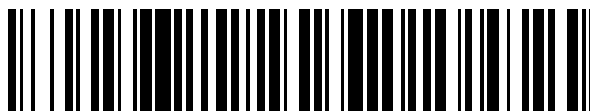


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 751 579**

51 Int. Cl.:

C12N 9/02 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **11.04.2015 PCT/EP2015/057917**

87 Fecha y número de publicación internacional: **15.10.2015 WO15155363**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **11.04.2015 E 15715727 (2)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **31.07.2019 EP 3129474**

54 Título: **Variantes de lacasa con propiedades mejoradas**

30 Prioridad:

11.04.2014 EP 14164498

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

01.04.2020

73 Titular/es:

**METGEN OY (100.0%)
Rakentajantie 26
20780 Kaarina, FI**

72 Inventor/es:

BIRIKH, KLARA

74 Agente/Representante:

CARPINTERO LÓPEZ, Mario

ES 2 751 579 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

Variantes de lacasa con propiedades mejoradas

Campo de la invención

5 La presente invención se refiere a variantes de lacasa y los usos de las mismas como biocatalizadores respetuosos con el medio ambiente en distintos procedimientos industriales.

Antecedentes de la invención

10 Las lacasas (EC 1.10.3.2) son enzimas que tienen una distribución taxonómica amplia y pertenecen al grupo de las multicobre oxidasas. Las lacasas son catalizadores respetuosos con el medio ambiente, que utilizan el oxígeno molecular del aire para oxidar distintos compuestos fenólicos y no fenólicos relacionados con la lignina, así como contaminantes ambientales altamente recalcitrantes y producen agua como único producto residual. Estos catalizadores "verdes" naturales se utilizan en diversas aplicaciones industriales incluyendo la detoxificación de diversos residuos industriales principalmente de las industrias de papel y pasta, textil y petroquímica, su uso como un agente de biorrehabilitación para limpiar el suelo de herbicidas y plaguicidas y de ciertos explosivos. Las lacasas también se utilizan como agentes limpiadores en ciertos sistemas de purificación del agua. Además, su capacidad para retirar sustancias xenobióticas y producir productos poliméricos hace que sean una herramienta útil con fines de biorrehabilitación. Otra área de aplicación muy propuesta de las lacasas es el pretratamiento de la biomasa en la industria del biocombustible y pasta y papel.

15 Las moléculas de lacasa habitualmente son monómeros que consisten en tres dominios tipo cupredoxina conectados consecutivamente retorcidos en un glóbulo apretado. El sitio activo de las lacasas contiene cuatro iones de cobre: un ion de cobre "azul" mononuclear (sitio T1) y un agrupamiento de tres núcleos de cobre (sitio T2/T3) que consiste en un ion de cobre T2 y dos iones de cobre T3.

20 Las lacasas se pueden aislar a partir de diferentes fuentes tales como plantas, hongos o bacterias y son muy diversas en sus secuencias primarias. Sin embargo, tienen regiones conservadas en las secuencias y ciertas características comunes en sus estructuras tridimensionales. Una comparación de secuencias de más de 100 lacasas ha revelado cuatro regiones conservadas cortas (no mayores de 10 aa cada una) que son específicas de todas las lacasas [7, 8]. Una cisteína y diez restos de histidina forman un entorno de ligando de iones de cobre del sitio activo de la lacasa presente en estas cuatro secuencias de aminoácidos conservadas.

25 La lacasa bacteriana mejor estudiada es la lacasa CotA. La CotA es un componente de las capas de revestimiento externo de la endospora de bacilos. Es una proteína de 65 kDa codificada por el gen cotA [1].

30 La CotA pertenece a un grupo diverso de oxidasas "azules" multicobre que incluye las lacasas. Esta proteína presenta una alta termoestabilidad, y resistencia a distintos elementos perjudiciales de acuerdo con las capacidades de supervivencia de la endospora.

35 La expresión de proteínas recombinantes en huéspedes de fácil cultivo puede permitir una mayor productividad en menor tiempo y reduce los costes de producción. La versatilidad y posibilidades de aumentar la escala de la producción de proteínas recombinantes abre nuevas oportunidades comerciales para sus usos industriales. Además, tiene la ventaja de que la producción de proteínas de especies patógenas o productoras de toxinas puede ser en huéspedes microbianos más seguros o incluso GRAS (generalmente reconocidos como seguros). Además, se puede emplear la modificación proteica para mejorar la estabilidad, actividad y/o especificidad de una enzima, así se pueden producir enzimas a medida para ajustarse a las necesidades de los usuarios o del procedimiento.

40 La productividad enzimática puede aumentarse utilizando múltiples copias de genes, promotores fuertes y secuencias de señal eficaces, diseñados apropiadamente para dirigir las proteínas al medio extracelular simplificando así el procesamiento corriente abajo.

45 La producción de proteínas recombinantes en huéspedes bacterianos a menudo está limitada por la incapacidad de la proteína para plegarse en la correcta estructura 3D en la biosíntesis de la cadena polipeptídica. Esto puede causar la exposición de parches hidrófobos de la superficie del glóbulo proteico y dar como resultado la agregación proteica. Los mecanismos de plegamiento de proteína heteróloga in vivo se conocen poco y la capacidad de plegamiento de las diferentes proteínas en las bacterias es impredecible.

50 La producción de proteína activa soluble puede mejorarse a veces cambiando las condiciones de cultivo. Además, hay ejemplos en los que el rendimiento proteico se mejoraba introduciendo mutaciones puntuales únicas en la secuencia proteica. Sin embargo, no se ha identificado nada razonable de fondo para el hallazgo de mutaciones adecuadas.

La expresión heteróloga de lacasa en *Escherichia coli* a menudo se ha utilizado como estrategia para atajar el problema de la obtención de lacasas que no son fácilmente producibles en huéspedes naturales. La expresión recombinante de CotA de *Bacillus subtilis* en *E. coli* ha permitido su profunda caracterización, la resolución de la

estructura, y la evolución funcional [1,2,3]. Sin embargo, muy a menudo el rendimiento es bajo, debido a una fuerte tendencia de esta enzima a formar agregados que da lugar a una proteína irreversiblemente inactiva [4]. Esta tendencia se ha atribuido al hecho de que en la naturaleza de lacasa COTA está integrada en una estructura de revestimiento de la espora mediante la interacción con otros componentes proteicos, y es probable que el plegamiento correcto de lacasa aumente por la interacción con otras proteínas. Cuando esta lacasa se expresa recombinantemente como polipéptidos individuales, estas interacciones de soporte se pierden y muchas proteínas mal plegadas forman agregados en las células bacterianas. Cuando se expresa en microorganismos superiores tales como levaduras, las moléculas de lacasa mal plegadas se degradan en gran parte.

Existe una necesidad en la técnica de medios y procedimientos para mejorar el rendimiento de lacasas en sistemas de expresión heterólogos. Esto es particularmente cierto en lacasas bacterianas tales como lacasas CotA.

Sumario de la invención

La presente invención afronta esta necesidad proporcionando variantes de lacasas con propiedades mejoradas. Más en particular, la invención se refiere a un polipéptido con actividad de lacasa que consiste en una secuencia de aminoácidos que es al menos un 75 % idéntica a la secuencia de aminoácidos de acuerdo con la SEQ ID NO: 1, en la que el polipéptido comprende un resto de aminoácido pequeño seleccionado de entre el grupo que consiste en treonina, prolina, alanina, glicina, serina, cisteína, ácido aspártico, asparagina y valina en la posición de aminoácido correspondiente a la posición 149 de la SEQ ID NO: 1.

Se prefiere un resto de treonina en una posición correspondiente con la posición de aminoácido 149 de la SEQ ID NO: 1.

También se describe en el presente documento, ácidos nucleicos, vectores y composiciones mejorados que codifican las variantes enzimáticas de lacasas.

También se proporcionan en el presente documento sistemas de expresión heteróloga recombinante tal como células huésped que comprenden un ácido nucleico, un vector o una composición como se describe en el presente documento.

También se proporcionan en el presente documento procedimientos para la producción de un polipéptido como se describe en el presente documento que comprende las etapas de:

- a. el cultivo de una célula huésped recombinante que comprende un polinucleótido como se describe en el presente documento en condiciones adecuadas para la producción del polipéptido, y
- b. la recuperación del polipéptido obtenido, y
- c. opcionalmente la purificación de dicho polipéptido.

También se desvela en el presente documento, el uso de un polipéptido como se describe en el presente documento en una aplicación seleccionada de entre el grupo que consiste en la delignificación de la pasta, degradación o disminución de la integridad estructural de material lignocelulósico, blanqueamiento de colorantes textiles, detoxificación de aguas residuales, detoxificación xenobiótica, producción de azúcares a partir de material lignocelulósico y recuperación de celulosa a partir de una biomasa.

También se desvela en el presente documento un procedimiento para la mejora del rendimiento de un polipéptido con actividad de lacasa en un sistema de expresión heterólogo que comprende la etapa del cambio del aminoácido de ese polipéptido en la posición correspondiente a la posición 149 de la SEQ ID NO: 1 por un resto de aminoácido pequeño.

Las realizaciones preferidas de estos aspectos se describirán con más detalle posteriormente. Con fines de claridad y precisión de la descripción, las características se describen en el presente documento como parte de la misma o diferentes realizaciones, sin embargo, se apreciará que la descripción puede incluir realizaciones que tengan combinaciones de todas o algunas de las características descritas.

Descripción detallada de la invención

La presente invención se basa en la observación de los inventores de que la sustitución de un único aminoácido en diferentes lacasas mejora el rendimiento de esa lacasa en al menos un 50 % cuando se expresa en procariotas, así como en eucariotas. Los inventores también descubrieron que la variante de lacasa se mantiene activa.

La expresión "sustitución de aminoácido" se utiliza en el presente documento de la misma manera que se utiliza comúnmente, es decir, la expresión se refiere a una sustitución de uno o más aminoácidos en una proteína por otro aminoácido. También se hace referencia a las sustituciones de aminoácidos artificiales como mutaciones.

La expresión "aminoácido pequeño" como se utiliza en el presente documento pretende cubrir un grupo de aminoácidos que se considera habitualmente como aminoácidos pequeños o diminutos. En una realización preferida, este grupo se limita a los aminoácidos treonina, prolina, alanina, glicina, serina, cisteína, ácido aspártico, asparagina y valina.

La SEQ ID NO: 1, es una lacasa CotA de *Bacillus subtilis* recién desvelada en el presente documento, mientras que

la SEQ ID NO: 2 es una lacasa CotA que se había desvelado previamente en el documento WO 2013/038062. Los inventores descubrieron que las variantes de lacasa que tienen un resto de aminoácido pequeño seleccionado de entre el grupo que consiste en treonina, prolina, alanina, glicina, serina, cisteína, ácido aspártico, asparagina y valina en la posición de aminoácido correspondiente a la posición 149 de la SEQ ID NO: 1 proporcionaban un mayor rendimiento cuando se expresa en un sistema de expresión heterólogo.

Las variantes de lacasa que tienen un resto de aminoácido seleccionado de entre el grupo que consiste en Treonina, Prolina, Asparagina y Ácido aspártico en la posición de aminoácido correspondiente a la posición 149 de la SEQ ID NO: 1 se prefieren en el contexto de la presente divulgación.

Las variantes que tienen un resto de treonina en una posición de aminoácido correspondiente con la posición 149 de la SEQ ID NO: 1 son las más preferidas ya que daban como resultado el mayor rendimiento de lacasa expresada recombinantemente.

La SEQ ID NO: 3 y la SEQ ID NO: 4 desvela proteínas de revestimiento de la espora de *B. subtilis* con actividad lacasa (lacasa CotA), que tienen una mutación 149T. De hecho, la SEQ ID NO: 3 es una variante de la SEQ ID NO: 1 en la que se ha sustituido un resto de isoleucina en la posición 149 por un resto de treonina. La SEQ ID NO: 4 es una variante de la SEQ ID NO: 2 en la que se ha sustituido un resto de isoleucina en la posición 149 por un resto de treonina.

Los inventores llevaron a cabo una búsqueda de homología de proteínas homólogas a la SEQ ID NO: 1 utilizando la SEQ ID NO: 1 como secuencia de consulta con el software "BLAST de proteínas convencionales", disponible en http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastp&PAGE_TYPE=BlastSearch&LI_NK_LOC=blasthome. Está disponible más información del softwares y versiones de la base de datos en el Centro Nacional de Información Biotecnológica en el sitio de internet de la biblioteca Nacional de Medicina del Instituto Nacional de Salud www.ncbi.nlm.nih.gov. En el mismo, se encuentran varias herramientas de biología molecular que incluyen el BLAST (Herramienta de Búsqueda de Alineamiento Lógico Básico). El BLAST utiliza las siguientes bases de datos: Todas las traducciones CDS no redundantes del GenBank+PDB+SwissProt+PIR+PRF excluyendo las muestras ambientales de los proyectos WGS. La búsqueda que se expone en el presente documento se llevó a cabo en línea el 19 de Feb de 2014 y se empleó la versión BLASTP 2.2.29+.

La búsqueda reveló 44 secuencias con al menos un 75 % de identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 1 (tabla 1). Estas secuencias se proporcionan en el presente documento como las SEQ ID NO: 51 a 94.

Tabla 1 Secuencias obtenidas a partir de una búsqueda BLAST que desvela 44 secuencias con al menos un 75 % de identidad con la SEQ ID NO: 1

SEQ ID NO:	BLAST N.º:	Descripción	N.º de acceso:	Identidad total (1)	nº AA corr. con la pos 149 (2)	AA en la pos corr. al AA (3)
1	1	Lacasa CotA de <i>B. subtilis</i> (secuencia de consulta)		100 %	149	Ile
51	2	lacasa [<i>Bacillus subtilis</i>]	AGZ16504.1	98 %	149	Ile
52	3	lacasa dependiente de cobre de esporas (revestimiento externo) [<i>Bacillus subtilis</i> subesp. <i>spizizenii</i> cp. W23] >ref WP_003219376.1 cobre oxidasa [<i>Bacillus subtilis</i>] >gb EFG93543.1 lacasa dependiente de cobre de esporas [<i>Bacillus subtilis</i> subesp. <i>spizizenii</i> ATCC 6633] >gb ADM36695.1 lacasa dependiente de cobre de esporas (revestimiento externo) [<i>Bacillus subtilis</i> subesp. <i>spizizenii</i> cp. W23]	YP_003865004.1	98 %	149	Ile
53	4	lacasa dependiente del cobre de esporas [<i>Bacillus subtilis</i>] >gb ELS60660.1 lacasa dependiente del cobre de esporas [<i>Bacillus subtilis</i> subesp. <i>inaquosorum</i> KCTC 13429]	WP_004397739.1	96 %	149	Ile

(continuación)

SEQ ID NO:	BLAST N.º:	Descripción	N.º de acceso:	Identidad total (1)	nº AA corr. con la pos 149 (2)	AA en la pos corr. al AA (3)
54	5	cobre oxidasa [<i>Bacillus subtilis</i>]	WP_019713492.1	96 %	149	Ile
55	6	lacasa [<i>Bacillus vallismortis</i>]	AGR50961.1	95 %	149	Ile
56	7	proteína A de revestimiento de esporas [<i>Bacillus subtilis</i> XF-1] >ref WP_015382982.1 proteína A de revestimiento de esporas [<i>Bacillus</i> >gb AGE62493.1 proteína A de revestimiento de esporas [<i>Bacillus subtilis</i> XF-1] >gb ERI42893.1 cobre oxidasa [<i>Bacillus</i> sp. EGD-AK10]	YP_007425830.1	96 %	151	Ile
57	8	lacasa dependiente del cobre de esporas [<i>Bacillus subtilis</i> BSn5] >ref YP_005559844.1 proteína A de revestimiento de esporas [<i>Bacillus subtilis</i> subesp. natto BEST195] >ref YP_007210655.1 proteína A de revestimiento de esporas [<i>Bacillus subtilis</i> subesp. <i>subtilis</i> cp. BSP1] >ref WP_014479048.1 cobre oxidasa [<i>Bacillus subtilis</i>] >dbj BAI84141.1 proteína A de revestimiento de esporas proteína A de revestimiento de esporas [<i>Bacillus subtilis</i> subesp. natto BEST195] >gb ADV95614.1 lacasa dependiente del cobre de esporas [<i>Bacillus subtilis</i> BSn5] >gb ADZ57279.1 lacasa [<i>Bacillus</i> sp. LS02] >gb ADZ57280.1 lacasa [<i>Bacillus</i> sp. LS03] >gb ADZ57283.1 lacasa [<i>Bacillus</i> sp. WN01] >gb ADZ57284.1 lacasa [<i>Bacillus subtilis</i>] >gb AGA20638.1 proteína A de revestimiento de esporas [<i>Bacillus subtilis</i> subesp. <i>subtilis</i> cp. BSP1]	YP_004206641.1	96 %	149	Ile
58	9	CotA [<i>Bacillus</i> sp. JS] >ref WP_014663045.1 cobre oxidasa [<i>Bacillus</i> sp. JS] >gb AFI27241.1 CotA [<i>Bacillus</i> sp. JS]	YP_006230497.1	95 %	149	Ile
59	10	cobre oxidasa [<i>Bacillus subtilis</i> QH-1]	EXF51833.1	95 %	149	Ile
60	11	cobre oxidasa [<i>Bacillus subtilis</i>] >gb EHA29133.1 lacasa dependiente de cobre de esporas [<i>Bacillus subtilis</i> subesp. <i>subtilis</i> cp. SC-8]	WP_003234000.1	95 %	151	Ile
61	12	lacasa dependiente del cobre de revestimiento externo de esporas [<i>Bacillus subtilis</i> QB928] >ref WP_014906195.1 cobre oxidasa [<i>Bacillus subtilis</i>] >dbj BAA22774.1 proteína A de revestimiento de esporas [<i>Bacillus subtilis</i>] >gb AFQ56549.1 lacasa dependiente del cobre de revestimiento externo de esporas [<i>Bacillus subtilis</i> QB928]	YP_006628799.1	95 %	151	Ile
62	13	proteína A de revestimiento de esporas [<i>Bacillus subtilis</i> subesp. <i>subtilis</i> cp. 168]	NP_388511.1	95 %	149	Ile

(continuación)

SEQ ID NO:	BLAST N.º:	Descripción	N.º de acceso:	Identidad total (1)	nº AA corr. con la pos 149 (2)	AA en la pos corr. al AA (3)
63	14	proteína A de revestimiento de esporas [<i>Bacillus subtilis</i> subesp. <i>subtilis</i> cp. BAB-1] >ref WP_015482891.1 proteína A de revestimiento de esporas [<i>Bacillus subtilis</i>] >gb AGI27890.1 proteína A de revestimiento de esporas [<i>Bacillus subtilis</i> subesp. <i>subtilis</i> cp. BAB-	YP_007661398.1	95 %	149	Ile
64	15	Cadena A, Mutaciones en la vecindad del sitio trinuclear de lacasa Cota: Mutante E498d	4AKQ_A	95 %	149	Ile
65	16	Cadena A, Mutaciones en la vecindad del sitio trinuclear de lacasa Cota: Mutante D116n	4A68_A	95 %	149	Ile
66	17	Cadena A, Mutaciones en la vecindad del sitio trinuclear de lacasa Cota: Mutante D116a	4A66_A	95 %	149	Ile
67	18	proteína de revestimiento de esporas [<i>Bacillus subtilis</i>]	ACS44284.1	95 %	149	Ile
68	19	proteína de revestimiento de esporas [<i>Bacillus subtilis</i>]	AGK12417.1	95 %	149	Ile
69	20	Cadena A, estructura cristalina de la Cota reconstituida	2X87_A	95 %	149	Ile
70	21	lacasa [<i>Bacillus</i> sp. ZW2531-1]	AFN66123.1	95 %	149	Ile
71	22	Cadena A, Mutaciones en la vecindad del sitio trinuclear de lacasa Cota: Mutante D116e	4A67_A	95 %	149	Ile
72	23	Cadena A, Mutaciones próximas al sitio Cu tipo 1 de lacasa cota: Mutante I494a	2WSD_A	95 %	149	Ile
73	24	Cadena A, Mutaciones en la vecindad del sitio trinuclear de lacasa Cota: Mutante e498t	4AKP_A	95 %	149	Ile
74	25	lacasa [<i>Bacillus</i> sp. HR03]	ACM46021.1	94 %	149	Ile
75 = 15	26	cobre oxidasa [<i>Bacillus vallismortis</i>]	WP_010329056.1	94 %	149	Ile
76	27	lacasa [<i>Bacillus subtilis</i>]	AEK80414.1	92 %	149	Ile
77	28	cobre oxidasa [<i>Bacillus mojavensis</i>]	WP_010333230.1	91 %	149	Ile
78	29	Cadena A, Mutaciones en la vecindad del sitio trinuclear de lacasa Cota: Mutante E498l	4AKO_A	94 %	145	Ile
79	30	CotA [<i>Bacillus subtilis</i>]	AAB62305.1	89 %	149	Ile
80	31	Lacasa dependiente de cobre de esporas [<i>Bacillus atrophaeus</i> 1942] >ref WP_003328493.1 cobre oxidasa [<i>Bacillus atrophaeus</i>] >gb ADP31092.1 lacasa dependiente del cobre de esporas (revestimiento externo) [<i>Bacillus atrophaeus</i> 1942] >gb EIM09308.1 lacasa dependiente del cobre de esporas [<i>Bacillus atrophaeus</i> C89]	YP_003972023.1	81 %	149	Ile

(continuación)

SEQ ID NO:	BLAST N.º:	Descripción	N.º de acceso:	Identidad total (1)	nº AA corr. con la pos 149 (2)	AA en la pos corr. al AA (3)
81	32	Proteína A de revestimiento de esporas [<i>Bacillus atrophaeus</i>] >gb EOB38473.1 proteína A de revestimiento de esporas [<i>Bacillus atrophaeus</i> UCMB-5137]	WP_010787813.1	81 %	149	Ile
82	33	cobre oxidasa [<i>Bacillus</i> sp. 5B6] >gb EIF12180.1 CotA [<i>Bacillus</i> sp. 5B6]	WP_007609818.1	77 %	149	Leu
83	34	lacasa dependiente del cobre de revestimiento externo de esporas [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> subesp. <i>plantarum</i> UCMB5036] >ref YP_008411651.1 lacasa dependiente del cobre de revestimiento externo de esporas [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> subesp. <i>plantarum</i> UCMB5033] >ref YP_008420054.1 lacasa dependiente del cobre de revestimiento externo de esporas [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> subesp. <i>plantarum</i> UCMB5113] >ref WP_015416957.1 lacasa dependiente del cobre de revestimiento externo de esporas [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i>] >emb CCP20645.1 lacasa dependiente del cobre de revestimiento externo de esporas [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> subesp. <i>plantarum</i> UCMB5036] >emb CDG28620.1 lacasa dependiente del cobre de revestimiento externo de esporas [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> subesp. <i>plantarum</i> UCMB5033] >emb CDG24919.1 lacasa dependiente del cobre de revestimiento externo de esporas [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> subesp. <i>plantarum</i> UCMB5113]	YP_007496315.1	77 %	149	Leu
84	35	proteína de revestimiento de esporas CotA [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> subesp. <i>plantarum</i> YAU B9601-Y2] >ref YP_006327430.1 proteína A de revestimiento de esporas [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> Y2] >ref WP_014417082.1 cobre oxidasa [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i>] >gb ADZ57285.1 lacasa [<i>Bacillus</i> sp. LC02] >emb CCG48602.1 proteína de revestimiento de esporas CotA [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> subesp. <i>plantarum</i> YAU B9601-Y2] >gb AFJ60705.1 proteína A de revestimiento de esporas [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> Y2] >dbj BAM49543.1 lacasa dependiente del cobre de esporas [<i>Bacillus subtilis</i> BEST7613] >dbj BAM56813.1 lacasa dependiente del cobre de esporas [<i>Bacillus subtilis</i> BEST7003]	YP_005419918.1	77 %	149	Leu
85	36	bilirrubina oxidasa [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> subesp. <i>plantarum</i> NAU-B3] >ref WP_022552695.1 bilirrubina oxidasa [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i>] >emb CDH94370.1 bilirrubina oxidasa [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> subesp. <i>plantarum</i> NAU-B3]	YP_008625231.1	77 %	149	Leu

(continuación)

SEQ ID NO:	BLAST N.º:	Descripción	N.º de acceso:	Identidad total (1)	nº AA corr. con la pos 149 (2)	AA en la pos corr. al AA (3)
86	37	proteína A de revestimiento de esporas [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> subesp. <i>plantarum</i> AS43.3] >ref WP_015239305.1 proteína A de revestimiento de esporas [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i>] >gb AFZ89646.1 proteína A de revestimiento de esporas [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> subesp. <i>plantarum</i> AS43.3]	YP_007185316.1	77 %	149	Leu
87 = 5	38	CotA [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> subesp. <i>plantarum</i> cp. FZB42] >ref YP_008725930.1 cotA [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> CC178] >ref WP_012116986.1 cobre oxidasa [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i>] >gb ABS73055.1 CotA [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> subesp. <i>plantarum</i> cp. FZB42] >gb AGZ55352.1 cotA [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> CC178]	YP_001420286.1	77 %	149	Leu
88	39	lacasa [<i>Bacillus</i> sp. LC03]	ADZ57286.1	76 %	149	Leu
89	40	cobre oxidasa [<i>Bacillus</i> sp. 916] >gb EJD67619.1 CotA [<i>Bacillus</i> sp. 916]	WP_007408880.1	77 %	149	Leu
90	41	cobre oxidasa [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i>] >gb ERH51073.1 cobre oxidasa [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> EGD-AQ14]	WP_021495201.1	76 %	149	Leu
91	42	bilirrubina oxidasa [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> subesp. <i>plantarum</i> CAU B946] >ref YP_007446652.1 bilirrubina oxidasa [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> IT-45] >ref YP_008949033.1 cobre oxidasa [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> LFB112] >ref WP_003155789.1 cobre oxidasa [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i>] >gb ADZ57278.1 lacasa [<i>Bacillus</i> sp. LS01] >gb ADZ57282.1 lacasa [<i>Bacillus</i> sp. LS05] >emb CCF04175.1 bilirrubina oxidasa [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> subesp. <i>plantarum</i> CAU B946] >gb EKE46469.1 bilirrubina oxidasa [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> subesp. <i>plantarum</i> M27] >gb AGF28771.1 bilirrubina oxidasa [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> IT-45] >gb ERK81509.1 cobre oxidasa [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> UASWS BA1] >gb AHC41184.1 cobre oxidasa [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> LFB112]	YP_005129370.1	76 %	149	Leu
92	43	cobre oxidasa [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> subesp. <i>plantarum</i> TrigoCor1448]	AHK48246.1	76 %	149	Leu

(continuación)

SEQ ID NO:	BLAST N.º:	Descripción	N.º de acceso:	Identidad total (1)	nº AA corr. con la pos 149 (2)	AA en la pos corr. al AA (3)
93	44	lacasa dependiente del cobre de esporas [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> DSM 7] >ref YP_005540261.1 lacasa dependiente del cobre de esporas [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> TA208] >ref YP_005544441.1 lacasa dependiente del cobre de esporas [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> LL3] >ref YP_005548603.1 lacasa dependiente del cobre de esporas [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> XH7] >ref WP_013351262.1 cobre oxidasa [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i>] >emb CBI41748.1 lacasa dependiente del cobre de esporas [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> DSM 7] >gb AEB22768.1 lacasa dependiente del cobre de esporas [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> TA208] >gb AEB62213.1 lacasa dependiente del cobre de esporas [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> LL3] >gb AEK87755.1 lacasa dependiente del cobre de esporas [<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> XH7]	YP_003919218.1	76 %	149	Leu
94	45	cobre oxidasa [<i>Bacillus siamensis</i>]	WP_016937040.1	75 %	149	Leu

(1) Identidad total de la secuencia seleccionada con la SEQ ID NO: 1, la secuencia de consulta
(2) Número de la posición de la secuencia seleccionada que se corresponde con la posición 149 en la SEQ ID NO: 1.
(3) Aminoácido de la posición de la secuencia seleccionada que se corresponde con la posición 149 en la SEQ ID NO: 1

- El análisis de las proteínas homólogas reveló que todas las proteínas con al menos un 75 % de identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 1, pertenecen a las especies de *Bacillus*. Todas las secuencias con al menos un 75 % de identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 1 eran oxidasas dependientes del cobre (lacasas) y la mayoría de ellas se señalaban como proteínas de revestimiento de esporas. Por lo tanto, los inventores concluyeron que esas secuencias con esa extensión (de al menos un 75 %) de identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 1 representan un grupo de proteínas altamente relacionado funcional y estructuralmente que es probable que tengan rasgos estructurales y rutas de plegamiento similares.
- Los inventores llevaron a cabo varias sustituciones de aminoácidos en una variedad de lacasas en una posición correspondiente con la posición 149 de la SEQ ID NO: 1 y descubrieron que el rendimiento de una lacasa proteica recombinante soluble se podía mejorar cuando el aminoácido original (Ile o Leu) que existía en esa posición se remplazaba con un resto de aminoácido pequeño o diminuto seleccionado de entre el grupo que consiste en treonina, prolina, alanina, glicina, serina, cisteína, ácido aspártico, asparagina y valina.
- En otras palabras, la divulgación se refiere a un polipéptido de revestimiento de esporas con actividad de lacasa en el que el polipéptido comprende un resto de aminoácido seleccionado de entre el grupo que consiste en treonina, prolina, alanina, glicina, serina, cisteína, ácido aspártico, asparagina y valina en la posición de aminoácido correspondiente a la posición 149 de la SEQ ID NO: 1
- Aunque se observaron diferencias marginales en el rendimiento entre las variantes que tenían los diferentes aminoácidos, las variantes que tenían un resto de treonina en la posición 149 presentaban el rendimiento más alto. La divulgación, por lo tanto, se refiere particularmente a una lacasa con un resto de treonina en una posición correspondiente con la posición de aminoácido 149 de la SEQ ID NO: 1.
- También se desvela en el presente documento es un polipéptido mutado como se ha descrito anteriormente en el que

la secuencia de tipo silvestre es codificada por el genoma de una especie de *Bacillus*, tal como el *Bacillus subtilis*.

Ninguna de las 45 de lacasas de la Tabla 1 (44 secuencias de la búsqueda más la SEQ ID NO: 1 que se utiliza como secuencia de consulta) tienen un aminoácido seleccionado de entre el grupo que consiste en treonina, prolina, alanina, glicina, serina, cisteína, ácido aspártico, asparagina y valina en la posición de aminoácido correspondiente a la posición 149 de la SEQ ID NO: 1. Por lo tanto, se puede concluir que una lacasa con al menos un 75 % de identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 1 que comprende un aminoácido seleccionado de entre el grupo que consiste en treonina, prolina, alanina, glicina, serina, cisteína, ácido aspártico, asparagina y valina en la posición de aminoácido correspondiente a la posición 149 de la SEQ ID NO: 1 no se había descrito ya en la técnica anterior.

Es reseñable que el aminoácido correspondiente en la posición 149 de la SEQ ID NO: 1 está bastante bien conservada dentro del grupo de 44 secuencias de la Tabla 1. Existe un resto de leucina en esa posición en 31 de los 44 casos (un 70 %) mientras que trece secuencias parece que tienen un resto de leucina en esa posición (un 30 %).

Los inventores observaron adicionalmente que la búsqueda identificaba dos grupos de secuencias diferentes. El primer grupo comprende 26 secuencias con una identidad de entre un 94 y el 100 % con la SEQ ID NO: 1. Las secuencias se señalaron casi todas como proteínas del revestimiento de esporas CotA de *Bacillus subtilis*, aparte de dos CotA de *Bacillus vallismortis* (SEQ ID NO: 55 y la SEQ ID NO: 75).

Los inventores identificaron también un segundo grupo de 15 secuencias con una identidad de entre un 75 y un 81 % con la secuencia de la SEQ ID NO: 1.

Los inventores descubrieron que 41 de las 44 secuencias de la búsqueda (un 93 %) pertenecían a uno cualquiera de estos grupos.

La introducción de una mutación específica en un gen recombinante está entre las experiencias de rutina de un biólogo molecular. Se puede obtener una guía específica en *Methods in Molecular Biology Vol 182, "In vitro mutagenesis protocols"*, Eds Jeff Braman, Humana Press 2002. Existen kits disponibles en el comercio que llevan a cabo mutagénesis dirigida al sitio (por ejemplo, kit de mutagénesis dirigida al sitio QuikChange II XL de Agilent Technologies cat. N.º 200521).

Los inventores prepararon variantes de lacasas representativas a partir de los dos grupos descritos anteriormente. Esto incluye lacasas con una secuencia de aminoácidos de acuerdo con SEQ ID NO: 1 y la SEQ ID NO: 2 como representantes del grupo 1 (un 94-100 % de identidad). Las secuencias de estas variantes se muestran en la SEQ ID NO: 3 y la SEQ ID NO: 4, respectivamente, en la que el resto de isoleucina en la posición 149 de la SEQ ID NO: 1 y la SEQ ID NO: 2 estaba sustituido con treonina. Cuando se expresan en *E. coli*, ambas variantes que presentaban un aumento del rendimiento de enzima activa del 240 % y el 260 %, respectivamente (Figura 1). En otras palabras, la actividad volumétrica de ambas variantes aumentaba al menos un 240 %.

Como experimento de control, los inventores determinaron si esta actividad volumétrica mejorada podía atribuirse a un aumento de la actividad específica de la enzima. Esto no parece ser el caso. El aumento de cantidad de la enzima mutada (149T) en la fracción soluble del lisado celular era proporcional al aumento de actividad volumétrica, por lo que se concluye que se puede recuperar más variante de enzima, por lo que contribuye completamente en el aumento de la actividad volumétrica. Por lo tanto, el rendimiento de la enzima lacasa aumenta más que su actividad específica.

Los inventores también prepararon una variante 149T a partir de una representante de lacasas del segundo grupo (con un 75-81 % de identidad). La Leu de origen natural en la posición 149 de la SEQ ID NO: 5 (con un 77 % de identidad con la SEQ ID NO: 1) se reemplazó con una treonina con el fin de obtener la variante de acuerdo con la SEQ ID NO: 6.

Cuando se expresaban en *E. coli*, la variante 149T presentaba un aumento del rendimiento de enzima activa del 250 %. En otras palabras, la variante 149T tenía un aumento de la actividad volumétrica de al menos un factor de 2,5 (Figura 2).

El aminoácido de origen natural en la posición 149 podría reemplazarse también con otros aminoácidos. Los inventores prepararon variantes de lacasas representativas de cada uno de los dos grupos identificados anteriormente; SEQ ID NO: 5 y la SEQ ID NO: 15. Los inventores reemplazaron la Leu de origen natural de la SEQ ID NO: 5, y la Ile de origen natural en la posición 149 de la SEQ ID NO: 15 con un resto de treonina, prolina, alanina, glicina, serina, cisteína, ácido aspártico, asparagina o valina. Las variantes de la SEQ ID NO: 5 están representadas por la SEQ ID NO: 6- 14, respectivamente, mientras que las variantes de SEQ ID NO: 15 están representadas por la SEQ ID NO: 16 - 24 (tabla 2 y 3).

Las secuencias de SEQ ID NO: 1 a SEQ ID NO: 24 se muestran en la Tabla 5.

Cada una de estas variantes presentaban un rendimiento mejorado de al menos un 50 % cuando se expresan en un sistema de expresión heterólogo (Figuras 2 y 3).

Las variantes de acuerdo con la SEQ ID NO: 3 y la SEQ ID NO: 4 también se expresaron en *Pichia pastoris*. De

acuerdo con los datos obtenidos en un sistema de expresión procariótica (de *E. coli*, véase anteriormente) la expresión eucariótica también presentaba un aumento de rendimiento. El rendimiento mejoraba hasta al menos un 200 % cuando la expresión de las secuencias de variantes se comparaba con su tipo silvestre, SEQ ID NO: 1 y la SEQ ID NO: 2 respectivamente (Figura 4).

5 También se describe en el presente documento un polipéptido con actividad de lacasa que consiste en una secuencia de aminoácidos que es al menos un 75 % idéntica a la secuencia de aminoácidos de acuerdo con la SEQ ID NO: 1, en la que el polipéptido comprende un resto de aminoácido pequeño seleccionado de entre el grupo que consiste en treonina, prolina, alanina, glicina, serina, cisteína, ácido aspártico, asparagina y valina en la posición de aminoácido correspondiente a la posición 149 de la SEQ ID NO: 1.

10 También se describe en el presente documento un polipéptido con actividad de lacasa que consiste en una secuencia de aminoácidos que es al menos un 75 % idéntica a la secuencia de aminoácidos de acuerdo con la SEQ ID NO: 1 en la que el polipéptido comprende un resto de treonina en la posición correspondiente a la posición 149 de la SEQ ID NO: 1.

15 También se hace referencia a esta variante de lacasa en el presente documento como la variante de aminoácidos 149Thr o 149T. En una realización preferida adicional, el polipéptido está aislado.

El hallazgo anterior de que las proteínas del revestimiento de las esporas se producen en dos grupos distintos permite definir la invención de otra manera, tal como la relación estructural entre el polipéptido como se describe en el presente documento y los polipéptidos de referencia de acuerdo con las secuencias del presente documento. Por lo tanto, la descripción proporciona un polipéptido que comprende una secuencia de aminoácidos que es al menos un 94 % idéntica a la secuencia de aminoácidos seleccionada de entre el grupo que consiste en la SEQ ID NO: 51 - 75 como representativas del grupo 1 así como un polipéptido que comprende una secuencia de aminoácidos que es al menos un 94 % idéntica a la secuencia de aminoácidos seleccionada de entre el grupo que consiste en la SEQ ID NO: 80 - 94 como representativas del grupo 2, en la que el polipéptido comprende un resto de aminoácido seleccionado de entre el grupo que consiste en treonina, prolina, alanina, glicina, serina, cisteína, ácido aspártico, asparagina y valina en la posición de aminoácido correspondiente a la posición 149 de la SEQ ID NO: 1.

La expresión al menos un 94 % se utiliza en el presente documento para incluir al menos un 95 %, tal como un 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o incluso el 100 %.

30 La expresión "variante de aminoácido", "variante de lacasa" o "variante de secuencia" o equivalentes tiene un significado bien reconocido en la técnica y se utiliza en el presente documento en consecuencia para indicar una secuencia de aminoácidos que tiene al menos una diferencia de un aminoácido en comparación con otra secuencia de aminoácidos, tal como la secuencia de aminoácidos de la que se deriva.

La expresión al menos un 75 % se utiliza en el presente documento para incluir al menos un 76 % tal como al menos un 77 %, 77 %, 78 %, 79 %, 80 % o más, tal como al menos un 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 88 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 % o más, tal como un 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 99 %, 97 %, 98 %, 99 %, o incluso el 100 %.

35 La expresión "actividad de lacasa" se utiliza en el presente documento para significar la propiedad de un polipéptido para que actúe como una enzima lacasa, que se puede expresar como la tasa inicial máxima de la reacción de oxidación específica. La actividad de lacasa se puede determinar mediante ensayos de oxidación convencionales conocidos en la técnica que incluyen, tal como, por ejemplo, midiendo la oxidación de la siringaldacina, de acuerdo con el protocolo en línea de Sigma, o de acuerdo con Cantarella y col. 2003 [7].

40 Un ejemplo de la determinación de la actividad de lacasa relativa se presenta en el Ejemplo 4. Se puede utilizar cualquier sustrato adecuado para la enzima en cuestión en las mediciones de la actividad. Un ejemplo no limitante de un sustrato adecuado para su uso en la evaluación de la actividad enzimática de las variantes de lacasa es ABTS (ácido 2,2'-azino-bis(3-etilbenzotiazolina-6-sulfónico). Las lacasas son capaces de oxidar este sustrato.

45 Como se utiliza en el presente documento, la expresión "aumento (o mejora) de actividad específica de lacasa" se refiere a una actividad de lacasa mayor que la de la enzima lacasa no mutada correspondiente en las mismas condiciones.

50 La expresión "aumento de rendimiento" o equivalente significa que el rendimiento de la enzima activa del mismo volumen de cultivo obtenida en una purificación convencional o protocolo de recuperación está mejorada al menos un 50 % o un factor de 1,5. El aumento puede ser incluso mayor, tal como un factor, 2, 2,5, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15 o más.

55 La recuperación de la variante de lacasa producida por una célula huésped puede llevarse a cabo por cualquier técnica conocida por los expertos en la técnica. Las técnicas posibles incluyen, pero no se limitan a la secreción de la proteína en el medio de expresión, y la purificación de la proteína de la biomasa celular. El procedimiento de producción puede comprender adicionalmente una etapa de purificación de la variante de lacasa obtenida. Para las lacasas termoestables, ejemplos no limitantes de dichos procedimientos incluyen el calentamiento de las células desintegradas y la retirada de las proteínas termolábiles coaguladas de la solución. Para las proteínas secretadas, los ejemplos no

limitantes de dichos procedimientos incluyen la cromatografía de intercambio iónico, y la ultrafiltración del medio de expresión. Es importante que el procedimiento de purificación de elección sea tal que la proteína purificada mantenga su actividad, preferentemente su actividad de lacasa.

5 Las variantes de lacasa como se describen en el presente documento se pueden utilizar en un amplio intervalo de procedimientos y aplicaciones industriales diferentes, tales como la recuperación de celulosa a partir de biomasa lignocelulósica, disminución de la energía de refinado en refinería de madera y preparación de pasta, en la delignificación de pasta, blanqueamiento de colorante textil, detoxificación de aguas residuales, detoxificación xenobiótica, y fabricación de detergentes.

10 Las variaciones de aminoácidos como se describen en el presente documento se pueden introducir en cualquiera de las secuencias de aminoácidos desveladas en el presente documento, u otras secuencias homólogas, por procedimientos convencionales conocidos en la técnica, tal como mutagénesis dirigida al sitio. De esta manera, el rendimiento de las lacasa a partir de un sistema de expresión heterólogo se puede mejorar.

15 Los kits para llevar a cabo una mutagénesis dirigida al sitio están disponibles en el mercado en la técnica (por ejemplo, el kit de mutagénesis dirigida al sitio QuikChange® II XL de Agilent Technologies). Los procedimientos adicionalmente adecuados para la introducción de mutaciones anteriores en un gen recombinante se desvelan, por ejemplo, en *Methods in Molecular Biology*, 2002 [8].

20 Por lo tanto, en algunas realizaciones que se describen en el presente documento, se refieren a variantes de lacasa o mutantes que comprenden un resto de aminoácido pequeño, preferentemente un resto de treonina (Thr) en una posición que se corresponde con la posición 149 de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 1, y tiene un aumento de rendimiento en comparación con la de un control no mutado correspondiente cuando se expresa en un sistemas de expresión heterólogo.

25 La expresión "sistema de expresión heterólogo" o equivalente significa un sistema de expresión de una secuencia de ADN a partir de un organismo huésped en un organismo receptor de una especie o género diferente del organismo huésped. Los receptores más prevalentes, conocidos como sistemas de expresión heterólogos, se escogen habitualmente debido a que son fáciles de transferirles un ADN dentro o debido a que permiten una evaluación más simple de la función proteica. Los sistemas de expresión heteróloga también se utilizan preferentemente debido a a que permiten la subida de escala de la producción de una proteína codificada por la secuencia de ADN en un procedimiento industrial. Los organismos receptores preferidos para su uso como sistemas de expresión heterólogos incluyen organismos bacterianos, fúngicos y levaduras, tales como, por ejemplo, *Escherichia coli*, *Bacillus*, *Corynebacterium*, *Pseudomonas*, *Pichia pastoris*, *Saccharomyces cerevisiae*, *Yarrowia lipolytica*, hongos filamentosos y muchos más sistemas bien conocidos en la técnica.

30 Como se utiliza en el presente documento, el grado de identidad entre dos o más secuencias de aminoácidos es equivalente a la función del número de posiciones idénticas compartidas por las secuencias (es decir, un % de identidad = al número de posiciones idénticas divididas por el número total de posiciones x 100), excluyendo huecos, que necesitan introducirse para el alineamiento óptimo de las dos secuencias, y protuberancias. La comparación de secuencias y la determinación del porcentaje de identidad entre dos o más secuencias se puede conseguir utilizando procedimientos convencionales conocidos en la técnica. Por ejemplo, un freeware que se utiliza convencionalmente para este fin es la herramienta "Align" en el recurso NCBI
http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PAGE_TYPE=BlastSearch&BLAST_SPEC=blast2s_eq&LINK_LOC=align2seq

40 En una realización preferida, el alineamiento de dos secuencias se lleva a cabo sobre la longitud completa de los polipéptidos.

45 Los presentes polipéptidos o proteínas de lacasa se pueden fusionar a secuencias adicionales, por unión o inserción, que incluyen, pero no se limitan a, marcadores de afinidad, que facilitan la purificación proteica (marcador S, dominio de unión a la maltosa, dominio de unión a quitina), dominios o secuencias que ayudan al plegamiento (tal como el dominio de tiorredoxina, proteína SUMO), secuencias que afectan la localización proteica (señales de localización periplásmica, etc.), proteínas que tienen una función adicional, tal como la proteína fluorescente verde (GFP), o secuencias que representan otra actividad enzimática. Otras parejas de fusión adecuadas para las presentes lacasas son conocidas por los expertos en la técnica.

50 La presente divulgación proporciona polinucleótidos que codifican cualquiera de las variantes de lacasa desveladas en el presente documento. Los medios y procedimientos para la clonación y aislamiento de dichos polinucleótido son bien conocidos en la técnica.

55 Se describe adicionalmente en el presente documento un vector que comprende un polinucleótido como se describe en el presente documento, unido operativamente de manera opcional a una o más secuencias de control. Las secuencias de control adecuadas están disponibles fácilmente en la técnica e incluyen, pero no se limitan a, secuencias promotoras, líder, de poliadenilación, y de señal.

Las variantes de lacasa de acuerdo con distintas realizaciones como se describe en el presente documento se pueden obtener mediante procedimientos recombinantes convencionales conocidos en la técnica. En resumen, dicho

procedimiento puede comprender las etapas de i) cultivar una célula huésped recombinante deseada en condiciones adecuadas para la producción de una variante polipeptídica de lacasa, y ii) recuperación de la variante polipeptídica obtenida. El polipéptido se puede entonces purificarse adicionalmente de manera opcional.

5 Se puede utilizar un gran número de sistemas vector-huésped conocidos en la técnica para la producción recombinante de variantes de lacasa. Los vectores posibles incluyen, pero no se limitan a, plásmidos o virus modificados que se mantienen en la célula huésped como una molécula de ADN autónomo o integrada en el ADN genómico. El sistema de vector debe ser compatible con la célula huésped utilizada como se conoce bien en la técnica. Ejemplos no limitantes de células huésped adecuadas incluyen bacterias (por ejemplo, *E. coli*, bacilos), levaduras (por ejemplo, *Pichia pastoris*, *Saccharomyces cerevisiae*), hongos (por ejemplo, hongos filamentosos), células de insecto (por ejemplo, Sf9).

10 Puede utilizarse ventajosamente un polipéptido como se describe en el presente documento en una aplicación seleccionada de entre el grupo que consiste en la delignificación de la pasta, degradación o disminución de la integridad estructural de material lignocelulósico, blanqueamiento de colorantes textiles, detoxificación de aguas residuales, detoxificación xenobiótica, producción de azúcares a partir de material lignocelulósico y recuperación de celulosa a partir de una biomasa.

En otros términos más, la divulgación se refiere a un procedimiento para la mejora del rendimiento de un polipéptido con actividad de lacasa en un sistema de expresión heterólogo que comprende la etapa del cambio del aminoácido en la posición correspondiente a la posición 149 de la SEQ ID NO: 1 por un resto de treonina.

Leyenda de las figuras

20 **Figura 1: Aumento relativo de actividad volumétrica.**

Un gráfico que muestra el aumento relativo de actividad volumétrica en cultivos paralelos en *E. coli* de tipo silvestre (no mutada) frente a las variantes de lacasas de acuerdo con la SEQ ID NO: 1 y la SEQ ID NO: 2. La abreviatura SEQ seguido por un número se refiere a la SEQ ID NO: del número respectivo; SEQ 1 se refiere a SEQ ID NO: 1. SEQ 1 149T se refiere al polipéptido de acuerdo con la SEQ ID NO: 1 en la que el aminoácido correspondiente con la posición 149 se ha remplazado con una T (Thr o treonina).

25 **Figura 2: Aumento relativo de actividad volumétrica.**

Un gráfico que muestra el aumento relativo de actividad volumétrica en cultivos paralelos en *E. coli* de tipo silvestre (no mutada) frente a las variantes de lacasas de acuerdo con la SEQ ID NO: 5. La abreviatura SEQ seguido por un número se refiere a la SEQ ID NO: del número respectivo; SEQ 5 se refiere a SEQ ID NO: 5. SEQ 5 149T se refiere al polipéptido de acuerdo con la SEQ ID NO: 5 en la que el aminoácido correspondiente con la posición 149 se ha remplazado con una T (Thr o treonina).

30 **Figura 3: Aumento relativo de actividad volumétrica.**

Un gráfico que muestra el aumento relativo de actividad volumétrica en cultivos paralelos en *E. coli* de tipo silvestre (no mutada) frente a las variantes de lacasas de acuerdo con la SEQ ID NO: 15. La abreviatura SEQ seguido por un número se refiere a la SEQ ID NO: del número respectivo; SEQ 15 se refiere a SEQ ID NO: 15. SEQ 15 149T se refiere al polipéptido de acuerdo con la SEQ ID NO: 15 en la que el aminoácido correspondiente con la posición 149 se ha remplazado con una T (Thr o treonina).

35 **Figura 4: Aumento relativo de actividad volumétrica.**

Un gráfico que muestra el aumento relativo de actividad volumétrica en cultivos paralelos en *Pichia pastoris* de tipo silvestre (no mutada) frente a las variantes de lacasas de acuerdo con la SEQ ID NO: 1 y la SEQ ID NO: 2. La abreviatura SEQ seguido por un número se refiere a la SEQ ID NO: del número respectivo; SEQ 1 se refiere a SEQ ID NO: 1. SEQ 1 149T se refiere al polipéptido de acuerdo con la SEQ ID NO: 1 en la que el aminoácido correspondiente con la posición 149 se ha remplazado con un resto de treonina T (Thr o T).

Ejemplos

45 **Ejemplo 1: Construcción de lacasas con propiedades mejoradas.**

Se introdujeron las mutaciones como se ha descrito en el presente documento en distintos genes recombinantes mediante mutagénesis dirigida al sitio descrita esencialmente en el documento WO 2013/038062. Con más detalle: Para introducir una mutación 149T en el gen de la SEQ ID NO: 1, los inventores llevaron a cabo dos PCR separadas:

50 (1) con los cebadores Cebador1 GAAATTAATACGACTCACTATAGG (SEQ ID NO: 25) y Cebador2 (Seq1) AGCACCGCGTTGCTGATTCCGGATAATGATA (SEQ ID NO: 26),
 (2) con el Cebador3 (Seq1) CGAATCAGCAACGCGGTGCTAccTTGTGGTATC (SEQ ID NO: 27) y Cebador4 GTTATGCTAGTTATTGCTCAGCGGTG (SEQ ID NO: 28).

5 En ambas reacciones, el gen recombinante sin la mutación se utilizó como matriz. Los Cebadores 1 y 4 se unen dentro de la secuencia del vector y no específica con el gen recombinante. Los Cebadores 2 y 3 se unen dentro del gen recombinante y sus sitios de unión se solapan. El sitio de unión del cebador 3 contiene el sitio de mutación. El Cebador 3 representa la secuencia mutada (deseada), que no es un 100 % coincidente con la matriz (la letra en minúsculas de la secuencia del cebador indica los nucleótidos no coincidentes), sin embargo, el cebador tiene una afinidad y especificidad suficientes para el sitio de unión para producir el producto de la PCR deseado. Los productos de PCR purificados de las reacciones (1) y (2) se combinaron y utilizaron como matriz para la reacción PCR con el Cebador 1 y Cebador 4. El producto de esta reacción, que contiene la secuencia mutante del gen, se clonó en un vector plasmídico para la expresión en E. coli.

10 De manera similar, para la introducción de una mutación 149T en otros genes (que se corresponden con las SEQ ID NO: 2, la SEQ ID NO: 5 y la SEQ ID NO: 15, los inventores utilizaron el mismo Cebador1 y Cebador4, mientras que el Cebador2 y Cebador3 eran específicos de cada gen.

15 En el polipéptido que consiste en la secuencia de acuerdo con la SEQ ID NO: 2, hay una isoleucina en la posición 149, la posición correspondiente al aminoácido 149 de la SEQ ID NO: 1. Para la introducción de la mutación 149T en el polipéptido que comprende la secuencia de acuerdo con la SEQ ID NO: 2, se utilizaron los siguientes cebadores 3 y 2:

Cebador3 CGAATCAGCAGCGCGGGCTAccTTGTGGTATC (SEQ ID NO: 29)
 Cebador2 AGCGCCGCGTGCTGATTCGGATAATGATA (SEQ ID NO: 30).

20 En el polipéptido que consiste en la secuencia de acuerdo con la SEQ ID NO: 5, hay una isoleucina en la posición 149, la posición correspondiente al aminoácido 149 de la SEQ ID NO: 1. Para la introducción de varias mutaciones en la posición 149 del polipéptido que comprende la secuencia de acuerdo con la SEQ ID NO: 5, se utilizó el siguiente cebador 2 en combinación con los cebadores 3 enumerados en la Tabla 2.

Cebador2 GCCCGCGCTGTTTGTGGATAA (SEQ ID NO: 31).

Tabla 2: Cebadores utilizados para introducir distintas sustituciones de aminoácidos en la SEQ ID NO: 5

Cebador3 específico utilizado para introducir variaciones		Variante obtenida	
Secuencia de cebador3	SEQ ID NO:	Cambio de AA introducido en la posición 149	SEQ ID NO:
TCCAAACAAACAGCGCGGGGCTacGTTATGGTATCAC	32	Thr	6
TCCAAACAAACAGCGCGGGGCTCcGTTATGGTATCAC	33	Pro	7
TCCAAACAAACAGCGCGGGGCTgcGTTATGGTATCAC	34	Ala	8
TCCAAACAAACAGCGCGGGGCTggtTTATGGTATCAC	35	Gly	9
TCCAAACAAACAGCGCGGGGCTtctTTATGGTATCAC	36	Ser	10
TCCAAACAAACAGCGCGGGGCTtgtTTATGGTATCAC	37	Cys	11
TCCAAACAAACAGCGCGGGGCTgatTTATGGTATCAC	38	Asp	12
TCCAAACAAACAGCGCGGGGCTaacTTATGGTATCAC	39	Asn	13
TCCAAACAAACAGCGCGGGGCTgTGTTATGGTATCAC	40	Val	14

25 En el polipéptido que consiste en la secuencia de acuerdo con la SEQ ID NO: 15, hay una isoleucina en la posición 149, la posición correspondiente al aminoácido 149 de la SEQ ID NO: 1. Para la introducción de una mutación 149T en el polipéptido que comprende la secuencia de acuerdo con la SEQ ID NO: 15, se utilizó el siguiente cebador2 en combinación con los distintos cebadores3 de la Tabla 3.

30 Cebador2: AGCACCGCGTGCTGATTCGGATAATGATA (SEQ ID NO: 41).

Tabla 3: Cebadores utilizados para introducir distintas sustituciones de aminoácidos en la SEQ ID NO: 15

Cebador3 específico utilizado para introducir una mutación		Variante obtenida	
Secuencia de cebador3	SEQ ID NO:	Cambio de AA introducido en la posición 149	SEQ ID NO:
CGAATCAGCAGCGCGGTGCTAcTTTGTGGTATCACGATCACGC	42	Thr	16
CGAATCAGCAGCGCGGTGCTccgTTGTGGTATCACGATCACGC	43	Pro	17
CGAATCAGCAGCGCGGTGCTgcgTTGTGGTATCACGATCACGC	44	Ala	18
CGAATCAGCAGCGCGGTGCTggTTTGTGGTATCACGATCACGC	45	Gly	19
CGAATCAGCAGCGCGGTGCTfcTTTGTGGTATCACGATCACGC	46	Ser	20
CGAATCAGCAGCGCGGTGCTfgTTTGTGGTATCACGATCACGC	47	Cys	21
CGAATCAGCAGCGCGGTGCTgaTTTGTGGTATCACGATCACGC	48	Asp	22
CGAATCAGCAGCGCGGTGCTAacTTTGTGGTATCACGATCACGC	49	Asn	23
CGAATCAGCAGCGCGGTGCTgTgTTTGTGGTATCACGATCACGC	50	Val	24

Ejemplo 2: Expresión heteróloga de variantes y lacasas no mutadas.

Las variantes de lacasa se expresaron en *E. coli* y *Pichia pastoris*.

- 5 Para la expresión en *Pichia pastoris*, los genes recombinantes se clonaron en un vector de expresión en *Pichia pastoris* comercial pPICZ-A disponible en Invitrogen (Life Technologies). Este vector proporciona la expresión de la proteína que se secreta bajo el control del promotor AOX1 inducible por metanol al integrarse la construcción en el ADN genómico de la célula de levadura.

- 10 El ADN plasmídico linealizado se introdujo en las células de levadura mediante electroporación, y los clones con el gen recombinante integrado se seleccionaron en placas de medio con agar con Zeocina (25 ug/ml). Se ensayaron diez colonias de cada construcción en pequeños cultivos de líquido (3 ml) con un cultivo de 72 horas en un agitador humidificado a 28 °C de acuerdo con el manual del fabricante del plásmido (http://tools.lifetechnologies.com/content/sfs/manuals/ppiczalpha_man.pdf). El medio recomendado por el fabricante se suplementó con 1 mM de CuCl₂, ya que la proteína de lacasa contiene cobre como cofactor. La actividad en el medio se midió por la oxidación del ABTS (véase el Ejemplo 4), y los 2 clones de mejor producción se seleccionaron para cada gen. Se cultivaron cultivos paralelos de los clones seleccionados en escala de matraz de acuerdo con el manual del fabricante del plásmido (véase anteriormente) a 28 grados C durante 105 h. Las células se retiraron por centrifugación, se recolectó el medio que contenía la proteína recombinante. Estas preparaciones se utilizaron para la comparación de las actividades volumétricas de la variante y los genes no mutados.

- 20 Para la expresión recombinante en *E. coli*, los genes recombinantes se clonaron en el vector de expresión comercial pET-28 bajo el control del promotor de bacteriófago T7. La producción de proteína se llevó a cabo en la cepa BL21 (DE3) de *E. coli* de acuerdo con el protocolo del fabricante del plásmido [http://richsingiser.com/4402/Novagen %20pET %20system %20manual.pdf](http://richsingiser.com/4402/Novagen%20pET%20system%20manual.pdf). El medio recomendado por el fabricante se suplementó con 1 mM de CuCl₂, ya que la proteína de lacasa contiene cobre como cofactor. La temperatura de incubación para la producción de proteínas era de 30 grados C, que se descubrió que era la óptima para el máximo rendimiento de la proteína activa. Las células se lisaron utilizando un tampón de lisis (50 mM de Tris-HCl pH 7,4, un 1 % de Triton X100, 1 mM de CuCl₂) y se calentaron a 70 grados C durante 20 min. Los desechos celulares coagulados se retiraron por centrifugación. La lacasa recombinante que era una proteína termoestable se mantenía en la fracción soluble. La actividad enzimática era detectable solo en la fracción soluble. El análisis de las fracciones soluble e insoluble por electroforesis en gel revela que más de un 90 % de la proteína recombinante está presente en forma inactiva insoluble como cuerpos de inclusión (de acuerdo con los datos de la bibliografía).

Ejemplo 3: Medición del rendimiento.

- 35 Los rendimientos relativos de las lacasas solubles mutadas y no mutadas se determinaron por densitometría de las bandas proteicas después de la desnaturalización en electroforesis en gel de poliacrilamida. En este extremo, las muestras de las proteínas solubles después del tratamiento térmico (Véase el Ejemplo 2) obtenido de los cultivos en paralelo de clones mutados y no mutados, se analizaron por electroforesis en gel en condiciones desnaturalizantes (un procedimiento convencional bien conocido en la técnica de la biología molecular). Después de la tinción del gel con Azul brillante de Coomassie, el gel se escaneó para obtener una imagen de mapa de bits, y la intensidad de la banda correspondiente a la lacasa recombinante se cuantificó con el software ImageJ (un freeware público

desarrollado en el Instituto Nacional de Salud y disponible en línea en <http://imagej.nih.gov/ij/>)

Ejemplo 4. Medición de la actividad relativa de lacasa.

Como se ha establecido anteriormente, la expresión "actividad de lacasa" se utiliza en el presente documento para significar la capacidad para que actuar como una enzima lacasa, que se puede expresar como la tasa inicial máxima de la reacción de oxidación específica. La actividad relativa se midió por la oxidación del ABTS (ácido 2,2'-azino-bis(3-etilbenzotiazolina-6-sulfónico). El curso de la reacción se monitorizó por cambio de absorbancia a 405 nm (desarrollo de color gris). El tiempo de reacción apropiada se determinó para proporcionar tasas de oxidación iniciales cuando el desarrollo del color es lineal con el tiempo. La concentración de sustrato (ABTS) era de 5 mM para proporcionar las tasas iniciales máximas (condiciones de saturación del sustrato).

Normalmente, las reacciones se llevaron a cabo en placas de 96 pocillos de fondo plano, cada pocillo contenía 2 ul de preparación de enzima en 200 ul de 100 mM de ácido succínico pH 5, la reacción se inició mediante la adición simultánea del sustrato (22 ul de 50 mM de ABTS) en cada pocillo. Después de pasar el tiempo de reacción, se determinó la absorbancia a 405 nm de las mezclas de reacción mediante un lector de placas (Multiscan Go, Thermo Scientific). Con el fin de determinar la actividad relativa de lacasa mutada, la absorbancia de la muestra de lacasa de referencia se tomó como el 100 %, y la actividad relativa se determinó como la fracción de esta absorbancia.

Ejemplo 5: Identificación de la posición de aminoácido correspondiente a la posición 149.

Con el fin de identificar la posición de aminoácido que se corresponde con la posición 149 de la SEQ ID NO: 1 en una determinada secuencia X, la secuencia X se alinea con la secuencia de SEQ ID NO: 1 utilizando un software convencional disponible en la técnica, en este caso la herramienta "Align" en el recurso NCBI http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PAGE_TYPE=BlastSearch&BLAST_SPEC=blast2s_eq&LINK_LOC=align2seq.

A modo de ejemplo, las secuencias 51 - 94 se alinearon con la SEQ ID NO: 1. Solo un fragmento de ese alineamiento se muestra en la Tabla 4, es decir, el fragmento correspondiente con los aminoácidos 125 - 152 de la SEQ ID NO: 1. Es inmediatamente evidente que esta región particular está altamente conservada o altamente homóloga entre las distintas secuencias proporcionada en la tabla, dando lugar a un alto grado de identidad en todas las secuencias examinadas. Por ejemplo, el resto de isoleucina (I) en la posición 149 de la SEQ ID NO: 1, se corresponde con un resto de isoleucina en la posición 149 de la SEQ ID NO: 51, con un resto de isoleucina en la posición 151 de la SEQ ID NO: 56, y con un resto de leucina (L) en la posición 149 de la SEQ ID NO: 85. La posición del primer y el último aminoácido de cada fragmento se muestra en la Tabla 4. El aminoácido correspondiente de la posición 149 de la SEQ ID NO: 1 en cada fragmento se indica en negrita.

Las secuencias de SEQ ID NO: 1 a SEQ ID NO: 24 se muestran en la Tabla 5.

Tabla 4: Alineamiento de la SEQ ID NO: 1 con las SEQ ID NO: 51 – 94, se muestra el alineamiento de los fragmentos 125 – 152. El aminoácido de la posición correspondiente al aminoácido 149 de la SEQ ID NO: 1 se muestra en negrita.

N.º de acceso	Primer AA	Secuencia correspondiente a los AA 125 - 152 de la SEQ ID NO: 1.	Último AA	SEQ ID NO:	Fragmento de SEQ ID NO:
SEQ ID NO: 1	125	KDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWY	152	95	1
AGZ16504.1	125	KDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWY	152	96	51
YP_003865004.1	125	KDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWY	152	97	52
WP_004397739.1	125	KDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWY	152	98	53
WP_019713492.1	125	KDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWY	152	99	54
AGR50961.1	125	KDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWY	152	100	55
YP_007425830.1	127	KDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWY	154	101	56
YP_004206641.1	125	KDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWY	152	102	57

ES 2 751 579 T3

(continuación)

N.º de acceso	Primer AA	Secuencia correspondiente a los AA 125 - 152 de la SEQ ID NO: 1.	Último AA	SEQ ID NO:	Fragmento de SEQ ID NO:
YP_006230497.1	125	KDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWY	152	103	58
EXF51833.1	125	KDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWY	152	104	59
WP_003234000.1	127	KDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWY	154	105	60
YP_006628799.1	127	KDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWY	154	106	61
NP_388511.1	125	KDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWY	152	107	62
YP_007661398.1	125	KDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWY	152	108	63
4AKQ_A	125	KDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWY	152	109	64
4A68_A	125	KDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWY	152	110	65
4A66_A	125	KDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWY	152	111	66
ACS44284.1	125	KDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWY	152	112	67
AGK12417.1	125	KDLEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWY	152	113	68
2X87_A	125	KDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWY	152	114	69
AFN66123.1	125	KDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWY	152	115	70
4A67_A	125	KDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWY	152	116	71
2WSD_A	125	KDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWY	152	117	72
4AKP_A	125	KDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWY	152	118	73
ACM46021.1	125	KDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWY	152	119	74
WP_010329056.1	125	KDFEQTGPYFKREIYHYPNQQRGAILWY	152	120	75
AEK80414.1	125	KDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWY	152	121	76
WP_010333230.1	125	KDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWY	152	122	77
4AKO_A	121	KDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWY	148	123	78
AAB62305.1	125	KDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWY	152	124	79
YP_003972023.1	125	KGFQETGPYFSREIYHYPNQQRGAILWY	152	125	80
WP_010787813.1	125	KGFQETGPYFSREIYHYPNQQRGAILWY	152	126	81
WP_007609818.1	125	KDFKETGPYFEKEVYHYPNKQRGALLWY	152	127	82
YP_007496315.1	125	KDFKETGPYFEREVYHYPNKQRGALLWY	152	128	83
YP_005419918.1	125	KDFKETGPYFEKEVYHYPNKQRGALLWY	152	129	84
YP_008625231.1	125	KDFKETGPYFEKEVYHYPNKQRGALLWY	152	130	85

ES 2 751 579 T3

(continuación)

N.º de acceso	Primer AA	Secuencia correspondiente a los AA 125 - 152 de la SEQ ID NO: 1.	Último AA	SEQ ID NO:	Fragmento de SEQ ID NO:
YP_007185316.1	125	KDFKETGPYFEREVYHYPNKQRGALLWY	152	131	86
YP_001420286.1	125	KDFKETGPYFEREVYHYPNKQRGALLWY	152	132	87
ADZ57286.1	125	KDFKETGPYFEKEVYHYPNKQRGALLWY	152	133	88
WP_007408880.1	125	KDFKETGPYFEREVYHYPNKQRGALLWY	152	134	89
WP_021495201.1	125	KDFKETGPYFEKEVYHYPNKQRGALLWY	152	135	90
YP_005129370.1	125	KDFKETGPYFEKEVYHYPNKQRGALLWY	152	136	91
AHK48246.1	125	KDFKETGPYFEREVYHYPNKQRGALLWY	152	137	92
YP_003919218.1	125	RDFKEKGPYFEKEVYHYPNKQRGALLWY	152	138	93
WP_016937040.1	125	RDFKETGPYFEKEVYHYPNKQRGALLWY	152	139	94

Tabla 5: Secuencias de las SEQ ID NO: 1 - 24.

SEQ ID NO:	Nombre	Organismo	Secuencia
1	Cot1	<i>Bacillus subtilis</i>	MTLEKFDALPDPDLKPVQQTEKTYEVTMEECAHQLHRDLPPTRLWGYNGLFPPTIEVKRNEVYVKWMNNLP SEHFLPIDHTIHSQSHEEPEVKTVHLHGVTDDSDGYPEAWFSKDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWYHD HAMALTRLNVYAGLVGAYIHDPKERKRLKLPSEYDVPLITDRITINEDGSLFYSPGPNPSPSLPNPSIVPAFCGD TILVNGKWPYLEVEPRKYRFRVINASNTRTYNLSLNDNGGFEIQIGSDGGLLPRSVKLSFSLAPAERYDIIDFTA YEGESIILANSEGGGDANPETDANIMQFRVTKPLAQKDESRKPKYLASYPVQNERIQNIRTLKLAGTQDEYGRPV LLLNNKRWHDPVTEAPKAGTTEIWSIVNPTQGTPIHLHLVSRVDRRPFDIARYQERGELSYTGPAVPPPPSEKGG WKDTIQAHAGEVLRVIAATFGPYSGRYVWHCHILEHEDYDMMRPMIDITDPHK
2	Cot2	<i>Bacillus subtilis</i>	MTLEKFDALPDPDLKPVQQSKEKTYEVTMEEC THQLHRDLPPTRLWGYNGLFPPTIEVKRNEVYVKWMNNLP STHFLPIDHTIHSQSHEEPEVKTVHLHGVTDDSDGYPEAWFSKDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWYHD HAMALTRLNVYAGLVGAYIHDPKERKRLKLPSEYDVPLITDRITINEDGSLFYSPGPNPSPSLPNPSIVPAFCGE TILVNGKWPYLEVEPRKYRFRVINASNTRTYNLSLNDNGGFEIQIGSDGGLLPRSVKLSFSLAPAERYDIIDFTA YEGQSIILANSAGCGGDVNPETDANIMQFRVTKPLAQKDESRKPKYLASYPVQNERIQNIRTLKLAGTQDEYGRPV LLLNNKRWHDPVTEAPKAGTTEIWSIINPTRGTHPIHLHLVSRVIDRRPFDIARYQESGALS YTGPAVPPPPSEKGG WKDTIQAHAGEVLRVIAATFGPYSGRYVWHCHILEHEDYDMMRPMIDITDPHKSDPNSSSDVLDKLRTRAPPPPLRSGG
3	Cot1 149T	<i>Bacillus subtilis</i>	MTLEKFDALPDPDLKPVQQTEKTYEVTMEECAHQLHRDLPPTRLWGYNGLFPPTIEVKRNEVYVKWMNNLP SEHFLPIDHTIHSQSHEEPEVKTVHLHGVTDDSDGYPEAWFSKDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWYHD HAMALTRLNVYAGLVGAYIHDPKERKRLKLPSEYDVPLITDRITINEDGSLFYSPGPNPSPSLPNPSIVPAFCGD TILVNGKWPYLEVEPRKYRFRVINASNTRTYNLSLNDNGGFEIQIGSDGGLLPRSVKLSFSLAPAERYDIIDFTA YEGESIILANSEGGGDANPETDANIMQFRVTKPLAQKDESRKPKYLASYPVQNERIQNIRTLKLAGTQDEYGRPV LLLNNKRWHDPVTEAPKAGTTEIWSIVNPTQGTPIHLHLVSRVDRRPFDIARYQERGELSYTGPAVPPPPSEKGG WKDTIQAHAGEVLRVIAATFGPYSGRYVWHCHILEHEDYDMMRPMIDITDPHK
4	Cot2 149T	<i>Bacillus subtilis</i>	MTLEKFDALPDPDLKPVQQSKEKTYEVTMEEC THQLHRDLPPTRLWGYNGLFPPTIEVKRNEVYVKWMNNLP STHFLPIDHTIHSQSHEEPEVKTVHLHGVTDDSDGYPEAWFSKDFEQTGPYFKREYHYPNQQRGAILWYHD HAMALTRLNVYAGLVGAYIHDPKERKRLKLPSEYDVPLITDRITINEDGSLFYSPGPNPSPSLPNPSIVPAFCGE TILVNGKWPYLEVEPRKYRFRVINASNTRTYNLSLNDNGGFEIQIGSDGGLLPRSVKLSFSLAPAERYDIIDFTA YEGQSIILANSAGCGGDVNPETDANIMQFRVTKPLAQKDESRKPKYLASYPVQNERIQNIRTLKLAGTQDEYGRPV LLLNNKRWHDPVTEAPKAGTTEIWSIINPTRGTHPIHLHLVSRVIDRRPFDIARYQESGALS YTGPAVPPPPSEKGG WKDTIQAHAGEVLRVIAATFGPYSGRYVWHCHILEHEDYDMMRPMIDITDPHKSDPNSSSDVLDKLRTRAPPPPLRSGG

(continuación)

SEQ ID NO:	Nombre	Organismo	Secuencia
5	seq 61	<i>Bacillus amyloliquefaciens</i>	MALEKFADELPIETLQPKKSDGSTYYEVTMKECFHKLHRDLPPTRLWGYNGLFPFGPTIDVNKDNVYIKWMDLDP DKHFLPVDHTIHHSESGHQEPDVKTWVHLGGATPPDSGYPEAWFTKDFKETGPFYFEREVYHYPNKQRGAALWYHD HAMAITRLNYYAGLAGMIYIRERKEKQLKLPSEGYDVPLMILDRTLNDDGSLSPSGPANPSETLPDPSIVPFFCGN TILVNGKAWPYMEVEPRTYRFRILNASNTRTFSLSLNGGKFIQIGSDGGLLPRSVKTKQSISLAPAERYDVLIDFSA FDGEHILNNGTGGGDADPDTANVMQFRVTKPLKGADTSRKPPLYSTMPNVTSKRIHNIIRMLKLTNTQDKYGRPV LTLNKRWHDPVTEAPKLGTTTEIWSINPMGGTHPIHLHLVSVFQILDRRPFDLERYNKFQIGDVIYTGPAVPPPPSEKQ WKDTVQAHSGEVIRIAATFAPYSGRYVWHCHILEHEDYDMMRPMVDVTDKQ
6	seq 61 149T	<i>Bacillus amyloliquefaciens</i>	MALEKFADELPIETLQPKKSDGSTYYEVTMKECFHKLHRDLPPTRLWGYNGLFPFGPTIDVNKDNVYIKWMDLDP DKHFLPVDHTIHHSESGHQEPDVKTWVHLGGATPPDSGYPEAWFTKDFKETGPFYFEREVYHYPNKQRGAALWYHD HAMAITRLNYYAGLAGMIYIRERKEKQLKLPSEGYDVPLMILDRTLNDDGSLSPSGPANPSETLPDPSIVPFFCGN TILVNGKAWPYMEVEPRTYRFRILNASNTRTFSLSLNGGKFIQIGSDGGLLPRSVKTKQSISLAPAERYDVLIDFSA FDGEHILNNGTGGGDADPDTANVMQFRVTKPLKGADTSRKPPLYSTMPNVTSKRIHNIIRMLKLTNTQDKYGRPV LTLNKRWHDPVTEAPKLGTTTEIWSINPMGGTHPIHLHLVSVFQILDRRPFDLERYNKFQIGDVIYTGPAVPPPPSEKQ WKDTVQAHSGEVIRIAATFAPYSGRYVWHCHILEHEDYDMMRPMVDVTDKQ
7	seq 61 149P	<i>Bacillus amyloliquefaciens</i>	MALEKFADELPIETLQPKKSDGSTYYEVTMKECFHKLHRDLPPTRLWGYNGLFPFGPTIDVNKDNVYIKWMDLDP DKHFLPVDHTIHHSESGHQEPDVKTWVHLGGATPPDSGYPEAWFTKDFKETGPFYFEREVYHYPNKQRGAALWYHD HAMAITRLNYYAGLAGMIYIRERKEKQLKLPSEGYDVPLMILDRTLNDDGSLSPSGPANPSETLPDPSIVPFFCGN TILVNGKAWPYMEVEPRTYRFRILNASNTRTFSLSLNGGKFIQIGSDGGLLPRSVKTKQSISLAPAERYDVLIDFSA FDGEHILNNGTGGGDADPDTANVMQFRVTKPLKGADTSRKPPLYSTMPNVTSKRIHNIIRMLKLTNTQDKYGRPV LTLNKRWHDPVTEAPKLGTTTEIWSINPMGGTHPIHLHLVSVFQILDRRPFDLERYNKFQIGDVIYTGPAVPPPPSEKQ WKDTVQAHSGEVIRIAATFAPYSGRYVWHCHILEHEDYDMMRPMVDVTDKQ
8	seq 61 149A	<i>Bacillus amyloliquefaciens</i>	MALEKFADELPIETLQPKKSDGSTYYEVTMKECFHKLHRDLPPTRLWGYNGLFPFGPTIDVNKDNVYIKWMDLDP DKHFLPVDHTIHHSESGHQEPDVKTWVHLGGATPPDSGYPEAWFTKDFKETGPFYFEREVYHYPNKQRGAALWYHD HAMAITRLNYYAGLAGMIYIRERKEKQLKLPSEGYDVPLMILDRTLNDDGSLSPSGPANPSETLPDPSIVPFFCGN TILVNGKAWPYMEVEPRTYRFRILNASNTRTFSLSLNGGKFIQIGSDGGLLPRSVKTKQSISLAPAERYDVLIDFSA FDGEHILNNGTGGGDADPDTANVMQFRVTKPLKGADTSRKPPLYSTMPNVTSKRIHNIIRMLKLTNTQDKYGRPV LTLNKRWHDPVTEAPKLGTTTEIWSINPMGGTHPIHLHLVSVFQILDRRPFDLERYNKFQIGDVIYTGPAVPPPPSEKQ WKDTVQAHSGEVIRIAATFAPYSGRYVWHCHILEHEDYDMMRPMVDVTDKQ

(continuación)

SEQ ID NO:	Nombre	Organismo	Secuencia
9	seq 61 149G	<i>Bacillus amyloliquefaciens</i>	MALEKFADELPIETLQPQKSDGSTYYEVTMKECFHKLHRDLPPTRLWGYNGLFPGPTIDVKNKDENYIKWMNDLP DKHFLPVDHTIHSSEGHQEPDVKTVHLHGGATPPDSDGYPEAWFTKDFKETGPFYFEREVYHYPNKQRGAGLWYHD HAMAITRLNVYAGLAGMYIIRERKEKQLKLPSEYDVPLMILDRTLNDDGSLSPYSGPANPSETLPDPSIVPFFCGN TILVNGKAWPYMEVEPRTYRFRILNASNTRTFSLSLNGGKFIQIGSDGGLPRSVKTSISLAPAERYDVLIDFSA FDGEHILTNGTGGGDADPD DANVMQFRVTKPLKGADTSRKPKEYLSTMPNVTSKRIHNIRMLKLTNTQDKYGRPV LTLNKRWHDPVTEAPKLGTTTEIWSIINPMGGTHPIHLHLSVFQILDRRPFDLERYNKFQGDIVYTGPAVPPPPSEKQ WKDTVQAHSGEVIRIAATFAPYSGRYVWHCHILEHEDYDMMRPMDDVTDKQ
10	seq 61 149S	<i>Bacillus amyloliquefaciens</i>	MALEKFADELPIETLQPQKSDGSTYYEVTMKECFHKLHRDLPPTRLWGYNGLFPGPTIDVKNKDENYIKWMNDLP DKHFLPVDHTIHSSEGHQEPDVKTVHLHGGATPPDSDGYPEAWFTKDFKETGPFYFEREVYHYPNKQRGAGLWYHD HAMAITRLNVYAGLAGMYIIRERKEKQLKLPSEYDVPLMILDRTLNDDGSLSPYSGPANPSETLPDPSIVPFFCGN TILVNGKAWPYMEVEPRTYRFRILNASNTRTFSLSLNGGKFIQIGSDGGLPRSVKTSISLAPAERYDVLIDFSA FDGEHILTNGTGGGDADPD DANVMQFRVTKPLKGADTSRKPKEYLSTMPNVTSKRIHNIRMLKLTNTQDKYGRPV LTLNKRWHDPVTEAPKLGTTTEIWSIINPMGGTHPIHLHLSVFQILDRRPFDLERYNKFQGDIVYTGPAVPPPPSEKQ WKDTVQAHSGEVIRIAATFAPYSGRYVWHCHILEHEDYDMMRPMDDVTDKQ
11	seq 61 149C	<i>Bacillus amyloliquefaciens</i>	MALEKFADELPIETLQPQKSDGSTYYEVTMKECFHKLHRDLPPTRLWGYNGLFPGPTIDVKNKDENYIKWMNDLP DKHFLPVDHTIHSSEGHQEPDVKTVHLHGGATPPDSDGYPEAWFTKDFKETGPFYFEREVYHYPNKQRGAGLWYHD HAMAITRLNVYAGLAGMYIIRERKEKQLKLPSEYDVPLMILDRTLNDDGSLSPYSGPANPSETLPDPSIVPFFCGN TILVNGKAWPYMEVEPRTYRFRILNASNTRTFSLSLNGGKFIQIGSDGGLPRSVKTSISLAPAERYDVLIDFSA FDGEHILTNGTGGGDADPD DANVMQFRVTKPLKGADTSRKPKEYLSTMPNVTSKRIHNIRMLKLTNTQDKYGRPV LTLNKRWHDPVTEAPKLGTTTEIWSIINPMGGTHPIHLHLSVFQILDRRPFDLERYNKFQGDIVYTGPAVPPPPSEKQ WKDTVQAHSGEVIRIAATFAPYSGRYVWHCHILEHEDYDMMRPMDDVTDKQ
12	seq 61 149D	<i>Bacillus amyloliquefaciens</i>	MALEKFADELPIETLQPQKSDGSTYYEVTMKECFHKLHRDLPPTRLWGYNGLFPGPTIDVKNKDENYIKWMNDLP DKHFLPVDHTIHSSEGHQEPDVKTVHLHGGATPPDSDGYPEAWFTKDFKETGPFYFEREVYHYPNKQRGAGLWYHD HAMAITRLNVYAGLAGMYIIRERKEKQLKLPSEYDVPLMILDRTLNDDGSLSPYSGPANPSETLPDPSIVPFFCGN TILVNGKAWPYMEVEPRTYRFRILNASNTRTFSLSLNGGKFIQIGSDGGLPRSVKTSISLAPAERYDVLIDFSA FDGEHILTNGTGGGDADPD DANVMQFRVTKPLKGADTSRKPKEYLSTMPNVTSKRIHNIRMLKLTNTQDKYGRPV LTLNKRWHDPVTEAPKLGTTTEIWSIINPMGGTHPIHLHLSVFQILDRRPFDLERYNKFQGDIVYTGPAVPPPPSEKQ WKDTVQAHSGEVIRIAATFAPYSGRYVWHCHILEHEDYDMMRPMDDVTDKQ

(continuación)

SEQ ID NO:	Nombre	Organismo	Secuencia
13	seq 61 149N	<i>Bacillus amyloliquefaciens</i>	MALEKFADELPIIETLQPKKSDGSTYYEVTMKECFHKLHRDLPPTRLWYNGLFFPGTTIDVKNKDENVYIKWMDLDP DKHFLPVDHTIHHSESGHQEPDVKTVHLHGGATPPDSDGYPEAWFTKDFKETGYPYFEREVYHYPNKQRGANLWYHD HAMAITRLNVAAGLAMYIIRERKEKQLKLPSEYDVPLMILDRTLNDGSLSPSGPANPSETLPPSIVPFFCGN TILVNGKAWPYMEVEPRTYRFRILNASNTRTFSLSLNGGKFIQIGSDGGLLPRSVKTSISLAPAERYDVLIDFSA FDGEHIL TNGTGGGDADPDDANVMQFRVTKPLKGADTSRKP KYLSTMPNVT SKRIHNIRMLKLTNTQDKYGRPV LTLNKRWHDPVTEAPKLGTTIWSIINPMGGTHPIHLHLSVFSQILDRRPFDLERYNKFQGDIVYTGPAVPPPPSEKQ WKDVTQAHSGEVIRIAATFAPYSGRYVWHCHILEHEDYDMMRPMDVTDKQ
14	seq 61 149V	<i>Bacillus amyloliquefaciens</i>	MALEKFADELPIIETLQPKKSDGSTYYEVTMKECFHKLHRDLPPTRLWYNGLFFPGTTIDVKNKDENVYIKWMDLDP DKHFLPVDHTIHHSESGHQEPDVKTVHLHGGATPPDSDGYPEAWFTKDFKETGYPYFEREVYHYPNKQRGANLWYHD HAMAITRLNVAAGLAMYIIRERKEKQLKLPSEYDVPLMILDRTLNDGSLSPSGPANPSETLPPSIVPFFCGN TILVNGKAWPYMEVEPRTYRFRILNASNTRTFSLSLNGGKFIQIGSDGGLLPRSVKTSISLAPAERYDVLIDFSA FDGEHIL TNGTGGGDADPDDANVMQFRVTKPLKGADTSRKP KYLSTMPNVT SKRIHNIRMLKLTNTQDKYGRPV LTLNKRWHDPVTEAPKLGTTIWSIINPMGGTHPIHLHLSVFSQILDRRPFDLERYNKFQGDIVYTGPAVPPPPSEKQ WKDVTQAHSGEVIRIAATFAPYSGRYVWHCHILEHEDYDMMRPMDVTDKQ
15	Seq 49	<i>Bacillus vallismortis</i>	MTLEKFVDALPIPETLKPVQQTKETTYEVTMEECAHKLHRDLPPTRLWYNGYNCQFPPTIEVNRNENVYKWMNHLS STHFLPVDHTIHHSDSQHEEPEVKTVHLHGGVTPEDSDGYPEAWFTKDFEQTGPYFKREIYHYPNQQRGAILWYHD HAMALTRLNVAAGLIGAYLIHDPKEKRLKLPSEYDVPLITDRTINGDGSFYNGPENPSPSLNPSIVPAFCGE TILVNGKAWPYLEVEPRKYRFRVINASNTRTYNLSLNDGFEFIQIGSDGGLLPRSVKLSFSLAPAERYDIIIDFTA YEQSII LANSEGC GG DANPETDANIMQFRVTKPLAQKDES RKP KYLASYPSVQNERIHNI RT LKLAGTQDEYGRPV LTLNKRWHDPVTEPKAGTTIWSIINPTRGTGTHPIHLHLSVFRVLD RRRPFDIARYQERGELS YTGPAVPPPPSEKQ WKDVTQAHSGEVIRIAATFAPYSGRYVWHCHILEHEDYDMMRPMDITDPHK
16	Seq 49 149T	<i>Bacillus vallismortis</i>	MTLEKFVDALPIPETLKPVQQTKETTYEVTMEECAHKLHRDLPPTRLWYNGYNCQFPPTIEVNRNENVYKWMNHLS STHFLPVDHTIHHSDSQHEEPEVKTVHLHGGVTPEDSDGYPEAWFTKDFEQTGPYFKREIYHYPNQQRGAILWYHD HAMALTRLNVAAGLIGAYLIHDPKEKRLKLPSEYDVPLITDRTINGDGSFYNGPENPSPSLNPSIVPAFCGE TILVNGKAWPYLEVEPRKYRFRVINASNTRTYNLSLNDGFEFIQIGSDGGLLPRSVKLSFSLAPAERYDIIIDFTA YEQSII LANSEGC GG DANPETDANIMQFRVTKPLAQKDES RKP KYLASYPSVQNERIHNI RT LKLAGTQDEYGRPV LTLNKRWHDPVTEPKAGTTIWSIINPTRGTGTHPIHLHLSVFRVLD RRRPFDIARYQERGELS YTGPAVPPPPSEKQ WKDVTQAHSGEVIRIAATFAPYSGRYVWHCHILEHEDYDMMRPMDITDPHK

(continuación)

SEQ ID NO:	Nombre	Organismo	Secuencia
17	Seq49 149P	<i>Bacillus vallismortis</i>	MTLEKFVDALPIPETLKPVQQTKETKTYEVTMEECAHKLHRDLPPTRLWGYNCQFPPTIEVNRNENYVVKWMNHLS STHFLPVDHTIHSDSQHEEPEVKTWVHLHGGVTPEDSDGYPEAWFTKDFEQTGPYFKREIYHYPNQQRGASLWYHD HAMALTRLNVYAGLIGAYLIHDPKEKRLKPSGEYDVPLITDRTINGDGSFLYPNGPENPSPSPNPSIVPAFCGE TILVNGKAWPYLEVEPRKYRFRVINASNTRTYNLSLNDNDGEFIQSDGGLLPRSVKLNFSLAPAERYDIIIDFTA YEGQSIILANSEGGGDANPETDANIMQFRVTKPLAQKDESRKPKYLASYPVQNERIHIRTLLKLAGTQDEYGRPV LLLNKRWHDPVTEPKAGTTEIWSIINPTRGTHPIHLHLSFRVLDLRRPFDIARYQERGELSYTGPAVPPPPSEKQ WKDTIQAHAGEVLR/IAATFGPYSGRYVWHCHILEHEHEDYDMMRPMIDITDPHK
18	Seq49 149A	<i>Bacillus vallismortis</i>	MTLEKFVDALPIPETLKPVQQTKETKTYEVTMEECAHKLHRDLPPTRLWGYNCQFPPTIEVNRNENYVVKWMNHLS STHFLPVDHTIHSDSQHEEPEVKTWVHLHGGVTPEDSDGYPEAWFTKDFEQTGPYFKREIYHYPNQQRGASLWYHD HAMALTRLNVYAGLIGAYLIHDPKEKRLKPSGEYDVPLITDRTINGDGSFLYPNGPENPSPSPNPSIVPAFCGE TILVNGKAWPYLEVEPRKYRFRVINASNTRTYNLSLNDNDGEFIQSDGGLLPRSVKLNFSLAPAERYDIIIDFTA YEGQSIILANSEGGGDANPETDANIMQFRVTKPLAQKDESRKPKYLASYPVQNERIHIRTLLKLAGTQDEYGRPV LLLNKRWHDPVTEPKAGTTEIWSIINPTRGTHPIHLHLSFRVLDLRRPFDIARYQERGELSYTGPAVPPPPSEKQ WKDTIQAHAGEVLR/IAATFGPYSGRYVWHCHILEHEHEDYDMMRPMIDITDPHK
19	Seq49 149G	<i>Bacillus vallismortis</i>	MTLEKFVDALPIPETLKPVQQTKETKTYEVTMEECAHKLHRDLPPTRLWGYNCQFPPTIEVNRNENYVVKWMNHLS STHFLPVDHTIHSDSQHEEPEVKTWVHLHGGVTPEDSDGYPEAWFTKDFEQTGPYFKREIYHYPNQQRGASLWYHD HAMALTRLNVYAGLIGAYLIHDPKEKRLKPSGEYDVPLITDRTINGDGSFLYPNGPENPSPSPNPSIVPAFCGE TILVNGKAWPYLEVEPRKYRFRVINASNTRTYNLSLNDNDGEFIQSDGGLLPRSVKLNFSLAPAERYDIIIDFTA YEGQSIILANSEGGGDANPETDANIMQFRVTKPLAQKDESRKPKYLASYPVQNERIHIRTLLKLAGTQDEYGRPV LLLNKRWHDPVTEPKAGTTEIWSIINPTRGTHPIHLHLSFRVLDLRRPFDIARYQERGELSYTGPAVPPPPSEKQ WKDTIQAHAGEVLR/IAATFGPYSGRYVWHCHILEHEHEDYDMMRPMIDITDPHK
20	Seq49 149S	<i>Bacillus vallismortis</i>	MTLEKFVDALPIPETLKPVQQTKETKTYEVTMEECAHKLHRDLPPTRLWGYNCQFPPTIEVNRNENYVVKWMNHLS STHFLPVDHTIHSDSQHEEPEVKTWVHLHGGVTPEDSDGYPEAWFTKDFEQTGPYFKREIYHYPNQQRGASLWYHD HAMALTRLNVYAGLIGAYLIHDPKEKRLKPSGEYDVPLITDRTINGDGSFLYPNGPENPSPSPNPSIVPAFCGE TILVNGKAWPYLEVEPRKYRFRVINASNTRTYNLSLNDNDGEFIQSDGGLLPRSVKLNFSLAPAERYDIIIDFTA YEGQSIILANSEGGGDANPETDANIMQFRVTKPLAQKDESRKPKYLASYPVQNERIHIRTLLKLAGTQDEYGRPV LLLNKRWHDPVTEPKAGTTEIWSIINPTRGTHPIHLHLSFRVLDLRRPFDIARYQERGELSYTGPAVPPPPSEKQ WKDTIQAHAGEVLR/IAATFGPYSGRYVWHCHILEHEHEDYDMMRPMIDITDPHK

(continuación)

SEQ ID NO:	Nombre	Organismo	Secuencia
21	Seq49 149C	<i>Bacillus vallismortis</i>	MTLEKFDALPIPETLKPVQQTKEKTYEVTMEECAHKLHRDLPPTRLWGYNCQFPGPTIEVNRNENVYKWMNHLS STHFLPVDHTIHSDSQHEEPEVKTVHLHGGVTPEDSDGYPEAWFTKDFEQTGPYFKREIYHYPNQQRGACLWYHD HAMALTRLNVYAGLIGAYLIHDPKEKRLKLPSEGYDVPLLITDRTINGDGSFLPYNGPENPSLPNPSIVPAFCGE TILVNGKAWPYLEVEPRKYRFRVINASNTRTYNLSLDNDGFEFIQISDGGLLPRSVKLNFSFLAPAERYDIIIDFTA YEQSIIANSEGCGGDANPETDANIMQFRVTKPLAQKDESRKPKYLASYPSVQNERIHNIIRTLKLAGTQDEYGRPV LLLNNKRWHDPVTEPKAGTTEIWSIINPTRGTHPIHLHLVSFRVLDLRRRPFDIARYQERGELSYTGPAVPPPPSEKQ WKDTIQAHAGEVLRIAATFGPYSGRYVWHCHILEHEDYDMMRPMIDITDPHK
22	Seq49 149D	<i>Bacillus vallismortis</i>	MTLEKFDALPIPETLKPVQQTKEKTYEVTMEECAHKLHRDLPPTRLWGYNCQFPGPTIEVNRNENVYKWMNHLS STHFLPVDHTIHSDSQHEEPEVKTVHLHGGVTPEDSDGYPEAWFTKDFEQTGPYFKREIYHYPNQQRGACLWYHD HAMALTRLNVYAGLIGAYLIHDPKEKRLKLPSEGYDVPLLITDRTINGDGSFLPYNGPENPSLPNPSIVPAFCGE TILVNGKAWPYLEVEPRKYRFRVINASNTRTYNLSLDNDGFEFIQISDGGLLPRSVKLNFSFLAPAERYDIIIDFTA YEQSIIANSEGCGGDANPETDANIMQFRVTKPLAQKDESRKPKYLASYPSVQNERIHNIIRTLKLAGTQDEYGRPV LLLNNKRWHDPVTEPKAGTTEIWSIINPTRGTHPIHLHLVSFRVLDLRRRPFDIARYQERGELSYTGPAVPPPPSEKQ WKDTIQAHAGEVLRIAATFGPYSGRYVWHCHILEHEDYDMMRPMIDITDPHK
23	Seq49 149N	<i>Bacillus vallismortis</i>	MTLEKFDALPIPETLKPVQQTKEKTYEVTMEECAHKLHRDLPPTRLWGYNCQFPGPTIEVNRNENVYKWMNHLS STHFLPVDHTIHSDSQHEEPEVKTVHLHGGVTPEDSDGYPEAWFTKDFEQTGPYFKREIYHYPNQQRGANLWYHD HAMALTRLNVYAGLIGAYLIHDPKEKRLKLPSEGYDVPLLITDRTINGDGSFLPYNGPENPSLPNPSIVPAFCGE TILVNGKAWPYLEVEPRKYRFRVINASNTRTYNLSLDNDGFEFIQISDGGLLPRSVKLNFSFLAPAERYDIIIDFTA YEQSIIANSEGCGGDANPETDANIMQFRVTKPLAQKDESRKPKYLASYPSVQNERIHNIIRTLKLAGTQDEYGRPV LLLNNKRWHDPVTEPKAGTTEIWSIINPTRGTHPIHLHLVSFRVLDLRRRPFDIARYQERGELSYTGPAVPPPPSEKQ WKDTIQAHAGEVLRIAATFGPYSGRYVWHCHILEHEDYDMMRPMIDITDPHK
24	Seq49 149V	<i>Bacillus vallismortis</i>	MTLEKFDALPIPETLKPVQQTKEKTYEVTMEECAHKLHRDLPPTRLWGYNCQFPGPTIEVNRNENVYKWMNHLS STHFLPVDHTIHSDSQHEEPEVKTVHLHGGVTPEDSDGYPEAWFTKDFEQTGPYFKREIYHYPNQQRGACLWYHD HAMALTRLNVYAGLIGAYLIHDPKEKRLKLPSEGYDVPLLITDRTINGDGSFLPYNGPENPSLPNPSIVPAFCGE TILVNGKAWPYLEVEPRKYRFRVINASNTRTYNLSLDNDGFEFIQISDGGLLPRSVKLNFSFLAPAERYDIIIDFTA YEQSIIANSEGCGGDANPETDANIMQFRVTKPLAQKDESRKPKYLASYPSVQNERIHNIIRTLKLAGTQDEYGRPV LLLNNKRWHDPVTEPKAGTTEIWSIINPTRGTHPIHLHLVSFRVLDLRRRPFDIARYQERGELSYTGPAVPPPPSEKQ WKDTIQAHAGEVLRIAATFGPYSGRYVWHCHILEHEDYDMMRPMIDITDPHK

Referencias

1. Martins LO, Soares CM, Pereira MM, Teixeira M, Costa T, Jones GH, y col. Molecular and biochemical characterization of a highly stable bacterial laccase that occurs as a structural component of the *Bacillus subtilis* endospore coat. J Biol Chem 2002; 277:18849-59.
- 5 2. Bento I, Martins LO, Gato Lopes G, Arménia Carrondo M, Lindley PF. Dioxygen reduction by multi-copper oxidases; a structural perspective. Dalton Trans 2005; 21:3507-13.
3. Brissos V, Pereira L, Munteanu FD, Cavaco-Paulo A, Martins LO. Expression system of CotA-laccase for directed evolution and high-throughput screenings for the oxidation of high-redox potential dyes. Biotechnol J 2009; 4:558-63.
- 10 4. Suzuki T, Endo K, Ito M, Tsujibo H, Miyamoto K, Inamori Y. A thermostable laccase from *Streptomyces lavendulae* REN-7: purification, characterization, nucleotide sequence and expression. Biosci Biotechnol Biochem 2003; 67:2167-75.
5. Kumar y col., "Combined sequence and structure analysis of the fungal laccase family", Biotechnol. Bioeng., 83, 386-394, 2003;
- 15 6. Morozova y col., "Blue laccases", Biochemistry (Moscow), 72, 1136-1150, 2007).
7. Cantarella y col., (Determination of laccase activity in mixed solvents: Comparison between two chromogens in a spectrophotometric assay", Biotechnology and Bioengineering V. 82 (4), pp 395-398, 2003).
8. Methods in Molecular Biology, Vol 182, "In vitro mutagenesis protocols", Eds Jeff Braman, Humana Press 2002).

LISTADO DE SECUENCIAS

- 20 <110> Metgen OY
- <120> VARIANTES DE LACASA CON PROPIEDADES MEJORADAS
- <130> 282 WO
- <160> 139
- <170> PatentIn versión 3.5
- 25 <210> 1
- <211> 513
- <212> PRT
- <213> *Bacillus subtilis*
- <400> 1

ES 2 751 579 T3

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

Lys Pro Val Gln Gln Thr Thr Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Glu Glu Cys Ala His Gln Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val Lys Arg
 50 55 60

Asn Glu Asn Val Tyr Val Lys Trp Met Asn Asn Leu Pro Ser Glu His
 65 70 75 80

Phe Leu Pro Ile Asp His Thr Ile His His Ser Asp Ser Gln His Glu
 85 90 95

Glu Pro Glu Val Lys Thr Val Val His Leu His Gly Gly Val Thr Pro
 100 105 110

Asp Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Ser Lys Asp Phe Glu
 115 120 125

Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Gln
 130 135 140

Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Leu Thr
 145 150 155 160

Arg Leu Asn Val Tyr Ala Gly Leu Val Gly Ala Tyr Ile Ile His Asp
 165 170 175

ES 2 751 579 T3

Pro Lys Glu Lys Arg Leu Lys Leu Pro Ser Gly Glu Tyr Asp Val Pro
 180 185 190

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

Pro Ser Gly Pro Glu Asn Pro Ser Pro Ser Leu Pro Lys Pro Ser Ile
 210 215 220

Val Pro Ala Phe Cys Gly Asp Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Val Trp
 225 230 235 240

Pro Tyr Leu Glu Val Glu Pro Arg Lys Tyr Arg Phe Arg Val Ile Asn
 245 250 255

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

Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys
 275 280 285

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

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

Gly Cys Gly Gly Asp Ala Asn Pro Glu Thr Asp Ala Asn Ile Met Gln
 325 330 335

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

Lys Tyr Leu Ala Ser Tyr Pro Ser Val Gln Asn Glu Arg Ile Gln Asn
 355 360 365

Ile Arg Thr Leu Lys Leu Ala Gly Thr Gln Asp Glu Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Ala
 385 390 395 400

Pro Lys Ala Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Val Asn Pro Thr Gln
 405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val Leu Asp
 420 425 430

ES 2 751 579 T3

Arg Arg Pro Phe Asp Ile Ala Arg Tyr Gln Glu Arg Gly Glu Leu Ser
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

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

Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp Pro His
 500 505 510

Lys

<210> 2
 <211> 539
 <212> PRT
 <213> *Bacillus subtilis*

5

<400> 2

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

Lys Pro Val Gln Gln Ser Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Glu Glu Cys Thr His Gln Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val Lys Arg
 50 55 60

Asn Glu Asn Val Tyr Val Lys Trp Met Asn Asn Leu Pro Ser Thr His
 65 70 75 80

Phe Leu Pro Ile Asp His Thr Ile His His Ser Asp Ser Gln His Glu
 85 90 95

Glu Pro Glu Val Lys Thr Val Val His Leu His Gly Gly Val Thr Pro
 100 105 110

Asp Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Ser Lys Asp Phe Glu
 115 120 125

ES 2 751 579 T3

Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Gln
 130 135 140

Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Leu Thr
 145 150 155 160

Arg Leu Asn Val Tyr Ala Gly Leu Val Gly Ala Tyr Ile Ile His Asp
 165 170 175

Pro Lys Glu Lys Arg Leu Lys Leu Pro Ser Glu Glu Tyr Asp Val Pro
 180 185 190

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

Pro Ser Gly Pro Glu Asn Pro Ser Pro Ser Leu Pro Asn Pro Ser Ile
 210 215 220

Val Pro Ala Phe Cys Gly Glu Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Val Trp
 225 230 235 240

Pro Tyr Leu Glu Val Glu Pro Arg Lys Tyr Arg Phe Arg Val Ile Asn
 245 250 255

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

Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys
 275 280 285

Leu Thr Ser Phe Ser Leu Ala Pro Ala Glu Arg Tyr Asp Ile Ile Ile
 290 295 300

Asp Phe Thr Ala Tyr Glu Gly Gln Ser Ile Ile Leu Ala Asn Ser Ala
 305 310 315 320

Gly Cys Gly Gly Asp Val Asn Pro Glu Thr Asp Ala Asn Ile Met Gln
 325 330 335

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

Lys Tyr Leu Ala Ser Tyr Pro Ser Val Gln Asn Glu Arg Ile Gln Asn
 355 360 365

Ile Arg Thr Leu Lys Leu Ala Gly Thr Gln Asp Glu Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

ES 2 751 579 T3

Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Ala
385 390 395 400

Pro Lys Ala Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Thr Arg
405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val Ile Asp
420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Ile Ala His Tyr Gln Glu Ser Gly Ala Leu Ser
435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
450 455 460

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

Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp Pro His
500 505 510

Lys Ser Asp Pro Asn Ser Ser Ser Val Asp Lys Leu His Arg Thr Arg
515 520 525

Ala Pro Pro Pro Pro Pro Leu Arg Ser Gly Cys
530 535

- <210> 3
- <211> 513
- <212> PRT
- <213> *Bacillus subtilis*

5

<400> 3

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

Lys Pro Val Gln Gln Thr Thr Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
20 25 30

Glu Glu Cys Ala His Gln Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val Lys Arg
50 55 60

ES 2 751 579 T3

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

ES 2 751 579 T3

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

Lys

- <210> 4
- <211> 539
- <212> PRT
- 5 <213> *Bacillus subtilis*
- <400> 4

Met Thr Leu Glu Lys Phe Val Asp Ala Leu Pro Ile Pro Asp Thr Leu

ES 2 751 579 T3

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

ES 2 751 579 T3

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

Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys
275 280 285

Leu Thr Ser Phe Ser Leu Ala Pro Ala Glu Arg Tyr Asp Ile Ile Ile
290 295 300

Asp Phe Thr Ala Tyr Glu Gly Gln Ser Ile Ile Leu Ala Asn Ser Ala
305 310 315 320

Gly Cys Gly Gly Asp Val Asn Pro Glu Thr Asp Ala Asn Ile Met Gln
325 330 335

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

Lys Tyr Leu Ala Ser Tyr Pro Ser Val Gln Asn Glu Arg Ile Gln Asn
355 360 365

Ile Arg Thr Leu Lys Leu Ala Gly Thr Gln Asp Glu Tyr Gly Arg Pro
370 375 380

Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Ala
385 390 395 400

Pro Lys Ala Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Thr Arg
405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val Ile Asp
420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Ile Ala His Tyr Gln Glu Ser Gly Ala Leu Ser
435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
450 455 460

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

Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp Pro His
500 505 510

ES 2 751 579 T3

Lys Ser Asp Pro Asn Ser Ser Ser Val Asp Lys Leu His Arg Thr Arg
 515 520 525

Ala Pro Pro Pro Pro Pro Leu Arg Ser Gly Cys
 530 535

<210> 5

<211> 512

<212> PRT

5 <213> *Bacillus spec*

<400> 5

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

Gln Pro Gln Lys Lys Ser Asp Gly Ser Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Lys Glu Cys Phe His Lys Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Asp Val Asn Lys
 50 55 60

Asp Glu Asn Val Tyr Ile Lys Trp Met Asn Asp Leu Pro Asp Lys His
 65 70 75 80

Phe Leu Pro Val Asp His Thr Ile His His Ser Glu Ser Gly His Gln
 85 90 95

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

Pro Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Thr Lys Asp Phe Lys
 115 120 125

Glu Thr Gly Pro Tyr Phe Glu Arg Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Lys
 130 135 140

Gln Arg Gly Ala Leu Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Ile Thr
 145 150 155 160

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

Arg Lys Glu Lys Gln Leu Lys Leu Pro Ser Gly Glu Tyr Asp Val Pro
 180 185 190

ES 2 751 579 T3

Leu Met Ile Leu Asp Arg Thr Leu Asn Asp Asp Gly Ser Leu Ser Tyr
 195 200 205
 Pro Ser Gly Pro Ala Asn Pro Ser Glu Thr Leu Pro Asp Pro Ser Ile
 210 215 220
 Val Pro Phe Phe Cys Gly Asn Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Ala Trp
 225 230 235 240
 Pro Tyr Met Glu Val Glu Pro Arg Thr Tyr Arg Phe Arg Ile Leu Asn
 245 250 255
 Ala Ser Asn Thr Arg Thr Phe Ser Leu Ser Leu Asn Asn Gly Gly Lys
 260 265 270
 Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys
 275 280 285
 Thr Gln Ser Ile Ser Leu Ala Pro Ala Glu Arg Tyr Asp Val Leu Ile
 290 295 300
 Asp Phe Ser Ala Phe Asp Gly Glu His Ile Ile Leu Thr Asn Gly Thr
 305 310 315 320
 Gly Cys Gly Gly Asp Ala Asp Pro Asp Thr Asp Ala Asn Val Met Gln
 325 330 335
 Phe Arg Val Thr Lys Pro Leu Lys Gly Ala Asp Thr Ser Arg Lys Pro
 340 345 350
 Lys Tyr Leu Ser Thr Met Pro Asn Val Thr Ser Lys Arg Ile His Asn
 355 360 365
 Ile Arg Met Leu Lys Leu Thr Asn Thr Gln Asp Lys Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380
 Val Leu Thr Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Ala
 385 390 395 400
 Pro Lys Leu Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Met Gly
 405 410 415
 Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Gln Ile Leu Asp
 420 425 430
 Arg Arg Pro Phe Asp Leu Glu Arg Tyr Asn Lys Phe Gly Asp Ile Val
 435 440 445

ES 2 751 579 T3

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

Asp Thr Val Gln Ala His Ser Gly Glu Val Ile Arg Ile Ala Ala Thr
 465 470 475 480

Phe Ala Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Val Thr Asp Lys Gln
 500 505 510

<210> 6

<211> 512

<212> PRT

5 <213> *Bacillus spec*

<400> 6

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

Gln Pro Gln Lys Lys Ser Asp Gly Ser Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Lys Glu Cys Phe His Lys Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Asp Val Asn Lys
 50 55 60

Asp Glu Asn Val Tyr Ile Lys Trp Met Asn Asp Leu Pro Asp Lys His
 65 70 75 80

Phe Leu Pro Val Asp His Thr Ile His His Ser Glu Ser Gly His Gln
 85 90 95

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

Pro Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Thr Lys Asp Phe Lys
 115 120 125

Glu Thr Gly Pro Tyr Phe Glu Arg Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Lys
 130 135 140

Gln Arg Gly Ala Thr Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Ile Thr
 145 150 155 160

ES 2 751 579 T3

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

Arg Lys Glu Lys Gln Leu Lys Leu Pro Ser Gly Glu Tyr Asp Val Pro
180 185 190

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

Pro Ser Gly Pro Ala Asn Pro Ser Glu Thr Leu Pro Asp Pro Ser Ile
210 215 220

Val Pro Phe Phe Cys Gly Asn Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Ala Trp
225 230 235 240

Pro Tyr Met Glu Val Glu Pro Arg Thr Tyr Arg Phe Arg Ile Leu Asn
245 250 255

Ala Ser Asn Thr Arg Thr Phe Ser Leu Ser Leu Asn Asn Gly Gly Lys
260 265 270

Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys
275 280 285

Thr Gln Ser Ile Ser Leu Ala Pro Ala Glu Arg Tyr Asp Val Leu Ile
290 295 300

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

Gly Cys Gly Gly Asp Ala Asp Pro Asp Thr Asp Ala Asn Val Met Gln
325 330 335

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

Lys Tyr Leu Ser Thr Met Pro Asn Val Thr Ser Lys Arg Ile His Asn
355 360 365

Ile Arg Met Leu Lys Leu Thr Asn Thr Gln Asp Lys Tyr Gly Arg Pro
370 375 380

Val Leu Thr Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Ala
385 390 395 400

Pro Lys Leu Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Met Gly

ES 2 751 579 T3

405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Gln Ile Leu Asp
420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Leu Glu Arg Tyr Asn Lys Phe Gly Asp Ile Val
435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
450 455 460

Asp Thr Val Gln Ala His Ser Gly Glu Val Ile Arg Ile Ala Ala Thr
465 470 475 480

Phe Ala Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Val Thr Asp Lys Gln
500 505 510

<210> 7
<211> 512
<212> PRT
5 <213> *Bacillus spec*

<400> 7

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

Gln Pro Gln Lys Lys Ser Asp Gly Ser Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
20 25 30

Lys Glu Cys Phe His Lys Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Asp Val Asn Lys
50 55 60

Asp Glu Asn Val Tyr Ile Lys Trp Met Asn Asp Leu Pro Asp Lys His
65 70 75 80

Phe Leu Pro Val Asp His Thr Ile His His Ser Glu Ser Gly His Gln
85 90 95

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

Pro Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Thr Lys Asp Phe Lys

ES 2 751 579 T3

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

ES 2 751 579 T3

Ile Arg Met Leu Lys Leu Thr Asn Thr Gln Asp Lys Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

Val Leu Thr Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Ala
 385 390 395 400

Pro Lys Leu Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Met Gly
 405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Gln Ile Leu Asp
 420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Leu Glu Arg Tyr Asn Lys Phe Gly Asp Ile Val
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

Asp Thr Val Gln Ala His Ser Gly Glu Val Ile Arg Ile Ala Ala Thr
 465 470 475 480

Phe Ala Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Val Thr Asp Lys Gln
 500 505 510

<210> 8
 <211> 512
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

5

<400> 8

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

Gln Pro Gln Lys Lys Ser Asp Gly Ser Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Lys Glu Cys Phe His Lys Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Asp Val Asn Lys
 50 55 60

Asp Glu Asn Val Tyr Ile Lys Trp Met Asn Asp Leu Pro Asp Lys His
 65 70 75 80

ES 2 751 579 T3

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

ES 2 751 579 T3

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

Lys Tyr Leu Ser Thr Met Pro Asn Val Thr Ser Lys Arg Ile His Asn
 355 360 365

Ile Arg Met Leu Lys Leu Thr Asn Thr Gln Asp Lys Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

Val Leu Thr Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Ala
 385 390 395 400

Pro Lys Leu Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Met Gly
 405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Gln Ile Leu Asp
 420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Leu Glu Arg Tyr Asn Lys Phe Gly Asp Ile Val
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

Asp Thr Val Gln Ala His Ser Gly Glu Val Ile Arg Ile Ala Ala Thr
 465 470 475 480

Phe Ala Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Val Thr Asp Lys Gln
 500 505 510

<210> 9
 <211> 512
 <212> PRT
 5 <213> *Bacillus spec*

<400> 9

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

Gln Pro Gln Lys Lys Ser Asp Gly Ser Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Lys Glu Cys Phe His Lys Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

ES 2 751 579 T3

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Asp Val Asn Lys
 50 55 60

Asp Glu Asn Val Tyr Ile Lys Trp Met Asn Asp Leu Pro Asp Lys His
 65 70 75 80

Phe Leu Pro Val Asp His Thr Ile His His Ser Glu Ser Gly His Gln
 85 90 95

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

Pro Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Thr Lys Asp Phe Lys
 115 120 125

Glu Thr Gly Pro Tyr Phe Glu Arg Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Lys
 130 135 140

Gln Arg Gly Ala Gly Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Ile Thr
 145 150 155 160

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

Arg Lys Glu Lys Gln Leu Lys Leu Pro Ser Gly Glu Tyr Asp Val Pro
 180 185 190

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

Pro Ser Gly Pro Ala Asn Pro Ser Glu Thr Leu Pro Asp Pro Ser Ile
 210 215 220

Val Pro Phe Phe Cys Gly Asn Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Ala Trp
 225 230 235 240

Pro Tyr Met Glu Val Glu Pro Arg Thr Tyr Arg Phe Arg Ile Leu Asn
 245 250 255

Ala Ser Asn Thr Arg Thr Phe Ser Leu Ser Leu Asn Asn Gly Gly Lys
 260 265 270

Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys
 275 280 285

Thr Gln Ser Ile Ser Leu Ala Pro Ala Glu Arg Tyr Asp Val Leu Ile
 290 295 300

ES 2 751 579 T3

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

Gly Cys Gly Gly Asp Ala Asp Pro Asp Thr Asp Ala Asn Val Met Gln
325 330 335

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

Lys Tyr Leu Ser Thr Met Pro Asn Val Thr Ser Lys Arg Ile His Asn
355 360 365

Ile Arg Met Leu Lys Leu Thr Asn Thr Gln Asp Lys Tyr Gly Arg Pro
370 375 380

Val Leu Thr Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Ala
385 390 395 400

Pro Lys Leu Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Met Gly
405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Gln Ile Leu Asp
420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Leu Glu Arg Tyr Asn Lys Phe Gly Asp Ile Val
435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
450 455 460

Asp Thr Val Gln Ala His Ser Gly Glu Val Ile Arg Ile Ala Ala Thr
465 470 475 480

Phe Ala Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Val Thr Asp Lys Gln
500 505 510

<210> 10
<211> 512
<212> PRT
5 <213> *Bacillus spec*

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

ES 2 751 579 T3

Gln Pro Gln Lys Lys Ser Asp Gly Ser Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Lys Glu Cys Phe His Lys Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Asp Val Asn Lys
 50 55 60

Asp Glu Asn Val Tyr Ile Lys Trp Met Asn Asp Leu Pro Asp Lys His
 65 70 75 80

Phe Leu Pro Val Asp His Thr Ile His His Ser Glu Ser Gly His Gln
 85 90 95

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

Pro Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Thr Lys Asp Phe Lys
 115 120 125

Glu Thr Gly Pro Tyr Phe Glu Arg Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Lys
 130 135 140

Gln Arg Gly Ala Ser Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Ile Thr
 145 150 155 160

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

Arg Lys Glu Lys Gln Leu Lys Leu Pro Ser Gly Glu Tyr Asp Val Pro
 180 185 190

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

Pro Ser Gly Pro Ala Asn Pro Ser Glu Thr Leu Pro Asp Pro Ser Ile
 210 215 220

Val Pro Phe Phe Cys Gly Asn Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Ala Trp
 225 230 235 240

Pro Tyr Met Glu Val Glu Pro Arg Thr Tyr Arg Phe Arg Ile Leu Asn
 245 250 255

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

ES 2 751 579 T3

			260						265							270	
Phe	Ile	Gln	Ile	Gly	Ser	Asp	Gly	Gly	Leu	Leu	Pro	Arg	Ser	Val	Lys		
		275					280					285					
Thr	Gln	Ser	Ile	Ser	Leu	Ala	Pro	Ala	Glu	Arg	Tyr	Asp	Val	Leu	Ile		
	290					295					300						
Asp	Phe	Ser	Ala	Phe	Asp	Gly	Glu	His	Ile	Ile	Leu	Thr	Asn	Gly	Thr		
305					310					315					320		
Gly	Cys	Gly	Gly	Asp	Ala	Asp	Pro	Asp	Thr	Asp	Ala	Asn	Val	Met	Gln		
				325					330					335			
Phe	Arg	Val	Thr	Lys	Pro	Leu	Lys	Gly	Ala	Asp	Thr	Ser	Arg	Lys	Pro		
			340					345					350				
Lys	Tyr	Leu	Ser	Thr	Met	Pro	Asn	Val	Thr	Ser	Lys	Arg	Ile	His	Asn		
		355					360					365					
Ile	Arg	Met	Leu	Lys	Leu	Thr	Asn	Thr	Gln	Asp	Lys	Tyr	Gly	Arg	Pro		
	370					375					380						
Val	Leu	Thr	Leu	Asn	Asn	Lys	Arg	Trp	His	Asp	Pro	Val	Thr	Glu	Ala		
385					390					395					400		
Pro	Lys	Leu	Gly	Thr	Thr	Glu	Ile	Trp	Ser	Ile	Ile	Asn	Pro	Met	Gly		
				405					410					415			
Gly	Thr	His	Pro	Ile	His	Leu	His	Leu	Val	Ser	Phe	Gln	Ile	Leu	Asp		
			420					425					430				
Arg	Arg	Pro	Phe	Asp	Leu	Glu	Arg	Tyr	Asn	Lys	Phe	Gly	Asp	Ile	Val		
		435					440					445					
Tyr	Thr	Gly	Pro	Ala	Val	Pro	Pro	Pro	Pro	Ser	Glu	Lys	Gly	Trp	Lys		
	450					455					460						
Asp	Thr	Val	Gln	Ala	His	Ser	Gly	Glu	Val	Ile	Arg	Ile	Ala	Ala	Thr		
465					470					475					480		
Phe	Ala	Pro	Tyr	Ser	Gly	Arg	Tyr	Val	Trp	His	Cys	His	Ile	Leu	Glu		
				485					490					495			
His	Glu	Asp	Tyr	Asp	Met	Met	Arg	Pro	Met	Asp	Val	Thr	Asp	Lys	Gln		
			500					505					510				

ES 2 751 579 T3

<210> 11
 <211> 512
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

5 <400> 11

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

Gln Pro Gln Lys Lys Ser Asp Gly Ser Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Lys Glu Cys Phe His Lys Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Asp Val Asn Lys
 50 55 60

Asp Glu Asn Val Tyr Ile Lys Trp Met Asn Asp Leu Pro Asp Lys His
 65 70 75 80

Phe Leu Pro Val Asp His Thr Ile His His Ser Glu Ser Gly His Gln
 85 90 95

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

Pro Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Thr Lys Asp Phe Lys
 115 120 125

Glu Thr Gly Pro Tyr Phe Glu Arg Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Lys
 130 135 140

Gln Arg Gly Ala Cys Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Ile Thr
 145 150 155 160

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

Arg Lys Glu Lys Gln Leu Lys Leu Pro Ser Gly Glu Tyr Asp Val Pro
 180 185 190

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

Pro Ser Gly Pro Ala Asn Pro Ser Glu Thr Leu Pro Asp Pro Ser Ile
 210 215 220

ES 2 751 579 T3

Val Pro Phe Phe Cys Gly Asn Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Ala Trp
 225 230 235 240

Pro Tyr Met Glu Val Glu Pro Arg Thr Tyr Arg Phe Arg Ile Leu Asn
 245 250 255

Ala Ser Asn Thr Arg Thr Phe Ser Leu Ser Leu Asn Asn Gly Gly Lys
 260 265 270

Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys
 275 280 285

Thr Gln Ser Ile Ser Leu Ala Pro Ala Glu Arg Tyr Asp Val Leu Ile
 290 295 300

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

Gly Cys Gly Gly Asp Ala Asp Pro Asp Thr Asp Ala Asn Val Met Gln
 325 330 335

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

Lys Tyr Leu Ser Thr Met Pro Asn Val Thr Ser Lys Arg Ile His Asn
 355 360 365

Ile Arg Met Leu Lys Leu Thr Asn Thr Gln Asp Lys Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

Val Leu Thr Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Ala
 385 390 395 400

Pro Lys Leu Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Met Gly
 405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Gln Ile Leu Asp
 420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Leu Glu Arg Tyr Asn Lys Phe Gly Asp Ile Val
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

Asp Thr Val Gln Ala His Ser Gly Glu Val Ile Arg Ile Ala Ala Thr
 465 470 475 480

ES 2 751 579 T3

Phe Ala Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Val Thr Asp Lys Gln
 500 505 510

<210> 12

<211> 512

<212> PRT

5 <213> *Bacillus spec*

<400> 12

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

Gln Pro Gln Lys Lys Ser Asp Gly Ser Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Lys Glu Cys Phe His Lys Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Asp Val Asn Lys
 50 55 60

Asp Glu Asn Val Tyr Ile Lys Trp Met Asn Asp Leu Pro Asp Lys His
 65 70 75 80

Phe Leu Pro Val Asp His Thr Ile His His Ser Glu Ser Gly His Gln
 85 90 95

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

Pro Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Thr Lys Asp Phe Lys
 115 120 125

Glu Thr Gly Pro Tyr Phe Glu Arg Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Lys
 130 135 140

Gln Arg Gly Ala Asp Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Ile Thr
 145 150 155 160

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

Arg Lys Glu Lys Gln Leu Lys Leu Pro Ser Gly Glu Tyr Asp Val Pro
 180 185 190

ES 2 751 579 T3

Leu Met Ile Leu Asp Arg Thr Leu Asn Asp Asp Gly Ser Leu Ser Tyr
 195 200 205
 Pro Ser Gly Pro Ala Asn Pro Ser Glu Thr Leu Pro Asp Pro Ser Ile
 210 215 220
 Val Pro Phe Phe Cys Gly Asn Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Ala Trp
 225 230 235 240
 Pro Tyr Met Glu Val Glu Pro Arg Thr Tyr Arg Phe Arg Ile Leu Asn
 245 250 255
 Ala Ser Asn Thr Arg Thr Phe Ser Leu Ser Leu Asn Asn Gly Gly Lys
 260 265 270
 Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys
 275 280 285
 Thr Gln Ser Ile Ser Leu Ala Pro Ala Glu Arg Tyr Asp Val Leu Ile
 290 295 300
 Asp Phe Ser Ala Phe Asp Gly Glu His Ile Ile Leu Thr Asn Gly Thr
 305 310 315 320
 Gly Cys Gly Gly Asp Ala Asp Pro Asp Thr Asp Ala Asn Val Met Gln
 325 330 335
 Phe Arg Val Thr Lys Pro Leu Lys Gly Ala Asp Thr Ser Arg Lys Pro
 340 345 350
 Lys Tyr Leu Ser Thr Met Pro Asn Val Thr Ser Lys Arg Ile His Asn
 355 360 365
 Ile Arg Met Leu Lys Leu Thr Asn Thr Gln Asp Lys Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380
 Val Leu Thr Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Ala
 385 390 395 400
 Pro Lys Leu Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Met Gly
 405 410 415
 Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Gln Ile Leu Asp
 420 425 430
 Arg Arg Pro Phe Asp Leu Glu Arg Tyr Asn Lys Phe Gly Asp Ile Val
 435 440 445

ES 2 751 579 T3

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

Asp Thr Val Gln Ala His Ser Gly Glu Val Ile Arg Ile Ala Ala Thr
 465 470 475 480

Phe Ala Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Val Thr Asp Lys Gln
 500 505 510

<210> 13
 <211> 512
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

5

<400> 13

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

Gln Pro Gln Lys Lys Ser Asp Gly Ser Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Lys Glu Cys Phe His Lys Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Asp Val Asn Lys
 50 55 60

Asp Glu Asn Val Tyr Ile Lys Trp Met Asn Asp Leu Pro Asp Lys His
 65 70 75 80

Phe Leu Pro Val Asp His Thr Ile His His Ser Glu Ser Gly His Gln
 85 90 95

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

Pro Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Thr Lys Asp Phe Lys
 115 120 125

Glu Thr Gly Pro Tyr Phe Glu Arg Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Lys
 130 135 140

Gln Arg Gly Ala Asn Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Ile Thr
 145 150 155 160

ES 2 751 579 T3

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

Arg Lys Glu Lys Gln Leu Lys Leu Pro Ser Gly Glu Tyr Asp Val Pro
 180 185 190

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

Pro Ser Gly Pro Ala Asn Pro Ser Glu Thr Leu Pro Asp Pro Ser Ile
 210 215 220

Val Pro Phe Phe Cys Gly Asn Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Ala Trp
 225 230 235 240

Pro Tyr Met Glu Val Glu Pro Arg Thr Tyr Arg Phe Arg Ile Leu Asn
 245 250 255

Ala Ser Asn Thr Arg Thr Phe Ser Leu Ser Leu Asn Asn Gly Gly Lys
 260 265 270

Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys
 275 280 285

Thr Gln Ser Ile Ser Leu Ala Pro Ala Glu Arg Tyr Asp Val Leu Ile
 290 295 300

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

Gly Cys Gly Gly Asp Ala Asp Pro Asp Thr Asp Ala Asn Val Met Gln
 325 330 335

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

Lys Tyr Leu Ser Thr Met Pro Asn Val Thr Ser Lys Arg Ile His Asn
 355 360 365

Ile Arg Met Leu Lys Leu Thr Asn Thr Gln Asp Lys Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

Val Leu Thr Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Ala
 385 390 395 400

Pro Lys Leu Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Met Gly

ES 2 751 579 T3

405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Gln Ile Leu Asp
420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Leu Glu Arg Tyr Asn Lys Phe Gly Asp Ile Val
435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
450 455 460

Asp Thr Val Gln Ala His Ser Gly Glu Val Ile Arg Ile Ala Ala Thr
465 470 475 480

Phe Ala Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Val Thr Asp Lys Gln
500 505 510

<210> 14
 <211> 512
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

5

<400> 14

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

Gln Pro Gln Lys Lys Ser Asp Gly Ser Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
20 25 30

Lys Glu Cys Phe His Lys Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Asp Val Asn Lys
50 55 60

Asp Glu Asn Val Tyr Ile Lys Trp Met Asn Asp Leu Pro Asp Lys His
65 70 75 80

Phe Leu Pro Val Asp His Thr Ile His His Ser Glu Ser Gly His Gln
85 90 95

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

Pro Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Thr Lys Asp Phe Lys

ES 2 751 579 T3

115					120					125				
Glu Thr Gly Pro Tyr Phe	Glu Arg	Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Lys												
130	135	140												
Gln Arg Gly Ala Val Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Ile Thr														
145	150	155												
Arg Leu Asn Val Tyr Ala Gly Leu Ala Gly Met Tyr Ile Ile Arg Glu														
	165	170												
Arg Lys Glu Lys Gln Leu Lys Leu Pro Ser Gly Glu Tyr Asp Val Pro														
	180	185												
Leu Met Ile Leu Asp Arg Thr Leu Asn Asp Asp Gly Ser Leu Ser Tyr														
	195	200												
Pro Ser Gly Pro Ala Asn Pro Ser Glu Thr Leu Pro Asp Pro Ser Ile														
	210	215												
Val Pro Phe Phe Cys Gly Asn Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Ala Trp														
225	230	235												
Pro Tyr Met Glu Val Glu Pro Arg Thr Tyr Arg Phe Arg Ile Leu Asn														
	245	250												
Ala Ser Asn Thr Arg Thr Phe Ser Leu Ser Leu Asn Asn Gly Gly Lys														
	260	265												
Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys														
	275	280												
Thr Gln Ser Ile Ser Leu Ala Pro Ala Glu Arg Tyr Asp Val Leu Ile														
	290	295												
Asp Phe Ser Ala Phe Asp Gly Glu His Ile Ile Leu Thr Asn Gly Thr														
305	310	315												
Gly Cys Gly Gly Asp Ala Asp Pro Asp Thr Asp Ala Asn Val Met Gln														
	325	330												
Phe Arg Val Thr Lys Pro Leu Lys Gly Ala Asp Thr Ser Arg Lys Pro														
	340	345												
Lys Tyr Leu Ser Thr Met Pro Asn Val Thr Ser Lys Arg Ile His Asn														
	355	360												
		365												

ES 2 751 579 T3

Ile Arg Met Leu Lys Leu Thr Asn Thr Gln Asp Lys Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

Val Leu Thr Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Ala
 385 390 395 400

Pro Lys Leu Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Met Gly
 405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Gln Ile Leu Asp
 420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Leu Glu Arg Tyr Asn Lys Phe Gly Asp Ile Val
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

Asp Thr Val Gln Ala His Ser Gly Glu Val Ile Arg Ile Ala Ala Thr
 465 470 475 480

Phe Ala Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Val Thr Asp Lys Gln
 500 505 510

<210> 15
 <211> 513
 <212> PRT
 5 <213> *Bacillus spec*

<400> 15

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

Lys Pro Val Gln Gln Thr Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Glu Glu Cys Ala His Lys Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Cys Gln Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val Asn Arg
 50 55 60

Asn Glu Asn Val Tyr Val Lys Trp Met Asn His Leu Ser Ser Thr His
 65 70 75 80

ES 2 751 579 T3

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

ES 2 751 579 T3

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

Lys Tyr Leu Ala Ser Tyr Pro Ser Val Gln Asn Glu Arg Ile His Asn
 355 360 365

Ile Arg Thr Leu Lys Leu Ala Gly Thr Gln Asp Glu Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Thr
 385 390 395 400

Pro Lys Ala Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Thr Arg
 405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val Leu Asp
 420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Ile Ala Arg Tyr Gln Glu Arg Gly Glu Leu Ser
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

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

Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp Pro His
 500 505 510

Lys

- <210> 16
- <211> 513
- <212> PRT
- 5 <213> *Bacillus spec*

<400> 16

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

Lys Pro Val Gln Gln Thr Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

ES 2 751 579 T3

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

ES 2 751 579 T3

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

Asp Phe Thr Ala Tyr Glu Gly Gln Ser Ile Ile Leu Ala Asn Ser Glu
 305 310 315 320

Gly Cys Gly Gly Asp Ala Asn Pro Glu Thr Asp Ala Asn Ile Met Gln
 325 330 335

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

Lys Tyr Leu Ala Ser Tyr Pro Ser Val Gln Asn Glu Arg Ile His Asn
 355 360 365

Ile Arg Thr Leu Lys Leu Ala Gly Thr Gln Asp Glu Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Thr
 385 390 395 400

Pro Lys Ala Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Thr Arg
 405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val Leu Asp
 420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Ile Ala Arg Tyr Gln Glu Arg Gly Glu Leu Ser
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

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

Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp Pro His
 500 505 510

Lys

<210> 17
 <211> 513
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

ES 2 751 579 T3

<400> 17

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

Lys Pro Val Gln Gln Thr Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Glu Glu Cys Ala His Lys Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Cys Gln Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val Asn Arg
 50 55 60

Asn Glu Asn Val Tyr Val Lys Trp Met Asn His Leu Ser Ser Thr His
 65 70 75 80

Phe Leu Pro Val Asp His Thr Ile His His Ser Asp Ser Gln His Glu
 85 90 95

Glu Pro Glu Val Lys Thr Val Val His Leu His Gly Gly Val Thr Pro
 100 105 110

Glu Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Thr Lys Asp Phe Glu
 115 120 125

Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Ile Tyr His Tyr Pro Asn Gln
 130 135 140

Gln Arg Gly Ala Pro Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Leu Thr
 145 150 155 160

Arg Leu Asn Val Tyr Ala Gly Leu Ile Gly Ala Tyr Leu Ile His Asp
 165 170 175

Pro Lys Glu Lys Arg Leu Lys Leu Pro Ser Gly Glu Tyr Asp Val Pro
 180 185 190

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

Pro Asn Gly Pro Glu Asn Pro Ser Pro Ser Leu Pro Asn Pro Ser Ile
 210 215 220

Val Pro Ala Phe Cys Gly Glu Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Ala Trp

ES 2 751 579 T3

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

Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp Pro His
 500 505 510

Lys

<210> 18

<211> 513

<212> PRT

5 <213> *Bacillus spec*

<400> 18

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

Lys Pro Val Gln Gln Thr Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Glu Glu Cys Ala His Lys Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Cys Gln Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val Asn Arg
 50 55 60

Asn Glu Asn Val Tyr Val Lys Trp Met Asn His Leu Ser Ser Thr His
 65 70 75 80

Phe Leu Pro Val Asp His Thr Ile His His Ser Asp Ser Gln His Glu
 85 90 95

Glu Pro Glu Val Lys Thr Val Val His Leu His Gly Gly Val Thr Pro
 100 105 110

Glu Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Thr Lys Asp Phe Glu
 115 120 125

Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Ile Tyr His Tyr Pro Asn Gln
 130 135 140

Gln Arg Gly Ala Ala Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Leu Thr
 145 150 155 160

Arg Leu Asn Val Tyr Ala Gly Leu Ile Gly Ala Tyr Leu Ile His Asp
 165 170 175

ES 2 751 579 T3

Pro Lys Glu Lys Arg Leu Lys Leu Pro Ser Gly Glu Tyr Asp Val Pro
 180 185 190

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

Pro Asn Gly Pro Glu Asn Pro Ser Pro Ser Leu Pro Asn Pro Ser Ile
 210 215 220

Val Pro Ala Phe Cys Gly Glu Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Ala Trp
 225 230 235 240

Pro Tyr Leu Glu Val Glu Pro Arg Lys Tyr Arg Phe Arg Val Ile Asn
 245 250 255

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

Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys
 275 280 285

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

Asp Phe Thr Ala Tyr Glu Gly Gln Ser Ile Ile Leu Ala Asn Ser Glu
 305 310 315 320

Gly Cys Gly Gly Asp Ala Asn Pro Glu Thr Asp Ala Asn Ile Met Gln
 325 330 335

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

Lys Tyr Leu Ala Ser Tyr Pro Ser Val Gln Asn Glu Arg Ile His Asn
 355 360 365

Ile Arg Thr Leu Lys Leu Ala Gly Thr Gln Asp Glu Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Thr
 385 390 395 400

Pro Lys Ala Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Thr Arg
 405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val Leu Asp
 420 425 430

ES 2 751 579 T3

Arg Arg Pro Phe Asp Ile Ala Arg Tyr Gln Glu Arg Gly Glu Leu Ser
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

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

Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp Pro His
 500 505 510

Lys

<210> 19
 <211> 513
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

5

<400> 19

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

Lys Pro Val Gln Gln Thr Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Glu Glu Cys Ala His Lys Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Cys Gln Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val Asn Arg
 50 55 60

Asn Glu Asn Val Tyr Val Lys Trp Met Asn His Leu Ser Ser Thr His
 65 70 75 80

Phe Leu Pro Val Asp His Thr Ile His His Ser Asp Ser Gln His Glu
 85 90 95

Glu Pro Glu Val Lys Thr Val Val His Leu His Gly Gly Val Thr Pro
 100 105 110

Glu Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Thr Lys Asp Phe Glu
 115 120 125

ES 2 751 579 T3

Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Ile Tyr His Tyr Pro Asn Gln
 130 135 140

Gln Arg Gly Ala Gly Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Leu Thr
 145 150 155 160

Arg Leu Asn Val Tyr Ala Gly Leu Ile Gly Ala Tyr Leu Ile His Asp
 165 170 175

Pro Lys Glu Lys Arg Leu Lys Leu Pro Ser Gly Glu Tyr Asp Val Pro
 180 185 190

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

Pro Asn Gly Pro Glu Asn Pro Ser Pro Ser Leu Pro Asn Pro Ser Ile
 210 215 220

Val Pro Ala Phe Cys Gly Glu Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Ala Trp
 225 230 235 240

Pro Tyr Leu Glu Val Glu Pro Arg Lys Tyr Arg Phe Arg Val Ile Asn
 245 250 255

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

Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys
 275 280 285

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

Asp Phe Thr Ala Tyr Glu Gly Gln Ser Ile Ile Leu Ala Asn Ser Glu
 305 310 315 320

Gly Cys Gly Gly Asp Ala Asn Pro Glu Thr Asp Ala Asn Ile Met Gln
 325 330 335

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

Lys Tyr Leu Ala Ser Tyr Pro Ser Val Gln Asn Glu Arg Ile His Asn
 355 360 365

Ile Arg Thr Leu Lys Leu Ala Gly Thr Gln Asp Glu Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

ES 2 751 579 T3

Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Thr
385 390 395 400

Pro Lys Ala Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Thr Arg
405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val Leu Asp
420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Ile Ala Arg Tyr Gln Glu Arg Gly Glu Leu Ser
435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
450 455 460

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

Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp Pro His
500 505 510 515

Lys

<210> 20

<211> 513

<212> PRT

5 <213> *Bacillus spec*

<400> 20

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

Lys Pro Val Gln Gln Thr Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
20 25 30

Glu Glu Cys Ala His Lys Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Cys Gln Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val Asn Arg
50 55 60

Asn Glu Asn Val Tyr Val Lys Trp Met Asn His Leu Ser Ser Thr His
65 70 75 80

ES 2 751 579 T3

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

ES 2 751 579 T3

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

Lys

<210> 21
 <211> 513
 <212> PRT
 5 <213> *Bacillus spec*
 <400> 21

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

Lys Pro Val Gln Gln Thr Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met

ES 2 751 579 T3

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

ES 2 751 579 T3

Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys
 275 280 285

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

Asp Phe Thr Ala Tyr Glu Gly Gln Ser Ile Ile Leu Ala Asn Ser Glu
 305 310 315 320

Gly Cys Gly Gly Asp Ala Asn Pro Glu Thr Asp Ala Asn Ile Met Gln
 325 330 335

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

Lys Tyr Leu Ala Ser Tyr Pro Ser Val Gln Asn Glu Arg Ile His Asn
 355 360 365

Ile Arg Thr Leu Lys Leu Ala Gly Thr Gln Asp Glu Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Thr
 385 390 395 400

Pro Lys Ala Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Thr Arg
 405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val Leu Asp
 420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Ile Ala Arg Tyr Gln Glu Arg Gly Glu Leu Ser
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

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

Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp Pro His
 500 505 510

Lys

ES 2 751 579 T3

<210> 22
 <211> 513
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

5 <400> 22

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

Lys Pro Val Gln Gln Thr Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Glu Glu Cys Ala His Lys Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Cys Gln Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val Asn Arg
 50 55 60

Asn Glu Asn Val Tyr Val Lys Trp Met Asn His Leu Ser Ser Thr His
 65 70 75 80

Phe Leu Pro Val Asp His Thr Ile His His Ser Asp Ser Gln His Glu
 85 90 95

Glu Pro Glu Val Lys Thr Val Val His Leu His Gly Gly Val Thr Pro
 100 105 110

Glu Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Thr Lys Asp Phe Glu
 115 120 125

Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Ile Tyr His Tyr Pro Asn Gln
 130 135 140

Gln Arg Gly Ala Asp Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Leu Thr
 145 150 155 160

Arg Leu Asn Val Tyr Ala Gly Leu Ile Gly Ala Tyr Leu Ile His Asp
 165 170 175

Pro Lys Glu Lys Arg Leu Lys Leu Pro Ser Gly Glu Tyr Asp Val Pro
 180 185 190

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

Pro Asn Gly Pro Glu Asn Pro Ser Pro Ser Leu Pro Asn Pro Ser Ile
 210 215 220

ES 2 751 579 T3

Val Pro Ala Phe Cys Gly Glu Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Ala Trp
 225 230 235 240

Pro Tyr Leu Glu Val Glu Pro Arg Lys Tyr Arg Phe Arg Val Ile Asn
 245 250 255

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

Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys
 275 280 285

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

Asp Phe Thr Ala Tyr Glu Gly Gln Ser Ile Ile Leu Ala Asn Ser Glu
 305 310 315

Gly Cys Gly Gly Asp Ala Asn Pro Glu Thr Asp Ala Asn Ile Met Gln
 325 330 335

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

Lys Tyr Leu Ala Ser Tyr Pro Ser Val Gln Asn Glu Arg Ile His Asn
 355 360 365

Ile Arg Thr Leu Lys Leu Ala Gly Thr Gln Asp Glu Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Thr
 385 390 395 400

Pro Lys Ala Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Thr Arg
 405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val Leu Asp
 420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Ile Ala Arg Tyr Gln Glu Arg Gly Glu Leu Ser
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

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

Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp Pro His
 500 505 510

Lys

<210> 23

<211> 513

<212> PRT

5 <213> *Bacillus spec*

<400> 23

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

Lys Pro Val Gln Gln Thr Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Glu Glu Cys Ala His Lys Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Cys Gln Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val Asn Arg
 50 55 60

Asn Glu Asn Val Tyr Val Lys Trp Met Asn His Leu Ser Ser Thr His
 65 70 75 80

Phe Leu Pro Val Asp His Thr Ile His His Ser Asp Ser Gln His Glu
 85 90 95

Glu Pro Glu Val Lys Thr Val Val His Leu His Gly Gly Val Thr Pro
 100 105 110

Glu Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Thr Lys Asp Phe Glu
 115 120 125

Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Ile Tyr His Tyr Pro Asn Gln
 130 135 140

Gln Arg Gly Ala Asn Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Leu Thr
 145 150 155 160

Arg Leu Asn Val Tyr Ala Gly Leu Ile Gly Ala Tyr Leu Ile His Asp
 165 170 175

ES 2 751 579 T3

Pro Lys Glu Lys Arg Leu Lys Leu Pro Ser Gly Glu Tyr Asp Val Pro
180 185 190

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

Pro Asn Gly Pro Glu Asn Pro Ser Pro Ser Leu Pro Asn Pro Ser Ile
210 215 220

Val Pro Ala Phe Cys Gly Glu Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Ala Trp
225 230 235 240

Pro Tyr Leu Glu Val Glu Pro Arg Lys Tyr Arg Phe Arg Val Ile Asn
245 250 255

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

Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys
275 280 285

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

Asp Phe Thr Ala Tyr Glu Gly Gln Ser Ile Ile Leu Ala Asn Ser Glu
305 310 315 320

Gly Cys Gly Gly Asp Ala Asn Pro Glu Thr Asp Ala Asn Ile Met Gln
325 330 335

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

Lys Tyr Leu Ala Ser Tyr Pro Ser Val Gln Asn Glu Arg Ile His Asn
355 360 365

Ile Arg Thr Leu Lys Leu Ala Gly Thr Gln Asp Glu Tyr Gly Arg Pro
370 375 380

Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Thr
385 390 395 400

Pro Lys Ala Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Thr Arg
405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val Leu Asp

ES 2 751 579 T3

420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Ile Ala Arg Tyr Gln Glu Arg Gly Glu Leu Ser
435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
450 455 460

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

Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp Pro His
500 505 510

Lys

<210> 24
 <211> 513
 <212> PRT
 5 <213> *Bacillus spec*
 <400> 24

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

Lys Pro Val Gln Gln Thr Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
20 25 30

Glu Glu Cys Ala His Lys Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Cys Gln Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val Asn Arg
50 55 60

Asn Glu Asn Val Tyr Val Lys Trp Met Asn His Leu Ser Ser Thr His
65 70 75 80

Phe Leu Pro Val Asp His Thr Ile His His Ser Asp Ser Gln His Glu
85 90 95

Glu Pro Glu Val Lys Thr Val Val His Leu His Gly Gly Val Thr Pro
100 105 110

Glu Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Thr Lys Asp Phe Glu

ES 2 751 579 T3

115	120	125													
Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Ile Tyr His Tyr Pro Asn Gln															
130	135	140													
Gln Arg Gly Ala Val Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Leu Thr															
145	150	155													
Arg Leu Asn Val Tyr Ala Gly Leu Ile Gly Ala Tyr Leu Ile His Asp															
	165	170													
Pro Lys Glu Lys Arg Leu Lys Leu Pro Ser Gly Glu Tyr Asp Val Pro															
	180	185													
Leu Leu Ile Thr Asp Arg Thr Ile Asn Gly Asp Gly Ser Leu Phe Tyr															
	195	200													
Pro Asn Gly Pro Glu Asn Pro Ser Pro Ser Leu Pro Asn Pro Ser Ile															
210	215	220													
Val Pro Ala Phe Cys Gly Glu Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Ala Trp															
225	230	235													
Pro Tyr Leu Glu Val Glu Pro Arg Lys Tyr Arg Phe Arg Val Ile Asn															
	245	250													
Ala Ser Asn Thr Arg Thr Tyr Asn Leu Ser Leu Asp Asn Asp Gly Glu															
	260	265													
Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys															
	275	280													
Leu Asn Ser Phe Ser Leu Ala Pro Ala Glu Arg Tyr Asp Ile Ile Ile															
	290	295													
Asp Phe Thr Ala Tyr Glu Gly Gln Ser Ile Ile Leu Ala Asn Ser Glu															
305	310	315													
Gly Cys Gly Gly Asp Ala Asn Pro Glu Thr Asp Ala Asn Ile Met Gln															
	325	330													
Phe Arg Val Thr Lys Pro Leu Ala Gln Lys Asp Glu Ser Arg Lys Pro															
	340	345													
Lys Tyr Leu Ala Ser Tyr Pro Ser Val Gln Asn Glu Arg Ile His Asn															
	355	360													
		365													

ES 2 751 579 T3

Ile Arg Thr Leu Lys Leu Ala Gly Thr Gln Asp Glu Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Thr
 385 390 395 400

Pro Lys Ala Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Thr Arg
 405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val Leu Asp
 420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Ile Ala Arg Tyr Gln Glu Arg Gly Glu Leu Ser
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

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

Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp Pro His
 500 505 510

Lys

<210> 25
 <211> 24
 <212> ADN
 5 <213> *Bacillus spec*

<400> 25
 gaaattaata cgactcacta tagg 24

<210> 26
 <211> 30
 10 <212> ADN
 <213> *BACILLUS SPEC*

<400> 26
 agcaccgcgt tgctgattcg gataatgata 30

<210> 27
 <211> 33
 15 <212> ADN
 <213> *BACILLUS SPEC*

<400> 27
 cgaatcagca acgcggtgct acctgtggt atc 33

20 <210> 28

<211> 27
 <212> ADN
 <213> *BACILLUS SPEC*

 <400> 28
 5 ggttatgcta gttattgctc agcggtg 27

 <210> 29
 <211> 33
 <212> ADN
 <213> *BACILLUS SPEC*

 10 <400> 29
 cgaatcagca ggcggcgct acctgtggt atc 33

 <210> 30
 <211> 30
 <212> ADN
 15 <213> *BACILLUS SPEC*

 <400> 30
 agcgccgcg c tgcgtattcg gataatgata 30

 <210> 31
 <211> 24
 20 <212> ADN
 <213> *BACILLUS SPEC*

 <400> 31
 gccccgcgct gttgtttgg ataa 24

 <210> 32
 <211> 37
 <212> ADN
 <213> *Bacillus spec*

 25 <400> 32
 tccaaacaaa cagcgcgggg ctacgttatg gtatcac 37

 30 <210> 33
 <211> 37
 <212> ADN
 <213> *Bacillus spec*

 <400> 33
 35 tccaaacaaa cagcgcgggg ctccgttatg gtatcac 37

 <210> 34
 <211> 37
 <212> ADN
 <213> *Bacillus spec*

 40 <400> 34
 tccaaacaaa cagcgcgggg ctgcgttatg gtatcac 37

 <210> 35
 <211> 37
 <212> ADN
 45 <213> *Bacillus spec*

 <400> 35
 tccaaacaaa cagcgcgggg ctggtttatg gtatcac 37

 <210> 36
 <211> 37
 <212> ADN
 50 <213> *Bacillus spec*

 <400> 36

tccaaacaaa cagcgcgggg ctctttatg gtatcac 37
 <210> 37
 <211> 37
 <212> ADN
 5 <213> *Bacillus spec*
 <400> 37
 tccaaacaaa cagcgcgggg ctgtttatg gtatcac 37
 <210> 38
 <211> 37
 10 <212> ADN
 <213> *Bacillus spec*
 <400> 38
 tccaaacaaa cagcgcgggg ctgattatg gtatcac 37
 <210> 39
 15 <211> 37
 <212> ADN
 <213> *Bacillus spec*
 <400> 39
 tccaaacaaa cagcgcgggg ctaactatg gtatcac 37
 <210> 40
 20 <211> 37
 <212> ADN
 <213> *Bacillus spec*
 <400> 40
 25 tccaaacaaa cagcgcgggg ctgtttatg gtatcac 37
 <210> 41
 <211> 30
 <212> ADN
 <213> *Bacillus spec*
 30 <400> 41
 agcaccgcg cgtgattcg gataatgata 30
 <210> 42
 <211> 43
 <212> ADN
 35 <213> *Bacillus spec*
 <400> 42
 cgaatcagca gcgcggtgct actttgtgtg atcacgatca cgc 43
 <210> 43
 <211> 43
 40 <212> ADN
 <213> *Bacillus spec*
 <400> 43
 cgaatcagca gcgcggtgct cgtttgtgtg atcacgatca cgc 43
 <210> 44
 45 <211> 43
 <212> ADN
 <213> *Bacillus spec*
 <400> 44
 cgaatcagca gcgcggtgct cgtttgtgtg atcacgatca cgc 43
 50 <210> 45
 <211> 43
 <212> ADN

<213> *Bacillus spec*
 <400> 45
 cgaatcagca gcgcggtgct ggtttggtggt atcacgatca cgc 43
 <210> 46
 5 <211> 43
 <212> ADN
 <213> *Bacillus spec*
 <400> 46
 cgaatcagca gcgcggtgct tcttttggtggt atcacgatca cgc 43
 10 <210> 47
 <211> 43
 <212> ADN
 <213> *Bacillus spec*
 <400> 47
 15 cgaatcagca gcgcggtgct tgtttggtggt atcacgatca cgc 43
 <210> 48
 <211> 43
 <212> ADN
 <213> *Bacillus spec*
 20 <400> 48
 cgaatcagca gcgcggtgct gatttggtggt atcacgatca cgc 43
 <210> 49
 <211> 43
 <212> ADN
 25 <213> *Bacillus spec*
 <400> 49
 cgaatcagca gcgcggtgct aacttggtggt atcacgatca cgc 43
 <210> 50
 <211> 43
 30 <212> ADN
 <213> *Bacillus spec*
 <400> 50
 cgaatcagca gcgcggtgct gtgttggtggt atcacgatca cgc 43
 <210> 51
 35 <211> 513
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*
 <400> 51

ES 2 751 579 T3

Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Leu Thr
145 150 155 160

Arg Leu Asn Val Tyr Ala Gly Leu Val Gly Ala Tyr Ile Ile His Asp
165 170 175

Pro Lys Glu Lys Arg Leu Lys Leu Pro Ser Gly Glu Tyr Asp Val Pro
180 185 190

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

Pro Ser Gly Pro Glu Asn Pro Ser Pro Ser Leu Pro Lys Pro Ser Ile
210 215 220

Val Pro Ala Phe Cys Gly Asp Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Val Trp
225 230 235 240

Pro Tyr Leu Glu Val Glu Pro Arg Lys Tyr Arg Phe Arg Val Ile Asn
245 250 255

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

Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys
275 280 285

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

Asp Phe Thr Ala Tyr Glu Gly Gln Ser Ile Ile Leu Ala Asn Ser Glu
305 310 315 320

Gly Cys Gly Gly Asp Ala Asn Pro Glu Thr Asp Ala Asn Ile Met Gln
325 330 335

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

Lys Tyr Leu Ala Ser Tyr Pro Ser Val Gln Asn Glu Arg Ile Gln Asn
355 360 365

Ile Arg Thr Leu Lys Leu Ala Gly Thr Gln Asp Glu Tyr Gly Arg Pro
370 375 380

Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Ala

ES 2 751 579 T3

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

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

Lys Tyr Leu Ala Ser Tyr Pro Ser Val Gln Asn Glu Arg Ile Gln Asn
 355 360 365

Ile Arg Thr Leu Lys Leu Ala Gly Thr Gln Asp Glu Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Ala
 385 390 395 400

Pro Lys Ala Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Val Asn Pro Thr Gln
 405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val Leu Asp
 420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Ile Ala Arg Tyr Gln Glu Arg Gly Glu Leu Ser
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

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

Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp Pro Arg
 500 505 510

Lys

- <210> 53
- <211> 513
- <212> PRT
- <213> *Bacillus spec*

5

<400> 53

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

Lys Pro Val Gln Gln Thr Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

ES 2 751 579 T3

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

ES 2 751 579 T3

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

Asp Phe Thr Ala Tyr Glu Gly Gln Ser Ile Ile Leu Ala Asn Ser Glu
 305 310 315 320

Gly Cys Gly Gly Asp Val Asn Pro Glu Thr Asp Ala Asn Val Met Gln
 325 330 335

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

Lys Tyr Leu Ala Ser Tyr Pro Ser Val Gln Asn Glu Arg Ile Gln Asn
 355 360 365

Ile Arg Thr Leu Lys Leu Ala Gly Thr Gln Asp Glu Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Ala
 385 390 395 400

Pro Lys Ala Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Thr Arg
 405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val Leu Asp
 420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Ile Ala Arg Tyr Gln Glu Arg Gly Glu Leu Ser
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

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

Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp Pro Arg
 500 505 510

Lys

<210> 54
 <211> 513
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

5

ES 2 751 579 T3

<400> 54

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

Lys Pro Val Gln Gln Ser Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
20 25 30

Glu Glu Cys Ala His Gln Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val Lys Arg
50 55 60

Asn Glu Asn Val Tyr Val Lys Trp Met Asn Asn Leu Pro Ser Glu His
65 70 75 80

Phe Leu Pro Ile Asp His Thr Ile His His Ser Asp Ser Gln His Glu
85 90 95

Glu Pro Glu Val Lys Thr Val Val His Leu His Gly Gly Val Thr Pro
100 105 110

Asp Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Ser Lys Asp Phe Glu
115 120 125

Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Gln
130 135 140

Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Leu Thr
145 150 155 160

Arg Leu Asn Val Tyr Ala Gly Leu Val Gly Ala Tyr Ile Ile His Asp
165 170 175

Pro Lys Glu Lys Arg Leu Lys Leu Pro Ser Gly Glu Tyr Asp Val Pro
180 185 190

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

Pro Ser Gly Pro Glu Asn Pro Ser Pro Ser Leu Pro Asn Pro Ser Ile
210 215 220

Val Pro Ala Phe Cys Gly Glu Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Ala Trp
225 230 235 240

ES 2 751 579 T3

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

ES 2 751 579 T3

485

490

495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Glu Pro Arg
500 505 510

Lys

<210> 55

<211> 513

<212> PRT

5 <213> *Bacillus spec*

<400> 55

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

Lys Pro Val Gln Gln Ser Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
20 25 30

Glu Glu Cys Thr His Gln Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val Lys Arg
50 55 60

Asn Glu Asn Val Tyr Val Lys Trp Met Asn Asn Leu Pro Ser Thr His
65 70 75 80

Phe Leu Pro Val Asp His Thr Ile His His Ser Asp Ser Gln His Glu
85 90 95

Glu Pro Glu Val Lys Thr Val Val His Leu His Gly Gly Val Thr Pro
100 105 110

Asp Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Ser Lys Asp Phe Glu
115 120 125

Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Gln
130 135 140

Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Leu Thr
145 150 155 160

Arg Leu Asn Val Tyr Ala Gly Leu Val Gly Ala Tyr Ile Ile His Asp
165 170 175

Pro Lys Glu Lys Arg Leu Lys Leu Pro Ser Gly Glu Tyr Asp Val Pro

ES 2 751 579 T3

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

ES 2 751 579 T3

Arg Arg Pro Phe Asp Ile Ala Arg Tyr Gln Glu Ser Gly Glu Leu Ser
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Ile Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

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

Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp Pro His
 500 505 510

Lys

<210> 56

<211> 515

<212> PRT

5 <213> *Bacillus spec*

<400> 56

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

Thr Leu Lys Pro Val Gln Gln Ser Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val
 20 25 30

Thr Met Glu Glu Cys Thr His Gln Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr
 35 40 45

Arg Leu Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val
 50 55 60

Lys Arg Asn Glu Asn Val Tyr Val Lys Trp Met Asn Asn Leu Pro Ser
 65 70 75 80

Thr His Phe Leu Pro Ile Asp His Thr Ile His His Ser Asp Ser Gln
 85 90 95

His Glu Glu Pro Glu Val Lys Thr Val Val His Leu His Gly Gly Val
 100 105 110

Thr Pro Asp Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Ser Lys Asp
 115 120 125

ES 2 751 579 T3

Phe Glu Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His Tyr Pro
 130 135 140

Asn Gln Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala
 145 150 155 160

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

His Asp Pro Lys Glu Lys Arg Leu Lys Leu Pro Ser Asp Glu Tyr Asp
 180 185 190

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

Phe Tyr Pro Ser Ala Pro Glu Asn Pro Ser Pro Ser Leu Pro Asn Pro
 210 215 220

Ser Ile Val Pro Ala Phe Cys Gly Glu Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys
 225 230 235 240

Val Trp Pro Tyr Leu Glu Val Glu Pro Arg Lys Tyr Arg Phe Arg Val
 245 250 255

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

Gly Glu Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser
 275 280 285

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

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

Ser Ala Gly Cys Gly Gly Asp Val Asn Pro Glu Thr Asp Ala Asn Ile
 325 330 335

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

Lys Pro Lys Tyr Leu Ala Ser Tyr Pro Ser Val Gln His Glu Arg Ile
 355 360 365

Gln Asn Ile Arg Thr Leu Lys Leu Ala Gly Thr Gln Asp Glu Tyr Gly
 370 375 380

ES 2 751 579 T3

Arg Pro Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr
385 390 395 400

Glu Ala Pro Lys Val Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro
405 410 415

Thr Arg Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val
420 425 430

Leu Asp Arg Arg Pro Phe Asp Ile Ala Arg Tyr Gln Glu Ser Gly Glu
435 440 445

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

Trp Lys Asp Thr Ile Gln Ala His Ala Gly Glu Val Leu Arg Ile Ala
465 470 475 480

Ala Thr Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile
485 490 495

Leu Glu His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp
500 505 510

Pro His Lys
515

<210> 57

<211> 513

<212> PRT

5 <213> *Bacillus spec*

<400> 57

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

Lys Pro Val Gln Gln Ser Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
20 25 30

Glu Glu Cys Thr His Gln Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val Lys Arg
50 55 60

Asn Glu Asn Val Tyr Val Lys Trp Met Asn Asn Leu Pro Ser Thr His
65 70 75 80

ES 2 751 579 T3

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

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

Lys Tyr Leu Ala Ser Tyr Pro Ser Val Gln His Glu Arg Ile Gln Asn
 355 360 365

Ile Arg Thr Leu Lys Leu Ala Gly Thr Gln Asp Glu Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Ala
 385 390 395 400

Pro Lys Val Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Thr Arg
 405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val Leu Asp
 420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Ile Ala Arg Tyr Gln Glu Ser Gly Glu Leu Ser
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

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

Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp Pro His
 500 505 510

Lys

- <210> 58
- <211> 513
- <212> PRT
- <213> *Bacillus spec*

5

<400> 58

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

Lys Pro Val Gln Gln Ser Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

ES 2 751 579 T3

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

ES 2 751 579 T3

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

Lys

<210> 59
<211> 513

ES 2 751 579 T3

<212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

<400> 59

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

Lys Pro Val Gln Gln Ser Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Glu Glu Cys Thr His Gln Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val Lys Arg
 50 55 60

Asn Glu Asn Val Tyr Val Lys Trp Met Asn Asn Leu Pro Ser Thr His
 65 70 75 80

Phe Leu Pro Ile Asp His Thr Ile His His Ser Asp Ser Gln His Glu
 85 90 95

Glu Ser Glu Val Lys Thr Val Val His Leu His Gly Gly Val Thr Pro
 100 105 110

Asp Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Ser Lys Asp Phe Glu
 115 120 125

Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Gln
 130 135 140

Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Leu Thr
 145 150 155 160

Arg Leu Asn Val Tyr Ala Gly Leu Val Gly Ala Tyr Ile Ile His Asp
 165 170 175

Pro Lys Glu Lys Arg Leu Lys Leu Pro Ser Asp Glu Tyr Asp Val Pro
 180 185 190

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

Pro Ser Ala Pro Glu Asn Pro Ser Pro Ser Leu Pro Asn Pro Ser Ile
 210 215 220

ES 2 751 579 T3

Val Pro Ala Phe Cys Gly Glu Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Val Trp
 225 230 235 240

Pro Tyr Leu Glu Val Glu Pro Arg Lys Tyr Arg Phe Arg Val Ile Asn
 245 250 255

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

Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys
 275 280 285

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

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

Gly Cys Gly Gly Asp Val Asn Pro Glu Thr Asp Ala Asn Ile Met Gln
 325 330 335

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

Lys Tyr Leu Ala Ser Tyr Pro Ser Val Gln His Glu Arg Ile Gln Asn
 355 360 365

Ile Arg Thr Leu Lys Leu Ala Gly Thr Gln Asp Glu Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Ala
 385 390 395 400

Pro Lys Val Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Thr Arg
 405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val Leu Asp
 420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Ile Ala Arg Tyr Gln Glu Ser Gly Glu Leu Ser
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

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

ES 2 751 579 T3

Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp Pro His
 500 505 510

Lys

<210> 60
 <211> 515
 <212> PRT
 5 <213> *Bacillus spec*

<400> 60

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

Thr Leu Lys Pro Val Gln Gln Ser Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val
 20 25 30

Thr Met Glu Glu Cys Thr His Gln Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr
 35 40 45

Arg Leu Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val
 50 55 60

Lys Arg Asn Glu Asn Val Tyr Val Lys Trp Met Asn Asn Leu Pro Ser
 65 70 75 80

Thr His Phe Leu Pro Ile Asp His Thr Ile His His Ser Asp Ser Gln
 85 90 95

His Glu Glu Ser Glu Val Lys Thr Val Val His Leu His Gly Gly Val
 100 105 110

Thr Pro Asp Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Ser Lys Asp
 115 120 125

Phe Glu Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His Tyr Pro
 130 135 140

Asn Gln Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala
 145 150 155 160

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

ES 2 751 579 T3

His Asp Pro Lys Glu Lys Arg Leu Lys Leu Pro Ser Asp Glu Tyr Asp
 180 185 190

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

Phe Tyr Pro Ser Ala Pro Glu Asn Pro Ser Pro Ser Leu Pro Asn Pro
 210 215 220

Ser Ile Val Pro Ala Phe Cys Gly Glu Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys
 225 230 235 240

Val Trp Pro Tyr Leu Glu Val Glu Pro Arg Lys Tyr Arg Phe Arg Val
 245 250 255

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

Gly Glu Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser
 275 280 285

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

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

Ser Ala Gly Cys Gly Gly Asp Val Asn Pro Glu Thr Asp Ala Asn Ile
 325 330 335

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

Lys Pro Lys Tyr Leu Ala Ser Tyr Pro Ser Val Gln His Glu Arg Ile
 355 360 365

Gln Asn Ile Arg Thr Leu Lys Leu Ala Gly Thr Gln Asp Glu Tyr Gly
 370 375 380

Arg Pro Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr
 385 390 395 400

Glu Ala Pro Lys Val Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro
 405 410 415

Thr Arg Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val
 420 425 430

ES 2 751 579 T3

Leu Asp Arg Arg Pro Phe Asp Ile Ala Arg Tyr Gln Glu Ser Gly Glu
435 440 445

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

Trp Lys Asp Thr Ile Gln Ala His Ala Gly Glu Val Leu Arg Ile Ala
465 470 475 480

Ala Thr Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile
485 490 495

Leu Glu His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp
500 505 510

Pro His Lys
515

<210> 61
<211> 515
<212> PRT
5 <213> *Bacillus spec*

<400> 61

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

Thr Leu Lys Pro Val Gln Gln Ser Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val
20 25 30

Thr Met Glu Glu Cys Thr His Gln Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr
35 40 45

Arg Leu Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val
50 55 60

Lys Arg Asn Glu Asn Val Tyr Val Lys Trp Met Asn Asn Leu Pro Ser
65 70 75 80

Thr His Phe Leu Pro Ile Asp His Thr Ile His His Ser Asp Ser Gln
85 90 95

His Glu Glu Pro Glu Val Lys Thr Val Val His Leu His Gly Gly Val
100 105 110

Thr Pro Asp Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Ser Lys Asp
115 120 125

ES 2 751 579 T3

Phe Glu Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His Tyr Pro
 130 135 140

Asn Gln Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala
 145 150 155 160

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

His Asp Pro Lys Glu Lys Arg Leu Lys Leu Pro Ser Asp Glu Tyr Asp
 180 185 190

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

Phe Tyr Pro Ser Ala Pro Glu Asn Pro Ser Pro Ser Leu Pro Asn Pro
 210 215 220

Ser Ile Val Pro Ala Phe Cys Gly Glu Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys
 225 230 235 240

Val Trp Pro Tyr Leu Glu Val Glu Pro Arg Lys Tyr Arg Phe Arg Val
 245 250 255

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

Gly Asp Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser
 275 280 285

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

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

Ser Ala Gly Cys Gly Gly Asp Val Asn Pro Glu Thr Asp Ala Asn Ile
 325 330 335

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

Lys Pro Lys Tyr Leu Ala Ser Tyr Pro Ser Val Gln His Glu Arg Ile
 355 360 365

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

ES 2 751 579 T3

370 375 380

Arg Pro Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr
385 390 395 400

Glu Thr Pro Lys Val Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro
405 410 415

Thr Arg Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val
420 425 430

Leu Asp Arg Arg Pro Phe Asp Ile Ala Arg Tyr Gln Glu Ser Gly Glu
435 440 445

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

Trp Lys Asp Thr Ile Gln Ala His Ala Gly Glu Val Leu Arg Ile Ala
465 470 475 480

Ala Thr Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile
485 490 495

Leu Glu His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp
500 505 510

Pro His Lys
515

<210> 62
 <211> 513
 <212> PRT
 5 <213> *Bacillus spec*

<400> 62

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

Lys Pro Val Gln Gln Ser Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
20 25 30

Glu Glu Cys Thr His Gln Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val Lys Arg
50 55 60

Asn Glu Asn Val Tyr Val Lys Trp Met Asn Asn Leu Pro Ser Thr His

ES 2 751 579 T3

Gly Cys Gly Gly Asp Val Asn Pro Glu Thr Asp Ala Asn Ile Met Gln
 325 330 335

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

Lys Tyr Leu Ala Ser Tyr Pro Ser Val Gln His Glu Arg Ile Gln Asn
 355 360 365

Ile Arg Thr Leu Lys Leu Ala Gly Thr Gln Asp Glu Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Thr
 385 390 395 400

Pro Lys Val Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Thr Arg
 405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val Leu Asp
 420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Ile Ala Arg Tyr Gln Glu Ser Gly Glu Leu Ser
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

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

Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp Pro His
 500 505 510

Lys

- <210> 63
- <211> 513
- <212> PRT
- <213> *Bacillus spec*

5

<400> 63

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

ES 2 751 579 T3

Lys Pro Val Gln Gln Ser Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Glu Glu Cys Thr His Gln Leu His Arg Asp Leu Leu Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val Lys Arg
 50 55 60

Asn Glu Asn Val Tyr Val Lys Trp Met Asn Asn Leu Pro Ser Thr His
 65 70 75 80

Phe Leu Pro Ile Asp His Thr Ile His His Ser Asp Ser Gln His Glu
 85 90 95

Glu Pro Glu Val Lys Thr Val Val His Leu His Gly Gly Val Thr Pro
 100 105 110

Asp Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Ser Lys Asp Phe Glu
 115 120 125

Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Gln
 130 135 140

Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Leu Thr
 145 150 155 160

Arg Leu Asn Val Tyr Ala Gly Leu Val Gly Ala Tyr Ile Ile His Asp
 165 170 175

Pro Lys Glu Lys Arg Leu Lys Leu Pro Ser Asp Glu Tyr Asp Val Pro
 180 185 190

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

Pro Ser Ala Pro Glu Asn Pro Ser Pro Ser Leu Pro Asn Pro Ser Ile
 210 215 220

Val Pro Ala Phe Cys Gly Glu Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Val Trp
 225 230 235 240

Pro Tyr Leu Glu Val Glu Pro Arg Lys Tyr Arg Phe Arg Val Ile Asn
 245 250 255

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

ES 2 751 579 T3

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

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

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

Gly Cys Gly Gly Asp Val Asn Pro Glu Thr Asp Ala Asn Ile Met Gln
 325 330 335

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

Lys Tyr Leu Ala Ser Tyr Pro Ser Val Gln His Glu Arg Ile Gln Asn
 355 360 365

Ile Arg Thr Leu Lys Leu Ala Gly Thr Gln Asp Glu Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Ala
 385 390 395 400

Pro Lys Val Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Thr Arg
 405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val Leu Asp
 420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Ile Ala Arg Tyr Gln Glu Ser Gly Glu Leu Ser
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

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

Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp Pro His
 500 505 510

Lys

<210> 64
 <211> 513

ES 2 751 579 T3

<212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

<400> 64

```

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

Lys Pro Val Gln Gln Ser Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
20          25          30

Glu Glu Cys Thr His Gln Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
35          40          45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val Lys Arg
50          55          60

Asn Glu Asn Val Tyr Val Lys Trp Met Asn Asn Leu Pro Ser Thr His
65          70          75          80

Phe Leu Pro Ile Asp His Thr Ile His His Ser Asp Ser Gln His Glu
85          90          95

Glu Pro Glu Val Lys Thr Val Val His Leu His Gly Gly Val Thr Pro
100         105         110

Asp Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Ser Lys Asp Phe Glu
115         120         125

Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Gln
130         135         140

Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Leu Thr
145         150         155         160

Arg Leu Asn Val Tyr Ala Gly Leu Val Gly Ala Tyr Ile Ile His Asp
165         170         175

Pro Lys Glu Lys Arg Leu Lys Leu Pro Ser Asp Glu Tyr Asp Val Pro
180         185         190

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

Pro Ser Ala Pro Glu Asn Pro Ser Pro Ser Leu Pro Asn Pro Ser Ile
210         215         220
  
```

ES 2 751 579 T3

Val Pro Ala Phe Cys Gly Glu Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Val Trp
 225 230 235 240

Pro Tyr Leu Glu Val Glu Pro Arg Lys Tyr Arg Phe Arg Val Ile Asn
 245 250 255

Ala Ser Asn Thr Arg Thr Tyr Asn Leu Ser Leu Asp Asn Gly Gly Asp
 260 265 270

Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys
 275 280 285

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

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

Gly Cys Gly Gly Asp Val Asn Pro Glu Thr Asp Ala Asn Ile Met Gln
 325 330 335

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

Lys Tyr Leu Ala Ser Tyr Pro Ser Val Gln His Glu Arg Ile Gln Asn
 355 360 365

Ile Arg Thr Leu Lys Leu Ala Gly Thr Gln Asp Glu Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Thr
 385 390 395 400

Pro Lys Val Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Thr Arg
 405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val Leu Asp
 420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Ile Ala Arg Tyr Gln Glu Ser Gly Glu Leu Ser
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

Asp Thr Ile Gln Ala His Ala Gly Glu Val Leu Arg Ile Ala Ala Thr

ES 2 751 579 T3

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val Leu Asp
 420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Ile Ala Arg Tyr Gln Glu Ser Gly Glu Leu Ser
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

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

Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp Pro His
 500 505 510

Lys

- <210> 66
- <211> 513
- <212> PRT
- 5 <213> *Bacillus spec*
- <400> 66

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

Lys Pro Val Gln Gln Ser Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Glu Glu Cys Thr His Gln Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val Lys Arg
 50 55 60

Asn Glu Asn Val Tyr Val Lys Trp Met Asn Asn Leu Pro Ser Thr His
 65 70 75 80

Phe Leu Pro Ile Asp His Thr Ile His His Ser Asp Ser Gln His Glu
 85 90 95

Glu Pro Glu Val Lys Thr Val Val His Leu His Gly Gly Val Thr Pro
 100 105 110

ES 2 751 579 T3

Asp Asp Ser Ala Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Ser Lys Asp Phe Glu
 115 120 125

Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Gln
 130 135 140

Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Leu Thr
 145 150 155 160

Arg Leu Asn Val Tyr Ala Gly Leu Val Gly Ala Tyr Ile Ile His Asp
 165 170 175

Pro Lys Glu Lys Arg Leu Lys Leu Pro Ser Asp Glu Tyr Asp Val Pro
 180 185 190

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

Pro Ser Ala Pro Glu Asn Pro Ser Pro Ser Leu Pro Asn Pro Ser Ile
 210 215 220

Val Pro Ala Phe Cys Gly Glu Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Val Trp
 225 230 235 240

Pro Tyr Leu Glu Val Glu Pro Arg Lys Tyr Arg Phe Arg Val Ile Asn
 245 250 255

Ala Ser Asn Thr Arg Thr Tyr Asn Leu Ser Leu Asp Asn Gly Gly Asp
 260 265 270

Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys
 275 280 285

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

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

Gly Cys Gly Gly Asp Val Asn Pro Glu Thr Asp Ala Asn Ile Met Gln
 325 330 335

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

Lys Tyr Leu Ala Ser Tyr Pro Ser Val Gln His Glu Arg Ile Gln Asn
 355 360 365

ES 2 751 579 T3

Ile Arg Thr Leu Lys Leu Ala Gly Thr Gln Asp Glu Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Thr
 385 390 395 400

Pro Lys Val Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Thr Arg
 405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val Leu Asp
 420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Ile Ala Arg Tyr Gln Glu Ser Gly Glu Leu Ser
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

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

Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp Pro His
 500 505 510

Lys

- <210> 67
- <211> 513
- <212> PRT
- <213> *Bacillus spec*

5

<400> 67

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

Lys Pro Val Gln Gln Ser Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Glu Glu Cys Thr His Gln Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val Lys Arg
 50 55 60

ES 2 751 579 T3

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

 Phe Leu Pro Ile Asp His Thr Ile His His Ser Asp Ser Gln His Glu
 85 90 95

 Glu Pro Glu Val Lys Thr Val Val His Leu His Gly Gly Val Thr Pro
 100 105 110

 Asp Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Ser Lys Asp Phe Glu
 115 120 125

 Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Gln
 130 135 140

 Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Leu Thr
 145 150 155 160

 Arg Leu Asn Val Tyr Ala Gly Leu Val Gly Ala Tyr Ile Ile His Asp
 165 170 175

 Pro Lys Glu Lys Arg Leu Lys Leu Pro Ser Asp Glu Tyr Asp Val Pro
 180 185 190

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

 Pro Ser Ala Pro Glu Asn Pro Ser Pro Ser Leu Pro Asn Pro Ser Ile
 210 215 220

 Val Pro Ala Phe Cys Gly Glu Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Val Trp
 225 230 235 240

 Pro Tyr Leu Glu Val Glu Pro Arg Lys Tyr Arg Phe Arg Val Ile Asn
 245 250 255

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

 Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys
 275 280 285

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

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

ES 2 751 579 T3

Gly Cys Gly Gly Asp Val Asn Pro Glu Thr Asp Ala Asn Ile Met Gln
 325 330 335

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

Lys Tyr Leu Ala Ser Tyr Pro Ser Val Gln His Glu Arg Ile Gln Asn
 355 360 365

Ile Arg Thr Leu Lys Leu Ala Gly Thr Gln Gly Glu Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Ala
 385 390 395 400

Pro Lys Val Gly Thr Ala Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Thr Arg
 405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val Leu Asp
 420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Ile Ala Arg Tyr Gln Glu Ser Gly Glu Leu Ser
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

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

Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp Pro His
 500 505 510

Lys

- <210> 68
- <211> 513
- <212> PRT
- <213> *Bacillus spec*
- <400> 68

5

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

ES 2 751 579 T3

Lys Pro Val Gln Gln Ser Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Glu Glu Cys Ala His Gln Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Glu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val Lys Arg
 50 55 60

Asn Glu Asn Val Tyr Val Lys Trp Met Asn Asn Leu Pro Ser Glu His
 65 70 75 80

Phe Leu Pro Ile Asp His Thr Ile His His Ser Asp Ser Gln His Glu
 85 90 95

Glu Pro Glu Val Arg Thr Val Val His Leu His Gly Gly Val Thr Pro
 100 105 110

Asp Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Ser Lys Asp Leu Glu
 115 120 125

Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Gln
 130 135 140

Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Leu Thr
 145 150 155 160

Arg Leu Asn Val Tyr Ala Gly Leu Val Gly Ala Tyr Ile Ile His Asp
 165 170 175

Pro Lys Glu Lys Arg Leu Lys Leu Pro Ser Gly Val Tyr Gly Val Pro
 180 185 190

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

Pro Ser Gly Pro Glu Asn Pro Ser Pro Ser Leu Pro Asn Pro Ser Ile
 210 215 220

Val Pro Ala Phe Cys Gly Glu Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Ala Trp
 225 230 235 240

Pro Tyr Phe Glu Val Glu Pro Arg Lys Tyr Arg Phe Arg Val Ile Asn
 245 250 255

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

ES 2 751 579 T3

<210> 69
 <211> 513
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

5 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (35)..(35)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

<400> 69

```

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

Lys Pro Val Gln Gln Ser Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
          20          25          30

Glu Glu Xaa Thr His Gln Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
          35          40          45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val Lys Arg
 50          55          60

Asn Glu Asn Val Tyr Val Lys Trp Met Asn Asn Leu Pro Ser Thr His
65          70          75          80

Phe Leu Pro Ile Asp His Thr Ile His His Ser Asp Ser Gln His Glu
          85          90          95

Glu Pro Glu Val Lys Thr Val Val His Leu His Gly Gly Val Thr Pro
          100          105          110

Asp Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Ser Lys Asp Phe Glu
115          120          125

Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Gln
130          135          140

Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Leu Thr
145          150          155          160

Arg Leu Asn Val Tyr Ala Gly Leu Val Gly Ala Tyr Ile Ile His Asp
          165          170          175

Pro Lys Glu Lys Arg Leu Lys Leu Pro Ser Asp Glu Tyr Asp Val Pro
          180          185          190
    
```

10

ES 2 751 579 T3

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

ES 2 751 579 T3

435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
450 455 460

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

Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp Pro His
500 505 510

Lys

<210> 70

<211> 513

<212> PRT

5 <213> *Bacillus spec*

<400> 70

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

Lys Pro Val Gln Gln Ser Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
20 25 30

Glu Glu Cys Thr His Gln Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val Lys Arg
50 55 60

Asn Glu Asn Val Tyr Val Lys Trp Met Asn Asn Leu Pro Ser Thr His
65 70 75 80

Phe Leu Pro Ile Asp His Thr Ile His His Ser Asp Ser Gln His Glu
85 90 95

Glu Pro Glu Val Lys Thr Val Val His Leu His Gly Gly Val Thr Pro
100 105 110

Asp Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Ser Lys Asp Phe Glu
115 120 125

Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Gln

ES 2 751 579 T3

Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Thr
385 390 395 400

Pro Lys Val Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Thr Arg
405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val Leu Asp
420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Ile Ala Arg Tyr Gln Glu Ser Gly Glu Leu Ser
435 440 445

Tyr Thr Gly Thr Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
450 455 460

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

Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp Pro His
500 505 510

Lys

<210> 71

<211> 513

<212> PRT

5 <213> *Bacillus spec*

<220>

<221> misc_feature

<222> (35)..(35)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

10 <400> 71

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

Lys Pro Val Gln Gln Ser Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
20 25 30

Glu Glu Xaa Thr His Gln Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val Lys Arg
50 55 60

ES 2 751 579 T3

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

ES 2 751 579 T3

<400> 72

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

Lys Pro Val Gln Gln Ser Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Glu Glu Xaa Thr His Gln Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val Lys Arg
 50 55 60

Asn Glu Asn Val Tyr Val Lys Trp Met Asn Asn Leu Pro Ser Thr His
 65 70 75 80

Phe Leu Pro Ile Asp His Thr Ile His His Ser Asp Ser Gln His Glu
 85 90 95

Glu Pro Glu Val Lys Thr Val Val His Leu His Gly Gly Val Thr Pro
 100 105 110

Asp Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Ser Lys Asp Phe Glu
 115 120 125

Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Gln
 130 135 140

Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Leu Thr
 145 150 155 160

Arg Leu Asn Val Tyr Ala Gly Leu Val Gly Ala Tyr Ile Ile His Asp
 165 170 175

Pro Lys Glu Lys Arg Leu Lys Leu Pro Ser Asp Glu Tyr Asp Val Pro
 180 185 190

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

Pro Ser Ala Pro Glu Asn Pro Ser Pro Ser Leu Pro Asn Pro Ser Ile
 210 215 220

Val Pro Ala Phe Cys Gly Glu Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Val Trp
 225 230 235 240

ES 2 751 579 T3

Pro Tyr Leu Glu Val Glu Pro Arg Lys Tyr Arg Phe Arg Val Ile Asn
 245 250 255

Ala Ser Asn Thr Arg Thr Tyr Asn Leu Ser Leu Asp Asn Gly Gly Asp
 260 265 270

Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys
 275 280 285

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

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

Gly Cys Gly Gly Asp Val Asn Pro Glu Thr Asp Ala Asn Ile Met Gln
 325 330 335

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

Lys Tyr Leu Ala Ser Tyr Pro Ser Val Gln His Glu Arg Ile Gln Asn
 355 360 365

Ile Arg Thr Leu Lys Leu Ala Gly Thr Gln Asp Glu Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Thr
 385 390 395 400

Pro Lys Val Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Thr Arg
 405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val Leu Asp
 420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Ile Ala Arg Tyr Gln Glu Ser Gly Glu Leu Ser
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

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

Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ala Leu Glu

ES 2 751 579 T3

485

490

495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp Pro His
 500 505 510

Lys

<210> 73
 <211> 513
 <212> PRT
 5 <213> *Bacillus spec*

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (35)..(35)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

10 <400> 73

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

Lys Pro Val Gln Gln Ser Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Glu Glu Xaa Thr His Gln Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val Lys Arg
 50 55 60

Asn Glu Asn Val Tyr Val Lys Trp Met Asn Asn Leu Pro Ser Thr His
 65 70 75 80

Phe Leu Pro Ile Asp His Thr Ile His His Ser Asp Ser Gln His Glu
 85 90 95

Glu Pro Glu Val Lys Thr Val Val His Leu His Gly Gly Val Thr Pro
 100 105 110

Asp Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Ser Lys Asp Phe Glu
 115 120 125

Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Gln
 130 135 140

Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Leu Thr
 145 150 155 160

ES 2 751 579 T3

Arg Leu Asn Val Tyr Ala Gly Leu Val Gly Ala Tyr Ile Ile His Asp
165 170 175

Pro Lys Glu Lys Arg Leu Lys Leu Pro Ser Asp Glu Tyr Asp Val Pro
180 185 190

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

Pro Ser Ala Pro Glu Asn Pro Ser Pro Ser Leu Pro Asn Pro Ser Ile
210 215 220

Val Pro Ala Phe Cys Gly Glu Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Val Trp
225 230 235 240

Pro Tyr Leu Glu Val Glu Pro Arg Lys Tyr Arg Phe Arg Val Ile Asn
245 250 255

Ala Ser Asn Thr Arg Thr Tyr Asn Leu Ser Leu Asp Asn Gly Gly Asp
260 265 270

Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys
275 280 285

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

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

Gly Cys Gly Gly Asp Val Asn Pro Glu Thr Asp Ala Asn Ile Met Gln
325 330 335

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

Lys Tyr Leu Ala Ser Tyr Pro Ser Val Gln His Glu Arg Ile Gln Asn
355 360 365

Ile Arg Thr Leu Lys Leu Ala Gly Thr Gln Asp Glu Tyr Gly Arg Pro
370 375 380

Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Thr
385 390 395 400

Pro Lys Val Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Thr Arg
405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val Leu Asp
 420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Ile Ala Arg Tyr Gln Glu Ser Gly Glu Leu Ser
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

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

Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Thr Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp Pro His
 500 505 510

Lys

- <210> 74
- <211> 513
- <212> PRT
- <213> *Bacillus spec*

5

<400> 74

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

Lys Pro Val Gln Gln Ser Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Glu Glu Cys Thr His Gln Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val Lys Arg
 50 55 60

Asn Glu Asn Val Tyr Val Lys Trp Met Asn Asn Leu Pro Ser Thr His
 65 70 75 80

Phe Leu Pro Ile Asp His Thr Ile His His Ser Asp Ser Gln His Glu
 85 90 95

Glu Ser Glu Val Lys Thr Val Val His Leu His Gly Gly Val Thr Pro
 100 105 110

ES 2 751 579 T3

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

ES 2 751 579 T3

355 360 365

Ile Arg Thr Leu Lys Leu Ala Gly Thr Gln Asp Glu Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Gly Ala
 385 390 395 400

Pro Lys Val Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Thr Arg
 405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val Leu Asp
 420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Ile Ala Arg Tyr Gln Glu Ser Gly Glu Leu Ser
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Ser Glu Glu Gly Trp Lys
 450 455 460

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

Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp Arg His
 500 505 510

Lys

<210> 75
 <211> 513
 <212> PRT
 5 <213> *Bacillus spec*

<400> 75

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

Lys Pro Val Gln Gln Thr Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Glu Glu Cys Ala His Lys Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Cys Gln Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val Asn Arg

ES 2 751 579 T3

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

ES 2 751 579 T3

Asp Phe Thr Ala Tyr Glu Gly Gln Ser Ile Ile Leu Ala Asn Ser Glu
305 310 315 320

Gly Cys Gly Gly Asp Ala Asn Pro Glu Thr Asp Ala Asn Ile Met Gln
325 330 335

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

Lys Tyr Leu Ala Ser Tyr Pro Ser Val Gln Asn Glu Arg Ile His Asn
355 360 365

Ile Arg Thr Leu Lys Leu Ala Gly Thr Gln Asp Glu Tyr Gly Arg Pro
370 375 380

Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Thr
385 390 395 400

Pro Lys Ala Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Thr Arg
405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val Leu Asp
420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Ile Ala Arg Tyr Gln Glu Arg Gly Glu Leu Ser
435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
450 455 460

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

Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp Pro His
500 505 510

Lys

<210> 76
<211> 513
<212> PRT
<213> *Bacillus spec*

5

<400> 76

ES 2 751 579 T3

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

Lys Pro Val Gln Gln Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
20 25 30

Glu Glu Cys Tyr His Gln Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Lys Ala Lys Arg
50 55 60

Asn Glu Asn Val Tyr Val Lys Trp Met Asn Asn Leu Pro Ser Glu His
65 70 75 80

Phe Leu Pro Ile Asp His Thr Ile His His Ser Asp Ser Gln His Ala
85 90 95

Glu Pro Glu Val Lys Thr Val Val His Leu His Gly Gly Val Thr Pro
100 105 110

Asp Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Ser Lys Asp Phe Glu
115 120 125

Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Gln
130 135 140

Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Leu Thr
145 150 155 160

Arg Leu Asn Val Tyr Ala Gly Leu Ile Gly Ala Tyr Ile Ile His Glu
165 170 175

Pro Lys Glu Lys Arg Leu Lys Leu Pro Ser Gly Glu Tyr Asp Val Pro
180 185 190

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

Pro Ser Gly Pro Glu Asn Pro Ser Pro Ser Leu Pro Asn Pro Ser Ile
210 215 220

Val Pro Ala Phe Cys Gly Asp Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Ala Trp
225 230 235 240

Pro Tyr Met Glu Val Glu Pro Arg Lys Tyr Arg Phe Arg Val Ile Asn
245 250 255

ES 2 751 579 T3

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

Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys
275 280 285

Leu Asn Ser Phe Ser Ile Ala Pro Ala Glu Arg Phe Asp Ile Leu Ile
290 295 300

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

Gly Cys Gly Gly Asp Val Asn Pro Glu Thr Asp Ala Asn Ile Met Gln
325 330 335

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

Lys Tyr Leu Ala Ser Tyr Pro Ser Val Gln His Glu Arg Ile Gln Asn
355 360 365

Leu Arg Thr Leu Lys Leu Ala Gly Thr Gln Asp Gln Tyr Gly Arg Pro
370 375 380

Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Ala
385 390 395 400

Pro Lys Val Gly Ser Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Thr Arg
405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val Leu Asp
420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Thr Ala Arg Phe Glu Glu Arg Gly Glu Leu Ala
435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
450 455 460

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

Phe Gly Pro Tyr Thr Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp Pro His
500 505 510

Lys

<210> 77
 <211> 513
 <212> PRT
 5 <213> *Bacillus spec*
 <400> 77

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

Lys Pro Val Gln Gln Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Glu Glu Cys Tyr His Gln Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Ala Asn Arg
 50 55 60

Asn Glu Asn Val Tyr Val Lys Trp Met Asn Asn Leu Pro Ser Glu His
 65 70 75 80

Phe Leu Pro Ile Asp His Thr Ile His His Ser Asp Ser Gln His Ala
 85 90 95

Glu Pro Glu Val Lys Thr Val Val His Leu His Gly Gly Val Thr Pro
 100 105 110

Asp Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Ser Lys Asp Phe Glu
 115 120 125

Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Gln
 130 135 140

Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Leu Thr
 145 150 155 160

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

Pro Lys Glu Lys Arg Leu Lys Leu Pro Ser Gly Glu Tyr Asp Val Pro
 180 185 190

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

ES 2 751 579 T3

Pro Ser Gly Pro Glu Asn Pro Ser Pro Ser Leu Pro Asn Pro Ser Ile
 210 215 220

Val Pro Ala Phe Cys Gly Asp Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Ala Trp
 225 230 235 240

Pro Tyr Met Glu Val Glu Pro Arg Lys Tyr Arg Phe Arg Val Ile Asn
 245 250 255

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

Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys
 275 280 285

Leu Asn Ser Phe Ser Ile Ala Pro Ala Glu Arg Phe Asp Ile Leu Ile
 290 295 300

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

Gly Cys Gly Gly Asp Val Asn Pro Glu Thr Asp Ala Asn Ile Met Gln
 325 330 335

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

Lys Tyr Leu Ala Ser Tyr Pro Ser Val Gln His Glu Arg Ile Gln Asn
 355 360 365

Leu Arg Thr Leu Lys Leu Ala Gly Thr Gln Asp Gln Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Ala
 385 390 395 400

Pro Lys Ala Gly Ser Thr Glu Val Trp Ser Ile Ile Asn Pro Thr Arg
 405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val Leu Asp
 420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Thr Ala Arg Phe Glu Glu Arg Gly Glu Leu Phe
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys

ES 2 751 579 T3

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

Ile Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Leu Thr Arg Leu Asn Val
 145 150 155 160

Tyr Ala Gly Leu Val Gly Ala Tyr Ile Ile His Asp Pro Lys Glu Lys
 165 170 175

Arg Leu Lys Leu Pro Ser Asp Glu Tyr Asp Val Pro Leu Leu Ile Thr
 180 185 190

Asp Arg Thr Ile Asn Glu Asp Gly Ser Leu Phe Tyr Pro Ser Ala Pro
 195 200 205

Glu Asn Pro Ser Pro Ser Leu Pro Asn Pro Ser Ile Val Pro Ala Phe
 210 215 220

Cys Gly Glu Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Val Trp Pro Tyr Leu Glu
 225 230 235 240

Val Glu Pro Arg Lys Tyr Arg Phe Arg Val Ile Asn Ala Ser Asn Thr
 245 250 255

Arg Thr Tyr Asn Leu Ser Leu Asp Asn Gly Gly Asp Phe Ile Gln Ile
 260 265 270

Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys Leu Asn Ser Phe
 275 280 285

Ser Leu Ala Pro Ala Glu Arg Tyr Asp Ile Ile Ile Asp Phe Thr Ala
 290 295 300

Tyr Glu Gly Glu Ser Ile Ile Leu Ala Asn Ser Ala Gly Cys Gly Gly
 305 310 315 320

Asp Val Asn Pro Glu Thr Asp Ala Asn Ile Met Gln Phe Arg Val Thr
 325 330 335

Lys Pro Leu Ala Gln Lys Asp Glu Ser Arg Lys Pro Lys Tyr Leu Ala
 340 345 350

Ser Tyr Pro Ser Val Gln His Glu Arg Ile Gln Asn Ile Arg Thr Leu
 355 360 365

Lys Leu Ala Gly Thr Gln Asp Glu Tyr Gly Arg Pro Val Leu Leu Leu
 370 375 380

ES 2 751 579 T3

Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Thr Pro Lys Val Gly
385 390 395 400

Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Thr Arg Gly Thr His Pro
405 410 415

Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val Leu Asp Arg Arg Pro Phe
420 425 430

Asp Ile Ala Arg Tyr Gln Glu Ser Gly Glu Leu Ser Tyr Thr Gly Pro
435 440 445

Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys Asp Thr Ile Gln
450 455 460

Ala His Ala Gly Glu Val Leu Arg Ile Ala Ala Thr Phe Gly Pro Tyr
465 470 475 480

Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu His Leu Asp Tyr
485 490 495

Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp Pro
500 505

<210> 79
<211> 511
<212> PRT
5 <213> *Bacillus spec*

<400> 79

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

Lys Pro Val Gln Gln Ser Lys Glu Lys Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
20 25 30

Glu Glu Cys Thr His Gln Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val Lys Arg
50 55 60

Asn Glu Asn Val Tyr Val Lys Trp Met Asn Asn Leu Pro Ser Thr His
65 70 75 80

Phe Leu Pro Ile Asp His Thr Ile His His Ser Asp Ser Gln His Glu
85 90 95

ES 2 751 579 T3

Glu Pro Glu Val Lys Thr Val Val His Leu His Gly Gly Val Thr Pro
 100 105 110

Asp Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Ser Lys Asp Phe Glu
 115 120 125

Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Gln
 130 135 140

Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Leu Thr
 145 150 155 160

Arg Leu Asn Val Tyr Ala Gly Leu Val Gly Ala Tyr Ile Ile His Asp
 165 170 175

Pro Lys Glu Lys Arg Leu Lys Leu Pro Ser Asp Glu Tyr Asp Val Pro
 180 185 190

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

Pro Ser Ala Pro Glu Asn Pro Ser Pro Ser Leu Pro Asn Pro Ser Ile
 210 215 220

Val Pro Ala Phe Cys Gly Glu Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Val Trp
 225 230 235 240

Pro Tyr Leu Glu Val Glu Pro Arg Lys Tyr Arg Phe Arg Val Ile Asn
 245 250 255

Ala Ser Asn Thr Arg Thr Tyr Asn Leu Ser Leu Asp Asn Gly Gly Asp
 260 265 270

Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys
 275 280 285

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

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

Gly Cys Gly Gly Asp Val Asn Pro Glu Thr Asp Ala Asn Ile Met Gln
 325 330 335

Phe Arg Val Thr Lys Pro Leu Ala Gln Lys Thr Lys Ala Glu Ser Arg

ES 2 751 579 T3

340 345 350

Ser Thr Ser Pro His Thr Leu Arg Tyr Ser Met Lys Asp Thr Asn Ile
355 360 365

Arg Thr Leu Lys Leu Ala Gly Thr Gln Asp Glu Tyr Gly Arg Pro Val
370 375 380

Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Thr Pro
385 390 395 400

Lys Val Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Arg His Ala Glu
405 410 415

His Ile Leu Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Arg Val Leu Asp Arg
420 425 430

Arg Pro Phe Asp Ile Ala Arg Tyr Gln Glu Ser Gly Glu Leu Ser Tyr
435 440 445

Thr Val Arg Cys Pro Ala Ala Ala Ser Glu Lys Gly Trp Lys Asp Thr
450 455 460

Ile Gln Ala His Ala Gly Glu Val Leu Arg Ile Ala Ala Thr Phe Gly
465 470 475 480

Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu His Glu
485 490 495

Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Ile Thr Asp Pro His Lys
500 505 510

<210> 80
 <211> 513
 <212> PRT
 5 <213> *Bacillus spec*

<400> 80

Met Asn Leu Glu Lys Phe Ala Asp Met Leu Pro Ile Pro Glu Val Leu
1 5 10 15

Lys Pro His Gln Gln Thr Lys Glu Ser Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
20 25 30

Lys Glu Phe Tyr Gln Lys Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val Asn Arg

ES 2 751 579 T3

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

ES 2 751 579 T3

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

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

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

Arg Phe Leu Thr Asn Leu Pro Pro Val Thr Asp Glu Lys Ile Gln Asn
355 360 365

Leu Arg Thr Leu Lys Leu Thr Gly Thr Gln Asp Glu Tyr Gly Arg Pro
370 375 380

Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp Ser Asp Pro Val Thr Glu Ala
385 390 395 400

Pro Lys Leu Gly Thr Ser Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Thr Arg
405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Ile Ser Phe Arg Val Leu Asp
420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Thr Ala Lys Tyr Ala Glu Thr Gly Asn Val Val
435 440 445

Phe Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
450 455 460

Asp Thr Val Gln Ser His Ala Gly Glu Val Ile Arg Ile Met Ala Lys
465 470 475 480

Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Val Val Asp Pro Asn
500 505 510

Gln

<210> 81
<211> 513
<212> PRT
<213> *Bacillus spec*

5

<400> 81

ES 2 751 579 T3

Met Asn Leu Glu Lys Phe Ala Asp Met Leu Pro Ile Pro Glu Val Leu
1 5 10 15

Lys Pro His Gln Gln Thr Lys Glu Ser Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
20 25 30

Lys Glu Phe Tyr Gln Lys Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Ser Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Glu Val Asn Arg
50 55 60

Asn Glu Asn Val Gln Ile Lys Trp Met Asn Asp Leu Pro Asp Gln His
65 70 75 80

Phe Leu Pro Ile Asp His Thr Ile His His Ser Glu Gly His His Gln
85 90 95

Glu Pro Glu Val Lys Thr Val Val His Leu His Gly Gly Ala Thr Pro
100 105 110

Tyr Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Ser Lys Gly Phe Gln
115 120 125

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

Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Leu Thr
145 150 155 160

Arg Leu Asn Val Tyr Ala Gly Leu Ala Gly Val Tyr Ile Ile His Asp
165 170 175

Pro Lys Glu Lys Arg Leu Lys Leu Pro Ala Gly Glu Tyr Asp Val Pro
180 185 190

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

Pro Ser Gly Pro Glu Asn Pro Ser Pro Thr Leu Pro Thr Pro Ser Ile
210 215 220

Val Pro Ala Phe Cys Gly Asp Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Ala Trp
225 230 235 240

Pro Tyr Met Glu Val Glu Pro Arg Ala Tyr Arg Phe Arg Ile Val Asn
245 250 255

ES 2 751 579 T3

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

Phe Leu Gln Val Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys
 275 280 285

Leu Ser Ser Ile Ser Leu Ala Pro Ala Glu Arg Phe Asp Ile Ile Ile
 290 295 300

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

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

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

Arg Phe Leu Thr Asn Leu Pro Pro Val Thr Asp Glu Lys Ile Gln Asn
 355 360 365

Leu Arg Thr Leu Lys Leu Thr Gly Thr Gln Asp Glu Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

Val Leu Leu Leu Asn Asn Lys Arg Trp Ser Asp Pro Val Thr Glu Ala
 385 390 395 400

Pro Lys Leu Gly Thr Ser Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Thr Arg
 405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Ile Ser Phe Arg Val Leu Asp
 420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Thr Ala Lys Tyr Ala Glu Thr Gly Asn Val Val
 435 440 445

Phe Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

Asp Thr Val Gln Ser His Ala Gly Glu Val Ile Arg Ile Met Ala Lys
 465 470 475 480

Phe Gly Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Val Val Asp Pro Asn
 500 505 510

Gln

ES 2 751 579 T3

<210> 82
 <211> 512
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

5 <400> 82

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

Gln Pro Gln Lys Lys Ser Asp Gly Ser Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Lys Glu Cys Phe His Lys Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Asp Val Asn Lys
 50 55 60

Asp Glu Asn Val Tyr Ile Lys Trp Met Asn Asp Leu Pro Asp Lys His
 65 70 75 80

Phe Leu Pro Val Asp His Thr Ile His His Ser Glu Ser Gly His Gln
 85 90 95

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

Pro Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Thr Lys Asp Phe Lys
 115 120 125

Glu Thr Gly Pro Tyr Phe Glu Lys Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Lys
 130 135 140

Gln Arg Gly Ala Leu Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Ile Thr
 145 150 155 160

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

Arg Lys Glu Lys Gln Leu Lys Leu Pro Ser Gly Glu Tyr Asp Val Pro
 180 185 190

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

ES 2 751 579 T3

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

ES 2 751 579 T3

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

ES 2 751 579 T3

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Gln Ile Leu Asp
 420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Leu Glu Arg Tyr Asn Lys Phe Gly Asp Ile Val
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

Asp Thr Val Gln Ala His Ser Gly Glu Val Ile Arg Ile Ala Ala Thr
 465 470 475 480

Phe Ala Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Val Thr Asp Lys Gln
 500 505 510

<210> 84
 <211> 512
 <212> PRT
 5 <213> *Bacillus spec*

<400> 84

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

Gln Pro Gln Lys Lys Ser Asp Gly Ser Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Lys Glu Cys Phe His Lys Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Asp Val Asn Gln
 50 55 60

Asp Glu Asn Val Tyr Ile Lys Trp Met Asn Asp Leu Pro Asp Lys His
 65 70 75 80

Phe Leu Pro Val Asp His Thr Ile His His Ser Glu Ser Gly His Gln
 85 90 95

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

Pro Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Thr Lys Asp Phe Lys
 115 120 125

ES 2 751 579 T3

Glu Thr Gly Pro Tyr Phe Glu Lys Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Lys
 130 135 140

Gln Arg Gly Ala Leu Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Ile Thr
 145 150 155 160

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

Arg Lys Glu Lys Gln Leu Lys Leu Pro Ser Gly Glu Tyr Asp Val Pro
 180 185 190

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

Pro Ser Gly Pro Ala Asn Pro Ser Glu Thr Leu Pro Asp Pro Ser Ile
 210 215 220

Val Pro Phe Phe Cys Gly Asn Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Ala Trp
 225 230 235 240

Pro Tyr Met Glu Val Glu Pro Arg Thr Tyr Arg Phe Arg Ile Leu Asn
 245 250 255

Ala Ser Asn Thr Arg Thr Phe Ser Leu Ser Leu Asn Asn Gly Gly Lys
 260 265 270

Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys
 275 280 285

Thr Gln Ser Ile Ser Leu Ala Pro Ala Glu Arg Tyr Asp Val Leu Ile
 290 295 300

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

Gly Cys Gly Gly Asp Ala Asp Pro Asp Thr Asp Ala Asn Val Met Gln
 325 330 335

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

Lys Tyr Leu Ser Thr Met Pro Asn Val Thr Ser Lys Arg Ile His Asn
 355 360 365

Ile Arg Thr Leu Lys Leu Thr Asn Thr Gln Asp Lys Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

ES 2 751 579 T3

Val Leu Thr Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Ala
385 390 395 400

Pro Lys Leu Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Met Gly
405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Gln Ile Leu Asp
420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Leu Glu Arg Tyr Asn Lys Phe Gly Asp Ile Val
435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
450 455 460

Asp Thr Val Gln Ala His Ser Gly Glu Val Ile Arg Ile Ala Ala Thr
465 470 475 480

Phe Ala Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Val Thr Asp Lys Gln
500 505 510

<210> 85

<211> 512

<212> PRT

5 <213> *Bacillus spec*

<400> 85

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

Gln Pro Gln Lys Lys Ser Asp Gly Ser Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
20 25 30

Lys Glu Cys Phe His Lys Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Asp Val Asn Gln
50 55 60

Asp Glu Asn Val Tyr Ile Lys Trp Met Asn Asp Leu Pro Asp Lys His
65 70 75 80

Phe Leu Pro Val Asp His Thr Ile His His Ser Glu Ser Gly His Gln
85 90 95

ES 2 751 579 T3

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

Pro Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Thr Lys Asp Phe Lys
 115 120 125

Glu Thr Gly Pro Tyr Phe Glu Lys Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Lys
 130 135 140

Gln Arg Gly Ala Leu Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Ile Thr
 145 150 155 160

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

Arg Lys Glu Lys Gln Leu Lys Leu Pro Ser Gly Glu Tyr Asp Val Pro
 180 185 190

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

Pro Ser Gly Pro Ala Asn Pro Ser Glu Thr Leu Pro Asp Pro Ser Ile
 210 215 220

Val Pro Phe Phe Cys Gly Asn Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Ala Trp
 225 230 235 240

Pro Tyr Met Glu Val Glu Pro Arg Thr Tyr Arg Phe Arg Ile Leu Asn
 245 250 255

Ala Ser Asn Thr Arg Thr Phe Ser Leu Ser Leu Asn Asn Gly Gly Lys
 260 265 270

Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys
 275 280 285

Thr Gln Ser Ile Ser Leu Ala Pro Ala Glu Arg Tyr Asp Val Leu Ile
 290 295 300

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

Gly Cys Gly Gly Asp Ala Asp Pro Asp Thr Asp Ala Asn Val Met Gln
 325 330 335

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

ES 2 751 579 T3

Lys Tyr Leu Ser Thr Met Pro Asn Val Thr Ser Lys Arg Ile His Asn
 355 360 365

Ile Arg Thr Leu Lys Leu Thr Asn Thr Gln Asp Lys Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

Val Leu Thr Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Ala
 385 390 395 400

Pro Lys Leu Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Met Gly
 405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Gln Ile Leu Asp
 420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Leu Glu Arg Tyr Asn Lys Phe Gly Asp Ile Val
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

Asp Thr Val Gln Ala His Ser Gly Glu Val Ile Arg Ile Ala Ala Thr
 465 470 475 480

Phe Ala Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Val Thr Asp Lys Gln
 500 505 510

<210> 86
 <211> 512
 <212> PRT
 5 <213> *Bacillus spec*

<400> 86

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

Gln Pro Gln Lys Lys Ser Asp Gly Ser Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Lys Glu Cys Phe His Lys Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Asp Val Asn Gln
 50 55 60

ES 2 751 579 T3

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

ES 2 751 579 T3

Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys
 275 280 285

Thr Gln Ser Ile Ser Leu Ala Pro Ala Glu Arg Tyr Asp Val Leu Ile
 290 295 300

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

Gly Cys Gly Gly Asp Ala Asp Pro Asp Thr Asp Ala Asn Val Met Gln
 325 330 335

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

Lys Tyr Leu Ser Thr Met Pro Asn Val Thr Ser Lys Arg Ile His Asn
 355 360 365

Ile Arg Met Leu Lys Leu Thr Asn Thr Gln Asp Lys Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

Val Leu Thr Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Ala
 385 390 395 400

Pro Lys Leu Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Met Gly
 405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Gln Ile Leu Asp
 420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Leu Glu Arg Tyr Asn Lys Phe Gly Asp Ile Val
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

Asp Thr Val Gln Ala His Ser Gly Glu Val Ile Arg Ile Ala Ala Thr
 465 470 475 480

Phe Ala Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Val Thr Asp Lys Gln
 500 505 510

<210> 88
 <211> 512
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

ES 2 751 579 T3

<400> 88

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

Gln Pro Gln Lys Lys Ser Asp Gly Ser Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Lys Glu Cys Phe His Lys Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Asp Val Asn Gln
 50 55 60

Asp Glu Asn Val Tyr Ile Lys Trp Met Asn Asp Leu Pro Asp Lys His
 65 70 75 80

Phe Leu Pro Val Asp His Thr Ile His His Ser Glu Ser Gly His Gln
 85 90 95

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

Pro Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Thr Lys Asp Phe Lys
 115 120 125

Glu Thr Gly Pro Tyr Phe Glu Lys Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Lys
 130 135 140

Gln Arg Gly Ala Leu Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Ile Thr
 145 150 155 160

Arg Leu Asn Val Phe Ala Gly Leu Ala Gly Met Tyr Ile Ile Arg Glu
 165 170 175

Arg Lys Glu Lys Gln Leu Lys Leu Pro Ser Gly Glu Tyr Asp Val Pro
 180 185 190

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

Pro Ser Gly Pro Ala Asn Pro Ser Glu Thr Leu Pro Asp Pro Ser Ile
 210 215 220

Val Pro Phe Phe Cys Gly Asn Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Ala Trp
 225 230 235 240

ES 2 751 579 T3

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

ES 2 751 579 T3

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Val Thr Asp Lys Gln
 500 505 510

<210> 89

<211> 512

<212> PRT

5 <213> *Bacillus spec*

<400> 89

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

Gln Pro Gln Lys Lys Ser Asp Gly Ser Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Lys Glu Cys Phe His Lys Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Asp Val Asn Gln
 50 55 60

Asp Glu Asn Val Tyr Ile Lys Trp Met Asn Asp Leu Pro Asp Lys His
 65 70 75 80

Phe Leu Pro Val Asp His Thr Ile His His Ser Glu Ser Gly His Gln
 85 90 95

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

Pro Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Thr Lys Asp Phe Lys
 115 120 125

Glu Thr Gly Pro Tyr Phe Glu Arg Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Lys
 130 135 140

Gln Arg Gly Ala Leu Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Ile Thr
 145 150 155 160

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

Arg Lys Glu Lys Gln Leu Lys Leu Pro Ser Gly Glu Tyr Asp Val Pro
 180 185 190

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

ES 2 751 579 T3

Pro Ser Gly Pro Ala Asn Pro Ser Glu Thr Leu Pro Asp Pro Ser Ile
 210 215 220

Val Pro Phe Phe Cys Gly Asn Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Ala Trp
 225 230 235 240

Pro Tyr Met Glu Val Glu Pro Arg Thr Tyr Arg Phe Arg Ile Leu Asn
 245 250 255

Ala Ser Asn Thr Arg Thr Phe Ser Leu Ser Leu Asn Asn Gly Gly Lys
 260 265 270

Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys
 275 280 285

Thr Gln Ser Ile Ser Leu Ala Pro Ala Glu Arg Tyr Asp Val Leu Ile
 290 295 300

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

Gly Cys Gly Gly Asp Ala Asp Pro Asp Thr Asp Ala Asn Val Met Gln
 325 330 335

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

Lys Tyr Leu Ser Thr Met Pro Asn Val Thr Ser Lys Arg Ile His Asn
 355 360 365

Ile Arg Thr Leu Lys Leu Thr Asn Thr Gln Asp Lys Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

Val Leu Thr Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Ala
 385 390 395 400

Pro Lys Leu Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Met Gly
 405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Gln Ile Leu Asp
 420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Leu Glu Arg Tyr Asn Lys Phe Gly Asp Ile Val
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys

ES 2 751 579 T3

450 455 460

Asp Thr Val Gln Ala His Ser Gly Glu Val Ile Arg Ile Ala Ala Thr
465 470 475 480

Phe Ala Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Val Thr Asp Lys Gln
500 505 510

<210> 90

<211> 512

<212> PRT

5 <213> *Bacillus spec*

<400> 90

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

Gln Pro Gln Lys Lys Ser Asp Gly Ser Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
20 25 30

Lys Glu Cys Phe His Lys Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Asp Val Asn Gln
50 55 60

Asp Glu Asn Val Tyr Ile Lys Trp Met Asn Asp Leu Pro Asp Lys His
65 70 75 80

Phe Leu Pro Val Asp His Thr Ile His His Ser Glu Ser Gly His Gln
85 90 95

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

Pro Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Thr Lys Asp Phe Lys
115 120 125

Glu Thr Gly Pro Tyr Phe Glu Lys Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Lys
130 135 140

Gln Arg Gly Ala Leu Leu Trp Tyr His Asp His Thr Met Ala Ile Thr
145 150 155 160

Arg Leu Asn Val Phe Ala Gly Leu Ala Gly Met Tyr Ile Ile Arg Glu

ES 2 751 579 T3

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Gln Ile Leu Asp
 420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Leu Glu Arg Tyr Asn Lys Phe Gly Asp Ile Val
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

Asp Thr Val Gln Ala His Ser Gly Glu Val Ile Arg Ile Ala Ala Thr
 465 470 475 480

Phe Ala Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Val Thr Asp Lys Gln
 500 505 510

<210> 91
 <211> 512
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

5

<400> 91

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

Gln Pro Gln Lys Lys Ser Asp Gly Ser Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Lys Glu Cys Phe His Lys Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Asp Val Asn Lys
 50 55 60

Asp Glu Asn Val Tyr Ile Lys Trp Met Asn Asp Leu Pro Asp Lys His
 65 70 75 80

Phe Leu Pro Val Asp His Thr Ile His His Ser Glu Ser Gly His Gln
 85 90 95

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

Pro Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Thr Lys Asp Phe Lys
 115 120 125

ES 2 751 579 T3

Glu Thr Gly Pro Tyr Phe Glu Lys Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Lys
 130 135 140

Gln Arg Gly Ala Leu Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Ile Thr
 145 150 155 160

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

Arg Lys Glu Lys Gln Leu Lys Leu Pro Ser Gly Glu Tyr Asp Val Pro
 180 185 190

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

Pro Ser Gly Pro Ala Asn Pro Ser Glu Thr Leu Pro Asp Pro Ser Ile
 210 215 220

Val Pro Phe Phe Cys Gly Asn Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Ala Trp
 225 230 235 240

Pro Tyr Met Glu Val Glu Pro Arg Thr Tyr Arg Phe Arg Ile Leu Asn
 245 250 255

Ala Ser Asn Thr Arg Thr Phe Ser Leu Ser Leu Asn Asn Gly Gly Lys
 260 265 270

Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys
 275 280 285

Thr Gln Ser Ile Ser Leu Ala Pro Ala Glu Arg Tyr Asp Val Leu Ile
 290 295 300

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

Gly Cys Gly Gly Asp Val Asp Pro Asp Thr Asp Ala Asn Val Met Gln
 325 330 335

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

Lys Tyr Leu Ser Thr Met Pro Asn Val Thr Ser Lys Arg Ile His Asn
 355 360 365

Ile Arg Thr Leu Lys Leu Thr Asn Thr Gln Asp Lys Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

ES 2 751 579 T3

Val Leu Thr Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Ala
385 390 395 400

Pro Lys Leu Gly Ala Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Met Gly
405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Gln Ile Leu Asp
420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Leu Glu Arg Tyr Asn Lys Phe Gly Asp Ile Val
435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
450 455 460

Asp Thr Val Gln Ala His Ser Gly Glu Val Ile Arg Ile Ala Ala Thr
465 470 475 480

Phe Ala Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Val Thr Asp Lys Gln
500 505 510

<210> 92
<211> 512
<212> PRT
5 <213> *Bacillus spec*

<400> 92

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

Gln Pro Gln Lys Lys Ser Asp Gly Ser Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
20 25 30

Lys Glu Cys Phe His Lys Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Asp Val Asn Gln
50 55 60

Asp Glu Asn Val Tyr Ile Lys Trp Met Asn Asp Leu Pro Asp Lys His
65 70 75 80

Phe Leu Pro Val Asp His Thr Ile His His Ser Glu Ser Gly His Gln
85 90 95

ES 2 751 579 T3

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

Pro Asp Ser Asp Gly Tyr Pro Glu Ala Trp Phe Thr Lys Asp Phe Lys
 115 120 125

Glu Thr Gly Pro Tyr Phe Glu Arg Glu Val Tyr His Tyr Pro Asn Lys
 130 135 140

Gln Arg Gly Ala Leu Leu Trp Tyr His Asp His Ala Met Ala Ile Thr
 145 150 155 160

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

Arg Lys Glu Lys Gln Leu Lys Leu Pro Ser Gly Glu Tyr Asp Val Pro
 180 185 190

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

Pro Ser Gly Pro Ala Thr Pro Ser Glu Thr Leu Pro Asp Pro Ser Ile
 210 215 220

Val Pro Phe Phe Cys Gly Asn Thr Ile Leu Val Asn Gly Lys Ala Trp
 225 230 235 240

Pro Tyr Met Glu Val Glu Pro Arg Thr Tyr Arg Phe Arg Ile Leu Asn
 245 250 255

Ala Ser Asn Thr Arg Thr Phe Ser Leu Ser Leu Asn Asn Gly Gly Lys
 260 265 270

Phe Ile Gln Ile Gly Ser Asp Gly Gly Leu Leu Pro Arg Ser Val Lys
 275 280 285

Thr Gln Ser Ile Ser Leu Ala Pro Ala Glu Arg Tyr Asp Val Leu Ile
 290 295 300

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

Gly Cys Gly Gly Asp Ala Asp Pro Asp Thr Asp Ala Asn Val Met Gln
 325 330 335

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

ES 2 751 579 T3

Lys Tyr Leu Ser Thr Met Pro Asn Val Thr Ser Lys Arg Ile His Asn
 355 360 365

Ile Arg Thr Leu Lys Leu Thr Asn Thr Gln Asp Lys Tyr Gly Arg Pro
 370 375 380

Val Leu Thr Leu Asn Asn Lys Arg Trp His Asp Pro Val Thr Glu Ala
 385 390 395 400

Pro Lys Leu Gly Thr Thr Glu Ile Trp Ser Ile Ile Asn Pro Met Gly
 405 410 415

Gly Thr His Pro Ile His Leu His Leu Val Ser Phe Gln Ile Leu Asp
 420 425 430

Arg Arg Pro Phe Asp Leu Glu Arg Tyr Asn Lys Phe Gly Asp Ile Val
 435 440 445

Tyr Thr Gly Pro Ala Val Pro Pro Pro Pro Ser Glu Lys Gly Trp Lys
 450 455 460

Asp Thr Val Gln Ala His Ser Gly Glu Val Ile Arg Ile Ala Ala Thr
 465 470 475 480

Phe Ala Pro Tyr Ser Gly Arg Tyr Val Trp His Cys His Ile Leu Glu
 485 490 495

His Glu Asp Tyr Asp Met Met Arg Pro Met Asp Val Thr Asp Lys Gln
 500 505 510

<210> 93
 <211> 512
 <212> PRT
 5 <213> *Bacillus spec*

<400> 93

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

Lys Pro Gln Lys Thr Ser Asn Gly Ser Thr Tyr Tyr Glu Val Thr Met
 20 25 30

Lys Glu Cys Phe His Lys Leu His Arg Asp Leu Pro Pro Thr Arg Leu
 35 40 45

Trp Gly Tyr Asn Gly Leu Phe Pro Gly Pro Thr Ile Asp Val Asn Gln
 50 55 60

ES 2 751 579 T3

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

ES 2 751 579 T3

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

<210> 95
 <211> 28

<212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

<400> 95

Lys Asp Phe Glu Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His
 1 5 10 15
 Tyr Pro Asn Gln Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr
 20 25

5 <210> 96
 <211> 28
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

<400> 96

Lys Asp Phe Glu Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His
 1 5 10 15
 Tyr Pro Asn Gln Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr
 20 25

10 <210> 97
 <211> 28
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

15 <400> 97

Lys Asp Phe Glu Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His
 1 5 10 15
 Tyr Pro Asn Gln Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr
 20 25

20 <210> 98
 <211> 28
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

<400> 98

Lys Asp Phe Glu Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His
 1 5 10 15
 Tyr Pro Asn Gln Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr
 20 25

25 <210> 99
 <211> 28
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

<400> 99

Lys Asp Phe Glu Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His
 1 5 10 15
 Tyr Pro Asn Gln Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr
 20 25

ES 2 751 579 T3

Lys Asp Phe Glu Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His
 1 5 10 15

Tyr Pro Asn Gln Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr
 20 25

<210> 105
 <211> 28
 <212> PRT
 5 <213> *Bacillus spec*

<400> 105

Lys Asp Phe Glu Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His
 1 5 10 15

Tyr Pro Asn Gln Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr
 20 25

<210> 106
 <211> 28
 10 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

<400> 106

Lys Asp Phe Glu Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His
 1 5 10 15

Tyr Pro Asn Gln Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr
 20 25

<210> 107
 <211> 28
 15 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

<400> 107

Lys Asp Phe Glu Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His
 1 5 10 15

Tyr Pro Asn Gln Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr

20 25

<210> 108
 <211> 28
 20 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

<400> 108

Lys Asp Phe Glu Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His
 1 5 10 15

Tyr Pro Asn Gln Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr
 20 25

25

ES 2 751 579 T3

<210> 109
 <211> 28
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

5 <400> 109
 Lys Asp Phe Glu Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His
 1 5 10 15
 Tyr Pro Asn Gln Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr
 20 25

<210> 110
 <211> 28
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

10 <400> 110
 Lys Asp Phe Glu Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His
 1 5 10 15
 Tyr Pro Asn Gln Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr
 20 25

<210> 111
 <211> 28
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

15 <400> 111
 Lys Asp Phe Glu Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His
 1 5 10 15
 Tyr Pro Asn Gln Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr
 20 25

<210> 112
 <211> 28
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

20 <400> 112
 Lys Asp Phe Glu Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His
 1 5 10 15
 Tyr Pro Asn Gln Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr
 20 25

<210> 113
 <211> 28
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

25 <400> 113

Lys Asp Leu Glu Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His
 1 5 10 15

Tyr Pro Asn Gln Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr
 20 25

<210> 114
 <211> 28
 <212> PRT
 5 <213> *Bacillus spec*

<400> 114

Lys Asp Phe Glu Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His
 1 5 10 15

Tyr Pro Asn Gln Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr
 20 25

<210> 115
 <211> 28
 10 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

<400> 115

Lys Asp Phe Glu Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His
 1 5 10 15

Tyr Pro Asn Gln Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr
 20 25

<210> 116
 <211> 28
 15 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

<400> 116

Lys Asp Phe Glu Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His
 1 5 10 15

Tyr Pro Asn Gln Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr
 20 25

<210> 117
 <211> 28
 20 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

<400> 117

Lys Asp Phe Glu Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His
 1 5 10 15

Tyr Pro Asn Gln Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr
 20 25

<210> 118
 <211> 28
 25 <212> PRT

<213> *Bacillus spec*

<400> 118

Lys Asp Phe Glu Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His
 1 5 10 15

Tyr Pro Asn Gln Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr
 20 25

<210> 119

5

<211> 28

<212> PRT

<213> *Bacillus spec*

<400> 119

Lys Asp Phe Glu Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His
 1 5 10 15

Tyr Pro Asn Gln Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr
 20 25

<210> 120

10

<211> 28

<212> PRT

<213> *Bacillus spec*

<400> 120

Lys Asp Phe Glu Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Ile Tyr His
 1 5 10 15

Tyr Pro Asn Gln Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr
 20 25

15

<210> 121

<211> 28

<212> PRT

<213> *Bacillus spec*

20

<400> 121

Lys Asp Phe Glu Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His
 1 5 10 15

Tyr Pro Asn Gln Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr
 20 25

<210> 122

<211> 28

<212> PRT

25

<213> *Bacillus spec*

<400> 122

Lys Asp Phe Glu Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His
 1 5 10 15

Tyr Pro Asn Gln Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr
 20 25

<210> 123
 <211> 28
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

5 <400> 123

Lys Asp Phe Glu Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His
 1 5 10 15

Tyr Pro Asn Gln Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr
 20 25

<210> 124
 <211> 28
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

10

<400> 124

Lys Asp Phe Glu Gln Thr Gly Pro Tyr Phe Lys Arg Glu Val Tyr His
 1 5 10 15

Tyr Pro Asn Gln Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr
 20 25

<210> 125
 <211> 28
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

15

<400> 125

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

Tyr Pro Asn Gln Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr
 20 25

<210> 126
 <211> 28
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

20

<400> 126

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

Tyr Pro Asn Gln Gln Arg Gly Ala Ile Leu Trp Tyr
 20 25

<210> 127
 <211> 28
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

25

<400> 127

ES 2 751 579 T3

Lys Asp Phe Lys Glu Thr Gly Pro Tyr Phe Glu Lys Glu Val Tyr His
 1 5 10 15

Tyr Pro Asn Lys Gln Arg Gly Ala Leu Leu Trp Tyr
 20 25

<210> 128
 <211> 28
 <212> PRT
 5 <213> *Bacillus spec*

<400> 128

Lys Asp Phe Lys Glu Thr Gly Pro Tyr Phe Glu Arg Glu Val Tyr His
 1 5 10 15

Tyr Pro Asn Lys Gln Arg Gly Ala Leu Leu Trp Tyr

20 25

<210> 129
 <211> 28
 10 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

<400> 129

Lys Asp Phe Lys Glu Thr Gly Pro Tyr Phe Glu Lys Glu Val Tyr His
 1 5 10 15

Tyr Pro Asn Lys Gln Arg Gly Ala Leu Leu Trp Tyr
 20 25

<210> 130
 <211> 28
 15 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

<400> 130

Lys Asp Phe Lys Glu Thr Gly Pro Tyr Phe Glu Lys Glu Val Tyr His
 1 5 10 15

Tyr Pro Asn Lys Gln Arg Gly Ala Leu Leu Trp Tyr
 20 25

<210> 131
 <211> 28
 20 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

<400> 131

Lys Asp Phe Lys Glu Thr Gly Pro Tyr Phe Glu Arg Glu Val Tyr His
 1 5 10 15

Tyr Pro Asn Lys Gln Arg Gly Ala Leu Leu Trp Tyr
 20 25

<210> 132
 <211> 28

<212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

<400> 132

Lys Asp Phe Lys Glu Thr Gly Pro Tyr Phe Glu Arg Glu Val Tyr His
 1 5 10 15
 Tyr Pro Asn Lys Gln Arg Gly Ala Leu Leu Trp Tyr
 20 25

5 <210> 133
 <211> 28
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

<400> 133

Lys Asp Phe Lys Glu Thr Gly Pro Tyr Phe Glu Lys Glu Val Tyr His
 1 5 10 15
 Tyr Pro Asn Lys Gln Arg Gly Ala Leu Leu Trp Tyr
 20 25

10 <210> 134
 <211> 28
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

<400> 134

Lys Asp Phe Lys Glu Thr Gly Pro Tyr Phe Glu Arg Glu Val Tyr His
 1 5 10 15
 Tyr Pro Asn Lys Gln Arg Gly Ala Leu Leu Trp Tyr
 20 25

20 <210> 135
 <211> 28
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

<400> 135

Lys Asp Phe Lys Glu Thr Gly Pro Tyr Phe Glu Lys Glu Val Tyr His
 1 5 10 15
 Tyr Pro Asn Lys Gln Arg Gly Ala Leu Leu Trp Tyr
 20 25

25 <210> 136
 <211> 28
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

<400> 136

Lys Asp Phe Lys Glu Thr Gly Pro Tyr Phe Glu Lys Glu Val Tyr His
 1 5 10 15
 Tyr Pro Asn Lys Gln Arg Gly Ala Leu Leu Trp Tyr
 20 25

ES 2 751 579 T3

<210> 137
 <211> 28
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

5 <400> 137

Lys Asp Phe Lys Glu Thr Gly Pro Tyr Phe Glu Arg Glu Val Tyr His
 1 5 10 15

Tyr Pro Asn Lys Gln Arg Gly Ala Leu Leu Trp Tyr
 20 25

<210> 138
 <211> 28
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

10

<400> 138

Arg Asp Phe Lys Glu Lys Gly Pro Tyr Phe Glu Lys Glu Val Tyr His
 1 5 10 15

Tyr Pro Asn Lys Gln Arg Gly Ala Leu Leu Trp Tyr
 20 25

<210> 139
 <211> 28
 <212> PRT
 <213> *Bacillus spec*

15

<400> 139

Arg Asp Phe Lys Glu Thr Gly Pro Tyr Phe Glu Lys Glu Val Tyr His
 1 5 10 15

Tyr Pro Asn Lys Gln Arg Gly Ala Leu Leu Trp Tyr
 20 25

REIVINDICACIONES

- 5 1. Un polipéptido con actividad de lacasa que consiste en una secuencia de aminoácidos que es al menos un 75 % idéntica a la secuencia de aminoácidos de acuerdo con la SEQ ID NO: 1, en el que el polipéptido comprende un resto de aminoácido pequeño seleccionado de entre el grupo que consiste en treonina, prolina, alanina, glicina, serina, cisteína, ácido aspártico, asparagina y valina en la posición de aminoácido correspondiente a la posición 149 de la SEQ ID NO: 1.
2. Un polipéptido de acuerdo con la reivindicación 1, en el que el resto de aminoácido pequeño es un resto de treonina.
- 10 3. Un polipéptido de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 o 2, que comprende una secuencia de aminoácidos que es al menos un 94 % idéntica a una secuencia de aminoácidos seleccionada de entre el grupo que consiste en las SEQ ID NO: 51 - 75 y las SEQ ID NO: 80 - 94.
4. Un polipéptido de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 - 3, en el que el polipéptido es un polipéptido aislado.
5. Una composición que comprende un polipéptido de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 - 4.
6. Un ácido nucleico que codifica un polipéptido de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 - 5.
- 15 7. Un vector que comprende un ácido nucleico de acuerdo con la reivindicación 6.
8. Una composición que comprende un ácido nucleico o un vector de acuerdo con las reivindicaciones 6 o 7.
9. Una célula huésped recombinante que comprende un ácido nucleico de acuerdo con la reivindicación 6, un vector de acuerdo con la reivindicación 7 o una composición de acuerdo con la reivindicación 8.
- 20 10. Una célula huésped recombinante de acuerdo con la reivindicación 9 seleccionada de entre el grupo que consiste en *Escherichia coli*, *Bacillus*, *Corynebacterium*, *Pseudomonas*, *Pichia pastoris*, *Saccharomyces cerevisiae*, *Yarrowia lipolytica*, hongos filamentosos, levaduras y células de insecto.
11. El procedimiento de producción de un polipéptido de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 - 5, que comprende las etapas de:
 - 25 a. el cultivo de una célula huésped recombinante de acuerdo con la reivindicación 9 o 10 en condiciones adecuadas para la producción del polipéptido, y
 - b. la recuperación del polipéptido obtenido, y
 - c. opcionalmente la purificación de dicho polipéptido.
- 30 12. El uso de un polipéptido de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 - 4 o una composición de acuerdo con la reivindicación 5 en una aplicación seleccionada de entre el grupo que consiste en la delignificación de pasta, degradación o disminución de la integridad estructural de material lignocelulósico, blanqueamiento de colorantes textiles, detoxificación de aguas residuales, detoxificación xenobiótica, producción de un azúcar a partir de un material lignocelulósico y recuperación de celulosa a partir de una biomasa.
- 35 13. Un procedimiento para la mejora del rendimiento de un polipéptido con actividad de lacasa en un sistema de expresión heterólogo, en el que el polipéptido consiste en una secuencia de aminoácidos que es al menos un 75 % idéntica a la secuencia de aminoácidos de acuerdo con la SEQ ID NO: 1, comprendiendo el procedimiento la etapa de cambio de la secuencia de aminoácidos del polipéptido en una posición correspondiente a la posición 149 de la SEQ ID NO: 1 por un resto de aminoácido pequeño seleccionado de entre el grupo que consiste en treonina, prolina, alanina, glicina, serina, cisteína, ácido aspártico, asparagina y valina.
- 40 14. El procedimiento de la reivindicación 13 en el que el polipéptido con actividad de lacasa es una proteína de revestimiento de esporas, preferentemente codificada por una especie de *Bacillus*, más preferentemente el *Bacillus subtilis*.
15. Un procedimiento de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 13 o 14, en el que el aminoácido pequeño es un resto de treonina.

Figura 1

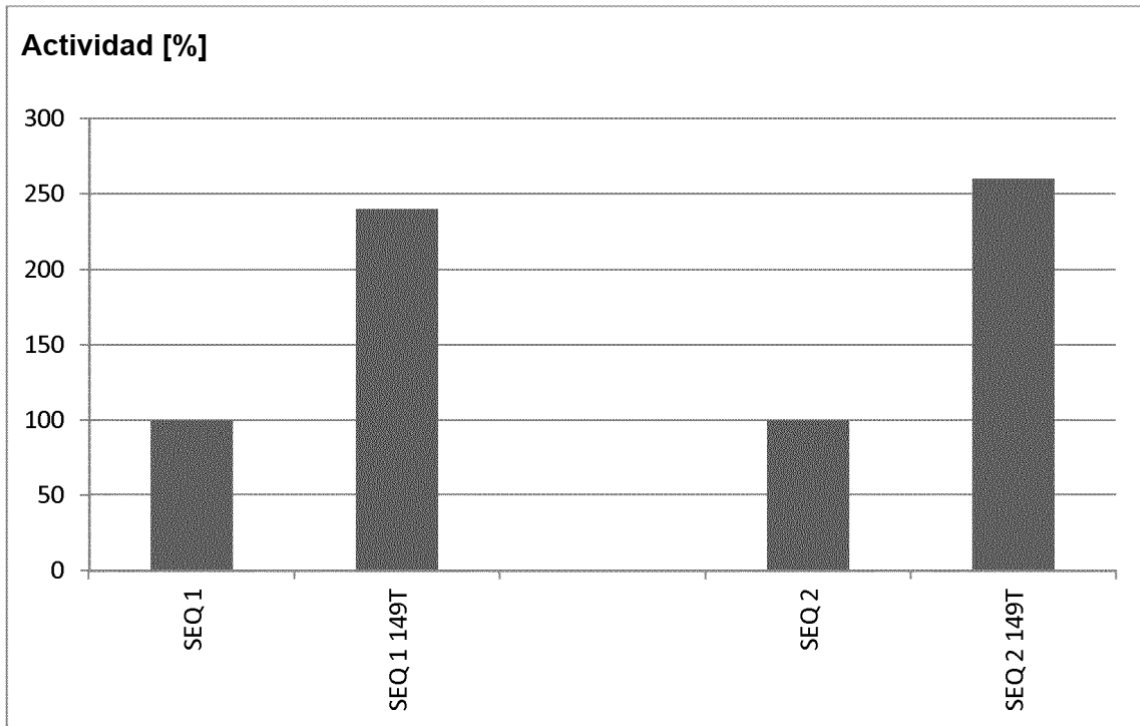


Figura 2

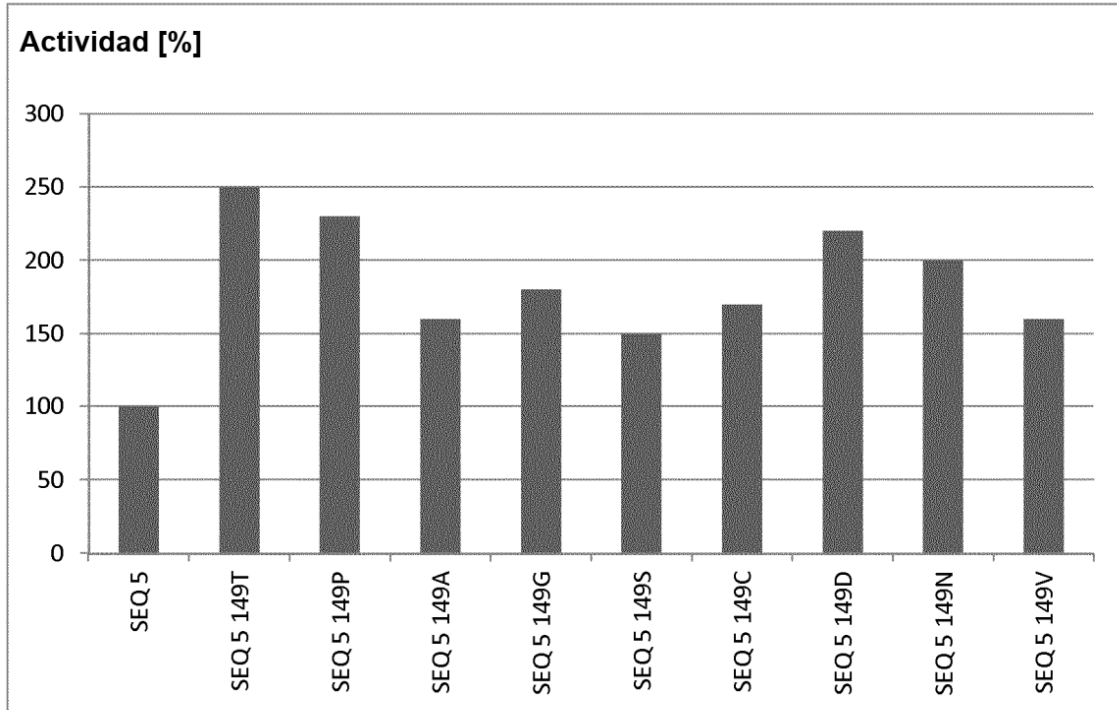


Figura 3

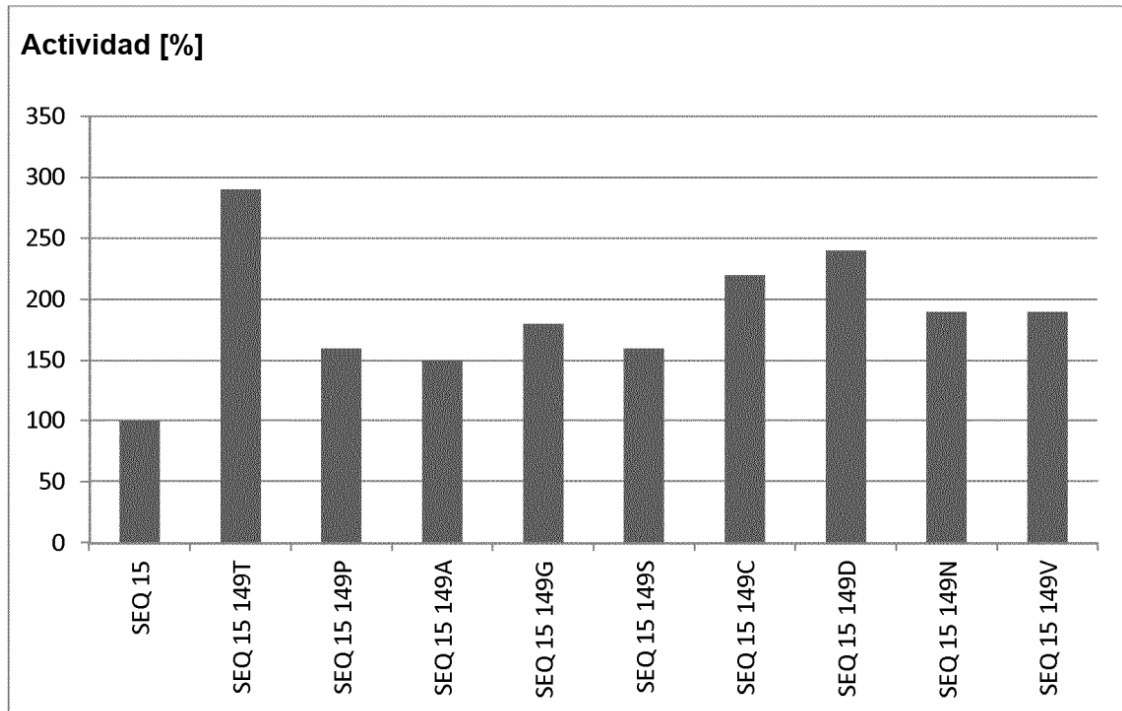


Figura 4

