
500 505 510

Leu Phe Gly Phe Gly Ile Asp Gly Val Asp Tyr Asp Gln Pro Val Asp
515 520 525

Val Glu Ala Asp Leu Pro Ser Ala Ala Gln Gln
530 535

<210> 64

<211> 303

5 <212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 64

Met Ala Ser Trp Ala Lys Gly Arg Ser Tyr Leu Ala Pro Gly Leu Leu
1 5 10 15

Gln Gly Gln Val Ala Ile Val Thr Gly Gly Ala Thr Gly Ile Gly Lys
20 25 30

Ala Ile Val Lys Glu Leu Leu Glu Leu Gly Ser Asn Val Val Ile Ala
35 40 45

Ser Arg Lys Leu Glu Arg Leu Lys Ser Ala Ala Asp Glu Leu Gln Ala
50 55 60

Asn Leu Pro Pro Thr Lys Gln Ala Arg Val Ile Pro Ile Gln Cys Asn
65 70 75 80

Ile Arg Asn Glu Glu Glu Val Asn Asn Leu Val Lys Ser Thr Leu Asp
85 90 95

Thr Phe Gly Lys Ile Asn Phe Leu Val Asn Asn Gly Gly Gly Gln Phe
100 105 110

Leu Ser Pro Ala Glu His Ile Ser Ser Lys Gly Trp His Ala Val Leu
115 120 125

Glu Thr Asn Leu Thr Gly Thr Phe Tyr Met Cys Lys Ala Val Tyr Ser
130 135 140

Ser Trp Met Lys Glu His Gly Gly Ser Ile Val Asn Ile Ile Val Pro
145 150 155 160

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

Gly Val Tyr Asn Leu Thr Lys Ser Leu Ala Leu Glu Trp Ala Cys Ser
180 185 190

Gly Ile Arg Ile Asn Cys Val Ala Pro Gly Val Ile Tyr Ser Gln Thr
195 200 205

Ala Val Glu Asn Tyr Gly Ser Trp Gly Gln Ser Phe Phe Glu Gly Ser
210 215 220

Phe Gln Lys Ile Pro Ala Lys Arg Ile Gly Val Pro Glu Glu Val Ser
225 230 235 240

Ser Val Val Cys Phe Leu Leu Ser Pro Ala Ala Ser Phe Ile Thr Gly
245 250 255

Gln Ser Val Asp Val Asp Gly Gly Arg Ser Leu Tyr Thr His Ser Tyr
260 265 270

Glu Val Pro Asp His Asp Asn Trp Pro Lys Gly Ala Gly Asp Leu Ser
275 280 285

Val Val Lys Lys Met Lys Glu Thr Phe Lys Glu Lys Ala Lys Leu
290 295 300

<210> 65

<211> 303

<212> PRT

<213> Mus musculus

<400> 65

ES 2 655 710 T3

Met Gly Ser Trp Lys Thr Gly Gln Ser Tyr Leu Ala Ala Gly Leu Leu
1 5 10 15

Lys Asn Gln Val Ala Val Val Thr Gly Gly Gly Thr Gly Ile Gly Lys
20 25 30

Ala Val Ser Arg Glu Leu Leu His Leu Gly Cys Asn Val Val Ile Ala
35 40 45

Ser Arg Lys Leu Asp Arg Leu Thr Ala Ala Val Asp Glu Leu Arg Ala
50 55 60

Ser Leu Pro Pro Ser Ser Ser Ala Glu Val Ser Ala Ile Gln Cys Asn
65 70 75 80

Ile Arg Lys Glu Glu Glu Val Ser Asn Leu Val Lys Ser Thr Leu Ala
85 90 95

Lys Tyr Gly Lys Ile Asn Phe Leu Val Asn Asn Gly Gly Gly Gln Phe
100 105 110

Met Ala Pro Val Glu Asp Ile Thr Ala Lys Gly Trp His Ala Val Ile
115 120 125

Glu Thr Asn Leu Thr Gly Thr Phe Tyr Met Cys Lys Glu Val Tyr Asn
130 135 140

Ser Trp Met Arg Glu His Gly Gly Ser Ile Val Asn Ile Ile Val Leu
145 150 155 160

Leu Asn Asn Gly Phe Pro Thr Ala Ala His Thr Gly Ala Ala Arg Glu
165 170 175

Gly Val Tyr Asn Leu Thr Lys Ser Met Ala Leu Ala Trp Ala Ser Ser
180 185 190

Gly Val Arg Ile Asn Cys Val Ala Pro Gly Thr Ile Tyr Ser Gln Thr
195 200 205

Ala Val Asp Asn Tyr Gly Glu Met Gly Gln Thr Leu Phe Glu Met Ala
210 215 220

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

Leu Leu Ala Arg Phe Leu Leu Ser Pro Ala Ala Ser Tyr Ile Thr Gly
245 250 255

Gln Leu Ile Asn Val Asp Gly Gly Gln Ala Leu His Thr His Ala Phe
260 265 270

Ser Ile Pro Asp His Asp Asn Trp Pro Val Gly Ala Gly Asp Leu Ser
275 280 285

Ile Val Lys Arg Ile Lys Glu Ser Phe Lys Lys Lys Ala Lys Leu
290 295 300

<210> 66

<211> 373

<212> PRT

<213> Rattus norvegicus

<400> 66

Met Leu Val Ser Arg Arg Leu Thr Gly Ala Arg Ala Arg Ala Pro Leu
1 5 10 15

Leu Ala Ser Leu Leu Glu Ala Trp Cys Arg Gln Gly Arg Thr Thr Ser
20 25 30

Ser Tyr Ser Ala Phe Ser Glu Pro Ser His Val Arg Ala Leu Val Tyr
35 40 45

Gly Asn His Gly Asp Pro Ala Lys Val Ile Gln Leu Lys Asn Leu Glu
50 55 60

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

Pro Ile Asn Pro Ser Asp Ile Asn Met Ile Gln Gly Asn Tyr Gly Leu
85 90 95

Leu Pro Lys Leu Pro Ala Val Gly Gly Asn Glu Gly Val Gly Gln Val
100 105 110

Ile Ala Val Gly Ser Ser Val Ser Gly Leu Lys Pro Gly Asp Trp Val
115 120 125

Ile Pro Ala Asn Ala Gly Leu Gly Thr Trp Arg Thr Glu Ala Val Phe
130 135 140

5

10

ES 2 655 710 T3

Ser Glu Glu Ala Leu Ile Gly Val Pro Lys Asp Ile Pro Leu Gln Ser
145 150 155 160

Ala Ala Thr Leu Gly Val Asn Pro Cys Thr Ala Tyr Arg Met Leu Val
165 170 175

Asp Phe Glu Gln Leu Gln Pro Gly Asp Ser Val Ile Gln Asn Ala Ser
180 185 190

Asn Ser Gly Val Gly Gln Ala Val Ile Gln Ile Ala Ser Ala Leu Gly
195 200 205

Leu Lys Thr Ile Asn Val Ile Arg Asp Arg Pro Asp Ile Lys Lys Leu
210 215 220

Thr Asp Arg Leu Lys Asp Leu Gly Ala Asp Tyr Val Leu Thr Glu Glu
225 230 235 240

Glu Leu Arg Met Pro Glu Thr Lys Asn Ile Phe Lys Asp Leu Pro Leu
245 250 255

Pro Arg Leu Ala Leu Asn Cys Val Gly Gly Lys Ser Ser Thr Glu Leu
260 265 270

Leu Arg His Leu Ala Pro Gly Gly Thr Met Val Thr Tyr Gly Gly Met
275 280 285

Ala Lys Gln Pro Val Thr Ala Ser Val Ser Met Leu Ile Phe Lys Asp
290 295 300

Leu Lys Leu Arg Gly Phe Trp Leu Ser Gln Trp Lys Lys Asn His Ser
305 310 315 320

Pro Asp Glu Phe Lys Glu Leu Ile Leu Ile Leu Cys Asn Leu Ile Arg
325 330 335

Gln Gly Gln Leu Thr Ala Pro Ala Trp Ser Gly Ile Pro Leu Gln Asp
340 345 350

Tyr Gln Gln Ala Leu Glu Ala Ser Met Lys Pro Phe Val Ser Leu Lys
355 360 365

Gln Ile Leu Thr Met
370

<210> 67

<211> 380

<212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 67

ES 2 655 710 T3

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

ES 2 655 710 T3

225 230 235 240

Ala Lys Glu Val Leu Ser Lys Ile Leu Gly Glu Asn Ala Arg Val Arg
 245 250 255

Leu Ala Leu Asn Ser Val Gly Gly Lys Ser Ser Ala Ser Ile Ala Arg
 260 265 270

Lys Leu Glu Asn Asn Ala Leu Met Leu Thr Tyr Gly Gly Met Ser Lys
 275 280 285

Gln Pro Val Thr Leu Pro Thr Ser Leu His Ile Phe Lys Gly Leu Thr
 290 295 300

Ser Lys Gly Tyr Trp Val Thr Glu Lys Asn Lys Lys Asn Pro Gln Ser
305 310 315 320

Lys Ile Asp Thr Ile Ser Asp Phe Ile Lys Met Tyr Asn Tyr Gly His
 325 330 335

Ile Ile Ser Pro Arg Asp Glu Ile Glu Thr Leu Thr Trp Asn Thr Asn
 340 345 350

Thr Thr Thr Asp Glu Gln Leu Leu Glu Leu Val Lys Lys Gly Ile Thr
 355 360 365

Gly Lys Gly Lys Lys Lys Met Val Val Leu Glu Trp
 370 375 380

<210> 68
<211> 365
5 <212> PRT
<213> Penicillium Chrysogenum

<400> 68

Met Ser Lys Arg Val Thr Ile Phe Asp Pro Pro Glu Gln Asp His Ser
1 5 10 15

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

Gly Pro Asp Val Phe Thr Asn Thr Arg Pro Leu Trp His Pro Pro Gly
 35 40 45

Ala Arg Gly Ile Tyr Gly Gly Ala Ala Ile Ala Gln Ser Leu Ser Ala
 50 55 60

Ala Met Arg Thr Val Pro Ala Asp Tyr Ala Val His Ser Met His Cys

ES 2 655 710 T3

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

Ile Glu Ser Pro Trp Ala Gly Glu Gly Arg Gly Leu Ala Ile Gln Lys
325 330 335

Leu Trp Ser Lys Asp Gly Val Leu Ile Ala Thr Cys Thr Gln Glu Val
340 345 350

Cys Ile Cys Phe Tyr Ser Leu Tyr Ser Gly Gly Gln Cys
355 360 365

<210> 69

<211> 525

<212> PRT

<213> Penicillium Chrysogenum

<400> 69

Met Ser Ala Ser Ala Leu Leu Lys Ser Arg Val Arg Arg Pro Ser Tyr
1 5 10 15

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

Gly Thr Tyr Ile Gly Trp Ser Gly Phe Thr Gly Val Gly Tyr Pro Lys
35 40 45

Met Thr Pro Ile Ala Leu Ala Asp His Val Glu Lys Asn Asn Leu Gln
50 55 60

Gly Gln Leu Lys Tyr Asn Leu Phe Val Gly Ala Ser Ser Gly Ala Glu
65 70 75 80

Thr Glu Asn Arg Trp Ala Arg Leu Asn Met Ile Glu Arg Arg Ser Pro
85 90 95

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

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

Gly Tyr Tyr Thr Leu Asn Lys Ser Lys Pro Thr Ile Asp Val Ala Val
130 135 140

Ile Glu Ala Ser Ala Ile Thr Glu Asn Gly Gly Ile Ile Pro Gly Ala
145 150 155 160

Ser Val Gly Ala Ser Pro Glu Leu Ile Gln Met Ala Asp Lys Val Ile
165 170 175

5

10

ES 2 655 710 T3

Ile Glu Val Asn Thr Ser Met Pro Ser Phe Glu Gly Leu His Asp Ile
180 185 190

Thr Cys Ser Asp Leu Pro Pro Gly Arg Lys Pro Tyr Leu Ile Met Ala
195 200 205

Pro Glu Asp Arg Ile Gly Thr Ser Tyr Ile Pro Ile Asp Pro Glu Lys
210 215 220

Val Val Ala Ile Val Glu Ser Asn Tyr Pro Asp Gln Thr Leu Pro Asn
225 230 235 240

Ala Pro Glu Asp Glu Gly Ser Gln Ala Ile Ala Ser Asn Leu Ile Glu
245 250 255

Phe Leu Lys His Glu Val Asn His Gly Arg Leu Pro Pro Asn Leu Leu
260 265 270

Pro Ile Gln Ser Gly Ile Gly Asn Ile Ala Asn Ala Val Val Gly Gly
275 280 285

Leu Ser Lys Gly Gly Ala Asp Phe Lys Asn Leu Lys Val Trp Thr Glu
290 295 300

Val Leu Gln Asp Ser Phe Leu Asp Leu Phe Asp Ser Gly Asn Leu Asp
305 310 315 320

Phe Ala Thr Ala Thr Ser Ile Arg Phe Ser Pro Asp Gly Phe Lys Arg
325 330 335

Phe Tyr Asp Asn Trp Glu Gln Tyr Ala Gly Lys Leu Leu Leu Arg Ser
340 345 350

Gln Gln Val Ser Asn Ser Pro Glu Ile Ile Arg Arg Leu Gly Cys Ile
355 360 365

Gly Met Asn Thr Pro Val Glu Val Asp Ile Tyr Ala His Ala Asn Ser
370 375 380

Thr Cys Val Met Gly Ser Arg Met Leu Asn Gly Leu Gly Gly Ser Ala
385 390 395 400

Asp Phe Leu Arg Asn Ser Lys Tyr Ser Ile Met His Thr Pro Ser Ala
405 410 415

Arg Pro Thr Lys Thr Asp Pro Thr Gly Val Ser Cys Ile Val Pro Phe
420 425 430

Ala Thr His Ile Asp Gln Thr Glu His Asp Leu Asp Val Val Val Thr
435 440 445

Glu Gln Gly Leu Ala Asp Val Arg Gly Leu Ser Pro Arg Glu Arg Ala
450 455 460

Arg Val Ile Ile Lys Asn Cys Ser His Pro Asp Tyr Thr Pro Ile Leu
465 470 475 480

Thr Asp Tyr Leu Asp Arg Ala Glu Phe Glu Cys Leu Arg Lys Gly Met
485 490 495

Gly His Glu Pro His Met Leu Phe Gln Ala Phe Asn Met His Lys Asn
500 505 510

Leu Gln Glu Lys Gly Thr Met Lys Ile Asp Ser Trp Glu
515 520 525

<210> 70

<211> 253

<212> PRT

<213> Penicillium Chrysogenum

<400> 70

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

Ile Pro Ser Glu Pro Asp Thr Phe Thr Asn Ala Gln Pro Leu Trp Ser
20 25 30

Phe Ala Gly Gly Tyr Gly Val Tyr Gly Gly Ser Thr Val Ala His Cys
35 40 45

Leu Val Ala Ala Gln Lys Thr Val Pro Cys Asp Tyr Val Ala His Ser
50 55 60

Leu His Cys Gly Phe Val Ser Pro Gly Asn Pro Lys Arg Pro Ile Glu
65 70 75 80

Tyr Arg Val Glu Arg Thr Arg Asp Gly Lys Ser Phe Ile Thr Arg Thr
85 90 95

Val His Ala Thr Gln Lys Ala Gly Val Ile Ser Glu Ala Ile Val Asn
100 105 110

Phe Val Arg Val Gly Thr Tyr Ser Asn Asn Ala Ser His Asp Leu Val
115 120 125

5

10

Asn Thr Gln Ile Arg Tyr Trp Val Arg Ala Lys Asp Pro Ile Gln Gln
 130 135 140

Arg Ser Pro Gln Ala Gln Leu Ala Ala Leu Ala Tyr Met Ser Asp Ala
 145 150 155 160

Tyr Leu Ile Gly Ala Ala Val Gln Val His Asp Val Ala Gly Gln Ala
 165 170 175

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

Phe His Asn Pro Glu Ala Val Arg Ala Asp Glu Trp Met Cys Ser Glu
 195 200 205

Arg Glu Ser Pro Trp Ala Gly Asn Asp Arg Ala Leu Val Val Gln Arg
 210 215 220

Val Trp Ser Pro Glu Gly Ile Leu Val Ala Thr Cys Val Gln Glu Gly
 225 230 235 240

Val Leu Arg Val Gln Val Pro Ser Glu Lys Val Lys Leu
 245 250

<210> 71
 <211> 462
 <212> PRT
 <213> Penicillium Chrysogenum

<400> 71

Met Phe Gly Leu Ser Arg Arg Ser Ala Leu Ala Arg Ser Lys Ser Leu
 1 5 10 15

Ala Ala Leu Pro Ala Arg Ala Ala Val Ala Ala Gln Pro Ser Cys Ile
 20 25 30

Asn Thr Gln Gly Phe His Ser Thr Pro Ser Gln Ala Ala Ser Arg Pro
 35 40 45

Thr Trp Met Pro Met Arg Val Lys Thr Pro Trp Ile Glu Ala Leu Thr
 50 55 60

Gln Ile Arg Glu Ala Gln Lys Ala Gly Pro Gln Glu Asn Ala Gly Gln
 65 70 75 80

Ser Val Lys Arg Asp Leu Ser Pro Lys Lys Met Ser Asp Ser Tyr Tyr
 85 90 95

Ser Ala Ile Leu Pro Leu Ala Gln Asp Lys Trp Leu Leu Asp Ser Tyr
100 105 110

Leu Asn Ala Ser Gly His Ile Arg Leu Gly Ser Leu Leu Met Asp Leu
115 120 125

Asp Ala Leu Ala Gly Ile Val Ala Tyr Arg His Thr Gly Asp Gly Val
130 135 140

Ser Thr Val Thr Ala Ala Cys Asp Arg Ile Thr Ile Glu Asn Pro Leu
145 150 155 160

Met Glu Ile Cys Asp Leu Glu Leu Ser Gly Gln Cys Thr Tyr Ala Thr
165 170 175

Gly Arg Ser Ser Met Glu Ile Ser Leu Gln Val Thr Lys Ala Arg Pro
180 185 190

Glu Gly Gln Glu Ala Lys Pro Glu Asp Ile Leu Ile Thr Cys Ala Phe
195 200 205

Thr Met Val Ser Leu Asp Pro Ala Thr Lys Ala Pro Val Pro Val Ala
210 215 220

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

Glu Ala Asn Tyr Gln Ala Lys Lys Ala Leu Arg Thr Arg Ser Leu Leu
245 250 255

Gln Lys Ser Pro Asp Asp Glu Glu Ser Asn Leu Ile His Ser Met Trp
260 265 270

Thr Lys Glu Met Ser Tyr Leu Asn Pro Gln Asn Pro Ala Thr Arg Pro
275 280 285

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

Met Gln Pro Gln Asp Arg Asn Arg His Asn Phe Met Ile Phe Gly Gly
305 310 315 320

Phe Leu Leu Lys Gln Thr Phe Glu Leu Ala Phe Cys Cys Ala Ala Ser
325 330 335

Phe Ala His Ala Arg Pro Asn Phe Val Ala Leu Asp Pro Ser Thr Phe
340 345 350

Glu Asn Pro Val Pro Val Gly Ser Val Leu Tyr Leu Arg Ala Thr Val
355 360 365

Ser Tyr Thr Glu Pro Glu Glu Arg Glu Gly Asp Ser Thr Lys Tyr Thr
370 375 380

Lys Val Gln Val Arg Val Asp Ser Lys Val Arg Asp Val Glu His Gly
385 390 395 400

Thr Lys Lys Ser Thr Gly Met Phe Asn Tyr Thr Phe Leu Val Glu Lys
405 410 415

Asp Val Gln Val Met Pro Lys Gly Tyr Gly Glu Phe Met Leu Trp Ala
420 425 430

Asp Ala Arg Arg Arg Ala Gln Asn Ala Ala Ala Ile Asp Pro Ala His
435 440 445

Lys Met Ser Ala Leu Arg Ser Ile Lys Asp Ser Val Thr Glu
450 455 460

<210> 72

<211> 357

5 <212> PRT

<213> Penicillium Chrysogenum

<400> 72

Met Ser Pro Gln Arg Gly Ala Pro Asp Asn Asp Asp Leu Thr Ser Pro
1 5 10 15

His Ser Phe Val Glu Leu Met Ser Leu Gln Arg Leu Glu Asp Ala Leu
20 25 30

Ile Thr Tyr Pro Asp Ser Ala Lys Pro Glu Lys Ile Glu Arg Phe Arg
35 40 45

Ser Leu Ala Thr Pro Tyr Asn Pro Gly Gln Gly Thr Arg Ser Phe Gly
50 55 60

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

Pro Gly Leu Val Ile His Asp Met Thr Gly Thr Phe Ile Leu Gly Gly
85 90 95

Leu Leu Asp Thr Pro Tyr Val Tyr Thr Val Arg His Ile Arg Asp Gly
100 105 110

10

ES 2 655 710 T3

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

355

- 5 <210> 73
- <211> 320
- <212> PRT
- <213> Mus musculus

- 10 <400> 73

ES 2 655 710 T3

Met Ser Ala Pro Glu Gly Leu Gly Asp Ala His Gly Asp Ala Asp Arg
1 5 10 15

Gly Asp Leu Ser Gly Asp Leu Arg Ser Val Leu Val Thr Ser Val Leu
20 25 30

Asn Leu Glu Pro Leu Asp Glu Asp Leu Tyr Arg Gly Arg His Tyr Trp
35 40 45

Val Pro Thr Ser Gln Arg Leu Phe Gly Gly Gln Ile Met Gly Gln Ala
50 55 60

Leu Val Ala Ala Ala Lys Ser Val Ser Glu Asp Val His Val His Ser
65 70 75 80

Leu His Cys Tyr Phe Val Arg Ala Gly Asp Pro Lys Val Pro Val Leu
85 90 95

Tyr His Val Glu Arg Ile Arg Thr Gly Ala Ser Phe Ser Val Arg Ala
100 105 110

Val Lys Ala Val Gln His Gly Lys Ala Ile Phe Ile Cys Gln Ala Ser
115 120 125

Phe Gln Gln Met Gln Pro Ser Pro Leu Gln His Gln Phe Ser Met Pro
130 135 140

Ser Val Pro Pro Pro Glu Asp Leu Leu Asp His Glu Ala Leu Ile Asp
145 150 155 160

Gln Tyr Leu Arg Asp Pro Asn Leu His Lys Lys Tyr Arg Val Gly Leu
165 170 175

Asn Arg Val Ala Ala Gln Glu Val Pro Ile Glu Ile Lys Val Val Asn
180 185 190

Pro Pro Thr Leu Thr Gln Leu Gln Ala Leu Glu Pro Lys Gln Met Phe
195 200 205

Trp Val Arg Ala Arg Gly Tyr Ile Gly Glu Gly Asp Ile Lys Met His

210

215

220

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

Leu Leu Pro His Gln Ser Lys Tyr Lys Val Asn Phe Met Ala Ser Leu
245 250 255

Asp His Ser Met Trp Phe His Ala Pro Phe Arg Ala Asp His Trp Met
260 265 270

Leu Tyr Glu Cys Glu Ser Pro Trp Ala Gly Gly Phe Arg Gly Leu Val
275 280 285

His Gly Arg Leu Trp Arg Arg Asp Gly Val Leu Ala Val Thr Cys Ala
290 295 300

Gln Glu Gly Val Ile Arg Leu Lys Pro Gln Val Ser Glu Ser Lys Leu
305 310 315 320

<210> 74

<211> 472

5 <212> PRT

<213> Clostridium kluyveri

<400> 74

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

Ala Gln Lys Lys Leu Glu Ala Tyr Ser Gln Glu Gln Val Asp Val Leu
20 25 30

Val Lys Ala Leu Gly Lys Val Val Tyr Asp Asn Ala Glu Met Phe Ala
35 40 45

Lys Glu Ala Val Glu Glu Thr Glu Met Gly Val Tyr Glu Asp Lys Val
50 55 60

Ala Lys Cys His Leu Lys Ser Gly Ala Ile Trp Asn His Ile Lys Asp
65 70 75 80

Lys Lys Thr Val Gly Ile Ile Lys Glu Glu Pro Glu Arg Ala Leu Val
85 90 95

Tyr Val Ala Lys Pro Lys Gly Val Val Ala Ala Thr Thr Pro Ile Thr
100 105 110

Asn Pro Val Val Thr Pro Met Cys Asn Ala Met Ala Ala Ile Lys Gly

10

ES 2 655 710 T3

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

ES 2 655 710 T3

His Ser Asp Asn Asp Glu Asn Ile Arg Tyr Ala Arg Thr Val Leu Pro
370 375 380

Ile Ser Arg Leu Val Val Asn Gln Pro Ala Thr Thr Ala Gly Gly Thr
385 390 395 400

Val Leu Pro Ile Ser Arg Leu Val Val Asn Gln Pro Ala Thr Thr Ala
405 410 415

Gly Gly Ser Phe Asn Asn Gly Phe Asn Pro Thr Thr Thr Leu Gly Cys
420 425 430

Gly Ser Trp Gly Arg Asn Ser Ile Ser Glu Asn Leu Thr Tyr Glu His
435 440 445

Leu Ile Asn Val Ser Arg Ile Gly Tyr Phe Asn Lys Glu Ala Lys Val
450 455 460

Pro Ser Tyr Glu Glu Ile Trp Gly
465 470

<210> 75

<211> 451

<212> PRT

<213> Porphyromonas gingivalis

<400> 75

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

Tyr Gln Ala Thr His Asn Gln Glu Ala Val Asp Asn Ile Cys Arg Ala
20 25 30

Ala Ala Lys Val Ile Tyr Glu Asn Ala Ala Ile Leu Ala Arg Glu Ala
35 40 45

Val Asp Glu Thr Gly Met Gly Val Tyr Glu His Lys Val Ala Lys Asn
50 55 60

Gln Gly Lys Ser Lys Gly Val Trp Tyr Asn Leu His Asn Lys Lys Ser
65 70 75 80

Ile Gly Ile Leu Asn Ile Asp Glu Arg Thr Gly Met Ile Glu Ile Ala
85 90 95

Lys Pro Ile Gly Val Val Gly Ala Val Thr Pro Thr Thr Asn Pro Ile
100 105 110

5

10

ES 2 655 710 T3

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

Gln Ala His Ile Ile Leu Ala Gly Ser Glu Leu Thr Val Ser Arg Ile
370 375 380

Val Val Asn Ala Pro Ser Ala Thr Thr Ala Gly Gly His Ile Gln Asn
385 390 395 400

Gly Leu Ala Val Thr Asn Thr Leu Gly Cys Gly Ser Trp Gly Asn Asn
405 410 415

Ser Ile Ser Glu Asn Phe Thr Tyr Lys His Leu Leu Asn Ile Ser Arg
420 425 430

Ile Ala Pro Leu Asn Ser Ser Ile His Ile Pro Asp Asp Lys Glu Ile
435 440 445

Trp Glu Leu
450

<210> 76

<211> 876

<212> PRT

<213> Clostridium kluyveri

<400> 76

Met Lys Val Thr Asn Val Glu Glu Leu Met Lys Lys Leu Gln Lys Val
1 5 10 15

Arg Gln Ala Gln Glu Lys Phe Ser Thr Tyr Thr Gln Glu Gln Val Asp
20 25 30

Glu Ile Phe Lys Gln Ala Ala Met Ala Ala Asn Ser Ala Arg Ile Lys
35 40 45

Leu Ala Lys Met Ala Val Glu Glu Thr Gly Met Gly Ile Val Glu Asp
50 55 60

Lys Val Ile Lys Asn His Phe Val Ser Glu Tyr Val Tyr Asn Lys Tyr
65 70 75 80

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

Met Val Arg Ile Ala Glu Pro Val Gly Val Ile Ala Ala Val Val Pro
100 105 110

Thr Thr Asn Pro Thr Ser Thr Ala Ile Phe Lys Ala Leu Ile Ala Leu
115 120 125

5

10

ES 2 655 710 T3

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

ES 2 655 710 T3

Glu Ala Met Lys Thr Gly Arg Thr Leu Ile Asn Met Pro Ser Ala Gln
385 390 395 400

Gly Ala Ile Gly Asp Leu Tyr Asn Phe Lys Leu Ala Pro Ser Leu Thr
405 410 415

Leu Gly Cys Gly Ser Trp Gly Gly Asn Ser Ile Ser Glu Asn Val Gly
420 425 430

Pro Lys His Leu Leu Asn Ile Lys Ser Ile Ala Glu Arg Arg Glu Asn
435 440 445

Met Leu Trp Phe Arg Val Pro Glu Lys Ile Tyr Phe Lys Tyr Gly Ala
450 455 460

Leu Gly Thr Ala Leu Lys Glu Leu Lys Thr Met His Lys Lys Lys Val
465 470 475 480

Phe Ile Val Thr Asp Lys Val Leu Tyr Gln Leu Gly Tyr Thr Asp Ser
485 490 495

Ile Thr Lys Ile Leu Gly Glu Met Gly Val Gly Tyr Lys Ile Phe Thr
500 505 510

Asp Val Glu Pro Asp Pro Thr Leu Ala Thr Ala Lys Lys Gly Ser Ala
515 520 525

Glu Met Leu Gln Tyr Asn Pro Asp Thr Ile Ile Ser Val Gly Gly Gly
530 535 540

Ser Ala Met Asp Ala Ala Lys Ile Met Trp Val Met Tyr Glu His Pro
545 550 555 560

Glu Ile Lys Phe Glu Asp Leu Ala Met Arg Phe Met Asp Ile Arg Lys
565 570 575

Arg Val Tyr Thr Phe Pro Lys Met Gly Glu Lys Ser Met Met Ile Ser
580 585 590

Val Ala Thr Ser Ala Gly Thr Gly Ser Glu Val Thr Pro Phe Thr Val
595 600 605

Ile Thr Asp Glu Lys Thr Gly Ala Lys Tyr Pro Leu Ala Asp Tyr Glu
610 615 620

Leu Thr Pro Asp Ile Ala Ile Ile Asp Ala Glu Leu Met Met Asn Met

ES 2 655 710 T3

625	630	635	640
Pro Lys Gly Leu Thr Ala Ala Ser Gly Ile Asp Ala Met Thr His Ala	645	650	655
Leu Glu Ser Tyr Val Ser Val Met Ala Ser Glu Tyr Thr Asn Gly Leu	660	665	670
Ala Leu Glu Ala Ile Arg Leu Ile Phe Lys Tyr Leu Pro Leu Ala Tyr	675	680	685
Ala Glu Gly Thr Thr Asn Val Lys Ala Arg Glu Lys Met Ala His Ala	690	695	700
Ser Thr Met Ala Gly Met Ala Phe Ala Asn Ala Phe Leu Gly Val Cys	705	710	715
His Ser Met Ala His Lys Leu Gly Ala Ala His His Ile Pro His Gly	725	730	735
Ile Ala Asn Ala Leu Met Ile Asp Glu Val Ile Lys Phe Asn Ala Val	740	745	750
Asn Asp Pro Arg Lys Gln Ala Ile Phe Pro Gln Tyr Lys Tyr Pro Asn	755	760	765
Ala Lys Trp Arg Tyr Ala Arg Ile Ala Asp Tyr Leu Glu Leu Gly Gly	770	775	780
Asn Ser Glu Asp Glu Lys Val Gly Leu Leu Ile Lys Ala Ile Asp Glu	785	790	795
Leu Lys Glu Lys Ile Asn Ile Pro Lys Thr Ile Arg Glu Ala Gly Val	805	810	815
Ala Glu Lys Lys Phe Tyr Ala Thr Leu Asp Asp Met Ser Glu Gln Ala	820	825	830
Phe Asp Asp Gln Cys Thr Gly Ala Asn Pro Arg Tyr Pro Leu Ile Ser	835	840	845
Glu Ile Lys Gln Met Tyr Ile Asn Ala Phe Asp Lys Val Ser Pro Val	850	855	860
Val Asp Glu Glu Glu Lys Leu Lys Val Ser Leu Leu	865	870	875

<210> 77

<211> 491

<212> PRT

<213> Clostridium kluyveri

<400> 77

ES 2 655 710 T3

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

Leu Ile Ala Lys Ala Lys Lys Ala Gln Ala Glu Phe Lys Asn Phe Ser
20 25 30

Gln Glu Ala Val Asn Lys Val Ile Glu Lys Ile Ala Lys Ala Thr Glu
35 40 45

Val Glu Ala Val Lys Leu Ala Lys Leu Ala Tyr Glu Asp Thr Gly Tyr
50 55 60

Gly Lys Trp Glu Asp Lys Val Ile Lys Asn Lys Phe Ser Ser Ile Val
65 70 75 80

Val Tyr Asn Tyr Ile Lys Asp Leu Lys Thr Val Gly Ile Leu Lys Glu
85 90 95

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

Ala Gly Leu Ile Pro Ser Thr Asn Pro Thr Ser Thr Ala Ile Phe Lys
115 120 125

Val Leu Ile Ala Leu Lys Ala Gly Asn Ala Ile Val Phe Ser Pro His
130 135 140

Pro Thr Ala Val Arg Ser Ile Thr Glu Thr Val Lys Ile Met Gln Lys
145 150 155 160

Ala Ala Val Glu Ala Gly Ala Pro Asp Gly Leu Ile Gln Cys Met Ser
165 170 175

Ile Leu Thr Val Glu Gly Thr Ala Glu Leu Met Lys Asn Lys Asp Thr
180 185 190

Ala Leu Ile Leu Ala Thr Gly Gly Glu Gly Met Val Arg Ala Ala Tyr
195 200 205

Ser Ser Gly Thr Pro Ala Ile Gly Val Gly Pro Gly Asn Gly Pro Cys
210 215 220

ES 2 655 710 T3

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

Gly Ser Asp Thr Phe Asp Asn Gly Val Ile Cys Ala Ser Glu Gln Ser
245 250 255

Ile Ile Ala Glu Thr Val Lys Lys Ala Glu Ile Ile Glu Glu Phe Lys
260 265 270

Arg Gln Lys Gly Tyr Phe Leu Asn Ala Glu Glu Ser Glu Lys Val Gly
275 280 285

Lys Ile Leu Leu Arg Ala Asn Gly Thr Pro Asn Pro Ala Ile Val Gly
290 295 300

Lys Asp Val Gln Ala Leu Ala Lys Leu Ala Gly Ile Ser Ile Pro Ser
305 310 315 320

Asp Ala Val Ile Leu Leu Ser Glu Gln Thr Asp Val Ser Pro Lys Asn
325 330 335

Pro Tyr Ala Lys Glu Lys Leu Ala Pro Val Leu Ala Phe Tyr Thr Val
340 345 350

Glu Asp Trp His Glu Ala Cys Glu Lys Ser Leu Ala Leu Leu His Asn
355 360 365

Gln Gly Ser Gly His Thr Leu Ile Ile His Ser Gln Asn Glu Glu Ile
370 375 380

Ile Arg Glu Phe Ala Leu Lys Lys Pro Val Ser Arg Ile Leu Val Asn
385 390 395 400

Ser Pro Gly Ser Leu Gly Gly Ile Gly Gly Ala Thr Asn Leu Val Pro
405 410 415

Ser Leu Thr Leu Gly Cys Gly Ala Val Gly Gly Ser Ala Thr Ser Asp
420 425 430

Asn Val Gly Pro Glu Asn Leu Phe Asn Ile Arg Lys Val Ala Tyr Gly
435 440 445

Thr Thr Thr Val Glu Glu Ile Arg Glu Ala Phe Gly Val Gly Ala Ala
450 455 460

Ser Ser Ser Ala Pro Ala Glu Pro Glu Asp Asn Glu Asp Val Gln Ala
465 470 475 480

Ile Val Lys Ala Ile Met Ala Lys Leu Asn Leu
485 490

- 5 <210> 78
- <211> 491
- <212> PRT
- <213> Clostridium kluyveri

- 10 <400> 78

ES 2 655 710 T3

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

ES 2 655 710 T3

Ser Ser Gly Thr Pro Ala Ile Gly Val Gly Pro Gly Asn Gly Pro Cys
210 215 220

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

Gly Ser Asp Thr Phe Asp Asn Gly Val Ile Cys Ala Ser Glu Gln Ser
245 250 255

Ile Ile Ala Glu Thr Val Lys Lys Ala Glu Ile Ile Glu Glu Phe Lys
260 265 270

Arg Gln Lys Gly Tyr Phe Leu Asn Ala Glu Glu Ser Glu Lys Val Gly
275 280 285

Lys Ile Leu Leu Arg Ala Asn Gly Thr Pro Asn Pro Ala Ile Val Gly
290 295 300

Lys Asp Val Gln Ala Leu Ala Lys Leu Ala Gly Ile Ser Ile Pro Ser
305 310 315 320

Asp Ala Val Ile Leu Leu Ser Glu Gln Thr Asp Val Ser Pro Lys Asn
325 330 335

Pro Tyr Ala Lys Glu Lys Leu Ala Pro Val Leu Ala Phe Tyr Thr Val
340 345 350

Glu Asp Trp His Glu Ala Cys Glu Lys Ser Leu Ala Leu Leu His Asn
355 360 365

Gln Gly Ser Gly His Thr Leu Ile Ile His Ser Gln Asn Glu Glu Ile
370 375 380

Ile Arg Glu Phe Ala Leu Lys Lys Pro Val Ser Arg Ile Leu Val Asn
385 390 395 400

Ser Pro Gly Ser Leu Gly Gly Ile Gly Gly Ala Thr Asn Leu Val Pro
405 410 415

Ser Leu Thr Leu Gly Cys Gly Ala Val Gly Gly Ser Ala Thr Ser Asp
420 425 430

Asn Val Gly Pro Glu Asn Leu Phe Asn Ile Arg Lys Val Ala Tyr Gly
435 440 445

Thr Thr Thr Val Glu Glu Ile Arg Glu Ala Phe Gly Val Gly Ala Ala
450 455 460

Ser Ser Ser Ala Pro Ala Glu Pro Glu Asp Asn Glu Asp Val Gln Ala
465 470 475 480

Ile Val Lys Ala Ile Met Ala Lys Leu Asn Leu
485 490

<211> 469

<212> PRT

<213> *Propionibacterium freudenreichi*

5 <400> 79

Met Thr Ile Ser Pro Glu Leu Ile Gln Gln Val Val Arg Glu Thr Val
 1 5 10 15

Arg Glu Val Ile Ser Arg Gln Asp Ser Gly Thr Asp Ala Pro Ser Gly
 20 25 30

Thr Asp Gly Ile Phe Thr Asp Met Asn Ser Ala Val Asp Ala Ala Asp
 35 40 45

Val Ala Trp Arg Gln Tyr Met Asp Cys Ser Leu Arg Asp Arg Asn Arg
 50 55 60

Phe Ile Gln Ala Ile Arg Asp Val Ala Ser Glu Pro Asp Asn Leu Glu
 65 70 75 80

Tyr Met Ala Thr Ala Thr Val Glu Glu Thr Gly Met Gly Asn Val Pro
 85 90 95

His Lys Ile Leu Lys Asn Arg Tyr Ala Ala Leu Tyr Thr Pro Gly Thr
 100 105 110

Glu Asp Ile Ile Thr Glu Ala Trp Ser Gly Asp Asp Gly Leu Thr Thr
 115 120 125

Val Glu Phe Ser Pro Phe Gly Val Ile Gly Ala Ile Thr Pro Thr Thr
 130 135 140

Asn Pro Thr Glu Thr Val Ile Asn Asn Thr Ile Gly Met Leu Ala Ala
 145 150 155 160

Gly Asn Ala Val Val Phe Ser Pro His Pro Arg Ala Lys Lys Ile Thr
 165 170 175

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

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

Asn Ala Met Met Ser His Glu Lys Val Arg Met Leu Val Ala Thr Gly
210 215 220

Gly Pro Gly Ile Val Lys Ala Val Leu Ser Ser Gly Lys Lys Ala Ile
225 230 235 240

Gly Ala Gly Ala Gly Asn Pro Pro Ala Val Val Asp Asp Thr Ala Asp
245 250 255

Ile Ala Lys Ala Ala Arg Asp Ile Val Asp Gly Ala Ser Phe Asp Asn
260 265 270

Asn Leu Pro Cys Thr Ala Glu Lys Glu Val Leu Ala Val Asp Ser Ile
275 280 285

Ala Asp Leu Leu Lys Phe Glu Met Leu Lys His Gly Cys Phe Glu Leu
290 295 300

Lys Asp Arg Ala Val Met Asp Lys Leu Ala Ala Leu Val Thr Lys Gly
305 310 315 320

Gln His Ala Asn Ala Ala Tyr Val Gly Lys Pro Ala Ala Gln Leu Ala
325 330 335

Ser Glu Val Gly Leu Ser Ala Pro Lys Asp Thr Arg Leu Leu Ile Cys
340 345 350

Glu Val Pro Phe Asp His Pro Phe Val Gln Val Glu Leu Met Met Pro
355 360 365

Ile Leu Pro Ile Val Arg Met Pro Asp Val Asp Thr Ala Ile Asp Lys
370 375 380

Ala Val Glu Val Glu His Gly Asn Arg His Thr Ala Val Met His Ser
385 390 395 400

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

Ile Phe Val Lys Asn Gly Pro Ser Tyr Asn Gly Ile Gly Ile Asp Gly
420 425 430

Glu Gly Phe Pro Thr Phe Thr Ile Ala Gly Pro Thr Gly Glu Gly Leu

435

440

445

Thr Ser Ala Arg Cys Phe Ala Arg Lys Arg Arg Cys Val Leu Lys Ser
450 455 460

Gly Leu Asn Ile Arg
465

ES 2 655 710 T3

<210> 80
 <211> 858
 <212> PRT
 <213> Clostridium acetobutylicum

5

<400> 80

```

Met Lys Val Thr Asn Gln Lys Glu Leu Lys Gln Lys Leu Asn Glu Leu
 1          5          10          15

Arg Glu Ala Gln Lys Lys Phe Ala Thr Tyr Thr Gln Glu Gln Val Asp
 20          25          30

Lys Ile Phe Lys Gln Cys Ala Ile Ala Ala Ala Lys Glu Arg Ile Asn
 35          40          45

Leu Ala Lys Leu Ala Val Glu Glu Thr Gly Ile Gly Leu Val Glu Asp
 50          55          60

Lys Ile Ile Lys Asn His Phe Ala Ala Glu Tyr Ile Tyr Asn Lys Tyr
 65          70          75          80

Lys Asn Glu Lys Thr Cys Gly Ile Ile Asp His Asp Asp Ser Leu Gly
 85          90          95

Ile Thr Lys Val Ala Glu Pro Ile Gly Ile Val Ala Ala Ile Val Pro
100          105          110

Thr Thr Asn Pro Thr Ser Thr Ala Ile Phe Lys Ser Leu Ile Ser Leu
115          120          125

Lys Thr Arg Asn Ala Ile Phe Phe Ser Pro His Pro Arg Ala Lys Lys
130          135          140

Ser Thr Ile Ala Ala Ala Lys Leu Ile Leu Asp Ala Ala Val Lys Ala
145          150          155          160

Gly Ala Pro Lys Asn Ile Ile Gly Trp Ile Asp Glu Pro Ser Ile Glu
165          170          175

Leu Ser Gln Asp Leu Met Ser Glu Ala Asp Ile Ile Leu Ala Thr Gly

```


ES 2 655 710 T3

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

ES 2 655 710 T3

Pro Lys His Leu Leu Asn Ile Lys Ser Val Ala Glu Arg Arg Glu Asn
 435 440 445
 Met Leu Trp Phe Lys Val Pro Gln Lys Ile Tyr Phe Lys Tyr Gly Cys
 450 455 460
 Leu Arg Phe Ala Leu Lys Glu Leu Lys Asp Met Asn Lys Lys Arg Ala
 465 470 475 480
 Phe Ile Val Thr Asp Lys Asp Leu Phe Lys Leu Gly Tyr Val Asn Lys
 485 490 495
 Ile Thr Lys Val Leu Asp Glu Ile Asp Ile Lys Tyr Ser Ile Phe Thr
 500 505 510
 Asp Ile Lys Ser Asp Pro Thr Ile Asp Ser Val Lys Lys Gly Ala Lys
 515 520 525
 Glu Met Leu Asn Phe Glu Pro Asp Thr Ile Ile Ser Ile Gly Gly Gly
 530 535 540
 Ser Pro Met Asp Ala Ala Lys Val Met His Leu Leu Tyr Glu Tyr Pro
 545 550 555 560
 Glu Ala Glu Ile Glu Asn Leu Ala Ile Asn Phe Met Asp Ile Arg Lys
 565 570 575
 Arg Ile Cys Asn Phe Pro Lys Leu Gly Thr Lys Ala Ile Ser Val Ala
 580 585 590
 Ile Pro Thr Thr Ala Gly Thr Gly Ser Glu Ala Thr Pro Phe Ala Val
 595 600 605
 Ile Thr Asn Asp Glu Thr Gly Met Lys Tyr Pro Leu Thr Ser Tyr Glu
 610 615 620
 Leu Thr Pro Asn Met Ala Ile Ile Asp Thr Glu Leu Met Leu Asn Met
 625 630 635 640
 Pro Arg Lys Leu Thr Ala Ala Thr Gly Ile Asp Ala Leu Val His Ala
 645 650 655
 Ile Glu Ala Tyr Val Ser Val Met Ala Thr Asp Tyr Thr Asp Glu Leu
 660 665 670
 Ala Leu Arg Ala Ile Lys Met Ile Phe Lys Tyr Leu Pro Arg Ala Tyr
 675 680 685

ES 2 655 710 T3

Lys Asn Gly Thr Asn Asp Ile Glu Ala Arg Glu Lys Met Ala His Ala
690 695 700

Ser Asn Ile Ala Gly Met Ala Phe Ala Asn Ala Phe Leu Gly Val Cys
705 710 715 720

His Ser Met Ala His Lys Leu Gly Ala Met His His Val Pro His Gly
725 730 735

Ile Ala Cys Ala Val Leu Ile Glu Glu Val Ile Lys Tyr Asn Ala Thr
740 745 750

Asp Cys Pro Thr Lys Gln Thr Ala Phe Pro Gln Tyr Lys Ser Pro Asn
755 760 765

Ala Lys Arg Lys Tyr Ala Glu Ile Ala Glu Tyr Leu Asn Leu Lys Gly
770 775 780

Thr Ser Asp Thr Glu Lys Val Thr Ala Leu Ile Glu Ala Ile Ser Lys
785 790 795 800

Leu Lys Ile Asp Leu Ser Ile Pro Gln Asn Ile Ser Ala Ala Gly Ile
805 810 815

Asn Lys Lys Asp Phe Tyr Asn Thr Leu Asp Lys Met Ser Glu Leu Ala
820 825 830

Phe Asp Asp Gln Cys Thr Thr Ala Asn Pro Arg Tyr Pro Leu Ile Ser
835 840 845

Glu Leu Lys Asp Ile Tyr Ile Lys Ser Phe
850 855

<210> 81

<211> 862

<212> PRT

<213> Clostridium acetobutylicum

<400> 81

Met Lys Val Thr Thr Val Lys Glu Leu Asp Glu Lys Leu Lys Val Ile
1 5 10 15

Lys Glu Ala Gln Lys Lys Phe Ser Cys Tyr Ser Gln Glu Met Val Asp
20 25 30

Glu Ile Phe Arg Asn Ala Ala Met Ala Ala Ile Asp Ala Arg Ile Glu
35 40 45

5

10

ES 2 655 710 T3

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

ES 2 655 710 T3

Met Ala Gly Ile Lys Val Pro Lys Thr Thr Arg Ile Leu Ile Gly Glu
305 310 315 320

Val Thr Ser Leu Gly Glu Glu Glu Pro Phe Ala His Glu Lys Leu Ser
325 330 335

Pro Val Leu Ala Met Tyr Glu Ala Asp Asn Phe Asp Asp Ala Leu Lys
340 345 350

Lys Ala Val Thr Leu Ile Asn Leu Gly Gly Leu Gly His Thr Ser Gly
355 360 365

Ile Tyr Ala Asp Glu Ile Lys Ala Arg Asp Lys Ile Asp Arg Phe Ser
370 375 380

Ser Ala Met Lys Thr Val Arg Thr Phe Val Asn Ile Pro Thr Ser Gln
385 390 395 400

Gly Ala Ser Gly Asp Leu Tyr Asn Phe Arg Ile Pro Pro Ser Phe Thr
405 410 415

Leu Gly Cys Gly Phe Trp Gly Gly Asn Ser Val Ser Glu Asn Val Gly
420 425 430

Pro Lys His Leu Leu Asn Ile Lys Thr Val Ala Glu Arg Arg Glu Asn
435 440 445

Met Leu Trp Phe Arg Val Pro His Lys Val Tyr Phe Lys Phe Gly Cys
450 455 460

Leu Gln Phe Ala Leu Lys Asp Leu Lys Asp Leu Lys Lys Lys Arg Ala
465 470 475 480

Phe Ile Val Thr Asp Ser Asp Pro Tyr Asn Leu Asn Tyr Val Asp Ser
485 490 495

Ile Ile Lys Ile Leu Glu His Leu Asp Ile Asp Phe Lys Val Phe Asn
500 505 510

Lys Val Gly Arg Glu Ala Asp Leu Lys Thr Ile Lys Lys Ala Thr Glu
515 520 525

Glu Met Ser Ser Phe Met Pro Asp Thr Ile Ile Ala Leu Gly Gly Thr
530 535 540

Pro Glu Met Ser Ser Ala Lys Leu Met Trp Val Leu Tyr Glu His Pro

ES 2 655 710 T3

545 550 555 560
 Glu Val Lys Phe Glu Asp Leu Ala Ile Lys Phe Met Asp Ile Arg Lys
 565 570 575
 Arg Ile Tyr Thr Phe Pro Lys Leu Gly Lys Lys Ala Met Leu Val Ala
 580 585 590
 Ile Thr Thr Ser Ala Gly Ser Gly Ser Glu Val Thr Pro Phe Ala Leu
 595 600 605
 Val Thr Asp Asn Asn Thr Gly Asn Lys Tyr Met Leu Ala Asp Tyr Glu
 610 615 620
 Met Thr Pro Asn Met Ala Ile Val Asp Ala Glu Leu Met Met Lys Met
 625 630 635 640
 Pro Lys Gly Leu Thr Ala Tyr Ser Gly Ile Asp Ala Leu Val Asn Ser
 645 650 655
 Ile Glu Ala Tyr Thr Ser Val Tyr Ala Ser Glu Tyr Thr Asn Gly Leu
 660 665 670
 Ala Leu Glu Ala Ile Arg Leu Ile Phe Lys Tyr Leu Pro Glu Ala Tyr
 675 680 685
 Lys Asn Gly Arg Thr Asn Glu Lys Ala Arg Glu Lys Met Ala His Ala
 690 695 700
 Ser Thr Met Ala Gly Met Ala Ser Ala Asn Ala Phe Leu Gly Leu Cys
 705 710 715 720
 His Ser Met Ala Ile Lys Leu Ser Ser Glu His Asn Ile Pro Ser Gly
 725 730 735
 Ile Ala Asn Ala Leu Leu Ile Glu Glu Val Ile Lys Phe Asn Ala Val
 740 745 750
 Asp Asn Pro Val Lys Gln Ala Pro Cys Pro Gln Tyr Lys Tyr Pro Asn
 755 760 765
 Thr Ile Phe Arg Tyr Ala Arg Ile Ala Asp Tyr Ile Lys Leu Gly Gly
 770 775 780
 Asn Thr Asp Glu Glu Lys Val Asp Leu Leu Ile Asn Lys Ile His Glu
 785 790 795 800

Leu Lys Lys Ala Leu Asn Ile Pro Thr Ser Ile Lys Asp Ala Gly Val
805 810 815

Leu Glu Glu Asn Phe Tyr Ser Ser Leu Asp Arg Ile Ser Glu Leu Ala
820 825 830

Leu Asp Asp Gln Cys Thr Gly Ala Asn Pro Arg Phe Pro Leu Thr Ser
835 840 845

Glu Ile Lys Glu Met Tyr Ile Asn Cys Phe Lys Lys Gln Pro
850 855 860

<210> 82

<211> 453

<212> PRT

<213> *Vibrio fluvialis*

<400> 82

Met Asn Lys Pro Gln Ser Trp Glu Ala Arg Ala Glu Thr Tyr Ser Leu
1 5 10 15

Tyr Gly Phe Thr Asp Met Pro Ser Leu His Gln Arg Gly Thr Val Val
20 25 30

Val Thr His Gly Glu Gly Pro Tyr Ile Val Asp Val Asn Gly Arg Arg
35 40 45

Tyr Leu Asp Ala Asn Ser Gly Leu Trp Asn Met Val Ala Gly Phe Asp
50 55 60

His Lys Gly Leu Ile Asp Ala Ala Lys Ala Gln Tyr Glu Arg Phe Pro
65 70 75 80

Gly Tyr His Ala Phe Phe Gly Arg Met Ser Asp Gln Thr Val Met Leu
85 90 95

Ser Glu Lys Leu Val Glu Val Ser Pro Phe Asp Ser Gly Arg Val Phe
100 105 110

Tyr Thr Asn Ser Gly Ser Glu Ala Asn Asp Thr Met Val Lys Met Leu
115 120 125

Trp Phe Leu His Ala Ala Glu Gly Lys Pro Gln Lys Arg Lys Ile Leu
130 135 140

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

5

10

ES 2 655 710 T3

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

Leu Gly Gln Ser Val Val Leu Cys Pro Pro Phe Ile Leu Thr Glu Ala
420 425 430

Gln Met Asp Glu Met Phe Asp Lys Leu Glu Lys Ala Leu Asp Lys Val
435 440 445

Phe Ala Glu Val Ala
450

<210> 83

<211> 449

5 <212> PRT

<213> Bacillus weihenstephanensis

<400> 83

Met Gln Ala Thr Glu Gln Thr Gln Ser Leu Lys Lys Thr Asp Glu Lys
1 5 10 15

Tyr Leu Trp His Ala Met Arg Gly Ala Ala Pro Ser Pro Thr Asn Leu
20 25 30

Ile Ile Thr Lys Ala Glu Gly Ala Trp Val Thr Asp Ile Asp Gly Asn
35 40 45

Arg Tyr Leu Asp Gly Met Ser Gly Leu Trp Cys Val Asn Val Gly Tyr
50 55 60

Gly Arg Lys Glu Leu Ala Arg Ala Ala Phe Glu Gln Leu Glu Glu Met
65 70 75 80

Pro Tyr Phe Pro Leu Thr Gln Ser His Val Pro Ala Ile Lys Leu Ala
85 90 95

Glu Lys Leu Asn Glu Trp Leu Asp Asp Glu Tyr Val Ile Phe Phe Ser
100 105 110

Asn Ser Gly Ser Glu Ala Asn Glu Thr Ala Phe Lys Ile Ala Arg Gln
115 120 125

Tyr His Gln Gln Lys Gly Asp His Gly Arg Tyr Lys Phe Ile Ser Arg
130 135 140

Tyr Arg Ala Tyr His Gly Asn Ser Met Gly Ala Leu Ala Ala Thr Gly
145 150 155 160

Gln Ala Gln Arg Lys Tyr Lys Tyr Glu Pro Leu Gly Gln Gly Phe Leu
165 170 175

ES 2 655 710 T3

His Val Ala Pro Pro Asp Thr Tyr Arg Asn Pro Glu Asp Val His Thr
 180 185 190
 Leu Ala Ser Ala Glu Glu Ile Asp Arg Val Met Thr Trp Glu Leu Ser
 195 200 205
 Gln Thr Val Ala Gly Val Ile Met Glu Pro Ile Ile Thr Gly Gly Gly
 210 215 220
 Ile Leu Met Pro Pro Asp Gly Tyr Met Gly Lys Val Lys Glu Ile Cys
 225 230 235 240
 Glu Lys His Gly Ala Leu Leu Ile Cys Asp Glu Val Ile Cys Gly Phe
 245 250 255
 Gly Arg Thr Gly Lys Pro Phe Gly Phe Met Asn Tyr Gly Val Lys Pro
 260 265 270
 Asp Ile Ile Thr Met Ala Lys Gly Ile Thr Ser Ala Tyr Leu Pro Leu
 275 280 285
 Ser Ala Thr Ala Val Arg Arg Glu Val Tyr Glu Ala Phe Val Gly Ser
 290 295 300
 Asp Asp Tyr Asp Arg Phe Arg His Val Asn Thr Phe Gly Gly Asn Pro
 305 310 315 320
 Ala Ala Cys Ala Leu Ala Leu Lys Asn Leu Glu Ile Met Glu Asn Glu
 325 330 335
 Lys Leu Ile Glu Arg Ser Lys Glu Leu Gly Glu Arg Leu Leu Tyr Glu
 340 345 350
 Leu Glu Asp Val Lys Glu His Pro Asn Val Gly Asp Val Arg Gly Lys
 355 360 365
 Gly Leu Leu Leu Gly Ile Glu Leu Val Glu Asp Lys Gln Thr Lys Glu
 370 375 380
 Pro Ala Ser Ile Glu Lys Met Asn Lys Val Ile Asn Ala Cys Lys Glu
 385 390 395 400
 Lys Gly Leu Ile Ile Gly Lys Asn Gly Asp Thr Val Ala Gly Tyr Asn
 405 410 415
 Asn Ile Leu Gln Leu Ala Pro Pro Leu Ser Ile Thr Glu Glu Asp Phe
 420 425 430
 Thr Phe Ile Val Lys Thr Met Lys Glu Cys Leu Ser Arg Ile Asn Gly
 435 440 445

Gln

<212> PRT

<213> *Pseudomonas aeruginosa*

<400> 84

Met Asn Ser Gln Ile Thr Asn Ala Lys Thr Arg Glu Trp Gln Ala Leu
 1 5 10 15

Ser Arg Asp His His Leu Pro Pro Phe Thr Asp Tyr Lys Gln Leu Asn
 20 25 30

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

Asp Ser Glu Gly Asn Lys Ile Leu Asp Ala Met Ala Gly Leu Trp Cys
 50 55 60

Val Asn Val Gly Tyr Gly Arg Glu Glu Leu Val Gln Ala Ala Thr Arg
 65 70 75 80

Gln Met Arg Glu Leu Pro Phe Tyr Asn Leu Phe Phe Gln Thr Ala His
 85 90 95

Pro Pro Val Val Glu Leu Ala Lys Ala Ile Ala Asp Val Ala Pro Glu
 100 105 110

Gly Met Asn His Val Phe Phe Thr Gly Ser Gly Ser Glu Ala Asn Asp
 115 120 125

Thr Val Leu Arg Met Val Arg His Tyr Trp Ala Thr Lys Gly Gln Pro
 130 135 140

Gln Lys Lys Val Val Ile Gly Arg Trp Asn Gly Tyr His Gly Ser Thr
 145 150 155 160

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

Asp Phe Pro Ile Pro Gly Ile Val His Ile Ala Gln Pro Tyr Trp Tyr
 180 185 190

Gly Glu Gly Gly Asp Met Ser Pro Asp Glu Phe Gly Val Trp Ala Ala
195 200 205

Glu Gln Leu Glu Lys Lys Ile Leu Glu Val Gly Glu Glu Asn Val Ala
210 215 220

Ala Phe Ile Ala Glu Pro Ile Gln Gly Ala Gly Gly Val Ile Val Pro
225 230 235 240

Pro Asp Thr Tyr Trp Pro Lys Ile Arg Glu Ile Leu Ala Lys Tyr Asp
245 250 255

Ile Leu Phe Ile Ala Asp Glu Val Ile Cys Gly Phe Gly Arg Thr Gly
260 265 270

Glu Trp Phe Gly Ser Gln Tyr Tyr Gly Asn Ala Pro Asp Leu Met Pro
275 280 285

Ile Ala Lys Gly Leu Thr Ser Gly Tyr Ile Pro Met Gly Gly Val Val
290 295 300

Val Arg Asp Glu Ile Val Glu Val Leu Asn Gln Gly Gly Glu Phe Tyr
305 310 315 320

His Gly Phe Thr Tyr Ser Gly His Pro Val Ala Ala Ala Val Ala Leu
325 330 335

Glu Asn Ile Arg Ile Leu Arg Glu Glu Lys Ile Ile Glu Lys Val Lys
340 345 350

Ala Glu Thr Ala Pro Tyr Leu Gln Lys Arg Trp Gln Glu Leu Ala Asp
355 360 365

His Pro Leu Val Gly Glu Ala Arg Gly Val Gly Met Val Ala Ala Leu
370 375 380

Glu Leu Val Lys Asn Lys Lys Thr Arg Glu Arg Phe Thr Asp Lys Gly
385 390 395 400

Val Gly Met Leu Cys Arg Glu His Cys Phe Arg Asn Gly Leu Ile Met
405 410 415

Arg Ala Val Gly Asp Thr Met Ile Ile Ser Pro Pro Leu Val Ile Asp
420 425 430

Pro Ser Gln Ile Asp Glu Leu Ile Thr Leu Ala Arg Lys Cys Leu Asp
435 440 445

Gln Thr Ala Ala Ala Val Leu Ala
450 455

5 <210> 85
<211> 538
<212> PRT

<213> Penicillium Chrysogenum

<400> 85

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

Ala Cys Arg Pro Arg Leu Phe Leu Gly Val Arg Thr Ser Val Arg Pro
 20 25 30

Trp Gln Pro Phe Ser Thr Ser Thr Ser Thr Arg Tyr Ser Ile Thr Thr
 35 40 45

Pro Leu Lys Ser Leu Ala Pro Lys Val Glu Arg Ser Gly Ser Lys Leu
 50 55 60

Tyr Lys Asp Ala Asp Ala Ala Val Ala Asp Ile Lys Ser Gly Ser Thr
 65 70 75 80

Ile Leu Ser Ser Gly Phe Gly Leu Cys Gly Val Ala Glu Thr Leu Ile
 85 90 95

Asn Ala Met His Arg Arg Gly Ala Asp Gln Leu His Ser Leu Thr Ala
 100 105 110

Val Ser Asn Asn Ala Gly Ala Ala Gly Lys Gly Gly Leu Ser Thr Leu
 115 120 125

Ser Gln Asn Gly Gln Ile Asn Arg Leu Ile Leu Ser Tyr Leu Gly Asn
 130 135 140

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

Leu Cys Pro Gln Gly Thr Leu Ala Glu Arg Leu Arg Ala Gly Gly Ala
 165 170 175

Gly Ile Pro Ala Phe Phe Thr Pro Thr Gly Glu Gly Lys Ile Pro Val
 180 185 190

Arg Met Asp Glu Ser Gly Lys Val Leu Glu Ser Gly Lys Pro Arg Glu

ES 2 655 710 T3

195					200					205					
Thr	Arg	Glu	Phe	Asn	Gly	Lys	Thr	Tyr	Leu	Met	Glu	Glu	Ala	Leu	Thr
210						215					220				
Gly	Asp	Val	Ala	Ile	Leu	Arg	Ala	Trp	Lys	Ala	Asp	Glu	Ala	Gly	Asn
225					230					235					240
Cys	Val	Phe	Arg	Tyr	Thr	Thr	Lys	Ala	Phe	Gly	Pro	Ile	Met	Ala	Lys
				245					250					255	
Ala	Ala	Thr	Leu	Thr	Ile	Val	Glu	Ala	Glu	Asn	Ile	Val	Pro	Ile	Gly
			260					265					270		
Ser	Ile	Asp	Pro	Asn	Asp	Val	Asp	Leu	Pro	Gly	Ile	Phe	Val	Asp	Arg
		275					280					285			
Ile	Val	Pro	Ala	Thr	Asp	Asp	Lys	His	Ile	Glu	Ile	Arg	Lys	Leu	Arg
	290					295					300				
Ser	Gly	Glu	Thr	Thr	Val	Ala	Gly	Ser	Gly	Lys	Asp	Glu	Ala	Arg	Ile
305					310					315					320
Gln	Arg	Glu	Leu	Ile	Gly	Arg	Arg	Ala	Ala	Lys	Glu	Leu	Lys	Pro	Gly
				325					330					335	
Phe	Tyr	Val	Asn	Leu	Gly	Val	Gly	Ile	Pro	Thr	Leu	Ala	Pro	Ser	Phe
			340					345					350		
Leu	Pro	Lys	Asp	Val	Lys	Val	Trp	Ile	Gln	Ser	Glu	Asn	Gly	Ile	Leu
		355					360					365			
Gly	Met	Gly	Asp	Tyr	Pro	Thr	Glu	Gln	Glu	Leu	Asp	Pro	Asp	Ile	Ile
	370					375					380				
Asn	Ala	Gly	Lys	Glu	Thr	Val	Thr	Leu	Val	Pro	Gly	Ala	Ala	Thr	Phe
385					390					395					400
Asp	Ser	Ser	Glu	Ser	Phe	Gly	Met	Ile	Arg	Gly	Gly	His	Val	Asp	Val
				405					410					415	
Ser	Ile	Leu	Gly	Ala	Leu	Gln	Val	Ser	Ala	Asn	Gly	Asp	Leu	Ala	Asn
			420					425					430		
Tyr	Met	Ile	Pro	Gly	Lys	Val	Phe	Lys	Gly	Met	Gly	Gly	Ala	Met	Asp
	435						440					445			

ES 2 655 710 T3

Leu Ile Ser Asn Pro Glu Lys Thr Lys Ile Val Val Ala Thr Ser His
450 455 460

Val Ala Lys Asp Gly Ser Pro Lys Ile Val Gln Lys Cys Ser Leu Pro
465 470 475 480

Leu Thr Gly Ala Asn Val Val Ser Thr Ile Ile Thr Asp Leu Cys Val
485 490 495

Phe Gln Val Asp Arg Ala Thr Gly Glu Leu Thr Leu Thr Glu Leu Ala
500 505 510

Pro Gly Val Glu Val Glu Glu Val Gln Ser Lys Thr Asp Ala Lys Phe
515 520 525

Thr Ile Ala Asp Thr Leu Glu Ile Met Glu
530 535

<210> 86

<211> 1362

5 <212> ADN

<213> vibrio fluvialis

<220>

<221> CDS

10 <222> (1)..(1362)

<400> 86

atg aac aaa ccg caa agc tgg gaa gcc cgg gcc gag acc tat tcg ctc 48
Met Asn Lys Pro Gln Ser Trp Glu Ala Arg Ala Glu Thr Tyr Ser Leu
1 5 10 15

tat ggt ttc acc gac atg cct tcg ctg cat cag cgc ggc acg gtc gtc 96
Tyr Gly Phe Thr Asp Met Pro Ser Leu His Gln Arg Gly Thr Val Val
20 25 30

gtg acc cat ggc gag gga ccc tat atc gtc gat gtg aat ggc cgg cgt 144
Val Thr His Gly Glu Gly Pro Tyr Ile Val Asp Val Asn Gly Arg Arg
35 40 45

tat ctg gac gcc aac tcg ggc ctg tgg aac atg gtc gcg ggc ttt gac 192
Tyr Leu Asp Ala Asn Ser Gly Leu Trp Asn Met Val Ala Gly Phe Asp
50 55 60

cac aag ggg ctg atc gac gcc gcc aag gcc caa tac gag cgt ttt ccc 240
His Lys Gly Leu Ile Asp Ala Ala Lys Ala Gln Tyr Glu Arg Phe Pro
65 70 75 80

ggt tat cac gcc ttt ttc ggc cgc atg tcc gat cag acg gta atg ctg 288
Gly Tyr His Ala Phe Phe Gly Arg Met Ser Asp Gln Thr Val Met Leu
85 90 95

tcg gaa aag ctg gtc gag gtg tcg ccc ttt gat tcg ggc cgg gtg ttc 336
Ser Glu Lys Leu Val Glu Val Ser Pro Phe Asp Ser Gly Arg Val Phe
100 105 110

tat aca aac tcc ggg tcc gag gcg aat gac acc atg gtc aag atg cta Tyr Thr Asn Ser Gly Ser Glu Ala Asn Asp Thr Met Val Lys Met Leu 115 120 125	384
tgg ttc ctg cat gca gcc gag ggc aaa ccg caa aag cgc aag atc ctg Trp Phe Leu His Ala Ala Glu Gly Lys Pro Gln Lys Arg Lys Ile Leu 130 135 140	432
acc cgc tgg aac gcc tat cac ggc gtg acc gcc gtt tcc gcc agc atg Thr Arg Trp Asn Ala Tyr His Gly Val Thr Ala Val Ser Ala Ser Met 145 150 155 160	480
acc ggc aag ccc tat aat tcc gtc ttt ggc ctg ccg ctg ccg ggc ttt Thr Gly Lys Pro Tyr Asn Ser Val Phe Gly Leu Pro Leu Pro Gly Phe 165 170 175	528
gtg cat ctg acc tgc ccg cat tac tgg cgc tat ggc gaa gag ggc gaa Val His Leu Thr Cys Pro His Tyr Trp Arg Tyr Gly Glu Glu Gly Glu 180 185 190	576
acc gaa gag cag ttc gtc gcc cgc ctc gcc cgc gag ctg gag gaa acg Thr Glu Glu Gln Phe Val Ala Arg Leu Ala Arg Glu Leu Glu Glu Thr 195 200 205	624
atc cag cgc gag ggc gcc gac acc atc gcc ggt ttc ttt gcc gaa ccg Ile Gln Arg Glu Gly Ala Asp Thr Ile Ala Gly Phe Phe Ala Glu Pro 210 215 220	672
gtg atg ggc gcg ggc gcc gtg att ccc ccg gcc aag ggc tat ttc cag Val Met Gly Ala Gly Gly Val Ile Pro Pro Ala Lys Gly Tyr Phe Gln 225 230 235 240	720
gcg atc ctg cca atc ctg cgc aaa tat gac atc ccg gtc atc tcc gac Ala Ile Leu Pro Ile Leu Arg Lys Tyr Asp Ile Pro Val Ile Ser Asp 245 250 255	768
gag gtg atc tgc ggt ttc gga cgc acc ggt aac acc tgg ggc tgc gtg Glu Val Ile Cys Gly Phe Gly Arg Thr Gly Asn Thr Trp Gly Cys Val 260 265 270	816
acc tat gac ttt aca ccc gat gca atc atc tcc tcc aag aat ctt aca Thr Tyr Asp Phe Thr Pro Asp Ala Ile Ile Ser Ser Lys Asn Leu Thr 275 280 285	864
gcg ggc ttt ttc ccc atg ggg gcg gtg atc ctt ggc ccg gaa ctt tcc Ala Gly Phe Phe Pro Met Gly Ala Val Ile Leu Gly Pro Glu Leu Ser 290 295 300	912
aaa ccg ctg gaa acc gca atc gag gcg atc gag gaa ttc ccc cat ggc Lys Arg Leu Glu Thr Ala Ile Glu Ala Ile Glu Glu Phe Pro His Gly 305 310 315 320	960
ttt acc gcc tcc ggc cat ccg gtc ggc tgt gct att gcg ctg aaa gca Phe Thr Ala Ser Gly His Pro Val Gly Cys Ala Ile Ala Leu Lys Ala 325 330 335	1008
atc gac gtg gtg atg aat gaa ggg ctg gct gag aac gtc cgc cgc ctt Ile Asp Val Val Met Asn Glu Gly Leu Ala Glu Asn Val Arg Arg Leu 340 345 350	1056
gcc ccc cgt ttc gag gaa agg ctg aaa cat atc gcc gag cgc ccg aac Ala Pro Arg Phe Glu Glu Arg Leu Lys His Ile Ala Glu Arg Pro Asn 355 360 365	1104

atc ggt gaa tat cgc ggc atc ggc ttc atg tgg gcg ctg gag gct gtc 1152
 Ile Gly Glu Tyr Arg Gly Ile Gly Phe Met Trp Ala Leu Glu Ala Val
 370 375 380

aag gac aag gca agc aag acg ccg ttc gac ggc aac ctg tgc gtc agc 1200
 Lys Asp Lys Ala Ser Lys Thr Pro Phe Asp Gly Asn Leu Ser Val Ser
 385 390 395 400

gag cgt atc gcc aat acc tgc acc gat ctg ggg ctg att tgc cgg ccg 1248
 Glu Arg Ile Ala Asn Thr Cys Thr Asp Leu Gly Leu Ile Cys Arg Pro
 405 410 415

ctt ggt cag tcc gtc gtc ctt tgt ccg ccc ttt atc ctg acc gag gcg 1296
 Leu Gly Gln Ser Val Leu Cys Pro Pro Phe Ile Leu Thr Glu Ala
 420 425 430

cag atg gat gag atg ttc gat aaa ctc gaa aaa gcc ctt gat aag gtc 1344
 Gln Met Asp Glu Met Phe Asp Lys Leu Glu Lys Ala Leu Asp Lys Val
 435 440 445

ttt gcc gag gtt gcc tga 1362
 Phe Ala Glu Val Ala
 450

<210> 87
 <211> 453
 <212> PRT
 <213> vibrio fluvialis

<400> 87
 Met Asn Lys Pro Gln Ser Trp Glu Ala Arg Ala Glu Thr Tyr Ser Leu
 1 5 10 15

Tyr Gly Phe Thr Asp Met Pro Ser Leu His Gln Arg Gly Thr Val Val
 20 25 30

Val Thr His Gly Glu Gly Pro Tyr Ile Val Asp Val Asn Gly Arg Arg
 35 40 45

Tyr Leu Asp Ala Asn Ser Gly Leu Trp Asn Met Val Ala Gly Phe Asp
 50 55 60

His Lys Gly Leu Ile Asp Ala Ala Lys Ala Gln Tyr Glu Arg Phe Pro
 65 70 75 80

Gly Tyr His Ala Phe Phe Gly Arg Met Ser Asp Gln Thr Val Met Leu
 85 90 95

Ser Glu Lys Leu Val Glu Val Ser Pro Phe Asp Ser Gly Arg Val Phe
 100 105 110

Tyr Thr Asn Ser Gly Ser Glu Ala Asn Asp Thr Met Val Lys Met Leu
 115 120 125

Trp Phe Leu His Ala Ala Glu Gly Lys Pro Gln Lys Arg Lys Ile Leu
130 135 140

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

Thr Gly Lys Pro Tyr Asn Ser Val Phe Gly Leu Pro Leu Pro Gly Phe
165 170 175

Val His Leu Thr Cys Pro His Tyr Trp Arg Tyr Gly Glu Glu Gly Glu
180 185 190

Thr Glu Glu Gln Phe Val Ala Arg Leu Ala Arg Glu Leu Glu Glu Thr
195 200 205

Ile Gln Arg Glu Gly Ala Asp Thr Ile Ala Gly Phe Phe Ala Glu Pro
210 215 220

Val Met Gly Ala Gly Gly Val Ile Pro Pro Ala Lys Gly Tyr Phe Gln
225 230 235 240

Ala Ile Leu Pro Ile Leu Arg Lys Tyr Asp Ile Pro Val Ile Ser Asp
245 250 255

Glu Val Ile Cys Gly Phe Gly Arg Thr Gly Asn Thr Trp Gly Cys Val
260 265 270

Thr Tyr Asp Phe Thr Pro Asp Ala Ile Ile Ser Ser Lys Asn Leu Thr
275 280 285

Ala Gly Phe Phe Pro Met Gly Ala Val Ile Leu Gly Pro Glu Leu Ser
290 295 300

Lys Arg Leu Glu Thr Ala Ile Glu Ala Ile Glu Glu Phe Pro His Gly
305 310 315 320

Phe Thr Ala Ser Gly His Pro Val Gly Cys Ala Ile Ala Leu Lys Ala
325 330 335

Ile Asp Val Val Met Asn Glu Gly Leu Ala Glu Asn Val Arg Arg Leu
340 345 350

Ala Pro Arg Phe Glu Glu Arg Leu Lys His Ile Ala Glu Arg Pro Asn
355 360 365

Ile Gly Glu Tyr Arg Gly Ile Gly Phe Met Trp Ala Leu Glu Ala Val

370

375

380

Lys Asp Lys Ala Ser Lys Thr Pro Phe Asp Gly Asn Leu Ser Val Ser
385 390 395 400

Glu Arg Ile Ala Asn Thr Cys Thr Asp Leu Gly Leu Ile Cys Arg Pro
405 410 415

Leu Gly Gln Ser Val Val Leu Cys Pro Pro Phe Ile Leu Thr Glu Ala
420 425 430

Gln Met Asp Glu Met Phe Asp Lys Leu Glu Lys Ala Leu Asp Lys Val
435 440 445

Phe Ala Glu Val Ala
450

<210> 88
<211> 1362
<212> ADN
<213> Artificial

<220>
<223> Gen de codon optimizado de Omega-aminotransferasa de Vibrio fluvialis JS17

<400> 88
atgaataaac cacagtcttg ggaagctcgt gctgaaacct atagcctgta cggctttacc 60
gatatgccgt ctctgcacca gcgtggtact gtagtggttaa cgcacggtga gggcccgtag 120
atcgtggacg ttaatggccg cgttacctg gatgcaaaca gcggcctgtg gaacatggtt 180
gcgggcttcg accacaaagg cctgatcgat gccgaaaag cgcagtacga acgcttcccg 240
ggttatcacg cgttcttttg cgtatgagc gaccagactg tgatgctgag cgaaaaactg 300
gttgaagtgt ccccgttcga tagcggtcgt gtcttttaca ctaactctgg cagcgaggct 360
aacgatacca tggttaagat gctgtggttc ctgcacgcag cggaaggcaa acctcagaaa 420
cgtaaaattc tgaccggtt gaacgcttat cacggtgtga ctgctgtttc cgcactctatg 480
accggtaaac cgtataacag cgtgttcggt ctgccgctgc ctggcttcgt gcatctgacc 540
tgcccgcaact actggcggtta tggtaggaa ggcgaaactg aggaacagtt cgtggcgcggt 600
ctggctcgtg aactggaaga aaccattcaa cgcgaagggtg cagatactat cgcgggcttc 660
tttgcggagc ctgttatggg tgccggcggt gtgattccgc cggcgaaggg ctatttccag 720
gcaatcctgc cgatcctgcg caagtacgac attccggtta tttctgacga agtgatctgc 780
ggcttcggcc gcaccggtaa cacctggggc tgcgtgacgt atgacttcac tccggacgca 840
atcattagct ctaaaaacct gactgcgggt ttcttccta tgggcgcgt aatcctgggc 900
ccagaactgt ctaagcgcct ggaaaccgcc atcgaggcaa tcgaagagtt cccgcacggt 960

```

ttcactgcta gcggccatcc ggtaggctgc gcaatcgcgc tgaaggcgat cgatgttgtc 1020
atgaacgagg gcctggcgga aaacgtgcbc cgcctggcbc cgcgttttga agaacgtctg 1080
aaacacattg ctgagcgccc gaacattggc gaatatcgcg gcatcggttt catgtgggoc 1140
ctggaagcag ttaaagataa agctagcaag accccgttcg acggcaacct gtccgtgagc 1200
gaacgtatcg ctaataacctg tacggacctg ggtctgatct gccgtccgct gggtcagtc 1260
gtagtctctg gccaccatt taccctgacc gaagcgaga tggatgaaat gttcgataaa 1320
ctggagaaag ctctggataa agtggtcgtc gaagtcgct aa 1362

```

<210> 89
 <211> 1350
 5 <212> ADN
 <213> Bacillus weihenstephanensis

<220>
 <221> CDS
 10 <222> (1)..(1350)

```

<400> 89
gtg caa gcg acg gag caa aca caa agt ttg aaa aaa aca gat gaa aag 48
Val Gln Ala Thr Glu Gln Thr Gln Ser Leu Lys Lys Thr Asp Glu Lys
1 5 10 15

tac ctt tgg cat gcg atg aga gga gca gcc cct agt cca acg aat tta 96
Tyr Leu Trp His Ala Met Arg Gly Ala Ala Pro Ser Pro Thr Asn Leu
20 25 30

att atc aca aaa gca gaa ggg gca tgg gtg acg gat att gat gga aac 144
Ile Ile Thr Lys Ala Glu Gly Ala Trp Val Thr Asp Ile Asp Gly Asn
35 40 45

cgt tat tta gac ggt atg tcc ggt ctt tgg tgc gtg aat gtt ggg tat 192
Arg Tyr Leu Asp Gly Met Ser Gly Leu Trp Cys Val Asn Val Gly Tyr
50 55 60

ggt cga aaa gaa ctt gca aga gcg gcg ttt gaa cag ctt gaa gaa atg 240
Gly Arg Lys Glu Leu Ala Arg Ala Ala Phe Glu Gln Leu Glu Glu Met
65 70 75 80

ccg tat ttc cct ctg act caa agt cat gtt cct gct att aaa tta gca 288
Pro Tyr Phe Pro Leu Thr Gln Ser His Val Pro Ala Ile Lys Leu Ala
85 90 95

gaa aaa ttg aat gaa tgg ctt gat gat gaa tac gtc att ttc ttt tct 336
Glu Lys Leu Asn Glu Trp Leu Asp Asp Glu Tyr Val Ile Phe Phe Ser
100 105 110

aac agt gga tcg gaa gcg aat gaa aca gca ttt aaa att gct cgt caa 384
Asn Ser Gly Ser Glu Ala Asn Glu Thr Ala Phe Lys Ile Ala Arg Gln
115 120 125

tat cat caa caa aaa ggt gat cat gga cgc tat aag ttt att tcc cgc 432
Tyr His Gln Gln Lys Gly Asp His Gly Arg Tyr Lys Phe Ile Ser Arg
130 135 140

```

tac cgc gct tat cac ggt aac tca atg gga gct ctt gca gca aca ggt Tyr Arg Ala Tyr His Gly Asn Ser Met Gly Ala Leu Ala Ala Thr Gly 145 150 155 160	480
caa gca cag cga aag tat aaa tat gaa cca ctc ggg caa gga ttc ctg Gln Ala Gln Arg Lys Tyr Lys Tyr Glu Pro Leu Gly Gln Gly Phe Leu 165 170 175	528
cat gta gca ccg cct gat acg tat cga aat cca gag gat gtt cat aca His Val Ala Pro Pro Asp Thr Tyr Arg Asn Pro Glu Asp Val His Thr 180 185 190	576
ctg gca agt gct gag gaa atc gat cgt gtc atg aca tgg gag tta agc Leu Ala Ser Ala Glu Glu Ile Asp Arg Val Met Thr Trp Glu Leu Ser 195 200 205	624
caa aca gta gcc ggt gtg att atg gag cca atc att act ggg ggc gga Gln Thr Val Ala Gly Val Ile Met Glu Pro Ile Ile Thr Gly Gly Gly 210 215 220	672
att tta atg cct cct gat gga tat atg gga aaa gta aaa gaa att tgc Ile Leu Met Pro Pro Asp Gly Tyr Met Gly Lys Val Lys Glu Ile Cys 225 230 235 240	720
gag aag cac ggt gcg ttg ctc att tgt gat gaa gtt ata tgt gga ttt Glu Lys His Gly Ala Leu Leu Ile Cys Asp Glu Val Ile Cys Gly Phe 245 250 255	768
ggc cgg aca ggg aag cca ttt gga ttt atg aat tat ggc gtc aaa cca Gly Arg Thr Gly Lys Pro Phe Gly Phe Met Asn Tyr Gly Val Lys Pro 260 265 270	816
gat atc att aca atg gca aaa ggt att aca agt gcg tat ctt cct ttg Asp Ile Ile Thr Met Ala Lys Gly Ile Thr Ser Ala Tyr Leu Pro Leu 275 280 285	864
tca gca aca gca gtt aga cga gag gtt tat gag gca ttc gta ggt agt Ser Ala Thr Ala Val Arg Arg Glu Val Tyr Glu Ala Phe Val Gly Ser 290 295 300	912
gat gat tat gat cgc ttc cgc cat gta aat acg ttc gga ggg aat cct Asp Asp Tyr Asp Arg Phe Arg His Val Asn Thr Phe Gly Gly Asn Pro 305 310 315 320	960
gct gct tgc gct tta gct ttg aag aat tta gaa att atg gag aat gag Ala Ala Cys Ala Leu Ala Leu Lys Asn Leu Glu Ile Met Glu Asn Glu 325 330 335	1008
aaa ctc att gaa cgt tcc aaa gaa ttg ggt gaa cga ctg tta tat gag Lys Leu Ile Glu Arg Ser Lys Glu Leu Gly Glu Arg Leu Leu Tyr Glu 340 345 350	1056
cta gag gat gta aaa gag cat cca aac gta ggg gat gtt cgc gga aag Leu Glu Asp Val Lys Glu His Pro Asn Val Gly Asp Val Arg Gly Lys 355 360 365	1104
ggc ctt ctt tta ggc att gaa cta gtg gaa gat aag caa aca aaa gaa Gly Leu Leu Leu Gly Ile Glu Leu Val Glu Asp Lys Gln Thr Lys Glu 370 375 380	1152
ccg gct tcc att gaa aag atg aac aaa gtc atc aat gct tgt aaa gaa Pro Ala Ser Ile Glu Lys Met Asn Lys Val Ile Asn Ala Cys Lys Glu 385 390 395 400	1200

ES 2 655 710 T3

aaa ggt cta att att ggt aaa aat ggt gac act gtc gca ggt tac aat 1248
 Lys Gly Leu Ile Ile Gly Lys Asn Gly Asp Thr Val Ala Gly Tyr Asn
 405 410 415
 aat att ttg cag ctt gca cct cca tta agc atc aca gag gaa gac ttt 1296
 Asn Ile Leu Gln Leu Ala Pro Pro Leu Ser Ile Thr Glu Glu Asp Phe
 420 425 430
 act ttt atc gtt aaa aca atg aaa gaa tgt tta tcc cgc att aac ggg 1344
 Thr Phe Ile Val Lys Thr Met Lys Glu Cys Leu Ser Arg Ile Asn Gly
 435 440 445
 cag taa 1350
 Gln

<210> 90

<211> 449

<212> PRT

<213> Bacillus weihenstephanensis

<400> 90

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

Gln Ala Gln Arg Lys Tyr Lys Tyr Glu Pro Leu Gly Gln Gly Phe Leu
165 170 175

His Val Ala Pro Pro Asp Thr Tyr Arg Asn Pro Glu Asp Val His Thr
180 185 190

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

Gln Thr Val Ala Gly Val Ile Met Glu Pro Ile Ile Thr Gly Gly Gly
210 215 220

Ile Leu Met Pro Pro Asp Gly Tyr Met Gly Lys Val Lys Glu Ile Cys
225 230 235 240

Glu Lys His Gly Ala Leu Leu Ile Cys Asp Glu Val Ile Cys Gly Phe
245 250 255

Gly Arg Thr Gly Lys Pro Phe Gly Phe Met Asn Tyr Gly Val Lys Pro
260 265 270

Asp Ile Ile Thr Met Ala Lys Gly Ile Thr Ser Ala Tyr Leu Pro Leu
275 280 285

Ser Ala Thr Ala Val Arg Arg Glu Val Tyr Glu Ala Phe Val Gly Ser
290 295 300

Asp Asp Tyr Asp Arg Phe Arg His Val Asn Thr Phe Gly Gly Asn Pro
305 310 315 320

Ala Ala Cys Ala Leu Ala Leu Lys Asn Leu Glu Ile Met Glu Asn Glu
325 330 335

Lys Leu Ile Glu Arg Ser Lys Glu Leu Gly Glu Arg Leu Leu Tyr Glu
340 345 350

Leu Glu Asp Val Lys Glu His Pro Asn Val Gly Asp Val Arg Gly Lys
355 360 365

Gly Leu Leu Leu Gly Ile Glu Leu Val Glu Asp Lys Gln Thr Lys Glu
370 375 380

Pro Ala Ser Ile Glu Lys Met Asn Lys Val Ile Asn Ala Cys Lys Glu
385 390 395 400

Lys Gly Leu Ile Ile Gly Lys Asn Gly Asp Thr Val Ala Gly Tyr Asn

ES 2 655 710 T3

405

410

415

Asn Ile Leu Gln Leu Ala Pro Pro Leu Ser Ile Thr Glu Glu Asp Phe
420 425 430

Thr Phe Ile Val Lys Thr Met Lys Glu Cys Leu Ser Arg Ile Asn Gly
435 440 445

Gln

<210> 91

<211> 1350

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> gen de codon optimizado de aminotransferasa de KBAB4 de B. weihenstephanensis

<400> 91

```

atgcaggcta ccgaacaaac ccaatctctg aaaaagactg acgaaaaata tctgtggcac      60
gcgatgcgcg gtgcagctcc gtctccgacc aacctgatta ttaccaaagc tgaaggcgcg      120
tggttgaccg acattgacgg taaccgttat ctggatggca tgagcggcct gtggtgtggt      180
aatgtcgggt atggccgtaa ggagctggcg cgcgcggcat ttgaacaact ggaagaaatg      240
ccgtacttcc cgctgactca aagccatgtg cgggctatca aactggcgga aaaactgaac      300
gaatggctgg acgacgaata cgtgatttcc ttctctaatt ctggctccga agcaaacgaa      360
accgcattca aaatcgcccg tcaatatcac cagcagaaag gtgaccaagg ccgtataaaa      420
ttcatcagcc gttatcgtgc ataccatggt aattctatgg gtgcgctggc tgctaccggt      480
caggctcagc gcaaatacaa gtacgaaccg ctgggtcagg gttttctgca cgttgacca      540
ccggatacct accgtaaccc ggaagacgtc cacaccctgg cttctgccga agaaatcgat      600
cgtgttatga cctgggagct gtcccagact gttgcgggtg ttatcatgga acctattatt      660
accggtggtg gcattctgat gccgcgggac ggttatatgg gtaaaagcaa ggaaatctgc      720
gaaaaacacg gcgcgctgct gatctgcgat gaagtatatc gtggcttcgg tcgcaccggc      780
aaaccatttg gcttcatgaa ttatggcgta aaacctgaca ttattacat ggctaaaggc      840
attacttccg cttatctgcc gctgagcgcg accgcagttc gccgcgaagt ttatgaagcg      900
tttgttggtt ctgatgatta cgaccgttcc cgtcatgtaa acacgtttgg cggtaaccca      960
gcggcatgtg cgctggcgct gaaaaacctg gaaatcatgg aaaacgaaaa gctgatcgaa     1020
cgtagcaaag aactgggtga acgtctgctg tacgaactgg aagatgtcaa agaacacccg     1080
aacgtgggcg atgttcgcgg taaaggcctg ctgctgggta ttgaactggt tgaagacaaa     1140
cagaccaagg aaccggcttc cattgaaaag atgaacaaag tgattaacgc gtgcaaagag     1200

aaaggcctga tcattggtaa gaacggtgat accgtggcag gttataacaa cattctgcag     1260
ctggcgcgcg ctctgagcat cactgaagaa gatttcacct tcctcgtcaa aactatgaag     1320
gagtgcctga gccgcaccaa tggtcagtaa                                     1350

```

<210> 92

<211> 255

<212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*; Hydroxiacil-tioéster deshidratasa tipo 2, mitochondrial (P38790)

<400> 92

```

Met Ala Glu Leu Arg Val Leu Val Ala Val Lys Arg Val Ile Asp Tyr
 1          5          10          15

Ala Val Lys Ile Arg Val Lys Pro Asp Arg Thr Gly Val Val Thr Asp
      20          25          30

Gly Val Lys His Ser Met Asn Pro Phe Cys Glu Ile Ala Val Glu Glu
      35          40          45

Ala Val Arg Leu Lys Glu Lys Lys Leu Val Lys Glu Val Ile Ala Val
      50          55          60

Ser Cys Gly Pro Ala Gln Cys Gln Glu Thr Ile Arg Thr Ala Leu Ala
      65          70          75          80

Met Gly Ala Asp Arg Gly Ile His Val Glu Val Pro Pro Ala Glu Ala
      85          90          95

Glu Arg Leu Gly Pro Leu Gln Val Ala Arg Val Leu Ala Lys Leu Ala
      100          105          110

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

Asp Asp Cys Asn Gln Thr Gly Gln Met Thr Ala Gly Phe Leu Asp Trp
      130          135          140

Pro Gln Gly Thr Phe Ala Ser Gln Val Thr Leu Glu Gly Asp Lys Leu
      145          150          155          160

Lys Val Glu Arg Glu Ile Asp Gly Gly Leu Glu Thr Leu Arg Leu Lys
      165          170          175

Leu Pro Ala Val Val Thr Ala Asp Leu Arg Leu Asn Glu Pro Arg Tyr
      180          185          190

Ala Thr Leu Pro Asn Ile Met Lys Ala Lys Lys Lys Lys Ile Glu Val
      195          200          205

Ile Lys Pro Gly Asp Leu Gly Val Asp Leu Thr Ser Lys Leu Ser Val
      210          215          220

Ile Ser Val Glu Asp Pro Pro Gln Arg Thr Ala Gly Val Lys Val Glu
      225          230          235          240

Thr Thr Glu Asp Leu Val Ala Lys Leu Lys Glu Ile Gly Arg Ile
      245          250          255

```

5

<210> 93

<211> 860

10

ES 2 655 710 T3

<212> ADN
<213> artificial

<220>

5 <223> *Microscilla marina* ATCC 23134 Peroxisomal trans-2-enoil-CoA reductasa; EC=1.3.1.38 (A1ZFB1)

<400> 93

```

ggtaccggat ccctaacagg aggaattaac catggtccag aaagacctgt tcaaagacaa      60
agttgttctg gtaactggcg gtcgttctgg tatcggttac gcaatttctc agatgatgct      120
ggaactgggt gcgaaagttg ttatcgcttc tcgcaaagag gatctgctga aacaggctgc      180
tgaagaactg tctcagtacg gtgaatgctc ctacctggct tgcgacatcc gtgaatctga      240
ccagcgtact gcgctgatgg agaagatcaa agctgacaac ggctcgtctgg atatcctggt      300
taacaacgct ggcggtcagt tcccggcacc gccagaaacc atctctgaaa acggctggga      360
cgctgttata aacaacaacc tgaacggtag ttccacatg tcctctctga tggcgcgta      420
cttcttcata ccgcagaaag aaggttgcat catcaacatc atcgctaaca tctaccgcgg      480
tttcccgctc atggttcaca ccggtgcagc acgtgctggc gttgaaaacc tgacccaaac      540
tctggcggtt gagtggggcg actacaacat ccgcgttaac gcgattgctc cgggtactat      600
cgaatcttcc ggtctggata cttaccogaa gccggtacag gacatcctgg gtgaagcgcg      660
tgctgcagta ccactgaaac gcttcggtac tgttactgaa atcgctaaca ccacttgctt      720
cctggccttc ccgctggctt cttacatctc cgggtgttct ctgtacgttg acgggtgcaca      780
gcacctgaac ggtggtgacc cgatgaagct gactcgctg atgctgcat tcaccaagtc      840
tcgtgagctc taataagctt                                     860

```

10 <210> 94

<211> 273

<212> PRT

<213> *Microscilla marina* ATCC 23134 Peroxisomal trans-2-enoil-CoA reductasa; EC=1.3.1.38 (A1ZFB1)

15 <400> 94

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

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

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

Thr

<210> 95
<211> 1241
<212> ADN
<213> -----ficial

<220>
<223> Clostridium beijerinckii (cepa ATCC 51743 / NCIMB 8052),
Reductasa putativa Cbei_2086; EC=1.3.1 (A6LV73)

<400> 95
gggtaccggat ccctaacagg aggaattaat catgatcttc aagccggaac tgatcaaagg 60
tategctaaa acttctcacc cgtacggttg ccgtaaagaa gttctgaacc agatcgaata 120
ctgcaaaaac gctaagcagt tccacggtcc gaagaaagtt ctgatcatcg gtgcttcttc 180
cgggttccgg ctggcaactc gcatttctct ggcgttcggg ggtgcgaaag cagacaccat 240
cgggtgtttct ttogaaaccg gtatcactga ccgccgtact ggtactgcag gctggtacaa 300
caacatcttc ttcaaagagt tcgcagaaaa agaaggctctg attgctaaaa acttcacatcg 360
tgacgcattc tctgacgaag ttaaagaaaa cggtatcaaa tacatcaaaa acgagttcgg 420
taagatcgat ctgctgatct actctctggc ttctccgcgc cgtaaagatc cgaaaaccgg 480
taacatctac gactccactc tgaaaaccac ttctggcgag ttccagggcc caaccatcga 540
catggaaact gacgaactgg ttactaccaa agttaactcc gcaactgaca aagaaatcga 600
agcgaccaag aaagtaatgg gtggtgaaga ttggtctgaa tggtgcaaac tgctgctgga 660
aaacgactgc ctgtctgaca aagctatcac tatctcttac tcttacatcg gtgcttctcg 720
cacttacaaa atctaccgtg aaggtactat cgggtgaagcg aagcgtcacc tggaaaacac 780
tgcgattcag atcgacaaag aatggcagaa gaagatcaac ggtaaagcat tcgtttctgt 840
taacaaagca atcgttacca aggttctgc ttacatcccg tctttctctc tgtacgctgc 900
tgttctgtac aaagtaatga aagaaaaaaa tctgcacgaa aactgcatca tgcagatgca 960
gggtatgttc gctgacaaaa tctacgctga aaatctgctg gagttcgacg actccggctc 1020
tctgcgtatg gacgactggg aactgcgtga agatgtacag tctgaagtta acgaactgtg 1080
ggaaaaaate actccggata acttcaagat cctgtctgac tacgacgggtt acaagaaaga 1140
gttcatgcag ctgaacggct tcgaaatcga cgggtgttaac tactctgaag atatcgacat 1200
cgaagcgtg aagcgcctgg aaccggagct ctaataagct t 1241

<210> 96
 <211> 400
 <212> PRT
 <213> Clostridium beijerinckii (cepa ATCC 51743 / NCIMB 8052),
 reductasa Cbei_2086; EC=1.3.1 (A6LV73)
 <400> 96

 Met Ile Phe Lys Pro Glu Leu Ile Lys Gly Ile Ala Lys Thr Ser His
 1 5 10 15

 Pro Tyr Gly Cys Arg Lys Glu Val Leu Asn Gln Ile Glu Tyr Cys Lys
 20 25 30

 Asn Ala Lys Gln Phe His Gly Pro Lys Lys Val Leu Ile Ile Gly Ala
 35 40 45

 Ser Ser Gly Phe Gly Leu Ala Thr Arg Ile Ser Leu Ala Phe Gly Gly
 50 55 60

 Ala Lys Ala Asp Thr Ile Gly Val Ser Phe Glu Thr Gly Ile Thr Asp
 65 70 75 80

 Arg Arg Thr Gly Thr Ala Gly Trp Tyr Asn Asn Ile Phe Phe Lys Glu
 85 90 95

 Phe Ala Glu Lys Glu Gly Leu Ile Ala Lys Asn Phe Ile Gly Asp Ala
 100 105 110

 Phe Ser Asp Glu Val Lys Glu Asn Val Ile Lys Tyr Ile Lys Asn Glu
 115 120 125

 Phe Gly Lys Ile Asp Leu Leu Ile Tyr Ser Leu Ala Ser Pro Arg Arg
 130 135 140

 Lys Asp Pro Lys Thr Gly Asn Ile Tyr Asp Ser Thr Leu Lys Thr Thr
 145 150 155 160

 Ser Gly Glu Phe Gln Gly Pro Thr Ile Asp Met Glu Thr Asp Glu Leu
 165 170 175

 Val Thr Thr Lys Val Asn Ser Ala Thr Asp Lys Glu Ile Glu Ala Thr
 180 185 190

 Lys Lys Val Met Gly Gly Glu Asp Trp Ser Glu Trp Cys Lys Leu Leu
 195 200 205

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

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

<210> 97

<211> 1238

5 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

10 <223> Aeromonas hydrophila subesp. hydrophila (cepa ATCC 7966 / NCIB 9240), Trans-2-enoil-CoA reductasa;
EC=1.3:1.44 (A0KLI7)

<400> 97

ggtaccggat ccctaacagg aggaattaat catgatcatc aagccgaaag ttcgtggctt 60

catctgcacc actactcacc cggttggttg cgaagctaac gttcgtcgtc agatcgctta 120

caccaaagcg aaaggtacta tcgaaaacgg tccgaagaaa gttctgggta tcggtgcttc 180

```
taccggttac ggtctggctt ctgcattgc tgctgcattc ggttctggtg cggcaactct 240
gggcgtattc ttcgaaaaag cgggttctga aacccaaact gcaactgctg gctgggtacaa 300
ctccgcagca ttcgacaaag cagctaaaga agcgggtctg tacgctaaat ctatcaacgg 360
tgacgcattc tctaacgaat gccgcgctaa agttatcgaa ctgatcaagc aggacctggg 420
tcagatcgac ctggttggtt actctctggc ttctccggtg cgtaagctgc cggataccgg 480
tgaagttggt cgttctgcac tgaaaccgat cgggtgaagt tacaccacta ctgctatcga 540
caccaacaaa gaccagatca tcaactgaac cgttgagcgc gctaacgaag aagaaatcca 600
gaacaccatc accgtaatgg gtggtcagga ctgggaactg tggatggctg cgtgcgcga 660
tgctggcgta ctggcagacg gtgcgaagtc tgttgcttac tcttacatcg gtactgacct 720
gacctggcca atctactggc acggtactct gggtcgtgcg aaagaagatt tggaccgcgc 780
tgcagctgct atccgcggtg acctggcagg caaagggtgt actgcgcacg ttgctgtact 840
gaaatctggt gttactcagg cttcttctgc gattccggtg atgccgctgt acatctctat 900
ggcattcaag attatgaaag agaaaggtat ccacgaaggt tgcattggaac aggttgaccg 960
tatgatgcgt actcgtctgt acgctgcaga catggcgtg gatgaccagg cgcgtatccg 1020
tatggacgac tgggaactgc gtgaagatgt tcagcagact tgccgcgacc tgtggccgtc 1080
tatcacttct gaaaacctgt gcgaactgac tgactacacc ggttacaagc aggagttcct 1140
gcgtctgttc ggtttcggtc tggaagaagt tgactacgac gctgacgtta acccggacgt 1200
taagttcgac gttgttgaac tagagctcta ataagctt 1238
```

<210> 98

<211> 399

5 <212> PRT

<213> Aeromonas hydrophila subesp. hydrophila (cepa ATCC 7966 / NCIB 9240), Trans-2-enoil-CoA reductasa;
EC=1.3.1.44 (A0KLI7)

<400> 98

```
Met Ile Ile Lys Pro Lys Val Arg Gly Phe Ile Cys Thr Thr Thr His
1           5           10           15
```

```
Pro Val Gly Cys Glu Ala Asn Val Arg Arg Gln Ile Ala Tyr Thr Lys
20           25           30
```

```
Ala Lys Gly Thr Ile Glu Asn Gly Pro Lys Lys Val Leu Val Ile Gly
35           40           45
```

```
Ala Ser Thr Gly Tyr Gly Leu Ala Ser Arg Ile Ala Ala Ala Phe Gly
50           55           60
```

```
Ser Gly Ala Ala Thr Leu Gly Val Phe Phe Glu Lys Ala Gly Ser Glu
65           70           75           80
```

10

ES 2 655 710 T3

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

ES 2 655 710 T3

325 330 335

Arg Glu Asp Val Gln Gln Thr Cys Arg Asp Leu Trp Pro Ser Ile Thr
340 345 350

Ser Glu Asn Leu Cys Glu Leu Thr Asp Tyr Thr Gly Tyr Lys Gln Glu
355 360 365

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

Asp Val Asn Pro Asp Val Lys Phe Asp Val Val Glu Leu Glu Thr
385 390 395

<210> 99

<211> 1142.

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Yarrowia lipolytica, Probable trans-2-enol-CoA reductasa, mitochondrial; EC=1.3.1.38, (Q6CBE4)

<400> 99

```

ggtaccggat ccctaacagg aggaattaac catggccggc ttcggtactc cgtctttcgg 60
tctgcgcttc aactccgttg gtcgtgcatt cgtattctct cagactggcg aaccgaaaga 120
cgttattcag gtactggaat acccaatcga aaaaccgctg gaaaaccagg ttctgctgaa 180
atctctgggc ttcaactatca acccggtga catcaaccag ctggaagggtg ttaccgcgtc 240
tgtaccgccg aaatctgtac agatcaacaa cgaagatgct gctatcgggtg gtaacgaagg 300
tctgttcag gttctggacc cgggtgctaa atctggtctg aagaaaggcg actgggtact 360
gccgcgtaaa acttgcttcg gcacctggcg ttctcacgcg ctggttgaag ctgataccgt 420
tgttaagatc gacaacaccg acctgaccaa agttcaggca actaccgttt ctgttaaccc 480
gtctactgct tacgaaatgc tgaaagacct gaaagaagggt gactggttca tccagaacgg 540
tggtaaactcc ggtgttggtc gtgctgcgat tcagatcgggt cacatccgcg gtctgaaatc 600
tatctccggt gttcgtgacc gtccggatct ggaagttctg aagaagaac tgactgacct 660
gggtgcaact cacgttatca ctgaagaaga agcgtctgac aaactgttct ccaagcagat 720
caaatcctgg actggcggtg aaatcaagct ggcactgaac tgcacgggtg gtaaatctgc 780
aactccatc atgcgtcagc tgggtgctgg cggttctatc gttacttacg gtggtatgct 840
caagaagccg ctgactttcc cgactggtcc gttcatcttc aaagacatca ctgcgaaagg 900
ttactggctg actcgcgtgg ctgacaagca cccggaagaa aaagcgaaaa ctatcgaaaa 960
catcttcaaa ttctaccgcg agaagaaatt cgttgctccg ccagttaaca tctccactct 1020
ggacttctct aaaggtaacg acgttggtct gtctgagttc ctggatgcac tgggtaaagc 1080
acagaaagggt ggtggttaaga agcagctggt acagtgggtt gaatacgagc tctaataagc 1140
tt 1142

```

<210> 100

<211> 367

<212> PRT

<213> Yarrowia lipolytica, Probable trans-2-enol-CoA reductasa, mitocondrial; EC=1.3.1.38, (Q6CBE4)

<400> 100

Met Ala Gly Phe Gly Thr Pro Ser Phe Gly Leu Arg Phe Asn Ser Val
 1 5 10 15

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

Gln Val Leu Glu Tyr Pro Ile Glu Lys Pro Leu Glu Asn Gln Val Leu
 35 40 45

Leu Lys Ser Leu Gly Phe Thr Ile Asn Pro Ala Asp Ile Asn Gln Leu
 50 55 60

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

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

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

Lys Thr Cys Phe Gly Thr Trp Arg Ser His Ala Leu Val Glu Ala Asp
 115 120 125

Thr Val Val Lys Ile Asp Asn Thr Asp Leu Thr Lys Val Gln Ala Thr
 130 135 140

Thr Val Ser Val Asn Pro Ser Thr Ala Tyr Glu Met Leu Lys Asp Leu
 145 150 155 160

Lys Glu Gly Asp Trp Phe Ile Gln Asn Gly Gly Asn Ser Gly Val Gly
 165 170 175

Arg Ala Ala Ile Gln Ile Gly His Ile Arg Gly Leu Lys Ser Ile Ser
 180 185 190

Val Val Arg Asp Arg Pro Asp Leu Glu Val Leu Lys Lys Glu Leu Thr
195 200 205

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

Leu Phe Ser Lys Gln Ile Lys Ser Trp Thr Gly Gly Lys Ile Lys Leu
225 230 235 240

Ala Leu Asn Cys Ile Gly Gly Lys Ser Ala Thr Ser Ile Met Arg Gln
245 250 255

Leu Gly Ala Gly Gly Ser Ile Val Thr Tyr Gly Gly Met Ser Lys Lys
260 265 270

Pro Leu Thr Phe Pro Thr Gly Pro Phe Ile Phe Lys Asp Ile Thr Ala
275 280 285

Lys Gly Tyr Trp Leu Thr Arg Trp Ala Asp Lys His Pro Glu Glu Lys
290 295 300

Ala Lys Thr Ile Glu Asn Ile Phe Lys Phe Tyr Arg Glu Lys Lys Phe
305 310 315 320

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

Asp Val Val Leu Ser Glu Phe Leu Asp Ala Leu Gly Lys Ala Gln Lys
340 345 350

Gly Gly Gly Lys Lys Gln Leu Val Gln Trp Val Glu Tyr Glu Thr
355 360 365

<210> 101
<211> 1856
5 <212> ADN
<213> Artificial

<220>
10 <223> Clostridium kluyveri (cepa ATCC 8527 / DSM 555 / NCIMB 10680) (A5N5C9)

<400> 101
ggtaccggat ccctaacagg aggaattaac catggacctg gcagaatata aaggcgtatg 60
ggtattcgct gaacagcgtg acggtgaact gcagaaagtt gcgctgcagc tggttggtaa 120
aggtcgtgaa ctggctgaca ctctgggtgt tgaactgact gcggtactgc tgggttctga 180
agttgatgac ctggcgaaag aactggttgc ttacggcgca gacaacgtac tgtacgcaga 240
ctctccgctg ctgaagcact acaccactga cggttacacc aaagttatcg acgaactgat 300

```

caaagagcgt aagccgga aa tcctgctgat cgggtgcgact ttcacgcgtc gtgacctggg 360
tccgcgcgtt gctggtcgcg tattcaccgg tctgactgca gactgcaccg gtctggatat 420
cgacgaagcg accaagaacc tgatgatgac tcgtccggca ttcggtggta acctgatggc 480
aactatcgct tgcgaaaaaa ctggtccgca gatgtccacc gttcgtccgg gcgtattcaa 540
cgactgccg cgcgacgctt cccgtactgg taagatcgaa aaaatcgctg ctaacgttgc 600
taaagacgac atccgtatcg aagttctgga agttgttaag tctgctggcg acaccatcga 660
catctctgaa gcagacgtta tcgtttctgg tggtcgcggt ctgggtggtc cggacggctt 720
caaagttctg aaagaactgg ctgatctgct ggggtggtact atcgggtggt ctgcgcgtac 780
catcgacgct ggctggatcg acaagtctta ccagggtggt cagactggta aaaccgttcg 840
tccgggtctg tacatcgctt gcggtatctc cggtcagatt cagcacctgg caggcatgca 900
ggattccggc ttcacgttgc ctatcaacaa agacgaaaac gcaccgatga tgcaagttgc 960
tgatctggcg attgttggtg aactgtacaa agttgttcca gagttcgttg aacaggttaa 1020
agcgtgaac ttgtaataac tagtctaaca ggaggaatta atcatgaaga tcgttgtttg 1080
cctgaaacag gttccggata ccaactgaagt taagatcgac ccgaaaaccg gtactctgat 1140
ccgtgaaggc gtaccgtcta tcatcaaccc ggatgacaaa aacgcgctgg aagaatccat 1200
tgctctgaaa gagaaagttg gcggcaccgt aactgttgtt tctatgggtc cgccacaggc 1260
tggtgatgag ctgcgtgaag cgctggcaat ggggtgctgac gaagcaatcc tggatatctga 1320
ccgcgctttc gctggtgctg aactcaggc aacttcttac gcactggcag gcgcactgaa 1380
aaactggaa tacgacctga ttttcgctgg tcgtcaggt atcgacggtg aactgcaca 1440
ggttggtccg cagatcgctg aaaaactggg tatcccgag atcacttaag ttgaaaaagt 1500
tgacgttgac ggtgacactc tgaccgtaca gcgtgcatgg gaagatggtt acgaagttgc 1560
gaaaatcaaa actccgtgca tgctgactgc tatcaaagag ctgaaccagc cgcgtacat 1620
gaacatgaag aacatcttcg aagtattcaa gaaagaagtt aaaatctggt ctgctgacga 1680
cctggacgtt gacaaaaaca agctgggtct gaacgggtcc tgcaccaaag ttaagcgttc 1740
tcacacaaaa gaagcgaaag gtgctggcga aatcgtaaac aagccgatca aagaagcgg 1800
tgcttactcc atctccaagc tgcgtgaaaa acacgttacc gagctctaag aagctt 1856

```

<210> 102

<211> 334

<212> PRT

<213> Clostridium kluyveri (cepa ATCC 8527 / DSM 555 / NCIMB 10680) (A5N5C9)

<400> 102

Met Asp Leu Ala Glu Tyr Lys Gly Val Trp Val Phe Ala Glu Gln Arg

5

10

ES 2 655 710 T3

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

Asp Lys Ser Tyr Gln Val Gly Gln Thr Gly Lys Thr Val Arg Pro Gly
260 265 270

Leu Tyr Ile Ala Cys Gly Ile Ser Gly Gln Ile Gln His Leu Ala Gly
275 280 285

Met Gln Asp Ser Gly Phe Ile Val Ala Ile Asn Lys Asp Glu Asn Ala
290 295 300

Pro Met Met Gln Val Ala Asp Leu Ala Ile Val Gly Asp Leu Tyr Lys
305 310 315 320

Val Val Pro Glu Phe Val Glu Gln Val Lys Ala Leu Asn Leu
325 330

<210> 103

<211> 259

<212> PRT

<213> Clostridium kluyveri (cepa ATCC 8527 / DSM 555 / NCIMB 10680) (A5N5D0)

<400> 103

Met Lys Ile Val Val Cys Leu Lys Gln Val Pro Asp Thr Thr Glu Val
1 5 10 15

Lys Ile Asp Pro Lys Thr Gly Thr Leu Ile Arg Glu Gly Val Pro Ser
20 25 30

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

Lys Glu Lys Val Gly Gly Thr Val Thr Val Val Ser Met Gly Pro Pro
50 55 60

Gln Ala Val Asp Ala Leu Arg Glu Ala Leu Ala Met Gly Ala Asp Glu
65 70 75 80

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

Thr Ser Tyr Ala Leu Ala Gly Ala Leu Lys Asn Leu Glu Tyr Asp Leu
100 105 110

Ile Phe Ala Gly Arg Gln Ala Ile Asp Gly Asp Thr Ala Gln Val Gly
115 120 125

Pro Gln Ile Ala Glu Lys Leu Gly Ile Pro Gln Ile Thr Tyr Val Glu
130 135 140

5

10

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

Asp Gly Tyr Glu Val Ala Lys Ile Lys Thr Pro Cys Met Leu Thr Ala
165 170 175

Ile Lys Glu Leu Asn Gln Pro Arg Tyr Met Asn Met Lys Asn Ile Phe
180 185 190

Glu Val Phe Lys Lys Glu Val Lys Ile Trp Ser Ala Asp Asp Leu Asp
195 200 205

Val Asp Lys Asn Lys Leu Gly Leu Asn Gly Ser Cys Thr Lys Val Lys
210 215 220

Arg Ser His Thr Lys Glu Ala Lys Gly Ala Gly Glu Ile Val Asn Lys
225 230 235 240

Pro Ile Lys Glu Ala Val Ala Tyr Ser Ile Ser Lys Leu Arg Glu Lys
245 250 255

His Val Ile

<210> 104

<211> 1196

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Megasphaera elsdenii, Acil-CoA deshidrogenasa, específica cadena corta; EC=1.3.99.2 (Q06319)

<400> 104

ggtaccggat ccctaacagg aggaattaac catggacttc aacctgactg atatccagca	60
ggacttcctg aaactggcac acgacttcgg tgaaaaaaaa ctggcaccaa ccgtaactga	120
acgtgaccac aaaggatatct acgacaaaga gctgatcgac gaactgctgt ctctgggtat	180
cactggcgct tacttcgaag agaaatacgg tggttctggt gacgacggtg gtgacgttct	240
gtcttacatc ctggctgttg aagaactggc gaaatacgac gctggcggtg ctatcactct	300
gtctgcaacc gtttctctgt gcgcaaacc gatctggcag ttcggtactg aagcgcagaa	360
agagaagttc ctggttccgc tggttgaagg tactaaactg ggtgcattcg gtctgactga	420
accgaacgct ggtactgacg cttctggtca gcagactatc gctaccaaaa acgacgacgg	480
tacttacact ctgaacggtt ctaaaatctt catcactaac ggtggtgcag ctgacatcta	540
catcgttttc gcaatgactg acaagtctaa aggtaaccac ggtatcactg cattcatcct	600

ggaagatggt actccgggct tcacttacgg taagaaagaa gataaaatgg gtatccacac 660
 ttctcagact atggaactgg tattccagga cgtaaagtt ccggcagaaa acatgctggg 720
 tgaagaaggt aaaggcttca aaatcgcgat gatgactctg gacgggtggtc gtatcgggtg 780
 tgctgctcag gcgctgggta tcgctgaagc ggcactggct gacgcggtag aatactccaa 840
 gcagcgtgta cagttcggta agccgctgtg caaattccag tctatctcct tcaaactggc 900
 tgatatgaag atgcagatcg aagcagctcg caacctgggt tacaagcgg catgtaagaa 960
 gcaggaaggt aagccgttca ccgttgatgc tgctatcgct aaacgcgttg cttctgacgt 1020
 tgcgatgcgc gtaactactg aagctgttca gattttcggg gggtacgggt actctgaaga 1080
 ataccgggtt gcgcgtcaca tgcgtgacgc taaaatcact cagatttacg aaggtactaa 1140
 cgaagttcag ctgatggtta ctggcgggtgc gctgctgcgt gagctctaata aagctt 1196

<210> 105

<211> 385

5 <212> PRT

<213> Megasphaera elsdonii, Acil-CoA deshidrogenasa, especifica cadena corta; EC=1.3.99.2 (Q06319)

<400> 105

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

His Asp Phe Gly Glu Lys Lys Leu Ala Pro Thr Val Thr Glu Arg Asp
 20 25 30

His Lys Gly Ile Tyr Asp Lys Glu Leu Ile Asp Glu Leu Leu Ser Leu
 35 40 45

Gly Ile Thr Gly Ala Tyr Phe Glu Glu Lys Tyr Gly Gly Ser Gly Asp
 50 55 60

Asp Gly Gly Asp Val Leu Ser Tyr Ile Leu Ala Val Glu Glu Leu Ala
 65 70 75 80

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

Cys Ala Asn Pro Ile Trp Gln Phe Gly Thr Glu Ala Gln Lys Glu Lys
 100 105 110

Phe Leu Val Pro Leu Val Glu Gly Thr Lys Leu Gly Ala Phe Gly Leu
 115 120 125

Thr Glu Pro Asn Ala Gly Thr Asp Ala Ser Gly Gln Gln Thr Ile Ala
 130 135 140

10

Thr Lys Asn Asp Asp Gly Thr Tyr Thr Leu Asn Gly Ser Lys Ile Phe
145 150 155 160

Ile Thr Asn Gly Gly Ala Ala Asp Ile Tyr Ile Val Phe Ala Met Thr
165 170 175

Asp Lys Ser Lys Gly Asn His Gly Ile Thr Ala Phe Ile Leu Glu Asp
180 185 190

Gly Thr Pro Gly Phe Thr Tyr Gly Lys Lys Glu Asp Lys Met Gly Ile
195 200 205

His Thr Ser Gln Thr Met Glu Leu Val Phe Gln Asp Val Lys Val Pro
210 215 220

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

Met Thr Leu Asp Gly Gly Arg Ile Gly Val Ala Ala Gln Ala Leu Gly
245 250 255

Ile Ala Glu Ala Ala Leu Ala Asp Ala Val Glu Tyr Ser Lys Gln Arg
260 265 270

Val Gln Phe Gly Lys Pro Leu Cys Lys Phe Gln Ser Ile Ser Phe Lys
275 280 285

Leu Ala Asp Met Lys Met Gln Ile Glu Ala Ala Arg Asn Leu Val Tyr
290 295 300

Lys Ala Ala Cys Lys Lys Gln Glu Gly Lys Pro Phe Thr Val Asp Ala
305 310 315 320

Ala Ile Ala Lys Arg Val Ala Ser Asp Val Ala Met Arg Val Thr Thr
325 330 335

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

Val Ala Arg His Met Arg Asp Ala Lys Ile Thr Gln Ile Tyr Glu Gly
355 360 365

Thr Asn Glu Val Gln Leu Met Val Thr Gly Gly Ala Leu Leu Arg Glu
370 375 380

Thr

385

5 <210> 106
<211> 1421
<212> ADN
<213> Artificial

10 <220>
<223> Acinetobacter sp. (cepa ADP1), Acil-CoA deshidrogenasa; EC=1.3.99 (Q937T2)

```

<400> 106
ggtacctttt ttgggctaac aggaggaatt aaccatgac aacaagatca tcaacgatat    60
cgaaccgatt ctgaaatcta tcccagacgg ttctaccatc atgacttctg gcttcggtag    120
taccggtcag ccggaagcgc tgctggaagc gctgatcgac ttcgccaccga aagagctgac    180
tatcatcaac aacaacgctt cttccggtcc gaacggctctg actcagctgt tcaactgctgg    240
tctggttaag aaactgatct gctcctaccc gaaatctatc tcttccaccg ttttcccgga    300
cctgtaccgc gctggtaaga tcgaactgga actggttccg cagggttaacc tggcttgccg    360
tatccaggca gctggcgccg gtctgggtgc agtattcact ccgactggtt acggtactaa    420
gatcgctgaa ggtaaagaaa ctcgatcat caacggtaaa aactacgttc tggaataccc    480
gctggaagct gactacgcat tcatctacgc tgacaaagct gaccgctggg gtaacctgac    540
ttaccgtaaa gcggcacgta acttcggtcc gatcatggcg aaagcagcta aaaccaatat    600
tgctcaggtt aaccagactg ttgaactggg cgatctggac ccggaatgca tcatcactcc    660
gggtatcttc gtacagcacg ttgttcgtct gggtgacatc aaataatttt ttgggctaac    720
aggaggaatt aaccatgact attcagaagc gttctcgcga agatatcgct atcatgatcg    780
ctaaagacat cccggacggt tcttacgta acctgggtat cggctctgccg actcacgttg    840
ctaaatatct gccgaaagac aaagaaatct tcttgcactc tgaaaacggt gttctggcat    900
tcgggtccgc gccagcagaa ggtgaagaag atcaggacct ggttaacgct ggtaaaagac    960
tggtaaactct gctgtctggt ggttgcttca tgcaccacgg tgactccttc gacatcatgc   1020
gtggtggta cctggatata tgogttatcg gtgcattcca ggttgcgctg aacggtgacc   1080
tggctaactg gcacaccggt aaagacgacg acgttccggc agtaggtggt gcaatggacc   1140
tggctgttgg tgcgaagcgt atcttcgttt acatggaaca caccaccaag aaaggtgaac   1200
cgaaaatcgt taagcacctg acttaccgga tcaccggtga acagtgcgta gaccgtatct   1260
acactgacct gtgcaccatc gaactgaaag acggtcaggc ttacgttata gaaatgggtg   1320
acggctctga ttctgacact ctgcaggcgc tgactgaatg cccgctgac gaccactgca   1380
cctactcttc tctgattcag ctacagataag gatccgagct c                               1421

```

- 5 <210> 107
 <211> 223
 <212> PRT
 <213> Acinetobacter sp. (cepa ADP1), Acil-CoA deshidrogenasa; EC=1.3.99 (Q937T2)

10 <400> 107

ES 2 655 710 T3

Met Ile Asn Lys Ile Ile Asn Asp Ile Glu Pro Ile Leu Lys Ser Ile
1 5 10 15

Pro Asp Gly Ser Thr Ile Met Thr Ser Gly Phe Gly Thr Thr Gly Gln
20 25 30

Pro Glu Ala Leu Leu Glu Ala Leu Ile Asp Phe Ala Pro Lys Glu Leu
35 40 45

Thr Ile Ile Asn Asn Asn Ala Ser Ser Gly Pro Asn Gly Leu Thr Gln
50 55 60

Leu Phe Thr Ala Gly Leu Val Lys Lys Leu Ile Cys Ser Tyr Pro Lys
65 70 75 80

Ser Ile Ser Ser Thr Val Phe Pro Asp Leu Tyr Arg Ala Gly Lys Ile
85 90 95

Glu Leu Glu Leu Val Pro Gln Gly Asn Leu Ala Cys Arg Ile Gln Ala
100 105 110

Ala Gly Ala Gly Leu Gly Ala Val Phe Thr Pro Thr Gly Tyr Gly Thr
115 120 125

Lys Ile Ala Glu Gly Lys Glu Thr Arg Ile Ile Asn Gly Lys Asn Tyr
130 135 140

Val Leu Glu Tyr Pro Leu Glu Ala Asp Tyr Ala Phe Ile Tyr Ala Asp
145 150 155 160

Lys Ala Asp Arg Trp Gly Asn Leu Thr Tyr Arg Lys Ala Ala Arg Asn
165 170 175

Phe Gly Pro Ile Met Ala Lys Ala Ala Lys Thr Thr Ile Ala Gln Val
180 185 190

Asn Gln Thr Val Glu Leu Gly Asp Leu Asp Pro Glu Cys Ile Ile Thr
195 200 205

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

<210> 108

<211> 1190

5 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Deinococcus radiodurans, Acil-CoA deshidrogenasa (Q9RVV0)

10

<400> 108

```

ggtagcggat ccctaacagg aggaattaac catggacttc aatctgccgg acgatctgcg      60
tgaagttcag gcaactatcc gtgacttcat gctgactcgc gttgaagatc gcgctcagga      120
aatcgaacac accaactccg taccgccgga actgatcaaa gaagcggcag acctgggtct      180
gttcggtctg tctatcccg aagaatacgg tgggtgttgg ctgtcctctc tgggtcggtg      240
cgcagtttac gaagcgatgg gtcagggcca catgggcttc ggtggtatga tctccgcaca      300
cgcttctatc ggtacttctg gtctggttaa actgggtaac gaagagcaga agcagcgttt      360
cctgccgcgt atggcggcag gcgaatgcat cgctggcttc gctatcactg aaccaagctc      420
cggttctgac gctggttaaca tccgtactaa agctgttaag aaaggcgacg tttaagttct      480
gaacggtact aagcactaca tctccaacgc tccgatcgct ggtctgctga ccgttatcgc      540
tatcactgac ccggcacagg gttcccggtg tatgtccgca ttctgtgttg aaccgcagtc      600
tactccgggc gtatctatcg gtaaaatcga cgaaaaaatg ggtcagaaag gtgcgctgtc      660
tgcagaagtt atcttogaag atgctgaaat cccggctgct aaccttctcg gtccggaaaa      720
ccgcggttac cgtgaagcgc tgggtattct gactaacggt cgcgttggtg tcgctgcacg      780
ttctactggc gcgatgcagc gtctgctgga cctgtctggt gcacacgctc agactcgcga      840
gcagttcggt aagccgatcg ctgagttcca ggcggtacag ttcagtctgg cagaaatgga      900
agttgcgatt cagacttctc gcgtactgtg gcagaaagtt gcatggatgg ttgaccaggg      960
tcaggacggt aagcgtatgg cgtctgttgc taaataccac gcaactgaaa tgctgtctca     1020
ggttgctgac aaagcggtag aggttgctgg cggtaggggt tacgttaaag acgctccgtt     1080
cgaacgtttc taccgcgacc agcgtctgct gcgtatctac gaaggtaact ctgaaatcca     1140
gaaagttatc atcgctgctg aactgctgcg tcgcgagctc taataagctt     1190

```

<210> 109

<211> 383

5 <212> PRT

<213> Deinococcus radiodurans, Acil-CoA deshydrogenasa (Q9RVV0)

<400> 109

```

Met Asp Phe Asn Leu Pro Asp Asp Leu Arg Glu Val Gln Ala Thr Ile
1           5           10           15

```

```

Arg Asp Phe Met Leu Thr Arg Val Glu Asp Arg Ala Gln Glu Ile Glu
20           25           30

```

10

ES 2 655 710 T3

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

ES 2 655 710 T3

275 280 285

Met Glu Val Ala Ile Gln Thr Ser Arg Val Leu Trp Gln Lys Val Ala
 290 295 300

Trp Met Val Asp Gln Gly Gln Asp Val Lys Arg Met Ala Ser Val Ala
 305 310 315 320

Lys Tyr His Ala Thr Glu Met Leu Ser Gln Val Ala Asp Lys Ala Val
 325 330 335

Gln Val Ala Gly Gly Met Gly Tyr Val Lys Asp Ala Pro Phe Glu Arg
 340 345 350

Phe Tyr Arg Asp Gln Arg Leu Leu Arg Ile Tyr Glu Gly Thr Ser Glu
 355 360 365

Ile Gln Lys Val Ile Ile Ala Ala Glu Leu Leu Arg Arg Glu Thr
 370 375 380

<210> 110
 <211> 1202
 <212> ADN
 <213> Artificial

<220>
 <223> Arabidopsis thaliana, Isovaleryl-CoA deshidrogenasa, mitocondrial; Corta=IVD; EC=1.3.99.10

<400> 110
 ggtaccggat ccctaacagg aggaattaac catggcctct tctctgctgt tcgacgacac 60
 tcagctgcag ttcaaagaat ccggtttccaa gttcgtcag gacaacatcg ctccgcacgc 120
 tgaacgtatc gacaaaacta actccttccc gaaagacgtt aacctgtgga aactgatggg 180
 cgagttcaat ctgcacggta tcaactgcgc agaagaatac ggtggtctgg gtctgggtta 240
 cctgtaccac tgcacgcga tggaagaaat ctctcgcgt tctggttctg ttgctctgtc 300
 ttacggcgca cactctaacc tgtgcatcaa ccagctggta cgtaacggta ctgctgcaca 360
 gaaagagaag tatctgccga aactgatctc cgggtgaacac gttggtgcac tggcgatgtc 420
 tgaaccgaac gctggttctg acgttggttg tatgaagtgc aaagcagaaa aagttgacgg 480
 tggttacatt ctgaacggta acaagatgtg gtgcaccaac ggtccgtctg ctgaaactct 540
 ggttggttac gctaaaactg acaccaaagc gggttctaaa ggtatcactg cattcatcat 600
 cgaaaaaggt atgaccggtt tctccactgc tcagaagctg gacaagctgg gtatgcgcgg 660
 ttctgacact tgcgaactgg tattcgaaaa ctgcttcgta ccggaagaaa acatcctgga 720
 taaagaaggt aaaggcggtt acgttctgat gtccggtctg gatctggaac gtctggtact 780

```

ggcagctggt ccgctgggta tcatgcaggc ttgcctggat aacgtactgc cgtacatccg      840
tcagcgtgaa cagttcggtc gtccggttgg cgagttccag ttcattccagg gtaaagttgc      900
tgacatgtac actgcgctgc agtcctcccg ttcttacgtt tactccgttg ctgcgcactg      960
cgacaacggg aaagttgata cgaaagactg cgcaggcact atcctgtgag cagctgaacg     1020
tgcaactcag gttgcgctgc aggcgattca gtgcctgggt ggtaacgggt acatcaacga     1080
atacgcaact ggtcgtctgc tgcgcgacgc gaagctgtac gaaatcggtg ctggtacttc     1140
tgaaatccgc cgtatcgta tcggtcgtga actgttcaaa gaagaagagc tctaataagc     1200
tt                                                                    1202

```

<210> 111

<211> 387

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana, Isovaleryl-CoA deshydrogenasa, mitochondrial; Corta=IVD; EC=1.3.99.10

<400> 111

Met Ala Ser Ser Leu Leu Phe Asp Asp Thr Gln Leu Gln Phe Lys Glu
1 5 10 15

Ser Val Ser Lys Phe Ala Gln Asp Asn Ile Ala Pro His Ala Glu Arg
20 25 30

Ile Asp Lys Thr Asn Ser Phe Pro Lys Asp Val Asn Leu Trp Lys Leu
35 40 45

Met Gly Glu Phe Asn Leu His Gly Ile Thr Ala Pro Glu Glu Tyr Gly
50 55 60

Gly Leu Gly Leu Gly Tyr Leu Tyr His Cys Ile Ala Met Glu Glu Ile
65 70 75 80

Ser Arg Ala Ser Gly Ser Val Ala Leu Ser Tyr Gly Ala His Ser Asn
85 90 95

Leu Cys Ile Asn Gln Leu Val Arg Asn Gly Thr Ala Ala Gln Lys Glu
100 105 110

Lys Tyr Leu Pro Lys Leu Ile Ser Gly Glu His Val Gly Ala Leu Ala
115 120 125

Met Ser Glu Pro Asn Ala Gly Ser Asp Val Val Gly Met Lys Cys Lys
130 135 140

Ala Glu Lys Val Asp Gly Gly Tyr Ile Leu Asn Gly Asn Lys Met Trp
145 150 155 160

ES 2 655 710 T3

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

<210> 112

<211> 1232

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Homo sapiens, Glutaryl-CoA deshidrogenasa, mitocondrial; Corta=GCD; EC=1.3.99.7 (Q92947)

<400> 112


```

ggtagcggat ccctaacagg aggaattaac catgggtccg gaatttgact ggcaggaccc 60
gctgggtactg gaagagcagc tgaccactga cgaatcctg atccgtgaca ccttcogtac 120
ttactgccag gaacgtctga tgccgcgcac tctgctggct aacogtaacg aagttttcca 180
ccgtgaaatc atctctgaaa tgggtgaact ggggtgttctg ggtccgacta tcaaagggtta 240
cgggtgcgca ggcgtttctt ccgttgctta cggctctgctg gcgcgtgaac tggaacgcgt 300
tgactccggg taccgttctg caatgtccgt tcagtcctct ctggtaatgc acccaatcta 360
cgcttacggg tctgaagagc agcgtcagaa atatctgccg cagctggcga aaggtgaact 420
gctgggttgc ttcgggtctga ctgaaccgaa ctccgggttct gaccogtct ctatggaaac 480
tcgcgcacac tacaactctt ctaacaagtc ttacactctg aacggcacca aaacctggat 540
cactaaactct ccgatggctg acctgttctg tgtatgggct cgcgtcgaag atggttgcac 600
ccgcggtttc ctgctggaag aaggtatgcg tggctctgtct gcaccgcgt tccagggtta 660
gttctctctg cgcgcttctg caactgggtat gatcatcatg gacggtgttg aagttccgga 720
agaaaacggt ctgcgggtg catcttctct ggggtggccg ttoggttgc tgaacaacgc 780
gcgttacggg atcgcctggg gcgtactggg tgcttctgag ttctgcctgc aactgcacg 840
tcagtaacga ctggatcgca tgcagttcgg tgttccgctg gcgcgtaacc agctgattca 900
gaagaaactg gctgacatgc tgactgaaat cactctgggt ctgcacgctt gcctgcagct 960
gggtcgtctg aaagaccagg acaaagctgc accggaaatg gtttctctgc tgaagcgtaa 1020
caactgcggg aaagcgctgg atatcgctcg ccaggctcgc gacatgctgg gtggtaacgg 1080
tatctctgac gaataccacg ttatccgtca cgcgatgaac ctggaagctg ttaacaccta 1140
cgaaggtaact cagacatcc acgcgctgat cctgggtcgt gctatcaccc gtatccaggc 1200
tttcaactgct tctaaagagc tctaataagc tt 1232

```

<210> 113

<211> 397

5 <212> PRT

<213> Homo sapiens, Glutaryl-CoA deshidrogenasa, mitocondrial; Corta=GCD; EC=1.3.99.7 (Q92947)

<400> 113

```

Met Gly Pro Glu Phe Asp Trp Gln Asp Pro Leu Val Leu Glu Glu Gln
1           5           10          15

```

10

ES 2 655 710 T3

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

Ala Leu Asp Arg Met Gln Phe Gly Val Pro Leu Ala Arg Asn Gln Leu
275 280 285

Ile Gln Lys Lys Leu Ala Asp Met Leu Thr Glu Ile Thr Leu Gly Leu
290 295 300

His Ala Cys Leu Gln Leu Gly Arg Leu Lys Asp Gln Asp Lys Ala Ala
305 310 315 320

Pro Glu Met Val Ser Leu Leu Lys Arg Asn Asn Cys Gly Lys Ala Leu
325 330 335

Asp Ile Ala Arg Gln Ala Arg Asp Met Leu Gly Gly Asn Gly Ile Ser
340 345 350

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

Thr Tyr Glu Gly Thr His Asp Ile His Ala Leu Ile Leu Gly Arg Ala
370 375 380

Ile Thr Gly Ile Gln Ala Phe Thr Ala Ser Lys Glu Thr
385 390 395

<210> 114

<211> 1784

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Homo sapiens, Flavoproteína de transferencia de electrones, subunidad alfa, mitocondrial (P13804)

<400> 114

ggtaccggat ccctaacagg aggaattaat catgaccact ctgggtatcg ctgaacacgc	60
taacgactct ctggcaccaa tcaactctgaa caccatcact gcggcaactc gtctgggtgg	120
tgaagtttcc tgcctgggtg ctggcaccaa gtgcgacaaa gttgctcagg acctgtgcaa	180
agtagcgggt atcgcgaaag ttctggtagc gcagcacgac gtttacaag gtctgctgcc	240
ggaagagctg actccgctga tcctggcaac tcagaagcag ttcaactaca ctcacatctg	300
tgcgggtgct tctgcattcg gtaaaaatct gctgccgcgc gttgctgcga aactggaagt	360
tgcacogatt tctgacatca tcgtatcaa gtctccggat accttcgtac gtactatcta	420
cgctggtaac gcaactgtgca ccgttaagtg cgacgaaaaa gttaaagtat tctctgtacg	480
tggtacttct ttcgacgctg cagcaacttc tgggtggttct gcatcttctg aaaaagcatc	540
ttccacttct ccggttgaaa tctctgagtg gctggatcag aaactgacca agtctgaccg	600

```

tccggaactg actggcgcgga aagttgttgt ttctgggtggt cgtgggtctga aatctgggtga 660
aaacttcaaa ctgctgtacg acctggctga ccagctgcac gctgctgttg gtgcttctcg 720
cgctgctgtt gatgctggct tcgtaccgaa cgacatgcaa gttggtcaga ctggtaaaat 780
cgttgccaccg gaactgtaca tcgctgttgg tatctccggt gcgattcagc acctggcggg 840
tatgaaagac tccaaaacta tcgttgctat caacaaagac ccggaagcac cgatcttcca 900
ggttgctgac tacgggtatcg ttgctgacct gttcaaagtt gttccggaaa tgactgaaat 960
cctgaagaag aagtaataac tagtctaaca ggaggaatta accatggctg aactgcgcgt 1020
actggttgct gtaagcgcg ttatcgacta ccgagttaaa atccgcgtta agccggaccg 1080
tactggcggt gttactgacg gtgttaaaca ctctatgaac ccgttctgcg aaatcgctgt 1140
tgaagaagcg gtacgtctga aagagaagaa actggttaaa gaagtatcg ctgtttctcg 1200
cggtcgggca cagtgccagg aaaccattcg tactgactg gcgatggcg cagaccgcgg 1260
tatccacgtt gaagttccgc cagctgaagc agaacgtctg ggtccgctcc aggttgctcg 1320
cgtactggcg aaactggctg aaaaagaaa agttgacctg gtactgctgg gtaagcaggc 1380
tatcgacgac gactgcaacc agactggtca gatgactgt ggcttcctgg actggccgca 1440
gggtactttc gcttctcagg taactctgga aggtgacaaa ctgaaagttg aacgtgaaat 1500
cgacgggtgt ctggaaactc tgcgtctgaa actgccggca gttgttactg ctgatctgcg 1560
tctgaacgaa ccgcggttacg caactctgcc gaacattatg aaagcgaaga agaagaaaat 1620
cgaagttatc aagccgggcg acctgggtgt tgacctgact tctaaactgt ctgttatctc 1680
cgttgaagat ccgccgcagc gtactgctgg cgtaaagtt gaaaccactg aggatctggt 1740
agcgaaactg aaagaaatcg gtcgtatcga gctctaataa gctt 1784

```

<210> 115

<211> 314

5 <212> PRT

<213> Homo sapiens, Flavoproteína de transferencia de electrones, subunidad alfa, mitocondrial (P13804)

<400> 115

```

Met Thr Thr Leu Val Ile Ala Glu His Ala Asn Asp Ser Leu Ala Pro
1           5           10           15

```

```

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

```

```

Ser Cys Leu Val Ala Gly Thr Lys Cys Asp Lys Val Ala Gln Asp Leu
35           40           45

```

```

Cys Lys Val Ala Gly Ile Ala Lys Val Leu Val Ala Gln His Asp Val

```

10

ES 2 655 710 T3

50	55	60
Tyr Lys Gly Leu Leu Pro Glu Glu Leu Thr Pro Leu Ile Leu Ala Thr		
65	70	75 80
Gln Lys Gln Phe Asn Tyr Thr His Ile Cys Ala Gly Ala Ser Ala Phe		
	85	90 95
Gly Lys Asn Leu Leu Pro Arg Val Ala Ala Lys Leu Glu Val Ala Pro		
	100	105 110
Ile Ser Asp Ile Ile Ala Ile Lys Ser Pro Asp Thr Phe Val Arg Thr		
	115	120 125
Ile Tyr Ala Gly Asn Ala Leu Cys Thr Val Lys Cys Asp Glu Lys Val		
	130	135 140
Lys Val Phe Ser Val Arg Gly Thr Ser Phe Asp Ala Ala Ala Thr Ser		
	145	150 155 160
Gly Gly Ser Ala Ser Ser Glu Lys Ala Ser Ser Thr Ser Pro Val Glu		
	165	170 175
Ile Ser Glu Trp Leu Asp Gln Lys Leu Thr Lys Ser Asp Arg Pro Glu		
	180	185 190
Leu Thr Gly Ala Lys Val Val Val Ser Gly Gly Arg Gly Leu Lys Ser		
	195	200 205
Gly Glu Asn Phe Lys Leu Leu Tyr Asp Leu Ala Asp Gln Leu His Ala		
	210	215 220
Ala Val Gly Ala Ser Arg Ala Ala Val Asp Ala Gly Phe Val Pro Asn		
	225	230 235 240
Asp Met Gln Val Gly Gln Thr Gly Lys Ile Val Ala Pro Glu Leu Tyr		
	245	250 255
Ile Ala Val Gly Ile Ser Gly Ala Ile Gln His Leu Ala Gly Met Lys		
	260	265 270
Asp Ser Lys Thr Ile Val Ala Ile Asn Lys Asp Pro Glu Ala Pro Ile		
	275	280 285
Phe Gln Val Ala Asp Tyr Gly Ile Val Ala Asp Leu Phe Lys Val Val		
	290	295 300
Pro Glu Met Thr Glu Ile Leu Lys Lys Lys		
	305	310

<210> 116

<211> 255

<212> PRT

<213> Homo sapiens, flavoproteina de transferencia de electrones, subunidad beta (P38117)

<400> 116

Met Ala Glu Leu Arg Val Leu Val Ala Val Lys Arg Val Ile Asp Tyr
1 5 10 15

Ala Val Lys Ile Arg Val Lys Pro Asp Arg Thr Gly Val Val Thr Asp
20 25 30

Gly Val Lys His Ser Met Asn Pro Phe Cys Glu Ile Ala Val Glu Glu
35 40 45

Ala Val Arg Leu Lys Glu Lys Lys Leu Val Lys Glu Val Ile Ala Val
50 55 60

Ser Cys Gly Pro Ala Gln Cys Gln Glu Thr Ile Arg Thr Ala Leu Ala
65 70 75 80

Met Gly Ala Asp Arg Gly Ile His Val Glu Val Pro Pro Ala Glu Ala
85 90 95

Glu Arg Leu Gly Pro Leu Gln Val Ala Arg Val Leu Ala Lys Leu Ala
100 105 110

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

Asp Asp Cys Asn Gln Thr Gly Gln Met Thr Ala Gly Phe Leu Asp Trp
130 135 140

Pro Gln Gly Thr Phe Ala Ser Gln Val Thr Leu Glu Gly Asp Lys Leu
145 150 155 160

Lys Val Glu Arg Glu Ile Asp Gly Gly Leu Glu Thr Leu Arg Leu Lys
165 170 175

Leu Pro Ala Val Val Thr Ala Asp Leu Arg Leu Asn Glu Pro Arg Tyr
180 185 190

Ala Thr Leu Pro Asn Ile Met Lys Ala Lys Lys Lys Lys Ile Glu Val
195 200 205

Ile Lys Pro Gly Asp Leu Gly Val Asp Leu Thr Ser Lys Leu Ser Val
210 215 220

Ile Ser Val Glu Asp Pro Pro Gln Arg Thr Ala Gly Val Lys Val Glu
225 230 235 240

Thr Thr Glu Asp Leu Val Ala Lys Leu Lys Glu Ile Gly Arg Ile
245 250 255

- 5 <210> 117
<211> 316
<212> PRT
<213> Homo sapiens Acil-coenzima A tioesterasa 8, EC=3.1.2.27 (014734)

- 10 <400> 117

ES 2 655 710 T3

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

Arg Ile Ala Ala Gln Glu Val Pro Ile Glu Ile Lys Pro Val Asn Pro
180 185 190

Ser Pro Leu Ser Gln Leu Gln Arg Met Glu Pro Lys Gln Met Phe Trp
195 200 205

Val Arg Ala Arg Gly Tyr Ile Gly Glu Gly Asp Met Lys Met His Cys
210 215 220

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

Leu Pro His Gln Trp Gln His Lys Val His Phe Met Val Ser Leu Asp
245 250 255

His Ser Met Trp Phe His Ala Pro Phe Arg Ala Asp His Trp Met Leu
260 265 270

Tyr Glu Cys Glu Ser Pro Trp Ala Gly Gly Ser Arg Gly Leu Val His
275 280 285

Gly Arg Leu Trp Arg Gln Asp Gly Val Leu Ala Val Thr Cys Ala Gln
290 295 300

Glu Gly Val Ile Arg Val Lys Pro Gln Val Ser Glu
305 310 315

<210> 118
<211> 931
5 <212> ADN
<213> Artificial

<220>
10 <223> Hyphomonas neptunium Acil-CoA tioesterasa (QOBZ30)

<400> 118
ggtacctttt ttgggctaac aggaggaatt aaccatggcg aaagaccggg ttggcgatct 60
gctgactctg ctggatctgg aacgtctgga actggatctg ttccgcggtc agtctccgga 120
cgaagaagaa tctcagcgcg tattcgggtg tcagggtatc gctcagtctc tgggtgctgc 180
ttaccgtact gtaccggacg accgtctgtg ccactctctg cactgctact tcatccgtcc 240
gggcgaccgg tctgtaccaa tcatctacca ggttgaccac tctcgcgacg gtggttcttt 300
caccactcgt cgcgttggtg ctatccagca cggtaagcag attttcaacc tggcagcttc 360
tttccacggt gttgaagatt cctggcacca ccagcacgaa atgccggaag ttgaccggcc 420
agaatccgta ggtgaccgta tcgagtggcg tcgtaaattc gctgaacagg ttccggaacg 480
tcaccgcggg cacttctctg gcgaccgtcc ggttgaaatg cgtgaaatcg acccgctgga 540

cccgctgaaa ccggcaaaaag cgtctgacca gcagaacctg tgggtccgog ttgctcgtcc 600
 gatcgacgaa gcgccgtggc tgcaccactg cctgatggct tacgcttctg acatggcgct 660
 gctgggtact ggtaaccgtc cgcacggtat ctcttgatg accggtgaac tgatgtccgc 720
 atctctggat caccgcatgt ggttccacgc accgactaaa ttcgacgagt ggcacctgta 780
 ctctatggac tctccgtacg caggcggtgc acgttcttcc aaccgcggtt ctatctacga 840
 ctccaccggt cgtctggttg cttctgttgc tcaggaaggt ctgatgcgtc gcgttgaacg 900
 taagccggtt aaaagctaag gatccgagct c 931

<210> 119

5

<220> 294

<212> PRT

<213> Hyphomonas neptunium Acil-CoA tioesterasa (Q0BZ30)

<400> 119

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

10

ES 2 655 710 T3

165 170 175
 Ser Asp Gln Gln Asn Leu Trp Phe Arg Val Ala Arg Pro Ile Asp Glu
 180 185 190
 Ala Pro Trp Leu His His Cys Leu Met Ala Tyr Ala Ser Asp Met Ala
 195 200 205
 Leu Leu Gly Thr Gly Asn Arg Pro His Gly Ile Ser Trp Met Thr Gly
 210 215 220
 Glu Leu Met Ser Ala Ser Leu Asp His Ala Met Trp Phe His Ala Pro
 225 230 235 240
 Thr Lys Phe Asp Glu Trp His Leu Tyr Ser Met Asp Ser Pro Tyr Ala
 245 250 255
 Gly Gly Ala Arg Ser Phe Asn Arg Gly Ser Ile Tyr Asp Ser Thr Gly
 260 265 270
 Arg Leu Val Ala Ser Val Ala Gln Glu Gly Leu Met Arg Arg Val Glu
 275 280 285
 Arg Lys Pro Arg Lys Ser
 290

<210> 120
 <211> 1421
 <212> ADN
 <213> Artificial

<220>
 <223> Acinetobacter sp. (cepa ADP1), Acil-CoA-transferasa subunidad A (EC=2.8.3.6) (Q937T0)

<400> 120
 ggtacctttt ttgggctaac aggaggaatt aaccatgac aacaagatca tcaacgatat 60
 cgaaccgatt ctgaaatcta tcccagacgg ttctaccatc atgacttctg gcttcgggtac 120
 taccggtcag ccggaagcgc tgctggaagc gctgatcgac ttcgaccca aagagctgac 180
 tatcatcaac aacaacgctt cttccgggtcc gaacgggtctg actcagctgt tcaactgctgg 240
 tctggttaag aaactgatct gctcctaccc gaaatctatc tcttccaccg ttttcccggg 300
 cctgtaccgc gctggttaaga togaactgga actggttccg cagggttaacc tggcttgccg 360
 tatccaggca gctggcgagg gtctgggtgc agtattcact ccgactgggt acggtactaa 420
 gatcgctgaa ggtaaagaaa ctcgatcat caacggtaaa aactacgttc tggaaatccc 480
 gctggaagct gactacgcat tcattctacgc tgacaaaagct gaccgctggg gtaacctgac 540

```

ttaccgtaaa ggggcacgta acttcgggtcc gatcatggcg aaagcagcta aaaccactat 600
tgctcagggt aaccagactg ttgaactggg cgatctggac ccggaatgca tcatcactcc 660
gggtatcttc gtacagcacg ttgttcgtct gggtgacatc aaataatttt ttgggctaac 720
aggaggaatt aaccatgact attcagaagc gttctcgga agatatcgct atcatgatcg 780
ctaaagacat cccggacggt tcttacgtta acctgggtat cggctcgccg actcacgttg 840
ctaaatatct gccgaaagac aaagaaatct tctgcactc tgaaaacggt gttctggcat 900
tcggtccgcc gccagcagaa ggtgaagaag atcaggacct ggtaaacgct ggtaaagagc 960
tggtaaactct gctgtctggt ggttgcttca tgcaccacgg tgactccttc gacatcatgc 1020
gtggtgggtca cctggatata tgcgttatcg gtgcattcca ggttgcgctg aacggtgacc 1080
tggttaactg gcacaccggt aaagacgacg acgttcgggc agtaggtggt gcaatggacc 1140
tggtgtgttg tggaagcgt atcttcgttt acatggaaca caccaccaag aaaggtgaac 1200
cgaaaatcgt taagcacctg acttaccoga tcaccggtga acagtgcgta gaccgtatct 1260
acactgacct gtgcaccatc gaactgaaag acggtcaggc ttacgttatc gaaatggttg 1320
acgggtctgga ttctgacact ctgcaggcgc tgactgaatg cccgctgac gaccactgca 1380
cctactcttc tctgattcag ctcagataag gatccgagct c 1421

```

<210> 121

<211> 223

5 <212> PRT

<213> Acinetobacter sp. (cepa ADP1), Acil-CoA-transferasa subunidad A (EC=2.8.3.6) (Q937T0)

<400> 121

```

Met Ile Asn Lys Ile Ile Asn Asp Ile Glu Pro Ile Leu Lys Ser Ile
1           5           10           15

```

```

Pro Asp Gly Ser Thr Ile Met Thr Ser Gly Phe Gly Thr Thr Gly Gln
20           25           30

```

```

Pro Glu Ala Leu Leu Glu Ala Leu Ile Asp Phe Ala Pro Lys Glu Leu
35           40           45

```

```

Thr Ile Ile Asn Asn Asn Ala Ser Ser Gly Pro Asn Gly Leu Thr Gln
50           55           60

```

```

Leu Phe Thr Ala Gly Leu Val Lys Lys Leu Ile Cys Ser Tyr Pro Lys
65           70           75           80

```

```

Ser Ile Ser Ser Thr Val Phe Pro Asp Leu Tyr Arg Ala Gly Lys Ile
85           90           95

```

10

Glu Leu Glu Leu Val Pro Gln Gly Asn Leu Ala Cys Arg Ile Gln Ala
100 105 110

Ala Gly Ala Gly Leu Gly Ala Val Phe Thr Pro Thr Gly Tyr Gly Thr
115 120 125

Lys Ile Ala Glu Gly Lys Glu Thr Arg Ile Ile Asn Gly Lys Asn Tyr
130 135 140

Val Leu Glu Tyr Pro Leu Glu Ala Asp Tyr Ala Phe Ile Tyr Ala Asp
145 150 155 160

Lys Ala Asp Arg Trp Gly Asn Leu Thr Tyr Arg Lys Ala Ala Arg Asn
165 170 175

Phe Gly Pro Ile Met Ala Lys Ala Ala Lys Thr Thr Ile Ala Gln Val
180 185 190

Asn Gln Thr Val Glu Leu Gly Asp Leu Asp Pro Glu Cys Ile Ile Thr
195 200 205

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

<210> 122

<211> 224

5 <212> PRT

<213> Acinetobacter sp. (cepa ADP1) Acil-CoA-transferasa subunidad B (EC 2.8.3.6) (Q937S9)

<400> 122

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

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

Thr His Val Ala Lys Tyr Leu Pro Lys Asp Lys Glu Ile Phe Leu His
35 40 45

Ser Glu Asn Gly Val Leu Ala Phe Gly Pro Pro Pro Ala Glu Gly Glu
50 55 60

Glu Asp Gln Asp Leu Val Asn Ala Gly Lys Glu Leu Val Thr Leu Leu
65 70 75 80

Ser Gly Gly Cys Phe Met His His Gly Asp Ser Phe Asp Ile Met Arg
85 90 95

10

Gly Gly His Leu Asp Ile Cys Val Ile Gly Ala Phe Gln Val Ala Leu
100 105 110

Asn Gly Asp Leu Ala Asn Trp His Thr Gly Lys Asp Asp Asp Val Pro
115 120 125

Ala Val Gly Gly Ala Met Asp Leu Ala Val Gly Ala Lys Arg Ile Phe
130 135 140

Val Tyr Met Glu His Thr Thr Lys Lys Gly Glu Pro Lys Ile Val Lys
145 150 155 160

His Leu Thr Tyr Pro Ile Thr Gly Glu Gln Cys Val Asp Arg Ile Tyr
165 170 175

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

Glu Met Val Asp Gly Leu Asp Phe Asp Thr Leu Gln Ala Leu Thr Glu
195 200 205

Cys Pro Leu Ile Asp His Cys Thr Tyr Ser Ser Leu Ile Gln Leu Arg
210 215 220

<210> 123

<211> 437

5 <212> PRT

<213> Clostridium kluyveri (cepa ATCC 8527) actividad de acetato CoA-transferasa (A5N390)

<400> 123

Met Val Phe Lys Asn Trp Gln Asp Leu Tyr Lys Ser Lys Ile Val Ser
1 5 10 15

Ala Asp Glu Ala Val Ser Lys Val Ser Cys Gly Asp Ser Ile Ile Leu
20 25 30

Gly Asn Ala Cys Gly Ala Ser Leu Thr Leu Leu Asp Ala Leu Ala Ala
35 40 45

Asn Lys Glu Lys Tyr Lys Ser Val Lys Ile His Asn Leu Ile Leu Asn
50 55 60

Tyr Lys Asn Asp Ile Tyr Thr Asp Pro Glu Ser Glu Lys Tyr Ile His
65 70 75 80

Gly Asn Thr Phe Phe Val Ser Gly Gly Thr Lys Glu Ala Val Asn Cys
85 90 95

ES 2 655 710 T3

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

340 345 350

Gly Gly Lys Ser Ile Leu Ala Ile Pro Ser Thr Ala Ala Gly Gly Lys
355 360 365

Ile Ser Arg Ile Val Pro Ile Leu Thr Glu Gly Ala Gly Val Thr Thr
370 375 380

Ser Arg Tyr Asp Val Gln Tyr Val Val Thr Glu Tyr Gly Ile Ala Leu
385 390 395 400

Leu Lys Gly Lys Ser Ile Arg Glu Arg Ala Lys Glu Leu Ile Lys Ile
405 410 415

Ala His Pro Lys Phe Arg Glu Glu Leu Thr Ala Gln Phe Glu Lys Arg
420 425 430

Phe Ser Cys Lys Leu
435

<210> 124

<211> 538

5 <212> PRT

<213> Clostridium kluyveri (cepa ATCC 8527) Sucinil-CoA:coenzima A transferasa (P38946)

<400> 124

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

Ala Ser Asn Val Ala Glu Lys Ile Glu Glu Lys Val Glu Lys Thr Asp
20 25 30

Lys Val Val Glu Lys Ala Ala Glu Val Thr Glu Lys Arg Ile Arg Asn
35 40 45

Leu Lys Leu Gln Glu Lys Val Val Thr Ala Asp Val Ala Ala Asp Met
50 55 60

Ile Glu Asn Gly Met Ile Val Ala Ile Ser Gly Phe Thr Pro Ser Gly
65 70 75 80

Tyr Pro Lys Glu Val Pro Lys Ala Leu Thr Lys Lys Val Asn Ala Leu
85 90 95

Glu Glu Glu Phe Lys Val Thr Leu Tyr Thr Gly Ser Ser Thr Gly Ala
100 105 110

ES 2 655 710 T3

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

Phe Phe Arg Glu Lys Ile Val Leu Arg Pro Gln Glu Ile Ser Asn Asn
370 375 380

Pro Glu Ile Ala Arg Arg Ile Gly Val Ile Ser Ile Asn Thr Ala Leu
385 390 395 400

Glu Val Asp Ile Tyr Gly Asn Val Asn Ser Thr His Val Met Gly Ser
405 410 415

Lys Met Met Asn Gly Ile Gly Gly Ser Gly Asp Phe Ala Arg Asn Ala
420 425 430

Tyr Leu Thr Ile Phe Thr Thr Glu Ser Ile Ala Lys Lys Gly Asp Ile
435 440 445

Ser Ser Ile Val Pro Met Val Ser His Val Asp His Thr Glu His Asp
450 455 460

Val Met Val Ile Val Thr Glu Gln Gly Val Ala Asp Leu Arg Gly Leu
465 470 475 480

Ser Pro Arg Glu Lys Ala Val Ala Ile Ile Glu Asn Cys Val His Pro
485 490 495

Asp Tyr Lys Asp Met Leu Met Glu Tyr Phe Glu Glu Ala Cys Lys Ser
500 505 510

Ser Gly Gly Asn Thr Pro His Asn Leu Glu Lys Ala Leu Ser Trp His
515 520 525

Thr Lys Phe Ile Lys Thr Gly Ser Met Lys
530 535

<210> 125

<211> 232

5 <212> PRT

<213> Pseudomonas fluorescens (cepa Pf-5 / ATCC BAA-477) 3-oxoácido CoA-transferasa subunidad A, familia de enzimas (Q4KEA3)

<400> 125

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

Gly Leu Gln Asp Gly Met Thr Val Ile Ala Gly Gly Phe Gly Leu Cys
20 25 30

Gly Ile Pro Glu Asn Leu Ile Ala Glu Ile Lys Arg Arg Gly Thr Arg
35 40 45

10

Asp Leu Thr Val Val Ser Asn Asn Cys Gly Val Asp Gly Phe Gly Leu
50 55 60

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

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

Glu Val Val Leu Thr Pro Gln Gly Thr Leu Ala Glu Lys Met Arg Ala
100 105 110

Gly Gly Ala Gly Ile Pro Ala Phe Phe Thr Ala Thr Gly Val Gly Thr
115 120 125

Pro Val Ala Asp Gly Lys Glu Thr Arg Glu Phe Lys Gly Arg Thr Tyr
130 135 140

Leu Met Glu Glu Ser Ile Thr Gly Asp Phe Ala Ile Val Lys Gly Trp
145 150 155 160

Lys Ala Asp His Phe Gly Asn Val Val Tyr Arg His Thr Ala Gln Asn
165 170 175

Phe Asn Pro Leu Ala Ala Thr Ala Gly Lys Ile Thr Val Val Glu Val
180 185 190

Glu Glu Ile Val Glu Pro Gly Glu Leu Asp Pro Thr Gln Ile His Thr
195 200 205

Pro Gly Ile Tyr Val Asp Arg Val Ile Cys Gly Thr Phe Glu Lys Arg
210 215 220

Ile Glu Gln Arg Thr Val Arg Lys
225 230

<210> 126

<211> 219

5 <212> PRT

<213> Pseudomonas fluorescens (cepa Pf-5 / ATCC BAA-477) 3-oxoácido CoA-transferasa subunidad B familia de enzimas (Q4KEA4)

<400> 126

Met Ala Leu Thr Arg Glu Gln Met Ala Gln Arg Val Ala Arg Glu Leu
1 5 10 15

10 Gln Asp Gly Phe Tyr Val Asn Leu Gly Ile Gly Ile Pro Thr Leu Val

ES 2 655 710 T3

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

<210> 127

<211> 477

5 <212> PRT

<213> Acinetobacter esp. NCIMB9871 6-oxohexanoato deshidrogenasa (Q9R2F4)

<400> 127

Met Asn Tyr Pro Asn Ile Pro Leu Tyr Ile Asn Gly Glu Phe Leu Asp 1 5 10 15
--

His Thr Asn Arg Asp Val Lys Glu Val Phe Asn Pro Val Asn His Glu

10

ES 2 655 710 T3

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

Val Gly Tyr Lys Phe Arg Asn Ala Gly Gln Val Cys Val Ser Pro Thr
275 280 285

Arg Phe Tyr Val Gln Glu Gly Ile Tyr Lys Glu Phe Ser Glu Lys Val
290 295 300

Val Leu Arg Ala Lys Gln Ile Lys Val Gly Cys Gly Leu Asp Ala Ser
305 310 315 320

Ser Asp Met Gly Pro Leu Ala Gln Ala Arg Arg Met His Ala Met Gln
325 330 335

Gln Ile Val Glu Asp Ala Val His Lys Gly Ser Lys Leu Leu Leu Gly
340 345 350

Gly Asn Lys Ile Ser Asp Lys Gly Asn Phe Phe Glu Pro Thr Val Leu
355 360 365

Gly Asp Leu Cys Asn Asp Thr Gln Phe Met Asn Asp Glu Pro Phe Gly
370 375 380

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

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

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

Val Ser Ile Asn His Met Gly Leu Ala Leu Ala Glu Thr Pro Phe Gly
435 440 445

Gly Ile Lys Asp Ser Gly Phe Gly Ser Glu Gly Gly Ile Glu Thr Phe
450 455 460

Asp Gly Tyr Leu Arg Thr Lys Phe Ile Thr Gln Leu Asn
465 470 475

<210> 128

<211> 473

5 <212> PRT

<213> Brucella melitensis 6-oxohexanoato deshidrogenasa (Q8YDF1)

<400> 128

Met Arg Ile Gly Lys Met Glu Met Gln Thr Arg Tyr Pro Asp Val Lys
1 5 10 15

ES 2 655 710 T3

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

ES 2 655 710 T3

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

<220> 129

<211> 1371

5 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> Pseudomonas aeruginosa (gi 9946143)

10

<400> 129

atgaacagcc aaatcaccaa cgccaagacc cgtgagtggc aggcgttgag ccgcgaccac

```

catctgccgc cgttcaccga ctacaagcag ttgaacgaga agggcgcgcg gatcatcacc 120
aaggccgaag gcgtctatat ctgggacagc gagggcaaca agatcctcga tgcgatggcc 180
ggcctctggt gcgtcaacgt cggctacggc cgcgaggagc tggtcacaggc cgccaccggg 240
cagatgcgcg agttgccgtt ctacaacctg ttcttccaga ccgcccaccc gccggtggtc 300
gagctggcca aggcgatcgc cgacgtcgtt ccggaaggca tgaaccacgt gttcttcacc 360
ggctccggct ccgaggccaa cgacaccgtg ctgcgtatgg tccgccacta ttgggcgacc 420
aaggccagc cgcagaagaa agtggatgac ggccgctgga acggtacca cggtccacc 480
gtcgccggcg tcagcctggg cggcatgaag gcgttgcatg agcagggga tttccccatc 540
ccgggcatcg tccacatcgc ccagccctac tggtagggcg agggcgggcg catgtcgccg 600
gacgagttcg gcgtctgggc cgcgagcag ttggagaaga agattctcga agtgggagag 660
gaaaacgtcg ccgccttcac cgcgagccg atccagggcg ccggcgggcg gatcgtcccg 720
ccggacacct actggccgaa gatccgagag atcctcgcca agtacgacat cctgttcacc 780
gccgacgaag tgatctgcg cttcgggcgt accggcgagt ggttcggcag ccagtactac 840
ggcaacgccc cggacctgat gccgatcgcc aagggcctca cctccggcta catcccatg 900
ggcgggggtg tggtagcgca cgagatcgtc gaagtgtca accagggcg cgagttctac 960
cacggcttca cctattccg tcacccggtg gcggccgccc tggccctgga gaacatccgc 1020
atcctgcgcg aagagaagat catcgagaag gtgaaggcgg aaacggcacc gtatttgcag 1080
aaacgtggc aggagctggc cgaccacccg ttggtggggc aagcgcgcg ggtcggcatg 1140
gtcgccgccc tggagctggt caagaacaag aagaccgcg agcgtttcac cgacaagggc 1200
gtcgggatgc tgtgccggga acattgttcc cgcaacgggt tgatcatgcg cgcggtgggc 1260
gacactatga ttatctcgcc gccgctggtg atcgatccgt cgcagatcga tgagttgatc 1320
accctggcgc gcaagtgcct cgatcagacc gccgcccgcg tcctggcttg a 1371

```

<210> 130

<211> 456

5 <212> PRT

<213> Pseudomonas aeruginosa (gi 9946143)

<400> 130

```

Met Asn Ser Gln Ile Thr Asn Ala Lys Thr Arg Glu Trp Gln Ala Leu
1           5           10           15

```

```

Ser Arg Asp His His Leu Pro Pro Phe Thr Asp Tyr Lys Gln Leu Asn
20           25           30

```

```

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

```

10

ES 2 655 710 T3

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

ES 2 655 710 T3

290 295 300

Val Arg Asp Glu Ile Val Glu Val Leu Asn Gln Gly Gly Glu Phe Tyr
305 310 315 320

His Gly Phe Thr Tyr Ser Gly His Pro Val Ala Ala Ala Val Ala Leu
325 330 335

Glu Asn Ile Arg Ile Leu Arg Glu Glu Lys Ile Ile Glu Lys Val Lys
340 345 350

Ala Glu Thr Ala Pro Tyr Leu Gln Lys Arg Trp Gln Glu Leu Ala Asp
355 360 365

His Pro Leu Val Gly Glu Ala Arg Gly Val Gly Met Val Ala Ala Leu
370 375 380

Glu Leu Val Lys Asn Lys Lys Thr Arg Glu Arg Phe Thr Asp Lys Gly
385 390 395 400

Val Gly Met Leu Cys Arg Glu His Cys Phe Arg Asn Gly Leu Ile Met
405 410 415

Arg Ala Val Gly Asp Thr Met Ile Ile Ser Pro Pro Leu Val Ile Asp
420 425 430

Pro Ser Gln Ile Asp Glu Leu Ile Thr Leu Ala Arg Lys Cys Leu Asp
435 440 445

Gln Thr Ala Ala Ala Val Leu Ala
450 455

<210> 131

<211> 70

5 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> cebador

10

<400> 131

ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggcta ggaggaatta accatgaaca gccaaatcac 60

caacgcccaag 70

<210> 132

15 <211> 49

<212> ADN

<213> Artificial

<220>

20 <223> cebador

<400> 132

ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtt caagccagga cggcgccgg 49

25 <210> 133

<211> 1353

<212> ADN
<213> Artificial

<220>

5 <223> gen aminotransferasa de *Bacillus subtilis* (gi16077991)

<400> 133

```

atggagatga tggggatgga aaacattcag caaaatcagg gattaaagca aaaagatgag      60
caatttgtgt ggcatgccat gaaggagcgc catcaagcgg acagcctgat agcccagaag      120
gccgaagggg cctgggtaac cgacacagac ggacgccgct atttggatgc gatgtccggt      180
tttgtgtgcg tcaacattgg ttacggcaga aaggagcttg cggaggctgc ctatgagcaa      240
ctaaaggagc tgccttacta cccgttaacg caaagtcacg caccgcgaat tcaactggcg      300
gaaaagctga atgaatggct tggcggcgat tatgttattt ttttttccaa cagcggatcg      360
gaagcaaacg aaactgcttt taaaattgcc cgccagtacc atctgcaaaa cggcgaccac      420
agccgttata aattcatctc aagatatcgg gcataccacg gcaatacatt gggagcgcctc      480
tcagctaccg gacaggcgca gcggaaatat aaatacgagc ctttgagcca agggttcctg      540
catgcagctc cgccagatat ataccggaat cctgatgatg cagacacgct tgaaagcgca      600
aatgaaatcg accgcatcat gacatgggaa ttaagcgaaa cgattgccgg ggtcattatg      660
gagcccatca ttacaggcgg aggcaccta atgccgcggc acggatatat gaagaagggt      720
gaggacattt gccggcgcca cggagccctt ttgatttgcg atgaagtgat ctgcgggttt      780
ggacggacag gtgagccgtt cgggtttatg cactacggtg tgaagcctga tatcattacg      840
atggcaaagg gaatcacaag cgcgtatctg ccattgtcag cgactgctgt gaaacgggac      900
attttcgaag cgtatcaggg ggaagctcct tatgaccgtt tccgccacgt gaacacgttc      960
ggcggaagcc cggctgcctg tgctttggcg ttgaaaaacc tgcaaattat ggaggacgaa     1020
cagctgattc agcgatcccg tgatcttggg gcaaagcttt taggtgagct tcaagctctg     1080
agagaacacc cggcagtcgg ggatgttaga ggaaaagggc tgctgatcgg aatcgaactc     1140
gtcaaagaca aattgactaa agagccggct gatgccgcca aagtaaacca agtggttgcg     1200
gcgtgcaaag aaaaagggtc gatcatcggc aaaaacggcg atacagtgcg cggctacaac     1260
aatgtcatcc acgttgcgcc gccattttgc ctgacagaag aggacctttc ctttatcgtg     1320
aaaacggtga aagaaagctt tcaaacgata taa                                     1353

```

10 <210> 134

<211> 450

<212> PRT

<213> secuencia de aminoácidos de aminotransferasa de *B. subtilis* (gi16077991)

15 <400> 134

ES 2 655 710 T3

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

ES 2 655 710 T3

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

<210> 135

<211> 1407

5 <212> ADN

<213> Artificial

<220>

<223> gen de aminotransferasa de Pseudomonas aeruginosa (seq ID gi9951072)

10

<400> 135

ES 2 655 710 T3

```

atgaacgcaa gactgcacgc cacgtccccc ctggcgacg ccgacctggt ccgtgccgac    60
caggcccaact acatgcacgg ctaccacgtg ttgcacgacc accgcgtcaa cggctcgctg    120
aacatcgccg ccggcgacgg cgcctatatc tacgacaccg ccggcaaccg ctacctcgac    180
gcggtggggc gcatgtggtg caccaacatc ggcctggggc gcgaggaaat ggctcgacc    240
gtggccgagc agacccgcct gctggcctat tccaatccct tctgcgacat ggccaaccgg    300
cgcgccatcg aactctgccg caagctcgcc gagctggccc ccggcgacct cgaccacgtg    360
ttcctcacca ccggcggttc caccgccgtg gacaccgca tccgcctcat gcactactac    420
cagaactgcc gcggcaagcg gcgaagaag cacgtcatca cgcggatcaa cgcctaccac    480
ggctcgacct tcctcgccat gtcgctgggc ggcaagagcg ccgaccggcc ggccgagttc    540
gacttcctcg acgagcgcat ccaccacctc gcctgtccct attactaccg cgctccggaa    600
gggctggggc aagccgagtt cctcgatggc ctgggtggacg agttcgaaac caagatcctc    660
gaactggggc ccgaccgggt gggggcggtc atctccgagc cgggtgttcg ctccggcggc    720
gtgatcgcc ccgcccgggg ctaccacagg cggatgtggg agctgtgcca gcgctacgac    780
gtgctgtaca tctccgacga agtggtgacc tccttcggcc gcctcgcca cttcttcgcc    840
agccaggcgg tgttcggcgt acagccggac atcatcctca ccgccaaggg cctcacctcc    900
ggctaccagc cgctggcgcc gtgcatttc tcccgcgca tctgggaggt gatcgccgag    960
ccggacaagg gccgtgctt cagccatggt ttcacctact ccggccaccc ggtggcctgc    1020
gcggcgggcc tgaagaacat cgagatcatc gagcgcgagg gcttgctcgc ccacgccgac    1080
gaggtcgcc gctacttcga ggagcgctg caaagcctcc gcgacctgcc catcgctggc    1140
gacgtgcgcg ggatgcgctt catggcctgt gtcgagttcg tcgccgaaa ggcgagcaag    1200
gcgctgtttc cgaaaagcct gaacatcgcc gagtgggtcc acctgcgggc gcagaagcgc    1260
ggcctgctgg ttctccgat cgtccacctg aacgtgatgt cgcgcggct gatectcacc    1320
cgcgaacagg tcgataccgt ggtccgggtg ctgcgcgaga gcatcgagga aaccgtggag    1380
gatcttgtcc gcgccggtca ccggtaa    1407

```

<210> 136

<211> 468

<212> PRT

<213> secuencia de aminoácidos de aminotransferasa de Pseudomonas aeruginosa (seq ID gi9951072)

<400> 136

Met Asn Ala Arg Leu His Ala Thr Ser Pro Leu Gly Asp Ala Asp Leu

ES 2 655 710 T3

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

ES 2 655 710 T3

Gln Arg Tyr Asp Val Leu Tyr Ile Ser Asp Glu Val Val Thr Ser Phe
260 265 270

Gly Arg Leu Gly His Phe Phe Ala Ser Gln Ala Val Phe Gly Val Gln
275 280 285

Pro Asp Ile Ile Leu Thr Ala Lys Gly Leu Thr Ser Gly Tyr Gln Pro
290 295 300

Leu Gly Ala Cys Ile Phe Ser Arg Arg Ile Trp Glu Val Ile Ala Glu
305 310 315 320

Pro Asp Lys Gly Arg Cys Phe Ser His Gly Phe Thr Tyr Ser Gly His
325 330 335

Pro Val Ala Cys Ala Ala Ala Leu Lys Asn Ile Glu Ile Ile Glu Arg
340 345 350

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

Arg Leu Gln Ser Leu Arg Asp Leu Pro Ile Val Gly Asp Val Arg Gly
370 375 380

Met Arg Phe Met Ala Cys Val Glu Phe Val Ala Asp Lys Ala Ser Lys
385 390 395 400

Ala Leu Phe Pro Glu Ser Leu Asn Ile Gly Glu Trp Val His Leu Arg
405 410 415

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

Met Ser Pro Pro Leu Ile Leu Thr Arg Glu Gln Val Asp Thr Val Val
435 440 445

Arg Val Leu Arg Glu Ser Ile Glu Glu Thr Val Glu Asp Leu Val Arg
450 455 460

Ala Gly His Arg
465

<210> 137
<211> 1335
5 <212> ADN
<213> Artificial

<220>
<223> gen de aminotransferasa de Pseudomonas aeruginosa (seq ID gi9951630)

10 <400> 137


```

atgacaatga atgacgagcc gcagtcgagc agcctcgaca acttctggat gcccttcacc    60
gccaaccgcc agttcaaggc gcggccgcgc ctgctggaaa gcgccgaagg catccactat    120
atcgcccagg gcgggcgcgc catcctcgac ggcaccgcgc gcctctggtg ctgcaatgcc    180
ggccacggcc ggcgcgagat cagcgaagcg gtggcccggc agatcgccac cctcgactac    240
gccccgcgct tccagatggg tcacccgctg ccgttcgaac tcgccgcgcg gctgacggaa    300
atcgcccgcg cgagcctgaa caaagtattc ttcaccaact ccggctcgga atcggcggac    360
accgcgctga agatgcacct tgccctaccag cgcgccatcg gccagggcac ccgcacccgc    420
ctgatcggcc gcgaactggg ctaccacggg gtcggttcg gccggcctgtc ggtaggcggt    480
atggtcaaca accgcaaggc cttctccgcc aacctgctgc cgggggtcga ccacctgccg    540
cacacctggg acgtgcgccg caacgccttc accgtcggcc tgcccagaca tggcgtggaa    600
aaggccgagg agctggaacg cctggtgacc ctgcacggcg ccgagaatat cgcgcgggtg    660
atcgctgagc cgatgtccgg ctggcccggc gtggtgctgc cgcccaaggc ctaccttcag    720
cggctgcgcg agataacccg caagcatggc atcctgctga tcttcgacga agtgcacc    780
ggtttcggcc gcgtcggcga agccttcgcc gcgcagcgtc ggggcgtcgt ccgagacctg    840
ctgacctgcg ccaaggggct gaccaacggc agcatcccga tgggcgccgt attcgtcgac    900
gagaagatcc atgctgcctt catgcaaggc ccgcagggcg ccatcgagtt cttcacggc    960
tatactatt ccggccatcc ggtagcctgc gccgccgccc tggcgaccct ggacatctac   1020
cgtcgcgacg acctgttcca gcgggccgtc gaactggaag gctactggca ggacgcgctg   1080
ttcagcctgc gcgacctgcc caacgtggtc gacatccgcg ccgtaggcct ggtcggcgcc   1140
gtgcaactgg cgcgcacgcg ggacggcccc ggcaagcgcg gctacgacgt cttcgagcgc   1200
tgcttctggg agcacgacct gatggtccgg gtgaccggcg acatcatcgc catgtcgcg    1260
ccgctgatca tcgacaagcc ccacatcgac cagatcgctg agcgccctggc ccaggccatc   1320
cgcgccagcg tctga                                     1335

```

<210> 138

<211> 444

5 <212> PRT

<213> secuencia de aminoácidos de aminotransferasa de Pseudomonas aeruginosa (seq ID gi9951630)

<400> 138

```

Met Thr Met Asn Asp Glu Pro Gln Ser Ser Ser Leu Asp Asn Phe Trp
1          5          10          15

```

```

Met Pro Phe Thr Ala Asn Arg Gln Phe Lys Ala Arg Pro Arg Leu Leu
20          25          30

```

10

ES 2 655 710 T3

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

ES 2 655 710 T3

275	280	285
Asn Gly Ser Ile Pro Met Gly Ala Val Phe Val Asp Glu Lys Ile His		
290	295	300
Ala Ala Phe Met Gln Gly Pro Gln Gly Ala Ile Glu Phe Phe His Gly		
305	310	315
Tyr Thr Tyr Ser Gly His Pro Val Ala Cys Ala Ala Ala Leu Ala Thr		
	325	330
Leu Asp Ile Tyr Arg Arg Asp Asp Leu Phe Gln Arg Ala Val Glu Leu		
	340	345
Glu Gly Tyr Trp Gln Asp Ala Leu Phe Ser Leu Arg Asp Leu Pro Asn		
	355	360
Val Val Asp Ile Arg Ala Val Gly Leu Val Gly Gly Val Gln Leu Ala		
	370	375
Pro His Ala Asp Gly Pro Gly Lys Arg Gly Tyr Asp Val Phe Glu Arg		
	385	390
Cys Phe Trp Glu His Asp Leu Met Val Arg Val Thr Gly Asp Ile Ile		
	405	410
Ala Met Ser Pro Pro Leu Ile Ile Asp Lys Pro His Ile Asp Gln Ile		
	420	425
Val Glu Arg Leu Ala Gln Ala Ile Arg Ala Ser Val		
	435	440

<210> 139

<211> 467

5 <212> PRT

<213> Escherichia coli (cepa K12) proteína de utilización de etanolamina eutE (P77445)

<400> 139

Met Asn Gln Gln Asp Ile Glu Gln Val Val Lys Ala Val Leu Leu Lys
1 5 10 15

Met Gln Ser Ser Asp Thr Pro Ser Ala Ala Val His Glu Met Gly Val
20 25 30

Phe Ala Ser Leu Asp Asp Ala Val Ala Ala Ala Lys Val Ala Gln Gln
35 40 45

ES 2 655 710 T3

Gly Leu Lys Ser Val Ala Met Arg Gln Leu Ala Ile Ala Ala Ile Arg
 50 55 60

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

Glu Thr Gly Met Gly Arg Val Glu Asp Lys Phe Ala Lys Asn Val Ala
 85 90 95

Gln Ala Arg Gly Thr Pro Gly Val Glu Cys Leu Ser Pro Gln Val Leu
 100 105 110

Thr Gly Asp Asn Gly Leu Thr Leu Ile Glu Asn Ala Pro Trp Gly Val
 115 120 125

Val Ala Ser Val Thr Pro Ser Thr Asn Pro Ala Ala Thr Val Ile Asn
 130 135 140

Asn Ala Ile Ser Leu Ile Ala Ala Gly Asn Ser Val Ile Phe Ala Pro
 145 150 155 160

His Pro Ala Ala Lys Lys Val Ser Gln Arg Ala Ile Thr Leu Leu Asn
 165 170 175

Gln Ala Ile Val Ala Ala Gly Gly Pro Glu Asn Leu Leu Val Thr Val
 180 185 190

Ala Asn Pro Asp Ile Glu Thr Ala Gln Arg Leu Phe Lys Phe Pro Gly
 195 200 205

Ile Gly Leu Leu Val Val Thr Gly Gly Glu Ala Val Val Glu Ala Ala
 210 215 220

Arg Lys His Thr Asn Lys Arg Leu Ile Ala Ala Gly Ala Gly Asn Pro
 225 230 235 240

Pro Val Val Val Asp Glu Thr Ala Asp Leu Ala Arg Ala Ala Gln Ser
 245 250 255

Ile Val Lys Gly Ala Ser Phe Asp Asn Asn Ile Ile Cys Ala Asp Glu
 260 265 270

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

Met Glu Gly Gln His Ala Val Lys Leu Thr Ala Glu Gln Ala Gln Gln
 290 295 300

Leu Gln Pro Val Leu Leu Lys Asn Ile Asp Glu Arg Gly Lys Gly Thr
305 310 315 320

Val Ser Arg Asp Trp Val Gly Arg Asp Ala Gly Lys Ile Ala Ala Ala
325 330 335

Ile Gly Leu Lys Val Pro Gln Glu Thr Arg Leu Leu Phe Val Glu Thr
340 345 350

Thr Ala Glu His Pro Phe Ala Val Thr Glu Leu Met Met Pro Val Leu
355 360 365

Pro Val Val Arg Val Ala Asn Val Ala Asp Ala Ile Ala Leu Ala Val
370 375 380

Lys Leu Glu Gly Gly Cys His His Thr Ala Ala Met His Ser Arg Asn
385 390 395 400

Ile Glu Asn Met Asn Gln Met Ala Asn Ala Ile Asp Thr Ser Ile Phe
405 410 415

Val Lys Asn Gly Pro Cys Ile Ala Gly Leu Gly Leu Gly Gly Glu Gly
420 425 430

Trp Thr Thr Met Thr Ile Thr Thr Pro Thr Gly Glu Gly Val Thr Ser
435 440 445

Ala Arg Thr Phe Val Arg Leu Arg Arg Cys Val Leu Val Asp Ala Phe
450 455 460

Arg Ile Val
465

<210> 140

<211> 532

<212> PRT

<213> Clostridium tetani Alcohol deshidrogenasa (Q894U3)

<400> 140

Met Glu Lys Tyr Asp Lys Asp Leu Tyr Ser Ile Gln Gln Ala Arg Asn
1 5 10 15

Leu Ala Arg Leu Gly Lys Val Ala Ala Asn Lys Ile Ala Asn Tyr Thr
20 25 30

Glu Glu Gln Ile Asp Lys Ile Leu Arg Asn Met Val Arg Val Ala Glu
35 40 45

5

10

ES 2 655 710 T3

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

Arg Ser Pro Gln Val Ile Ala Asn Ala Ala Gly Phe Thr Val Ser Glu
305 310 315 320

Asp Ile Lys Val Leu Ile Gly Lys Gln Asn Gly Val Gly Asn Gly Asn
325 330 335

Pro Leu Ser Phe Glu Lys Leu Thr Thr Val Leu Ala Phe Tyr Thr Val
340 345 350

Lys Asp Trp His Glu Ala Cys Glu Leu Ser Ile Glu Leu Leu Gln Asn
355 360 365

Gly Ile Gly His Thr Met Ser Ile His Thr Gln Asn Asp Asp Ile Val
370 375 380

Met Glu Phe Ala Lys Lys Pro Ala Ser Arg Ile Leu Val Asn Thr Gly
385 390 395 400

Gly Ser Gln Gly Gly Thr Gly Ala Ser Thr Gly Leu Lys Pro Ala Phe
405 410 415

Thr Leu Gly Cys Gly Thr Trp Gly Gly Ser Ser Val Ser Glu Asn Val
420 425 430

Thr Pro Glu His Leu Ile Asn Lys Lys Arg Val Ala Tyr Gly Leu Lys
435 440 445

Asp Cys Ala Thr Leu Val Gln Asn Asp Pro Thr Phe Asn Cys Ile Lys
450 455 460

Thr Ala Ser Asn Cys Arg Gly Val Lys Asn Gln Phe Met Asn Met Ser
465 470 475 480

Pro Ala Gln Ile Ala Ala Ala Ala Glu Val Leu Asn Lys Cys Asn Asp
485 490 495

Tyr Ala Lys Asn Thr Gly Cys Ser Asn Glu Ser Lys Glu Lys Asp Ala
500 505 510

Asn Asn Glu Glu Leu Leu Ser Leu Val Asn Gln Ile Val Ala Ala Met
515 520 525

Lys Gly Ala Asn
530

<210> 141

<211> 297

<212> PRT

<213> Burkholderia thailandensis (cepa E264 / ATCC 700388) Acetaldehído deshidrogenasa (Q2T7T0)

<400> 141

ES 2 655 710 T3

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

Ser Ile Gly Leu Asp Leu Met Phe Lys Val Lys Ala Ser Glu His Phe
20 25 30

Asp Leu Lys Phe Val Val Gly Arg His Ala Asn Ser Asp Gly Leu Lys
35 40 45

Leu Ala Arg Ser Cys Asn Val Glu Thr Ser Ser Asp Gly Leu Asp Phe
50 55 60

Leu Lys Glu Asn Glu Asp Ala Tyr Asp Leu Val Phe Asp Ala Thr Ser
65 70 75 80

Ala Ala Ala His Lys Val Asn Asn Gly Phe Phe Ser Gly Ala Gly Lys
85 90 95

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

Cys Ile Asn Leu Asp Asp Ile Gly Ala Glu Gln Asn Val Asn Leu Ile
115 120 125

Thr Cys Gly Gly Gln Ala Ser Leu Pro Leu Ala Tyr Ala Leu Lys Gln
130 135 140

Ala Val Asp Glu Ile Glu Tyr Leu Glu Val Val Ser Ala Ile Ala Ser
145 150 155 160

Arg Ser Ala Gly Ile Ala Thr Arg Glu Asn Ile Asp Glu Tyr Met Thr
165 170 175

Thr Thr Glu Tyr Ala Leu Ala Gln Phe Ser Gly Ala Lys Lys Thr Lys
180 185 190

Ala Ile Leu Asn Ile Asn Pro Ala Glu Pro Gly Val Arg Met Gln Thr
195 200 205

Thr Leu Tyr Ala His Ala Arg Tyr Arg Asp Phe Asp Arg Val Arg Ala
210 215 220

Cys Val Ala Glu Met Val Glu Lys Val Arg Glu Tyr Val Pro Gly Tyr
225 230 235 240

Arg Leu Val Val Glu Pro Ile Glu Ser Gln Gly Arg Ile Thr Ile Ser
245 250 255

Leu Thr Val Arg Gly Arg Gly Asp Tyr Leu Pro Glu Tyr Ala Gly Asn
260 265 270

Leu Asp Ile Ile Asn Cys Ala Ala Leu Ala Val Ala Ser His Arg His
275 280 285

Ala Thr Ala Arg Leu Gly Ala Thr Gln
290 295

<210> 142

<211> 316

<212> PRT

<213> Pseudomonas putida aldehído deshidrogenasa acilante (Q9EVJ2)

<400> 142

Met Thr Arg Lys Val Lys Ala Ala Ile Ile Gly Ser Gly Asn Ile Gly
1 5 10 15

Thr Asp Leu Met Ile Lys Ile Leu Arg His Gly Gln His Ile Glu Met
20 25 30

Gly Ala Met Val Gly Ile Asp Pro Ala Ser Asp Gly Leu Ala Arg Ala
35 40 45

Gln Arg Met Gly Val Ala Ile Thr His Glu Gly Val Glu Gly Leu Thr
50 55 60

Arg Leu Pro Val Phe Asn Glu Ile Asp Val Val Phe Asp Ala Thr Ser
65 70 75 80

Ala Gly Ala His Val Lys Asn Glu Ala Leu Leu Arg Glu Arg Lys Pro
85 90 95

Gly Leu Arg Met Ile Asp Leu Thr Pro Ala Ala Ile Gly Pro Tyr Cys
100 105 110

Ile Pro Val Val Asn Gly Asp Asp His Leu Asp Ala Thr Asn Val Asn
115 120 125

Met Val Thr Cys Gly Gly Gln Ala Thr Ile Pro Met Val Ala Ala Val
130 135 140

5

10

ES 2 655 710 T3

Ser Arg Val Ala Lys Val His Tyr Ala Glu Ile Ile Ala Ser Ile Ser
145 150 155 160

Ser Lys Ser Ala Gly Pro Gly Thr Arg Ala Asn Ile Asp Glu Phe Thr
165 170 175

Glu Thr Thr Ser Lys Ala Ile Glu Val Val Gly Gly Ala Ala Lys Gly
180 185 190

Lys Ala Ile Ile Val Leu Asn Pro Ala Glu Pro Pro Leu Met Met Arg
195 200 205

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

Glu Ser Val Gln Arg Met Ala Asp Ala Val Gln Ala Tyr Val Pro Gly
225 230 235 240

Tyr Arg Leu Lys Gln Arg Val Gln Phe Asp Arg Ile Glu Ala Asp Cys
245 250 255

Pro Ile Arg Ile Pro Gly Val Gly Asp Arg Met Asn Gly Leu Lys Thr
260 265 270

Ser Ile Phe Leu Glu Val Glu Gly Ala Ala His Tyr Leu Pro Ala Tyr
275 280 285

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

Lys Leu Ala Glu Arg Leu Leu Ala Ser Leu Val Ala
305 310 315

<210> 143

<211> 539

5 <212> PRT

<213> Burkholderia mallei Acetaldehído deshidrogenasa (Acetilante) (A5XRR2)

<400> 143

Met His Arg Gly Ala Ala Cys Trp His Gly Phe Gly Val Thr Asn Gly
1 5 10 15

Val Ala His Val Ala Arg Arg Ile Thr Asp Thr Asp Met Arg Gly Ala
20 25 30

Thr Met Asn His Ala Asp Met Gln His Leu Asn Ile Glu Phe Pro Tyr
35 40 45

10

ES 2 655 710 T3

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

Phe Ala Asp Val Met Asp Arg Asp Asp Ser Tyr Phe Asp Lys Ala Leu
305 310 315 320

Glu Gly Phe Ala Met Phe Ala Leu Asn Gln Gly Glu Val Cys Thr Cys
325 330 335

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

Arg Ala Leu Lys Arg Val Glu Ala Ile Lys Gln Gly His Pro Leu Asp
355 360 365

Ser Gln Thr Met Ile Gly Ala Gln Ala Ser Ala Glu Gln Leu Glu Lys
370 375 380

Ile Leu Ser Tyr Ile Asp Ile Gly Arg Gly Glu Gly Ala Gln Cys Leu
385 390 395 400

Thr Gly Gly Glu Arg Asn Val Leu Gly Gly Glu Leu Ala Glu Gly Tyr
405 410 415

Tyr Val Lys Pro Thr Val Phe Arg Gly His Asn Lys Met Arg Ile Phe
420 425 430

Gln Glu Glu Ile Phe Gly Pro Val Leu Ala Val Thr Thr Phe Lys Thr
435 440 445

Glu Glu Glu Ala Leu Glu Ile Ala Asn Asp Thr Leu Tyr Gly Leu Gly
450 455 460

Ala Gly Val Trp Thr Arg Asp Gly Asn Arg Ala Tyr Arg Phe Gly Arg
465 470 475 480

Gly Ile Gln Ala Gly Arg Val Trp Thr Asn Cys Tyr His Ala Tyr Pro
485 490 495

Ala His Ala Ala Phe Gly Gly Tyr Lys Gln Ser Gly Ile Gly Arg Glu
500 505 510

Thr His Lys Met Met Leu Asp His Tyr Gln Gln Thr Lys Asn Leu Leu
515 520 525

Val Ser Tyr Ser Glu Lys Pro Leu Gly Phe Phe
530 535

<210> 144

<211> 464

<212> PRT

<213> Salmonella typhimurium utilización de propanodiol propionaldehído deshidrogenasa dependiente de CoA (Q9XDN1)

<400> 144

ES 2 655 710 T3

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

Ala Met Gly Met Lys Ser Gly Lys Lys Val Ile Gly Ala Gly Ala Gly
225 230 235 240

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

Glu Asp Ile Ile Asn Gly Ala Ser Phe Asp Tyr Asn Leu Pro Cys Ile
260 265 270

Ala Glu Lys Ser Leu Ile Val Val Glu Ser Val Ala Glu Arg Leu Val
275 280 285

Gln Gln Met Gln Thr Phe Gly Ala Leu Leu Leu Ser Pro Ala Asp Thr
290 295 300

Asp Lys Leu Arg Ala Val Cys Leu Pro Glu Gly Gln Ala Asn Lys Lys
305 310 315 320

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

Val Pro Ala Lys Ala Pro Arg Leu Leu Ile Ala Leu Val Asn Ala Asp
340 345 350

Asp Pro Trp Val Thr Ser Glu Gln Leu Met Pro Met Leu Pro Val Val
355 360 365

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

Glu Gly Leu His His Thr Ala Ile Met His Ser Gln Asn Val Ser Arg
385 390 395 400

Leu Asn Leu Ala Ala Arg Thr Leu Gln Thr Ser Ile Phe Val Lys Asn
405 410 415

Gly Pro Ser Tyr Ala Gly Ile Gly Val Gly Gly Glu Gly Phe Thr Thr
420 425 430

Phe Thr Ile Ala Thr Pro Thr Gly Glu Gly Thr Thr Ser Ala Arg Thr
435 440 445

Phe Ala Arg Ser Arg Arg Cys Val Leu Thr Asn Gly Phe Ser Ile Arg
450 455 460

<210> 145

<211> 315

<212> PRT

<213> Rhodococcus sp. (cepa RHA1) Acetaldehído deshidrogenasa (Q0SJD4)

<400> 145

ES 2 655 710 T3

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

Asp Leu Val Ile Lys Leu Glu Gln Val Ala Lys Asn Val Glu Ile Ala
20 25 30

Val Leu Val Gly Ile Asp Pro Ala Ser Asp Gly Leu Ala Arg Ala Arg
35 40 45

Arg Leu Gly Ile Ser Thr Val Asp Thr Gly Val Gln Gly Leu Ile Glu
50 55 60

His Pro Glu Phe Asp Asp Ile Glu Ile Ile Phe Asp Ser Thr Ser Ala
65 70 75 80

Lys Ala His Leu Thr Asn Ala Glu Ala Leu Arg Pro Tyr Gly Lys His
85 90 95

Leu Ile Asp Leu Thr Pro Ala Ala Ile Gly Pro Tyr Val Val Pro Ala
100 105 110

Val Asn Leu Asp Gln His Leu Gly Ala Pro Asp Val Asn Met Val Thr
115 120 125

Cys Gly Gly Gln Ala Thr Ile Pro Ile Val Ala Ala Ile Ser Lys Val
130 135 140

Thr Asp Val His Tyr Ala Glu Ile Val Ala Ser Ile Ala Ser Lys Ser
145 150 155 160

Ala Gly Pro Gly Thr Arg Ala Asn Ile Asp Glu Phe Thr Glu Thr Thr
165 170 175

Ala Lys Ala Ile Glu Glu Val Gly Gly Ala Ala His Gly Lys Ala Ile
180 185 190

Ile Val Leu Asn Pro Ala Asp Pro Pro Leu Ile Met Arg Asp Thr Val
195 200 205

Leu Ala Leu Val Ser Asn Pro Asp Gln Asp Ala Ile Arg Gln Ser Ile
210 215 220

Thr Asp Met Val Ala Thr Val Ala Ala Tyr Val Pro Gly Tyr Arg Leu
225 230 235 240

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

Thr Leu Thr Gly Gly Ala Asp Ile Gly Ser Pro Val Trp Lys Val Ser
260 265 270

Val Phe Leu Glu Val Glu Gly Ala Ala His Tyr Leu Pro Ala Tyr Ala
275 280 285

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

Leu Ala Glu Arg Thr Ala Leu Glu Ile Ala Arg
305 310 315

<210> 146

<211> 468

<212> PRT

<213> Clostridium beijerinckii Coenzima A aldehído deshidrogenasa acilante (Q9X681)

<400> 146

Met Asn Lys Asp Thr Leu Ile Pro Thr Thr Lys Asp Leu Lys Leu Lys
1 5 10 15

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

Cys Phe Gly Val Phe Glu Asn Val Glu Asn Ala Ile Asn Ser Ala Val
35 40 45

His Ala Gln Lys Ile Leu Ser Leu His Tyr Thr Lys Glu Gln Arg Glu
50 55 60

Lys Ile Ile Thr Glu Ile Arg Lys Ala Ala Leu Glu Asn Lys Glu Val
65 70 75 80

Leu Ala Thr Met Ile Leu Glu Glu Thr His Met Gly Arg Tyr Glu Asp
85 90 95

Lys Ile Leu Lys His Glu Leu Val Ala Lys Tyr Thr Pro Gly Thr Glu
100 105 110

Asp Leu Thr Thr Thr Ala Trp Ser Gly Asp Asn Gly Leu Thr Val Val
115 120 125

Glu Met Ser Pro Tyr Gly Val Ile Gly Ala Ile Thr Pro Ser Thr Asn
130 135 140

ES 2 655 710 T3

Pro Thr Glu Thr Val Ile Cys Asn Ser Ile Gly Met Ile Ala Ala Gly
145 150 155 160

Asn Ala Val Val Phe Asn Gly His Pro Gly Ala Lys Lys Cys Val Ala
165 170 175

Phe Ala Ile Glu Met Ile Asn Lys Ala Ile Ile Ser Cys Gly Gly Pro
180 185 190

Glu Asn Leu Val Thr Thr Ile Lys Asn Pro Thr Met Glu Ser Leu Asp
195 200 205

Ala Ile Ile Lys His Pro Leu Ile Lys Leu Leu Cys Gly Thr Gly Gly
210 215 220

Pro Gly Met Val Lys Thr Leu Leu Asn Ser Gly Lys Lys Ala Ile Gly
225 230 235 240

Ala Gly Ala Gly Asn Pro Pro Val Ile Val Asp Asp Thr Ala Asp Ile
245 250 255

Glu Lys Ala Gly Lys Ser Ile Ile Glu Gly Cys Ser Phe Asp Asn Asn
260 265 270

Leu Pro Cys Ile Ala Glu Lys Glu Val Phe Val Phe Glu Asn Val Ala
275 280 285

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

Glu Asp Gln Val Ser Lys Leu Ile Asp Leu Val Leu Gln Lys Asn Asn
305 310 315 320

Glu Thr Gln Glu Tyr Phe Ile Asn Lys Lys Trp Val Gly Lys Asp Ala
325 330 335

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

Cys Ile Val Cys Glu Val Asn Ala Asn His Pro Phe Val Met Thr Glu
355 360 365

Leu Met Met Pro Ile Leu Pro Ile Val Arg Val Lys Asp Ile Asp Glu
370 375 380

Ala Val Lys Tyr Thr Lys Ile Ala Glu Gln Asn Arg Lys His Ser Ala

```

385              390              395              400

Tyr Ile Tyr Ser Lys Asn Ile Asp Asn Leu Asn Arg Phe Glu Arg Glu
      405              410              415

Ile Asp Thr Thr Ile Phe Val Lys Asn Ala Lys Ser Phe Ala Gly Val
      420              425              430

Gly Tyr Glu Ala Glu Gly Phe Thr Thr Phe Thr Ile Ala Gly Ser Thr
      435              440              445

Gly Glu Gly Ile Thr Ser Ala Arg Asn Phe Thr Arg Gln Arg Arg Cys
      450              455              460

Val Leu Ala Gly
465

```

<210> 147

<211> 475

<212> PRT

<213> *Bacillus thuringiensis* serovar israelensis Alcohol deshidrogenasa / Acetaldehído deshidrogenasa (Acetilante)
(Q3EZP1)

<400> 147

Met	Thr	Asn	Lys	Thr	Asp	Glu	Lys	Glu	Val	Gln	Ala	Met	Val	Asn	Val
1				5					10					15	

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

Glu Asn Gly Lys Glu Ala Leu Lys Ala Leu Glu Ser Tyr Thr Gln Glu
35 40 45

Gln Val Asp His Ile Val His Glu Met Ala Leu Ser Gly Leu Asp Gln
50 55 60

His Met Pro Leu Ala Lys Met Ala Val Glu Glu Thr Gly Arg Gly Val
65 70 75 80

Tyr Glu Asp Lys Cys Thr Lys Asn Ile Phe Ala Thr Glu Tyr Ile Trp
85 90 95

His Ser Ile Lys Lys Asp Lys Thr Val Gly Ile Ile His Glu Asp Pro
100 105 110

His Glu Glu Val Ile Glu Ile Ala Glu Pro Val Gly Val Val Ala Gly
115 120 125

ES 2 655 710 T3

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

ES 2 655 710 T3

Gly Leu Gly His Ser Ala Val Ile His Ser Thr Asn Lys Glu Val Gln
385 390 395 400

Lys Gln Phe Gly Leu Arg Met Lys Ala Cys Arg Leu Ile Val Asn Ser
405 410 415

Pro Ser Ala Gln Gly Gly Ile Gly Asp Ile Tyr Asn Ala Phe Ile Pro
420 425 430

Ser Leu Thr Leu Gly Cys Gly Ser Tyr Gly Lys Asn Ser Val Ser Gln
435 440 445

Asn Val Thr Ala Thr His Ile Ile Asn Val Lys Arg Leu Ala Asn Ser
450 455 460

Pro Asp Asn Met Arg Gly Phe Thr Ile Thr Thr
465 470 475

<210> 148

<211> 467

<212> PRT

<213> marine gamma proteobacterium Aldehído deshidrogenasa (NAD) familia de proteínas (B7RWJ8)

<400> 148

Met Ser Glu Ala Gln Ser Pro Ala Gln Glu Val Ala Glu Met Met Ser
1 5 10 15

Arg Ala Arg Ala Ala Gln Ala Gln Ile Ala Asp Tyr Thr Gln Glu Gln
20 25 30

Val Asp Glu Leu Ile Thr Ala Met Val Tyr Ala Val Ala Arg Glu Asp
35 40 45

Arg Ser Glu Glu Ile Ala Arg Phe Thr Val Glu Glu Thr Gln Leu Gly
50 55 60

Asn Tyr Glu Gly Lys Tyr Leu Lys Ile His Arg Lys Thr Arg Ala Thr
65 70 75 80

Leu Met Asp Ile Ile Asp Asp Lys Ser Val Gly Val Ile Glu Glu Leu
85 90 95

Pro Glu Arg Asn Ile Val Lys Ile Ala Lys Pro Val Gly Val Ile Gly
100 105 110

Ala Leu Ser Pro Ser Thr Asn Pro Glu Ala Thr Pro Val Ile Lys Ala
115 120 125

ES 2 655 710 T3

Ile Ser Ala Val Lys Gly Arg Asn Ala Ile Ile Val Ala Pro His Pro
130 135 140

Arg Ala Lys Leu Thr Asn Lys Lys Ile Cys Asp Tyr Met Arg Glu Ala
145 150 155 160

Leu Glu Leu Cys Gly Ala Pro Ala Asp Leu Val Gln Ser Ile Asp Val
165 170 175

Pro Ser Leu Asp Lys Thr Asn Glu Leu Met Ala Gln Cys Asp Arg Val
180 185 190

Leu Ala Thr Gly Gly Glu Ala Met Val Thr Ala Ala Tyr Ser Ser Gly
195 200 205

Thr Pro Ala Leu Gly Val Gly Val Gly Asn Ala Val Ile Thr Val Asp
210 215 220

Asp Thr Ala Asp Leu Asp Glu Ala Ala Glu Lys Ile Arg Ile Ser Lys
225 230 235 240

Thr Leu Asp Leu Ala Ala Ser Cys Ser Ser Asp Asn Ser Val Leu Val
245 250 255

Phe Glu Ser Val Tyr Asn Glu Leu Leu Glu Lys Leu Lys His Glu Gly
260 265 270

Gly Phe Val Ile Glu Gly Asp Asp Lys Ala Lys Leu Gln Ser Val Ile
275 280 285

Trp Glu Asp Asp His Leu Asn Ala Lys Ile Val Ala Gln His Ala Gln
290 295 300

Thr Ile Cys Gly Gln Ala Gly Ile Asp Leu Pro Glu Gly Lys Ser Phe
305 310 315 320

Leu Ile Val Pro Glu Thr Gly Ala Gly Ala Asp His Pro Phe Ser Gly
325 330 335

Glu Lys Leu Thr Val Thr Met Ala Leu Tyr Lys Val Lys Asp Ile Asp
340 345 350

Glu Ala Ile Glu Met Thr Asn Lys Ile Gln Ala Tyr Gln Gly Gln Gly
355 360 365

His Ser Cys Gly Ile Tyr Ser Tyr Asn Asp Asp Asn Val Leu Lys Leu

ES 2 655 710 T3

370		375		380
Ala Asp Ala Thr Arg Thr Ser Arg Val Met Val Asn Gln Pro Gln Ala				
385		390		395
				400
Ala Ser Asn Ser Gly Asn Leu Trp Asn Gly Met Arg Gln Thr Phe Ser				
	405		410	415
Leu Gly Cys Gly Ser Trp Gly Gly Asn Ser Ile Asn His Asn Ile Thr				
	420		425	430
Trp Arg Asp Leu Ile Asn Glu Thr Trp Val Ser Lys Pro Leu Ala Thr				
	435		440	445
Thr Lys Thr Ile Pro Ser Asp Glu Glu Leu Phe Gly Ala Val Met Ala				
	450		455	460
Lys Phe Ser				
465				

REIVINDICACIONES

1. Un método para preparar un éster de adipato o tioéster de adipato, que comprende convertir un éster de 2,3-deshidroadiapato o tioéster de 2,3-deshidroadiapato en el éster o tioéster de adipato en presencia de un biocatalizador.
- 5 2. El método según la reivindicación 1, en el que el biocatalizador comprende una enzima capaz de catalizar la reducción de un doble enlace carbono-carbono de un resto 2,3-enoato o un resto 2-enoilo.
3. El método según la reivindicación 2, en el que el biocatalizador comprende una enzima seleccionada del grupo de oxidorreductasas que actúan sobre el grupo HC-CH de donantes (EC 1.3.1. o 1.3.99).
4. El método según la reivindicación 3, en el que la oxidorreductasa se selecciona del grupo de enoil-CoA reductasas (EC 1.3.1.8), enoil-CoA reductasas (EC 1.3.1.38), enoil-CoA reductasas (EC 1.3.1.44), enoil-[proteína portadora de acilo] reductasas (EC 1.3.1.9), enoil-[proteína portadora de acilo] reductasas (EC 1.3.1.10), enoil-[proteína portadora de acilo] reductasas (EC 1.3.1.39), butiril-CoA deshidrogenasas (EC 1.3.99.2), acil-CoA deshidrogenasas (1.3.99.3) y acilo de cadena larga-CoA deshidrogenasas (EC 1.3.99.13).
- 10 5. El método según cualquiera de las reivindicaciones precedentes, en el que el biocatalizador comprende una enzima, y dicha enzima comprende una secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo de secuencias de aminoácidos representadas mediante cualquiera de SEQ ID N°s: 42-67, 94, 96, 98, 100, 102, 103, 105, 106, 107, 109, 111, 113, 115, 116, y los homólogos de las mismas que tienen al menos un 70% de identidad de secuencia.
- 15 6. El método según cualquiera de las reivindicaciones precedentes, en el que el éster de 2,3-deshidroadiapato o tioéster de 2,3-deshidroadiapato se prepara convirtiendo un éster de 3-hidroxiadiapato o tioéster de 3-hidroxiadiapato.
7. El método según la reivindicación 6, en el que el éster o tioéster de 3-hidroxiadiapato se convierte biocatalíticamente en presencia de un biocatalizador capaz de catalizar la deshidratación de un éster de 3-hidroxiacilo o tioéster de 3-hidroxiacilo en un éster o tioéster de 2-enoilo.
- 20 8. El método según la reivindicación 7, en el que el biocatalizador comprende una enzima seleccionada del grupo de hidrolisasas (E.C. 4.2.1).
9. El método según la reivindicación 8, en el que la hidrolisasa se selecciona del grupo de enoil-CoA hidratasas (EC 4.2.1.17), 3-hidroxiacil-CoA deshidratasas (EC 4.2.1.55) y enoilo de cadena larga-CoA hidratasas (EC 4.2.1.74).
- 25 10. El método según cualquiera de las reivindicaciones 6, 7, 8 o 9, en el que el éster o tioéster de 3-hidroxiadiapato se prepara convirtiendo un éster de 3-oxoadipato o tioéster de 3-oxoadipato.
11. El método según la reivindicación 10, que comprende convertir biocatalíticamente el éster de 3-oxoadipato o tioéster de 3-oxoadipato en presencia de un biocatalizador.
- 30 12. El método según la reivindicación 11, en el que el biocatalizador es capaz de catalizar la reducción de un grupo carbonilo en un grupo alcohol, o capaz de catalizar la reducción de un éster de 3-oxoacilo o tioéster de 3-oxoacilo en el éster o tioéster de 3-hidroxiacilo correspondiente, seleccionado del grupo de deshidrogenasas (E.C. 1.1.1).
13. El método según la reivindicación 12, en el que la deshidrogenasa se selecciona del grupo de 3-hidroxiacil-CoA deshidrogenasas (EC 1.1.1.35), 3-hidroxiacil-CoA deshidrogenasas (EC 1.1.1.36), 3-hidroxiacil-CoA deshidrogenasas (EC 1.1.1.157), 3-hidroxiacil-CoA deshidrogenasas (EC 1.1.1.259) y 3-hidroxiacilo de cadena larga-CoA deshidrogenasas (EC 1.1.1.211).
- 35 14. El método según cualquiera de las reivindicaciones 10, 11, 12 o 13, en el que el éster de 3-oxoadipato o tioéster de 3-oxoadipato se prepara haciendo reaccionar un éster de succinato o tioéster de succinato con un éster de acetato o tioéster de acetato.
- 40 15. El método según la reivindicación 14, que comprende hacer reaccionar biocatalíticamente un éster o tioéster de succinato con un éster o tioéster de acetato en presencia de un biocatalizador.
16. El método según la reivindicación 15, en el que el biocatalizador comprende una enzima capaz de transferir grupos acetilo seleccionada del grupo de aciltransferasas (E.C. 2.3.1).
- 45 17. El método según la reivindicación 16, en el que la aciltransferasa se selecciona del grupo de acetil-CoA:acetil-CoA C-acetiltransferasas (EC 2.3.1.9), acil-CoA:acetil-CoA C-aciltransferasas (EC 2.3.1.16) y succinil-CoA:acetil-CoA C-succiniltransferasas (EC 2.3.1.174).
18. El método según la reivindicación 17, en el que la aciltransferasa comprende una secuencia de aminoácidos tal como se identifica en cualquiera de SEQ ID N°s: 1-13, o un homólogo de la misma que tiene al menos un 70% de identidad de secuencia.
- 50

19. El método según cualquiera de las reivindicaciones precedentes, en el que cualquiera de dichos ésteres se selecciona del grupo de grupos activantes biológicos.
20. El método según la reivindicación 19, en el que cualquiera de dichos ésteres se selecciona del grupo de coenzima A, fosfo-panteteína, que se puede unir a una proteína portadora de acilo o peptidilo, N-acetil-cisteamina, tio-glicolato de metilo, mercapto-propionato de metilo, mercapto-propionato de etilo, mercapto-butilato de metilo y mercaptopropionato.
21. Un método para preparar ácido adípico que comprende preparar éster de adipato o tioéster de adipato en un método según cualquiera de las reivindicaciones precedentes, e hidrolizar el éster de adipato o tioéster de adipato.
22. El método según la reivindicación 21, en el que la hidrólisis se cataliza mediante un biocatalizador.
23. El método según la reivindicación 22, en el que el biocatalizador comprende una enzima seleccionada del grupo de hidrolasas (EC 3.1.2).
24. Un método para preparar ácido adípico, que comprende preparar éster de adipato o tioéster de adipato en un método según cualquiera de las reivindicaciones 1-20 y transferir el grupo activante del éster de adipato o tioéster de adipato, en el que la transferencia del grupo activante se cataliza mediante un biocatalizador.
25. El método según la reivindicación 24, en el que el biocatalizador comprende una enzima que cataliza la transferencia de grupos que contienen azufre (EC 2.8).
26. El método según la reivindicación 25, en el que la enzima se selecciona del grupo de CoA transferasas (EC 2.8.3).
27. Un método para preparar 5-formilpentanoato que comprende preparar éster de adipato o tioéster de adipato en un método según cualquiera de las reivindicaciones 1-20, o preparar ácido adípico en un método según la reivindicación 21, 22, 23, 24, 25 o 26, y convertir el éster de adipato, el tioéster de adipato o el ácido adípico en 5-formilpentanoato.
28. El método según la reivindicación 27, en el que la conversión en 5-formilpentanoato se cataliza mediante un biocatalizador.
29. El método según la reivindicación 28, en el que el biocatalizador comprende una enzima seleccionada del grupo de oxidorreductasas (EC 1.2.1).
30. El método según la reivindicación 29, en el que la oxidorreductasa se selecciona del grupo de aldehído deshidrogenasas (EC 1.2.1.3), aldehído deshidrogenasas (EC 1.2.1.4), aldehído deshidrogenasas (EC 1.2.1.5), malonato-semialdehído deshidrogenasas (EC 1.2.1.15), succinato-semialdehído deshidrogenasas (EC 1.2.1.16), succinato-semialdehído deshidrogenasas (EC 1.2.1.24), glutarato-semialdehído deshidrogenasas (EC 1.2.1.20), amino adipato semialdehído deshidrogenasas (EC 1.2.1.31), adipato semialdehído deshidrogenasas (EC 1.2.1.63), aldehído deshidrogenasas (acetilantes) (EC 1.2.1.10), acilo graso-CoA reductasas (EC 1.2.1.42), acilo graso de cadena larga-CoA reductasas (EC 1.2.1.50), butanal deshidrogenasas (EC 1.2.1.57) y succinato semialdehído deshidrogenasas (acetilantes).
31. Un método para preparar ácido 6-aminocaproico, que comprende preparar 5-formilpentanoato en un método según la reivindicación 27, 28, 29 o 30, y convertir el 5-formilpentanoato en ácido 6-aminocaproico.
32. El método según la reivindicación 31, en el que la conversión se cataliza mediante un biocatalizador.
33. El método según la reivindicación 32, en el que el biocatalizador es capaz de catalizar una transaminación y/o una aminación reductora.
34. El método según la reivindicación 33, en el que el biocatalizador comprende una enzima seleccionada del grupo de aminotransferasas (EC 2.6.1) y aminoácido deshidrogenasas (EC 1.4.1).
35. El método según la reivindicación 34, en el que la enzima se selecciona del grupo de β -aminoisobutirato: α -cetoglutarato aminotransferasas, β -alanina aminotransferasas, aspartato aminotransferasas, 4-amino-butilato aminotransferasas (EC 2.6.1.19), L-lisina 6-aminotransferasas (EC 2.6.1.36), 2-amino adipato aminotransferasas (EC 2.6.1.39), 5-aminovalerato aminotransferasas (EC 2.6.1.48), 2-amino hexanoato aminotransferasas (EC 2.6.1.67), lisina:piruvato 6-aminotransferasas (EC 2.6.1.71), y lisina-6-deshidrogenasas (EC 1.4.1.18).
36. El método según las reivindicaciones 31, 32, 33, 34 o 35, en el que se usa una aminotransferasa que comprende una secuencia de aminoácidos según SEQ ID N°s: 82, 83, 84, 134, 136, 138 o un homólogo de cualquiera de estas secuencias que tiene al menos un 70% de identidad de secuencia.
37. Un método para preparar caprolactama, que comprende preparar ácido 6-aminocaproico en un método según cualquiera de las reivindicaciones 31-36, y ciclar el ácido 6-aminocaproico, por lo que se forma caprolactama.

38. El método según cualquiera de las reivindicaciones 1-37, que comprende poner en contacto células que comprenden el biocatalizador con una fuente de carbono fermentable, en el que la fuente de carbono contiene cualquiera de dichos compuestos que se van a convertir en el compuesto a preparar, o en el que las células preparan el compuesto a convertir en el compuesto a preparar a partir de la fuente de carbono.
- 5 39. El método según la reivindicación 21, 22, 23, 24, 25 o 26, que comprende preparar ácido adípico a partir de ácido succínico o un éster o tioéster de ácido succínico del mismo, por medio de una diversidad de reacciones, en el que al menos una de las reacciones se cataliza mediante un biocatalizador.
40. El método según la reivindicación 39, que comprende
- 10 (1) proporcionar un éster o tioéster de succinato y hacer reaccionar dicho éster o tioéster con un éster o tioéster de acetato, por lo que se forma un éster o tioéster de 3-oxoadipato;
- (2) hidrogenar el grupo 3-oxo del éster o tioéster de 3-oxoadipato, por lo que se forma un éster o tioéster de 3-hidroxiadipato;
- (3) deshidratar el éster o tioéster de 3-hidroxiadipato, por lo que se forma un éster o tioéster de 2,3-deshidroadipato;
- 15 (4) hidrogenar el doble enlace C-C del éster o tioéster de 2,3-deshidroadipato, por lo que se forma un éster o tioéster de adipato; y
- (5) hidrolizar el enlace éster o enlace tioéster, por lo que se forma ácido adípico.

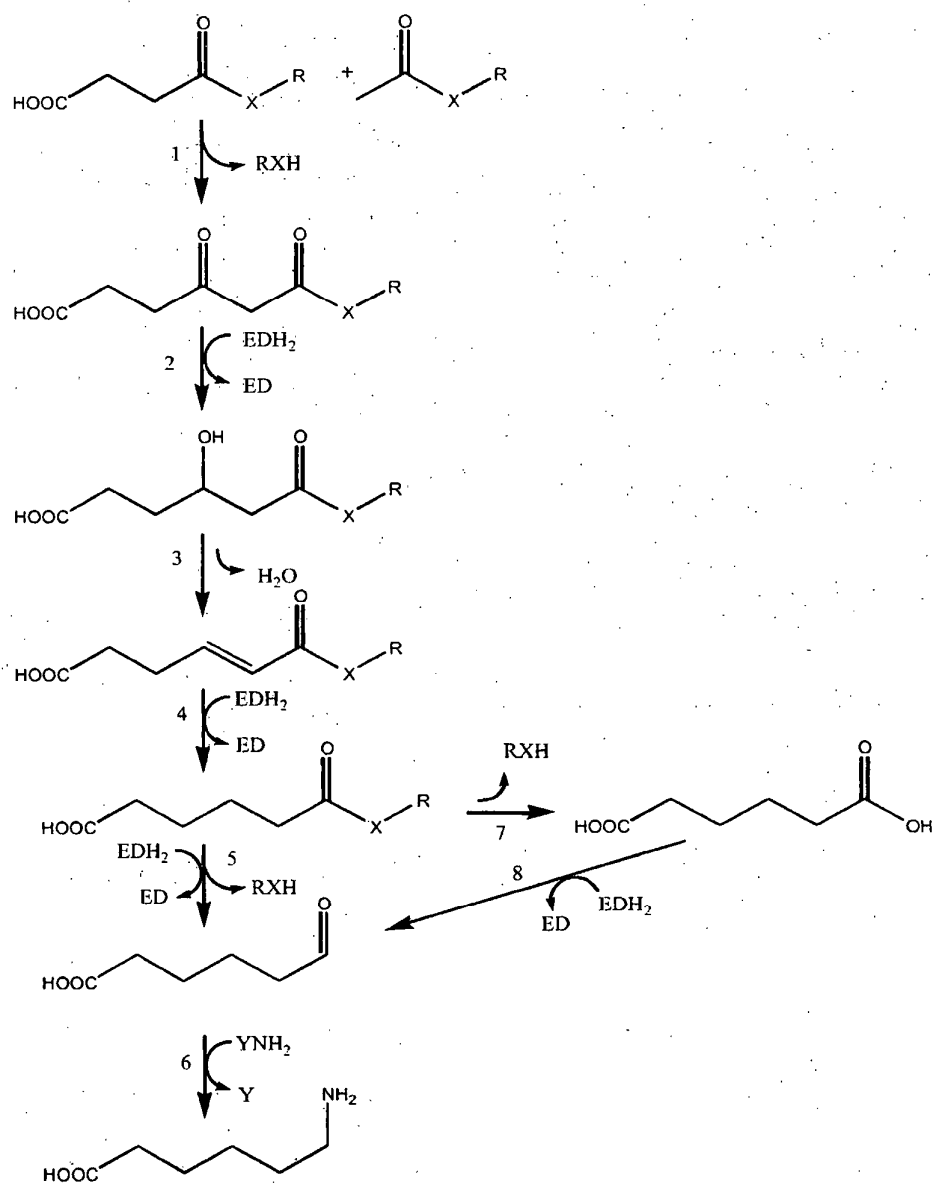


Figura 1: Preparación del éster o tioéster de adipato a partir de éster o tioéster de succinato

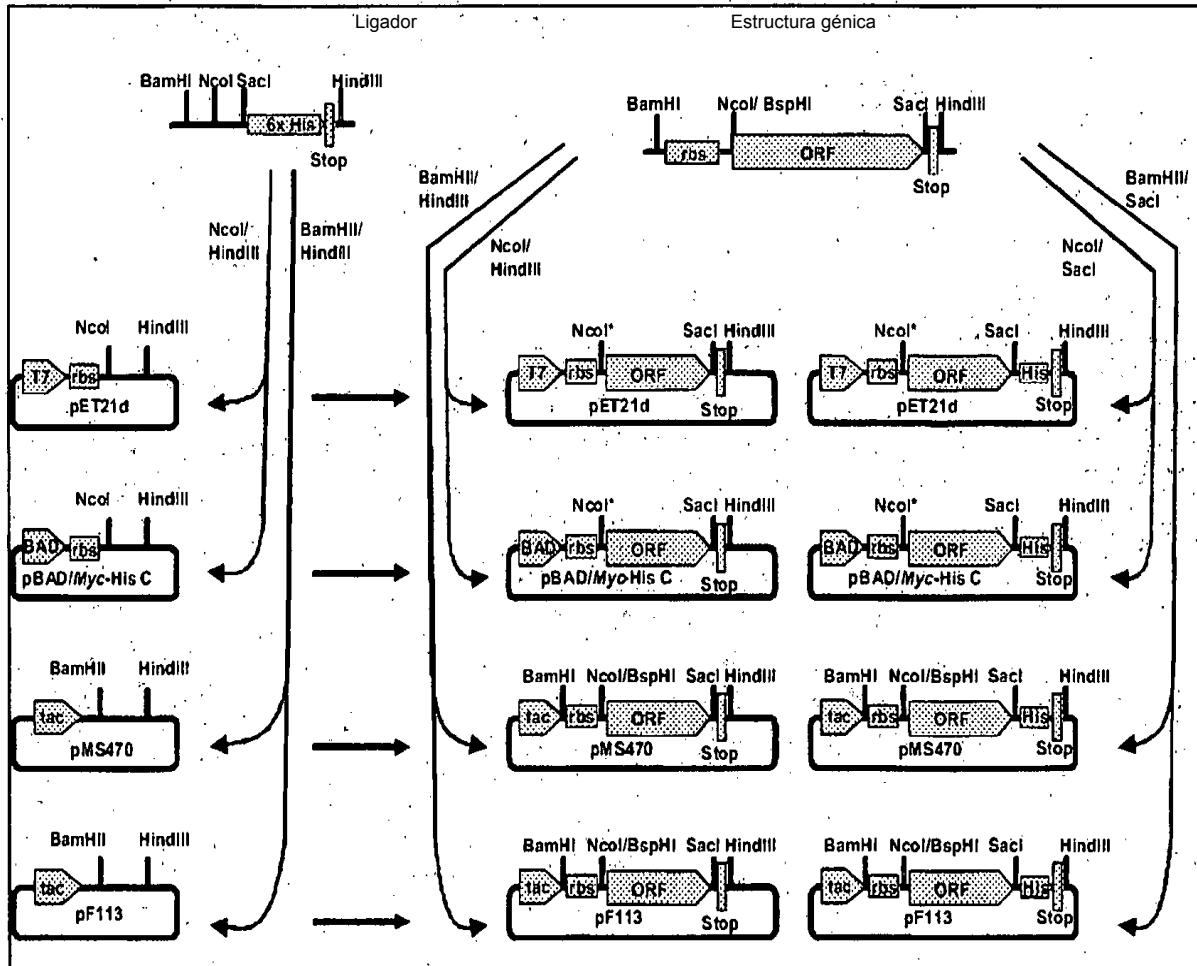


Figura 2: Resumen de la estrategia de clonación. Solamente se muestran las características relevantes y los sitios de restricción.

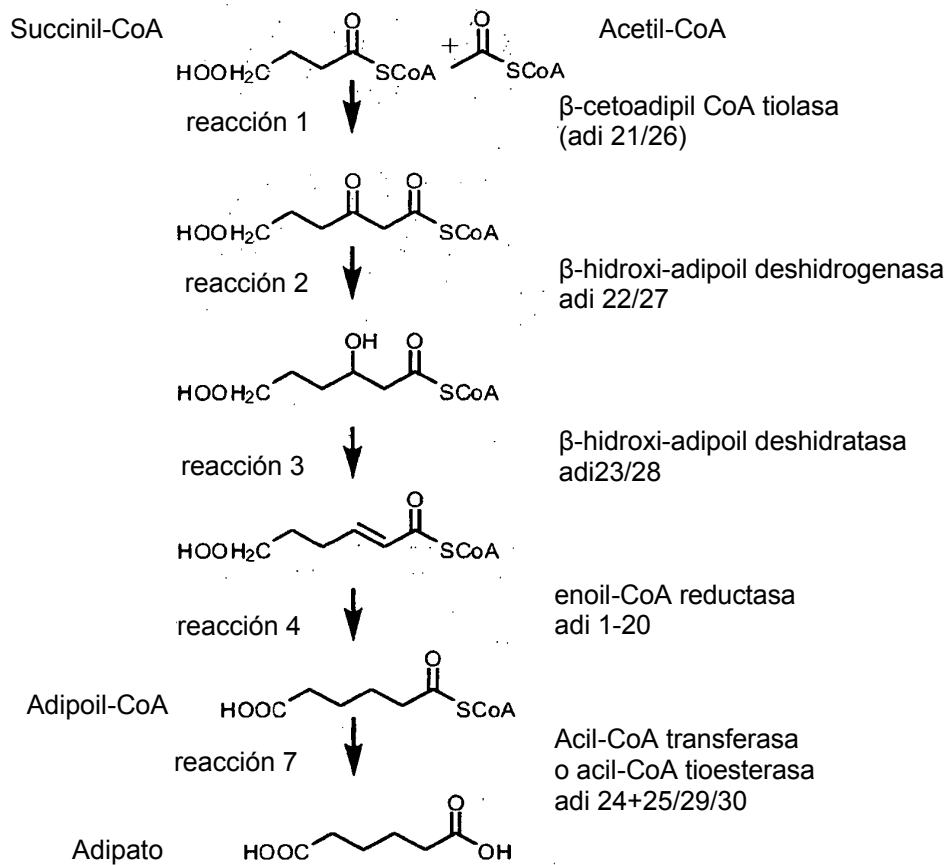


Figura 3: Ruta biosintética de adipato

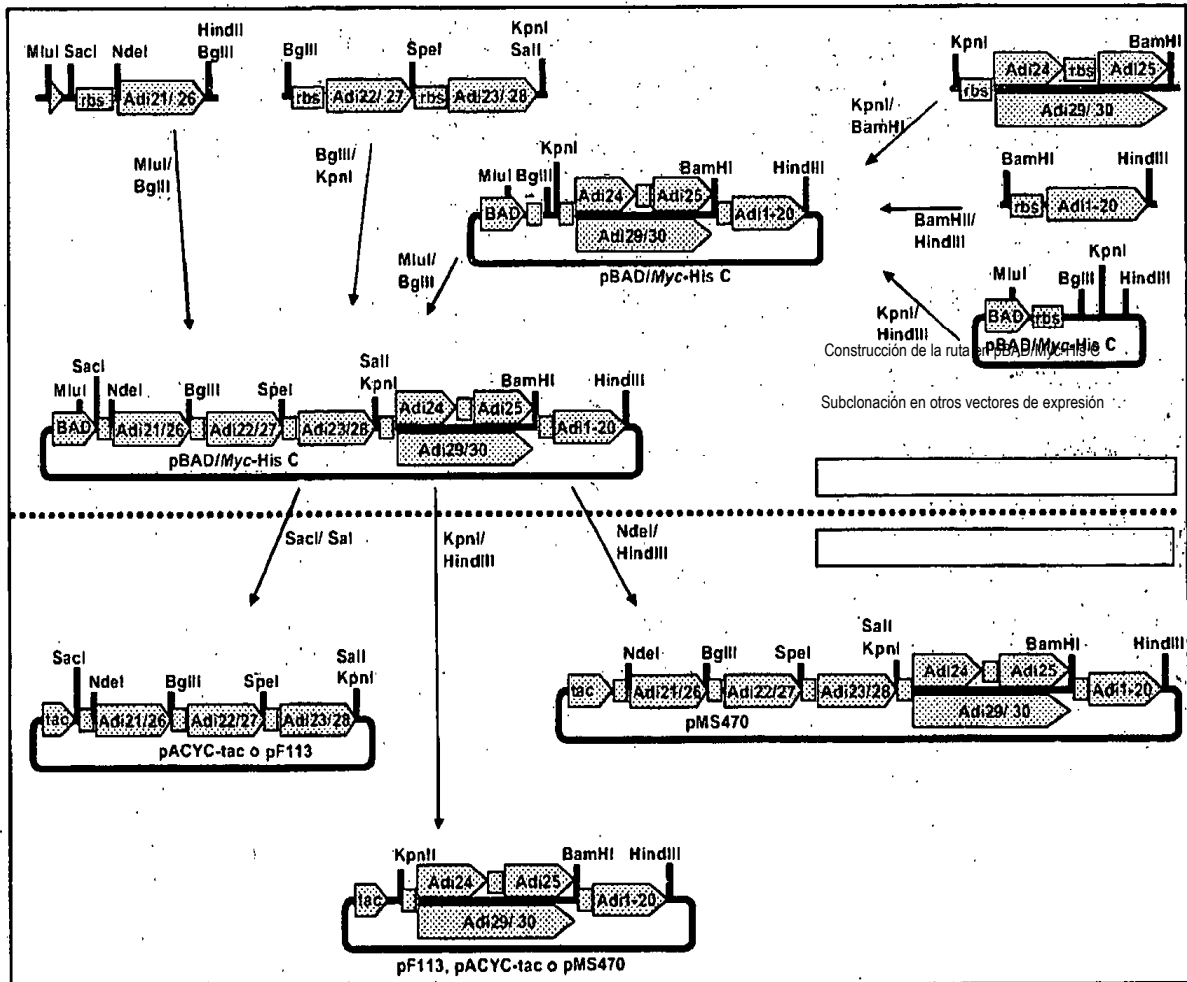


Figura 4: Estrategia de clonación para la construcción de la ruta de adipato