

19



OFICINA ESPAÑOLA DE  
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 757 053**

51 Int. Cl.:

**C12N 9/24** (2006.01)

**C12N 15/82** (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **09.07.2015 PCT/EP2015/065754**

87 Fecha y número de publicación internacional: **14.01.2016 WO16005522**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **09.07.2015 E 15736825 (9)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **11.09.2019 EP 3167055**

54 Título: **Polipéptidos con actividad de xilanasas y polinucleótidos que codifican los mismos**

30 Prioridad:

**10.07.2014 EP 14176473**

**09.09.2014 EP 14184066**

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

**28.04.2020**

73 Titular/es:

**NOVOZYMES A/S (100.0%)**

**Krogshoejvej 36**

**2880 Bagsvaerd, DK**

72 Inventor/es:

**BLOM, CHARLOTTE;**

**PEDERSEN, NINFA RANGEL;**

**PETTERSSON, DAN;**

**EKLÖF, JENS MAGNUS;**

**KROGH, KRISTIAN BERTEL ROEMER M.;**

**BORCHERT, MARTIN SIMON;**

**SEGURA, DOROTEA RAVENTOS;**

**ILMBERGER, NELE;**

**STREIT, WOLFGANG y**

**SALOMON, JESPER**

74 Agente/Representante:

**TOMAS GIL, Tesifonte Enrique**

ES 2 757 053 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

Polipéptidos con actividad de xilanasas y polinucleótidos que codifican los mismos

### Referencia a un listado de secuencias

5 [0001] Esta solicitud contiene un listado de secuencias en forma legible por ordenador, que se incorpora en la presente por referencia.

### Antecedentes de la invención

#### Campo de la invención

10 [0002] La presente se refiere a polipéptidos con actividad de xilanasas y polinucleótidos que codifican los polipéptidos. La divulgación también se refiere a construcciones de ácido nucleico, vectores y células huésped que comprenden los polinucleótidos, así como métodos de producción y uso de los polipéptidos. La divulgación también se refiere a composiciones que comprenden los polipéptidos de la invención y el uso de los polipéptidos de la invención para liberar xilosa y en pienso para animales.

#### Descripción de las técnicas relacionadas

15 [0003] Los xilanos son hemicelulosas que se encuentran en todas las plantas terrestres (Popper and Tuohy, Plant Physiology, 2010, 153: 373-383). Son especialmente abundantes en las paredes celulares secundarias y las células de xilema. En las hierbas, con paredes celulares de tipo II, los glucurono arabinoxilanos son la hemicelulosa principal y están presentes como fibra alimentaria soluble o insoluble en muchos alimentos y piensos a base de hierbas.

20 [0004] Los xilanos vegetales tienen un esqueleto de xilopiranosas unido en  $\beta$ -1,4 que se puede sustituir en la posición O2 u O3 con arabinosa, ácido glucurónico y ácido acético de una manera específica de la especie y del tejido. Las semillas ricas en almidón de la *Panicoideae* con especies económicamente importantes tales como el maíz y el sorgo tienen tipos especiales de xilanos altamente sustituidos en sus paredes celulares. En comparación con la harina de trigo, donde más del 60% de las unidades de xilosilo en el esqueleto de arabinoxilano no están sustituidas. En el xilano de los granos de maíz, el porcentaje correspondiente de xilosilos del esqueleto no sustituidos es del 20-30%, y en el sorgo es del 35-40% (Huisman et al. Carbohydrate Polymers, 2000, 42: 269-279). Además, en el maíz y el sorgo, las cadenas laterales de xilano pueden ser más largas que una sustitución única de arabinosa o ácido glucurónico, que es común en otros xilanos. Esta complejidad de cadena lateral añadida es a menudo debida a azúcares L- y D-galactosa y D-xilosa unidos a la cadena lateral de la arabinosa o el ácido glucurónico. Aproximadamente cada décima arabinosa en el xilano de grano de maíz también está esterificada con un ácido ferúlico y aproximadamente cada cuarta xilosa lleva una acetilación (Agger et al. J. Agric. Food Chem, 2010, 58: 6141-6148). Todos estos factores combinados hacen a los xilanos altamente sustituidos en el maíz y el sorgo resistentes a la degradación por las xilanasas tradicionales.

35 [0005] Las enzimas conocidas responsables de la hidrólisis del esqueleto de xilano se clasifican en familias de enzimas en función de la similitud de secuencia ([www.cazy.org](http://www.cazy.org)). Las enzimas principalmente con actividad de endo-xilanasas se han descrito previamente en la familia de las glicosidas hidrolasas (GH) 5, 8, 10, 11 y 30. Las enzimas incluidas en una familia comparten algunas características tal como el plegamiento 3D y comparten normalmente el mismo mecanismo de reacción. Algunas familias de GH tienen especificidades de sustrato estrechas o monoespecíficas, mientras que otras familias tienen amplias especificidades de sustrato.

40 [0006] WO2005/003319 sugiere el uso de polipéptidos que tienen actividad de glucanasa, donde el polipéptido se selecciona de entre más de 250 secuencias diferentes en una multitud de aplicaciones diferentes. WO2009/108941 sugiere el uso de más de 500 secuencias polipeptídicas diferentes con muchas actividades, tal como actividad de celulasa, ligninasa, beta glucosidasa, hemicelulasa, xilanasas, alfa-amilasa, amiloglicosidasa, pectato liasa, cutinasa, lipasa, pectoliasa o alfa-amilasa maltogénica en una multitud de aplicaciones diferentes.

45 [0007] Las xilanasas GH10 y GH11 disponibles comercialmente se usan a menudo para descomponer el esqueleto de xilosa del arabinoxilano. En pienso para animales esto resulta en una degradación de la pared celular de cereales con una mejora posterior en la liberación de nutrientes (almidón y proteína) encapsulados en las células. La degradación del xilano resulta también en la formación de oligómeros de xilosa que se pueden utilizar para la fermentación intestinal posterior y, por lo tanto, puede ayudar a un animal a obtener energía más digerible. Sin embargo, tales xilanasas son sensibles al impedimento estérico de la cadena lateral y, aunque son eficaces en la

degradación del arabinoxilano de trigo, no son muy eficaces sobre el xilano que se encuentra en las semillas de las especies de *Panicoideae*, tal como el maíz o el sorgo.

5 [0008] El resultado de la hidrólisis de maíz desalmidonado desgrasado (DFDSM, que es maíz donde se elimina el almidón libre) usando 3 xilanasas disponibles comercialmente se muestra en el ejemplo 6. El ejemplo 7 muestra los resultados de la hidrólisis de DFDSM usando otras xilanasas GH10 y GH11 conocidas (tales como las descritas en WO2003/062409, WO2011/057140, WO2005/079585, WO2014/019220, WO2014/020143 y WO 2013/068550). Ambos ejemplos 6 y 7 muestran que estas xilanasas del estado de la técnica son incapaces de solubilizar (hidrolizar) el esqueleto de xilano ramificado en maíz. Además, como se muestra en el ejemplo 8, las arabinofuranosidasas GH43 y GH51 descritas en WO 2006/114095 son también incapaces de solubilizar el esqueleto de xilano ramificado en maíz ya sea solas o en combinación con una xilanasas GH10 o GH11.

10 [0009] El maíz se usa alrededor del mundo en pienso para animales y así existe una necesidad de descubrir polipéptidos nuevos con actividad de xilanasas que son capaces de descomponer el esqueleto de xilano altamente ramificado en la pared celular para liberar más xilosa y otros nutrientes que están retenidos dentro de la pared celular. El objetivo de esta invención es proporcionar xilanasas que son capaces de solubilizar este esqueleto de xilano altamente ramificado encontrado en el maíz.

### Resumen de la invención

[0010] La presente invención se refiere a un método para liberar xilosa a partir de material vegetal, que comprende tratar material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas, donde el polipéptido GH5 con actividad de xilanasas:

- 20 (A) comprende uno o más de los siguientes motivos:
- (a) motivo I: G[F/Y][A/S][V/G/A/I]HX[Y][P/M] (SEQ ID NO: 19),
  - (b) motivo II: [I/L/V][H/I/L/M/V][F/I/Y][D/E][I/L/V]XNEP (SEQ ID NO: 20),
  - (c) motivo III: [D/G][A/T/W]XX[N/T]X[FILV]R[A/L/M][A/F/H][I/L/M] (SEC ID NO:21); o

(B) comprende un polipéptido seleccionado del grupo que consiste en:

- 25 (a) un polipéptido con al menos el 99,3% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 3;
- (b) un polipéptido con al menos el 83% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 9;
- (c) un polipéptido con al menos el 80% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 15;
- (d) un polipéptido con al menos el 95% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 27;
- 30 (e) un polipéptido con al menos el 80% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 39;
- (f) un polipéptido con al menos el 80% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 45;
- (g) un polipéptido con al menos el 97,5% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 67;
- (h) un polipéptido con al menos el 98,8% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 73;
- (i) un polipéptido con al menos el 83% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 79;
- (j) un polipéptido con al menos el 90% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 85;
- 35 (k) un polipéptido con al menos el 80% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 91;
- (l) un polipéptido con al menos el 96% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 97;
- (m) un polipéptido con al menos el 85% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 103;
- (n) un polipéptido con al menos el 82% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 109;
- (o) un polipéptido con al menos el 96% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 115;
- 40 (p) un polipéptido con al menos el 96% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 121;
- (q) un polipéptido con al menos el 80% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 127;
- (s) un polipéptido que comprende el polipéptido de (a), (b), (c), (d), (e), (f), (g), (h), (i), (j), (k), (l), (m), (n), (o),
- (p) o (q) y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal; o

(C) comprende el polipéptido de (B), donde el polipéptido de (B) comprende uno o más motivos de (A).

45 [0011] La invención se refiere además a un polipéptido aislado con actividad de xilanasas, seleccionado del grupo que consiste en:

- 50 (a) un polipéptido con al menos el 99,3% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 3;
- (b) un polipéptido con al menos el 83% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 9;
- (c) un polipéptido con al menos el 80% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 15;
- (d) un polipéptido con al menos el 95% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 27;
- (e) un polipéptido con al menos el 80% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 39;
- (f) un polipéptido con al menos el 80% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 45;

- (g) un polipéptido con al menos el 97,5% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 67;  
 (h) un polipéptido con al menos el 98,8% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 73;  
 (i) un polipéptido con al menos el 83% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 79;  
 (j) un polipéptido con al menos el 90% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 85;  
 5 (k) un polipéptido con al menos el 80% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 91;  
 (l) un polipéptido con al menos el 96% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 97;  
 (m) un polipéptido con al menos el 85% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 103;  
 (n) un polipéptido con al menos el 82% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 109;  
 (o) un polipéptido con al menos el 96% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 115;  
 10 (p) un polipéptido con al menos el 96% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 121;  
 (q) un polipéptido con al menos el 80% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 127; y  
 (x) un polipéptido que comprende el polipéptido de (a), (b), (c), (d), (e), (f), (g), (h), (i), (j), (k), (l), (m), (n), (o),  
 (p) o (q), y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal.

[0012] La invención también se refiere a composiciones, tales como pienso para animales o aditivos de pienso para animales, que comprenden el polipéptido de la invención; métodos de mejora del rendimiento de un animal; métodos de preparación de un pienso para animales; métodos para mejorar el valor nutricional de un pienso para animales; polinucleótidos que codifican los polipéptidos de la presente invención; construcciones de ácido nucleico; vectores de expresión; células huésped recombinantes que comprenden los polinucleótidos; métodos de producción de los polipéptidos y usos de los mismos.

20 **Visión general del listado de secuencias**

[0013]

- La SEQ ID NO: 1 es la secuencia de ADN de la xilanasa GH5 aislada de *Paenibacillus illinoisensis*.  
 La SEQ ID NO: 2 es la secuencia de aminoácidos deducida a partir de la SEQ ID NO: 1.  
 La SEQ ID NO: 3 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura de *Paenibacillus illinoisensis*.  
 25 La SEQ ID NO: 4 es la secuencia de ADN de la secuencia de ADN expresada recombinante de la SEQ ID NO: 1 con una etiqueta HQ y un péptido señal Savinase.  
 La SEQ ID NO: 5 es la secuencia de aminoácidos deducida a partir de la SEQ ID NO: 4.  
 La SEQ ID NO: 6 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura obtenida a partir de la SEQ ID NO: 4.  
 30 La SEQ ID NO: 7 es la secuencia de ADN de la xilanasa GH5 aislada de *Paenibacillus* sp-18054.  
 La SEQ ID NO: 8 es la secuencia de aminoácidos deducida de la SEQ ID NO: 7.  
 La SEQ ID NO: 9 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura de *Paenibacillus* sp-18054.  
 La SEQ ID NO: 10 es la secuencia de ADN de la secuencia de ADN expresada recombinante de la SEQ ID NO: 7 con una etiqueta de polihistidina y un péptido señal Savinase.  
 35 La SEQ ID NO: 11 es la secuencia de aminoácidos deducida de la SEQ ID NO: 10.  
 La SEQ ID NO: 12 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura obtenida a partir de la SEQ ID NO: 10.  
 La SEQ ID NO: 13 es la secuencia de ADN de la xilanasa GH5 aislada de metagenoma de estiércol de elefante.  
 40 La SEQ ID NO: 14 es la secuencia de aminoácidos deducida a partir de la SEQ ID NO: 13.  
 La SEQ ID NO: 15 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura de metagenoma de estiércol de elefante.  
 La SEQ ID NO: 16 es la secuencia de ADN de la secuencia de ADN expresada recombinante de la SEQ ID NO: 13 con una etiqueta de polihistidina y un péptido señal Savinase.  
 45 La SEQ ID NO: 17 es la secuencia de aminoácidos deducida a partir de la SEQ ID NO: 16.  
 La SEQ ID NO: 18 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura obtenida a partir de la SEQ ID NO: 16.  
 La SEQ ID NO: 19 es el motivo I conservado de la xilanasa GH5.  
 La SEQ ID NO: 20 es el motivo II conservado de la xilanasa GH5.  
 50 La SEQ ID NO: 21 es el motivo III conservado de la xilanasa GH5.  
 La SEQ ID NO: 22 es la señal de secreción de *Bacillus clausii*.  
 La SEQ ID NO: 23 es la secuencia de la etiqueta de polihistidina.  
 La SEQ ID NO: 24 es la secuencia de la etiqueta HQ.  
 La SEQ ID NO: 25 es la secuencia de ADN de la xilanasa GH5 aislada de *Chryseobacterium* sp-10696.  
 55 La SEQ ID NO: 26 es la secuencia de aminoácidos deducida a partir de la SEQ ID NO: 25.  
 La SEQ ID NO: 27 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura de *Chryseobacterium* sp-10696.  
 La SEQ ID NO: 28 es la secuencia de ADN de la secuencia de ADN expresada recombinante de la SEQ ID NO: 25 con una etiqueta HQ y un péptido señal Savinase.  
 60 La SEQ ID NO: 29 es la secuencia de aminoácidos deducida a partir de la SEQ ID NO: 28.

## ES 2 757 053 T3

- La SEQ ID NO: 30 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura obtenida a partir de la SEQ ID NO: 29.
- La SEQ ID NO: 31 es la secuencia de ADN de la xilanasa GH5 aislada de metagenoma de estiércol de elefante.
- 5 La SEQ ID NO: 32 es la secuencia de aminoácidos deducida a partir de la SEQ ID NO: 31.
- La SEQ ID NO: 33 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura de metagenoma de estiércol de elefante.
- La SEQ ID NO: 34 es la secuencia de ADN de la secuencia de ADN expresada recombinante de la SEQ ID NO: 31 con una etiqueta HQ y un péptido señal Savinase.
- 10 La SEQ ID NO: 35 es la secuencia de aminoácidos deducida a partir de la SEQ ID NO: 34.
- La SEQ ID NO: 36 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura obtenida a partir de la SEQ ID NO: 34.
- La SEQ ID NO: 37 es la secuencia de ADN de la xilanasa GH5 aislada de metagenoma de estiércol de elefante.
- 15 La SEQ ID NO: 38 es la secuencia de aminoácidos deducida a partir de la SEQ ID NO: 37.
- La SEQ ID NO: 39 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura de metagenoma de estiércol de elefante.
- La SEQ ID NO: 40 es la secuencia de ADN de la secuencia de ADN expresada recombinante de la SEQ ID NO: 37 con una etiqueta HQ y un péptido señal Savinase.
- 20 La SEQ ID NO: 41 es la secuencia de aminoácidos deducida a partir de la SEQ ID NO: 40.
- La SEQ ID NO: 42 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura obtenida a partir de la SEQ ID NO: 40.
- La SEQ ID NO: 43 es la secuencia de ADN de la xilanasa GH5 aislada de metagenoma de estiércol de elefante.
- 25 La SEQ ID NO: 44 es la secuencia de aminoácidos deducida a partir de la SEQ ID NO: 43.
- La SEQ ID NO: 45 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura de metagenoma de estiércol de elefante.
- La SEQ ID NO: 46 es la secuencia de ADN de la secuencia de ADN expresada recombinante de la SEQ ID NO: 43 con una etiqueta HQ y un péptido señal Savinase.
- 30 La SEQ ID NO: 47 es la secuencia de aminoácidos deducida de la SEQ ID NO: 46.
- La SEQ ID NO: 48 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura obtenida a partir de la SEQ ID NO: 46.
- La SEQ ID NO: 49 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH10 madura de *Aspergillus aculeatus* descrita como la SEQ ID NO: 5 (Xyl II) en WO 1994/021785.
- 35 La SEQ ID NO: 50 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH10 madura de *Aspergillus aculeatus* descrita como la SEQ ID NO: 8 en WO 2005/059084.
- La SEQ ID NO: 51 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH11 madura de *Thermomyces lanuginosus* descrita como la SEQ ID NO: 2 en WO1996/23062.
- La SEQ ID NO: 52 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH11 madura de *Dictyoglomus thermophilum* descrita como la SEQ ID NO: 305 de WO2011/057140.
- 40 La SEQ ID NO: 53 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH11 madura de *Paenibacillus pabuli* descrita como la SEQ ID NO: 2 de WO2005/079585.
- La SEQ ID NO: 54 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH11 madura de *Fusarium oxysporum* (FoxXyn 6) descrita como la SEQ ID NO: 8 en WO2014/019220.
- 45 La SEQ ID NO: 55 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH11 madura de *Aspergillus clavatus* (AclXyn5) descrita como la SEQ ID NO: 8 en WO2014/020143.
- La SEQ ID NO: 56 es la secuencia de aminoácidos de la arabinofuranosidasa GH43 de *Humicola insolens* descrita como la SEQ ID NO: 1 en WO2006/114095.
- La SEQ ID NO: 57 es la secuencia de aminoácidos de la arabinofuranosidasa GH51 de *Meripilus giganteus* descrita como la SEQ ID NO: 2 en WO2006/114095.
- 50 La SEQ ID NO: 58 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH10 madura de *Thermotoga maritima* MSB8 (XynB) descrita como la SEQ ID NO: 1 en WO 2013/068550.
- La SEQ ID NO: 59 es el motivo I-B conservado de la xilanasa GH5.
- La SEQ ID NO: 60 es el motivo I-C conservado de la xilanasa GH5.
- 55 La SEQ ID NO: 61 es el motivo II-B conservado de la xilanasa GH5.
- La SEQ ID NO: 62 es el motivo II-C conservado de la xilanasa GH5.
- La SEQ ID NO: 63 es el motivo III-B conservado de la xilanasa GH5.
- La SEQ ID NO: 64 es el motivo III-C conservado de la xilanasa GH5.
- La SEQ ID NO: 65 es la secuencia de ADN de la xilanasa GH5 aislada a partir de *Paenibacillus campinasensis* (D24B7W).
- 60 La SEQ ID NO: 66 es la secuencia de aminoácidos deducida a partir de la SEQ ID NO: 65 (P34FE8).
- La SEQ ID NO: 67 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura de *Paenibacillus campinasensis*.
- La SEQ ID NO: 68 es la secuencia de ADN de la secuencia de ADN expresada recombinante de la SEQ ID NO: 65 con una etiqueta HQ y un péptido señal Savinase.
- 65 La SEQ ID NO: 69 es la secuencia de aminoácidos deducida a partir de la SEQ ID NO: 68.

## ES 2 757 053 T3

- La SEQ ID NO: 70 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura obtenida a partir de la SEQ ID NO: 68.
- La SEQ ID NO: 71 es la secuencia de ADN de la xilanasa GH5 aislada de *Paenibacillus* sp-62250.
- La SEQ ID NO: 72 es la secuencia de aminoácidos deducida de la SEQ ID NO: 71.
- 5 La SEQ ID NO: 73 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura de *Paenibacillus* sp-62250.
- La SEQ ID NO: 74 es la secuencia de ADN de la secuencia de ADN expresada recombinante de la SEQ ID NO: 71 con una etiqueta HQ y un péptido señal Savinase.
- La SEQ ID NO: 75 es la secuencia de aminoácidos deducida de la SEQ ID NO: 74.
- 10 La SEQ ID NO: 76 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura obtenida a partir de la SEQ ID NO: 74.
- La SEQ ID NO: 77 es la secuencia de ADN de la xilanasa GH5 aislada de *Paenibacillus favisporus*.
- La SEQ ID NO: 78 es la secuencia de aminoácidos deducida de la SEQ ID NO: 77.
- La SEQ ID NO: 79 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura de *Paenibacillus favisporus*.
- 15 La SEQ ID NO: 80 es la secuencia de ADN de la secuencia de ADN expresada recombinante de la SEQ ID NO: 77 con una etiqueta HQ y un péptido señal Savinase.
- La SEQ ID NO: 81 es la secuencia de aminoácidos deducida de la SEQ ID NO: 80.
- La SEQ ID NO: 82 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura obtenida a partir de la SEQ ID NO: 80.
- 20 La SEQ ID NO: 83 es la secuencia de ADN de la xilanasa GH5 aislada de *Paenibacillus tundra*.
- La SEQ ID NO: 84 es la secuencia de aminoácidos deducida de la SEQ ID NO: 83.
- La SEQ ID NO: 85 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura de *Paenibacillus tundrae*.
- La SEQ ID NO: 86 es la secuencia de ADN de la secuencia de ADN expresada recombinante de la SEQ ID NO: 83 con una etiqueta HQ y un péptido señal Savinase.
- 25 La SEQ ID NO: 87 es la secuencia de aminoácidos deducida de la SEQ ID NO: 86.
- La SEQ ID NO: 88 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura obtenida a partir de la SEQ ID NO: 86.
- 30 La SEQ ID NO: 89 es la secuencia de ADN de la xilanasa GH5 aislada de *Paenibacillus* sp-62603.
- La SEQ ID NO: 90 es la secuencia de aminoácidos deducida de la SEQ ID NO: 89.
- La SEQ ID NO: 91 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura de *Paenibacillus* sp-62603.
- 35 La SEQ ID NO: 92 es la secuencia de ADN de la secuencia de ADN expresada recombinante de la SEQ ID NO: 89 con una etiqueta HQ y un péptido señal Savinase.
- La SEQ ID NO: 93 es la secuencia de aminoácidos deducida de la SEQ ID NO: 92.
- La SEQ ID NO: 94 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura obtenida a partir de la SEQ ID NO: 92.
- 40 La SEQ ID NO: 95 es la secuencia de ADN de la xilanasa GH5 aislada de *Paenibacillus* sp-19179.
- La SEQ ID NO: 96 es la secuencia de aminoácidos deducida de la SEQ ID NO: 95.
- La SEQ ID NO: 97 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura de *Paenibacillus* sp-19179.
- La SEQ ID NO: 98 es la secuencia de ADN de la secuencia de ADN expresada recombinante de la SEQ ID NO: 95 con una etiqueta HQ y un péptido señal Savinase.
- 45 La SEQ ID NO: 99 es la secuencia de aminoácidos deducida de la SEQ ID NO: 98.
- La SEQ ID NO: 100 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura obtenida a partir de la SEQ ID NO: 98.
- La SEQ ID NO: 101 es la secuencia de ADN de la xilanasa GH5 aislada de *Paenibacillus* sp-62332.
- 50 La SEQ ID NO: 102 es la secuencia de aminoácidos deducida de la SEQ ID NO: 101.
- La SEQ ID NO: 103 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura de *Paenibacillus* sp-62332.
- La SEQ ID NO: 104 es la secuencia de ADN de la secuencia de ADN expresada recombinante de la SEQ ID NO: 101 con una etiqueta HQ y un péptido señal Savinase.
- 55 La SEQ ID NO: 105 es la secuencia de aminoácidos deducida de la SEQ ID NO: 104.
- La SEQ ID NO: 106 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura obtenida a partir de la SEQ ID NO: 104.
- La SEQ ID NO: 107 es la secuencia de ADN de la xilanasa GH5 aislada de *Paenibacillus* sp-62248.
- La SEQ ID NO: 108 es la secuencia de aminoácidos deducida de la SEQ ID NO: 107.
- La SEQ ID NO: 109 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura de *Paenibacillus* sp-62248.
- 60 La SEQ ID NO: 110 es la secuencia de ADN de la secuencia de ADN expresada recombinante de la SEQ ID NO: 107 con una etiqueta HQ y un péptido señal Savinase.
- La SEQ ID NO: 111 es la secuencia de aminoácidos deducida de la SEQ ID NO: 110.
- La SEQ ID NO: 112 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura obtenida a partir de la SEQ ID NO: 110.
- 65 La SEQ ID NO: 113 es la secuencia de ADN de la xilanasa GH5 aislada de *Paenibacillus xilanexedens*.
- La SEQ ID NO: 114 es la secuencia de aminoácidos deducida de la SEQ ID NO: 113.
- La SEQ ID NO: 115 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura de *Paenibacillus xilanexedens*.
- La SEQ ID NO: 116 es la secuencia de ADN de la secuencia de ADN expresada recombinante de la SEQ ID NO: 113 con una etiqueta HQ y un péptido señal Savinase.
- La SEQ ID NO: 117 es la secuencia de aminoácidos deducida de la SEQ ID NO: 116.

La SEQ ID NO: 118 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura obtenida a partir de la SEQ ID NO: 116.

La SEQ ID NO: 119 es la secuencia de ADN de la xilanasa GH5 aislada de *Paenibacillus chitinolyticus*.

La SEQ ID NO: 120 es la secuencia de aminoácidos deducida de la SEQ ID NO: 119.

5 La SEQ ID NO: 121 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura de *Paenibacillus chitinolyticus*.

La SEQ ID NO: 122 es la secuencia de ADN de la secuencia de ADN expresada recombinante de la SEQ ID NO: 119 con una etiqueta HQ y un péptido señal Savinase.

La SEQ ID NO: 123 es la secuencia de aminoácidos deducida de la SEQ ID NO: 122.

10 La SEQ ID NO: 124 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura obtenida a partir de la SEQ ID NO: 122.

La SEQ ID NO: 125 es la secuencia de ADN de la xilanasa GH5 aislada a partir de metagenoma de compost.

La SEQ ID NO: 126 es la secuencia de aminoácidos deducida de la SEQ ID NO: 125.

La SEQ ID NO: 127 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura de metagenoma de compost.

15 La SEQ ID NO: 128 es la secuencia de ADN de la secuencia de ADN expresada recombinante de la SEQ ID NO: 125 con una etiqueta de polihistidina y un péptido señal Savinase.

La SEQ ID NO: 129 es la secuencia de aminoácidos deducida de la SEQ ID NO: 128.

La SEQ ID NO: 130 es la secuencia de aminoácidos de la xilanasa GH5 madura obtenida a partir de la SEQ ID NO: 128.

## Definiciones

20 [0014] **Variante alélica:** el término "variante alélica" significa cualquiera de dos o más formas alternativas de un gen que ocupa el mismo locus cromosómico. La variación alélica surge naturalmente a través de la mutación y puede resultar en polimorfismo dentro de las poblaciones. Las mutaciones de genes pueden ser silenciosas (sin cambios en el polipéptido codificado) o puede codificar polipéptidos que tienen secuencias de aminoácidos modificadas. Una variante alélica de un polipéptido es un polipéptido codificado por una variante alélica de un gen.

25 [0015] **Animal:** el término "animal(es)" se refiere a todos los animales excepto los seres humanos. Ejemplos de animales son no rumiantes y rumiantes. Los animales rumiantes incluyen, por ejemplo, animales tales como la oveja, cabras, ganado bovino, por ejemplo, ganado bovino para carne, vacas y terneros jóvenes, el ciervo, el yak, el camello, la llama y el canguro. Los animales no rumiantes incluyen animales monogástricos, por ejemplo, cerdos o ganado porcino (incluidos, pero de forma no limitativa, lechones, cerdos en crecimiento y cerdas); aves tales como pavos, patos y pollos (incluidos, pero de forma no limitativa, pollos para asar, gallinas ponedoras); caballos (incluidos, pero de forma no limitativa, de sangre caliente, de sangre fría y de sangre templada), terneros jóvenes; peces (incluidos, pero de forma no limitativa, pez limón, arapaima, barbo, ródalo, anjova, bocachico, brema, chorlito, cachama, carpa, siluro, catla, sábalo, salvelino, cíclido, cobia, bacalao, *Pomoxis*, dorado, esciénido, anguila, gobio, carpa dorada, gurami, mero, guapote, fletán, barbo de Java, labeo, lai, locha, caballa, sabalote, mojarra, *Neochanna*, lisa, paco, *Etroplus suratensis*, pejerrey, perca, lucio, pámpano, rutilo, salmón, salpa, lucioperca canadiense, lubina, panga, carpita, eleótrido, cabeza de serpiente, pargo, róbalo, lenguado, sigano, esturión, pez luna, pez dulce, tenca, terror, tilapia, trucha, atún, rodaballo, corégono, lucioperca americana y farra); y crustáceos (incluidos, pero de forma no limitativa, langostinos y gambas).

40 [0016] **Pienso para animales:** el término "pienso para animales" se refiere en cualquier compuesto, preparación o mezcla adecuada para, o destinada a, que la tome un animal. El pienso para animales para un animal monogástrico comprende típicamente concentrados así como vitaminas, minerales, enzimas, ingredientes microbianos de administración directa, aminoácidos y/u otros ingredientes alimentarios (tal como en una premezcla) mientras que el pienso para animales para rumiantes comprende generalmente forraje (incluyendo forraje basto y ensilaje) y puede comprender además concentrados así como vitaminas, minerales, enzimas, ingredientes microbianos de administración directa, aminoácidos y/u otros ingredientes alimentarios (tal como en una premezcla).

50 [0017] **Material que contiene arabinoxilano:** el término "material que contiene arabinoxilano" significa cualquier material que contiene arabinoxilano. El arabinoxilano es una hemicelulosa que se encuentra en las paredes celulares tanto primarias como secundarias de las plantas, incluidas las maderas y los granos de cereales, consistente en copolímeros de dos azúcares de pentosa, la arabinosa y la xilosa. La cadena de arabinoxilano contiene un gran número de unidades de xilosa con enlace 1,4. Muchas unidades de xilosa están sustituidas con residuos de arabinosa sustituidos en 2-, 3- o 2,3.

55 [0018] Ejemplos de material que contiene arabinoxilano son el forraje, el forraje basto, las semillas y los granos (ya sea enteros o preparados por trituración, molienda, etc. a partir de, por ejemplo, maíz, avena, centeno, cebada, trigo), los árboles o las maderas duras (tales como de álamo, sauce, eucalipto, palma, arce, abedul), el bambú, las plantas de cultivo herbáceas y/o leñosas energéticas, las plantas de cultivo agrícolas para alimento y pienso, los productos de pienso para animales, las cáscaras de mandioca, las vainas de cacao, la caña de azúcar, la remolacha azucarera, la pulpa de algarroba, los bagazos de vegetales o frutas, los residuos de madera, corteza, las virutas, el serrín, la pulpa de madera, el licor de la fabricación de pasta, los residuos de papel, el cartón, los residuos de

madera de la construcción y la demolición, los sólidos o lodos de aguas residuales industriales o municipales, el estiércol, el subproducto de los procesos de la elaboración de cerveza y/o de fermentación, los residuos de destilería húmedos, los residuos de destilería secos, el grano agotado, la vinaza y el bagazo.

5 [0019] El forraje tal y como se define en la presente incluye también el forraje basto. El forraje es material vegetal fresco tal como el heno y el ensilaje de plantas forrajeras, las hierbas y otras plantas forrajeras, las hierbas y otras plantas forrajeras, las algas, los granos germinados y las leguminosas, o cualquier combinación de los mismos. Ejemplos de plantas forrajeras son la alfalfa (mielga), el cuernecillo, las crucíferas (por ejemplo, la col, la colza (canola), la naba (colinabo), nabo), los tréboles (por ejemplo, el trébol híbrido, el trébol rojo, el trébol subterráneo, el trébol blanco), las hierbas (por ejemplo, la grama, el bromo, la hierba triguera, la festuca, el triguillo del agua, las poas, *Miscanthus*, el pasto ovillo, el raigrás, el pasto varilla, el fleo de los prados), el maíz, el cáñamo, el mijo, la cebada, la avena, el centeno, el sorgo, la soja y el trigo y las verduras tales como las remolachas. Plantas de cultivo adecuadas para ensilaje son las hierbas ordinarias, los tréboles, la alfalfa, las algarrobas, la avena, el centeno y el maíz. El forraje además incluye los residuos de los cultivos de la producción de grano (tal como los rastrojos de maíz; la paja de trigo, la cebada, la avena, el centeno y otros granos); los residuos de verduras como las hojas de remolacha; los residuos de la producción de semillas oleaginosas como los tallos y las hojas de la soja, la colza y otras legumbres; y las fracciones de la refinación de granos para consumo animal o humano o de la producción de combustible u otras industrias.

20 [0020] El forraje basto es material vegetal generalmente seco con altos niveles de fibra, tal como fibra, salvado, cáscaras de semillas y granos y residuos de plantas de cultivo (tales como rastrojo, copra, paja, cascarillas, residuos de remolacha azucarera).

[0021] Las fuentes preferidas de materiales que contienen arabinosilano son el forraje, el forraje basto, las semillas y los granos, la caña de azúcar, la remolacha azucarera y la pulpa de madera.

[0022] **Ganancia de peso corporal:** el término "ganancia de peso corporal" significa un aumento en el peso vivo de un animal durante un periodo de tiempo dado, por ejemplo, el aumento en peso del día 1 al día 21.

25 [0023] **ADNc:** el término "ADNc" significa una molécula de ADN que se puede preparar por transcripción inversa a partir de una molécula de ARNm madura empalmada obtenida a partir de una célula eucariota o procarionta. El ADNc carece de secuencias de intrones que pueden estar presentes en el ADN genómico correspondiente. El transcrito de ARN primario inicial es un precursor del ARNm que se procesa a través de una serie de etapas, incluido el empalme, antes de aparecer como ARNm empalmado maduro.

30 [0024] **Secuencia codificante:** el término "secuencia codificante" significa un polinucleótido que especifica directamente la secuencia de aminoácidos de un polipéptido. Los límites de la secuencia codificante están determinados generalmente por un marco de lectura abierto, que empieza con un codón de inicio tal como ATG, GTG o TTG y acaba con un codón de terminación tal como TAA, TAG o TGA. La secuencia codificante puede ser un ADN genómico, ADNc, ADN sintético, o una combinación de los mismos.

35 [0025] **Secuencias de control:** el término "secuencias de control" significa secuencias de ácido nucleico necesarias para la expresión de un polinucleótido que codifica un polipéptido maduro de la presente divulgación. Cada secuencia de control puede ser nativa (es decir, del mismo gen) o exógena (es decir, de un gen diferente) respecto al polinucleótido que codifica el polipéptido o nativa o exógena entre sí. Tales secuencias de control incluyen, pero de forma no limitativa, un líder, una secuencia de poliadenilación, una secuencia de propéptido, un promotor, una secuencia de péptido señal y un terminador de la transcripción. Como mínimo, las secuencias de control incluyen un promotor y señales de parada transcripcional y traduccional. Las secuencias de control pueden proporcionarse con conectores con el fin de introducir sitios de restricción específicos que faciliten el ligamiento de las secuencias de control con la región codificante del polinucleótido que codifica un polipéptido.

45 [0026] **Expresión:** el término "expresión" incluye cualquier etapa implicada en la producción de un polipéptido incluidas, pero de forma no limitativa, la transcripción, la modificación postranscripcional, la traducción, la modificación postraduccional y la secreción.

[0027] **Vector de expresión:** el término "vector de expresión" significa una molécula lineal o circular de ADN que comprende un polinucleótido que codifica un polipéptido y está operativamente unido a secuencias de control que proveen a su expresión.

50 [0028] **Índice de conversión alimenticia:** el término "índice de conversión alimenticia", la cantidad de pienso suministrado a un animal para aumentar el peso del animal una cantidad específica. Un índice de conversión alimenticia mejorado significa un índice de conversión alimenticia inferior. Con "índice de conversión alimenticia



inferior" o "índice de conversión alimenticia mejorado" se hace referencia a que el uso de una composición de aditivo de pienso en un pienso resulta en una menor cantidad de pienso requerida para ser suministrada a un animal para aumentar el peso del animal una cantidad específica en comparación con la cantidad de pienso requerido para aumentar el peso del animal la misma cantidad cuando el pienso no comprende dicha composición de aditivo de pienso.

[0029] **Eficiencia alimentaria:** el término "eficiencia alimentaria" significa la cantidad de aumento de peso por unidad de pienso cuando el animal se alimenta *ad libitum* o con una cantidad específica de alimento durante un periodo de tiempo. Con "mayor eficiencia alimentaria" se hace referencia a que el uso de una composición de aditivo de pienso según la presente divulgación en un pienso resulta en un mayor aumento de peso por unidad de toma de pienso en comparación con un animal alimentado sin que esté presente dicha composición de aditivo de pienso.

[0030] **Fragmento:** el término "fragmento" significa un polipéptido con uno o más (por ejemplo, varios) aminoácidos ausentes del amino y/o carboxilo terminal de un dominio o polipéptido maduro; donde el fragmento tiene actividad de xilanasas. En un aspecto, un fragmento contiene al menos 477 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 31 a 507 de la SEQ ID NO: 2 o la SEQ ID NO: 3), al menos 497 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 21 a 517 de la SEQ ID NO: 2 o la SEQ ID NO: 3) o al menos 517 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 11 a 527 de la SEQ ID NO: 2 o la SEQ ID NO: 3). En otro aspecto, un fragmento contiene al menos 486 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 31 a 516 de la SEQ ID NO: 5 o la SEQ ID NO: 6), al menos 506 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 21 a 526 de la SEQ ID NO: 5 o la SEQ ID NO: 6) o al menos 526 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 11 a 536 de la SEQ ID NO: 5 o la SEQ ID NO: 6).

[0031] En un aspecto, un fragmento contiene al menos 487 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 31 a 517 de la SEQ ID NO: 8 o la SEQ ID NO: 9), al menos 507 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 21 a 527 de la SEQ ID NO: 8 o la SEQ ID NO: 9) o al menos 527 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 11 a 537 de la SEQ ID NO: 8 o la SEQ ID NO: 9). En otro aspecto, un fragmento contiene al menos 495 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 31 a 525 de la SEQ ID NO: 11 o la SEQ ID NO: 12), al menos 515 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 21 a 535 de la SEQ ID NO: 11 o la SEQ ID NO: 12) o al menos 535 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 11 a 545 de la SEQ ID NO: 11 o la SEQ ID NO: 12).

[0032] En un aspecto, un fragmento contiene al menos 538 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 31 a 568 de la SEQ ID NO: 14 o la SEQ ID NO: 15), al menos 558 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 21 a 578 de la SEQ ID NO: 14 o la SEQ ID NO: 15) o al menos 578 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 11 a 588 de la SEQ ID NO: 14 o la SEQ ID NO: 15). En otro aspecto, un fragmento contiene al menos 546 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 31 a 576 de la SEQ ID NO: 17 o la SEQ ID NO: 18), al menos 566 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 21 a 586 de la SEQ ID NO: 17 o la SEQ ID NO: 18) o al menos 586 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 11 a 596 de la SEQ ID NO: 17 o la SEQ ID NO: 18).

[0033] En un aspecto, un fragmento contiene al menos 490 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 31 a 520 de la SEQ ID NO: 26 o la SEQ ID NO: 27), al menos 510 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 21 a 530 de la SEQ ID NO: 26 o la SEQ ID NO: 27) o al menos 530 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 11 a 540 de la SEQ ID NO: 26 o la SEQ ID NO: 27). En otro aspecto, un fragmento contiene al menos 498 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 31 a 528 de la SEQ ID NO: 29 o la SEQ ID NO: 30), al menos 518 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 21 a 538 de la SEQ ID NO: 29 o la SEQ ID NO: 30) o al menos 538 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 11 a 548 de la SEQ ID NO: 29 o la SEQ ID NO: 30).

[0034] En un aspecto, un fragmento contiene al menos 571 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 31 a 601 de la SEQ ID NO: 32 o la SEQ ID NO: 33), al menos 591 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 21 a 611 de la SEQ ID NO: 32 o la SEQ ID NO: 33) o al menos 611 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 11 a 621 de la SEQ ID NO: 32 o la SEQ ID NO: 33). En otro aspecto, un fragmento contiene al menos 579 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 31 a 609 de la SEQ ID NO: 35 o la SEQ ID NO: 36), al menos 599 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 21 a 619 de la SEQ ID NO: 35 o la SEQ ID NO: 36) o al menos 619 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 11 a 629 de la SEQ ID NO: 35 o la SEQ ID NO: 36).

[0035] En un aspecto, un fragmento contiene al menos 768 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 31 a 798 de la SEQ ID NO: 38 o la SEQ ID NO: 39), al menos 788 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 21 a 808 de la SEQ ID NO: 38 o la SEQ ID NO: 39) o al menos 808 residuos de aminoácidos (por

ejemplo, los aminoácidos 11 a 818 de la SEQ ID NO: 38 o la SEQ ID NO: 39). En otro aspecto, un fragmento contiene al menos 776 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 31 a 806 de la SEQ ID NO: 41 o la SEQ ID NO: 42), al menos 796 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 21 a 816 de la SEQ ID NO: 41 o la SEQ ID NO: 42) o al menos 816 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 11 a 826 de la SEQ ID NO: 41 o la SEQ ID NO: 42).

[0036] En un aspecto, un fragmento contiene al menos 517 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 31 a 547 de la SEQ ID NO: 44 o la SEQ ID NO: 45), al menos 537 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 21 a 557 de la SEQ ID NO: 44 o la SEQ ID NO: 45) o al menos 557 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 11 a 567 de la SEQ ID NO: 44 o la SEQ ID NO: 45). En otro aspecto, un fragmento contiene al menos 525 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 31 a 555 de la SEQ ID NO: 47 o la SEQ ID NO: 48), al menos 545 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 21 a 565 de la SEQ ID NO: 47 o la SEQ ID NO: 48) o al menos 565 residuos de aminoácidos (por ejemplo, los aminoácidos 11 a 575 de la SEQ ID NO: 47 o la SEQ ID NO: 48).

[0037] **Xilano altamente ramificado:** el término "xilano altamente ramificado" significa que más del 50% de las unidades de xilosilo en el esqueleto de arabinoxilano están sustituidas. Esto se calcula preferiblemente a partir de un análisis de ligamiento como se realiza en Huisman et al. Carbohydrate Polymers, 2000, 42: 269-279.

[0038] **Célula huésped:** el término "célula huésped" significa cualquier tipo celular que es susceptible a la transformación, transfección, transducción o similar con una construcción de ácido nucleico o vector de expresión que comprende un polinucleótido de la presente divulgación. El término "célula huésped" abarca cualquier descendiente de una célula parental que no es idéntico a la célula parental debido a las mutaciones que ocurren durante la replicación.

[0039] **Aislado:** el término "aislado/a/os/as" significa una sustancia en una forma o entorno que no ocurre en la naturaleza. Ejemplos no limitativos de sustancias aisladas incluyen (1) cualquier sustancia de origen no natural, (2) cualquier sustancia, incluidas, pero de forma no limitativa, cualquier enzima, variante, ácido nucleico, proteína, péptido o cofactor, que se ha separado al menos parcialmente de uno o más o todos los constituyentes de origen natural con los cuales está asociada en la naturaleza; (3) cualquier sustancia modificada por la mano del hombre con respecto a dicha sustancia como se encuentra en la naturaleza; o (4) cualquier sustancia modificada aumentando la cantidad de la sustancia con respecto a otros componentes con los cuales está asociada naturalmente (por ejemplo, producción recombinante en una célula huésped; copias múltiples de un gen que codifica la sustancia; y uso de un promotor más fuerte que el promotor naturalmente asociado al gen que codifica la sustancia).

[0040] **Polipéptido maduro:** el término "polipéptido maduro" significa un polipéptido en su forma final después de la traducción y cualquier modificación postraduccional, tal como el procesamiento N-terminal, el truncamiento C-terminal, la glicosilación, la fosforilación, etc. En un aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 537 de la SEQ ID NO: 2 en base al programa de predicción SignalP (Nielsen et al., 1997, Protein Engineering 10: 1-6)] que predice que los aminoácidos -27 a -1 de la SEQ ID NO: 2 son un péptido señal. En otro aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 537 de la SEQ ID NO: 3. En un aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 546 de la SEQ ID NO: 5 y los aminoácidos -27 a -1 de la SEQ ID NO: 5 son un péptido señal. En otro aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 546 de la SEQ ID NO: 6.

[0041] En un aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 547 de la SEQ ID NO: 8 en base al programa de predicción SignalP (Nielsen et al., 1997, Protein Engineering 10: 1-6)] que predice que los aminoácidos -38 a -1 de la SEQ ID NO: 8 son un péptido señal. En otro aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 547 de la SEQ ID NO: 9. En un aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 555 de la SEQ ID NO: 11 y los aminoácidos -27 a -1 de la SEQ ID NO: 11 son un péptido señal. En otro aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 555 de la SEQ ID NO: 12.

[0042] En un aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 598 de la SEQ ID NO: 14 en base al programa de predicción SignalP (Nielsen et al., 1997, Protein Engineering 10: 1-6)] que predice que los aminoácidos -26 a -1 de la SEQ ID NO: 14 son un péptido señal. En otro aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 598 de la SEQ ID NO: 15. En un aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 606 de la SEQ ID NO: 17 y los aminoácidos -27 a -1 de la SEQ ID NO: 17 son un péptido señal. En otro aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 606 de la SEQ ID NO: 18.

[0043] En un aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 550 de la SEQ ID NO: 26 en base al programa de predicción SignalP (Nielsen et al., 1997, Protein Engineering 10: 1-6)] que predice que los aminoácidos -23 a -1 de la SEQ ID NO: 26 son un péptido señal. En otro aspecto, el polipéptido maduro está



constituido por los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 97. En un aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 99 y los aminoácidos -27 a -1 de la SEQ ID NO: 99 son un péptido señal. En otro aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 100.

5 [0053] En un aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 102 en base al programa de predicción SignalP (Nielsen et al., 1997, Protein Engineering 10: 1-6)] que predice que los aminoácidos -30 a -1 de la SEQ ID NO: 102 son un péptido señal. En otro aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 103. En un aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 105 y los aminoácidos -27 a -1 de la SEQ ID NO: 105 son un péptido señal. En otro aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 106.

10 [0054] En un aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 108 en base al programa de predicción SignalP (Nielsen et al., 1997, Protein Engineering 10: 1-6)] que predice que los aminoácidos -29 a -1 de la SEQ ID NO: 108 son un péptido señal. En otro aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 109. En un aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 111 y los aminoácidos -27 a -1 de la SEQ ID NO: 111 son un péptido señal. En otro aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 112.

20 [0055] En un aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 538 de la SEQ ID NO: 114 en base al programa de predicción SignalP (Nielsen et al., 1997, Protein Engineering 10: 1-6)] que predice que los aminoácidos -30 a -1 de la SEQ ID NO: 114 son un péptido señal. En otro aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 538 de la SEQ ID NO: 115. En un aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 546 de la SEQ ID NO: 117 y los aminoácidos -27 a -1 de la SEQ ID NO: 117 son un péptido señal. En otro aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 546 de la SEQ ID NO: 118.

25 [0056] En un aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 537 de la SEQ ID NO: 120 en base al programa de predicción SignalP (Nielsen et al., 1997, Protein Engineering 10: 1-6)] que predice que los aminoácidos -30 a -1 de la SEQ ID NO: 120 son un péptido señal. En otro aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 537 de la SEQ ID NO: 121. En un aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 545 de la SEQ ID NO: 123 y los aminoácidos -27 a -1 de la SEQ ID NO: 123 son un péptido señal. En otro aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 545 de la SEQ ID NO: 124.

30 [0057] En un aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 537 de la SEQ ID NO: 126 en base al programa de predicción SignalP (Nielsen et al., 1997, Protein Engineering 10: 1-6)] que predice que los aminoácidos -29 a -1 de la SEQ ID NO: 126 son un péptido señal. En otro aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 127. En un aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 129 y los aminoácidos -27 a -1 de la SEQ ID NO: 129 son un péptido señal. En otro aspecto, el polipéptido maduro está constituido por los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 130.

35 [0058] Se conoce en la técnica que una célula huésped puede producir una mezcla de dos o más polipéptidos maduros diferentes (es decir, con un aminoácido C-terminal y/o N-terminal diferente) expresados por el mismo polinucleótido. También se sabe en la técnica que diferentes células huésped procesan los polipéptidos de manera diferente, y así, una célula huésped que expresa un polinucleótido puede producir un polipéptido maduro diferente (por ejemplo, con un aminoácido C-terminal y/o N-terminal diferente) en comparación con otra célula huésped que expresa el mismo polinucleótido.

40 [0059] **Secuencia codificante del polipéptido maduro:** el término "secuencia codificante del polipéptido maduro" significa un polinucleótido que codifica un polipéptido maduro con actividad de xilanasas. En un aspecto, la secuencia codificante del polipéptido maduro consiste en los nucleótidos 82 a 1692 de la SEQ ID NO: 1 en base al programa de predicción SignalP (Nielsen et al., 1997, *supra*) que predice que los nucleótidos 1 a 81 de la SEQ ID NO: 1 codifican un péptido señal. En otro aspecto, la secuencia codificante del polipéptido maduro consiste en los nucleótidos 82 a 1719 de la SEQ ID NO: 4 y los nucleótidos 1 a 81 de la SEQ ID NO: 4 codifican un péptido señal.

50 [0060] En un aspecto, la secuencia codificante del polipéptido maduro consiste en los nucleótidos 115 a 1755 de la SEQ ID NO: 7 en base al programa de predicción SignalP (Nielsen et al., 1997, *supra*) que predice que los nucleótidos 1 a 114 de la SEQ ID NO: 7 codifican un péptido señal. En otro aspecto, la secuencia codificante del polipéptido maduro consiste en los nucleótidos 82 a 1746 de la SEQ ID NO: 10 y los nucleótidos 1 a 81 de la SEQ ID NO: 10 codifican un péptido señal.

[0061] En un aspecto, la secuencia codificante del polipéptido maduro consiste en los nucleótidos 79 a 1872 de la SEQ ID NO: 13 en base al programa de predicción SignalP (Nielsen et al., 1997, *supra*) que predice que los nucleótidos 1 a 78 de la SEQ ID NO: 13 codifican un péptido señal. En otro aspecto, la secuencia codificante del

polipéptido maduro consiste en los nucleótidos 82 a 1899 de la SEQ ID NO: 16 y los nucleótidos 1 a 81 de la SEQ ID NO: 16 codifican un péptido señal.

5 [0062] En un aspecto, la secuencia codificante del polipéptido maduro consiste en los nucleótidos 70 a 1719 de la SEQ ID NO: 25 en base al programa de predicción SignalP (Nielsen et al., 1997, *supra*) que predice que los nucleótidos 1 a 69 de la SEQ ID NO: 25 codifican un péptido señal. En otro aspecto, la secuencia codificante del polipéptido maduro consiste en los nucleótidos 82 a 1755 de la SEQ ID NO: 28 y los nucleótidos 1 a 81 de la SEQ ID NO: 28 codifican un péptido señal.

10 [0063] En un aspecto, la secuencia codificante del polipéptido maduro consiste en los nucleótidos 76 a 1968 de la SEQ ID NO: 31 en base al programa de predicción SignalP (Nielsen et al., 1997, *supra*) que predice que los nucleótidos 1 a 75 de la SEQ ID NO: 31 codifican un péptido señal. En otro aspecto, la secuencia codificante del polipéptido maduro consiste en los nucleótidos 82 a 1998 de la SEQ ID NO: 34 y los nucleótidos 1 a 81 de la SEQ ID NO: 34 codifican un péptido señal.

15 [0064] En un aspecto, la secuencia codificante del polipéptido maduro consiste en los nucleótidos 55 a 2538 de la SEQ ID NO: 37 en base al programa de predicción SignalP (Nielsen et al., 1997, *supra*) que predice que los nucleótidos 1 a 54 de la SEQ ID NO: 37 codifican un péptido señal. En otro aspecto, la secuencia codificante del polipéptido maduro consiste en los nucleótidos 82 a 2589 de la SEQ ID NO: 40 y los nucleótidos 1 a 81 de la SEQ ID NO: 40 codifican un péptido señal.

20 [0065] En un aspecto, la secuencia codificante del polipéptido maduro consiste en los nucleótidos 64 a 1791 de la SEQ ID NO: 43 en base al programa de predicción SignalP (Nielsen et al., 1997, *supra*) que predice que los nucleótidos 1 a 63 de la SEQ ID NO: 43 codifican un péptido señal. En otro aspecto, la secuencia codificante del polipéptido maduro consiste en los nucleótidos 82 a 1836 de la SEQ ID NO: 46 y los nucleótidos 1 a 81 de la SEQ ID NO: 46 codifican un péptido señal.

25 [0066] **Construcción de ácido nucleico:** el término "construcción de ácido nucleico" significa una molécula de ácido nucleico, tanto monocatenaria como bicatenaria, que se aísla de un gen de origen natural o se modifica para contener segmentos de ácidos nucleicos de manera que de otro modo no existiría en la naturaleza o que es sintética, que comprende una o más secuencias de control.

30 [0067] **Digestibilidad de nutrientes:** el término "digestibilidad de nutrientes" significa la fracción de un nutriente que desaparece del tracto gastrointestinal o un segmento específico del tracto gastrointestinal, por ejemplo, el intestino delgado. La digestibilidad de nutrientes se puede medir como la diferencia entre lo que se le administra al sujeto y lo que sale en las heces del sujeto, o entre lo que se le administra al sujeto y lo que permanece en el contenido digerido en un segmento específico del tracto gastrointestinal, por ejemplo, el íleon.

35 [0068] La digestibilidad de nutrientes como se utiliza en la presente se puede medir mediante la diferencia entre la toma de un nutriente y el nutriente excretado por medio de la recolección total de excrementos durante un periodo de tiempo; o con el uso de un marcador inerte que no sea absorbido por el animal, y permite que el investigador calcule la cantidad de nutriente que ha desaparecido en todo el tracto gastrointestinal o en un segmento del tracto gastrointestinal. Tal marcador inerte puede ser dióxido de titanio, óxido de cromo o ceniza insoluble ácida. La digestibilidad se puede expresar como un porcentaje del nutriente en el pienso o como unidades de masa de nutriente digerible por unidades de masa de nutriente en el pienso. La digestibilidad de nutrientes como se utiliza en la presente abarca la digestibilidad de almidón, digestibilidad de grasa, digestibilidad de proteína y digestibilidad de aminoácidos.

40 [0069] La digestibilidad de energía como se utiliza en la presente significa la energía bruta del pienso consumido menos la energía bruta de las heces o la energía bruta del pienso consumido menos la energía bruta del contenido digerido restante en un segmento específico del tracto gastrointestinal del animal, por ejemplo, el íleon. La energía metabolizable como se utiliza en la presente se refiere a la energía metabolizable aparente y significa la energía bruta del pienso consumido menos la energía bruta contenida en las heces, la orina y los productos gaseosos de la digestión. La digestibilidad de energía y la energía metabolizable se pueden medir como la diferencia entre la toma de energía bruta y la energía bruta excretada en las heces o el contenido digerido presente en un segmento específico del tracto gastrointestinal usando los mismos métodos que para medir la digestibilidad de nutrientes, con correcciones apropiadas para la excreción de nitrógeno para calcular la energía metabolizable del pienso.

50 [0070] **Operativamente unido:** el término "operativamente unido" significa una configuración donde una secuencia de control se coloca en una posición apropiada respecto a la secuencia codificante de un polinucleótido de manera que la secuencia de control dirige la expresión de la secuencia codificante.

5 [0071] **Porcentaje de xilosa solubilizada:** el término "porcentaje de xilosa solubilizada" significa la cantidad de xilosa medida en el sobrenadante tras la incubación con una enzima en comparación con la cantidad total de xilosa presente en el sustrato antes de la incubación con la enzima. A efectos de la presente divulgación, el porcentaje de xilosa solubilizada se puede calcular usando maíz desalmidonado desgrasado (DFDSM) como sustrato. El DFDSM se prepara según 'Preparación de maíz desalmidonado desgrasado (DFDSM)' en la sección experimental.

10 [0072] El porcentaje de xilosa solubilizada de maíz desalmidonado desgrasado (DFDSM) se puede determinar usando las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas como se describe en el ejemplo 3 incluido en la presente. Así, la expresión 'se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas' debe entenderse como que el porcentaje de xilosa solubilizada se calcula como se describe en el ejemplo 3 incluido en la presente.

15 [0073] En una forma de realización más detallada, el maíz desalmidonado desgrasado (DFDSM, 400 mg) se añade a una solución acuosa de acetato sódico (0,1 M, 3,9 ml) que contiene cloruro de calcio (5 mM) a pH 5 y la mezcla se calienta a 40 °C durante 30 minutos. Se añaden 100 µl de tampón o solución enzimática y la muestra se calienta a 40 °C durante 4 horas. La muestra se enfría a 5 °C y se centrifuga (4000 r.p.m., 5 °C) durante 10 minutos. 1,7 ml de la muestra se transfiere a un tubo de Eppendorf y la enzima se desactiva calentando a 95 °C durante 10 minutos. Las muestras se congelan luego hasta que se hidrolizan. El sobrenadante se descongela y se centrifuga (14000 r.p.m.) durante 5 minutos. El sobrenadante (250 µl) se diluye con agua Milli-Q (250 µl) en tubos de vidrio y se añade HCl (1,63 M, 2,0 ml). La reacción se calienta a 100 °C durante 1 hora, luego se enfría en un baño de hielo. Se  
20 añade solución acuosa de NaOH (1,3 M, 2,5 ml) mientras las muestras se enfrían en hielo y las muestras se almacenan a 0-5 °C mientras el contenido de xilosa se analiza usando el ensayo de xilosa. El ensayo de xilosa se describe en la sección experimental.

[0074] **Identidad de secuencia:** la relación entre dos secuencias de aminoácidos o entre dos secuencias de nucleótidos se describe mediante el parámetro "identidad de secuencia".

25 [0075] A efectos de la presente divulgación, el grado de identidad de secuencia entre dos secuencias de aminoácidos se determina usando el algoritmo de Needleman-Wunsch (Needleman and Wunsch, 1970, J. Mol. Biol. 48: 443-453) como se implementa en el programa Needle del paquete EMBOSS (EMBOSS: The European Molecular Biology Open Software Suite, Rice et al., 2000, Trends Genet. 16: 276-277), preferiblemente la versión 3.0.0 o posterior. Se usó la versión 6.1.0. Los parámetros opcionales usados son una penalización por apertura de espacio de 10, una penalización por extensión de espacio de 0,5 y la matriz de sustitución EBLOSUM62 (versión de EMBOSS de BLOSUM62). El resultado de Needle etiquetado como "identidad más larga" (obtenido usando la opción -nobrief) se usa como la identidad en porcentaje y se calcula de la siguiente manera:  
30

$$\text{(Residuos idénticos x 100)/(Longitud del alineamiento - Número total de espacios en el alineamiento)}$$

35 [0076] A efectos de la presente divulgación, el grado de identidad de secuencia entre dos secuencias de desoxirribonucleótidos se determina usando el algoritmo de Needleman-Wunsch (Needleman and Wunsch, 1970, *supra*) como se implementa en el programa Needle del paquete EMBOSS (EMBOSS: The European Molecular Biology Open Software Suite, Rice et al., 2000, *supra*), preferiblemente la versión 3.0.0 o posterior. Se usó la versión 6.1.0. Los parámetros opcionales usados son una penalización por apertura de espacio de 10, una penalización por extensión de espacio de 0,5, y la matriz de sustitución EDNAFULL (versión de EMBOSS de NCBI NUC4.4). El resultado de Needle etiquetado como "identidad más larga" (obtenido usando la opción -nobrief) se usa como la identidad en porcentaje y se calcula de la siguiente manera:  
40

$$\text{(Desoxirribonucleótidos idénticos x 100)/(Longitud del alineamiento - Número total de espacios en el alineamiento)}$$

[0077] **Condiciones de astringencia:** las diferentes condiciones de astringencia se definen de la siguiente manera.

45 [0078] El término "condiciones de astringencia muy baja" significa, para sondas de al menos 100 nucleótidos de longitud, la prehibridación y la hibridación a 42 °C en SSPE 5X, SDS al 0,3%, 200 microgramos/ml de ADN de esperma de salmón fragmentado y desnaturalizado y formamida al 25%, siguiendo procedimientos de transferencia de Southern estándar durante 12 a 24 horas. El material portador se lava finalmente tres veces, cada una durante 15 minutos usando SSC 2,0X, SDS al 0,2% a 60 °C.

50 [0079] El término "condiciones de astringencia baja" significa, para sondas de al menos 100 nucleótidos de longitud, la prehibridación y la hibridación a 42 °C en SSPE 5X, SDS al 0,3%, 200 microgramos/ml de ADN de esperma de salmón fragmentado y desnaturalizado y formamida al 25%, siguiendo procedimientos de transferencia de Southern

estándar durante 12 a 24 horas. El material portador se lava finalmente tres veces, cada una durante 15 minutos usando SSC 1,0X, SDS al 0,2% a 60 °C.

5 [0080] El término "condiciones de astringencia media" significa, para sondas de al menos 100 nucleótidos de longitud, la prehibridación y la hibridación a 42 °C en SSPE 5X, SDS al 0,3%, 200 microgramos/ml de ADN de esperma de salmón fragmentado y desnaturalizado y formamida al 35%, siguiendo procedimientos de transferencia de Southern estándar durante 12 a 24 horas. El material portador se lava finalmente tres veces, cada una durante 15 minutos usando SSC 1,0X, SDS al 0,2% a 65 °C.

10 [0081] El término "condiciones de astringencia media-alta" significa, para sondas de al menos 100 nucleótidos de longitud, la prehibridación y la hibridación a 42 °C en SSPE 5X, SDS al 0,3%, 200 microgramos/ml de ADN de esperma de salmón fragmentado y desnaturalizado y formamida al 35%, siguiendo procedimientos de transferencia de Southern estándar durante 12 a 24 horas. El material portador se lava finalmente tres veces, cada una durante 15 minutos usando SSC 1,0X, SDS al 0,2% a 70 °C.

15 [0082] El término "condiciones de astringencia alta" significa, para sondas de al menos 100 nucleótidos de longitud, la prehibridación y la hibridación a 42 °C en SSPE 5X, SDS al 0,3%, 200 microgramos/ml de ADN de esperma de salmón fragmentado y desnaturalizado y formamida al 50%, siguiendo procedimientos de transferencia de Southern estándar durante 12 a 24 horas. El material portador se lava finalmente tres veces, cada una durante 15 minutos usando SSC 0,5X, SDS al 0,2% a 70 °C.

20 [0083] El término "condiciones de astringencia muy alta" significa, para sondas de al menos 100 nucleótidos de longitud, la prehibridación y la hibridación a 42 °C en SSPE 5X, SDS al 0,3%, 200 microgramos/ml de ADN de esperma de salmón fragmentado y desnaturalizado y formamida al 50%, siguiendo procedimientos de transferencia de Southern estándar durante 12 a 24 horas. El material portador se lava finalmente tres veces, cada una durante 15 minutos usando SSC 0,5X, SDS al 0,2% a 75 °C.

25 [0084] **Subsecuencia:** el término "subsecuencia" significa un polinucleótido con uno o más (por ejemplo, varios) nucleótidos ausentes del extremo 5' y/o 3' de una secuencia codificante del polipéptido maduro; donde la subsecuencia codifica un fragmento con actividad de xilanas. En un aspecto, una subsecuencia contiene al menos 1431 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 172 a 1602 de la SEQ ID NO: 1), al menos 1491 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 142 a 1632 de la SEQ ID NO: 1) o al menos 1551 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 112 a 1662 de la SEQ ID NO: 1). En otro aspecto, una subsecuencia contiene al menos 1458 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 172 a 1629 de la SEQ ID NO: 4), al menos 1518 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 142 a 1659 de la SEQ ID NO: 4) o al menos 1578 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 112 a 1689 de la SEQ ID NO: 4).

30

35 [0085] En un aspecto, una subsecuencia contiene al menos 1461 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 205 a 1665 de la SEQ ID NO: 7), al menos 1521 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 175 a 1695 de la SEQ ID NO: 7) o al menos 1581 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 145 a 1725 de la SEQ ID NO: 7). En otro aspecto, una subsecuencia contiene al menos 1485 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 172 a 1656 de la SEQ ID NO: 10), al menos 1545 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 142 a 1686 de la SEQ ID NO: 10) o al menos 1605 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 112 a 1716 de la SEQ ID NO: 10).

40 [0086] En un aspecto, una subsecuencia contiene al menos 1614 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 169 a 1782 de la SEQ ID NO: 13), al menos 1674 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 139 a 1812 de la SEQ ID NO: 13) o al menos 1842 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 109 a 1764 de la SEQ ID NO: 13). En otro aspecto, una subsecuencia contiene al menos 1638 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 172 a 1809 de la SEQ ID NO: 16), al menos 1698 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 142 a 1839 de la SEQ ID NO: 16) o al menos 1758 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 112 a 1869 de la SEQ ID NO: 16).

45 [0087] En un aspecto, una subsecuencia contiene al menos 1470 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 160 a 1629 de la SEQ ID NO: 25), al menos 1530 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 130 a 1659 de la SEQ ID NO: 25) o al menos 1590 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 100 a 1689 de la SEQ ID NO: 25). En otro aspecto, una subsecuencia contiene al menos 1494 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 172 a 1665 de la SEQ ID NO: 28), al menos 1554 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 142 a 1695 de la SEQ ID NO: 28) o al menos 1614 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 112 a 1725 de la SEQ ID NO: 28).

50 [0088] En un aspecto, una subsecuencia contiene al menos 1713 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 166 a 1878 de la SEQ ID NO: 31), al menos 1773 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 136 a 1908 de la SEQ ID NO: 31) o al menos 1833 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 106 a 1938 de la SEQ ID NO: 31). En otro aspecto, una subsecuencia contiene al menos 1737 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 172 a 1908 de la SEQ ID NO:

34), al menos 1797 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 142 a 1938 de la SEQ ID NO: 34) o al menos 1857 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 112 a 1968 de la SEQ ID NO: 34).

5 [0089] En un aspecto, una subsecuencia contiene al menos 2304 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 145 a 2448 de la SEQ ID NO: 37), al menos 2364 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 115 a 2478 de la SEQ ID NO: 37) o al menos 2424 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 85 a 2508 de la SEQ ID NO: 37). En otro aspecto, una subsecuencia contiene al menos 2328 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 172 a 2499 de la SEQ ID NO: 40), al menos 2388 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 142 a 2529 de la SEQ ID NO: 40) o al menos 2448 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 112 a 2559 de la SEQ ID NO: 40).

10 [0090] En un aspecto, una subsecuencia contiene al menos 1551 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 154 a 1704 de la SEQ ID NO: 43), al menos 1611 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 124 a 1734 de la SEQ ID NO: 43) o al menos 1671 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 94 a 1764 de la SEQ ID NO: 43). En otro aspecto, una subsecuencia contiene al menos 1575 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 172 a 1746 de la SEQ ID NO: 46), al menos 1635 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 142 a 1776 de la SEQ ID NO: 46) o al menos 1695 nucleótidos (por ejemplo, los nucleótidos 112 a 1806 de la SEQ ID NO: 46).

15 [0091] **Polipéptido sustancialmente puro:** el término "polipéptido sustancialmente puro" significa una preparación que contiene como máximo el 10%, como máximo el 8%, como máximo el 6%, como máximo el 5%, como máximo el 4%, como máximo el 3%, como máximo el 2%, como máximo el 1% y como máximo el 0,5% en peso de otro material polipeptídico con el cual está asociado originalmente o por recombinación. Preferiblemente, el polipéptido es al menos un 92% puro, por ejemplo, al menos un 94% puro, al menos un 95% puro, al menos un 96% puro, al menos un 97% puro, al menos un 98% puro, al menos un 99%, al menos un 99,5% puro, y un 100% puro en peso del material polipeptídico total presente en la preparación. Los polipéptidos de la presente divulgación están preferiblemente en una forma sustancialmente pura. Esto puede realizarse, por ejemplo, preparando el polipéptido por métodos recombinantes bien conocidos o por métodos de purificación tradicionales.

20

25 [0092] **Variante:** el término "variante" significa un polipéptido con actividad de xilanasas que incluye una modificación, es decir, una sustitución, inserción y/o delección de uno o más (varios) residuos de aminoácidos en una o más (varias) posiciones. Una sustitución significa una sustitución de un aminoácido que ocupa una posición por un aminoácido diferente; una delección significa la eliminación de un aminoácido que ocupa una posición; y una inserción significa la adición de 1-3 aminoácidos adyacentes a un aminoácido que ocupa una posición. En un aspecto, las variantes de la presente divulgación tienen al menos un 60% de la actividad de xilanasas del polipéptido de la SEQ ID NO: 3, la SEQ ID NO: 6, la SEQ ID NO: 9, la SEQ ID NO: 12, la SEQ ID NO: 15 o la SEQ ID NO: 18, la SEQ ID NO: 27, la SEQ ID NO: 30, la SEQ ID NO: 39, la SEQ ID NO: 42, la SEQ ID NO: 45, la SEQ ID NO: 48, la SEQ ID NO: 67, la SEQ ID NO: 70, la SEQ ID NO: 73, la SEQ ID NO: 76, la SEQ ID NO: 79, la SEQ ID NO: 82, la SEQ ID NO: 85, la SEQ ID NO: 88, la SEQ ID NO: 91, la SEQ ID NO: 94, la SEQ ID NO: 97, la SEQ ID NO: 100, la SEQ ID NO: 103, la SEQ ID NO: 106, la SEQ ID NO: 109, la SEQ ID NO: 112, la SEQ ID NO: 115, la SEQ ID NO: 118, la SEQ ID NO: 121, la SEQ ID NO: 124, la SEQ ID NO: 127 o la SEQ ID NO: 130. En un aspecto, las variantes de la presente divulgación tienen al menos un 70% de la actividad de xilanasas del polipéptido de la SEQ ID NO: 3, la SEQ ID NO: 6, la SEQ ID NO: 9, la SEQ ID NO: 12, la SEQ ID NO: 15 o la SEQ ID NO: 18, la SEQ ID NO: 27, la SEQ ID NO: 30, la SEQ ID NO: 39, la SEQ ID NO: 42, la SEQ ID NO: 45, la SEQ ID NO: 48, la SEQ ID NO: 67, la SEQ ID NO: 70, la SEQ ID NO: 73, la SEQ ID NO: 76, la SEQ ID NO: 79, la SEQ ID NO: 82, la SEQ ID NO: 85, la SEQ ID NO: 88, la SEQ ID NO: 91, la SEQ ID NO: 94, la SEQ ID NO: 97, la SEQ ID NO: 100, la SEQ ID NO: 103, la SEQ ID NO: 106, la SEQ ID NO: 109, la SEQ ID NO: 112, la SEQ ID NO: 115, la SEQ ID NO: 118, la SEQ ID NO: 121, la SEQ ID NO: 124, la SEQ ID NO: 127 o la SEQ ID NO: 130. En un aspecto, las variantes de la presente divulgación tienen al menos un 80% de la actividad de xilanasas del polipéptido de la SEQ ID NO: 3, la SEQ ID NO: 6, la SEQ ID NO: 9, la SEQ ID NO: 12, la SEQ ID NO: 15 o la SEQ ID NO: 18, la SEQ ID NO: 27, la SEQ ID NO: 30, la SEQ ID NO: 39, la SEQ ID NO: 42, la SEQ ID NO: 45, la SEQ ID NO: 48, la SEQ ID NO: 67, la SEQ ID NO: 70, la SEQ ID NO: 73, la SEQ ID NO: 76, la SEQ ID NO: 79, la SEQ ID NO: 82, la SEQ ID NO: 85, la SEQ ID NO: 88, la SEQ ID NO: 91, la SEQ ID NO: 94, la SEQ ID NO: 97, la SEQ ID NO: 100, la SEQ ID NO: 103, la SEQ ID NO: 106, la SEQ ID NO: 109, la SEQ ID NO: 112, la SEQ ID NO: 115, la SEQ ID NO: 118, la SEQ ID NO: 121, la SEQ ID NO: 124, la SEQ ID NO: 127 o la SEQ ID NO: 130. En un aspecto, las variantes de la presente divulgación tienen al menos un 90% de la actividad de xilanasas del polipéptido de la SEQ ID NO: 3, la SEQ ID NO: 6, la SEQ ID NO: 9, la SEQ ID NO: 12, la SEQ ID NO: 15 o la SEQ ID NO: 18, la SEQ ID NO: 27, la SEQ ID NO: 30, la SEQ ID NO: 39, la SEQ ID NO: 42, la SEQ ID NO: 45, la SEQ ID NO: 48, la SEQ ID NO: 67, la SEQ ID NO: 70, la SEQ ID NO: 73, la SEQ ID NO: 76, la SEQ ID NO: 79, la SEQ ID NO: 82, la SEQ ID NO: 85, la SEQ ID NO: 88, la SEQ ID NO: 91, la SEQ ID NO: 94, la SEQ ID NO: 97, la SEQ ID NO: 100, la SEQ ID NO: 103, la SEQ ID NO: 106, la SEQ ID NO: 109, la SEQ ID NO: 112, la SEQ ID NO: 115, la SEQ ID NO: 118, la SEQ ID NO: 121, la SEQ ID NO: 124, la SEQ ID NO: 127 o la SEQ ID NO: 130. En un aspecto, las variantes de la presente divulgación tienen al menos un 100% de la actividad de xilanasas del polipéptido de la SEQ ID NO: 3, la SEQ ID NO: 6, la SEQ ID NO: 9, la SEQ ID NO: 12, la SEQ ID NO: 15 o la SEQ ID NO: 18, la SEQ ID NO: 27, la SEQ ID NO: 30, la SEQ ID NO: 39, la SEQ ID NO: 42, la SEQ ID NO: 45, la SEQ ID NO: 48, la SEQ ID NO: 67, la SEQ ID NO: 70, la SEQ ID NO: 73, la SEQ ID NO: 76, la SEQ ID NO: 79, la SEQ ID NO: 82, la SEQ ID NO: 85, la SEQ ID NO: 88, la SEQ ID NO: 91, la SEQ ID NO: 94, la SEQ ID NO: 97, la SEQ ID NO: 100, la SEQ ID NO: 103, la SEQ ID NO: 106, la SEQ ID NO: 109, la SEQ ID NO: 112, la SEQ ID NO: 115, la SEQ ID NO: 118, la SEQ ID NO: 121, la SEQ ID NO: 124, la SEQ ID NO: 127 o la SEQ ID NO: 130. En un aspecto, las variantes de la presente divulgación tienen al menos un 100% de la actividad de xilanasas del polipéptido de la SEQ ID NO: 3, la SEQ ID NO: 6, la SEQ ID NO: 9, la SEQ ID NO: 12, la SEQ ID NO: 15 o la SEQ ID NO: 18, la SEQ ID NO: 27, la SEQ ID NO: 30, la SEQ ID NO: 39, la SEQ ID NO: 42, la SEQ ID NO: 45, la SEQ ID NO: 48, la SEQ ID NO: 67, la SEQ ID NO: 70, la SEQ ID NO: 73, la SEQ ID NO: 76, la SEQ ID NO: 79, la SEQ ID NO: 82, la SEQ ID NO: 85, la SEQ ID NO: 88, la SEQ ID NO: 91, la SEQ ID NO: 94, la SEQ ID NO: 97, la SEQ ID NO: 100, la SEQ ID NO: 103, la SEQ ID NO: 106, la SEQ ID NO: 109, la SEQ ID NO: 112, la SEQ ID NO: 115, la SEQ ID NO: 118, la SEQ ID NO: 121, la SEQ ID NO: 124, la SEQ ID NO: 127 o la SEQ ID NO: 130.

30

35

40

45

50

55

60



ID NO: 91, la SEQ ID NO: 94, la SEQ ID NO: 97, la SEQ ID NO: 100, la SEQ ID NO: 103, la SEQ ID NO: 106, la SEQ ID NO: 109, la SEQ ID NO: 112, la SEQ ID NO: 115, la SEQ ID NO: 118, la SEQ ID NO: 121, la SEQ ID NO: 124, la SEQ ID NO: 127 o la SEQ ID NO: 130.

5 [0093] **Xilanasa**: el término "xilanasa" significa una 1,4-beta-D-xilan-xilohidrolasa (E.C. 3.2.1.8) que cataliza la endohidrólisis de enlaces 1,4-beta-D-xilosídicos en los xilanos. La actividad de xilanasa se puede determinar con AZCL-arabinoxilano al 0,2% como sustrato en TRITON® X-100 al 0,01% y 200 mM de fosfato sódico pH 6 a 37 °C. Una unidad de actividad de xilanasa se define como 1,0 µmol de azurina producida por minuto a 37 °C y a pH 6 a partir de AZCL-arabinoxilano al 0,2% como sustrato en 200 mM de fosfato sódico pH 6.

10 [0094] En un aspecto, los polipéptidos de la presente divulgación tienen al menos un 60% de la actividad de xilanasa del polipéptido de la SEQ ID NO: 3, la SEQ ID NO: 6, la SEQ ID NO: 9, la SEQ ID NO: 12, la SEQ ID NO: 15 o la SEQ ID NO: 18, la SEQ ID NO: 27, la SEQ ID NO: 30, la SEQ ID NO: 39, la SEQ ID NO: 42, la SEQ ID NO: 45, la SEQ ID NO: 48, la SEQ ID NO: 67, la SEQ ID NO: 70, la SEQ ID NO: 73, la SEQ ID NO: 76, la SEQ ID NO: 79, la SEQ ID NO: 82, la SEQ ID NO: 85, la SEQ ID NO: 88, la SEQ ID NO: 91, la SEQ ID NO: 94, la SEQ ID NO: 97, la SEQ ID NO: 100, la SEQ ID NO: 103, la SEQ ID NO: 106, la SEQ ID NO: 109, la SEQ ID NO: 112, la SEQ ID NO: 115, la SEQ ID NO: 118, la SEQ ID NO: 121, la SEQ ID NO: 124, la SEQ ID NO: 127 o la SEQ ID NO: 130. En un aspecto, los polipéptidos de la presente divulgación tienen al menos un 70% de la actividad de xilanasa del polipéptido de la SEQ ID NO: 3, la SEQ ID NO: 6, la SEQ ID NO: 9, la SEQ ID NO: 12, la SEQ ID NO: 15 o la SEQ ID NO: 18, la SEQ ID NO: 27, la SEQ ID NO: 30, la SEQ ID NO: 39, la SEQ ID NO: 42, la SEQ ID NO: 45, la SEQ ID NO: 48, la SEQ ID NO: 67, la SEQ ID NO: 70, la SEQ ID NO: 73, la SEQ ID NO: 76, la SEQ ID NO: 79, la SEQ ID NO: 82, la SEQ ID NO: 85, la SEQ ID NO: 88, la SEQ ID NO: 91, la SEQ ID NO: 94, la SEQ ID NO: 97, la SEQ ID NO: 100, la SEQ ID NO: 103, la SEQ ID NO: 106, la SEQ ID NO: 109, la SEQ ID NO: 112, la SEQ ID NO: 115, la SEQ ID NO: 118, la SEQ ID NO: 121, la SEQ ID NO: 124, la SEQ ID NO: 127 o la SEQ ID NO: 130. En un aspecto, los polipéptidos de la presente divulgación tienen al menos un 80% de la actividad de xilanasa del polipéptido de la SEQ ID NO: 3, la SEQ ID NO: 6, la SEQ ID NO: 9, la SEQ ID NO: 12, la SEQ ID NO: 15 o la SEQ ID NO: 18, la SEQ ID NO: 27, la SEQ ID NO: 30, la SEQ ID NO: 39, la SEQ ID NO: 42, la SEQ ID NO: 45, la SEQ ID NO: 48, la SEQ ID NO: 67, la SEQ ID NO: 70, la SEQ ID NO: 73, la SEQ ID NO: 76, la SEQ ID NO: 79, la SEQ ID NO: 82, la SEQ ID NO: 85, la SEQ ID NO: 88, la SEQ ID NO: 91, la SEQ ID NO: 94, la SEQ ID NO: 97, la SEQ ID NO: 100, la SEQ ID NO: 103, la SEQ ID NO: 106, la SEQ ID NO: 109, la SEQ ID NO: 112, la SEQ ID NO: 115, la SEQ ID NO: 118, la SEQ ID NO: 121, la SEQ ID NO: 124, la SEQ ID NO: 127 o la SEQ ID NO: 130. En un aspecto, los polipéptidos de la presente divulgación tienen al menos un 90% de la actividad de xilanasa del polipéptido de la SEQ ID NO: 3, la SEQ ID NO: 6, la SEQ ID NO: 9, la SEQ ID NO: 12, la SEQ ID NO: 15 o la SEQ ID NO: 18, la SEQ ID NO: 27, la SEQ ID NO: 30, la SEQ ID NO: 39, la SEQ ID NO: 42, la SEQ ID NO: 45, la SEQ ID NO: 48, la SEQ ID NO: 67, la SEQ ID NO: 70, la SEQ ID NO: 73, la SEQ ID NO: 76, la SEQ ID NO: 79, la SEQ ID NO: 82, la SEQ ID NO: 85, la SEQ ID NO: 88, la SEQ ID NO: 91, la SEQ ID NO: 94, la SEQ ID NO: 97, la SEQ ID NO: 100, la SEQ ID NO: 103, la SEQ ID NO: 106, la SEQ ID NO: 109, la SEQ ID NO: 112, la SEQ ID NO: 115, la SEQ ID NO: 118, la SEQ ID NO: 121, la SEQ ID NO: 124, la SEQ ID NO: 127 o la SEQ ID NO: 130. En un aspecto, los polipéptidos de la presente divulgación tienen al menos un 100% de la actividad de xilanasa del polipéptido de la SEQ ID NO: 3, la SEQ ID NO: 6, la SEQ ID NO: 9, la SEQ ID NO: 12, la SEQ ID NO: 15 o la SEQ ID NO: 18, la SEQ ID NO: 27, la SEQ ID NO: 30, la SEQ ID NO: 39, la SEQ ID NO: 42, la SEQ ID NO: 45, la SEQ ID NO: 48, la SEQ ID NO: 67, la SEQ ID NO: 70, la SEQ ID NO: 73, la SEQ ID NO: 76, la SEQ ID NO: 79, la SEQ ID NO: 82, la SEQ ID NO: 85, la SEQ ID NO: 88, la SEQ ID NO: 91, la SEQ ID NO: 94, la SEQ ID NO: 97, la SEQ ID NO: 100, la SEQ ID NO: 103, la SEQ ID NO: 106, la SEQ ID NO: 109, la SEQ ID NO: 112, la SEQ ID NO: 115, la SEQ ID NO: 118, la SEQ ID NO: 121, la SEQ ID NO: 124, la SEQ ID NO: 127 o la SEQ ID NO: 130.

### Nomenclatura

45 [0095] A efectos de la presente divulgación, la nomenclatura [Y/F] significa que el aminoácido en esta posición puede ser una tirosina (Tyr, Y) o una fenilalanina (Phe, F). Asimismo, la nomenclatura [V/G/A/I] significa que el aminoácido en esta posición puede ser una valina (Val, V), una glicina (Gly, G), una alanina (Ala, A) o una isoleucina (Ile, I), y así sucesivamente para otras combinaciones que se describen en la presente. El aminoácido X se define de modo que puede ser cualquiera de los 20 aminoácidos naturales, a menos que se indique lo contrario.

### 50 Descripción detallada de la invención

55 [0096] Los inventores han descubierto que determinadas xilanasas de la familia 5 de las glicósido hidrolasas (denominada en la presente como GH5) son sorprendentemente buenas en la degradación del esqueleto de xilosa del arabinoxilano estéricamente impedido que se encuentra en el material vegetal de la subfamilia *Panicoideae*, liberando así mayores cantidades de xilosa. La mayor degradación, y por tanto la mayor liberación de xilosa, puede resultar en ventajas para muchas industrias que usan material vegetal de la subfamilia *Panicoideae*. Esto es sorprendente, ya que las xilanasas de otras familias de glicósido hidrolasas (tales como la GH10 o la GH11 ya sea solas o en combinación con arabinofuranosidasas GH43 o GH51) que se conocen por solubilizar trigo son incapaces

de solubilizar el esqueleto de arabinosilano estéricamente impedido que se encuentra en el material vegetal de la subfamilia *Panicoideae*.

[0097] La cantidad de almidón presente en el material vegetal no tratado hace difícil detectar una solubilización significativa de arabinosilano. Así, sustratos modelo, donde el almidón y la grasa presentes en el material vegetal se eliminan sin afectar al grado de sustitución, se pueden usar para ayudar a la determinación de combinaciones de enzimas mejoradas respecto a combinaciones conocidas del estado de la técnica. Un sustrato modelo es el maíz desalmidonado desgrasado (DFDSM) y se puede preparar como se describe en la sección experimental en la presente. Es importante que el sustrato modelo no se prepare usando condiciones fuertemente ácidas o básicas o altas temperaturas, ya que tales condiciones pueden eliminar las moléculas de carbohidrato de cadena lateral y/o grupos éster presentes en el esqueleto de xilano. Si se eliminan estos grupos de cadena lateral, entonces la complejidad y el grado de sustitución se reducirán, dando como resultado un material de arabinosilano que es fácil de degradar con soluciones conocidas. Es por esta razón que se usa el pretratamiento con calor, ácidos y/o bases en la conversión de biomasa.

[0098] La solubilización del arabinosilano se puede medir como la cantidad de xilosa liberada en el sobrenadante. Mayores cantidades de solubilización darán lugar a más xilosa liberada que se puede detectar utilizando, por ejemplo, el método de ensayo de xilosa que se describe en la presente. Sin pretender imponer ninguna teoría, se cree que el aumento de la solubilización del arabinosilano abre las paredes celulares, lo que puede resultar en la liberación de los nutrientes, como el almidón, que están retenidos en el interior. La liberación de almidón y otros nutrientes puede resultar en un rendimiento animal mejorado y/o puede mejorar el valor nutricional de un pienso para animales.

[0099] Las xilanasas que tienen esta propiedad sorprendente comprenden uno o varios de los siguientes motivos:

- (a) motivo I: G[F/Y][A/S][V/G/A/I]HXY[P/V] (SEQ ID NO: 19),
- (b) motivo II: [I/L/V][H/I/L/M/V][F/I/Y][D/E][I/L/V]XNEP (SEQ ID NO: 20) y
- (c) motivo III: [D/G][A/T/W]XX[N/T]X[FILV]R[A/L/M][A/F/H][I/L/M] (SEQ ID NO 21).

[0100] Hasta los inventores son conscientes de que este motivo solo se encuentra en las xilanasas de la subfamilia GH5 21 y la subfamilia GH5 35. Tales motivos están preferiblemente presentes en los polipéptidos de la invención.

## Métodos de liberación de xilosa

### Primer, segundo y tercer aspectos

[0101] Así, en un primer aspecto, la invención se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende tratar el material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas, donde el polipéptido GH5 con actividad de xilanasas comprende uno o más motivo(s) I: G[F/Y][A/S][V/G/A/I]HXY[P/V] (SEQ ID NO: 19). En una forma de realización, el aminoácido en la posición 2 del motivo I es una tirosina. En una forma de realización, el aminoácido en la posición 3 del motivo I es una alanina. En una forma de realización, el aminoácido en la posición 4 del motivo I es una valina o una isoleucina, preferiblemente una valina. En una forma de realización, el aminoácido en la posición 6 del motivo I es un triptófano, una cisteína, una isoleucina o un ácido aspártico, preferiblemente un triptófano o una cisteína, más preferiblemente un triptófano. En una forma de realización, el aminoácido en la posición 8 del motivo I es una prolina. En una forma de realización más preferida, el aminoácido en la posición 3 del motivo I es una alanina y el aminoácido en la posición 4 del motivo I es una valina. En una forma de realización, el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de maíz desalmidonado desgrasado (DFDSM) y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas.

[0102] En una forma de realización más preferida, el polipéptido GH5 comprende uno o más motivos I, donde el motivo I es G[F/Y][A/S]VH[C/D/I/W]YP (SEQ ID NO: 59), aún más preferiblemente el motivo I es GYAVHWYP (SEQ ID NO: 60). En una forma de realización, el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas.

[0103] En una forma de realización preferida, el polipéptido GH5 con actividad de xilanasas que comprende uno o más motivos I: G[F/Y][A/S][V/G/A/I]HXY[P/V] (SEQ ID NO: 19) libera al menos un 3% de xilosa solubilizada a partir de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae*. En una forma de realización, el porcentaje de xilosa solubilizada es de al menos un 3,5%, tal como al menos un 4%, al menos un 4,5%, al menos un 5%, al menos un 5,5%, al menos un 6%, al menos un 6,5%, al menos un 7%, al menos un 7,5% o al menos un 8%. En una forma de realización, el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas.

5 [0104] En una forma de realización preferida, el polipéptido GH5 con actividad de xilanasas que comprende uno o más motivos I: G[F/Y][A/S]VH[C/D/I/W]YP (SEQ ID NO: 59) libera al menos un 3% de xilosa solubilizada a partir de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae*. En una forma de realización, el porcentaje de xilosa solubilizada es de al menos un 3,5%, tal como al menos un 4%, al menos un 4,5%, al menos un 5%, al menos un 5,5%, al menos un 6%, al menos un 6,5%, al menos un 7%, al menos un 7,5% o al menos un 8%. En una forma de realización, el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas.

10 [0105] En una forma de realización preferida, el polipéptido GH5 con actividad de xilanasas que comprende uno o más motivos I: GYAVHWYP (SEQ ID NO: 60) libera al menos un 3% de xilosa solubilizada a partir de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae*. En una forma de realización, el porcentaje de xilosa solubilizada es de al menos un 3,5%, tal como al menos un 4%, al menos un 4,5%, al menos un 5%, al menos un 5,5%, al menos un 6%, al menos un 6,5%, al menos un 7%, al menos un 7,5% o al menos un 8%. En una forma de realización, el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas.

15 [0106] En un segundo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas, donde el polipéptido GH5 con actividad de xilanasas comprende uno o más motivos II: [I/L/V][H/I/L/M/V][F/I/Y][D/E][I/L/V]XNEP (SEQ ID NO: 20). En una forma de realización, el aminoácido en la posición 1 del motivo II es una isoleucina o una valina. En una forma de realización, el aminoácido en la posición 2 del motivo II es una histidina o una metionina. En una forma de realización, el aminoácido en la posición 3 del motivo II es una isoleucina o una fenilalanina, preferiblemente una fenilalanina. En una forma de realización, el aminoácido en la posición 4 del motivo II es un ácido glutámico. En una forma de realización, el aminoácido en la posición 5 del motivo II es una isoleucina o una leucina. En una forma de realización, el aminoácido en la posición 6 del motivo II es una alanina, una isoleucina o una valina. En una forma de realización más preferida, el aminoácido en la posición 1 del motivo II es una isoleucina o una valina, el aminoácido en la posición 2 del motivo II es una histidina o una metionina, el aminoácido en la posición 3 del motivo II es una isoleucina o una fenilalanina, el aminoácido en la posición 4 del motivo II es un ácido glutámico, el aminoácido en la posición 5 del motivo II es una isoleucina o una leucina y el aminoácido en la posición 6 del motivo II es una alanina, una isoleucina o una valina. En una forma de realización, el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas.

35 [0107] En una forma de realización más preferida, el polipéptido GH5 comprende uno o más motivos II, donde el motivo II es [I/V][H/M][F/I]E[I/L][A/I/V]NEP (SEQ ID NO: 61), aún más preferiblemente el motivo II es VMFE[I/L][A/I/V]NEP (SEQ ID NO: 62). En una forma de realización, el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas.

40 [0108] En una forma de realización preferida, el polipéptido GH5 con actividad de xilanasas que comprende uno o más motivos II: [I/L/V][H/I/L/M/V][F/I/Y][D/E][I/L/V]XNEP (SEQ ID NO: 20) libera al menos un 3% de xilosa solubilizada a partir de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae*. En una forma de realización, el porcentaje de xilosa solubilizada es de al menos un 3,5%, tal como al menos un 4%, al menos un 4,5%, al menos un 5%, al menos un 5,5%, al menos un 6%, al menos un 6,5%, al menos un 7%, al menos un 7,5% o al menos un 8%. En una forma de realización, el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas.

45 [0109] En una forma de realización preferida, el polipéptido GH5 con actividad de xilanasas que comprende uno o más motivos II: [I/V][H/M][F/I]E[I/L][A/I/V]NEP (SEQ ID NO: 61) libera al menos un 3% de xilosa solubilizada a partir de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae*. En una forma de realización, el porcentaje de xilosa solubilizada es de al menos un 3,5%, tal como al menos un 4%, al menos un 4,5%, al menos un 5%, al menos un 5,5%, al menos un 6%, al menos un 6,5%, al menos un 7%, al menos un 7,5% o al menos un 8%. En una forma de realización, el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas.

50 [0110] En una forma de realización preferida, el polipéptido GH5 con actividad de xilanasas que comprende uno o más motivos II: VMFE[I/L][A/I/V]NEP (SEQ ID NO: 62) libera al menos un 3% de xilosa solubilizada a partir de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae*. En una forma de realización, el porcentaje de xilosa solubilizada es de al menos un 3,5%, tal como al menos un 4%, al menos un 4,5%, al menos un 5%, al menos un 5,5%, al menos un 6%, al menos un 6,5%, al menos un 7%, al menos un 7,5% o al menos un 8%. En una forma de realización, el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas.

[0111] En un tercer aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasa, donde el polipéptido GH5 con actividad de xilanasa comprende uno o más motivos III: [D/G][A/T/W]XX[N/T]X[FILV]R[A/L/M][A/F/H][I/L/M] (SEQ ID NO: 21). En una forma de realización, el aminoácido en la posición 1 del motivo III es una glicina. En una forma de realización, el aminoácido en la posición 2 del motivo III es un triptófano. En una forma de realización, el aminoácido en la posición 3 del motivo III es una lisina, una asparagina o una tirosina, preferiblemente una asparagina. En una forma de realización, el aminoácido en la posición 4 del motivo III es una cisteína, una leucina, una metionina, una serina o una valina, preferiblemente una metionina. En una forma de realización, el aminoácido en la posición 5 del motivo III es una asparagina. En una forma de realización, el aminoácido en la posición 6 del motivo III es una leucina, una glutamina, un triptófano o una tirosina, preferiblemente una glutamina. En una forma de realización, el aminoácido en la posición 7 del motivo III es una isoleucina, una leucina, una fenilalanina o una valina, preferiblemente una valina. En una forma de realización, el aminoácido en la posición 9 del motivo III es una alanina o una leucina, preferiblemente una leucina. En una forma de realización, el aminoácido en la posición 10 del motivo III es una alanina, una fenilalanina o una histidina, preferiblemente una fenilalanina. En una forma de realización, el aminoácido en la posición 11 del motivo III es una isoleucina o una metionina, preferiblemente una isoleucina. En una forma de realización más preferida, el aminoácido en la posición 2 del motivo III es un triptófano, el aminoácido en la posición 3 del motivo III es una asparagina, el aminoácido en la posición 5 del motivo III es una metionina, el aminoácido en la posición 5 del motivo III es una asparagina, el aminoácido en la posición 6 del motivo III es una glutamina, el aminoácido en la posición 7 del motivo III es una valina, el aminoácido en la posición 9 del motivo III es una leucina, el aminoácido en la posición 10 del motivo III es una fenilalanina y el aminoácido en la posición 11 del motivo III es una isoleucina. En una forma de realización, el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas.

[0112] En una forma de realización más preferida, el polipéptido GH5 comprende uno o más motivos III, donde el motivo III es G[A/W][K/N/Y][C/L/M/S/V]N[L/Q/W/Y][FILV]RL[F/H][I/L/M] (SEQ ID NO: 63), aún más preferiblemente el motivo III es GWNMNQVRLFI (SEQ ID NO: 64). En una forma de realización, el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas.

[0113] En una forma de realización preferida, el polipéptido GH5 con actividad de xilanasa que comprende uno o más motivos III: [D/G][A/T/W]XX[N/T]X[FILV]R[A/L/M][A/F/H][I/L/M] (SEQ ID NO: 21) libera al menos un 3% de xilosa solubilizada a partir de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae*. En una forma de realización, el porcentaje de xilosa solubilizada es de al menos un 3,5%, tal como al menos un 4%, al menos un 4,5%, al menos un 5%, al menos un 5,5%, al menos un 6%, al menos un 6,5%, al menos un 7%, al menos un 7,5% o al menos un 8%. En una forma de realización, el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas.

[0114] En una forma de realización preferida, el polipéptido GH5 con actividad de xilanasa que comprende uno o más motivos III: G[A/W][K/N/Y][C/L/M/S/V]N[L/Q/W/Y][FILV]RL[F/H][I/L/M] (SEQ ID NO: 63) libera al menos un 3% de xilosa solubilizada a partir de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae*. En una forma de realización, el porcentaje de xilosa solubilizada es de al menos un 3,5%, tal como al menos un 4%, al menos un 4,5%, al menos un 5%, al menos un 5,5%, al menos un 6%, al menos un 6,5%, al menos un 7%, al menos un 7,5% o al menos un 8%. En una forma de realización, el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas.

[0115] En una forma de realización preferida, el polipéptido GH5 con actividad de xilanasa que comprende uno o más motivos III: GWNMNQVRLFI (SEQ ID NO: 64) libera al menos un 3% de xilosa solubilizada a partir de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae*. En una forma de realización, el porcentaje de xilosa solubilizada es de al menos un 3,5%, tal como al menos un 4%, al menos un 4,5%, al menos un 5%, al menos un 5,5%, al menos un 6%, al menos un 6,5%, al menos un 7%, al menos un 7,5% o al menos un 8%. En una forma de realización, el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas.

#### 50 Cuarto aspecto

[0116] En un cuarto aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasa, donde el polipéptido GH5 con actividad de xilanasa tiene una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 2 de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-

30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 2.

5 [0117] En una forma de realización, el polipéptido comprende o consiste preferiblemente en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 2 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 2 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 6 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 5; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 2. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 537 de la SEQ ID NO: 2. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 5. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 546 de la SEQ ID NO: 5. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

15 [0118] En una continuación del cuarto aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas que tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 3 de al menos el 80%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 3 de al menos el 85%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 3 de al menos el 86%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 3 de al menos el 87%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 3 de al menos el 88%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 3 de al menos el 89%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 3 de al menos el 90%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 3 de al menos el 91%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 3 de al menos el 92%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 3 de al menos el 93%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 3 de al menos el 94%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 3 de al menos el 95%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 3 de al menos el 96%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 3 de al menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 3 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 3 de al menos el 99%.

40 [0119] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 3. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 6.

45 [0120] En una forma de realización, el polipéptido comprende o consiste preferiblemente en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 3 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 3 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 6; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 537 de la SEQ ID NO: 3. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 546 de la SEQ ID NO: 6. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

55 [0121] En una continuación del cuarto aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia media-alta, condiciones de astringencia alta o condiciones de astringencia muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 1, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 4 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., 1989, Molecular Cloning, A Laboratory Manual, 2ª edición, Cold Spring Harbor, Nueva York). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0122] En una continuación del cuarto aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 1 o SEQ ID NO: 4 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0123] En una continuación del cuarto aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas, donde el péptido con actividad de xilanasas es una variante de la SEQ ID NO: 3 que comprende una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 3 no es más de 50, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 3 es de entre 1 y 45, tal como 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 3 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o deleciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 3 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 3 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10.

[0124] Los cambios de aminoácidos pueden ser de una naturaleza menor, es decir, sustituciones o inserciones de aminoácidos conservadoras que no afectan significativamente al plegamiento y/o la actividad de la proteína; deleciones pequeñas, típicamente de 1-30 aminoácidos; extensiones amino- o carboxiterminales pequeñas, tal como un residuo de metionina aminoterminal; un péptido conector pequeño de hasta 20-25 residuos; o una extensión pequeña que facilite la purificación cambiando la carga neta u otra función, tal como un tracto de polihistidina, un epítipo antigénico o un dominio de unión.

[0125] Los ejemplos de sustituciones conservadoras se encuentran dentro de los grupos de aminoácidos básicos (arginina, lisina e histidina), aminoácidos ácidos (ácido glutámico y ácido aspártico), aminoácidos polares (glutamina y asparagina), aminoácidos hidrofóbicos (leucina, isoleucina y valina), aminoácidos aromáticos (fenilalanina, triptófano y tirosina) y aminoácidos pequeños (glicina, alanina, serina, treonina y metionina). Sustituciones de aminoácidos que no modifican generalmente la actividad específica se conocen en la técnica y son descritas, por ejemplo, por H. Neurath y R.L. Hill, 1979, en, *The Proteins*, Academic Press, Nueva York. Sustituciones comunes son Ala/Ser, Val/Ile, Asp/Glu, Thr/Ser, Ala/Gly, Ala/Thr, Ser/Asn, Ala/Val, Ser/Gly, Tyr/Phe, Ala/Pro, Lys/Arg, Asp/Asn, Leu/Ile, Leu/Val, Ala/Glu y Asp/Gly.

[0126] Alternativamente, los cambios de aminoácidos son de tal naturaleza que se modifican las propiedades fisicoquímicas de los polipéptidos. Por ejemplo, los cambios de aminoácidos pueden mejorar la termoestabilidad del polipéptido, modificar la especificidad por el sustrato, cambiar el pH óptimo y similares.

[0127] Se pueden identificar aminoácidos esenciales en un polipéptido según procedimientos conocidos en la técnica, tales como la mutagénesis dirigida al sitio o la mutagénesis por barrido de alanina (Cunningham y Wells, 1989, *Science* 244: 1081-1085). En esta última técnica, se introducen mutaciones individuales de alanina en cada residuo de la molécula y se evalúa la actividad de xilanasas de las moléculas mutantes resultantes para identificar residuos de aminoácidos que son críticos para la actividad de la molécula. Véase también, Hilton et al., 1996, *J. Biol. Chem.* 271: 4699-4708. El sitio activo de la enzima u otra interacción biológica puede determinarse también mediante análisis físico de la estructura, como se determina con técnicas tales como la resonancia magnética nuclear, la cristalografía, la difracción electrónica o el marcaje por fotoafinidad, junto con la mutación de aminoácidos del sitio de contacto putativo. Véase, por ejemplo, de Vos et al., 1992, *Science* 255: 306-312; Smith et al., 1992, *J. Mol. Biol.* 224: 899-904; Wlodaver et al., 1992, *FEBS Lett.* 309: 59-64. La identidad de aminoácidos esenciales también puede inferirse a partir de un alineamiento con un polipéptido relacionado.

[0128] Se pueden realizar y evaluar sustituciones, deleciones y/o inserciones de aminoácidos individuales o múltiples usando métodos conocidos de mutagénesis, recombinación y/o transposición, seguido de un

procedimiento de cribado pertinente, tal como los descritos por Reidhaar-Olson y Sauer, 1988, Science 241: 53-57; Bowie y Sauer, 1989, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 86: 2152-2156; WO 95/17413; o WO 95/22625. Otros métodos que se pueden usar incluyen la PCR con tendencia al error, la presentación en fagos (por ejemplo, Lowman et al., 1991, Biochemistry 30: 10832-10837; patente de EE.UU. n.º 5,223,409; WO 92/06204), y la mutagénesis dirigida a la región (Derbyshire et al., 1986, Gene 46: 145; Ner et al., 1988, DNA 7: 127).

[0129] Se pueden combinar métodos de mutagénesis/transposición con métodos de cribado de alto rendimiento automatizados para detectar la actividad de polipéptidos mutagenizados clonados expresados por células huésped (Ness et al., 1999, Nature Biotechnology 17: 893-896). Las moléculas de ADN mutagenizadas que codifican polipéptidos activos se pueden recuperar de las células huésped y secuenciar rápidamente usando métodos estándar en la técnica. Estos métodos permiten la determinación rápida de la importancia de residuos de aminoácidos individuales en un polipéptido.

[0130] El polipéptido puede ser un polipéptido híbrido donde una región de un polipéptido se fusiona en el extremo N-terminal o el extremo C-terminal de una región de otro polipéptido.

[0131] El polipéptido puede ser un polipéptido de fusión o un polipéptido de fusión escindible donde se fusiona otro polipéptido en el extremo N-terminal o el extremo C-terminal del polipéptido de la presente divulgación. Un polipéptido de fusión se produce fusionando un polinucleótido que codifica otro polipéptido con un polinucleótido de la presente divulgación. Las técnicas para producir polipéptidos de fusión se conocen en la técnica e incluyen ligar las secuencias codificantes que codifican los polipéptidos de modo que estén en marco y que la expresión del polipéptido de fusión esté bajo control del mismo o los mismos promotor(es) y terminador. También se pueden construir polipéptidos de fusión usando la tecnología de inteína donde se crean polipéptidos de fusión postraduccionalmente (Cooper et al., 1993, EMBO J. 12: 2575-2583; Dawson et al., 1994, Science 266: 776-779).

[0132] Un polipéptido de fusión puede comprender además un sitio de escisión entre los dos polipéptidos. Tras la secreción de la proteína de fusión, el sitio se escinde liberando los dos polipéptidos. Los ejemplos de sitios de escisión incluyen, pero de forma no limitativa, los sitios descritos en Martin et al., 2003, J. Ind. Microbiol. Biotechnol. 3: 568-576; Svetina et al., 2000, J. Biotechnol. 76: 245-251; Rasmussen-Wilson et al., 1997, Appl. Environ. Microbiol. 63: 3488-3493; Ward et al., 1995, Biotechnology 13: 498-503; y Contreras et al., 1991, Biotechnology 9: 378-381; Eaton et al., 1986, Biochemistry 25: 505-512; Collins-Racie et al., 1995, Biotechnology 13: 982-987; Carter et al., 1989, Proteins: Structure, Function, and Genetics 6: 240-248; y Stevens, 2003, Drug Discovery World 4: 35-48.

[0133] Las moléculas de carbohidrato se unen a menudo a un polipéptido de una fuente fúngica durante la modificación postraduccional. Para ayudar en el análisis de espectrometría de masas, el polipéptido se puede incubar con una endoglicosidasa para desglicosilar cada posición unida a N. Por cada sitio unido a N desglicosilado, permanece una N-acetil hexosamina en el esqueleto de la proteína.

#### Quinto aspecto

[0134] En un quinto aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasa, donde el polipéptido GH5 con actividad de xilanasa tiene una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 8 de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 83%, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 8.

[0135] En una forma de realización, el polipéptido comprende o consiste preferiblemente en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 8 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 8 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 12 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 11; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasa y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 8. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 547 de la SEQ ID NO: 8. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 11. En

otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 555 de la SEQ ID NO: 11. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0136] En una continuación del quinto aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas que tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 80%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 83%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 85%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 86%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 87%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 88%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 89%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 90%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 91%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 92%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 93%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 94%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 95%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 96%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 99%.

[0137] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 9. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 12.

[0138] En una forma de realización, el polipéptido comprende o consiste preferiblemente en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 9 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 9 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 12; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 547 de la SEQ ID NO: 9. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 555 de la SEQ ID NO: 12. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0139] En una continuación del quinto aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia media-alta, condiciones de astringencia alta o condiciones de astringencia muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 7, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 10 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0140] En una continuación del quinto aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 7 o SEQ ID NO: 10 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0141] En una continuación del quinto aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas, donde el



péptido con actividad de xilanasas es una variante de la SEQ ID NO: 9 que comprende una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 9 no es más de 50, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 9 es de entre 1 y 45, tal como 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 9 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o delecciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 9 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 9 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

#### Sexto aspecto

[0142] En un sexto aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas, donde el polipéptido GH5 con actividad de xilanasas tiene una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 14 de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En una forma de realización, el polipéptido difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 14.

[0143] En una forma de realización, el polipéptido comprende o consiste preferiblemente en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 14 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 14 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 18 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 17; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 14. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 598 de la SEQ ID NO: 14. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 17. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 606 de la SEQ ID NO: 17. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0144] En una continuación del sexto aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas que tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de al menos el 80%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de al menos el 85%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de al menos el 86%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de al menos el 87%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de al menos el 88%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de al menos el 89%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de al menos el 90%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de al menos el 91%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de al menos el 92%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de al menos el 93%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de al menos el 94%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de al menos el 95%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de al menos el 96%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de al menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de

al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de al menos el 99%.

[0145] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 15. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 18.

[0146] En una forma de realización, el polipéptido comprende o consiste preferiblemente en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 15 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 15 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 18; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 598 de la SEQ ID NO: 15. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 606 de la SEQ ID NO: 18. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0147] En una continuación del sexto aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia media-alta, condiciones de astringencia alta o condiciones de astringencia muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 13, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 16 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0148] En una continuación del sexto aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 13 o SEQ ID NO: 16 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0149] En una continuación del sexto aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas, donde el péptido con actividad de xilanasas es una variante de la SEQ ID NO: 15 que comprende una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 15 no es más de 50, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 15 es de entre 1 y 45, tal como 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 15 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o deleciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 15 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones en la SEQ ID NO: 15 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 15 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

Séptimo aspecto

[0150] En un séptimo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasa, donde el polipéptido GH5 con actividad de xilanasa tiene una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 26 de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 26.

[0151] En una forma de realización, el polipéptido comprende o consiste preferiblemente en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 26 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 26 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 30 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 29; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasa y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 26. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 550 de la SEQ ID NO: 26. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 29. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 558 de la SEQ ID NO: 29. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0152] En una continuación del séptimo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasa que tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 27 de al menos el 80%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 27 de al menos el 85%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 27 de al menos el 86%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 27 de al menos el 87%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 27 de al menos el 88%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 27 de al menos el 89%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 27 de al menos el 90%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 27 de al menos el 91%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 27 de al menos el 92%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 27 de al menos el 93%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 27 de al menos el 94%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 27 de al menos el 95%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 27 de al menos el 96%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 27 de al menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 27 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 27 de al menos el 99%.

[0153] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 27. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 30.

[0154] En una forma de realización, el polipéptido comprende o consiste preferiblemente en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 27 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 27 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 30; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasa y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 550 de la SEQ ID NO: 27. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 558 de la SEQ ID NO: 30. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0155] En una continuación del séptimo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasa codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia media-alta, condiciones de astringencia alta o condiciones de astringencia muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 25, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 28 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0156] En una continuación del séptimo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasa codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 25 o SEQ ID NO: 28 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0157] En una continuación del séptimo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasa, donde el péptido con actividad de xilanasa es una variante de la SEQ ID NO: 27 que comprende una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 27 no es más de 50, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 27 es de entre 1 y 45, tal como 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 27 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o delecciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 27 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones en la SEQ ID NO: 27 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 27 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

#### Octavo aspecto

[0158] En un octavo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasa, donde el polipéptido GH5 con actividad de xilanasa tiene una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 32 de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 32.

[0159] En una forma de realización, el polipéptido comprende o consiste preferiblemente en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 32 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 32 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 36 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 35; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasa y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 32. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 550 de la SEQ ID NO: 32. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 35. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 558 de la SEQ ID NO: 35. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0160] En una continuación del octavo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasa que tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 80%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 85%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 86%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 87%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 88%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 89%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 90%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 91%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 92%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 93%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 94%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 95%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 96%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 99%.

[0161] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 33. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 36.

[0162] En una forma de realización, el polipéptido comprende o consiste preferiblemente en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 33 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 33 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 36; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasa y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 550 de la SEQ ID NO: 33. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 558 de la SEQ ID NO: 36. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0163] En una continuación del octavo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasa codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia media-alta, condiciones de astringencia alta o condiciones de astringencia muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 31, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 34 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0164] En una continuación del octavo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasa codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 31 o SEQ ID NO: 34 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0165] En una continuación del octavo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasa, donde el péptido con actividad de xilanasa es una variante de la SEQ ID NO: 33 que comprende una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos,

y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 33 no es más de 50, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 33 es de entre 1 y 45, tal como 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 33 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o delecciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 33 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones en la SEQ ID NO: 33 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 33 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

#### 15 Noveno aspecto

[0166] En un noveno aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasa, donde el polipéptido GH5 con actividad de xilanasa tiene una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 38 de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 38.

[0167] En una forma de realización, el polipéptido comprende o consiste preferiblemente en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 38 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 38 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 42 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 41; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasa y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 38. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 828 de la SEQ ID NO: 38. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 41. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 836 de la SEQ ID NO: 41. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0168] En una continuación del noveno aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasa que tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 39 de al menos el 80%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 39 de al menos el 85%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 39 de al menos el 86%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 39 de al menos el 87%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 39 de al menos el 88%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 39 de al menos el 89%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 39 de al menos el 90%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 39 de al menos el 91%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 39 de al menos el 92%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 39 de al menos el 93%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 39 de al menos el 94%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 39 de al menos el 95%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 39 de al menos el 96%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 39 de al menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 39 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 39 de al menos el 99%.

[0169] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 39. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 42.

[0170] En una forma de realización, el polipéptido comprende o consiste preferiblemente en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 39 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 39 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 42; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 828 de la SEQ ID NO: 39. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 836 de la SEQ ID NO: 42. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0171] En una continuación del noveno aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia media-alta, condiciones de astringencia alta o condiciones de astringencia muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 37, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 40 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0172] En una continuación del noveno aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 37 o SEQ ID NO: 40 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0173] En una continuación del noveno aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas, donde el péptido con actividad de xilanasas es una variante de la SEQ ID NO: 39 que comprende una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 39 no es más de 50, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 39 es de entre 1 y 45, tal como 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 39 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o deleciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 39 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones en la SEQ ID NO: 39 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 39 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

#### Décimo aspecto

[0174] En un décimo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas, donde el polipéptido GH5 con actividad de xilanasas tiene una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 44 de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el

89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 44.

[0175] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 44 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 44 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 48 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 47; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 44. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 577 de la SEQ ID NO: 44. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 47. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 585 de la SEQ ID NO: 47. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0176] En una continuación del décimo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas que tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 80%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 85%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 86%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 87%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 88%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 89%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 90%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 91%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 92%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 93%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 94%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 95%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 96%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 99%.

[0177] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 45. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 48.

[0178] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 45 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 45 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 48; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 577 de la SEQ ID NO: 45. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 585 de la SEQ ID NO: 48. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0179] En una continuación del décimo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia media-alta, condiciones de astringencia alta o condiciones de astringencia muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 43,



(ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 46 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

5 [0180] En una continuación del décimo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 43 o la SEQ ID NO: 46 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

15 [0181] En una continuación del décimo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas, donde el péptido con actividad de xilanasas es una variante de la SEQ ID NO: 45 que comprende una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 45 no es más de 50, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 45 es de entre 1 y 45, tal como 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 45 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o deleciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 45 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 45 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

#### Decimoprimer aspecto

35 [0182] En un decimoprimer aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas, donde el polipéptido GH5 con actividad de xilanasas tiene una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 66 de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 66.

45 [0183] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 66 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 66 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 70 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 69; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 66. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 537 de la SEQ ID NO: 66. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 69. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 545 de la SEQ ID NO: 69. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

55 [0184] En una continuación del decimoprimer aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas que tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 67 de al menos el 80%. En una forma de realización, el polipéptido

GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 67 de al menos el 85%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 67 de al menos el 86%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 67 de al menos el 87%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 67 de al menos el 88%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 67 de al menos el 89%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 67 de al menos el 90%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 67 de al menos el 91%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 67 de al menos el 92%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 67 de al menos el 93%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 67 de al menos el 94%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 67 de al menos el 95%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 67 de al menos el 96%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 67 de al menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 67 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 67 de al menos el 99%.

[0185] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 67. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 70.

[0186] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 67 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 67 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 70; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 537 de la SEQ ID NO: 67. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 545 de la SEQ ID NO: 70. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0187] En una continuación del decimoprimer aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia media-alta, condiciones de astringencia alta o condiciones de astringencia muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 65, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 68 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0188] En una continuación del decimoprimer aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 65 o la SEQ ID NO: 68 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0189] En una continuación del decimoprimer aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas, donde el péptido con actividad de xilanasas es una variante de la SEQ ID NO: 67 que comprende una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 67 no es más de 50, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de

aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 67 es de entre 1 y 45, tal como 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 67 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o deleciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 67 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones en la SEQ ID NO: 67 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 67 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

#### Decimosegundo aspecto

[0190] En un decimosegundo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas, donde el polipéptido GH5 con actividad de xilanasas tiene una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 72 de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 72.

[0191] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 72 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 72 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 76 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 75; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 72. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 72. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 75. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 75. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0192] En una continuación del decimosegundo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas que tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 73 de al menos el 80%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 73 de al menos el 85%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 73 de al menos el 86%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 73 de al menos el 87%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 73 de al menos el 88%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 73 de al menos el 89%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 73 de al menos el 90%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 73 de al menos el 91%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 73 de al menos el 92%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 73 de al menos el 93%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 73 de al menos el 94%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 73 de al menos el 95%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 73 de al menos el 96%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 73 de al menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 73 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 73 de al menos el 99%.

[0193] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 73. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15,

1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 76.

5 [0194] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 73 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 73 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 76; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido  
10 comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 73. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 76. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

15 [0195] En una continuación del decimosegundo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia media-alta, condiciones de astringencia alta o condiciones de astringencia muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 71, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 74 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

20 [0196] En una continuación del decimosegundo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 71 o SEQ ID NO: 74 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En otra forma de  
25 realización, el polipéptido se ha aislado.

[0197] En una continuación del decimosegundo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas, donde el péptido con actividad de xilanasas es una variante de la SEQ ID NO: 73 que comprende una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 73 no es más de 50, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 73 es de entre 1 y 45, tal como 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 73 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o deleciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 73 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 73 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

#### Decimotercer aspecto

50 [0198] En un decimotercer aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas, donde el polipéptido GH5 con actividad de xilanasas tiene una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 78 de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21,  
55

22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 78.

5 [0199] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 78 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 78 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 82 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 81; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 78. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 78. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 81. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 81. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

15 [0200] En una continuación del decimotercer aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas que tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 80%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 85%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 86%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 87%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 88%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 89%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 90%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 91%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 92%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 93%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 94%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 95%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 96%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 99%.

35 [0201] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 79. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 82.

45 [0202] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 79 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 79 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 82; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 79. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 82. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

55 [0203] En una continuación del decimotercer aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia media-alta, condiciones de astringencia alta o condiciones de astringencia muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 77, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 80 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0204] En una continuación del decimotercer aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasa codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 77 o la SEQ ID NO: 80 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0205] En una continuación del decimotercer aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasa, donde el péptido con actividad de xilanasa es una variante de la SEQ ID NO: 79 que comprende una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 79 no es más de 50, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 79 es de entre 1 y 45, tal como 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 79 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o deleciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 79 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 79 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

#### Decimocuarto aspecto

[0206] En un decimocuarto aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasa, donde el polipéptido GH5 con actividad de xilanasa tiene una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 84 de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 84.

[0207] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 84 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 84 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 88 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 87; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasa y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 84. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 535 de la SEQ ID NO: 84. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 87. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 543 de la SEQ ID NO: 87. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0208] En una continuación del decimocuarto aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasa que tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 85 de al menos el 80%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 85 de al menos el 85%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 85 de al menos el 86%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 85 de al menos el 87%. En una

forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 85 de al menos el 88%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 85 de al menos el 89%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 85 de al menos el 90%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 85 de al menos el 91%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 85 de al menos el 92%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 85 de al menos el 93%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 85 de al menos el 94%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 85 de al menos el 95%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 85 de al menos el 96%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 85 de al menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 85 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 85 de al menos el 99%.

[0209] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 85. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 88.

[0210] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 85 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 85 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 88; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 535 de la SEQ ID NO: 85. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 543 de la SEQ ID NO: 88. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0211] En una continuación del decimocuarto aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia media-alta, condiciones de astringencia alta o condiciones de astringencia muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 83, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 86 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0212] En una continuación del decimocuarto aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 83 o la SEQ ID NO: 86 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0213] En una continuación del decimocuarto aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas, donde el péptido con actividad de xilanasas es una variante de la SEQ ID NO: 85 que comprende una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 85 no es más de 50, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 85 es de entre 1 y 45, tal como 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de

aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 85 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o deleciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 85 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones en la SEQ ID NO: 85 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 85 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

#### Decimoquinto aspecto

[0214] En un decimoquinto aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasa, donde el polipéptido GH5 con actividad de xilanasa tiene una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 90 de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 90.

[0215] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 90 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 90 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 94 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 93; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasa y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 90. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 90. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 93. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 566 de la SEQ ID NO: 93. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0216] En una continuación del decimoquinto aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasa que tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 80%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 85%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 86%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 87%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 88%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 89%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 90%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 91%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 92%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 93%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 94%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 95%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 96%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 99%.

[0217] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 91. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 94.



5 [0218] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 91 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 91 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 94; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 91. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 566 de la SEQ ID NO: 94. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

10 [0219] En una continuación del decimoquinto aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia media-alta, condiciones de astringencia alta o condiciones de astringencia muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 89, 15 (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 92 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

20 [0220] En una continuación del decimoquinto aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 89 o SEQ ID NO: 92 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

25 [0221] En una continuación del decimoquinto aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas, donde el péptido con actividad de xilanasas es una variante de la SEQ ID NO: 91 que comprende una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 91 no es más de 50, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 30 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 35 91 es de entre 1 y 45, tal como 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 40 91 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o delecciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 91 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 91 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, 45 sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

#### Decimosexto aspecto

50 [0222] En un decimosexto aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas, donde el polipéptido GH5 con actividad de xilanasas tiene una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 96 de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 55 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 96.

[0223] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 96 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 96 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 100 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 99; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 96. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 96. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 99. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 566 de la SEQ ID NO: 99. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0224] En una continuación del decimosexto aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas que tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 97 de al menos el 80%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 97 de al menos el 85%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 97 de al menos el 86%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 97 de al menos el 87%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 97 de al menos el 88%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 97 de al menos el 89%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 97 de al menos el 90%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 97 de al menos el 91%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 97 de al menos el 92%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 97 de al menos el 93%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 97 de al menos el 94%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 97 de al menos el 95%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 97 de al menos el 96%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 97 de al menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 97 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 97 de al menos el 99%.

[0225] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 97. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 100.

[0226] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 97 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 97 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 100; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 97. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 100. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0227] En una continuación del decimosexto aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia media-alta, condiciones de astringencia alta o condiciones de astringencia muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 95, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 98 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0228] En una continuación del decimosexto aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la

SEQ ID NO: 95 o la SEQ ID NO: 98 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

5 [0229] En una continuación del decimosexto aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasa, donde el péptido con actividad de xilanasa es una variante de la SEQ ID NO: 97 que comprende una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 97 no es más de 50, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 97 es de entre 1 y 45, tal como 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 97 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o delecciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 97 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones en la SEQ ID NO: 97 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 97 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

#### Decimoséptimo aspecto

[0230] En un decimoséptimo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasa, donde el polipéptido GH5 con actividad de xilanasa tiene una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 102 de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 102.

[0231] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 102 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 102 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 106 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 105; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasa y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 102. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 102. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 105. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 105. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0232] En una continuación del decimoséptimo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasa que tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 103 de al menos el 80%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 103 de al menos el 85%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 103 de al menos el 86%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 103 de al menos el 87%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 103 de al menos el 88%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 103 de al menos el 89%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 103 de al menos el 90%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia

con la SEQ ID NO: 103 de al menos el 91%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 103 de al menos el 92%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 103 de al menos el 93%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 103 de al menos el 94%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 103 de al menos el 95%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 103 de al menos el 96%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 103 de al menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 103 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 103 de al menos el 99%.

[0233] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 103. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 106.

[0234] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 103 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 103 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 106; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 103. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 106. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0235] En una continuación del decimoséptimo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia media-alta, condiciones de astringencia alta o condiciones de astringencia muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 101, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 104 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0236] En una continuación del decimoséptimo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 101 o la SEQ ID NO: 104 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0237] En una continuación del decimoséptimo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas, donde el péptido con actividad de xilanasas es una variante de la SEQ ID NO: 103 que comprende una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 103 no es más de 50, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 103 es de entre 1 y 45, tal como 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 103 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o delecciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 103 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2,

3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones en la SEQ ID NO: 103 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 103 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

#### Decimoctavo aspecto

[0238] En un decimoctavo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas, donde el polipéptido GH5 con actividad de xilanasas tiene una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 108 de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 108.

[0239] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 108 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 108 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 112 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 111; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 108. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 108. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 111. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 111. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0240] En una continuación del decimoctavo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas que tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos el 80%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos el 85%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos el 86%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos el 87%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos el 88%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos el 89%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos el 90%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos el 91%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos el 92%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos el 93%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos el 94%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos el 95%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos el 96%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos el 99%.

[0241] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 109. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 112.

5 [0242] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 109 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 109 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 112; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 109. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 112. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

10 [0243] En una continuación del decimotercero aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia media-alta, condiciones de astringencia alta o condiciones de astringencia muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 107, 15 (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 110 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

20 [0244] En una continuación del decimotercero aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 107 o la SEQ ID NO: 110 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

25 [0245] En una continuación del decimotercero aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas, donde el péptido con actividad de xilanasas es una variante de la SEQ ID NO: 109 que comprende una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 109 no es más de 50, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 30 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 35 109 es de entre 1 y 45, tal como 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 109 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o deleciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 109 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 109 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen 40 ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación. 45

#### Decimonoveno aspecto

50 [0246] En un decimonoveno aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas, donde el polipéptido GH5 con actividad de xilanasas tiene una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 114 de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 114. 55

[0247] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 114 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 114 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 118 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 117; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 114. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 538 de la SEQ ID NO: 114. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 117. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 546 de la SEQ ID NO: 117. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0248] En una continuación del decimonoveno aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas que tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 115 de al menos el 80%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 115 de al menos el 85%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 115 de al menos el 86%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 115 de al menos el 87%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 115 de al menos el 88%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 115 de al menos el 89%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 115 de al menos el 90%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 115 de al menos el 91%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 115 de al menos el 92%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 115 de al menos el 93%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 115 de al menos el 94%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 115 de al menos el 95%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 115 de al menos el 96%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 115 de al menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 115 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 115 de al menos el 99%.

[0249] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 115. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 118.

[0250] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 115 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 115 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 118; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 538 de la SEQ ID NO: 115. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 546 de la SEQ ID NO: 118. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0251] En una continuación del decimonoveno aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia media-alta, condiciones de astringencia alta o condiciones de astringencia muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 113, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 116 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0252] En una continuación del decimonoveno aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado

5 por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 113 o la SEQ ID NO: 116 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

10 [0253] En una continuación del decimonoveno aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas, donde el péptido con actividad de xilanasas es una variante de la SEQ ID NO: 115 que comprende una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 115 no es más de 50, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 115 es de entre 1 y 45, tal como 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 115 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o delecciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 115 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 115 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

#### Vigésimo aspecto

30 [0254] En un vigésimo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas, donde el polipéptido GH5 con actividad de xilanasas tiene una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 120 de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 120.

40 [0255] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 120 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 120 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 124 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 123; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 120. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 537 de la SEQ ID NO: 120. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 123. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 545 de la SEQ ID NO: 123. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

55 [0256] En una continuación del vigésimo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas que tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 121 de al menos el 80%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 121 de al menos el 85%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 121 de al menos el 86%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 121 de al menos el 87%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 121 de al menos el 88%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 121



de al menos el 89%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 121 de al menos el 90%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 121 de al menos el 91%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 121 de al menos el 92%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 121 de al menos el 93%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 121 de al menos el 94%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 121 de al menos el 95%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 121 de al menos el 96%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 121 de al menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 121 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 121 de al menos el 99%.

[0257] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 121. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 124.

[0258] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 121 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 121 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 124; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 537 de la SEQ ID NO: 121. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 545 de la SEQ ID NO: 124. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0259] En una continuación del vigésimo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia media-alta, condiciones de astringencia alta o condiciones de astringencia muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 119, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 122 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0260] En una continuación del vigésimo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 119 o la SEQ ID NO: 122 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0261] En una continuación del vigésimo aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas, donde el péptido con actividad de xilanasas es una variante de la SEQ ID NO: 121 que comprende una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 121 no es más de 50, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 121 es de entre 1 y 45, tal como 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en

la SEQ ID NO: 121 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o deleciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 121 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones en la SEQ ID NO: 121 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 121 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

#### Vigésimo primer aspecto

[0262] En un vigésimo primer aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas, donde el polipéptido GH5 con actividad de xilanasas tiene una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 126 de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 126.

[0263] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 126 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 126 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 130 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 129; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 126. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 126. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 129. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 129. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0264] En una continuación del vigésimo primer aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas que tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 127 de al menos el 80%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 127 de al menos el 85%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 127 de al menos el 86%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 127 de al menos el 87%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 127 de al menos el 88%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 127 de al menos el 89%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 127 de al menos el 90%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 127 de al menos el 91%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 127 de al menos el 92%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 127 de al menos el 93%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 127 de al menos el 94%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 127 de al menos el 95%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 127 de al menos el 96%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 127 de al menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 127 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 127 de al menos el 99%.

[0265] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 127. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 de la SEQ ID NO: 130.

5 [0266] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 127 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 127 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 130; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 127. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 130. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

10 [0267] En una continuación del vigésimo primer aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia media-alta, condiciones de astringencia alta o condiciones de astringencia muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 125, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 128 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

20 [0268] En una continuación del vigésimo primer aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 125 o la SEQ ID NO: 128 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

25 [0269] En una continuación del vigésimo primer aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas, donde el péptido con actividad de xilanasas es una variante de la SEQ ID NO: 127 que comprende una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 127 no es más de 50, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 127 es de entre 1 y 45, tal como 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 127 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o deleciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 127 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 127 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

#### Polipéptidos que tienen múltiples motivos

50 [0270] En una forma de realización, el polipéptido GH5 comprende uno o más motivos I (como se describe en el primer aspecto) y uno o más motivos II (como se describe en el segundo aspecto). En una forma de realización, el polipéptido GH5 comprende uno o más motivos I (como se describe en el primer aspecto) y uno o más motivos III (como se describe en el tercer aspecto). En una forma de realización, el polipéptido GH5 comprende uno o más motivos II (como se describe en el segundo aspecto) y uno o más motivos III (como se describe en el tercer aspecto). En otra forma de realización, el GH5 es el polipéptido de uno o más, tal como todos, de los aspectos cuatro, cinco, seis, siete, nueve, diez, once, doce, trece, catorce, quince, dieciséis, diecisiete, dieciocho, diecinueve, veinte y veintiuno de la divulgación.

[0271] En una forma de realización, el polipéptido GH5 comprende uno o más motivos I (como se describe en el primer aspecto), uno o más motivos II (como se describe en el segundo aspecto) y/o uno o más motivos III (como se describe en el tercer aspecto). En una forma de realización preferida, el polipéptido GH5 con actividad de

xilanasas y que comprende uno o más motivos I (como se describe en el primer aspecto), uno o más motivos II (como se describe en el segundo aspecto) y/o uno o más motivos III (como se describe en el tercer aspecto) libera al menos un 3% de xilosa solubilizada a partir de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae*. En una forma de realización, el porcentaje de xilosa solubilizada es de al menos un 3,5%, tal como al menos un 4%, al menos un 4,5%, al menos un 5%, al menos un 5,5%, al menos un 6%, al menos un 6,5%, al menos un 7%, al menos un 7,5% o al menos un 8%. En una forma de realización, el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas. En otra forma de realización, el GH5 es el polipéptido de uno o más, tal como todos, de los aspectos cuatro, cinco, seis, siete, nueve, diez, once, doce, trece, catorce, quince, dieciséis, diecisiete, dieciocho, diecinueve, veinte y veintiuno de la divulgación, más preferiblemente uno o más, tal como todos, de los aspectos cuatro, seis, siete, nueve, diez, doce, trece, catorce, quince, dieciséis, diecisiete, dieciocho, veinte y veintiuno de la divulgación, aún más preferiblemente uno o más, tal como todos, de los aspectos siete, nueve, diez, doce, quince, dieciséis, diecisiete, dieciocho y veintiuno de la divulgación.

[0272] En una forma de realización preferida, el GH5 es el polipéptido que comprende uno o más motivos I (como se describe en el primer aspecto), uno o más motivos II (como se describe en el segundo aspecto) y/o uno o más motivos III (como se describe en el tercer aspecto) es de uno o más, tal como todos, de los aspectos cuatro, seis, siete, nueve, diez, doce, trece, catorce, quince, dieciséis, diecisiete, dieciocho, veinte y veintiuno de la divulgación y el porcentaje de xilosa solubilizada es como mínimo al menos el 6%, tal como al menos un 6,5%, al menos un 7,0%, al menos un 7,5% o al menos un 8% cuando el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas. En una forma de realización más preferida, el GH5 es el polipéptido de uno o más, tal como todos, de los aspectos siete, nueve, diez, doce, quince, dieciséis, diecisiete, dieciocho y veintiuno de la divulgación y el porcentaje de xilosa solubilizada es como mínimo de al menos un 7%, tal como al menos un 7,5% o al menos un 8% cuando el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas.

[0273] En una forma de realización más preferida, el polipéptido GH5 con actividad de xilanasas y que comprende uno o más motivos I (como se describe en el primer aspecto), uno o más motivos II (como se describe en el segundo aspecto) y uno o más motivos III (como se describe en el tercer aspecto) libera al menos un 3% de xilosa solubilizada a partir de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae*. En una forma de realización, el porcentaje de xilosa solubilizada es de al menos un 3,5%, tal como al menos un 4%, al menos un 4,5%, al menos un 5%, al menos un 5,5%, al menos un 6%, al menos un 6,5%, al menos un 7%, al menos un 7,5% o al menos un 8%. En una forma de realización, el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas. En otra forma de realización, el GH5 es el polipéptido de uno o más, tal como todos, de los aspectos cuatro, cinco, seis, siete, nueve, diez, once, doce, trece, catorce, quince, dieciséis, diecisiete, dieciocho, diecinueve, veinte y veintiuno de la divulgación, más preferiblemente uno o más, tal como todos, de los aspectos cuatro, seis, siete, nueve, diez, doce, trece, catorce, quince, dieciséis, diecisiete, dieciocho, veinte y veintiuno de la divulgación, aún más preferiblemente uno o más, tal como todos, de los aspectos siete, nueve, diez, doce, quince, dieciséis, diecisiete, dieciocho y veintiuno de la divulgación.

[0274] En una forma de realización preferida, el GH5 es el polipéptido que comprende uno o más motivos I (como se describe en el primer aspecto), uno o más motivos II (como se describe en el segundo aspecto) y uno o más motivos III (como se describe en el tercer aspecto) es de uno o más, tal como todos, de los aspectos cuatro, seis, siete, nueve, diez, doce, trece, catorce, quince, dieciséis, diecisiete, dieciocho, veinte y veintiuno de la divulgación y el porcentaje de xilosa solubilizada es como mínimo de al menos un 6%, tal como al menos un 6,5%, al menos un 7,0%, al menos un 7,5% o al menos un 8% cuando el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas. En una forma de realización más preferida, el GH5 es el polipéptido de uno o más, tal como todos, de los aspectos siete, nueve, diez, doce, quince, dieciséis, diecisiete, dieciocho y veintiuno de la divulgación y el porcentaje de xilosa solubilizada es como mínimo de al menos un 7%, tal como al menos un 7,5% o al menos un 8% cuando el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas.

[0275] En una forma de realización, el polipéptido GH5 con actividad de xilanasas y que comprende uno o más motivos I (como se describe en el primer aspecto), y/o uno o más motivos II (como se describe en el segundo aspecto) y/o uno o más motivos III (como se describe en el tercer aspecto) libera al menos un 2,5% más de xilosa solubilizada a partir de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* en comparación con Ronozyme WX (una xilanasas GH11, SEQ ID NO: 51). En una forma de realización, el porcentaje de xilosa solubilizada es de al menos un 3,0%, tal como al menos un 3,5%, al menos un 4,0%, al menos un 4,5%, al menos un 5%, al menos un 5,5%, al menos un 6%, al menos un 6,5%, al menos un 7%, al menos un 7,5% o al menos un 8% más alto en comparación con Ronozyme WX. En otra forma de realización, el GH5 es el polipéptido de uno o más, tal como todos, de los aspectos cuatro, cinco, seis, siete, nueve, diez, once, doce, trece, catorce, quince, dieciséis, diecisiete, dieciocho,

diecinueve, veinte y veintiuno de la divulgación, más preferiblemente uno o más, tal como todos, de los aspectos siete, nueve, diez, doce, quince, dieciséis, diecisiete, dieciocho y veintiuno de la divulgación.

[0276] En una forma de realización, el polipéptido GH5 con actividad de xilanasas y que comprende uno o más motivos I (como se describe en el primer aspecto), uno o más motivos II (como se describe en el segundo aspecto) y uno o más motivos III (como se describe en el tercer aspecto) libera al menos un 2,5% más de xilosa solubilizada a partir de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* en comparación con Ronozyme WX (una xilanasas GH11, SEQ ID NO: 51). En una forma de realización, el porcentaje de xilosa solubilizada es de al menos un 3,0%, tal como al menos un 3,5%, al menos un 4,0%, al menos un 4,5%, al menos un 5%, al menos un 5,5%, al menos un 6%, al menos un 6,5%, al menos un 7%, al menos un 7,5% o al menos un 8% más alto en comparación con Ronozyme WX. En otra forma de realización, el GH5 es el polipéptido de uno o más, tal como todos, de los aspectos cuatro, cinco, seis, siete, nueve, diez, once, doce, trece, catorce, quince, dieciséis, diecisiete, dieciocho, diecinueve, veinte y veintiuno de la divulgación, más preferiblemente uno o más de los aspectos siete, nueve, diez, doce, quince, dieciséis, diecisiete, dieciocho y veintiuno de la divulgación, aún más preferiblemente todos los aspectos siete, nueve, diez, doce, quince, dieciséis, diecisiete, dieciocho y veintiuno de la divulgación.

## 15 Polipéptidos con actividad de xilanasas

### Vigésimo segundo aspecto

[0277] En un vigésimo segundo aspecto, la divulgación se refiere a polipéptidos con una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 2 de al menos el 99,3%, por ejemplo, al menos el 99,4%, al menos el 99,5%, al menos el 99,6%, al menos el 99,7%, al menos el 99,8%, al menos el 99,9% o el 100%, que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 4 aminoácidos, por ejemplo, 1, 2, 3 o 4 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 2.

[0278] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 2 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 2 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 6 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 5; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 2. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 537 de la SEQ ID NO: 2. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 5. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 546 de la SEQ ID NO: 5. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0279] En una continuación del vigésimo segundo aspecto, la divulgación se refiere además a polipéptidos con una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 3 de al menos el 99,3% que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 3 de al menos el 99,4%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 3 de al menos el 99,5%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 3 de al menos el 99,6%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 3 de al menos el 99,7%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 3 de al menos el 99,8%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 3 de al menos el 99,9%. Los polipéptidos del vigésimo segundo aspecto tienen al menos el 75%, preferiblemente al menos el 90%, más preferiblemente al menos el 95% y más preferiblemente al menos el 100% de la actividad de xilanasas de la SEQ ID NO: 3.

[0280] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 4 aminoácidos, por ejemplo, 1, 2, 3 o 4 aminoácidos de la SEQ ID NO: 3. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 4 aminoácidos, por ejemplo, 1, 2, 3 o 4 aminoácidos de la SEQ ID NO: 6.

[0281] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 3 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 3 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 6; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 537 de la SEQ ID NO: 3. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 546 de la SEQ ID NO: 6. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0282] En una continuación del vigésimo segundo aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 1, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 4 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0283] En una continuación del vigésimo segundo aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 1 o la SEQ ID NO: 4 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 99,3%, por ejemplo, al menos el 99,4%, al menos el 99,5%, al menos el 99,6%, al menos el 99,7%, al menos el 99,8%, al menos el 99,9% o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0284] En una continuación del vigésimo segundo aspecto, la divulgación se refiere a variantes de la SEQ ID NO: 3 con actividad de xilanasas que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 3 no es más de 4, por ejemplo, 1, 2, 3 o 4. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o deleciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 3 no es más de 4, por ejemplo, 1, 2, 3 o 4. En otra forma de realización, el número de sustituciones en la SEQ ID NO: 3 no es más de 4, por ejemplo, 1, 2, 3 o 4. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 3 no es más de 4, por ejemplo, 1, 2, 3 o 4. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

#### Vigésimo tercer aspecto

[0285] En un vigésimo tercer aspecto, la divulgación se refiere a polipéptidos con una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 8 de al menos el 83%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%, que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 8.

[0286] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 8 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 8 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 12 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 11; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 8. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 547 de la SEQ ID NO: 8. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 11. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 555 de la SEQ ID NO: 11. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0287] En una continuación del vigésimo tercer aspecto, la divulgación se refiere a polipéptidos con una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 83% que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 85%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 86%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 87%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 88%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 89%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 90%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 91%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 92%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 93%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 94%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 95%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 96%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos

el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 9 de al menos el 99%. Los polipéptidos del vigésimo tercer aspecto tienen al menos el 75%, preferiblemente al menos el 90%, más preferiblemente al menos el 95% y más preferiblemente al menos el 100% de la actividad de xilanasas de la SEQ ID NO: 9.

[0288] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos de la SEQ ID NO: 9. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos de la SEQ ID NO: 12.

[0289] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 9 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 9 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 12; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 547 de la SEQ ID NO: 9. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 555 de la SEQ ID NO: 12. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0290] En una continuación del vigésimo tercer aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia alta o muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 7, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 10 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0291] En una continuación del vigésimo tercer aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que tiene una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 7 o la SEQ ID NO: 10 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0292] En una continuación del vigésimo tercer aspecto, la divulgación se refiere a variantes de la SEQ ID NO: 9 con actividad de xilanasas que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 9 no es más de 50, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 9 es de entre 1 y 45, tal como 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 9 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o deleciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 9 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones en la SEQ ID NO: 9 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 9 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

#### Vigésimo cuarto aspecto

[0293] En un vigésimo cuarto aspecto, la divulgación se refiere a polipéptidos con una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 14 de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%,

al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%, que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 14.

[0294] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 14 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 14 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 18 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 17; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 14. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 598 de la SEQ ID NO: 14. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 17. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 606 de la SEQ ID NO: 17. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0295] En una continuación del vigésimo cuarto aspecto, la divulgación se refiere además a polipéptidos con una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de al menos el 80% que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de al menos el 85%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de al menos el 86%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de al menos el 87%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de al menos el 88%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de al menos el 89%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de al menos el 90%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de al menos el 91%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de al menos el 92%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de al menos el 93%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de al menos el 94%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de al menos el 95%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de al menos el 96%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de al menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 15 de al menos el 99%. Los polipéptidos del vigésimo cuarto aspecto tienen al menos el 75%, preferiblemente al menos el 90%, más preferiblemente al menos el 95% y más preferiblemente al menos el 100% de la actividad de xilanasas de la SEQ ID NO: 15.

[0296] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos de la SEQ ID NO: 15. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos de la SEQ ID NO: 18.

[0297] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 15 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 15 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 18; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 598 de la SEQ ID NO: 15. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 606 de la SEQ ID NO: 18. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0298] En una continuación del vigésimo cuarto aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia alta o muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 13, (ii) la secuencia codificante del polipéptido



maduro de la SEQ ID NO: 16 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0299] En una continuación del vigésimo cuarto aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 13 o la SEQ ID NO: 16 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0300] En una continuación del vigésimo cuarto aspecto, la divulgación se refiere a variantes de la SEQ ID NO: 15 con actividad de xilanasas que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 15 no es más de 50, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 15 es de entre 1 y 45, tal como 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 15 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o deleciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 15 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 15 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

#### Vigésimo quinto aspecto

[0301] En un vigésimo quinto aspecto, la divulgación se refiere a polipéptidos con una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 26 de al menos el 95%, por ejemplo, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%, que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 27 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 27 aminoácidos, tal como 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26 o 27 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 26.

[0302] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 26 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 26 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 18 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 29; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 26. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 550 de la SEQ ID NO: 26. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 29. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 558 de la SEQ ID NO: 29. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0303] En una continuación del vigésimo quinto aspecto, la divulgación se refiere además a polipéptidos con una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 27 de al menos el 95% que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 27 de al menos el 96%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 27 de al menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 27 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 27 de al menos el 99%. Los polipéptidos del decimoséptimo aspecto tienen al menos el 75%, preferiblemente al menos el 90%, más preferiblemente al menos el 95% y más preferiblemente al menos el 100% de la actividad de xilanasas de la SEQ ID NO: 27.

[0304] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 27 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 27 aminoácidos, tal como 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26 o 27 aminoácidos de la SEQ ID NO: 27. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 27 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 27 aminoácidos, tal como 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26 o 27 aminoácidos de la SEQ ID NO: 30.

[0305] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 27 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 27 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 30; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 550 de la SEQ ID NO: 27. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 558 de la SEQ ID NO: 30. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0306] En una continuación del vigésimo quinto aspecto, la divulgación se refiere a polipéptidos con una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 29 de al menos el 95%, por ejemplo, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%, que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 27 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 27 aminoácidos, tal como 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26 o 27 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 29.

[0307] En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado. Un polipéptido de la presente divulgación preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 29 o una variante alélica de la misma; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 29. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 558 de la SEQ ID NO: 29.

[0308] En una continuación del vigésimo quinto aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia alta o muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 25, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 28 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0309] En una continuación del vigésimo quinto aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 25 o la SEQ ID NO: 28 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 95%, por ejemplo, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0310] En una continuación del vigésimo quinto aspecto, la divulgación se refiere a variantes de la SEQ ID NO: 27 con actividad de xilanasas que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 27 no es más de 27, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26 o 27. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 27 es de entre 1 y 25, tal como 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 27 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o deleciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 27 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones en la SEQ ID NO: 27 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

Vigésimo sexto aspecto

5 [0311] En un vigésimo sexto aspecto, la divulgación se refiere a polipéptidos con una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 32 de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%, que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 32.

10 [0312] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 32 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 32 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 36 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 35; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%,  
15 al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 32. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 631 de la SEQ ID NO: 32. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 35. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 639 de la SEQ ID NO: 35. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0313] En una continuación del vigésimo sexto aspecto, la divulgación se refiere además a polipéptidos con una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 80% que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 85%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 86%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 87%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 88%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 89%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 90%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 91%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 92%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 93%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 94%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 95%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 96%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 33 de al menos el 99%. Los polipéptidos del decimoséptimo aspecto tienen al menos el 75%, preferiblemente al menos el 90%, más preferiblemente al menos el 95% y más preferiblemente al menos el 100% de la actividad de xilanasas de la SEQ ID NO: 33.

45 [0314] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos de la SEQ ID NO: 33. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos de la SEQ ID NO: 36.

50 [0315] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 33 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 33 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 36; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 631 de la SEQ ID NO: 33. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 639 de la SEQ ID NO: 36. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

5 [0316] En una continuación del vigésimo sexto aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia alta o muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 31, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 34 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

10 [0317] En una continuación del vigésimo sexto aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 31 o la SEQ ID NO: 34 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

15 [0318] En una continuación del vigésimo sexto aspecto, la divulgación se refiere a variantes de la SEQ ID NO: 33 con actividad de xilanasas que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 33 no es más de 50, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 20 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 33 es de entre 1 y 45, tal como 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 33 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o deleciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 33 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones en la SEQ ID NO: 33 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 33 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

#### Vigésimo séptimo aspecto

35 [0319] En un vigésimo séptimo aspecto, la divulgación se refiere a polipéptidos con una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 38 de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%, que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 40 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 38.

45 [0320] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 38 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 38 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 42 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 41; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 38. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 828 de la SEQ ID NO: 38. 50 En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 41. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 836 de la SEQ ID NO: 41. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

55 [0321] En una continuación del vigésimo séptimo aspecto, la divulgación se refiere además a polipéptidos con una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 39 de al menos el 80% que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 39 de al menos el 85%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 39 de al menos el 86%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 39 de al menos el 87%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ

ID NO: 39 de al menos el 88%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 39 de al menos el 89%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 39 de al menos el 90%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 39 de al menos el 91%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 39 de al menos el 92%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 39 de al menos el 93%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 39 de al menos el 94%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 39 de al menos el 95%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 39 de al menos el 96%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 39 de al menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 39 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 39 de al menos el 99%. Los polipéptidos del decimoséptimo aspecto tienen al menos el 75%, preferiblemente al menos el 90%, más preferiblemente al menos el 95% y más preferiblemente al menos el 100% de la actividad de xilanasa de la SEQ ID NO: 39.

[0322] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos de la SEQ ID NO: 39. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos de la SEQ ID NO: 42.

[0323] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 39 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 39 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 42; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasa y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 828 de la SEQ ID NO: 39. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 836 de la SEQ ID NO: 42. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0324] En una continuación del vigésimo séptimo aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasa codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia alta o muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 37, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 40 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (*supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0325] En una continuación del vigésimo séptimo aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasa codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 37 o la SEQ ID NO: 40 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0326] En una continuación del vigésimo séptimo aspecto, la divulgación se refiere a variantes de la SEQ ID NO: 39 con actividad de xilanasa que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 39 no es más de 50, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 39 es de entre 1 y 45, tal como 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 39 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o deleciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 39 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de

realización, el número de sustituciones en la SEQ ID NO: 39 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 39 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

#### 5 Vigésimo octavo aspecto

[0327] En un vigésimo octavo aspecto, la divulgación se refiere a polipéptidos con una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 44 de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%, que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 44.

[0328] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 44 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 44 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 48 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 47; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 44. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 577 de la SEQ ID NO: 44. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 47. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 585 de la SEQ ID NO: 47. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0329] En una continuación del vigésimo octavo aspecto, la divulgación se refiere además a polipéptidos con una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 80% que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 85%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 86%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 87%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 88%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 89%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 90%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 91%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 92%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 93%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 94%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 95%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 96%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 45 de al menos el 99%. Los polipéptidos del decimoséptimo aspecto tienen al menos el 75%, preferiblemente al menos el 90%, más preferiblemente al menos el 95% y más preferiblemente al menos el 100% de la actividad de xilanasas de la SEQ ID NO: 45.

[0330] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos de la SEQ ID NO: 45. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos de la SEQ ID NO: 48.

[0331] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 45 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 45 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 48; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al

menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 577 de la SEQ ID NO: 45. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 585 de la SEQ ID NO: 48. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

5

[0332] En una continuación del vigésimo octavo aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia alta o muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 43, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 46 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

10

[0333] En una continuación del vigésimo octavo aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 43 o la SEQ ID NO: 46 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

15

[0334] En una continuación del vigésimo octavo aspecto, la divulgación se refiere a variantes de la SEQ ID NO: 45 con actividad de xilanasas que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 45 no es más de 50, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 45 es de entre 1 y 45, tal como 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 45 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o deleciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 45 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones en la SEQ ID NO: 45 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

20

25

30

35

#### Vigésimo noveno aspecto

[0335] En un vigésimo noveno aspecto, la divulgación se refiere a polipéptidos con una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 66 de al menos el 97,5%, por ejemplo, al menos el 98%, al menos el 98,5%, al menos el 99%, al menos el 99,5% o el 100%, que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 14 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 14 aminoácidos, tal como 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13 o 14 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 66.

40

[0336] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 66 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 66 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 70 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 69; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 66. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 537 de la SEQ ID NO: 66. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 69. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 545 de la SEQ ID NO: 69. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

45

50

[0337] En una continuación del vigésimo noveno aspecto, la divulgación se refiere además a polipéptidos con una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 67 de al menos el 97,5% que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 67 de al menos el 97,5%.

55

En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 67 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 67 de al menos el 98,5%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 67 de al menos el 99%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 67 de al menos el 99,5%. Los polipéptidos del decimoséptimo aspecto tienen al menos el 75%, preferiblemente al menos el 90%, más preferiblemente al menos el 95% y más preferiblemente al menos el 100% de la actividad de xilanasas de la SEQ ID NO: 67.

[0338] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 16 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 14 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 14 aminoácidos, tal como 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13 o 14 aminoácidos de la SEQ ID NO: 67. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 14 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 14 aminoácidos, tal como 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13 o 14 aminoácidos de la SEQ ID NO: 70.

[0339] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 67 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 67 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 70; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 537 de la SEQ ID NO: 67. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 545 de la SEQ ID NO: 70. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0340] En una continuación del vigésimo noveno aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia alta o muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 65, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 68 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0341] En una continuación del vigésimo noveno aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 65 o la SEQ ID NO: 68 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 97,5%, por ejemplo, al menos el 98%, al menos el 98,5%, al menos el 99%, al menos el 99,5% o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0342] En una continuación del vigésimo noveno aspecto, la divulgación se refiere a variantes de la SEQ ID NO: 67 con actividad de xilanasas que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 67 no es más de 14, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13 o 14. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 67 es de entre 1 y 14, tal como 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 67 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o deleciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 67 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones en la SEQ ID NO: 67 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

#### Trigésimo aspecto

[0343] En un trigésimo aspecto, la divulgación se refiere a polipéptidos con una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 72 de al menos el 98,8%, por ejemplo, al menos el 99,0%, al menos el 99,2%, al menos el 99,4%, al menos el 99,6%, al menos el 99,8% o el 100%, que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 6 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 6 aminoácidos, tal como 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5 o 6 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 72.



[0344] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 72 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 72 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 76 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 75; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 72. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 72. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 75. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 75. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0345] En una continuación del trigésimo aspecto, la divulgación se refiere además a polipéptidos con una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 73 de al menos el 98,8% que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 73 de al menos el 99,0%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 73 de al menos el 99,2%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 73 de al menos el 99,4%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 73 de al menos el 99,6%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 73 de al menos el 99,8%. Los polipéptidos del decimoséptimo aspecto tienen al menos el 75%, preferiblemente al menos el 90%, más preferiblemente al menos el 95% y más preferiblemente al menos el 100% de la actividad de xilanasas de la SEQ ID NO: 73.

[0346] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 6 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 6 aminoácidos, tal como 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5 o 6 aminoácidos de la SEQ ID NO: 73. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 6 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 6 aminoácidos, tal como 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5 o 6 aminoácidos de la SEQ ID NO: 76.

[0347] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 73 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 73 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 76; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 73. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 76. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0348] En una continuación del trigésimo aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia alta o muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 71, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 74 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0349] En una continuación del trigésimo aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 71 o la SEQ ID NO: 74 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0350] En una continuación del trigésimo aspecto, la divulgación se refiere a variantes de la SEQ ID NO: 73 con actividad de xilanasas que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 73 no es más de 6, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5 o 6. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 73 es de entre 1 y 6, tal como 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 73 no es más de 6, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5 o 6. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o delecciones y/o

5 inserciones en la SEQ ID NO: 73 no es más de 6, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5 o 6. En otra forma de realización, el número de sustituciones en la SEQ ID NO: 73 no es más de 6, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5 o 6. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 73 no es más de 6, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5 o 6. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

#### Trigésimo primer aspecto

10 [0351] En un trigésimo primer aspecto, la divulgación se refiere a polipéptidos con una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 78 de al menos el 83%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%, que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 78.

20 [0352] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 78 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 78 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 82 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 81; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 78. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 78. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 81. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 81. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

30 [0353] En una continuación del trigésimo primer aspecto, la divulgación se refiere además a polipéptidos con una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 83% que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 85%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 86%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 87%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 88%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 89%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 90%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 91%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 92%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 93%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 94%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 95%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 96%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 79 de al menos el 99%. Los polipéptidos del decimoséptimo aspecto tienen al menos el 75%, preferiblemente al menos el 90%, más preferiblemente al menos el 95% y más preferiblemente al menos el 100% de la actividad de xilanasas de la SEQ ID NO: 79.

50 [0354] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos de la SEQ ID NO: 79. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos de la SEQ ID NO: 82.

55 [0355] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 79 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 79 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO:

82; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 79. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 82. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0356] En una continuación del trigésimo primer aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia alta o muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 77, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 80 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0357] En una continuación del trigésimo primer aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 77 o la SEQ ID NO: 80 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 83%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0358] En una continuación del trigésimo primer aspecto, la divulgación se refiere a variantes de la SEQ ID NO: 79 con actividad de xilanasas que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 79 no es más de 50, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 79 es de entre 1 y 45, tal como 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 79 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o deleciones en la SEQ ID NO: 79 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 79 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

#### Trigésimo segundo aspecto

[0359] En un trigésimo segundo aspecto, la divulgación se refiere a polipéptidos con una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 84 de al menos el 90%, por ejemplo, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%, que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 84.

[0360] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 84 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 84 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 88 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 87; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 84. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 535 de la SEQ ID NO: 84. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 87. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 543 de la SEQ ID NO: 87. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0361] En una continuación del trigésimo segundo aspecto, la divulgación se refiere además a polipéptidos con una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 85 de al menos el 90% que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 85 de al menos el 91%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 85 de al menos el 92%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 85 de al menos el 93%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 85 de al menos el 94%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 85 de al menos el 95%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 85 de al menos el 96%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 85 de al menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 85 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 85 de al menos el 99%. Los polipéptidos del decimoséptimo aspecto tienen al menos el 75%, preferiblemente al menos el 90%, más preferiblemente al menos el 95% y más preferiblemente al menos el 100% de la actividad de xilanasas de la SEQ ID NO: 85.

[0362] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos de la SEQ ID NO: 85. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos de la SEQ ID NO: 88.

[0363] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 85 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 85 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 88; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 535 de la SEQ ID NO: 85. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 543 de la SEQ ID NO: 88. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0364] En una continuación del trigésimo segundo aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia alta o muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 83, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 86 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0365] En una continuación del trigésimo segundo aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 83 o la SEQ ID NO: 86 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 90%, por ejemplo, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0366] En una continuación del trigésimo segundo aspecto, la divulgación se refiere a variantes de la SEQ ID NO: 85 con actividad de xilanasas que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 85 no es más de 50, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 85 es de entre 1 y 45, tal como 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 85 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o deleciones en la SEQ ID NO: 85 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 85 no es más de

10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

#### Trigésimo tercer aspecto

5 [0367] En un trigésimo tercer aspecto, la divulgación se refiere a polipéptidos con una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 90 de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%, que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 90.

15 [0368] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 90 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 90 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 94 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 93; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 90. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 90. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 93. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 93. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

25 [0369] En una continuación del trigésimo tercer aspecto, la divulgación se refiere además a polipéptidos con una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 80% que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 85%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 86%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 87%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 88%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 89%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 90%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 91%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 92%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 93%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 94%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 95%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 96%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 91 de al menos el 99%. Los polipéptidos del decimoséptimo aspecto tienen al menos el 75%, preferiblemente al menos el 90%, más preferiblemente al menos el 95% y más preferiblemente al menos el 100% de la actividad de xilanasas de la SEQ ID NO: 91.

45 [0370] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos de la SEQ ID NO: 91. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos de la SEQ ID NO: 94.

55 [0371] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 91 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 91 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 94; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido

comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 91. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 94. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

5 [0372] En una continuación del trigésimo tercer aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia alta o muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 89, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 92 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

10 [0373] En una continuación del trigésimo tercer aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 89 o la SEQ ID NO: 92 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

15 [0374] En una continuación del trigésimo tercer aspecto, la divulgación se refiere a variantes de la SEQ ID NO: 91 con actividad de xilanasas que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 91 no es más de 50, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 91 es de entre 1 y 45, tal como 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 91 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o deleciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 91 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones en la SEQ ID NO: 91 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 91 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

### 35 Trigésimo cuarto aspecto

[0375] En un trigésimo cuarto aspecto, la divulgación se refiere a polipéptidos con una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 96 de al menos el 96%, por ejemplo, al menos el 97%, al menos el 97,5%, al menos el 98%, al menos el 98,5%, al menos el 99%, al menos el 99,5%, o el 100%, que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 21 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 21 aminoácidos, tal como 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20 o 21 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 96.

45 [0376] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 96 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 96 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 100 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 99; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 96. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 96. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 99. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 99. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

55 [0377] En una continuación del trigésimo cuarto aspecto, la divulgación se refiere además a polipéptidos con una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 97 de al menos el 96% que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 97 de al menos el 96,5%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 97 de al

5 menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 97 de al menos el 97,5%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 97 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 97 de al menos el 98,5%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 97 de al menos el 99%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 97 de al menos el 99,5%. Los polipéptidos del decimoséptimo aspecto tienen al menos el 75%, preferiblemente al menos el 90%, más preferiblemente al menos el 95% y más preferiblemente al menos el 100% de la actividad de xilanasas de la SEQ ID NO: 97.

10 [0378] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 21 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 21 aminoácidos, tal como 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20 o 21 aminoácidos de la SEQ ID NO: 97. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 21 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 21 aminoácidos, tal como 11-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20 o 21 aminoácidos de la SEQ ID NO: 100.

15 [0379] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 97 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 97 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 100; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 97. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 100. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

20

25 [0380] En una continuación del trigésimo cuarto aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia alta o muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 95, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 98 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

30 [0381] En una continuación del trigésimo cuarto aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 95 o la SEQ ID NO: 98 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 96%, por ejemplo, al menos el 97%, al menos el 97,5%, al menos el 98%, al menos el 98,5%, al menos el 99%, al menos el 99,5%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

35 [0382] En una continuación del trigésimo cuarto aspecto, la divulgación se refiere a variantes de la SEQ ID NO: 97 con actividad de xilanasas que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 97 no es más de 50, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20 o 21. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 97 es de entre 1 y 21, tal como 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 97 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o deleciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 97 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones en la SEQ ID NO: 97 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 97 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

40

45

50

#### Trigésimo quinto aspecto

55 [0383] En un trigésimo quinto aspecto, la divulgación se refiere a polipéptidos con una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 102 de al menos el 85%, por ejemplo, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%, que

5 tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 102.

10 [0384] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 102 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 102 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 106 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 105; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 102. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 102. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 15 105. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 105. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

20 [0385] En una continuación del trigésimo quinto aspecto, la divulgación se refiere además a polipéptidos con una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 103 de al menos el 85% que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 103 de al menos el 86%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 103 de al menos el 87%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 103 de al menos el 88%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 103 de al menos el 89%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 103 de al menos el 90%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 103 de al menos el 91%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 103 de al menos el 92%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 103 de al menos el 93%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 103 de al menos el 94%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 103 de al menos el 95%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 103 de al menos el 96%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 103 de al menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 103 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 103 de al menos el 99%. Los polipéptidos del decimoséptimo aspecto tienen al menos el 75%, preferiblemente al menos el 90%, más preferiblemente al menos el 95% y más preferiblemente al menos el 100% de la actividad de xilanasas de la SEQ ID NO: 103.

40 [0386] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos de la SEQ ID NO: 103. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos de la SEQ ID NO: 106.

45 [0387] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 103 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 103 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 106; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 103. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 106. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

55 [0388] En una continuación del trigésimo quinto aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia alta o muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 101, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 104 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.



[0389] En una continuación del trigésimo quinto aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 101 o la SEQ ID NO: 104 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 85%, por ejemplo, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0390] En una continuación del trigésimo quinto aspecto, la divulgación se refiere a variantes de la SEQ ID NO: 103 con actividad de xilanasas que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 103 no es más de 50, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 103 es de entre 1 y 45, tal como 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 103 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o deleciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 103 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones en la SEQ ID NO: 103 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 103 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

#### Trigésimo sexto aspecto

[0391] En un trigésimo sexto aspecto, la divulgación se refiere a polipéptidos con una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 108 de al menos el 82%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%, que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 108.

[0392] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 108 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 108 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 112 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 111; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 108. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 108. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 111. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 111. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0393] En una continuación del trigésimo sexto aspecto, la divulgación se refiere además a polipéptidos con una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos el 82% que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos el 85%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos el 86%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos el 87%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos el 88%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos el 89%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos el 90%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos el 91%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos el 92%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos el 93%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos

el 94%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos el 95%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos el 96%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 109 de al menos el 99%. Los polipéptidos del decimoséptimo aspecto tienen al menos el 75%, preferiblemente al menos el 90%, más preferiblemente al menos el 95% y más preferiblemente al menos el 100% de la actividad de xilanasas de la SEQ ID NO: 109.

[0394] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos de la SEQ ID NO: 109. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos de la SEQ ID NO: 112.

[0395] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 109 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 109 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 112; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 109. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 112. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0396] En una continuación del trigésimo sexto aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia alta o muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 107, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 110 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0397] En una continuación del trigésimo sexto aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 107 o la SEQ ID NO: 110 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 82%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0398] En una continuación del trigésimo sexto aspecto, la divulgación se refiere a variantes de la SEQ ID NO: 109 con actividad de xilanasas que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 109 no es más de 50, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 109 es de entre 1 y 45, tal como 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 109 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o deleciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 109 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones en la SEQ ID NO: 109 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 109 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

#### Trigésimo séptimo aspecto

- 5 [0399] En un trigésimo séptimo aspecto, la divulgación se refiere a polipéptidos con una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 114 de al menos el 96%, por ejemplo, al menos el 97%, al menos el 97,5%, al menos el 98%, al menos el 98,5%, al menos el 99%, al menos el 99,5%, o el 100%, que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 21 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 21 aminoácidos, tal como 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20 o 21 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 114.
- 10 [0400] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 114 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 114 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 118 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 117; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 114. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 538 de la SEQ ID NO: 114. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 117. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 546 de la SEQ ID NO: 117. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.
- 20 [0401] En una continuación del trigésimo séptimo aspecto, la divulgación se refiere además a polipéptidos con una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 115 de al menos el 96% que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 115 de al menos el 96,5%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 115 de al menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 115 de al menos el 97,5%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 115 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 115 de al menos el 98,5%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 115 de al menos el 99%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 115 de al menos el 99,5%. Los polipéptidos del decimoséptimo aspecto tienen al menos el 75%, preferiblemente al menos el 90%, más preferiblemente al menos el 95% y más preferiblemente al menos el 100% de la actividad de xilanasas de la SEQ ID NO: 115.
- 30 [0402] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 21 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 21 aminoácidos, tal como 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20 o 21 aminoácidos de la SEQ ID NO: 115. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 21 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 21 aminoácidos, tal como 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20 o 21 aminoácidos de la SEQ ID NO: 118.
- 35 [0403] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 115 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 115 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 118; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 538 de la SEQ ID NO: 115. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 546 de la SEQ ID NO: 118. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.
- 45 [0404] En una continuación del trigésimo séptimo aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia alta o muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 113, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 116 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.
- 50 [0405] En una continuación del trigésimo séptimo aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 113 o la SEQ ID NO: 116 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 96%, por ejemplo, al menos el 97%, al menos el 97,5%, al menos el 98%, al menos el 98,5%, al menos el 99%, al menos el 99,5%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.
- 55 [0406] En una continuación del trigésimo séptimo aspecto, la divulgación se refiere a variantes de la SEQ ID NO: 115 con actividad de xilanasas que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones

de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 115 no es más de 21, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20 o 21. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 115 es de entre 1 y 21, tal como 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más delecciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 115 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o delecciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 115 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 115 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

#### Trigésimo octavo aspecto

[0407] En un trigésimo octavo aspecto, la divulgación se refiere a polipéptidos con una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 120 de al menos el 96%, por ejemplo, al menos el 97%, al menos el 97,5%, al menos el 98%, al menos el 98,5%, al menos el 99%, al menos el 99,5%, o el 100%, que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 21 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 21 aminoácidos, tal como 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20 o 21 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 120.

[0408] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 120 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 120 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 124 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 123; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 120. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 537 de la SEQ ID NO: 120. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 123. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 545 de la SEQ ID NO: 123. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0409] En una continuación del trigésimo octavo aspecto, la divulgación se refiere además a polipéptidos con una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 121 de al menos el 96% que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 121 de al menos el 96,5%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 121 de al menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 121 de al menos el 97,5%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 121 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 121 de al menos el 98,5%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 121 de al menos el 99%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 121 de al menos el 99,5%. Los polipéptidos del decimoséptimo aspecto tienen al menos el 75%, preferiblemente al menos el 90%, más preferiblemente al menos el 95% y más preferiblemente al menos el 100% de la actividad de xilanasas de la SEQ ID NO: 121.

[0410] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 21 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 21 aminoácidos, tal como 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20 o 21 aminoácidos de la SEQ ID NO: 121. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 21 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 21 aminoácidos, tal como 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20 o 21 aminoácidos de la SEQ ID NO: 124.

[0411] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 121 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 121 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 124; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 537 de la SEQ ID NO: 121. En otra forma de realización, el polipéptido

comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 545 de la SEQ ID NO: 124. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

5 [0412] En una continuación del trigésimo octavo aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia alta o muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 119, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 122 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (Sambrook et al., *supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

10 [0413] En una continuación del trigésimo octavo aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 119 o la SEQ ID NO: 122 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 96%, por ejemplo, al menos el 97%, al menos el 97,5%, al menos el 98%, al menos el 98,5%, al menos el 99%, al menos el 99,5%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

15 [0414] En una continuación del trigésimo octavo aspecto, la divulgación se refiere a variantes de la SEQ ID NO: 121 con actividad de xilanasas que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 121 no es más de 21, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20 o 21. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 121 es de entre 1 y 45, tal como 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 121 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o deleciones y/o inserciones en la SEQ ID NO: 121 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 121 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

#### Trigésimo noveno aspecto

35 [0415] En un trigésimo noveno aspecto, la divulgación se refiere a polipéptidos con una identidad de secuencia con el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 126 de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%, que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 126.

45 [0416] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 126 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 126 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 130 o el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 129; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 126. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 126. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en el polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 129. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 129. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

55 [0417] En una continuación del trigésimo noveno aspecto, la divulgación se refiere además a polipéptidos con una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 127 de al menos el 80% que tienen actividad de xilanasas. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 127 de al menos el 85%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 127 de al menos el 86%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID

NO: 127 de al menos el 87%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 127 de al menos el 88%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 127 de al menos el 89%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 127 de al menos el 90%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 127 de al menos el 91%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 127 de al menos el 92%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 127 de al menos el 93%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 127 de al menos el 94%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 127 de al menos el 95%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 127 de al menos el 96%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 127 de al menos el 97%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 127 de al menos el 98%. En una forma de realización, el polipéptido GH5 tiene una identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 127 de al menos el 99%. Los polipéptidos del decimoséptimo aspecto tienen al menos el 75%, preferiblemente al menos el 90%, más preferiblemente al menos el 95% y más preferiblemente al menos el 100% de la actividad de xilanasas de la SEQ ID NO: 127.

[0418] En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos de la SEQ ID NO: 127. En una forma de realización, los polipéptidos difieren en hasta 50 aminoácidos, por ejemplo, entre 1 y 50 aminoácidos, tal como 1-45, 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 aminoácidos, o 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50 aminoácidos de la SEQ ID NO: 130.

[0419] En una forma de realización, el polipéptido preferiblemente comprende o consiste en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 127 o una variante alélica de la misma; comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 127 y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal tal como la SEQ ID NO: 130; o es un fragmento derivado con actividad de xilanasas y con al menos el 90%, tal como al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98% o al menos el 99% de la longitud del polipéptido maduro. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 536 de la SEQ ID NO: 127. En otra forma de realización, el polipéptido comprende o consiste en los aminoácidos 1 a 544 de la SEQ ID NO: 130. En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0420] En una continuación del trigésimo noveno aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido que hibrida bajo condiciones de astringencia alta o muy alta con (i) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 125, (ii) la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 128 o (iii) el complemento en toda su longitud de (i) o (ii) (*Supra*). En una forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0421] En una continuación del trigésimo noveno aspecto, la divulgación se refiere a un polipéptido GH5 con actividad de xilanasas codificado por un polinucleótido con una identidad de secuencia con la secuencia codificante del polipéptido maduro de la SEQ ID NO: 125 o la SEQ ID NO: 128 o la secuencia de ADNc de la misma de al menos el 80%, por ejemplo, al menos el 85%, al menos el 86%, al menos el 87%, al menos el 88%, al menos el 89%, al menos el 90%, al menos el 91%, al menos el 92%, al menos el 93%, al menos el 94%, al menos el 95%, al menos el 96%, al menos el 97%, al menos el 98%, al menos el 99%, o el 100%. En otra forma de realización, el polipéptido se ha aislado.

[0422] En una continuación del trigésimo noveno aspecto, la divulgación se refiere a variantes de la SEQ ID NO: 127 con actividad de xilanasas que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 127 no es más de 50, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 o 50. En otra forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 127 es de entre 1 y 45, tal como 1-40, 1-35, 1-30, 1-25, 1-20, 1-15, 1-10 o 1-5 posiciones. En una forma de realización, el número de posiciones que comprenden una o más sustituciones de aminoácidos, y/o una o más deleciones de aminoácidos, y/o una o más inserciones de aminoácidos o cualquier combinación de las mismas en la SEQ ID NO: 127 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones y/o deleciones y/o

inserciones en la SEQ ID NO: 127 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones en la SEQ ID NO: 127 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. En otra forma de realización, el número de sustituciones conservadoras en la SEQ ID NO: 127 no es más de 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10. Se describen ejemplos de cambios de aminoácidos, sustituciones conservadoras y péptidos de fusión en el cuarto aspecto de la divulgación.

Polipéptidos que liberan xilosa a partir de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae*

[0423] En una forma de realización, el polipéptido GH5 de la divulgación libera al menos un 3% de xilosa solubilizada a partir de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* cuando el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas. En una forma de realización, el polipéptido GH5 es el polipéptido de uno o más, tal como todos, de los aspectos veintidós, veintitrés, veinticuatro, veinticinco, veintisiete, veintiocho, veintinueve, treinta, treinta y uno, treinta y dos, treinta y tres, treinta y cuatro, treinta y cinco, treinta y seis, treinta y siete, treinta y ocho y/o treinta y nueve de la divulgación. En una forma de realización, el porcentaje de xilosa solubilizada es de al menos un 3,5%, tal como al menos un 4%, al menos un 4,5%, al menos un 5%, al menos un 5,5%.

[0424] En una forma de realización preferida, el polipéptido GH5 libera al menos un 6% de xilosa solubilizada a partir de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* cuando el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas. En una forma de realización, el polipéptido GH5 es el polipéptido de uno o más, tal como todos, de los aspectos veintidós, veinticuatro, veinticinco, veintisiete, veintiocho, treinta, treinta y uno, treinta y dos, treinta y tres, treinta y cuatro, treinta y cinco, treinta y seis, treinta y ocho y/o treinta y nueve de la divulgación. En una forma de realización, el porcentaje de xilosa solubilizada es de al menos un 6,5%, tal como al menos un 7% o al menos un 7,5%.

[0425] En una forma de realización más preferida, el polipéptido GH5 libera al menos un 8% de xilosa solubilizada a partir de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* cuando el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas. En una forma de realización, el polipéptido GH5 es el polipéptido de uno o más, tal como todos, de los aspectos veinticinco, veintisiete, veintiocho, treinta, treinta y tres, treinta y cuatro, treinta y cinco, treinta y seis y/o treinta y nueve de la divulgación.

[0426] En una forma de realización, el polipéptido GH5 de cualquiera de los aspectos veintidós, veintitrés, veinticuatro, veinticinco, veintisiete, veintiocho, veintinueve, treinta, treinta y uno, treinta y dos, treinta y tres, treinta y cuatro, treinta y cinco, treinta y seis, treinta y siete, treinta y ocho y/o treinta y nueve comprende uno o más motivos I: G[F/Y][A/S][V/G/A/I]HXYP[V] (SEQ ID NO: 19) como se describe en el primer aspecto. En una forma de realización preferida, el polipéptido GH5 de cualquiera de los aspectos veintidós, veintitrés, veinticuatro, veinticinco, veintisiete, veintiocho, veintinueve, treinta, treinta y uno, treinta y dos, treinta y tres, treinta y cuatro, treinta y cinco, treinta y seis, treinta y siete, treinta y ocho y/o treinta y nueve comprende uno o más motivos I, donde el motivo I es G[F/Y][A/S]VH[C/D/I/W]YP (SEQ ID NO: 59). En una forma de realización preferida, el polipéptido GH5 de cualquiera de los aspectos veintidós, veintitrés, veintinueve, treinta, treinta y dos, treinta y cuatro, treinta y cinco, treinta y siete y/o treinta y ocho comprende uno o más motivos I, donde el motivo I es GYAVHWYP (SEQ ID NO: 60).

[0427] En una forma de realización preferida, el polipéptido GH5 de cualquiera de los aspectos veintidós, veintitrés, veinticuatro, veinticinco, veintisiete, veintiocho, veintinueve, treinta, treinta y uno, treinta y dos, treinta y tres, treinta y cuatro, treinta y cinco, treinta y seis, treinta y siete, treinta y ocho y/o treinta y nueve comprende uno o más motivos I: G[F/Y][A/S][N/I/G/A/I]HXYP[V] (SEQ ID NO: 19) y libera al menos un 3% de xilosa solubilizada a partir de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae*. En una forma de realización, el porcentaje de xilosa solubilizada es de al menos un 3,5%, tal como al menos un 4%, al menos un 4,5%, al menos un 5%, al menos un 5,5%, al menos un 6%, al menos un 6,5%, al menos un 7%, al menos un 7,5% o al menos un 8%. En una forma de realización, el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas. En una forma de realización el motivo I es G[F/Y][A/S]VH[C/D/I/W]YP (SEQ ID NO: 59).

[0428] En una forma de realización, el polipéptido GH5 de cualquiera de los aspectos veintidós, veintitrés, veinticuatro, veinticinco, veintisiete, veintiocho, veintinueve, treinta, treinta y uno, treinta y dos, treinta y tres, treinta y cuatro, treinta y cinco, treinta y seis, treinta y siete, treinta y ocho y/o treinta y nueve comprende uno o más motivos II: [I/L/V][H/I/L/M/V][F/I/Y][D/E][I/L/V]XNEP (SEQ ID NO: 20) como se describe en el segundo aspecto. En una forma de realización preferida, el polipéptido GH5 de cualquiera de los aspectos veintidós, veintitrés, veinticuatro, veinticinco, veintisiete, veintiocho, veintinueve, treinta, treinta y uno, treinta y dos, treinta y tres, treinta y cuatro, treinta y cinco, treinta y seis, treinta y siete, treinta y ocho y/o treinta y nueve comprende uno o más motivos II, donde el motivo II es [I/V][H/M][F/I][I/L][A/I/V]NEP (SEQ ID NO: 61). En una forma de realización preferida, el

polipéptido GH5 de cualquiera de los aspectos veintitrés, veinticinco, veintinueve, treinta, treinta y uno, treinta y tres, treinta y cuatro, treinta y cinco, treinta y seis y/o treinta y nueve comprende uno o más motivos II, donde el motivo II es VMFE[I/L][A/I/V]NEP (SEQ ID NO: 62).

5 [0429] En una forma de realización preferida, el polipéptido GH5 de cualquiera de los aspectos veintidós, veintitrés, veinticuatro, veinticinco, veintisiete, veintiocho, veintinueve, treinta, treinta y uno, treinta y dos, treinta y tres, treinta y cuatro, treinta y cinco, treinta y seis, treinta y siete, treinta y ocho y/o treinta y nueve comprende uno o más motivos II: [I/L/V][H/I/L/M/V][F/I/Y][D/E][I/L/V]XNEP (SEQ ID NO: 20) y libera al menos un 3% de xilosa solubilizada a partir de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae*. En una forma de realización, el porcentaje de xilosa solubilizada es de al menos un 3,5%, tal como al menos un 4%, al menos un 4,5%, al menos un 5%, al menos un 5,5%, al menos un 6%, al menos un 6,5%, al menos un 7%, al menos un 7,5% o al menos un 8%. En una forma de realización, el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas. En una forma de realización el motivo II es [I/V][H/M][F/I]E[I/L][A/I/V]NEP (SEQ ID NO: 61).

15 [0430] En una forma de realización, el polipéptido GH5 de cualquiera de los aspectos veintidós, veintitrés, veinticuatro, veinticinco, veintisiete, veintiocho, veintinueve, treinta, treinta y uno, treinta y dos, treinta y tres, treinta y cuatro, treinta y cinco, treinta y seis, treinta y siete, treinta y ocho y/o treinta y nueve comprende uno o más motivos III: [D/G][A/T/W]XX[N/T]X[FILV]R[A/L/M][A/F/H][I/L/M] (SEQ ID NO: 21) como se describe en el tercer aspecto. En una forma de realización preferida, el polipéptido GH5 de cualquiera de los aspectos veintidós, veintitrés, veinticuatro, veinticinco, veintisiete, veintiocho, veintinueve, treinta, treinta y uno, treinta y dos, treinta y tres, treinta y cuatro, treinta y cinco, treinta y seis, treinta y siete, treinta y ocho y/o treinta y nueve comprende uno o más motivos III, donde el motivo III es G[A/W][K/N/Y][C/L/M/S/V]N[L/Q/W/Y][FILV]RL[F/H][I/L/M] (SEQ ID NO: 63). En una forma de realización preferida, el polipéptido GH5 de cualquiera de los aspectos veintidós, veintitrés, veintinueve, treinta y uno, treinta y tres, treinta y cuatro, treinta y cinco, treinta y seis, treinta y siete y/o treinta y ocho comprende uno o más motivos III, donde el motivo III es GWNMNQVRLFI (SEQ ID NO: 64).

25 [0431] En una forma de realización preferida, el polipéptido GH5 de cualquiera de los aspectos veintidós, veintitrés, veinticuatro, veinticinco, veintisiete, veintiocho, veintinueve, treinta, treinta y uno, treinta y dos, treinta y tres, treinta y cuatro, treinta y cinco, treinta y seis, treinta y siete, treinta y ocho y/o treinta y nueve comprende uno o más motivos III: [D/G][A/T/W]XX[N/T]X[FILV]R[A/L/M][A/F/H][I/L/M] (SEQ ID NO: 21) y libera al menos un 3% de xilosa solubilizada a partir de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae*. En una forma de realización, el porcentaje de xilosa solubilizada es de al menos un 3,5%, tal como al menos un 4%, al menos un 4,5%, al menos un 5%, al menos un 5,5%, al menos un 6%, al menos un 6,5%, al menos un 7%, al menos un 7,5% o al menos un 8%. En una forma de realización, el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas. En una forma de realización, el motivo III es G[A/W][K/N/Y][C/L/M/S/V]N[L/Q/W/Y][FILV]RL[F/H][I/L/M] (SEQ ID NO: 63).

35 [0432] En una forma de realización, el polipéptido GH5 de cualquiera de los aspectos veintidós, veintitrés, veinticuatro, veinticinco, veintisiete, veintiocho, veintinueve, treinta, treinta y uno, treinta y dos, treinta y tres, treinta y cuatro, treinta y cinco, treinta y seis, treinta y siete, treinta y ocho y/o treinta y nueve comprende uno o más motivos I: G[F/Y][A/S][V/G/A/I]HXY[P/V] (SEQ ID NO: 19) como se describe en el primer aspecto, uno o más motivos II: [I/L/V][H/I/L/M/V][F/I/Y][D/E][I/L/V]XNEP (SEQ ID NO: 20) como se describe en el segundo aspecto y uno o más motivos III: [D/G][A/T/W]XX[N/T]X[FILV]R[A/L/M][A/F/H][I/L/M] (SEQ ID NO: 21) como se describe en el tercer aspecto. En una forma de realización preferida, el polipéptido GH5 de cualquiera de los aspectos veintidós, veintitrés, veinticuatro, veinticinco, veintisiete, veintiocho, veintinueve, treinta, treinta y uno, treinta y dos, treinta y tres, treinta y cuatro, treinta y cinco, treinta y seis, treinta y siete, treinta y ocho y/o treinta y nueve comprende uno o más motivos I, donde el motivo I es G[F/Y][A/S]VH[C/D/I/W]YP (SEQ ID NO: 59), uno o más motivos II, donde el motivo II es [I/V][H/M][F/I]E[I/L][A/I/V]NEP (SEQ ID NO: 61) y uno o más motivos III, donde el motivo III es G[A/W][K/N/Y][C/L/M/S/V]N[L/Q/W/Y][FILV]RL[F/H][I/L/M] (SEQ ID NO: 63).

50 [0433] En una forma de realización preferida, el polipéptido GH5 de cualquiera de los aspectos veintidós, veintitrés, veinticuatro, veinticinco, veintisiete, veintiocho, veintinueve, treinta, treinta y uno, treinta y dos, treinta y tres, treinta y cuatro, treinta y cinco, treinta y seis, treinta y siete, treinta y ocho y/o treinta y nueve comprende uno o más motivos I: G[F/Y][A/S][V/G/A/I]HXY[P/V] (SEQ ID NO: 19) como se describe en el primer aspecto, uno o más motivos II: [I/L/V][H/I/L/M/V][F/I/Y][D/E][I/L/V]XNEP (SEQ ID NO: 20) como se describe en el segundo aspecto y uno o más motivos III: [D/G][A/T/W]XX[N/T]X[FILV]R[A/L/M][A/F/H][I/L/M] (SEQ ID NO: 21) como se describe en el tercer aspecto y libera al menos un 3% de xilosa solubilizada a partir de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae*. En una forma de realización, el porcentaje de xilosa solubilizada es de al menos un 3,5%, tal como al menos un 4%, al menos un 4,5%, al menos un 5%, al menos un 5,5%, al menos un 6%, al menos un 6,5%, al menos un 7%, al menos un 7,5% o al menos un 8%. En una forma de realización, el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas. En una forma de realización, el motivo I es G[F/Y][A/S]VH[C/D/I/W]YP (SEQ ID NO: 59), el motivo II es



[I/V][H/M][F/I][E/I/L][A/I/V]NEP (SEQ ID NO: 61) y el motivo III es G[A/W][K/N/Y][C/L/M/S/V]N[L/Q/W/Y][FILV]RL[F/H][I/L/M] (SEQ ID NO: 63).

#### Métodos de mejora del rendimiento animal

5 [0434] En un cuadragésimo aspecto, la divulgación se refiere a un método de mejora del rendimiento de un animal que comprende administrar al animal un pienso para animales o un aditivo de pienso para animales que comprende el polipéptido GH5 de la divulgación de modo que el material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* se administra de manera conjunta o por separado con el polipéptido GH5 con actividad de xilanasas. En otro aspecto, la divulgación se refiere a un método de mejora del rendimiento de un animal que comprende administrar al animal material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* junto con el polipéptido de la divulgación o una composición que comprende el polipéptido de la divulgación y un agente de formulación, de modo que el material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* se añade de manera conjunta o por separado con el polipéptido GH5 con actividad de xilanasas.

10 [0435] En una forma de realización, el polipéptido GH5 de la divulgación es uno o más de los aspectos veintidós, veintitrés, veinticuatro, veinticinco, veintisiete, veintiocho, veintinueve, treinta, treinta y uno, treinta y dos, treinta y tres, treinta y cuatro, treinta y cinco, treinta y seis, treinta y siete, treinta y ocho y/o treinta y nueve. En una forma de realización preferida, el polipéptido GH5 es la SEQ ID NO: 3, la SEQ ID NO: 6, la SEQ ID NO: 9, la SEQ ID NO: 12, la SEQ ID NO: 15, la SEQ ID NO: 18, la SEQ ID NO: 27, la SEQ ID NO: 30, la SEQ ID NO: 33, la SEQ ID NO: 36, la SEQ ID NO: 39, la SEQ ID NO: 42, la SEQ ID NO: 45, la SEQ ID NO: 48, la SEQ ID NO: 67, la SEQ ID NO: 70, la SEQ ID NO: 73, la SEQ ID NO: 76, la SEQ ID NO: 79, la SEQ ID NO: 82, la SEQ ID NO: 85, la SEQ ID NO: 88, la SEQ ID NO: 91, la SEQ ID NO: 94, la SEQ ID NO: 97, la SEQ ID NO: 100, la SEQ ID NO: 103, la SEQ ID NO: 106, la SEQ ID NO: 109, la SEQ ID NO: 112, la SEQ ID NO: 115, la SEQ ID NO: 118, la SEQ ID NO: 121, la SEQ ID NO: 124, la SEQ ID NO: 127 y/o la SEQ ID NO: 130.

15 [0436] En una forma de realización, 'mejora del rendimiento de un animal' significa que hay un aumento en la ganancia de peso corporal. En otra forma de realización, 'mejora del rendimiento de un animal' significa que hay un índice de conversión alimenticia mejorado. En otra forma de realización, 'mejora del rendimiento de un animal' significa que hay una mayor eficiencia alimentaria. En otra forma de realización, 'mejora del rendimiento de un animal' significa que hay un aumento en la ganancia de peso corporal y/o un índice de conversión alimenticia mejorado y/o una mayor eficiencia alimentaria.

#### Métodos de preparación de un pienso para animales

20 [0437] En un cuadragésimo primer aspecto, la divulgación se refiere a un método de preparación de un pienso para animales, que comprende mezclar el polipéptido GH5 de la divulgación con material vegetal de la subfamilia *Panicoideae*, tal como maíz, granos de maíz, sorgo, pasto varilla, mijo, mijo perla, panizo o en una forma procesada tal como granos de maíz molidos, maíz molido, maíz desgrasado, maíz desalmidonado desgrasado, sorgo molido, pasto varilla molido, mijo molido, panizo molido, mijo perla molido, o cualquier combinación de los mismos. En una forma de realización, el polipéptido GH5 de la divulgación es uno o más de los aspectos veintidós, veintitrés, veinticuatro, veinticinco, veintisiete, veintiocho, veintinueve, treinta, treinta y uno, treinta y dos, treinta y tres, treinta y cuatro, treinta y cinco, treinta y seis, treinta y siete, treinta y ocho y/o treinta y nueve.

25 [0438] En una forma de realización preferida, el método de preparación de un pienso para animales comprende mezclar el polipéptido GH5 de la SEQ ID NO: 3, la SEQ ID NO: 6, la SEQ ID NO: 9, la SEQ ID NO: 12, la SEQ ID NO: 15, la SEQ ID NO: 18, la SEQ ID NO: 27, la SEQ ID NO: 30, la SEQ ID NO: 33, la SEQ ID NO: 36, la SEQ ID NO: 39, la SEQ ID NO: 42, la SEQ ID NO: 45, la SEQ ID NO: 48, la SEQ ID NO: 67, la SEQ ID NO: 70, la SEQ ID NO: 73, la SEQ ID NO: 76, la SEQ ID NO: 79, la SEQ ID NO: 82, la SEQ ID NO: 85, la SEQ ID NO: 88, la SEQ ID NO: 91, la SEQ ID NO: 94, la SEQ ID NO: 97, la SEQ ID NO: 100, la SEQ ID NO: 103, la SEQ ID NO: 106, la SEQ ID NO: 109, la SEQ ID NO: 112, la SEQ ID NO: 115, la SEQ ID NO: 118, la SEQ ID NO: 121, la SEQ ID NO: 124, la SEQ ID NO: 127 y/o la SEQ ID NO: 130 con material vegetal de la subfamilia *Panicoideae*, tal como maíz, granos de maíz, sorgo, pasto varilla, mijo, mijo perla, panizo o en una forma procesada tal como granos de maíz molido, maíz molido, maíz desgrasado, maíz desalmidonado desgrasado, sorgo molido, pasto varilla molido, mijo molido, panizo molido, mijo perla molido, o cualquier combinación de los mismos.

30 [0439] En una forma de realización preferida, el material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* procede de la fracción de la semilla (tal como el endospermo y/o la cáscara) de la planta, preferiblemente la fracción de la semilla de maíz, granos de maíz, sorgo, pasto varilla, mijo, mijo perla, panizo o la forma procesada de los mismos, tal como granos de maíz molidos, maíz molido, maíz desgrasado, maíz desalmidonado desgrasado, sorgo molido, pasto varilla molido, mijo molido, panizo molido, mijo perla molido, o cualquier combinación de los mismos. En otra forma de realización preferida, el material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* procede de una parte de planta que comprende xilano altamente ramificado, como la fracción de la semilla (tal como el endospermo y/o la cáscara) de la planta.

**Método para mejorar el valor nutricional de pienso para animales**

[0440] El término mejorar el valor nutricional de un pienso para animales significa mejorar la disponibilidad de nutrientes en el pienso. Los valores nutricionales se refieren en particular a mejorar la solubilización y la degradación de la fracción que contiene arabinosilano (por ejemplo, tal como la hemicelulosa) del pienso, llevando así a una mayor liberación de nutrientes de las células en el endospermo que tienen paredes celulares compuestas por hemicelulosa altamente recalcitrante. En consecuencia, una extracción mejorada de arabinosa y/o xilosa indica una rotura de las paredes celulares y, como resultado, se mejora el valor nutricional del pienso, lo que resulta en el aumento del índice de crecimiento y/o el aumento de peso y/o la conversión de pienso (es decir, el peso de pienso ingerido con respecto al aumento de peso). Además, la liberación de arabinosa y/o xilosa puede resultar en la utilización mejorada de estos componentes *per se* ya sea directamente o por fermentación bacteriana en el intestino posterior, dando así como resultado una producción de ácidos grasos de cadena corta que se pueden absorber fácilmente en el intestino posterior y utilizar en el metabolismo energético.

[0441] Así, en un cuadragésimo segundo aspecto, la divulgación se refiere a un método para mejorar el valor nutricional de un pienso para animales que comprende tratar el pienso para animales que comprende material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con el polipéptido GH5 de la divulgación. En una forma de realización, el polipéptido GH5 de la divulgación es uno o más de los aspectos veintidós, veintitrés, veinticuatro, veinticinco, veintisiete, veintiocho, veintinueve, treinta, treinta y uno, treinta y dos, treinta y tres, treinta y cuatro, treinta y cinco, treinta y seis, treinta y siete, treinta y ocho y/o treinta y nueve. En una forma de realización, el pienso para animales tendrá una digestibilidad de nutrientes mejorada.

[0442] En una forma de realización preferida, el método para mejorar el valor nutricional de un pienso para animales comprende tratar un pienso para animales que comprende material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con el polipéptido GH5 de la SEQ ID NO: 3, la SEQ ID NO: 6, la SEQ ID NO: 9, la SEQ ID NO: 12, la SEQ ID NO: 15, la SEQ ID NO: 18, la SEQ ID NO: 27, la SEQ ID NO: 30, la SEQ ID NO: 33, la SEQ ID NO: 36, la SEQ ID NO: 39, la SEQ ID NO: 42, la SEQ ID NO: 45, la SEQ ID NO: 48, la SEQ ID NO: 67, la SEQ ID NO: 70, la SEQ ID NO: 73, la SEQ ID NO: 76, la SEQ ID NO: 79, la SEQ ID NO: 82, la SEQ ID NO: 85, la SEQ ID NO: 88, la SEQ ID NO: 91, la SEQ ID NO: 94, la SEQ ID NO: 97, la SEQ ID NO: 100, la SEQ ID NO: 103, la SEQ ID NO: 106, la SEQ ID NO: 109, la SEQ ID NO: 112, la SEQ ID NO: 115, la SEQ ID NO: 118, la SEQ ID NO: 121, la SEQ ID NO: 124, la SEQ ID NO: 127 y/o la SEQ ID NO: 130. En una forma de realización, el pienso para animales tendrá una digestibilidad de nutrientes mejorada.

[0443] En una forma de realización preferida, el material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* procede de la fracción de la semilla (tal como el endospermo y/o la cáscara) de la planta, preferiblemente la fracción de la semilla de maíz, granos de maíz, sorgo, pasto varilla, mijo, mijo perla, panizo o la forma procesada de los mismos, tal como granos de maíz molidos, maíz molido, maíz desgrasado, maíz desalmidonado desgrasado, sorgo molido, pasto varilla molido, mijo molido, panizo molido, mijo perla molido, o cualquier combinación de los mismos. En otra forma de realización preferida, el material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* procede de una parte de planta que comprende xilano altamente ramificado, como la fracción de la semilla (tal como el endospermo y/o la cáscara) de la planta.

**Métodos de liberación de almidón**

[0444] En un cuadragésimo tercer aspecto, la divulgación se refiere a un método de liberación de almidón a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con el polipéptido GH5 de la divulgación. En una forma de realización, el polipéptido GH5 de la divulgación es uno o más de los aspectos veintidós, veintitrés, veinticuatro, veinticinco, veintisiete, veintiocho, veintinueve, treinta, treinta y uno, treinta y dos, treinta y tres, treinta y cuatro, treinta y cinco, treinta y seis, treinta y siete, treinta y ocho y/o treinta y nueve.

[0445] En una forma de realización preferida, el método de liberación de almidón a partir de material vegetal comprende tratar el pienso para animales que comprende material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con el polipéptido GH5 de la SEQ ID NO: 3, la SEQ ID NO: 6, la SEQ ID NO: 9, la SEQ ID NO: 12, la SEQ ID NO: 15, la SEQ ID NO: 18, la SEQ ID NO: 27, la SEQ ID NO: 30, la SEQ ID NO: 33, la SEQ ID NO: 36, la SEQ ID NO: 39, la SEQ ID NO: 42, la SEQ ID NO: 45, la SEQ ID NO: 48, la SEQ ID NO: 67, la SEQ ID NO: 70, la SEQ ID NO: 73, la SEQ ID NO: 76, la SEQ ID NO: 79, la SEQ ID NO: 82, la SEQ ID NO: 85, la SEQ ID NO: 88, la SEQ ID NO: 91, la SEQ ID NO: 94, la SEQ ID NO: 97, la SEQ ID NO: 100, la SEQ ID NO: 103, la SEQ ID NO: 106, la SEQ ID NO: 109, la SEQ ID NO: 112, la SEQ ID NO: 115, la SEQ ID NO: 118, la SEQ ID NO: 121, la SEQ ID NO: 124, la SEQ ID NO: 127 y/o la SEQ ID NO: 130.

[0446] En una forma de realización preferida, el material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* procede de la fracción de la semilla (tal como el endospermo y/o la cáscara) de la planta, preferiblemente la fracción de la semilla de maíz,

5 granos de maíz, sorgo, pasto varilla, mijo, mijo perla, panizo o la forma procesada de los mismos, tal como granos de maíz molidos, maíz molido, maíz desgrasado, maíz desalmidonado desgrasado, sorgo molido, pasto varilla molido, mijo molido, panizo molido, mijo perla molido, o cualquier combinación de los mismos. En otra forma de realización preferida, el material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* procede de una parte de planta que comprende xilano altamente ramificado, como la fracción de la semilla (tal como el endospermo y/o la cáscara) de la planta.

### Fuentes de polipéptidos con actividad de xilanasas

10 [0447] Un polipéptido con actividad de xilanasas de la presente divulgación puede ser obtenido a partir de microorganismos de cualquier género. A efectos de la presente divulgación, el término "obtenido/a/os/as a partir de" como se utiliza en la presente en relación con una fuente dada significará que el polipéptido codificado por un polinucleótido es producido por la fuente o por una cepa donde se ha insertado el polinucleótido de la fuente. En un aspecto, el polipéptido obtenido a partir de una fuente dada se secreta extracelularmente.

15 [0448] El polipéptido puede ser un polipéptido bacteriano. Por ejemplo, el polipéptido puede ser un polipéptido bacteriano grampositivo tal como un polipéptido de *Bacillus*, *Clostridium*, *Enterococcus*, *Geobacillus*, *Lactobacillus*, *Lactococcus*, *Oceanobacillus*, *Staphylococcus*, *Streptococcus* o *Streptomyces* con actividad de xilanasas. En una forma de realización, el polipéptido procede de una bacteria de la clase *Bacilli*, tal como de la orden *Bacillales*, o de la familia *Paenibacillaceae*, o del género *Paenibacillus* o de las especies *Paenibacillus illinoisensis*, *Paenibacillus campinasensis*, *Paenibacillus favisporus*, *Paenibacillus tundra*, *Paenibacillus xylanexedens*, *Paenibacillus chitinolyticus*, *Paenibacillus* sp-18054, *Paenibacillus* sp-62250, *Paenibacillus* sp-62603, *Paenibacillus* sp-19179, *Paenibacillus* sp-62332 o *Paenibacillus* sp-62248.

20

[0449] En otra forma de realización, el polipéptido procede de una bacteria de la clase *Flavobacteriia*, tal como de la orden *Flavobacteriales*, o de la familia *Flavobacteriaceae*, o del género *Chryseobacterium* o de la especie *Chryseobacterium* sp-10696.

25 [0450] Alternativamente, el polipéptido puede proceder de un metagenoma, tal como el metagenoma de estiércol de elefante o el metagenoma de compost.

[0451] Se entenderá que, para las especies anteriormente mencionadas, la divulgación abarca los estados tanto perfectos como imperfectos, y otros equivalentes taxonómicos, por ejemplo, anamorfos, independientemente del nombre de la especie por el que se conocen. Aquellas personas expertas en la técnica reconocerán fácilmente la identidad de equivalentes apropiados.

30 [0452] Cepas de estas especies son fácilmente accesibles al público en una serie de colecciones de cultivo, tales como American Type Culture Collection (ATCC), Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH (DSMZ), Centraalbureau voor Schimmelcultures (CBS) y Agricultural Research Service Patent Culture Collection, Northern Regional Research Center (NRRL).

35 [0453] El polipéptido puede ser identificado y obtenido a partir de otras fuentes, incluidas microorganismos aislados de la naturaleza (por ejemplo, suelos, abonos, agua, etc.) o muestras de ADN obtenidas directamente a partir de materiales naturales (por ejemplo, suelos, abonos, agua, etc.) usando las sondas anteriormente mencionadas. Técnicas para aislar microorganismos y ADN directamente de hábitats naturales se conocen en la técnica. Un polinucleótido que codifica el polipéptido puede luego ser obtenido de forma similar cribando una genoteca de ADN o ADNc de otro microorganismo o muestra de ADN mezclado. Una vez que se ha detectado un polinucleótido que codifica un polipéptido con la(s) sonda(s), el polinucleótido se puede aislar o clonar utilizando técnicas que conocen aquellas personas expertas en la técnica (véase, por ejemplo, Sambrook et al., 1989, *supra*).

40

### Polinucleótidos

[0454] La presente divulgación también se refiere a polinucleótidos aislados que codifican un polipéptido de la presente divulgación.

45 [0455] Las técnicas usadas para aislar o clonar un polinucleótido se conocen en la técnica e incluyen el aislamiento de ADN genómico o ADNc, o una combinación de los mismos. La clonación de los polinucleótidos a partir de ADN genómico se puede efectuar, por ejemplo, usando la bien conocida reacción en cadena de la polimerasa (PCR) o el cribado de anticuerpos de genotecas de expresión para detectar fragmentos de ADN clonados con características estructurales compartidas. Véase, por ejemplo, Innis et al., 1990, PCR: A Guide to Methods and Application,

Academic Press, Nueva York. Se pueden usar otros procedimientos de amplificación de ácidos nucleicos tal como la reacción en cadena de la ligasa (LCR), la transcripción activada por ligamiento (LAT) y la amplificación basada en polinucleótidos (NASBA). Los polinucleótidos se pueden clonar a partir de una cepa de *Paenibacillus* o *Chryseobacterium*, o un organismo relacionado y así, por ejemplo, puede ser una variante alélica o de especie de la región codificante del polipéptido del polinucleótido.

[0456] La modificación de un polinucleótido que codifica un polipéptido de la presente divulgación puede ser necesaria para sintetizar polipéptidos sustancialmente similares al polipéptido. El término "sustancialmente similares" al polipéptido se refiere a formas de origen no natural del polipéptido.

### Construcciones de ácido nucleico

[0457] La presente divulgación también se refiere a construcciones de ácido nucleico que comprenden un polinucleótido de la presente divulgación operativamente unido a una o más secuencias de control que dirigen la expresión de la secuencia codificante en una célula huésped adecuada bajo condiciones compatibles con las secuencias de control.

[0458] El polinucleótido se puede manipular de diversas maneras para proveer a la expresión del polipéptido. La manipulación del polinucleótido antes de su inserción en un vector puede ser deseable o necesaria en función del vector de expresión. Las técnicas para modificar polinucleótidos utilizando métodos de ADN recombinante se conocen en la técnica.

[0459] La secuencia de control puede ser un promotor, un polinucleótido que es reconocido por una célula huésped para la expresión de un polinucleótido que codifica un polipéptido de la presente divulgación. El promotor contiene secuencias de control de la transcripción que median la expresión del polipéptido. El promotor puede ser cualquier polinucleótido que muestre actividad transcripcional en la célula huésped incluidos promotores mutantes, truncados e híbridos, y puede ser obtenido a partir de genes que codifican polipéptidos extracelulares o intracelulares homólogos o heterólogos a la célula huésped.

[0460] Ejemplos de promotores adecuados para dirigir la transcripción de las construcciones de ácido nucleico de la presente divulgación en una célula huésped bacteriana son los promotores obtenidos a partir del gen de la alfa-amilasa de *Bacillus amyloliquefaciens* (*amyQ*), del gen de la alfa-amilasa de *Bacillus licheniformis* (*amyL*), del gen de la penicilinas de *Bacillus licheniformis* (*penP*), del gen de la amilasa maltogénica de *Bacillus stearothermophilus* (*amyM*), del gen de la levansucrasa de *Bacillus subtilis* (*sacB*), de los genes de *Bacillus subtilis* *xylA* y *xylB*, del gen *cryIIIA* de *Bacillus thuringiensis* (Agaïsse y Lereclus, 1994, Molecular Microbiology 13: 97-107), del operón *lac* de *E. coli*, del promotor *trc* de *E. coli* (Egon et al., 1988, Gene 69: 301-315), del gen de la agarasa de *Streptomyces coelicolor* (*dagA*) y del gen de la beta-lactamasa procarionta (Villa-Kamaroff et al., 1978, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 75: 3727-3731), así como el promotor *tac* (DeBoer et al., 1983, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 80: 21-25). Se describen promotores adicionales en "Useful proteins from recombinant bacteria" en Gilbert et al., 1980, Scientific American 242: 74-94; y en Sambrook et al., 1989, *supra*. Se describen ejemplos de promotores en serie en WO 99/43835.

[0461] Ejemplos de promotores adecuados para dirigir la transcripción de las construcciones de ácido nucleico de la presente divulgación en una célula huésped fúngica filamentosa son los promotores obtenidos a partir de los genes para la acetamidasa de *Aspergillus nidulans*, la alfa-amilasa neutra de *Aspergillus niger*, la alfa-amilasa estable en ácido de *Aspergillus niger*, la glucoamilasa (*glaA*) de *Aspergillus niger* o *Aspergillus awamori*, la TAKA amilasa de *Aspergillus oryzae*, la proteasa alcalina de *Aspergillus oryzae*, la triosa fosfato isomerasa de *Aspergillus oryzae*, la proteasa similar a la tripsina de *Fusarium oxysporum* (WO 96/00787), la amiloglucosidasa de *Fusarium venenatum* (WO 00/56900), Daria de *Fusarium venenatum* (WO 00/56900), Quinn de *Fusarium venenatum* (WO 00/56900), la lipasa de *Rhizomucor miehei*, la proteinasa aspártica de *Rhizomucor miehei*, la beta-glucosidasa de *Trichoderma reesei*, la celobiohidrolasa I de *Trichoderma reesei*, la celobiohidrolasa I de *Trichoderma reesei*, la endoglucanasa I de *Trichoderma reesei*, la endoglucanasa II de *Trichoderma reesei*, la endoglucanasa III de *Trichoderma reesei*, la endoglucanasa V de *Trichoderma reesei*, la xilanasa I de *Trichoderma reesei*, la xilanasa II de *Trichoderma reesei*, la xilanasa III de *Trichoderma reesei*, la beta-xilosidasa de *Trichoderma reesei* y el factor de elongación de la traducción de *Trichoderma reesei*, así como el promotor NA2-tpi (un promotor modificado de un gen de la alfa-amilasa neutra de *Aspergillus* donde el líder no traducido se ha sustituido por un líder no traducido de un gen de la triosa fosfato isomerasa de *Aspergillus*; los ejemplos no limitativos incluyen promotores modificados de un gen de la alfa-amilasa neutra de *Aspergillus niger* donde el líder no traducido se ha sustituido por un líder no traducido de un gen de la triosa fosfato isomerasa de *Aspergillus nidulans* o *Aspergillus oryzae*); y promotores mutantes, truncados e híbridos de los mismos. Otros promotores se describen en la patente de EE.UU. n.º 6,011,147.

[0462] En un huésped de levadura, se obtienen promotores útiles a partir de los genes para la enolasa (ENO-1) de *Saccharomyces cerevisiae*, la galactocinas (GAL1) de *Saccharomyces cerevisiae*, la alcohol

deshidrogenasa/gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa (ADH1, ADH2/GAP) de *Saccharomyces cerevisiae*, la triosa fosfato isomerasa (TPI) de *Saccharomyces cerevisiae*, la metalotioneína (CUP1) de *Saccharomyces cerevisiae* y la 3-fosfoglicerato quinasa de *Saccharomyces cerevisiae*. Otros promotores útiles para células huésped de levadura son descritos por Romanos et al., 1992, *Yeast* 8: 423-488.

5 [0463] La secuencia de control también puede ser un terminador de la transcripción, que es reconocido por una célula huésped para terminar la transcripción. El terminador está operativamente unido al extremo 3' del polinucleótido que codifica el polipéptido. En la presente divulgación se puede usar cualquier terminador que sea funcional en la célula huésped.

10 [0464] Terminadores preferidos para células huésped bacterianas se obtienen a partir de los genes para la proteasa alcalina (*aprH*) de *Bacillus clausii*, la alfa-amilasa (*amyL*) de *Bacillus licheniformis* y el ARN ribosómico (*rrnB*) de *Escherichia coli*.

15 [0465] Terminadores preferidos para células huésped fúngicas filamentosas se obtienen a partir de los genes para la acetamidasa de *Aspergillus nidulans*, la antranilato sintasa de *Aspergillus nidulans*, la glucoamilasa de *Aspergillus niger*, la alfa-glucosidasa de *Aspergillus niger*, la TAKA amilasa de *Aspergillus oryzae*, la proteasa similar a la tripsina de *Fusarium oxysporum*, la beta-glucosidasa de *Trichoderma reesei*, la celobiohidrolasa I de *Trichoderma reesei*, la celobiohidrolasa II de *Trichoderma reesei*, la endoglucanasa I de *Trichoderma reesei*, la endoglucanasa II de *Trichoderma reesei*, la endoglucanasa III de *Trichoderma reesei*, la endoglucanasa V de *Trichoderma reesei*, la xilanasa I de *Trichoderma reesei*, la xilanasa II de *Trichoderma reesei*, la xilanasa III de *Trichoderma reesei*, la beta-xilosidasa de *Trichoderma reesei* y el factor de elongación de la traducción de *Trichoderma reesei*.

20 [0466] Terminadores preferidos para células huésped de levadura se obtienen a partir de los genes para enolasa de *Saccharomyces cerevisiae*, el citocromo C (CYC1) de *Saccharomyces cerevisiae*, y la gliceraldehído-3-fosfato-deshidrogenasa de *Saccharomyces cerevisiae*. Otros terminadores útiles para células huésped de levadura son descritos por Romanos et al., 1992, *supra*.

25 [0467] La secuencia de control también puede ser una región estabilizadora de ARNm aguas abajo de un promotor y aguas arriba de la secuencia codificante de un gen que aumenta la expresión del gen.

[0468] Ejemplos de regiones estabilizadoras de ARNm adecuadas se obtienen a partir de un gen *cryIIIA* de *Bacillus thuringiensis* (WO 94/25612) y un gen SP82 de *Bacillus subtilis* (Hue et al., 1995, *Journal of Bacteriology* 177: 3465-3471).

30 [0469] La secuencia de control también puede ser un líder, una región no traducida de un ARNm que es importante para la traducción por la célula huésped. El líder está operativamente unido al extremo 5' del polinucleótido que codifica el polipéptido. Se puede usar cualquier líder que sea funcional en la célula huésped.

[0470] Los líderes preferidos para células huésped fúngicas filamentosas se obtienen a partir de los genes para la TAKA amilasa de *Aspergillus oryzae* y la triosa fosfato isomerasa de *Aspergillus nidulans*.

35 [0471] Líderes adecuados para células huésped de levadura se obtienen a partir de los genes para la enolasa (ENO-1) de *Saccharomyces cerevisiae*, la 3-fosfoglicerato quinasa de *Saccharomyces cerevisiae*, el factor alfa de *Saccharomyces cerevisiae* y la alcohol deshidrogenasa/gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa (ADH2/GAP) de *Saccharomyces cerevisiae*.

40 [0472] La secuencia de control también puede ser una secuencia de poliadenilación, una secuencia operativamente unida al extremo 3' del polinucleótido y, cuando se transcribe, es reconocida por la célula huésped como una señal para añadir residuos de poliadenosina al ARNm transcrito. Se puede usar cualquier secuencia de poliadenilación que sea funcional en la célula huésped.

45 [0473] Las secuencias de poliadenilación preferidas para células huésped fúngicas filamentosas se obtienen a partir de los genes para la antranilato sintasa de *Aspergillus nidulans*, la glucoamilasa de *Aspergillus niger*, la alfa-glucosidasa de *Aspergillus niger*, la TAKA amilasa de *Aspergillus oryzae* y la proteasa similar a la tripsina de *Fusarium oxysporum*.

[0474] Se describen secuencias de poliadenilación útiles para células huésped de levadura en Guo y Sherman, 1995, *Mol. Cellular Biol.* 15: 5983-5990.

[0475] La secuencia de control también puede ser una región codificante del péptido señal que codifique un péptido señal unido al extremo N-terminal de un polipéptido y dirija el polipéptido a la vía secretora de la célula. El extremo 5' de la secuencia codificante del polinucleótido puede contener intrínsecamente una secuencia codificante del péptido señal unida naturalmente en el marco de lectura de traducción con el segmento de la secuencia codificante que codifica el polipéptido. Alternativamente, el extremo 5' de la secuencia codificante puede contener una secuencia codificante del péptido señal que es exógena respecto a la secuencia codificante. Puede requerirse una secuencia codificante del péptido señal exógena cuando la secuencia codificante no contiene naturalmente una secuencia codificante del péptido señal. Alternativamente, una secuencia codificante del péptido señal exógena puede reemplazar simplemente la secuencia codificante del péptido señal natural para mejorar la secreción del polipéptido. Sin embargo, se puede usar cualquier secuencia codificante del péptido señal que dirija el polipéptido expresado a la vía secretora de una célula huésped.

[0476] Secuencias codificantes del péptido señal eficaces para células huésped bacterianas son las secuencias codificantes del péptido señal obtenidas a partir de los genes para la amilasa maltogénica de *Bacillus* NCIB 11837, la subtilisina de *Bacillus licheniformis*, la beta-lactamasa de *Bacillus licheniformis*, la alfa-amilasa de *Bacillus stearothermophilus*, las proteasas neutras (*nprT*, *nprS*, *nprM*) de *Bacillus stearothermophilus* y *prsA* de *Bacillus subtilis*. Péptidos señal adicionales son descritos por Simonen y Palva, 1993, *Microbiological Reviews* 57: 109-137.

[0477] Secuencias codificantes del péptido señal eficaces para células huésped fúngicas filamentosas son las secuencias codificantes del péptido señal obtenidas a partir de los genes para la amilasa neutra de *Aspergillus niger*, la glucoamilasa de *Aspergillus niger*, la TAKA amilasa de *Aspergillus oryzae*, la celulasa de *Humicola insolens*, la endoglucanasa V de *Humicola insolens*, la lipasa de *Humicola lanuginosa* y la proteinasa aspártica de *Rhizomucor miehei*.

[0478] Péptidos señal útiles para células huésped de levadura se obtienen a partir de los genes para el factor alfa de *Saccharomyces cerevisiae* y la invertasa de *Saccharomyces cerevisiae*. Otras secuencias codificantes del péptido señal útiles son descritas por Romanos et al., 1992, *supra*.

[0479] La secuencia de control también puede ser una secuencia codificante del propéptido que codifica un propéptido situado en el extremo N-terminal de un polipéptido. El polipéptido resultante se conoce como una proenzima o propolipéptido (o un zimógeno en algunos casos). Un propolipéptido está generalmente inactivo y se puede convertir a un polipéptido activo por escisión catalítica o autocatalítica del propéptido del propolipéptido. La secuencia codificante del propéptido puede ser obtenida a partir de los genes para la proteasa alcalina (*aprE*) de *Bacillus subtilis*, la proteasa neutra (*nprT*) de *Bacillus subtilis*, la lacasa de *Myceliophthora thermophila* (WO 95/33836), la proteinasa aspártica de *Rhizomucor miehei* y el factor alfa de *Saccharomyces cerevisiae*.

[0480] Cuando están presentes las secuencias tanto del péptido señal como del propéptido, la secuencia del propéptido está situada junto al extremo N-terminal de un polipéptido y la secuencia del péptido señal está situada junto al extremo N-terminal de la secuencia de propéptido.

[0481] También puede ser deseable añadir secuencias reguladoras que regulen la expresión del polipéptido en relación con el crecimiento de la célula huésped. Ejemplos de secuencias reguladoras son aquellas que causan que la expresión del gen se active o desactive en respuesta a un estímulo químico o físico, incluida la presencia de un compuesto regulador. Las secuencias reguladoras en sistemas procarióticos incluyen los sistemas de operadores *lac*, *tac* y *trp*. En levadura, se puede usar el sistema ADH2 o el sistema GAL1. En los hongos filamentosos, se puede usar el promotor de la glucoamilasa de *Aspergillus niger*, el promotor de la TAKA alfa-amilasa de *Aspergillus oryzae* y el promotor de la glucoamilasa de *Aspergillus oryzae*, el promotor de la celobiohidrolasa I de *Trichoderma reesei* y el promotor de la celobiohidrolasa II de *Trichoderma reesei*. Otros ejemplos de secuencias reguladoras son aquellos que permiten la amplificación génica. En los sistemas eucarióticos, estas secuencias reguladoras incluyen el gen de la dihidrofolato reductasa que se amplifica en presencia de metotrexato y los genes de metalotioneínas que se amplifican con metales pesados. En estos casos, el polinucleótido que codifica el polipéptido estaría operativamente unido a la secuencia reguladora.

### Vectores de expresión

[0482] La presente divulgación también se refiere a vectores de expresión recombinantes que comprenden un polinucleótido de la presente divulgación, un promotor y señales de parada transcripcional y traduccional. Las diversas secuencias de nucleótidos y de control se pueden juntar para producir un vector de expresión recombinante que puede incluir uno o más sitios de restricción convenientes para permitir la inserción o sustitución del polinucleótido que codifica el polipéptido en tales sitios. Alternativamente, el polinucleótido se puede expresar insertando el polinucleótido o una construcción de ácido nucleico que comprende el polinucleótido en un vector apropiado para la expresión. Durante la creación del vector de expresión, la secuencia codificante se sitúa en el

vector de modo que la secuencia codificante esté operativamente unida a las secuencias de control apropiadas para la expresión.

5 [0483] El vector de expresión recombinante puede ser cualquier vector (por ejemplo, un plásmido o un virus) que se pueda someter convenientemente a procedimientos de ADN recombinante y pueda producir la expresión del polinucleótido. La elección del vector dependerá típicamente de la compatibilidad del vector con la célula huésped en la que se va a introducir el vector. El vector puede ser un plásmido lineal o circular cerrado.

10 [0484] El vector puede ser un vector de replicación autónoma, es decir, un vector que existe como una entidad extracromosómica, cuya replicación es independiente de la replicación cromosómica, por ejemplo, un plásmido, un elemento extracromosómico, un minicromosoma o un cromosoma artificial. El vector puede contener cualquier medio para asegurar la autorreplicación. Alternativamente, el vector puede ser uno que, cuando se introduce en la célula huésped, se integra en el genoma y se replica junto con el/los cromosoma(s) en el/los que se ha integrado. Además, se puede usar un único vector o plásmido o dos o más vectores o plásmidos que juntos contengan el ADN total que se va a introducir en el genoma de la célula huésped, o un transposón.

15 [0485] El vector contiene preferiblemente uno o más marcadores seleccionables que permiten la selección fácil de células transformadas, transfectadas, transducidas o similares. Un marcador seleccionable es un gen cuyo producto proporciona resistencia a biocidas o viral, resistencia a metales pesados, prototrofia a auxótrofos, y similares.

20 [0486] Ejemplos de marcadores seleccionables bacterianos son los genes *dal* de *Bacillus licheniformis* o de *Bacillus subtilis*, o marcadores que confieren resistencia antibiótica tal como resistencia a la ampicilina, el cloranfenicol, la canamicina, la neomicina, la espectinomina o la tetraciclina. Los marcadores adecuados para células huésped de levadura incluyen, pero de forma no limitativa, ADE2, HIS3, LEU2, LYS2, MET3, TRP1 y URA3. Los marcadores seleccionables para usar en una célula huésped fúngica filamentosa incluyen, pero de forma no limitativa, *adeA* (fosforribosilaminoimidazol-succinocarboxamida sintasa), *adeB* (fosforribosilaminoimidazol sintasa), *amdS* (acetamidasa), *argB* (ornitina carbamoiltransferasa), *bar* (fosfinotricina acetiltransferasa), *hph* (higromicina fosfotransferasa), *niaD* (nitrato reductasa), *pyrG* (orotidina-5'-fosfato descarboxilasa), *sC* (sulfato adeniltransferasa) y *trpC* (antranilato sintasa), así como equivalentes de los mismos. Para usar en una célula de *Aspergillus* se prefieren los genes *amdS* y *pyrG* de *Aspergillus nidulans* o *Aspergillus oryzae* y un gen *bar* de *Streptomyces hygroscopicus*. Para usar en una célula de *Trichoderma* se prefieren los genes *adeA*, *adeB*, *amdS*, *hph* y *pyrG*.

30 [0487] El marcador seleccionable puede ser un sistema de marcador seleccionable doble como se describe en WO 2010/039889. En un aspecto, el marcador seleccionable doble es un sistema de marcador seleccionable doble *hph-tk*.

[0488] El vector contiene preferiblemente un elemento o elementos que permite(n) la integración del vector en el genoma de la célula huésped o la replicación autónoma del vector en la célula independientemente del genoma.

35 [0489] Para la integración en el genoma de la célula huésped, el vector puede basarse en la secuencia del polinucleótido que codifica el polipéptido o cualquier otro elemento del vector para la integración en el genoma por recombinación homóloga o no homóloga. Alternativamente, el vector puede contener polinucleótidos adicionales para dirigir la integración por recombinación homóloga en el genoma de la célula huésped en una ubicación o ubicaciones precisa(s) en el/los cromosoma(s). Para aumentar la probabilidad de integración en una ubicación precisa, los elementos de integración deben contener un número suficiente de ácidos nucleicos, tal como de 100 a 10.000 pares de bases, 400 a 10.000 pares de bases y 800 a 10.000 pares de bases, que tienen un alto grado de identidad de secuencia con la secuencia diana correspondiente para aumentar la probabilidad de recombinación homóloga. Los elementos de integración pueden ser cualquier secuencia que sea homóloga a la secuencia diana en el genoma de la célula huésped. Además, los elementos de integración pueden ser polinucleótidos no codificantes o codificantes. Por otro lado, el vector se puede integrar en el genoma de la célula huésped por recombinación no homóloga.

45 [0490] Para la replicación autónoma, el vector puede comprender además un origen de replicación que permite que el vector se replique de manera autónoma en la célula huésped en cuestión. El origen de replicación puede ser cualquier replicador de plásmido que medie la replicación autónoma que funcione en una célula. El término "origen de replicación" o "replicador de plásmido" significa un polinucleótido que permite que un plásmido o vector se replique *in vivo*.

50 [0491] Ejemplos de orígenes de replicación bacterianos son los orígenes de replicación de los plásmidos pBR322, pUC19, pACYC177 y pACYC184 que permiten la replicación en *E. coli*, y pUB110, pE194, pTA1060 y pAMβ1 que permiten la replicación en *Bacillus*.

[0492] Ejemplos de orígenes de replicación para usar en una célula huésped de levadura son el origen de replicación de 2 micras, ARS1, ARS4, la combinación de ARS1 y CEN3 y la combinación de ARS4 y CEN6.

5 [0493] Ejemplos de orígenes de replicación útiles en una célula fúngica filamentosa son AMA1 y ANS1 (Gems et al., 1991, Gene 98: 61-67; Cullen et al., 1987, Nucleic Acids Res. 15: 9163-9175; WO 00/24883). El aislamiento del gen AMA1 y la construcción de plásmidos o vectores que comprenden el gen se puede realizar según los métodos descritos en WO 00/24883.

10 [0494] Se puede insertar más de una copia de un polinucleótido de la presente divulgación en la célula huésped para aumentar la producción de un polipéptido. Se puede obtener un aumento del número de copias del polinucleótido integrando al menos una copia adicional de la secuencia en el genoma de la célula huésped o incluyendo un gen marcador seleccionable amplificable con el polinucleótido donde se pueden seleccionar las células que contienen copias amplificadas del gen marcador seleccionable y, por lo tanto, se pueden seleccionar copias adicionales del polinucleótido cultivando las células en presencia del agente seleccionable apropiado.

15 [0495] Los procedimientos usados para ligar los elementos anteriormente descritos para construir los vectores de expresión recombinantes de la presente divulgación son bien conocidos por una persona experta en la materia (véase, por ejemplo, Sambrook et al., 1989, *supra*).

### Células huésped

20 [0496] La presente divulgación también se refiere a células huésped recombinantes, que comprenden un polinucleótido de la presente divulgación operativamente unido a una o más secuencias de control que dirigen la producción de un polipéptido de la presente divulgación. Una construcción o vector que comprende un polinucleótido se introduce en una célula huésped de modo que la construcción o vector se mantiene como un integrante cromosómico o como un vector extracromosómico autorreplicativo como se ha descrito anteriormente. El término "célula huésped" abarca cualquier descendiente de una célula parental que no es idéntico a la célula parental debido a las mutaciones que ocurren durante la replicación. La elección de una célula huésped dependerá en gran parte del gen codificante del polipéptido y su fuente.

25 [0497] La célula huésped puede ser cualquier célula útil en la producción recombinante de un polipéptido de la presente divulgación, por ejemplo, una procarionota o una eucariota.

30 [0498] La célula huésped procarionota puede ser cualquier bacteria grampositiva o gramnegativa. Las bacterias grampositivas incluyen, pero de forma no limitativa, *Bacillus*, *Clostridium*, *Enterococcus*, *Geobacillus*, *Lactobacillus*, *Lactococcus*, *Oceanobacillus*, *Staphylococcus*, *Streptococcus* y *Streptomyces*. Las bacterias gramnegativas incluyen, pero de forma no limitativa, *Campylobacter*, *E. coli*, *Flavobacterium*, *Fusobacterium*, *Helicobacter*, *Ilyobacter*, *Neisseria*, *Pseudomonas*, *Salmonella* y *Ureaplasma*.

35 [0499] La célula huésped bacteriana puede ser cualquier célula de *Bacillus* incluidas, pero de forma no limitativa, células de *Bacillus alkalophilus*, *Bacillus amyloliquefaciens*, *Bacillus brevis*, *Bacillus circulans*, *Bacillus clausii*, *Bacillus coagulans*, *Bacillus firmus*, *Bacillus lautus*, *Bacillus lentus*, *Bacillus licheniformis*, *Bacillus megaterium*, *Bacillus pumilus*, *Bacillus stearothermophilus*, *Bacillus subtilis* y *Bacillus thuringiensis*.

[0500] La célula huésped bacteriana también puede ser cualquier célula de *Streptococcus* incluidas, pero de forma no limitativa, células de *Streptococcus equisimilis*, *Streptococcus pyogenes*, *Streptococcus uberis* y *Streptococcus equi* subesp. *Zooepidemicus*.

40 [0501] La célula huésped bacteriana también puede ser cualquier célula de *Streptomyces* incluidas, pero de forma no limitativa, células de *Streptomyces achromogenes*, *Streptomyces avermitilis*, *Streptomyces coelicolor*, *Streptomyces griseus* y *Streptomyces lividans*.

45 [0502] La introducción de ADN en una célula de *Bacillus* se puede efectuar por transformación de protoplastos (véase, por ejemplo, Chang y Cohen, 1979, Mol. Gen. Genet. 168: 111-115), transformación de células competentes (véase, por ejemplo, Young y Spizizen, 1961, J. Bacteriol. 81: 823-829 o Dubnau y Davidoff-Abelson, 1971, J. Mol. Biol. 56: 209-221), electroporación (véase, por ejemplo, Shigekawa y Dower, 1988, Biotechniques 6: 742-751) o conjugación (véase, por ejemplo, Koehler y Thorne, 1987, J. Bacteriol. 169: 5271-5278). La introducción de ADN en una célula de *E. coli* se puede efectuar por transformación de protoplastos (véase, por ejemplo, Hanahan, 1983, J. Mol. Biol. 166: 557-580) o electroporación (véase, por ejemplo, Dower et al., 1988, Nucleic Acids Res. 16: 6127-6145). La introducción de ADN en una célula de *Streptomyces* se puede efectuar por transformación de protoplastos, electroporación (véase, por ejemplo, Gong et al., 2004, Folia Microbiol. (Praha) 49: 399-405), conjugación (véase, por ejemplo, Mazodier et al., 1989, J. Bacteriol. 171: 3583-3585) o transducción (véase, por



- ejemplo, Burke et al., 2001, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 98: 6289-6294). La introducción de ADN en una célula de *Pseudomonas* se puede efectuar por electroporación (véase, por ejemplo, Choi et al., 2006, J. Microbiol. Methods 64: 391-397) o conjugación (véase, por ejemplo, Pinedo y Smets, 2005, Appl. Environ. Microbiol. 71: 51-57). La introducción de ADN en una célula de *Streptococcus* se puede efectuar por competencia natural (véase, por ejemplo, Perry y Kuramitsu, 1981, Infect. Immun. 32: 1295-1297), transformación de protoplastos (véase, por ejemplo, Catt y Jollick, 1991, Microbios 68: 189-207), electroporación (véase, por ejemplo, Buckley et al., 1999, Appl. Environ. Microbiol. 65: 3800-3804) o conjugación (véase, por ejemplo, Clewell, 1981, Microbiol. Rev. 45: 409-436). Sin embargo, se puede usar cualquier método conocido en la técnica para introducir ADN en una célula huésped.
- 5
- 10 [0503] La célula huésped también puede ser una eucariota, tal como una célula de mamífero, de insecto, vegetal o fúngica.
- [0504] La célula huésped puede ser una célula fúngica. "Hongos" como se utiliza en la presente incluye los filos Ascomycota, Basidiomycota, Chytridiomycota y Zygomycota, así como el Oomycota y todos los hongos mitospóricos (como los definen Hawksworth et al., en, Ainsworth y Bisby's Dictionary of The Fungi, 8ª edición, 1995, CAB International, University Press, Cambridge, Reino Unido).
- 15
- [0505] La célula huésped fúngica puede ser una célula de levadura. "Levadura" o "levaduras" como se utiliza en la presente incluye levaduras ascoesporógenas (Endomycetales), levaduras basidioesporógenas y levaduras pertenecientes a los hongos imperfectos (Blastomycetes). Debido a que la clasificación de las levaduras puede cambiar en el futuro, a efectos de esta divulgación, la levadura se define como se describe en Biology and Activities of Yeast (Skinner, Passmore y Davenport, editores, Soc. App. Bacteriol. Symposium Series No. 9, 1980).
- 20
- [0506] La célula huésped de levadura puede ser una célula de *Candida*, *Hansenula*, *Kluyveromyces*, *Pichia*, *Saccharomyces*, *Schizosaccharomyces* o *Yarrowia* tal como una célula de *Kluyveromyces lactis*, *Saccharomyces carlsbergensis*, *Saccharomyces cerevisiae*, *Saccharomyces diastaticus*, *Saccharomyces douglasii*, *Saccharomyces kluyveri*, *Saccharomyces norbensis*, *Saccharomyces oviformis* o *Yarrowia lipolytica*.
- 25
- [0507] La célula huésped fúngica puede ser una célula fúngica filamentosa. Los "hongos filamentosos" incluyen todas las formas filamentosas de la subdivisión Eumycota y Oomycota (como definen Hawksworth et al., 1995, *supra*). Los hongos filamentosos se caracterizan generalmente por una pared micelial compuesta por quitina, celulosa, glucano, quitosano, manano y otros polisacáridos complejos. El crecimiento vegetativo es por elongación de hifas y el catabolismo del carbono es estrictamente aeróbico. En cambio, el crecimiento vegetativo por levaduras tales como *Saccharomyces cerevisiae* es por brote de un talo unicelular y el catabolismo del carbono puede ser fermentativo.
- 30
- [0508] La célula huésped fúngica filamentosa puede ser una célula de *Acremonium*, *Aspergillus*, *Aureobasidium*, *Bjerkandera*, *Ceriporiopsis*, *Chrysosporium*, *Coprinus*, *Coriolus*, *Cryptococcus*, *Filibasidium*, *Fusarium*, *Humicola*, *Magnaporthe*, *Mucor*, *Myceliophthora*, *Neocallimastix*, *Neurospora*, *Paecilomyces*, *Penicillium*, *Phanerochaete*, *Phlebia*, *Piromyces*, *Pleurotus*, *Schizophyllum*, *Talaromyces*, *Thermoascus*, *Thielavia*, *Tolypocladium*, *Trametes* o *Trichoderma*.
- 35
- [0509] Por ejemplo, la célula huésped fúngica filamentosa puede ser una célula de *Aspergillus awamori*, *Aspergillus foetidus*, *Aspergillus fumigatus*, *Aspergillus japonicus*, *Aspergillus nidulans*, *Aspergillus niger*, *Aspergillus oryzae*, *Bjerkandera adusta*, *Ceriporiopsis aneirina*, *Ceriporiopsis caregiea*, *Ceriporiopsis gilvescens*, *Ceriporiopsis pannocinta*, *Ceriporiopsis rivulosa*, *Ceriporiopsis subrufa*, *Ceriporiopsis subvermispora*, *Chrysosporium inops*, *Chrysosporium keratinophilum*, *Chrysosporium lucknowense*, *Chrysosporium merdarium*, *Chrysosporium pannicola*, *Chrysosporium queenslandicum*, *Chrysosporium tropicum*, *Chrysosporium zonatum*, *Coprinus cinereus*, *Coriolus hirsutus*, *Fusarium bactridioides*, *Fusarium cerealis*, *Fusarium crookwellense*, *Fusarium culmorum*, *Fusarium graminearum*, *Fusarium graminum*, *Fusarium heterosporum*, *Fusarium negundi*, *Fusarium oxysporum*, *Fusarium reticulatum*, *Fusarium roseum*, *Fusarium sambucinum*, *Fusarium sarcochromum*, *Fusarium sporotrichioides*, *Fusarium sulphureum*, *Fusarium torulosum*, *Fusarium trichothecioides*, *Fusarium venenatum*, *Humicola insolens*, *Humicola lanuginosa*, *Mucor miehei*, *Myceliophthora thermophila*, *Neurospora crassa*, *Penicillium purpurogenum*, *Phanerochaete chrysosporium*, *Phlebia radiata*, *Pleurotus eryngii*, *Thielavia terrestris*, *Trametes villosa*, *Trametes versicolor*, *Trichoderma harzianum*, *Trichoderma koningii*, *Trichoderma longibrachiatum*, *Trichoderma reesei* o *Trichoderma viride*.
- 40
- 45
- 50
- [0510] Las células fúngicas se pueden transformar por un proceso que implique la formación de protoplastos, la transformación de los protoplastos y la regeneración de la pared celular de una manera conocida *per se*. Se describen procedimientos adecuados para la transformación de células huésped de *Aspergillus* y *Trichoderma* en la EP 238023, Yelton et al., 1984, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 81: 1470-1474 y Christensen et al., 1988, Bio/Technology 6: 1419-1422. Se describen métodos adecuados para transformar especies de *Fusarium* en
- 55

Malardier et al., 1989, Gene 78: 147-156 y WO 96/00787. Las levaduras pueden transformarse usando los procedimientos descritos por Becker y Guarente, en Abelson, J.N. y Simon, M.I., editores, Guide to Yeast Genetics and Molecular Biology, Methods in Enzymology, volumen 194, págs. 182-187, Academic Press, Inc., Nueva York; Ito et al., 1983, J. Bacteriol. 153: 163; y Hinnen et al., 1978, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 75: 1920.

## 5 Métodos de producción

[0511] La presente divulgación también se refiere a métodos de producción de un polipéptido de la presente divulgación, que comprende (a) el cultivo de una célula, que en su forma de tipo salvaje produce el polipéptido, bajo condiciones propicias para la producción del polipéptido; y opcionalmente, (b) la recuperación del polipéptido. En un aspecto, la célula es una célula de *Paenibacillus*. En otro aspecto, la célula es una célula de *Paenibacillus illinoisensis*. En otro aspecto, la célula es una célula de *Paenibacillus campinasensis*. En otro aspecto, la célula es una célula de *Paenibacillus favisporus*. En otro aspecto, la célula es una célula de *Paenibacillus tundra*. En otro aspecto, la célula es una célula de *Paenibacillus xilanexedens*. En otro aspecto, la célula es una célula de *Paenibacillus chitinolyticus*. En otro aspecto, la célula es una célula de *Paenibacillus* sp-18054. En otro aspecto, la célula es una célula de *Paenibacillus* sp-62250. En otro aspecto, la célula es una célula de *Paenibacillus* sp-62603. En otro aspecto, la célula es una célula de *Paenibacillus* sp-19179. En otro aspecto, la célula es una célula de *Paenibacillus* sp-62332. En otro aspecto, la célula es una célula de *Paenibacillus* sp-62248.

[0512] En otro aspecto, la célula es una célula de *Chryseobacterium*. En otro aspecto, la célula es una célula de *Chryseobacterium* sp-10696.

[0513] La presente divulgación también se refiere a métodos de producción de un polipéptido de la presente divulgación, que comprenden (a) el cultivo de una célula huésped recombinante de la presente divulgación bajo condiciones propicias para la producción del polipéptido; y opcionalmente, (b) la recuperación del polipéptido.

[0514] Las células huésped se cultivan en un medio nutritivo adecuado para la producción del polipéptido usando métodos conocidos en la técnica. Por ejemplo, las células se pueden cultivar por cultivo en matraz agitado, o fermentación a pequeña escala o a gran escala (incluidas las fermentaciones continuas, por lote, por lote alimentado o en estado sólido) en fermentadores de laboratorio o industriales en un medio adecuado y bajo condiciones que permitan que el polipéptido sea expresado y/o aislado. El cultivo tiene lugar en un medio nutritivo adecuado que comprende fuentes de carbono y nitrógeno y sales inorgánicas, usando procedimientos conocidos en la técnica. Los medios adecuados están disponibles de proveedores comerciales o se pueden preparar según composiciones publicadas (por ejemplo, en catálogos de la American Type Culture Collection). Si el polipéptido se secreta en el medio nutritivo, el polipéptido se puede recuperar directamente del medio. Si el polipéptido no se secreta, se puede recuperar de lisados celulares.

[0515] El polipéptido se puede detectar usando métodos conocidos en la técnica que son específicos para los polipéptidos. Estos métodos de detección incluyen, pero de forma no limitativa, el uso de anticuerpos específicos, la formación de un producto enzimático o la desaparición de un sustrato enzimático. Por ejemplo, se puede usar un ensayo enzimático para determinar la actividad del polipéptido.

[0516] El polipéptido se puede recuperar usando métodos conocidos en la técnica. Por ejemplo, el polipéptido se puede recuperar del medio nutritivo por procedimientos convencionales que incluyen, pero de forma no limitativa, la recolección, la centrifugación, la filtración, la extracción, el secado por pulverización, la evaporación o la precipitación. En un aspecto, se recupera un caldo de fermentación que comprende el polipéptido.

[0517] El polipéptido se puede purificar mediante una variedad de procedimientos conocidos en la técnica que incluyen, pero de forma no limitativa, la cromatografía (por ejemplo, de intercambio iónico, de afinidad, hidrofóbica, el cromatoenfoco y de exclusión por tamaño), procedimientos electroforéticos (por ejemplo, el isoelectroenfoco preparativo), la solubilidad diferencial (por ejemplo, la precipitación con sulfato amónico), la SDS-PAGE o la extracción (véase, por ejemplo, Protein Purification, Janson y Ryden, editores, VCH Publishers, Nueva York, 1989) para obtener polipéptidos sustancialmente puros.

[0518] En un aspecto alternativo, el polipéptido no se recupera, sino que una célula huésped de la presente divulgación que expresa el polipéptido se usa como una fuente del polipéptido.

## Plantas

[0519] La presente divulgación también se refiere a plantas aisladas, por ejemplo, una planta transgénica, parte de planta o célula vegetal, que comprenden un polinucleótido de la presente divulgación para expresar y producir un polipéptido o dominio en cantidades recuperables. El polipéptido o dominio se puede recuperar de la planta o la

parte de planta. Alternativamente, la planta o la parte de planta que contiene el polipéptido o dominio se puede usar como tal para mejorar la calidad de un alimento o pienso, por ejemplo, mejorar el valor nutricional, la palatabilidad y las propiedades reológicas, o para destruir un factor antinutritivo.

5 [0520] La planta transgénica puede ser dicotiledónea (una dicotiledón) o monocotiledónea (una monocotiledón). Ejemplos de plantas monocotiledóneas son las hierbas, tales como como la poa de los prados (pasto azul, Poa), hierbas forrajeras tales como *Festuca*, *Lolium*, hierbas de zonas templadas, tales como *Agrostis*, y cereales, por ejemplo, trigo, avena, centeno, cebada, arroz, sorgo y maíz (granos de maíz).

10 [0521] Ejemplos de plantas dicotiledóneas son el tabaco, las leguminosas, tales como los altramuces, la patata, la remolacha azucarera, el guisante, la judía y la soja, y las plantas crucíferas (familia *Brassicaceae*), tales como la coliflor, la semilla de colza y el organismo modelo estrechamente relacionado *Arabidopsis thaliana*.

[0522] Ejemplos de partes de plantas son el tallo, los callos, las hojas, la raíz, los frutos, las semillas y los tubérculos, así como los tejidos individuales que comprenden estas partes, por ejemplo, la epidermis, el mesófilo, el parénquima, los tejidos vasculares, los meristemos.

15 [0523] Las células vegetales y los compartimentos específicos de las células vegetales, tales como los cloroplastos, los apoplastos, las mitocondrias, las vacuolas, los peroxisomas y el citoplasma también se consideran una parte de planta.

[0524] También se incluyen dentro del alcance de la presente divulgación la progenie de tales plantas, partes de plantas y células vegetales.

20 [0525] La planta o la célula vegetal transgénica que expresa el polipéptido o dominio se puede construir conforme a métodos conocidos en la técnica.

[0526] La presente divulgación también se refiere a métodos de producción de un polipéptido o dominio de la presente divulgación que comprenden (a) el cultivo de una planta o una célula vegetal transgénica que comprende un polinucleótido que codifica el polipéptido o dominio bajo condiciones propicias para la producción del polipéptido o dominio; y (b) la recuperación del polipéptido o dominio.

## 25 **Formulaciones de caldo de fermentación o composiciones celulares**

30 [0527] La presente divulgación también se refiere a una formulación de caldo de fermentación o una composición celular que comprende un polipéptido de la presente divulgación. El producto de caldo de fermentación comprende además ingredientes adicionales usados en el proceso de fermentación, tales como, por ejemplo, células (incluidas las células huésped que contienen el gen que codifica el polipéptido de la presente divulgación que se utilizan para producir el polipéptido de interés), restos celulares, biomasa, medios de fermentación y/o productos de fermentación. En algunas formas de realización, la composición es un caldo completo con inactivación celular que contiene ácido(s) orgánico(s), células inactivadas y/o restos celulares, y medio de cultivo.

35 [0528] El término "caldo de fermentación" como se utiliza en la presente se refiere a una preparación producida por fermentación celular que no experimenta ninguna o experimenta una mínima recuperación y/o purificación. Por ejemplo, se producen caldos de fermentación cuando se cultivan cultivos microbianos hasta la saturación, se incuban bajo condiciones limitantes de carbono para permitir la síntesis de proteínas (por ejemplo, la expresión de enzimas por células huésped) y la secreción en el medio de cultivo celular. El caldo de fermentación puede contener contenido no fraccionado o fraccionado de los materiales de fermentación derivados al final de la fermentación. Típicamente, el caldo de fermentación no es fraccionado y comprende el medio de cultivo consumido y los restos celulares presentes después de eliminar las células microbianas (por ejemplo, células fúngicas filamentosas), por ejemplo, por centrifugación. En algunas formas de realización, el caldo de fermentación contiene medio de cultivo celular consumido, enzimas extracelulares y células microbianas viables y/o no viables.

45 [0529] En una forma de realización, la formulación de caldo de fermentación y las composiciones celulares comprenden un primer componente de ácido orgánico que comprende al menos un ácido orgánico de 1-5 carbonos y/o una sal derivada y un segundo componente de ácido orgánico que comprende al menos un ácido orgánico de 6 o más carbonos y/o una sal derivada. En una forma de realización específica, el primer componente de ácido orgánico es ácido acético, ácido fórmico, ácido propiónico, una sal derivada o una mezcla de dos o más de los anteriormente mencionados, y el segundo componente de ácido orgánico es ácido benzoico, ácido ciclohexanocarboxílico, ácido 4-metilvalérico, ácido fenilacético, una sal derivada o una mezcla de dos o más de los anteriormente mencionados.

50

[0530] En un aspecto, la composición contiene un ácido orgánico o ácidos orgánicos y, opcionalmente, contiene además células inactivadas y/o restos celulares. En una forma de realización, las células inactivadas y/o restos celulares se eliminan de un caldo completo con inactivación celular para proporcionar una composición que está libre de estos componentes.

5 [0531] Las formulaciones de caldo de fermentación o composiciones celulares pueden comprender además un agente conservante y/o antimicrobiano (por ejemplo, bacteriostático), incluidos, pero de forma no limitativa, el sorbitol, el cloruro de sodio, el sorbato de potasio y otros conocidos en la técnica.

10 [0532] La composición o caldo completo con inactivación celular puede contener el contenido no fraccionado de los materiales de fermentación derivados al final de la fermentación. Típicamente, la composición o caldo completo con inactivación celular contiene el medio de cultivo consumido y los restos celulares presentes después de cultivar las células microbianas (por ejemplo, células fúngicas filamentosas) hasta la saturación, incubadas bajo condiciones limitantes de carbono para permitir la síntesis de proteínas. En algunas formas de realización, la composición o caldo completo con inactivación celular contiene el medio de cultivo celular consumido, enzimas extracelulares y células fúngicas filamentosas inactivadas. En algunas formas de realización, las células microbianas presentes en la composición o caldo completo con inactivación celular se puede permeabilizar y/o lisar usando métodos conocidos en la técnica.

15 [0533] Un caldo completo o composición celular como se describe en la presente es típicamente un líquido, pero puede contener componentes insolubles, tal como células inactivadas, restos celulares, componentes de medios de cultivo y/o enzima(s) insoluble(s). En algunas formas de realización, se pueden eliminar componentes insolubles para proporcionar una composición líquida clarificada.

20 [0534] Las formulaciones de caldo completo y composiciones celulares de la presente divulgación se pueden producir por un método descrito en WO 90/15861 o WO 2010/096673.

### Composiciones enzimáticas

25 [0535] La presente divulgación también se refiere a composiciones que comprenden un polipéptido de la presente divulgación. Preferiblemente, las composiciones están enriquecidas con el polipéptido de la divulgación. El término "enriquecido/as" indica que la actividad de xilanasas de la composición se ha aumentado, por ejemplo, con un factor de enriquecimiento de al menos 1,1, tal como al menos 1,2, al menos 1,3, al menos 1,4, al menos 1,5, al menos 2,0, al menos 3,0, al menos 4,0, al menos 5,0, al menos 10.

30 [0536] En una forma de realización, la composición comprende el polipéptido de la divulgación y uno o más agentes de formulación, como se describe a continuación.

35 [0537] En un aspecto, la divulgación se refiere a una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 de la divulgación, donde el polipéptido GH5 de la divulgación libera al menos un 3% de xilosa solubilizada a partir de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* cuando el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas. En una forma de realización, el polipéptido GH5 es el polipéptido de uno o más, tal como todos, de los aspectos veintidós, veintitrés, veinticuatro, veinticinco, veintisiete, veintiocho, veintinueve, treinta, treinta y uno, treinta y dos, treinta y tres, treinta y cuatro, treinta y cinco, treinta y seis, treinta y siete, treinta y ocho y/o treinta y nueve de la divulgación. En una forma de realización, el porcentaje de xilosa solubilizada es de al menos un 3,5%, tal como al menos un 4%, al menos un 4,5%, al menos un 5%, al menos un 5,5%.

40 [0538] En una forma de realización preferida, la composición comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5, donde el polipéptido GH5 libera al menos un 6% de xilosa solubilizada a partir de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* cuando el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas. En una forma de realización, el polipéptido GH5 es el polipéptido de uno o más, tal como todos, de los aspectos veintidós, veinticuatro, veinticinco, veintisiete, veintiocho, treinta, treinta y uno, treinta y dos, treinta y tres, treinta y cuatro, treinta y cinco, treinta y seis, treinta y ocho y/o treinta y nueve de la divulgación. En una forma de realización, el porcentaje de xilosa solubilizada es de al menos un 6,5%, tal como al menos un 7% o al menos un 7,5%.

45 [0539] En una forma de realización más preferida, la composición comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5, donde el polipéptido GH5 libera al menos un 8% de xilosa solubilizada a partir de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* cuando el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de DFDSM y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas. En una forma de realización, el

polipéptido GH5 es el polipéptido de uno o más, tal como todos, de los aspectos veinticinco, veintisiete, veintiocho, treinta, treinta y tres, treinta y cuatro, treinta y cinco, treinta y seis y/o treinta y nueve de la divulgación.

5 [0540] Las composiciones pueden comprender además actividades enzimáticas múltiples, tal como una o más (por ejemplo, varias) enzimas seleccionadas del grupo que consiste en fitasa, xilanasas, galactanasas, alfa-galactosidasas, proteasa, fosfolipasa A1, fosfolipasa A2, lisofosfolipasa, fosfolipasa C, fosfolipasa D, amilasa, lisozima, arabinofuranosidasas, beta-xilosidasas, acetil xilano esterasa, feruloil esterasa, celulasa, celobiohidrolasas, beta-glucosidasas, pululanasa y beta-glucanasa o cualquier combinación de las mismas.

10 [0541] Las composiciones pueden comprender además uno o más microbios. En una forma de realización, el microbio se selecciona del grupo que consiste en *Bacillus subtilis*, *Bacillus licheniformis*, *Bacillus amyloliquefaciens*, *Bacillus cereus*, *Bacillus pumilus*, *Bacillus polymyxa*, *Bacillus megaterium*, *Bacillus coagulans*, *Bacillus circulans*, *Bifidobacterium bifidum*, *Bifidobacterium animalis*, *Bifidobacterium* sp., *Carnobacterium* sp., *Clostridium butyricum*, *Clostridium* sp., *Enterococcus faecium*, *Enterococcus* sp., *Lactobacillus* sp., *Lactobacillus acidophilus*, *Lactobacillus farciminus*, *Lactobacillus rhamnosus*, *Lactobacillus reuteri*, *Lactobacillus salivarius*, *Lactococcus lactis*, *Lactococcus* sp., *Leuconostoc* sp., *Megasphaera elsdenii*, *Megasphaera* sp., *Pediococcus acidilactici*, *Pediococcus* sp., *Propionibacterium thoenii*, *Propionibacterium* sp. y *Streptococcus* sp. o cualquier combinación de los mismos.

#### Agente de formulación

20 [0542] La enzima de la divulgación se puede formular como un líquido o un sólido. Para una formulación líquida, el agente de formulación puede comprender un poliol (tal como, por ejemplo, glicerol, etilenglicol o propilenglicol), una sal (tal como, por ejemplo, cloruro de sodio, benzoato de sodio, sorbato de potasio) o un azúcar o derivado de azúcar (tal como, por ejemplo, dextrina, glucosa, sacarosa y sorbitol). Así, en una forma de realización, la composición es una composición líquida que comprende el polipéptido de la divulgación y uno o más agentes de formulación seleccionados de la lista consistente en glicerol, etilenglicol, 1,2-propilenglicol, 1,3-propilenglicol, cloruro de sodio, benzoato de sodio, sorbato de potasio, dextrina, glucosa, sacarosa y sorbitol. La formulación líquida se puede pulverizar sobre el pienso después de que se haya granulado o se puede añadir al agua potable dada a los animales.

30 [0543] Para una formulación sólida, la formulación puede ser, por ejemplo, como un gránulo, polvo secado por atomización o aglomerado. El agente de formulación puede comprender una sal (sales orgánicas o inorgánicas de zinc, sodio, potasio o calcio tales como, por ejemplo, acetato de calcio, benzoato de calcio, carbonato de calcio, cloruro de calcio, citrato de calcio, sorbato de calcio, sulfato de calcio, acetato de potasio, benzoato de potasio, carbonato de potasio, cloruro de potasio, citrato de potasio, sorbato de potasio, sulfato de potasio, acetato sódico, benzoato de sodio, carbonato de sodio, cloruro de sodio, citrato de sodio, sulfato de sodio, acetato de zinc, benzoato de zinc, carbonato de zinc, cloruro de zinc, citrato de zinc, sorbato de zinc, sulfato de zinc), almidón o un azúcar o derivado de azúcar (tal como, por ejemplo, sacarosa, dextrina, glucosa, lactosa, sorbitol).

35 [0544] En una forma de realización, la composición sólida está en forma granulada. El gránulo puede tener una estructura matricial donde los componentes están mezclados homogéneamente. Sin embargo, el gránulo comprende típicamente una partícula central y uno o más recubrimientos, que son típicamente recubrimientos de sal y/o cera. La partícula central puede ser o bien una mezcla homogénea de xilanasas de la divulgación combinada opcionalmente con una o más enzimas adicionales y opcionalmente junto con una o más sales o bien una partícula inerte con la xilanasas de la divulgación combinada opcionalmente con una o más enzimas adicionales aplicadas sobre la misma.

45 [0545] En una forma de realización, el material de las partículas centrales se selecciona del grupo que consiste en sales inorgánicas (tales como acetato de calcio, benzoato de calcio, carbonato de calcio, cloruro de calcio, citrato de calcio, sorbato de calcio, sulfato de calcio, acetato de potasio, benzoato de potasio, carbonato de potasio, cloruro de potasio, citrato de potasio, sorbato de potasio, sulfato de potasio, acetato sódico, benzoato de sodio, carbonato de sodio, cloruro de sodio, citrato de sodio, sulfato de sodio, acetato de zinc, benzoato de zinc, carbonato de zinc, cloruro de zinc, citrato de zinc, sorbato de zinc, sulfato de zinc), almidón o un azúcar o derivado de azúcar (tal como, por ejemplo, sacarosa, dextrina, glucosa, lactosa, sorbitol), azúcar o derivado de azúcar (tal como, por ejemplo, sacarosa, dextrina, glucosa, lactosa, sorbitol), moléculas orgánicas pequeñas, almidón, harina, celulosa y minerales.

50 [0546] El recubrimiento de sal es típicamente de al menos 1 µm de grueso y puede ser o una sal particular o una mezcla de sales, tales como Na<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>, K<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>, MgSO<sub>4</sub> y/o citrato de sodio. Otros ejemplos son aquellos descritos, por ejemplo, en WO 2008/017659, WO 2006/034710, WO 1997/05245, WO 1998/54980, WO 1998/55599, WO 2000/70034 o recubrimiento de polímero tal como se describe en WO 2001/00042.

- [0547] En otra forma de realización, la composición es una composición sólida que comprende la xilanasas de la divulgación y uno o más agentes de formulación seleccionados de la lista consistente en cloruro de sodio, benzoato de sodio, sorbato de potasio, sulfato de sodio, sulfato de potasio, sulfato de magnesio, tiosulfato de sodio, carbonato de calcio, citrato de sodio, dextrina, glucosa, sacarosa, sorbitol, lactosa, almidón y celulosa. En una forma de realización preferida, el agente de formulación se selecciona de uno o varios de los siguientes compuestos: sulfato de sodio, dextrina, celulosa, tiosulfato de sodio y carbonato de calcio. En una forma de realización preferida, la composición sólida está en forma granulada. En una forma de realización, la composición sólida está en forma granulada y comprende una partícula central, una capa enzimática que comprende la xilanasas de la divulgación y un recubrimiento de sal.
- [0548] En otra forma de realización, el agente de formulación se selecciona de uno o más de los siguientes compuestos: glicerol, etilenglicol, 1,2-propilenglicol o 1,3-propilenglicol, cloruro de sodio, benzoato de sodio, sorbato de potasio, sulfato de sodio, sulfato de potasio, sulfato de magnesio, tiosulfato de sodio, carbonato de calcio, citrato de sodio, dextrina, glucosa, sacarosa, sorbitol, lactosa, almidón y celulosa. En una forma de realización preferida, el agente de formulación se selecciona de uno o más de los siguientes compuestos: 1,2-propilenglicol, 1,3-propilenglicol, sulfato de sodio, dextrina, celulosa, tiosulfato de sodio y carbonato de calcio.

#### Material vegetal de la subfamilia *Panicoideae*

- [0549] En una forma de realización, el material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* es de la tribu *Andropogoneae* como la categoría *Andropogon* o *Andropterum* o *Apluda* o *Apocopsis* o *Arthraxon* o *Bothriochloa* o *Capillipedium* o *Chionachne* o *Chrysopogon* o *Coelorachis* o *Coix* o *Cymbopogon* o *Dichanthium* o *Diheteropogon* o *Dimeria* o *Elionurus* o *Eremochloa* o *Euclasta* o *Eulalia* o *Germainia* o *Hemarthria* o *Heteropholis* o *Heteropogon* o *Hyparrhenia* o *Hyperthelia* o *Imperata* o *Ischaemum* o *Iseilema* o *Kerriochloa* o *Microstegium* o *Miscanthidium* o *Miscanthus* o *Mnesithea* o *Ophiuros* o *Oxyrhachis* o *Phacelurus* o *Pholiurus* o *Pogonatherum* o *Polytoca* o *Polytrias* o *Pseudopogonatherum* o *Pseudosorghum* o *Rhytachne* o *Rottboellia* o *Saccharum* o *Sarga* o *Schizachyrium* o *Sehima* o *Sorghastrum* o *Sorghum* o *Spodiopogon* o *Thaumastochloa* o *Thelepogon* o *Themeda* o *Trachypogon* o *Triarrhena* o *Tripsacum* o *Urelytrum* o *Vetiveria* o *Vossia* o *Xerochloa* o *Zea*.

[0550] En una forma de realización preferida, el material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* es de la categoría *Zea*, tal como las especies *Zea diploperennis*, *Zea luxurians*, *Zea mays*, *Zea nicaraquensis* o *Zea perennis*.

- [0551] En una forma de realización preferida, el material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* es de la categoría *Sorghum*, tal como las especies *Sorghum amplum*, *Sorghum angustum*, *Sorghum arundinaceum*, *Sorghum australiense*, *Sorghum bicolor*, *Sorghum brachypodium*, *Sorghum bulbosum*, *Sorghum ecarinatum*, *Sorghum exstans*, *Sorghum grande*, *Sorghum halepense*, variedad de cultivo híbrida de *Sorghum*, *Sorghum interjectum*, *Sorghum intrans*, *Sorghum laxiflorum*, *Sorghum leiocladum*, *Sorghum macrospermum*, *Sorghum matarankense*, *Sorghum nitidum*, *Sorghum plumosum*, *Sorghum propinquum*, *Sorghum purpureosericeum*, *Sorghum stipoides*, *Sorghum sudanense*, *Sorghum timorense*, *Sorghum versicolor*, *Sorghum* sp. 'Silk' o *Sorghum* sp. tal y como se define en WO2007/002267.

- [0552] En otra forma de realización, el material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* es de la tribu *Paniceae* como la categoría *Acritochaete*, *Acroceras*, *Alexfloydia*, *Alloteropsis*, *Amphicarpum*, *Ancistrachne*, *Anthephora*, *Brachiaria*, *Calyptochloa*, *Cenchrus*, *Chaetium*, *Chaetopoa*, *Chamaeraphis*, *Chlorocalymma*, *Cleistochloa*, *Cyphochlaena*, *Cyrtococcum*, *Dichantherium*, *Digitaria*, *Dissochondrus*, *Echinochloa*, *Entolasia*, *Eriochloa*, *Homopholis*, *Hygrochloa*, *Hylebates*, *Ixophorus*, *Lasiacis*, *Leucophrys*, *Louisiella*, *Megaloprotachne*, *Megathyrsus*, *Melinis*, *Microcalamus*, *Moorochloa*, *Neurachne*, *Odontelytrum*, *Oplismenus*, *Ottochloa*, *Panicum*, *Paractaenium*, *Paraneurachne*, *Paratheria*, *Parodiophyllochloa*, *Paspalidium*, *Pennisetum*, *Plagiosetum*, *Poecilostachys*, *Pseudechinolaena*, *Pseudochaetochloa*, *Pseudoraphis*, *Rupichloa*, *Sacciolepis*, *Scutachne*, *Setaria*, *Setariopsis*, *Snowdenia*, *Spinifex*, *Stenotaphrum*, *Stereochlaena*, *Thrasya*, *Thuarea*, *Thyridolepis*, *Tricholaena*, *Paniceae* sin clasificar, *Uranthoecium*, *Urochloa*, *Walwhalleya*, *Whiteochloa*, *Yakirra*, *Yvesia*, *Zuloagaea* o *Zygochloa*.

- [0553] En una forma de realización preferida, el material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* es de la categoría *Panicum*, tal como las especies *Panicum adenophorum*, *Panicum aff. aquaticum* JKT-2012, *Panicum amarum*, *Panicum antidotale*, *Panicum aquaticum*, *Panicum arctum*, *Panicum arundinariae*, *Panicum atosanguineum*, *Panicum auricomum*, *Panicum auritum*, *Panicum bartlettii*, *Panicum bergii*, *Panicum bisulcatum*, *Panicum boliviense*, *Panicum brazzavillense*, *Panicum brevifolium*, *Panicum caaguazuense*, *Panicum campestre*, *Panicum capillare*, *Panicum cayennense*, *Panicum cayoense*, *Panicum cervicatum*, *Panicum chloroleucum*, *Panicum claytonii*, *Panicum coloratum*, *Panicum cyanescens*, *Panicum decompositum*, *Panicum deustum*, *Panicum dichotomiflorum*, *Panicum dinklagei*, *Panicum distichophyllum*, *Panicum dregeanum*, *Panicum elephantipes*, *Panicum fauriei*, *Panicum flexile*, *Panicum fluviicola*, *Panicum gouinii*, *Panicum gracilicaule*, *Panicum granuliferum*, *Panicum guatemalense*, *Panicum hallii*, *Panicum heterostachyum*, *Panicum hirticaule*, *Panicum hirtum*, *Panicum hylaeicum*, *Panicum incumbens*, *Panicum infestum*, *Panicum italicum*, *Panicum laetum*, *Panicum laevinode*,

*Panicum lanipes, Panicum larcomanum, Panicum longipedicellatum, Panicum machrisianum, Panicum malacotrichum, Panicum margaritiferrum, Panicum micranthum, Panicum miliaceum, Panicum milioides, Panicum millegrana, Panicum mystasipum, Panicum natalense, Panicum nephelophilum, Panicum nervosum, Panicum notatum, Panicum olyroides, Panicum paludosum, Panicum pansum, Panicum pantrichum, Panicum parvifolium, Panicum parviglume, Panicum pedersenii, Panicum penicillatum, Panicum petersonii, Panicum phragmitoides, Panicum piauiense, Panicum pilosum, Panicum pleianthum, Panicum polycomum, Panicum polygonatum, Panicum pseudisachne, Panicum pygmaeum, Panicum pyrularium, Panicum queenslandicum, Panicum racemosum, Panicum repens, Panicum rhizogonum, Panicum rigidulum, Panicum rivale, Panicum rude, Panicum rudgei, Panicum schinzii, Panicum schwackeanum, Panicum sellowii, Panicum seminudum, Panicum stapfianum, Panicum stenodes, Panicum stramineum, Panicum subalbidum, Panicum subtiramulosum, Panicum sumatrense, Panicum tenellum, Panicum tenuifolium, Panicum trichanthum, Panicum trichidiachne, Panicum trichoides, Panicum tricholaenoides, Panicum tuerckheimii, Panicum turgidum, Panicum urvilleanum, Panicum validum, Panicum venezuelae, Panicum verrucosum, Panicum virgatum, Panicum wettsteinii, Panicum sp., Panicum sp. Christin 16-200, Panicum sp. ELS-2011, Panicum sp. EM389 o Panicum sp. Forest 761.*

15 [0554] En otra forma de realización, el material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* es maíz (*Zea*), granos de maíz (*Zea*), sorgo (*Sorghum*), pasto varilla (*Panicum virgatum*), mijo (*Panicum miliaceum*), mijo perla (*Cenchrus violaceus* también llamado *Pennisetum glaucum*), panizo (*Setaria italica* también llamado *Panicum italicum*) o en una forma procesada tal como granos de maíz molidos, maíz molido, maíz desgrasado, maíz desalmidonado desgrasado, sorgo molido, pasto varilla molido, mijo molido, panizo molido, mijo perla molido o cualquier combinación de los mismos.

25 [0555] En una forma de realización, el material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* procede de la semilla de la planta. En una forma de realización preferida, el material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* procede de la semilla de maíz (*Zea*), granos de maíz (*Zea*), sorgo (*Sorghum*), pasto varilla (*Panicum virgatum*), mijo (*Panicum miliaceum*), mijo perla (*Cenchrus violaceus* también llamado *Pennisetum glaucum*), panizo (*Setaria italica* también llamado *Panicum italicum*) o donde la semilla se ha procesado, tal como granos de maíz molidos, maíz molido, maíz desgrasado, maíz desalmidonado desgrasado, sorgo molido, pasto varilla molido, mijo molido, panizo molido, mijo perla molido o cualquier combinación de los mismos.

#### Pienso para animales y aditivos de pienso para animales

30 [0556] La presente divulgación también se refiere a composiciones de pienso para animales y aditivos de pienso para animales que comprenden una o más xilanasas de la divulgación. En una forma de realización, el pienso o aditivo de pienso para animales comprende un agente de formulación y una o más xilanasas de la divulgación. En otra forma de realización, el agente de formulación comprende uno o más de los siguientes compuestos: glicerol, etilenglicol, 1,2-propilenglicol o 1,3-propilenglicol, cloruro de sodio, benzoato de sodio, sorbato de potasio, sulfato de sodio, sulfato de potasio, sulfato de magnesio, tiosulfato de sodio, carbonato de calcio, citrato de sodio, dextrina, glucosa, sacarosa, sorbitol, lactosa, almidón y celulosa.

[0557] Las dietas o composiciones de pienso para animales tienen un contenido relativamente alto de proteína. Las dietas de aves y cerdos se pueden caracterizar como se indica en la tabla B de la WO 01/58275, columnas 2-3. Las dietas de peces se pueden caracterizar como se indica en la columna 4 de esta tabla B. Además, tales dietas de peces tienen normalmente un contenido de grasa bruta de 200-310 g/kg.

40 [0558] Una composición de pienso para animales conforme a la v tiene un contenido de proteína bruta de 50-800 g/kg, y comprende además al menos una xilanasas como se reivindica en la presente.

45 [0559] Además, o en la alternativa (al contenido de proteína bruta indicado antes), la composición de pienso para animales de la divulgación tiene un contenido de energía metabolizable de 10-30 MJ/kg; y/o un contenido de calcio de 0,1-200 g/kg; y/o un contenido de fósforo disponible de 0,1-200 g/kg; y/o un contenido de metionina de 0,1-100 g/kg; y/o un contenido de metionina más cisteína de 0,1-150 g/kg; y/o un contenido de lisina de 0,5-50 g/kg.

[0560] En formas de realización particulares, el contenido de energía metabolizable, proteína bruta, calcio, fósforo, metionina, metionina más cisteína, y/o lisina está incluido en cualquiera de los rangos 2, 3, 4 o 5 en la tabla B de la WO 01/58275 (R. 2-5).

50 [0561] La proteína bruta se calcula como nitrógeno (N) multiplicado por un factor de 6,25, es decir, proteína bruta (g/kg) = N (g/kg) x 6,25. El contenido de nitrógeno se determina por el método de Kjeldahl (A.O.A.C., 1984, Official Methods of Analysis, 14<sup>a</sup> ed., Association of Official Analytical Chemists, Washington DC).

- 5 [0562] La energía metabolizable se puede calcular basándose en la publicación del NRC Nutrient requirements in swine, novena edición corregida 1988, subcommittee on swine nutrition, committee on animal nutrition, board of agriculture, national research council. National Academy Press, Washington, D.C., págs. 2-6, y la European Table of Energy Values for Poultry Feed-stuffs, Spelderholt centre for poultry research and extension, 7361 DA Beekbergen, Países Bajos. Grafisch bedrijf Ponsen & Iooijen bv, Wageningen. ISBN 90-71463-12-5.
- [0563] El contenido dietético de calcio, fósforo disponible y aminoácidos en dietas completas para animales se calcula basándose en tablas de pienso tal como Veevoedertabel 1997, gegevens over chemische samenstelling, verteerbaarheid en voederwaarde van voedermiddelen, Central Veevoederbureau, Runderweg 6, 8219 pk Lelystad. ISBN 90-72839-13-7.
- 10 [0564] En una forma de realización particular, la composición de pienso para animales de la divulgación contiene al menos una proteína vegetal tal como se ha definido anteriormente.
- 15 [0565] La composición de pienso para animales de la divulgación también puede contener proteína animal, tal como harina de carne y huesos, harina de plumas y/o harina de pescado, típicamente en una cantidad de 0-25%. La composición de pienso para animales de la divulgación también puede comprender residuos de destilería secos con solubles (DDGS), típicamente en cantidades de 0-30%.
- [0566] En todavía formas de realización particulares adicionales, la composición de pienso para animales de la divulgación contiene 0-80% de maíz; y/o 0-80% de sorgo; y/o 0-70% de trigo; y/o 0-70% de cebada; y/o 0-30% de avena; y/o 0-40% de harina de soja; y/o 0-25% de harina de pescado; y/o 0-25% de harina de carne y huesos; y/o 0-20% de suero de leche.
- 20 [0567] El pienso para animales puede comprender proteínas vegetales. En formas de realización particulares, el contenido de proteína de las proteínas vegetales es al menos 10, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80 o 90% (p/p). Las proteínas vegetales se pueden derivar de fuentes de proteína vegetal, tales como leguminosas y cereales, por ejemplo, materiales de plantas de las familias *Fabaceae* (*Leguminosae*), *Cruciferaeae*, *Chenopodiaceae* y *Poaceae*, tal como la harina de soja, la harina de altramuces, la harina de colza y combinaciones de las mismas.
- 25 [0568] En una forma de realización particular, la fuente de proteína vegetal es material de una o más plantas de la familia *Fabaceae*, por ejemplo, soja, altramuces, guisante o judía. En otra forma de realización particular, la fuente de proteína vegetal es material de una o más plantas de la familia *Chenopodiaceae*, por ejemplo, remolacha, remolacha azucarera, espinaca o quinua. Otros ejemplos de fuentes de proteína vegetal son la colza y el repollo.
- 30 En otra forma de realización particular, la soja es una fuente de proteína vegetal preferida. Otros ejemplos de fuentes de proteína vegetal son los cereales tales como la cebada, el trigo, el centeno, la avena, el maíz (granos de maíz), el arroz y el sorgo.
- 35 [0569] Las dietas de animales pueden, por ejemplo, fabricarse como pienso triturado (no granulado) o pienso granulado. Típicamente, los piensos molidos se mezclan y se añaden cantidades suficientes de vitaminas esenciales y minerales según las especificaciones para la especie en cuestión. Se pueden añadir enzimas como formulaciones enzimáticas sólidas o líquidas. Por ejemplo, para el pienso triturado se puede añadir una formulación enzimática sólida o líquida antes o durante la etapa de mezclado de los ingredientes. Para el pienso granulado, la preparación (líquida o sólida) de xilanasas/enzimas también se puede añadir antes o durante la etapa de los ingredientes de pienso. Típicamente una preparación líquida de xilanasas/enzimas comprende la xilanasas de la divulgación opcionalmente con un poliol, tal como glicerol, etilenglicol o propilenglicol, y se añade después de la
- 40 etapa de granulación, tal como pulverizando la formulación líquida sobre los gránulos. La enzima también se puede incorporar en un aditivo de pienso o premezcla.
- [0570] Alternativamente, la xilanasas se puede preparar congelando una mezcla de solución enzimática líquida con un agente de carga, tal como la harina de soja molida, y liofilizando luego la mezcla.
- 45 [0571] En una forma de realización, el pienso para animales comprende una o más enzimas adicionales. En una forma de realización, el pienso para animales comprende uno o más microbios. En una forma de realización, el pienso para animales comprende una o más vitaminas. En una forma de realización, el pienso para animales comprende uno o más minerales. En una forma de realización, el pienso para animales comprende uno o más aminoácidos. En una forma de realización, el pienso para animales comprende uno o más de otros ingredientes de pienso.
- 50 [0572] En otra forma de realización, el pienso para animales comprende el polipéptido de la divulgación, uno o más agentes de formulación y una o más enzimas adicionales. En una forma de realización, el pienso para animales comprende el polipéptido de la divulgación, uno o más agentes de formulación y uno o más microbios. En una forma



de realización, el pienso para animales comprende el polipéptido de la divulgación, uno o más agentes de formulación y una o más vitaminas. En una forma de realización, el pienso para animales comprende uno o más minerales. En una forma de realización, el pienso para animales comprende el polipéptido de la divulgación, uno o más agentes de formulación y uno o más aminoácidos. En una forma de realización, el pienso para animales comprende el polipéptido de la divulgación, uno o más agentes de formulación y uno o más de otros ingredientes de pienso.

[0573] En otra forma de realización, el pienso para animales comprende el polipéptido de la divulgación, uno o más agentes de formulación y uno o más componentes seleccionados de la lista consistente en: una o más enzimas adicionales; uno o más microbios; una o más vitaminas; uno o más minerales; uno o más aminoácidos; y uno o más de otros ingredientes de pienso.

[0574] La concentración final de enzima en la dieta está en el rango de 0,01-200 mg de proteína enzimática por kg de dieta, preferiblemente entre 0,05-100 mg/kg de dieta, más preferiblemente 0,1-50 mg, aún más preferiblemente 0,2-20 mg de proteína enzimática por kg de dieta animal.

[0575] Actualmente se contempla que la enzima se administre en una o más de las siguientes cantidades (rangos de dosificación): 0,01-200; 0,05-100; 0,1-50; 0,2-20; 0,1-1; 0,2-2; 0,5-5; o 1-10; - donde todos estos rangos están en mg de proteína de xilanasa por kg de pienso (ppm).

[0576] Para determinar los mg de proteína de xilanasa por kg de pienso, la xilanasa se purifica a partir de la composición de pienso, y la actividad específica de la xilanasa purificada se determina usando un ensayo pertinente (véase bajo actividad de xilanasa). La actividad de xilanasa de la composición de pienso como tal se determina también usando el mismo ensayo, y basándose en estas dos determinaciones, se calcula la dosificación en mg de proteína de xilanasa por kg de pienso.

[0577] En una forma de realización particular, el aditivo de pienso para animales de la divulgación está destinado a incluirse (o prescribirse como que tiene que incluirse) en pienso o dietas de animales en niveles del 0,01 al 10,0%; más particularmente del 0,05 al 5,0%; o del 0,2 al 1,0% (% se refiere a g de aditivo por 100 g de pienso). Esto es así en particular para las premezclas.

[0578] Los mismos principios se aplican para determinar los mg de proteína de xilanasa en los aditivos alimenticios. Por supuesto, si una muestra está disponible de la xilanasa usada para preparar el aditivo de pienso o el pienso, la actividad específica se determina a partir de esta muestra (sin necesidad de purificar la xilanasa a partir de la composición de pienso o el aditivo).

### 30 Enzimas adicionales

[0579] En otra forma de realización, las composiciones descritas en la presente incluyen opcionalmente una o más enzimas. Las enzimas se pueden clasificar basándose en la nomenclatura enzimática del manual del NC-IUBBM, 1992, véase también el sitio ENZYME en internet: <http://www.expasy.ch/enzyme/>. ENZYME es un repositorio de información relativa a la nomenclatura de las enzimas. Se basa principalmente en las recomendaciones del Nomenclature Committee of the International Union of Biochemistry and Molecular Biology (IUB-MB), Academic Press, Inc., 1992, y describe cada tipo de enzima caracterizada para la que se ha provisto un número EC (Enzyme Commission) (Bairoch A. The ENZYME database, 2000, Nucleic Acids Res 28:304-305). Esta nomenclatura enzimática del IUB-MB se basa en su especificidad de sustrato y ocasionalmente en su mecanismo molecular; tal clasificación no refleja las características estructurales de estas enzimas.

[0580] Otra clasificación de determinadas enzimas glucósido hidrolasas, tales como la endoglucanasa, la xilanasa, la galactanasa, la mananasa, la dextranasa, la lisozima y la galactosidasa, se describen en Henrissat et al, "The carbohydrate-active enzymes database (CAZy) in 2013", Nucl. Acids Res. (1 de enero de 2014) 42 (D1): D490-D495; véase también [www.cazy.org](http://www.cazy.org).

[0581] Así, la composición de la divulgación también puede comprender al menos otra enzima seleccionada del grupo que comprende fitasa (EC 3.1.3.8 o 3.1.3.26); xilanasa (EC 3.2.1.8); galactanasa (EC 3.2.1.89); alfa-galactosidasa (EC 3.2.1.22); proteasa (EC 3.4); fosfolipasa A1 (EC 3.1.1.32); fosfolipasa A2 (EC 3.1.1.4); lisofosfolipasa (EC 3.1.1.5); fosfolipasa C (3.1.4.3); fosfolipasa D (EC 3.1.4.4); amilasa, tal como, por ejemplo, alfa-amilasa (EC 3.2.1.1); arabinofuranosidasa (EC 3.2.1.55); beta-xilosidasa (EC 3.2.1.37); acetil xilano esterasa (EC 3.1.1.72); feruloil esterasa (EC 3.1.1.73); celulasa (EC 3.2.1.4); celobiohidrolasas (EC 3.2.1.91); beta-glucosidasa (EC 3.2.1.21); pululanasa (EC 3.2.1.41), alfa-manosidasa (EC 3.2.1.24), mananasa (EC 3.2.1.25) y beta-glucanasa (EC 3.2.1.4 o EC 3.2.1.6), o cualquier mezcla de las mismas.

5 [0582] En una forma de realización particular, la composición de la divulgación comprende una fitasa (EC 3.1.3.8 o 3.1.3.26). Los ejemplos de fitasas disponibles comercialmente incluyen Bio-Feed™ Phytase (Novozymes), Ronozyme® P, Ronozyme® NP y Ronozyme® HiPhos (DSM Nutritional Products), Natuphos™ (BASF), Finase® y Quantum® Blue (AB Enzymes), OptiPhos® (Huvepharma) Phyzyme® XP (Verenium/DuPont) y Aextra® PHY (DuPont). Otras fitasas preferidas incluyen aquellas descritas, por ejemplo, en WO 98/28408, WO 00/43503 y WO 03/066847.

10 [0583] En una forma de realización particular, la composición de la divulgación comprende una xilanasa (EC 3.2.1.8). Los ejemplos de xilanasas disponibles comercialmente incluyen Ronozyme® WX y Ronozyme® G2 (DSM Nutritional Products), Econase® XT y Barley (AB Vista), Xylathin® (Verenium), Hostazym® X (Huvepharma) y Aextra® XB (xilanasa/beta-glucanasa, DuPont).

[0584] En una forma de realización particular, la composición de la divulgación comprende una proteasa (EC 3.4). Los ejemplos de proteasas disponibles comercialmente incluyen Ronozyme® ProAct (DSM Nutritional Products).

#### Microbios

15 [0585] En una forma de realización, la composición de pienso para animales comprende además uno o más microbios adicionales. En una forma de realización particular, la composición de pienso para animales comprende además una bacteria de uno o más de los siguientes géneros: *Lactobacillus*, *Lactococcus*, *Streptococcus*, *Bacillus*, *Pediococcus*, *Enterococcus*, *Leuconostoc*, *Carnobacterium*, *Propionibacterium*, *Bifidobacterium*, *Clostridium* y *Megasphaera* o cualquier combinación de los mismos.

20 [0586] En una forma de realización preferida, la composición de pienso para animales comprende además una bacteria de una o más de las siguientes cepas: *Bacillus subtilis*, *Bacillus licheniformis*, *Bacillus amyloliquefaciens*, *Bacillus cereus*, *Bacillus pumilus*, *Bacillus polymyxa*, *Bacillus megaterium*, *Bacillus coagulans*, *Bacillus circulans*, *Enterococcus faecium*, *Enterococcus* spp y *Pediococcus* spp, *Lactobacillus* spp, *Bifidobacterium* spp, *Lactobacillus acidophilus*, *Pediococcus acidilactici*, *Lactococcus lactis*, *Bifidobacterium bifidum*, *Propionibacterium thoenii*, *Lactobacillus farciminus*, *Lactobacillus rhamnosus*, *Clostridium butyricum*, *Bifidobacterium animalis* ssp. *animalis*, *Lactobacillus reuteri*, *Lactobacillus salivarius* ssp. *salivarius*, *Megasphaera elsdenii*, *Propionibacteria* sp.

25 [0587] En una forma de realización más preferida, la composición de pienso para animales comprende además una bacteria de una o más de las siguientes cepas de *Bacillus subtilis*: 3A-P4 (PTA-6506); 15A-P4 (PTA-6507); 22C-P1 (PTA-6508); 2084 (NRRL B-500130); LSSA01 (NRRL-B-50104); BS27 (NRRL B-501 05); BS 18 (NRRL B-50633); y BS 278 (NRRL B-50634).

30 [0588] El recuento bacteriano de cada una de las cepas bacterianas en la composición de pienso para animales es de entre  $1 \times 10^4$  y  $1 \times 10^{14}$  UFC/kg de materia seca, preferiblemente entre  $1 \times 10^6$  y  $1 \times 10^{12}$  UFC/kg de materia seca, y más preferiblemente entre  $1 \times 10^7$  y  $1 \times 10^{11}$  UFC/kg de materia seca. En una forma de realización más preferida, el recuento bacteriano de cada una de las cepas bacterianas en la composición de pienso para animales es de entre  $1 \times 10^8$  y  $1 \times 10^{10}$  CFU/kg de materia seca.

35 [0589] El recuento bacteriano de cada una de las cepas bacterianas en la composición de pienso para animales es de entre  $1 \times 10^5$  y  $1 \times 10^{15}$  UFC/animal/día, preferiblemente entre  $1 \times 10^7$  y  $1 \times 10^{13}$  UFC/animal/día, y más preferiblemente entre  $1 \times 10^8$  y  $1 \times 10^{12}$  UFC/animal/día. En una forma de realización más preferida, el recuento bacteriano de cada una de las cepas bacterianas en la composición de pienso para animales es de entre  $1 \times 10^9$  y  $1 \times 10^{11}$  UFC/animal/día.

40 [0590] En otra forma de realización, la una o más cepas bacterianas están presentes en forma de una espora estable.

#### Premezcla

45 [0591] En una forma de realización, el pienso para animales puede incluir una premezcla, que comprende, por ejemplo, vitaminas, minerales, enzimas, aminoácidos, conservantes, antibióticos, otros ingredientes de pienso o cualquier combinación de los mismos que se mezclan con el pienso para animales.

#### Aminoácidos

[0592] La composición de la divulgación puede comprender además uno o más aminoácidos. Ejemplos de aminoácidos que se usan en pienso para animales son la lisina, la alanina, la beta-alanina, la treonina, la metionina y el triptófano.

Vitaminas y minerales

5 [0593] En otra forma de realización, el pienso para animales puede incluir una o más vitaminas, tal como una o más vitaminas liposolubles y/o una o más vitaminas hidrosolubles. En otra forma de realización, el pienso para animales puede incluir opcionalmente uno o más minerales, tal como uno o más oligoelementos y/o uno o más macrominerales.

10 [0594] Normalmente las vitaminas liposolubles e hidrosolubles, así como los oligoelementos, forman parte de una denominada premezcla destinada a la adición al pienso, mientras que los macrominerales se añaden normalmente por separado al pienso.

[0595] Los ejemplos no limitativos de vitaminas liposolubles incluyen la vitamina A, la vitamina D3, la vitamina E y la vitamina K, por ejemplo, la vitamina K3.

15 [0596] Los ejemplos no limitativos de vitaminas hidrosolubles incluyen la vitamina B12, la biotina y la colina, la vitamina B1, la vitamina B2, la vitamina B6, la niacina, el ácido fólico y el pantotenato, por ejemplo, el Ca-D-pantotenato.

[0597] Los ejemplos no limitativos de oligoelementos incluyen el boro, el cobalto, el cloruro, el cromo, el cobre, el fluoruro, el yodo, el hierro, el manganeso, el molibdeno, el selenio y el zinc.

[0598] Los ejemplos no limitativos de macrominerales incluyen el calcio, el magnesio, el potasio y el sodio.

20 [0599] Los requisitos nutricionales de estos componentes (ejemplificados con aves y lechones/cerdos) se enumeran en la tabla A de la WO 01/58275. Requisito nutricional significa que estos componentes deberían proporcionarse en la dieta en las concentraciones indicadas.

25 [0600] En la alternativa, el aditivo de pienso para animales de la divulgación comprende al menos uno de los componentes individuales especificados en la tabla A de la WO 01/58275. Al menos uno/a significa cualquiera de, uno/a o más de, uno/a, o dos, o tres, o cuatro y así sucesivamente hasta los trece, o hasta los quince componentes individuales. Más específicamente, este al menos un componente individual se incluye en el aditivo de la divulgación en una cantidad tal para proporcionar una concentración en pienso incluida en el rango indicado en la columna cuatro, o la columna cinco, o la columna seis de la tabla A.

30 [0601] En todavía otra forma de realización, el aditivo de pienso para animales de la divulgación comprende al menos una de las vitaminas siguientes, preferiblemente para proporcionar una concentración en pienso incluida en los rangos especificados en la siguiente tabla 1 (para dietas de lechones y dietas de pollos de engorde, respectivamente).

Tabla 1: recomendaciones típicas de vitaminas

Vitamina	Dieta de lechones	Dieta de pollos de engorde
Vitamina A	10.000-15.000 UI/kg de pienso	8-12.500 UI/kg de pienso
Vitamina D3	1800-2000 UI/kg de pienso	3000-5000 UI/kg de pienso
Vitamina E	60-100 mg/kg de pienso	150-240 mg/kg de pienso
Vitamina K3	2-4 mg/kg de pienso	2-4 mg/kg de pienso
Vitamina B1	2-4 mg/kg de pienso	2-3 mg/kg de pienso
Vitamina B2	6-10 mg/kg de pienso	7-9 mg/kg de pienso
Vitamina B6	4-8 mg/kg de pienso	3-6 mg/kg de pienso
Vitamina B12	0,03-0,05 mg/kg de pienso	0,015-0,04 mg/kg de pienso
Niacina (Vitamina B3)	30-50 mg/kg de pienso	50-80 mg/kg de pienso
Ácido pantoténico	20-40 mg/kg de pienso	10-18 mg/kg de pienso
Ácido fólico	1-2 mg/kg de pienso	1-2 mg/kg de pienso
Biotina	0,15-0,4 mg/kg de pienso	0,15-0,3 mg/kg de pienso
Cloruro de colina	200-400 mg/kg de pienso	300-600 mg/kg de pienso

Otros ingredientes de pienso

5 [0602] La composición de la divulgación puede comprender además agentes colorantes, estabilizantes, aditivos de mejora del crecimiento y compuestos aromatizantes/saborizantes, ácidos grasos poliinsaturados (PUFA); especies generadoras de oxígeno reactivo, péptidos antimicrobianos y polipéptidos antifúngicos.

[0603] Ejemplos de agentes colorantes son los carotenoides tales como el beta-caroteno, la astaxantina y la luteína.

10 [0604] Ejemplos de compuestos aromatizantes/saborizantes son el creosol, el anetol, las deca-, undeca- y/o dodecalactonas, las iononas, la irona, el gingerol, la piperidina, la ftálica de propilideno, la ftálica de butilideno, la capsaicina y el tanino.

[0605] Ejemplos de péptidos antimicrobianos (PAM) son CAP18, la leucocina A, la tritripticina, la protegina-1, la tanatina, la defensina, la lactoferrina, la lactoferricina y la ovispirina tal como la novispirina (Robert Lehrer, 2000), las plectasinas, y las estatinas, incluidos los compuestos y los polipéptidos descritos en WO 03/044049 y WO 03/048148, así como las variantes o los fragmentos de los anteriores que retienen actividad antimicrobiana.

15 [0606] Ejemplos de polipéptidos antifúngicos (PAF) son los péptidos de *Aspergillus giganteus* y de *Aspergillus niger*, así como las variantes y los fragmentos de los mismos que retienen actividad antifúngica, como se describe en WO 94/01459 y WO 02/090384.

[0607] Ejemplos de ácidos grasos poliinsaturados son los ácidos grasos poliinsaturados C18, C20 y C22, tales como el ácido araquidónico, el ácido docosahexaenoico, el ácido eicosapentanoico y el ácido gamma-linolénico.

20 [0608] Ejemplos de especies generadoras de oxígeno reactivo son los productos químicos tales como el perborato, el persulfato o el percarbonato; y las enzimas tales como una oxidasa, una oxigenasa o una sintetasa.

[0609] La composición de la divulgación puede comprender además al menos un aminoácido. Ejemplos de aminoácidos que se usan en pienso para animales son la lisina, la alanina, la beta-alanina, la treonina, la metionina y el triptófano.

25

**Usos**

5 [0610] La presente divulgación está dirigida también a métodos para usar los polipéptidos con actividad de xilanasas, o composiciones de los mismos, para, por ejemplo, pienso para animales. La presente divulgación está dirigida también a procesos para usar los polipéptidos con actividad de xilanasas, o composiciones de los mismos, tales como, por ejemplo, aquellos descritos a continuación.

Uso en pienso para animales

[0611] La presente divulgación está dirigida también a métodos para usar las xilanasas de la divulgación en pienso para animales.

10 [0612] El término animal incluye todos los animales. Ejemplos de animales son los no rumiantes y los rumiantes. Los animales rumiantes incluyen, por ejemplo, animales tales como la oveja, las cabras y el ganado bovino, por ejemplo, ganado bovino para carne, vacas y terneros jóvenes. En una forma de realización particular, el animal es un animal no rumiante. Los animales no rumiantes incluyen animales monogástricos, por ejemplo, cerdos o puercos (incluidos, pero de forma no limitativa, lechones, cerdos en crecimiento y cerdas); aves tales como los pavos, los patos y los pollos (incluidos, pero de forma no limitativa, pollos de engorde, gallinas ponedoras); caballos (incluidos, pero de forma no limitativa, de sangre caliente, de sangre fría y de sangre tibia), terneros jóvenes; y peces (incluidos, pero de forma no limitativa, el salmón, la trucha, la tilapia, el siluro y las carpas; y crustáceos (incluidos, pero de forma no limitativa, los langostinos y las gambas).

[0613] En el uso según la divulgación, las xilanasas se pueden alimentar al animal antes, después o simultáneamente con la dieta. Se prefiere esto último.

20 [0614] En una forma de realización particular, la xilanasas, en la forma en la que se añade al pienso, o cuando se incluye en un aditivo de pienso, está bien definida. Bien definida significa que la preparación de xilanasas es al menos un 50% pura como se determina por cromatografía de exclusión por tamaño (véase el ejemplo 12 de la WO 01/58275). En otras formas de realización particulares, la preparación de xilanasas es al menos un 60, 70, 80, 85, 88, 90, 92, 94 o al menos un 95% puro como se determina por este método.

25 [0615] Una preparación de xilanasas bien definida es ventajosa. Por ejemplo, es mucho más fácil dosificar correctamente en el pienso una xilanasas que está esencialmente libre de interferir o contaminar otras xilanasas. El término dosificar correctamente se refiere en particular al objetivo de obtener resultados consistentes y constantes, y la capacidad de optimizar la dosificación en base al efecto deseado.

30 [0616] Para uso en pienso para animales, sin embargo, la xilanasas no necesita ser tan pura; puede, por ejemplo, incluir otras enzimas, en cuyo caso podría denominarse una preparación de xilanasas.

[0617] La preparación de xilanasas puede (a) añadirse directamente al pienso o (b) se puede usar en la producción de una o más composiciones intermedias tales como aditivos alimenticios o premezclas que se añaden posteriormente al pienso (o se usan en un proceso de tratamiento). El grado de pureza anteriormente descrito se refiere a la pureza de la preparación de xilanasas original, ya sea usada según las opciones (a) o (b) anteriores.

35 Uso en la mejora de los DDGS de maíz

[0618] Las enzimas de la divulgación pueden usarse también para mejorar el valor nutricional de DDGS (residuos de destilería con solubles) de maíz.

40 [0619] Los productos de fermentación, tal como el etanol, se producen típicamente moliendo primero material que contiene almidón en un proceso de molienda seca o molienda húmeda, degradando luego el material en azúcares fermentables usando enzimas y, finalmente, convirtiendo los azúcares directa o indirectamente en el producto de fermentación deseado usando un organismo fermentador. Los productos de fermentación líquidos se recuperan del triturado fermentado (a menudo denominado como "mosto de cerveza"), por ejemplo, por destilación, que separa el producto de fermentación deseado de otros líquidos y/o sólidos. La fracción restante se denomina "vinaza entera". La vinaza entera se deshidrata y se separa en una fase sólida y una fase líquida, por ejemplo, por centrifugación.

45 La fase sólida se denomina "torta húmeda" (o "residuos de destilería húmedos" (DWG)) y la fase líquida (sobrenadante) se denomina "vinaza diluida". La torta húmeda deshidratada se seca para proporcionar "residuos secos de destilería" (DDG) usados como nutriente en pienso para animales. La vinaza diluida se evapora típicamente para proporcionar un condensado y jarabe o puede, alternativamente, reciclarse directamente hacia el tanque de lodo como "agua de proceso". El condensado puede o bien dirigirse a un metanizador antes de

descargarse o bien se puede reciclar hacia el tanque de lodo. El jarabe se puede mezclar con los DDG o añadirse a la torta húmeda antes del secado para producir DDGS (residuo seco de destilería con solubles).

5 [0620] Históricamente, más del 85% del DDGS se ha alimentado a ganado bovino lechero y para carne, y el DDGS continúa siendo un ingrediente de piensos excelente y económico para el uso en dietas de rumiantes. Una cantidad considerable de investigación se ha realizado sobre los efectos de alimentar aves con DDGS. El DDGS de maíz es un ingrediente de pienso excelente para usar en dietas de gallinas ponedoras, pollos de engorde, patos y pavos y contiene aproximadamente el 85% del valor de energía en maíz, tiene niveles moderados de proteína y aminoácidos esenciales, y es alto en fósforo disponible. El DDGS es un ingrediente aceptable para usar en dietas de aves y se puede añadir de forma segura en niveles del 5% en dietas de iniciación para pollos de engorde y pavos, y del 12-15% en dietas de crecimiento-finalización para pollos de engorde, pavos y gallinas ponedoras. Sin embargo, no son posibles índices de inclusión más altos del DDGS estándar especialmente en el periodo de iniciación y lleva a un crecimiento más lento y a un peso corporal reducido. Así, la solicitud también se refiere a un método para mejorar el valor nutricional de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con el polipéptido GH5 de la divulgación.

15 [0621] En una forma de realización, el polipéptido GH5 de la divulgación es uno o más de los aspectos veintidós, veintitrés, veinticuatro, veinticinco, veintisiete, veintiocho, veintinueve, treinta, treinta y uno, treinta y dos, treinta y tres, treinta y cuatro, treinta y cinco, treinta y seis, treinta y siete, treinta y ocho y/o treinta y nueve. En otra forma de realización, el polipéptido GH5 de la divulgación es uno o más de la SEQ ID NO: 3, la SEQ ID NO: 6, la SEQ ID NO: 9, la SEQ ID NO: 12, la SEQ ID NO: 15, la SEQ ID NO: 18, la SEQ ID NO: 27, la SEQ ID NO: 30, la SEQ ID NO: 33, la SEQ ID NO: 36, la SEQ ID NO: 39, la SEQ ID NO: 42, la SEQ ID NO: 45, la SEQ ID NO: 48, la SEQ ID NO: 67, la SEQ ID NO: 70, la SEQ ID NO: 73, la SEQ ID NO: 76, la SEQ ID NO: 79, la SEQ ID NO: 82, la SEQ ID NO: 85, la SEQ ID NO: 88, la SEQ ID NO: 91, la SEQ ID NO: 94, la SEQ ID NO: 97, la SEQ ID NO: 100, la SEQ ID NO: 103, la SEQ ID NO: 106, la SEQ ID NO: 109, la SEQ ID NO: 112, la SEQ ID NO: 115, la SEQ ID NO: 118, la SEQ ID NO: 121, la SEQ ID NO: 124, la SEQ ID NO: 127 y/o la SEQ ID NO: 130.

25 [0622] La presente divulgación se describe adicionalmente mediante los ejemplos siguientes, que no deberían interpretarse como limitantes del alcance de la divulgación.

### Ejemplos

#### Cepas

30 [0623] El estiércol de elefante fue obtenido a partir de un elefante asiático hembra de seis años de edad (de nombre "Kandy") que vive en el parque zoológico de Hamburgo, Alemania. El aislamiento de ADN se realizó con el kit QIAamp DNA Stool de Qiagen (Hilden, Alemania) como se describe en el protocolo del fabricante. Las secuencias de xilanasas GH5 (SEQ ID NO: 13, 31, 37 y 43, que dan las secuencias polipeptídicas deducidas de las SEQ ID NO: 14, 32, 38 y 44, respectivamente) fueron obtenidas por secuenciación profunda del extracto de metagenoma.

35 [0624] El metagenoma de compost fue obtenido a partir de una comunidad microbiana de compost enriquecido con paja de arroz de Berkeley, California, EE.UU. en 2011 (GOLD Analysis Project ID: Ga0026259). El aislamiento de ADN se realizó con el kit QIAamp DNA Stool de Qiagen (Hilden, Alemania) como se describe en el protocolo del fabricante. Las secuencias de xilanasas GH5 (SEQ ID NO: 125, que da la secuencia polipeptídica deducida de la SEQ ID NO: 126) se obtuvieron por secuenciación profunda del extracto de metagenoma.

40 [0625] La secuenciación del genoma, el ensamblaje posterior de las lecturas y el descubrimiento de los genes (es decir, la anotación de las funciones génicas) los conoce la persona experta en la técnica y el servicio se puede adquirir comercialmente.

[0626] Las fuentes de otras cepas bacterianas se enumeran en la tabla 2.

Tabla 2: aislamiento de cepas bacterianas

Cepa	Fuente	País	Año	SEQ ID NO del gen	SEQ ID NO del polipéptido
<i>Paenibacillus illinoisensis</i>	Muestra térmica	Nueva Zelanda	1991	1	2
<i>Paenibacillus</i> sp-18054	Muestra térmica	Nueva Zelanda	1991	7	8
<i>Chryseobacterium</i> sp-10696	Músculo de pescado picado en agua	-	En o antes de 1965	25	26
<i>Paenibacillus campinasensis</i>	Muestra de barro	Dinamarca	1999	65	66
<i>Paenibacillus</i> sp-62250	Suelo de bosque	Estados Unidos	2012	71	72
<i>Paenibacillus favisporus</i>	Suelo	Dinamarca	2011	77	78
<i>Paenibacillus tundra</i>	Humus	Groenlandia	1989	83	84
<i>Paenibacillus</i> sp-62603	Zona radicular	Suecia	2013	89	90
<i>Paenibacillus</i> sp-19179	Estiércol	Dinamarca	2013	95	96
<i>Paenibacillus</i> sp-62332	Suelo	Estados Unidos	2012	101	102
<i>Paenibacillus</i> sp-62248	Suelo	Estados Unidos	2012	107	108
<i>Paenibacillus xylanexedens</i>	Suelo	Dinamarca	2011	113	114
<i>Paenibacillus chitinolyticus</i>	Zona radicular	Suecia	2013	119	120

<sup>1</sup>Obtenido de NCIMB Ltd, Aberdeen, Escocia como NCIMB1314 depositado bajo el nombre *Flavobacterium* sp.

## Medios y soluciones

### Preparación de maíz desalmidonado (DSM)

- 5 [0627] Se mezclaron 107 kg de maíz molido (<10 mm) en un tanque con 253 kg de agua del grifo a 53 °C para preparar una suspensión. La temperatura de la suspensión era de 47 °C y el pH, 5,9. El pH se ajustó a 6,15 con 1 l de NaOH 1 N y el tanque se calentó entonces a 95 °C. Se añadió 1,119 kg de alfa-amilasa Termamyl® (Novozymes A/S, Bagsvaerd, Dinamarca) a 52 °C y se incubó durante 80 minutos a 95 °C. El pH medido al final de la incubación fue de 6,17. Se añadió agua del grifo fría a la suspensión y la suspensión se centrifugó y se decantó 3 veces usando un decantador Westfalia CA-225-110 (4950±10 r.p.m., flujo ~600 l/h), lo que dio 64,5 kg de lodo. Luego el lodo se
- 10 recogió, se congeló y se liofilizó para dar 17,1 kg de maíz desalmidonado (DSM).

### Preparación de maíz desalmidonado desgrasado (DFDSM)

- 15 [0628] Se añadieron 500 ml de acetona a 100 gramos de maíz desalmidonado, preparado como se ha descrito anteriormente. La suspensión se agitó durante 5 minutos y se dejó que se asentara. La acetona se decantó y el procedimiento se repitió 2 veces. El residuo se secó al aire durante toda la noche para dar maíz desalmidonado desgrasado (DFDSM), que se almacenó a temperatura ambiente.

### Preparación de sorgo desalmidonado

- 20 [0629] Se molieron y se tamizaron semillas de sorgo enteras y se usó una fracción por debajo de 0,5 mm para un procesamiento adicional. La fracción tamizada se suspendió en 25 mM de NaOAc a pH 5,5 con un 20 % de materia seca y se desalmidonó. El desalmidonado implicó una primera etapa a 85 °C con 500 ppm de la alfa-amilasa Termamyl SC (Novozymes A/S, Bagsvaerd, Dinamarca) durante 20 min seguida de una incubación durante toda la noche usando 250 ppm de Attenuzyme Flex (Novozymes A/S, Bagsvaerd, Dinamarca) a 65 °C. La suspensión se

centrifugó y el líquido se decantó. Después de esto se realizó otro desalmidonado añadiendo agua MilliQ y 200 ppm de Termamyl SC y 200 ppm de Attenuzyme Flex e incubando durante toda la noche a 65 °C.

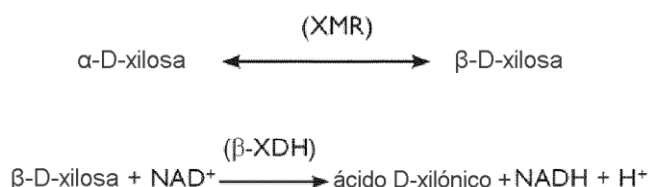
5 [0630] La fibra de sorgo se separó del líquido por filtración al vacío a través de un filtro Whatman F de fibra de vidrio. La torta de filtración se lavó luego varias veces con exceso de agua para eliminar los azúcares solubles. Finalmente, la fibra de sorgo desalmidonado se secó en un horno a 65 °C y la fibra seca se molió rápidamente en un molinillo de café de modo que el tamaño de partícula fue en general menor de 1 mm.

## Ensayos

### Ensayo de xilosa

10 [0631] Se preparó una curva estándar de xilosa de 0 a 125 µg de xilosa/ml a partir de una solución madre de 2,5 mg de xilosa/ml (preparada por disolución de 0,125 g de xilosa en 50 ml de agua desionizada).

15 [0632] Principio del ensayo. La interconversión de las formas α- y β-anoméricas de la D-xilosa se catalizada por la xilosa mutarrotasa (XMR) usando el kit de ensayo de D-xilosa de Megazyme International Ireland. La β-D-xilosa es oxidada por el NAD<sup>+</sup> a ácido D-xilónico en presencia de β-xilosa deshidrogenasa (β-XDH) a pH 7,5. La cantidad de NADH formada en esta reacción es estequiométrica con la cantidad de D-xilosa y se mide por el aumento en la absorbancia a 340 nm.



### Ejemplo 1: clonación de xilanasas GH5

20 [0633] Se sintetizaron y se adquirieron comercialmente genes sintéticos con optimización de codones basados en las secuencias de nucleótidos de las SEQ ID NO: 13, 77, 119 y 125. Para las especies de *Paenibacillus* (SEQ ID NO: 1, 7, 65, 71, 83, 89, 95, 101, 107, 113), la especie de *Chryseobacterium* (SEQ ID NO: 25), así como las secuencias del genoma de elefante de las SEQ ID NO: 31, 37 y 43, se clonaron las secuencias de tipo salvaje.

25 [0634] Las xilanasas se clonaron en un vector de expresión de *Bacillus* como se describe en WO 12/025577. Los ADN codificantes del péptido de xilanasas maduras se clonaron dentro del marco de una señal de secreción de *Bacillus clausii* (BcSP; con la siguiente secuencia de aminoácidos: MKKPLGKIVASTALLISVAFSSSIASA (SEQ ID NO: 22), que se origina a partir de la proteasa AprH de *B. clausii*). La BcSP sustituyó todas las señales de secreción nativas respectivamente en todos los genes.

30 [0635] Aguas abajo de la secuencia de la BcSP se introdujo una secuencia de etiqueta de afinidad para facilitar el proceso de purificación (etiqueta de polihistidina; con la siguiente secuencia de aminoácidos: HHHHHHPR (SEQ ID NO: 23) para las xilanasas del metagenoma de estiércol de elefante, el metagenoma de compost, *Chryseobacterium* sp-10696, *Paenibacillus* sp. 18054, *Paenibacillus campinasensis*, *Paenibacillus* sp-62250, *Paenibacillus favisporus*, *Paenibacillus tundra*, *Paenibacillus* sp-62603, *Paenibacillus* sp-19179, *Paenibacillus* sp-62332, *Paenibacillus* sp-62248, *Paenibacillus xylanexedens*, *Paenibacillus chitinolyticus*; etiqueta HQ, con la siguiente secuencia de aminoácidos: HQHQHQHPR (SEQ ID NO: 24) para la xilanasas de *Paenibacillus illinoisensis*). Por lo tanto, el gen que se expresó comprendía la secuencia de la BcSP seguida de la secuencia de la etiqueta de polihistidina o HQ seguida de la secuencia de la xilanasas de tipo salvaje madura (como se muestra en las SEQ ID NO: 4, 10, 16, 28, 34, 40, 46, 68, 74, 80, 86, 92, 98, 104, 110, 116, 122 y 128).

40 [0636] Los plásmidos de expresión finales (BcSP-etiqueta de polihistidina-xilanasas o BcSP-etiqueta HQ-xilanasas) se transformaron individualmente en un huésped de expresión de *Bacillus subtilis*. Los genes de fusión de xilanasas y BcSP se integraron por recombinación homóloga en el genoma de la célula huésped de *Bacillus subtilis* durante la transformación.

[0637] La construcción génica se expresó bajo el control de un sistema promotor triple (como se describe en WO 99/43835). Se usó el gen codificante para la cloranfenicol acetiltransferasa como marcador (como se describe en Diderichsen et al., 1993, Plasmid 30: 312-315). Los transformantes se seleccionaron en medio de agar LB



5 suplementado con 6 microgramos de cloranfenicol por ml. Un clon de *Bacillus subtilis* recombinante con la respectiva construcción de expresión de xilanasas se seleccionó y se cultivó en una mesa de vibración giratoria en matraces Erlenmeyer con deflectores de 500 ml donde cada uno contenía 100 ml de medio a base de extracto de levadura. Después de 3-5 días de tiempo de cultivo a de 30 °C a 37 °C, los sobrenadantes que contenían enzima se recogieron por centrifugación y las enzimas se purificaron mediante purificación con etiqueta de polihistidina o etiqueta HQ.

### Ejemplo 2: purificación de xilanasas GH5

10 [0638] Todas las enzimas marcadas con etiquetas de polihistidina se purificaron por cromatografía de afinidad con metales inmovilizados (IMAC) usando Ni<sup>2+</sup> como el ion metálico en columnas de 5 ml HisTrap Excel (GE Healthcare Life Sciences). La purificación se produjo a pH 8 y las proteínas unidas se eluyeron con 50 mM de HEPES a pH 7,0 y 0,75 M de imidazol. Posteriormente, la muestra con enzima se desaló cargando en una columna Sephadex™ G-25 (medio) (GE Healthcare, Piscataway, NJ, EE.UU.) equilibrada en 50 mM de HEPES a pH 7,0, 100 mM de NaCl y eluyendo con el mismo tampón. La pureza de las enzimas purificadas se comprobó por SDS-PAGE y la concentración de cada enzima se determinó mediante la absorbancia a 280 nm después de un intercambio de  
15 tampón.

### Ejemplo 3: medición de la fibra alimentaria soluble e insoluble en el sustrato de maíz desalmidonado desgrasado (DFDSM) y correlación con la xilosa soluble medida después de una incubación enzimática

20 [0639] Se añadieron 400 mg de maíz desalmidonado desgrasado (DFDSM) a tampón de NaOAc (5 ml, pH 5). La mezcla se calentó a entre 90 y 100 °C, luego se añadió Termamyl 300 DX (100 µl, Novozymes A/S, Bagsvaerd, Dinamarca) y la mezcla se incubó durante 1 hora. Después se enfrió la mezcla y se añadió la amiloglicosidasa de *Aspergillus niger* (500 µl, número de catálogo E-AMGDF, para usar en Megazyme Total Starch and Dietary Fiber, Megazyme International Ireland, Wicklow, Irlanda) y se incubaron las muestras durante toda la noche (16 h) a 60 °C. Luego se enfrió la mezcla y se centrifugó a 2500 x g durante 10 min a 5 °C. Se recogió el sobrenadante y se añadió tampón de NaOAc (5 ml, pH 5) al residuo y se centrifugó a 2500 x g, 10 min, 5 °C. Este procedimiento se repitió dos veces. Después, los sobrenadantes se recogieron, se agruparon y se analizaron para NSP solubles como se describe en A. El residuo se analizó para NSP insolubles como se describe en B.  
25

#### A: NSP solubles, sobrenadante

30 [0640] Los sobrenadantes agrupados se diluyeron en un volumen fijo de donde se tomó una parte alícuota de 5 ml de sobrenadante. A esta parte alícuota se le añadieron 20,1 ml de etanol frío al 99,9 % y la mezcla se mantuvo en hielo durante aprox. 15 min para la precipitación de los polímeros con un GP>10. Después de centrifugar a 2500 x g, 5 °C durante 10 min, se descartó el sobrenadante.

[0641] Se añadieron 5 ml de etanol frío al 80% al sedimento y la mezcla se mantuvo en hielo durante aprox. 15 min. Después de centrifugar a 2500 x g, 5 °C durante 10 min, se descartó el sobrenadante.

35 [0642] Se realizó una hidrólisis ácida del precipitado añadiendo agua MQ (7,9 ml), mioinositol (0,5 ml, estándar interno) y 12M de H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> (0,3 ml) y autoclavando a 125 °C durante 55 minutos.

#### B: NSP insolubles, residuo

[0643] El sedimento obtenido después del tratamiento con AMG se hidrolizó mediante la adición de agua MQ (74 ml), mioinositol (10 ml, estándar interno) y 12M de H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> (3 ml) y autoclavando a 125 °C durante 55 minutos.

#### Análisis por GLC

40 [0644] Después de autoclavar, las muestras se redujeron con borohidruro para producir azúcares de alditol y estos se derivaron mediante acetilación para volverse volátiles para los análisis por GLC en un instrumento con un detector FID (Pettersson et al, (1995) "Total dietary fiber determined as neutral sugar residues, uronic acid residues, and Klason lignin (the Uppsala method), Collaborative study", J. AOAC Int. 78:1030-1044). La concentración de los azúcares solubles o insolubles se determinó con respecto al mioinositol.

#### 45 Porcentaje de xilosa solubilizada

[0645] Cuando se incubó DFDSM con enzima a 40 °C durante 4 horas, la enzima solubiliza el xilano del sustrato y este xilano solubilizado se hidroliza después aún más con ácido. La xilosa liberada se mide

espectrofotométricamente usando un kit de ensayo de D-xilosa (Megazyme, número de catálogo K-xylose). Esta xilosa (que es en realidad xilano solubilizado por la enzima) se correlaciona entonces con la cantidad de xilosa total del sustrato medida por GLC como se ha descrito anteriormente.

5 [0646] El DFDSM contiene un 99 % de xilosa insoluble y un 1 % de xilosa soluble, un 14,81 % de xilosa que representa la concentración de polímero de xilosa (GP>10) presente en la muestra (DFDSM) según el análisis. En base a la liberación de xilosa medida por el kit Megazyme que calcula la liberación en función del peso de muestra, la cantidad de xilosa liberada se puede calcular de la siguiente manera: por ejemplo, una liberación de un 1% a partir de 400 mg de muestra equivale a 4 mg de xilosa. En 400 mg de muestra hay 400 mg x 14,81 % de xilosa, equivalente a 59,22 mg de xilosa. La liberación de xilosa bruta (insoluble + soluble) es en ese caso 4 mg/59,22 mg, 10 que representa una liberación del 6,75 % de polímeros de xilosa total, pero debe observarse que este valor tiene que corregirse para la liberación pasiva obtenida para el control no suplementado con enzima. Este valor corregido se define en la presente como el porcentaje de xilosa solubilizada.

**Ejemplo 4: hidrólisis de maíz desalmidonado desgrasado (DFDSM) con xilanasas GH5**

15 [0647] El maíz desalmidonado desgrasado (DFDSM, 400 mg) se añadió a una solución acuosa de acetato sódico (0,1 M, 3,9 ml) que contenía cloruro de calcio (5 mM) a pH 5 y la mezcla se calentó a 40 °C durante 30 minutos. Se añadieron 100 µl de solución de tampón o de enzima y la muestra se calentó a 40 °C durante 4 horas. La muestra se enfrió a 5 °C y se centrifugó (4000 r.p.m., 5 °C) durante 10 minutos. Se transfirieron 1,7 ml de la muestra a un tubo de Eppendorf y la enzima se desactivó calentando a 95 °C durante 10 minutos. Las muestras se congelaron luego hasta que se hidrolizaron.

20 [0648] El sobrenadante se descongeló y se centrifugó (14000 r.p.m.) durante 5 minutos. El sobrenadante (250 µl) se diluyó con agua Milli-Q (250 µl) en tubos de vidrio y se añadió HCl (1,63 M, 2,0 ml). La reacción se calentó a 100 °C durante 1 hora y luego se enfrió en un baño de hielo. Se añadió solución acuosa de NaOH (1,3 M, 2,5 ml) mientras las muestras se enfriaban en hielo y las muestras se almacenaron a 0-5 °C mientras el contenido de xilosa se analizaba usando el ensayo de xilosa. Los resultados se presentan en las tablas 3, 4, 5, 6 y 7.

25 Tabla 3: liberación de xilosa a partir de DFDSM usando la xilanasa GH5 de la SEQ ID NO: 6

[0649]

30 La tabla 3 muestra la cantidad de xilosa medida después de la hidrólisis ácida de los sobrenadantes (% de materia seca y % de xilosa solubilizada de la xilosa total) cuando se incubó maíz desalmidonado desgrasado (DFDSM) con la xilanasa GH5 de la SEQ ID NO: 6 a diferentes concentraciones de enzima en comparación con un blanco y la xilanasa GH11 comercial Ronoxyme WX.

Xilanasa GH5	Conc. [mg PE/kg]	Xilosa soluble (%)	% de xilosa solubilizada <sup>1</sup>	Significación <sup>2</sup>	DE
Blanco	0	0,039	0,3	C	0,004
Ronozyme WX (GH11)	25	0,101	0,7	C	0,009
SEQ ID NO: 6	10	0,903	6,2	B	0,116
SEQ ID NO: 6	25	1,295	9,0	A	0,225
SEQ ID NO: 6	50	1,200	8,2	A	0,133

<sup>1</sup>El porcentaje de xilosa solubilizada se calculó como se describe en el ejemplo 3.

<sup>2</sup>ABC: Los valores de los mínimos cuadrados en una columna que no comparten una letra mayúscula difieren significativamente (P<0,05 Tukey-Kramer HSD para todos los pares).

Tabla 4: liberación de xilosa a partir de DFDSM usando la xilanasa GH5 de la SEQ ID NO: 12

[0650]

La tabla 4 muestra la cantidad de xilosa medida después de la hidrólisis ácida de los sobrenadantes (% de materia seca y % de xilosa solubilizada de la xilosa total) cuando se incubó maíz desalmidonado desgrasado

(DFDSM) con la xilanasa GH5 de la SEQ ID NO: 12 a diferentes concentraciones de enzima en comparación con un blanco y la xilanasa GH11 comercial Ronoxyme WX.

Xilanasa GH5	Conc. [mg PE/kg]	Xilosa soluble (%)	% de xilosa solubilizada <sup>1</sup>	Significación <sup>2</sup>	DE
Blanco	0	0,040	0,3	C	0,001
Ronozyme WX (GH11)	25	0,101	0,7	C	0,010
SEQ ID NO: 12	10	0,890	5,9	B	0,018
SEQ ID NO: 12	25	1,016	7,0	B	0,078
SEQ ID NO: 12	50	1,340	9,2	A	0,280

<sup>1</sup>El porcentaje de xilosa solubilizada se calculó como se describe en el ejemplo 3.  
<sup>2</sup>ABC: Los valores de los mínimos cuadrados en una columna que no comparten una letra mayúscula difieren significativamente (P<0,05 Tukey-Kramer HSD para todos los pares).

Tabla 5: liberación de xilosa a partir de DFDSM usando la xilanasa GH5 de la SEQ ID NO: 18

[0651]

5 La tabla 5 muestra la cantidad de xilosa medida después de la hidrólisis ácida de los sobrenadantes (% de materia seca y % de xilosa solubilizada de la xilosa total) cuando se incubó maíz desalmidonado desgrasado (DFDSM) con la xilanasa GH5 de la SEQ ID NO: 18 en comparación con un blanco y la xilanasa GH11 comercial Ronoxyme WX.

Xilanasa GH5	Conc. [mg PE/kg]	Xilosa soluble (%)	% de xilosa solubilizada <sup>1</sup>	Significación <sup>2</sup>	DE
Blanco	0	0,001	0,0004	C	0,001
Ronozyme WX (GH11)	25	0,053	0,04	C	0,009
SEQ ID NO: 18	10	0,934	6,4	B	0,154

<sup>1</sup>El porcentaje de xilosa solubilizada se calculó como se describe en el ejemplo 3.  
<sup>2</sup>ABC: Los valores de los mínimos cuadrados en una columna que no comparten una letra mayúscula difieren significativamente (P<0,05 Tukey-Kramer HSD para todos los pares).

10 Tabla 6: liberación de xilosa a partir de DFDSM usando las xilanasas GH5 de la SEQ ID NO: 30 y la SEQ ID NO: 36

[0652]

15 La tabla 6 muestra la cantidad de xilosa medida después de la hidrólisis ácida de los sobrenadantes (% de materia seca y % de xilosa solubilizada de la xilosa total) cuando se incubó maíz desalmidonado desgrasado (DFDSM) con las xilanasas de la SEQ ID NO: 30 y la SEQ ID NO: 36 en comparación con un blanco y la xilanasa GH11 comercial Ronoxyme WX.

Xilanasa GH5	Conc. [mg PE/kg]	Xilosa soluble (%)	% de xilosa solubilizada <sup>1</sup>	Significación <sup>2</sup>	DE
Blanco	0	-0,016	0,000	C	0,002
Ronozyme WX (GH11)	25	0,060	0,408	C	0,002
SEQ ID NO: 30	10	1,261	8,514	A	0,283
SEQ ID NO: 36	10	0,445	3,004	B	0,108

<sup>1</sup>El porcentaje de xilosa solubilizada se calculó como se describe en el ejemplo 3.  
<sup>2</sup>ABC: Los valores de los mínimos cuadrados en una columna que no comparten una letra mayúscula difieren significativamente (P<0,05 Tukey-Kramer HSD para todos los pares).

Tabla 7: liberación de xilosa a partir de DFDSM usando las xilanasas GH5 de la SEQ ID NO: 42 y la SEQ ID NO: 48

[0653]

- 5 La tabla 7 muestra la cantidad de xilosa medida después de la hidrólisis ácida de los sobrenadantes (% de materia seca y % de xilosa solubilizada de la xilosa total) cuando se incubó maíz desalmidonado desgrasado (DFDSM) con las xilanasas GH5 de la SEQ ID NO: 42 y la SEQ ID NO: 48 a diferentes concentraciones de enzima en comparación con un blanco y la xilanasa GH11 comercial Ronoxyme WX.

Xilanasa GH5	Conc. [mg PE/kg]	Xilosa soluble (%)	% de xilosa solubilizada <sup>1</sup>	Significación <sup>2</sup>	DE
Blanco	0	0,003	0,000	C	0,007
Ronoxyme WX (GH11)	25	0,060	0,383	C	0,004
SEQ ID NO: 42	10	1,330	8,963	B	0,128
SEQ ID NO: 42	25	1,411	9,511	AB	0,134
SEQ ID NO: 48	10	1,313	8,845	B	0,113
SEQ ID NO: 48	25	1,561	10,521	A	0,129

<sup>1</sup>El porcentaje de xilosa solubilizada se calculó como se describe en el ejemplo 3.  
<sup>2</sup>ABC: Los valores de los mínimos cuadrados en una columna que no comparten una letra mayúscula difieren significativamente (P<0,05 Tukey-Kramer HSD para todos los pares).

- 10 [0654] Como se puede observar en las tablas 3, 4, 5, 6 y 7, las xilanasas GH5 que comprenden el motivo I, II y/o III son significativamente mejores en la liberación de xilosa a partir de maíz desalmidonado desgrasado que el blanco o la xilanasa GH11 comercial Ronoxyme WX.

**Ejemplo 5: determinación de la hidrólisis de arabinoxilanos en el DDGS de maíz**

Sustrato

- 15 [0655] El DDGS de una planta europea de etanol combustible a base de maíz se usó como sustrato. El DDGS se molió en una mezcladora de café durante 3-4 minutos y se lavó extensamente en agua (cinco veces, cada lavado seguido de una centrifugación) para eliminar la materia seca soluble.

[0656] Después de los lavados repetidos se preparó una suspensión al 15% en agua para la prueba y se ajustó a pH 5,5.

Enzimas

[0657] Las xilanasas GH5 usadas fueron la SEQ ID NO: 12 y la SEQ ID NO: 30.

- 20 Ensayo

[0658] Se transfirieron 4 g de suspensión a una placa de tubos de PCR. Se añadieron a cada pocillo azida sódica (0,05%) y enzima (30 µg/g de sustrato seco (DS)). La placa se cubrió con un sellador de placas manual y las muestras se incubaron durante 24 horas a 40 °C y 500 r.p.m., con muestras tomadas tras 0, 4 y 24 horas. Las enzimas se desactivaron hirviendo durante 10 minutos.

- 25 Métodos analíticos

1. Mediciones de Brix

[0659] La sustancia seca soluble (Brix) se midió después de que se filtrara (filtro de 0,2 µm) la muestra usando un medidor de Brix de Mettler Toledo y se presentan en la tabla 8.

2. Absorción a 320 nm

[0660] La adsorción a 320 nm se midió después de la filtración (filtro de 0,2 µm) seguido por una dilución 50x. La adsorción a 320 nm es una medida de los fragmentos solubles que contienen ácido ferúlico. El ensayo se calibró con un estándar de ácido ferúlico (A320 (OD) = 0,0147 + 0,0628\*[concentración de ácido ferúlico en µg/ml]). Los resultados se presentan en la tabla 9.

3. Xilosa (para muestras a las 24 horas)

[0661] El contenido de xilosa se determinó usando el kit de ensayo de D-xilosa "D-xylose assay kit" de Megazymes y se presentan en la tabla 10.

Resultados

[0662]

Tabla 8: materia seca soluble como se determina usando la medición de Brix

Enzima	Dosis de enzima	Medición de Brix		
		0 horas (% DS)	4,5 horas (% DS)	24 horas (% DS)
Blanco		0,57	0,64	0,92
SEQ ID NO: 12	30 µg/ g DS	0,57	1,40	1,96
SEQ ID NO: 30	30 µg/ g DS	0,57	1,54	1,89
Blanco		0,57	0,64	0,99

Tabla 9: cantidad de fragmentos solubles que contienen ácido ferúlico medida por adsorción a 320 nm

Enzima	Dosis de enzima	Liberación de ácido ferúlico (mg/ml)		
		0 horas	4,5 horas	24 horas
Blanco		0,11	0,18	0,41
SEQ ID NO: 12	30 µg/ g DS	0,11	0,50	0,76
SEQ ID NO: 30	30 µg/ g DS	0,11	0,63	0,85
Blanco		0,11	0,22	0,51

Tabla 10: liberación de xilosa a partir de DDGS

Enzima	Dosis de enzima	Liberación de xilosa (mg/ml)	
		0 horas	24 horas
Blanco		0,19	0,22
SEQ ID NO: 12	30 µg/ g DS	0,19	3,94
SEQ ID NO: 30	30 µg/ g DS	0,19	3,50
Blanco		0,19	0,26

[0663] A partir de los datos de este ejemplo se concluye que las enzimas GH5 solubilizan aproximadamente 3,5 mg/ml de xilosa. Si suponemos que la xilosa constituye aproximadamente el 60% del arabinoxilano, esto equivale entonces a una solubilización de 5,8 mg/ml de arabinoxilano. La materia seca total en la suspensión es de 150 mg/ml y, suponiendo un contenido de arabinoxilano del 15% en el DDGS (un valor típico), podemos solubilizar un 25% del arabinoxilano en el DDGS de maíz.

**Ejemplo 6: hidrólisis de maíz desalmidonado desgrasado (DFDSM) usando una xilanasa de pienso para animales comercial**

[0664] El experimento se realizó como se describe en el ejemplo 4 usando 3 xilanasas comerciales diferentes (Rovabio Excel AP, Econase XT 25 o Belfeed B 1100 MP) y los resultados se presentan en la tabla 11.

Tabla 11: liberación de xilosa a partir de DFDSM usando Rovabio Excel, Econase XT 25 o Belfeed B 1100 MP

[0665]

5 La tabla 11 muestra la cantidad de xilosa medida después de la hidrólisis ácida de los sobrenadantes (% de materia seca y % de xilosa solubilizada de la xilosa total) cuando se incubó DFDSM con Rovabio Excel AP, Econase XT 25 o Belfeed B 1100 MP usando las dosis comercialmente recomendadas. Rovabio Excel AP está disponible de Adisseo y la declaración del producto indica que tiene actividad de xilanasas y actividad de endo-1,3(4)-beta-glucanasa. Econase XT 25 está disponible de AB Enzymes y la declaración del producto indica que  
10 tiene actividad de endo-1,4-beta-xilanasas. Belfeed B 1100 MP está disponible de Beldem y la declaración del producto indica que tiene actividad específica de pentosanasa endo-1,4-beta-xilanasas (EC 3.2.1.8).

Xilanasas	Conc. [ppm]	Xilosa soluble (%)	Porcentaje de xilosa solubilizada <sup>1</sup>
Rovabio Excel AP	50 ppm	0,01	0,1
Econase XT 25	150 ppm	0,04	0,1
Belfeed B 1100 MP	100 ppm	0,04	0,2

<sup>1</sup>El porcentaje de xilosa solubilizada se calculó como se describe en el ejemplo 3.

Conclusión

[0666] Los resultados muestran que ninguna de las 3 xilanasas de pienso para animales comerciales evaluadas fueron capaces de solubilizar cantidades significativas (>0,5%) de xilosa de DFDSM y, por lo tanto, son incapaces de solubilizar el esqueleto de xilano altamente ramificado que se encuentra en el maíz.  
15

**Ejemplo 7: hidrólisis de maíz desalmidonado desgrasado (DFDSM) con xilanasas GH10 o xilanasas GH11**

[0667] El experimento se realizó como se describe en el ejemplo 4 usando 3 xilanasas GH10 diferentes (SEQ ID NO: 49, 50 o 58) o 5 xilanasas GH11 diferentes (SEQ ID NO: 51, 52, 53, 54 o 55), y los resultados se presentan en las tablas 12 y 13 respectivamente.

20 [0668] La SEQ ID NO: 49 corresponde a la SEQ ID NO: 5 en WO 1994/021785 (*Xyl II, Aspergillus aculeatus*). La SEQ ID NO: 50 corresponde a la SEQ ID NO: 8 en WO 2005/059084 (*Aspergillus aculeatus*). La SEQ ID NO: 51 corresponde a la SEQ ID NO: 2 de WO1996/23062 (*Thermomyces lanuginosus*). La SEQ ID NO: 52 corresponde a la SEQ ID NO: 305 de WO2011/057140 (*Dictyoglomus thermophilum*). La SEQ ID NO: 53 corresponde a la SEQ ID NO: 2 de WO2005/079585 (*Paenibacillus pabuli*). La SEQ ID NO: 54 corresponde a la SEQ ID NO: 8 en  
25 WO2014/019220 (*Fusarium oxysporum*, FoxXyn 6). La SEQ ID NO: 55 corresponde a la SEQ ID NO: 8 en WO2014/020143 (*Aspergillus clavatus*, AclXyn5). La SEQ ID NO: 58 corresponde a la SEQ ID NO: 1 en WO 2013/068550 (*Thermotoga maritima* MSB8, XynB).

Tabla 12: liberación de xilosa a partir de DFDSM usando una xilanasas GH10 (SEQ ID NO: 49, 50 o 58)

[0669]

30 La tabla 12 muestra la cantidad de xilosa medida después de la hidrólisis ácida de los sobrenadantes (% de materia seca y % de xilosa solubilizada de la xilosa total) cuando se incubó DFDSM con una xilanasas GH10 (SEQ ID NO: 49, 50 o 58).

Xilanasas GH10	Conc. [mg PE/kg]	Xilosa soluble (%)	Porcentaje de xilosa solubilizada <sup>1</sup>
SEQ ID NO: 49	10	0,15	0,8
SEQ ID NO: 50	10	0,26	1,9
SEQ ID NO: 58	10	0,09	0,5

<sup>1</sup>El porcentaje de xilosa solubilizada se calculó como se describe en el ejemplo 3.

Tabla 13: liberación de xilosa a partir de DFDSM usando una xilanasa GH11 (SEQ ID NO: 51, 52, 53, 54 o 55)

[0670]

La tabla 13 muestra la cantidad de xilosa medida después de la hidrólisis ácida de los sobrenadantes (% de materia seca y % de xilosa solubilizada de la xilosa total) cuando se incubó DFDSM con una xilanasa GH11 (SEQ ID NO: 51, 52, 53, 54 o 55).

Xilanasa GH11	Conc. [mg PE/kg]	Xilosa soluble (%)	Porcentaje de xilosa solubilizada <sup>1</sup>
SEQ ID NO: 51	25	0,07	0,3
SEQ ID NO: 51	25	0,09	0,5
SEQ ID NO: 52	25	0,17	1,2
SEQ ID NO: 53	25	0,21	1,3
SEQ ID NO: 53	25	0,16	0,9
SEQ ID NO: 54	10	0,09	0,5
SEQ ID NO: 55	10	0,07	0,5

<sup>1</sup>El porcentaje de xilosa solubilizada se calculó como se describe en el ejemplo 3.

#### Conclusión

[0671] Los resultados muestran que ninguna de las xilanasas GH10 o GH11 conocidas del estado de la técnica fueron capaces de solubilizar cantidades significativas (>2,0%) de xilosa de DFDSM y, por lo tanto, son incapaces de solubilizar el esqueleto de xilano altamente ramificado que se encuentra en el maíz.

#### 10 Ejemplo 8: hidrólisis de maíz desalmidonado desgrasado (DFDSM) usando una combinación de una xilanasa GH10 o GH11 y arabinofuranosidasas GH43 y/o GH51

[0672] El experimento se realizó como se describe en el ejemplo 4 y los resultados se presentan en las tablas 14, 15 y 16.

#### 15 Tabla 14: liberación de xilosa a partir de DFDSM usando una xilanasa GH10 o GH11 o una arabinofuranosidasa GH43 o GH51

[0673]

La tabla 14 muestra la cantidad de xilosa medida después de la hidrólisis ácida de los sobrenadantes (% de materia seca y % de xilosa solubilizada de la xilosa total) cuando se incubó DFDSM con una xilanasa (Ronozyme WX, una xilanasa GH11 de *Thermomyces lanuginosus* o la xilanasa GH10 de la SEQ ID NO: 49), la arabinofuranosidasa GH43 de *Humicola insolens* descrita como la SEQ ID NO: 1 en WO2006/114095 (SEQ ID NO: 56 en la presente) o la arabinofuranosidasa GH51 de *Meripilus giganteus* descrita como la SEQ ID NO: 2 en WO2006/114095 (SEQ ID NO: 57 en la presente).

Xilanasa GH10 o GH11	Conc. [mg PE/kg]	Arabino-furanosidasa	Conc. [mg PE/kg]	Xilosa soluble (%)	Porcentaje de xilosa solubilizada <sup>1</sup>
Ninguna	-	Ninguna	-	0	0
Ronozyme WX	200 ppm	Ninguna	-	0,04	0,1
SEQ ID NO: 49	10	Ninguna	-	0,13	0,7
Ninguna	-	SEQ ID NO: 56	10	0,03	0,0
Ninguna	-	SEQ ID NO: 57	10	0,02	0,0

<sup>1</sup>El porcentaje de xilosa solubilizada se calculó como se describe en el ejemplo 3.

Tabla 15: liberación de xilosa a partir de DFDSM usando una xilanasa GH10 y una arabinofuranosidasa GH43 o GH51

[0674]

- 5 La tabla 15 muestra la cantidad de xilosa medida después de la hidrólisis ácida de los sobrenadantes (% de materia seca y % de xilosa solubilizada de la xilosa total) cuando se incuba DFDSM con la xilanasa GH10 de la SEQ ID NO: 49 sola o en combinación con la arabinofuranosidasa GH43 de *Humicola insolens* descrita como la SEQ ID NO: 1 en WO2006/114095 (SEQ ID NO: 56 en la presente), la arabinofuranosidasa GH51 de *Meripilus giganteus* descrita como la SEQ ID NO: 2 en WO2006/114095 (SEQ ID NO: 57 en la presente) o las arabinofuranosidasas GH43 y GH51.

Xilanasa GH10	Conc. [mg PE/kg]	Arabino-furanosidasa	Conc. [mg PE/kg]	Xilosa soluble (%)	Porcentaje de xilosa solubilizada <sup>1</sup>
Ninguna	-	Ninguna	-	0	0
SEQ ID NO: 49	10	Ninguna	-	0,15	0,8
SEQ ID NO: 49	10	SEQ ID NO: 56	-	0,18	1,1
SEQ ID NO: 49	10	SEQ ID NO: 57	10	0,18	1,1
SEQ ID NO: 49	10	SEQ ID NO: 56 + SEQ ID NO: 57	10 + 10	0,21	1,3

<sup>1</sup>El porcentaje de xilosa solubilizada se calculó como se describe en el ejemplo 3.

Tabla 16: liberación de xilosa a partir de DFDSM usando una xilanasa GH11 y una arabinofuranosidasa GH43 o GH51

10 [0675]

- 15 La tabla 16 muestra la cantidad de xilosa medida después de la hidrólisis ácida de los sobrenadantes (% de materia seca y % de xilosa solubilizada de la xilosa total) cuando se incuba DFDSM con Ronozyme WX (una xilanasa GH11 de *Thermomyces lanuginosus*) sola o en combinación con la arabinofuranosidasa GH43 de *Humicola insolens* descrita como la SEQ ID NO: 1 en WO2006/114095 (SEQ ID NO: 56 en la presente), la arabinofuranosidasa GH51 de *Meripilus giganteus* descrita como la SEQ ID NO: 2 en WO2006/114095 (SEQ ID NO: 57 en la presente) o las arabinofuranosidasas GH43 y GH51.

Xilanasa GH11	Conc. [mg PE/kg]	Arabino-furanosidasa	Conc. [mg PE/kg]	Xilosa soluble (%)	Porcentaje de xilosa solubilizada <sup>1</sup>
Ninguna	-	Ninguna	-	0	0,0
Ronozyme WX	200 ppm	Ninguna	-	0,03	0,1
Ronozyme WX	200 ppm	SEQ ID NO: 56	-	0,03	0,1
Ronozyme WX	200 ppm	SEQ ID NO: 57	10	0,04	0,2
Ronozyme WX	200 ppm	SEQ ID NO: 56 + SEQ ID NO: 57	10 + 10	0,05	0,3

<sup>1</sup>El porcentaje de xilosa solubilizada se calculó como se describe en el ejemplo 3.

### Conclusión

- 20 [0676] Los resultados muestran que ni la xilanasa GH10 ni la GH11 sola o en combinación con una o ambas arabinofuranosidasas GH43 del estado de la técnica (que tiene actividad hacia xilosas disustituidas) o las arabinofuranosidasas GH51 del estado de la técnica (que tiene actividad hacia xilosas monosustituidas en la posición C2 o C3) libera más del 2% de xilosa solubilizada.

### Ejemplo 9: hidrólisis de maíz desalmidonado desgrasado (DFDSM) con xilanasas GH5

- [0677] El experimento se realizó como se describe en el ejemplo 4 y los resultados se presentan en las tablas 17 y 18.



Tabla 17: liberación de xilosa a partir de DFDSM usando las xilanasas GH5 de las SEQ ID NO: 70, 76, 82, 88, 94, 100, 106, 112, 118 o 124

[0678]

- 5 La tabla 17 muestra la cantidad de xilosa medida después de la hidrólisis ácida de los sobrenadantes (% de materia seca y % de xilosa solubilizada de la xilosa total) cuando se incubó maíz desalmidonado desgrasado (DFDSM) con las xilanasas GH5 de las SEQ ID NO: 70, 76, 82, 88, 94, 100, 106, 112, 118 o 124.

Xilanasas GH5	Conc. [mg PE/kg]	Xilosa soluble (%)	% de xilosa solubilizada <sup>1</sup>	Significación <sup>2</sup>	DE
Blanco	-	0,016	0,0	F	0,004
SEQ ID NO: 88	10	0,624	4,1	E	0,047
SEQ ID NO: 94	10	1,194	8,0	C	0,131
SEQ ID NO: 100	10	1,188	7,9	C	0,123
SEQ ID NO: 106	10	1,264	8,4	BC	0,082
SEQ ID NO: 112	10	1,320	8,8	ABC	0,008
Blanco	-	0,016	0,0	F	0,002
SEQ ID NO: 118	10	0,693	4,6	E	0,097
SEQ ID NO: 70	10	0,910	6,0	D	0,079
SEQ ID NO: 82	10	1,462	9,8	A	0,061
SEQ ID NO: 124	10	1,402	9,4	AB	0,140
SEQ ID NO: 76	10	1,403	9,4	AB	0,043

<sup>1</sup>El porcentaje de xilosa solubilizada se calculó como se describe en el ejemplo 3.

<sup>2</sup>ABC: Los valores de los mínimos cuadrados en una columna que no comparten una letra mayúscula difieren significativamente ( $P < 0,05$  Tukey-Kramer HSD para todos los pares).

Tabla 18: liberación de xilosa a partir de DFDSM usando la xilanasas GH5 de las SEQ ID NO: 76, 82 o 130

[0679]

- 10 La tabla 18 muestra la cantidad de xilosa medida después de la hidrólisis ácida de los sobrenadantes (% de materia seca y % de xilosa solubilizada de la xilosa total) cuando se incubó maíz desalmidonado desgrasado (DFDSM) con la xilanasas GH5 de las SEQ ID NO: 76, 82 o 130.

Xilanasas GH5	Conc. [mg PE/kg]	Xilosa soluble (%)	% de xilosa solubilizada <sup>1</sup>	Significación <sup>2</sup>	DE
Blanco	-	0,033	0	C	0,003
SEQ ID NO: 130	10	1,363	9	A	0,083
SEQ ID NO: 82	10	1,319	8,7	A	0,027
SEQ ID NO: 76	10	1,245	8,2	A	0,123
SEQ ID NO: 76	10	1,231	8,1	A	0,054

[0680] Como se puede observar de las tablas 17 y 18, todas las xilanasas GH5 evaluadas (es decir, las SEQ ID NO: 70, 76, 82, 88, 94, 100, 106, 112, 118, 124 y 130) que comprende el motivo I, II y/o III son significativamente mejores en la liberación de xilosa a partir de maíz desalmidonado desgrasado en comparación con la muestra en blanco.

15

#### Ejemplo 10: hidrólisis de sorgo con xilanasas GH5

5 [0681] La solubilización de sorgo desalmidonado se evaluó en duplicados con una materia seca final del 10 % en presencia de 20 mg PE/kg de sustrato. Los ensayos se ejecutaron a 40 °C y a pH 5,5 durante 4 h en un termomezclador y las enzimas se desnaturalizaron calentando a 95 °C durante 10 min. El sobrenadante se recogió después de la centrifugación y se filtró a través de un filtro de 0,22 µm. El sobrenadante filtrado se mezcló 1:1 con 4 M de TFA (ácido trifluoroacético) y se hidrolizó a 95 °C durante 1 hora. El hidrolizado se neutralizó con hidróxido sódico y se diluyó con agua antes de que los monosacáridos se cuantificaran por cromatografía de intercambio aniónico de alto rendimiento con detección amperométrica pulsada (HPAEC-PAD) usando una columna CarboPac PA1 (Dionex, Sunnyvale CA).

Tabla 19: solubilización de sorgo desalmidonado por xilanasas

Xilanasa	Conc. [mg PE/kg]	Xilosa soluble (%)	DE
Blanco	0	0,0082	0
SEQ ID NO: 51 (xilanasa GH11)	20	0,038	0,002
SEQ ID NO: 49 (xilanasa GH10)	20	0,026	0,003
SEQ ID NO: 12 (xilanasa GH5)	20	0,24	0,02
SEQ ID NO: 6 (xilanasa GH5)	20	0,22	0,02
SEQ ID NO: 42 (xilanasa GH5)	20	0,36	0,02
SEQ ID NO: 48 (xilanasa GH5)	20	0,15	0,02
SEQ ID NO: 30 (xilanasa GH5)	20	0,43	0,01

10 [0682] La xilosa soluble se mide como xilosa liberada después de la hidrólisis ácida en comparación con la materia seca inicial de sorgo desalmidonado.

[0683] Como se puede observar de la tabla 19, todas las xilanasas GH5 evaluadas (es decir, las SEQ ID NO: 6, 12, 30, 42 y 48), que comprenden el motivo I, II y/o III, son significativamente mejores en la liberación de xilosa a partir de sorgo desalmidonado en comparación con un blanco, una xilanasa GH10 o una xilanasa GH11.

15 LISTADO DE SECUENCIAS

[0684]

<110> Novozymes A/S

20 <120> Polipéptidos con actividad de xilanasa y polinucleótidos que codifican los mismos

<130> 12947-WO-PCT

25 <150> EP14176473.8

<151> 2014-07-10

<150> EP14184066.0

<151> 2014-09-09

30 <160> 130

<170> Versión de PatentIn 3.5

<210> 1

35 <211> 1695

<212> ADN

<213> Paenibacillus illinoisensis

ES 2 757 053 T3

```

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1692)

5 <220>
<221> sig_peptide
<222> (1)..(81)

<220>
10 <221> mat_peptide
<222> (82)..(1692)

<400> 1

15 atg tgg atg tct tgt aaa ctt tta ctc gtt ttg gct tta ctg att acg
48
Met Trp Met Ser Cys Lys Leu Leu Leu Val Leu Ala Leu Leu Ile Thr
-25 -20 -15

20 att gct cca tgg gga gga agc cgc gct gag gcg tgg gtt ggc atg cct
96
Ile Ala Pro Trp Gly Gly Ser Arg Ala Glu Ala Trp Val Gly Met Pro
-10 -5 -1 1 5

25 atg ggc aag ctt cac gta agt ggc aag aat ctg gtg aac agc aac aat
144
Met Gly Lys Leu His Val Ser Gly Lys Asn Leu Val Asn Ser Asn Asn
10 15 20

30 cag cct gtg ctt ctg aac ggt tgg cat caa cct tca ggt gcc tac tgg
192
Gln Pro Val Leu Leu Asn Gly Trp His Gln Pro Ser Gly Ala Tyr Trp
25 30 35

35 acg tat cag agc agc aat tat tat ctt aat ctg cac ggc aac aat cgt
240
Thr Tyr Gln Ser Ser Asn Tyr Tyr Leu Asn Leu His Gly Asn Asn Arg
40 45 50

40 cat gcg gct aca ctg gcc tac ctg aaa gac att acc gat aca ttt gcg
288
His Ala Ala Thr Leu Ala Tyr Leu Lys Asp Ile Thr Asp Thr Phe Ala
55 60 65

45 gac aca agt ccg aaa tat ggc agc aat cat gga tgg aac atg aat cag
336
Asp Thr Ser Pro Lys Tyr Gly Ser Asn His Gly Trp Asn Met Asn Gln
70 75 80 85

50 gta cgt ctg ttc att gat cgc gag gac atg ggt gat gtg gcg gcg ggt
384
Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met Gly Asp Val Ala Ala Gly
90 95 100

55 aca tac aat ttt gcc ggt gtg cag acc gtt acg cag aac gtc att atc
432
Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Val Gln Thr Val Thr Gln Asn Val Ile Ile

```

ES 2 757 053 T3

	105		110		115												
	cca	tac	att	caa	tat	gcc	aaa	acc	aaa	ggt	gtg	tat	gtc	gtc	ctg	gga	
5	Pro	Tyr	Ile	Gln	Tyr	Ala	Lys	Thr	Lys	Gly	Val	Tyr	Val	Val	Leu	Gly	
			120					125					130				
	ctc	gac	ttt	aca	ttg	aag	gat	gac	cag	gca	acc	acc	gct	tcc	aac	ctg	
10	Leu	Asp	Phe	Thr	Leu	Lys	Asp	Asp	Gln	Ala	Thr	Thr	Ala	Ser	Asn	Leu	
		135					140					145					
	cag	aaa	ttc	aat	caa	atc	tgg	gga	tat	ctt	gca	tct	cgt	ccc	gag	att	
15	Gln	Lys	Phe	Asn	Gln	Ile	Trp	Gly	Tyr	Leu	Ala	Ser	Arg	Pro	Glu	Ile	
	150					155					160					165	
	aaa	agt	gcc	gat	aat	gtt	cac	ttt	gag	ctc	att	aac	gag	cca	gtg	aaa	
20	Lys	Ser	Ala	Asp	Asn	Val	His	Phe	Glu	Leu	Ile	Asn	Glu	Pro	Val	Lys	
					170					175					180		
	tcg	tat	gcg	aat	gga	cat	tgg	ggc	gga	tac	aac	ggg	gaa	aat	gat	ttt	
25	Ser	Tyr	Ala	Asn	Gly	His	Trp	Gly	Gly	Tyr	Asn	Gly	Glu	Asn	Asp	Phe	
				185					190					195			
	gtg	gat	cac	tgg	aat	gac	ctg	cgc	aat	ttc	cag	aac	tcc	atc	atc	tcc	
30	Val	Asp	His	Trp	Asn	Asp	Leu	Arg	Asn	Phe	Gln	Asn	Ser	Ile	Ile	Ser	
			200					205					210				
	acg	att	cgt	agc	cag	ggt	gcc	gat	aac	gtc	atc	tgg	gct	gca	ggt	ctg	
35	Thr	Ile	Arg	Ser	Gln	Gly	Ala	Asp	Asn	Val	Ile	Trp	Ala	Ala	Gly	Leu	
		215					220					225					
	ggg	tat	aac	cag	ttc	tac	agt	ctg	acg	gca	agc	cat	cca	ttg	acg	gat	
40	Gly	Tyr	Asn	Gln	Phe	Tyr	Ser	Leu	Thr	Ala	Ser	His	Pro	Leu	Thr	Asp	
	230					235					240					245	
	ccc	ctg	aac	aac	tac	gga	tat	gcg	gtt	cac	tgg	tat	ccg	ggt	tac	ggc	
45	Pro	Leu	Asn	Asn	Tyr	Gly	Tyr	Ala	Val	His	Trp	Tyr	Pro	Gly	Tyr	Gly	
					250					255					260		
	gcg	tat	gat	aac	ttc	tcc	att	ttg	caa	gat	cag	tgg	aat	acc	aat	gtg	
50	Ala	Tyr	Asp	Asn	Phe	Ser	Ile	Leu	Gln	Asp	Gln	Trp	Asn	Thr	Asn	Val	
				265					270					275			
	aaa	gca	gct	gca	gac	aag	tat	ccg	atc	aat	atc	acg	gaa	gta	acc	tgg	
55	Lys	Ala	Ala	Ala	Asp	Lys	Tyr	Pro	Ile	Asn	Ile	Thr	Glu	Val	Thr	Trp	
			280					285					290				

ES 2 757 053 T3

ttt aag aat aaa cct ggt gat tcg gct tat tgg aac ctg ttt aat ggc  
 1008  
 Phe Lys Asn Lys Pro Gly Asp Ser Ala Tyr Trp Asn Leu Phe Asn Gly  
 295 300 305  
 5  
 agc aac gaa ggt ttt ggt acc aat acc aaa acc atc ttc aac gcg gct  
 1056  
 Ser Asn Glu Gly Phe Gly Thr Asn Thr Lys Thr Ile Phe Asn Ala Ala  
 310 315 320 325  
 10  
 gga aac gtt agt att gcg gct cac atg aac ggc ttc att ctt gag cca  
 1104  
 Gly Asn Val Ser Ile Ala Ala His Met Asn Gly Phe Ile Leu Glu Pro  
 330 335 340  
 15  
 ggg cag cgc agt tct ttt gcc gat cca acg gct gga ctg aaa tgg gat  
 1152  
 Gly Gln Arg Ser Ser Phe Ala Asp Pro Thr Ala Gly Leu Lys Trp Asp  
 345 350 355  
 20  
 ggc gat gct tca cga agt gcc atg gga cgg ttc ctg ttc aac tgg tac  
 1200  
 Gly Asp Ala Ser Arg Ser Ala Met Gly Arg Phe Leu Phe Asn Trp Tyr  
 360 365 370  
 25  
 cat gaa cgt gct caa tcg tac ccg ggt gga aat ggt ggt gga ccc aca  
 1248  
 His Glu Arg Ala Gln Ser Tyr Pro Gly Gly Asn Gly Gly Gly Pro Thr  
 375 380 385  
 30  
 acc ggg cta gtg tca ggt gca acc tac aaa att gtg gcc aga cat tcc  
 1296  
 Thr Gly Leu Val Ser Gly Ala Thr Tyr Lys Ile Val Ala Arg His Ser  
 390 395 400 405  
 35  
 aat aag gtc att gac gtt cct ggg ggg caa aat caa aac aat ctt cag  
 1344  
 Asn Lys Val Ile Asp Val Pro Gly Gly Gln Asn Gln Asn Asn Leu Gln  
 410 415 420  
 40  
 ctt cag caa tgg agc gat ctg ggt ggc aat cct cag aag tgg gtt ctg  
 1392  
 Leu Gln Gln Trp Ser Asp Leu Gly Gly Asn Pro Gln Lys Trp Val Leu  
 425 430 435  
 45  
 acc tcc atc gga ggt ggc agc tat aca cta acc agc gtg aac tca ccg  
 1440  
 Thr Ser Ile Gly Gly Gly Ser Tyr Thr Leu Thr Ser Val Asn Ser Pro  
 440 445 450  
 50  
 gac aaa gtt att gat att cgc aac ggt act ctc acg aac ggt gaa gcg  
 1488  
 Asp Lys Val Ile Asp Ile Arg Asn Gly Thr Leu Thr Asn Gly Glu Ala  
 455 460 465  
 55  
 gtt caa ctc atg agc aat ctg aac acg acc gca cag cat ttc aaa gtc  
 1536

ES 2 757 053 T3

Val Gln Leu Met Ser Asn Leu Asn Thr Thr Ala Gln His Phe Lys Val  
 470 475 480 485

5 aac gat ctg ggg aat gga tac tgg agt atc att aac gta aac agc aac  
 1584

Asn Asp Leu Gly Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Ile Asn Val Asn Ser Asn  
 490 495 500

10 aaa gca att gaa gta gaa aac gct tcc aca tct gat ggt gcc aaa ctg  
 1632

Lys Ala Ile Glu Val Glu Asn Ala Ser Thr Ser Asp Gly Ala Lys Leu  
 505 510 515

15 cag cag aat acg tac acg ggt gca acg aat caa caa tgg aaa ttt atc  
 1680

Gln Gln Asn Thr Tyr Thr Gly Ala Thr Asn Gln Gln Trp Lys Phe Ile  
 520 525 530

20 gcg gtt agc aat taa  
 1695

Ala Val Ser Asn  
 535

25 <210> 2  
 <211> 564  
 <212> PRT  
 <213> Paenibacillus illinoisensis

30 <400> 2

Met Trp Met Ser Cys Lys Leu Leu Leu Val Leu Ala Leu Leu Ile Thr  
 -25 -20 -15

35 Ile Ala Pro Trp Gly Gly Ser Arg Ala Glu Ala Trp Val Gly Met Pro  
 -10 -5 -1 1 5

40 Met Gly Lys Leu His Val Ser Gly Lys Asn Leu Val Asn Ser Asn Asn  
 10 15 20

45 Gln Pro Val Leu Leu Asn Gly Trp His Gln Pro Ser Gly Ala Tyr Trp  
 25 30 35

50 Thr Tyr Gln Ser Ser Asn Tyr Tyr Leu Asn Leu His Gly Asn Asn Arg  
 40 45 50

His Ala Ala Thr Leu Ala Tyr Leu Lys Asp Ile Thr Asp Thr Phe Ala  
 55 60 65

55 Asp Thr Ser Pro Lys Tyr Gly Ser Asn His Gly Trp Asn Met Asn Gln  
 70 75 80 85

ES 2 757 053 T3

Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met Gly Asp Val Ala Ala Gly  
 90 95 100  
 5  
 Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Val Gln Thr Val Thr Gln Asn Val Ile Ile  
 105 110 115  
 10  
 Pro Tyr Ile Gln Tyr Ala Lys Thr Lys Gly Val Tyr Val Val Leu Gly  
 120 125 130  
 15  
 Leu Asp Phe Thr Leu Lys Asp Asp Gln Ala Thr Thr Ala Ser Asn Leu  
 135 140 145  
 20  
 Gln Lys Phe Asn Gln Ile Trp Gly Tyr Leu Ala Ser Arg Pro Glu Ile  
 150 155 160 165  
 25  
 Lys Ser Ala Asp Asn Val His Phe Glu Leu Ile Asn Glu Pro Val Lys  
 170 175 180  
 30  
 Ser Tyr Ala Asn Gly His Trp Gly Gly Tyr Asn Gly Glu Asn Asp Phe  
 185 190 195  
 35  
 Val Asp His Trp Asn Asp Leu Arg Asn Phe Gln Asn Ser Ile Ile Ser  
 200 205 210  
 40  
 Thr Ile Arg Ser Gln Gly Ala Asp Asn Val Ile Trp Ala Ala Gly Leu  
 215 220 225  
 45  
 Gly Tyr Asn Gln Phe Tyr Ser Leu Thr Ala Ser His Pro Leu Thr Asp  
 230 235 240 245  
 50  
 Pro Leu Asn Asn Tyr Gly Tyr Ala Val His Trp Tyr Pro Gly Tyr Gly  
 250 255 260  
 55  
 Ala Tyr Asp Asn Phe Ser Ile Leu Gln Asp Gln Trp Asn Thr Asn Val  
 265 270 275  
 60  
 Lys Ala Ala Ala Asp Lys Tyr Pro Ile Asn Ile Thr Glu Val Thr Trp  
 280 285 290  
 65  
 Phe Lys Asn Lys Pro Gly Asp Ser Ala Tyr Trp Asn Leu Phe Asn Gly  
 295 300 305

ES 2 757 053 T3

Ser Asn Glu Gly Phe Gly Thr Asn Thr Lys Thr Ile Phe Asn Ala Ala  
 310 315 320 325  
 5  
 Gly Asn Val Ser Ile Ala Ala His Met Asn Gly Phe Ile Leu Glu Pro  
 330 335 340  
 10  
 Gly Gln Arg Ser Ser Phe Ala Asp Pro Thr Ala Gly Leu Lys Trp Asp  
 345 350 355  
 15  
 Gly Asp Ala Ser Arg Ser Ala Met Gly Arg Phe Leu Phe Asn Trp Tyr  
 360 365 370  
 20  
 His Glu Arg Ala Gln Ser Tyr Pro Gly Gly Asn Gly Gly Gly Pro Thr  
 375 380 385  
 25  
 Thr Gly Leu Val Ser Gly Ala Thr Tyr Lys Ile Val Ala Arg His Ser  
 390 395 400 405  
 30  
 Asn Lys Val Ile Asp Val Pro Gly Gly Gln Asn Gln Asn Asn Leu Gln  
 410 415 420  
 35  
 Leu Gln Gln Trp Ser Asp Leu Gly Gly Asn Pro Gln Lys Trp Val Leu  
 425 430 435  
 40  
 Thr Ser Ile Gly Gly Gly Ser Tyr Thr Leu Thr Ser Val Asn Ser Pro  
 440 445 450  
 45  
 Asp Lys Val Ile Asp Ile Arg Asn Gly Thr Leu Thr Asn Gly Glu Ala  
 455 460 465  
 50  
 Val Gln Leu Met Ser Asn Leu Asn Thr Thr Ala Gln His Phe Lys Val  
 470 475 480 485  
 55  
 Asn Asp Leu Gly Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Ile Asn Val Asn Ser Asn  
 490 495 500  
 Lys Ala Ile Glu Val Glu Asn Ala Ser Thr Ser Asp Gly Ala Lys Leu  
 505 510 515  
 Gln Gln Asn Thr Tyr Thr Gly Ala Thr Asn Gln Gln Trp Lys Phe Ile  
 520 525 530



ES 2 757 053 T3

Ala Val Ser Asn  
535

5 <210> 3  
<211> 537  
<212> PRT  
<213> Paenibacillus illinoisensis

10 <220>  
<221> mat\_peptide  
<222> (1)..(537)

15 <400> 3

Trp Val Gly Met Pro Met Gly Lys Leu His Val Ser Gly Lys Asn Leu  
1 5 10 15

20 Val Asn Ser Asn Asn Gln Pro Val Leu Leu Asn Gly Trp His Gln Pro  
20 25 30

25 Ser Gly Ala Tyr Trp Thr Tyr Gln Ser Ser Asn Tyr Tyr Leu Asn Leu  
35 40 45

30 His Gly Asn Asn Arg His Ala Ala Thr Leu Ala Tyr Leu Lys Asp Ile  
50 55 60

35 Thr Asp Thr Phe Ala Asp Thr Ser Pro Lys Tyr Gly Ser Asn His Gly  
65 70 75 80

Trp Asn Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met Gly  
85 90 95

40 Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Val Gln Thr Val Thr  
100 105 110

45 Gln Asn Val Ile Ile Pro Tyr Ile Gln Tyr Ala Lys Thr Lys Gly Val  
115 120 125

50 Tyr Val Val Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Lys Asp Asp Gln Ala Thr  
130 135 140

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

Ser Arg Pro Glu Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val His Phe Glu Leu Ile

ES 2 757 053 T3

				165					170							175
5	Asn	Glu	Pro	Val	Lys	Ser	Tyr	Ala	Asn	Gly	His	Trp	Gly	Gly	Tyr	Asn
				180					185					190		
10	Gly	Glu	Asn	Asp	Phe	Val	Asp	His	Trp	Asn	Asp	Leu	Arg	Asn	Phe	Gln
			195					200					205			
15	Asn	Ser	Ile	Ile	Ser	Thr	Ile	Arg	Ser	Gln	Gly	Ala	Asp	Asn	Val	Ile
		210					215					220				
20	Trp	Ala	Ala	Gly	Leu	Gly	Tyr	Asn	Gln	Phe	Tyr	Ser	Leu	Thr	Ala	Ser
	225					230					235					240
25	His	Pro	Leu	Thr	Asp	Pro	Leu	Asn	Asn	Tyr	Gly	Tyr	Ala	Val	His	Trp
					245					250					255	
30	Tyr	Pro	Gly	Tyr	Gly	Ala	Tyr	Asp	Asn	Phe	Ser	Ile	Leu	Gln	Asp	Gln
				260					265					270		
35	Trp	Asn	Thr	Asn	Val	Lys	Ala	Ala	Ala	Asp	Lys	Tyr	Pro	Ile	Asn	Ile
			275					280					285			
40	Thr	Glu	Val	Thr	Trp	Phe	Lys	Asn	Lys	Pro	Gly	Asp	Ser	Ala	Tyr	Trp
		290					295					300				
45	Asn	Leu	Phe	Asn	Gly	Ser	Asn	Glu	Gly	Phe	Gly	Thr	Asn	Thr	Lys	Thr
	305					310					315					320
50	Ile	Phe	Asn	Ala	Ala	Gly	Asn	Val	Ser	Ile	Ala	Ala	His	Met	Asn	Gly
				325						330					335	
55	Phe	Ile	Leu	Glu	Pro	Gly	Gln	Arg	Ser	Ser	Phe	Ala	Asp	Pro	Thr	Ala
				340					345					350		
60	Gly	Leu	Lys	Trp	Asp	Gly	Asp	Ala	Ser	Arg	Ser	Ala	Met	Gly	Arg	Phe
			355					360					365			
65	Leu	Phe	Asn	Trp	Tyr	His	Glu	Arg	Ala	Gln	Ser	Tyr	Pro	Gly	Gly	Asn
		370					375					380				
70	Gly	Gly	Gly	Pro	Thr	Thr	Gly	Leu	Val	Ser	Gly	Ala	Thr	Tyr	Lys	Ile
	385					390					395					400

ES 2 757 053 T3

Val Ala Arg His Ser Asn Lys Val Ile Asp Val Pro Gly Gly Gln Asn  
 405 410 415  
 5  
 Gln Asn Asn Leu Gln Leu Gln Gln Trp Ser Asp Leu Gly Gly Asn Pro  
 420 425 430  
 10  
 Gln Lys Trp Val Leu Thr Ser Ile Gly Gly Gly Ser Tyr Thr Leu Thr  
 435 440 445  
 15  
 Ser Val Asn Ser Pro Asp Lys Val Ile Asp Ile Arg Asn Gly Thr Leu  
 450 455 460  
 20  
 Thr Asn Gly Glu Ala Val Gln Leu Met Ser Asn Leu Asn Thr Thr Ala  
 465 470 475 480  
 25  
 Gln His Phe Lys Val Asn Asp Leu Gly Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Ile  
 485 490 495  
 30  
 Asn Val Asn Ser Asn Lys Ala Ile Glu Val Glu Asn Ala Ser Thr Ser  
 500 505 510  
 35  
 Asp Gly Ala Lys Leu Gln Gln Asn Thr Tyr Thr Gly Ala Thr Asn Gln  
 515 520 525  
 40  
 Gln Trp Lys Phe Ile Ala Val Ser Asn  
 530 535  
 <210> 4  
 <211> 1722  
 <212> ADN  
 <213> Secuencia artificial  
 <220>  
 45 <223> Construcción de expresión  
 <220>  
 <221> CDS  
 50 <222> (1)..(1719)  
 <220>  
 <221> sig\_peptide  
 <222> (1)..(81)  
 55  
 <220>  
 <221> mat\_peptide

ES 2 757 053 T3

<222> (82)..(1719)

<400> 4

5 atg aag aaa ccg ttg ggg aaa att gtc gca agc acc gca cta ctc att  
48  
Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile  
-25 -20 -15

10 tct gtt gct ttt agt tca tcg atc gca tcg gct cat cag cac caa cac  
96  
Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His Gln His Gln His  
-10 -5 -1 1 5

15 cag cat cct agg tgg gtt ggc atg ccg atg ggc aaa ctg cat gtt tca  
144  
Gln His Pro Arg Trp Val Gly Met Pro Met Gly Lys Leu His Val Ser  
10 15 20

20 ggc aaa aat ctg gtc aat agc aat aat caa ccg gtt ctg ctg aat ggc  
192  
Gly Lys Asn Leu Val Asn Ser Asn Asn Gln Pro Val Leu Leu Asn Gly  
25 30 35

25 tgg cat caa ccg tca ggc gca tat tgg aca tat caa tca tca aac tat  
240  
Trp His Gln Pro Ser Gly Ala Tyr Trp Thr Tyr Gln Ser Ser Asn Tyr  
40 45 50

30 tat ctg aat ctg cat gga aat aat cgc cat gcg gca aca ctg gca tat  
288  
Tyr Leu Asn Leu His Gly Asn Asn Arg His Ala Ala Thr Leu Ala Tyr  
55 60 65

35 ctg aaa gat atc aca gat aca ttt gca gac acg tca ccg aaa tat ggc  
336  
Leu Lys Asp Ile Thr Asp Thr Phe Ala Asp Thr Ser Pro Lys Tyr Gly  
70 75 80 85

40 tca aat cat ggc tgg aat atg aat cag gtc cgc ctg ttt att gat cgc  
384  
Ser Asn His Gly Trp Asn Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg  
90 95 100

45 gaa gat atg gga gat gtt gca gca ggc aca tat aac ttt gca ggc gtt  
432  
Glu Asp Met Gly Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Val  
105 110 115

50 caa aca gtt aca cag aat gtc att att ccg tat atc cag tat gcg aaa  
480  
Gln Thr Val Thr Gln Asn Val Ile Ile Pro Tyr Ile Gln Tyr Ala Lys  
120 125 130

55 acg aaa ggc gtt tat gtt gtt ctg ggc ctg gat ttt aca ctg aaa gat  
528  
Thr Lys Gly Val Tyr Val Val Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Lys Asp  
135 140 145

ES 2 757 053 T3

gat caa gca aca aca gcg agc aat ctg cag aaa ttt aac caa att tgg  
 576  
 5 Asp Gln Ala Thr Thr Ala Ser Asn Leu Gln Lys Phe Asn Gln Ile Trp  
 150 155 160 165  
  
 ggc tat ctg gca tca aga ccg gaa atc aaa tca gca gat aac gtc cat  
 624  
 10 Gly Tyr Leu Ala Ser Arg Pro Glu Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val His  
 170 175 180  
  
 ttt gaa ctg att aac gaa ccg gtt aaa agc tat gca aat ggc cat tgg  
 672  
 15 Phe Glu Leu Ile Asn Glu Pro Val Lys Ser Tyr Ala Asn Gly His Trp  
 185 190 195  
  
 gga ggc tat aat ggc gaa aat gat ttt gtc gat cat tgg aat gat ctg  
 720  
 20 Gly Gly Tyr Asn Gly Glu Asn Asp Phe Val Asp His Trp Asn Asp Leu  
 200 205 210  
  
 cgc aat ttt cag aac agc att att tca aca att cgc tca caa ggc gca  
 768  
 25 Arg Asn Phe Gln Asn Ser Ile Ile Ser Thr Ile Arg Ser Gln Gly Ala  
 215 220 225  
  
 gat aat gtt att tgg gca gca ggc ctg ggc tat aat cag ttt tat tca  
 816  
 30 Asp Asn Val Ile Trp Ala Ala Gly Leu Gly Tyr Asn Gln Phe Tyr Ser  
 230 235 240 245  
  
 ctg aca gca tca cat ccg ctg aca gat ccg ctg aat aac tat ggc tat  
 864  
 35 Leu Thr Ala Ser His Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Tyr Gly Tyr  
 250 255 260  
  
 gca gtt cat tgg tat ccg gga tat ggc gca tat gat aac ttt agc att  
 912  
 40 Ala Val His Trp Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala Tyr Asp Asn Phe Ser Ile  
 265 270 275  
  
 ctg cag gat cag tgg aac aca aat gtt aaa gca gca gca gat aaa tat  
 960  
 45 Leu Gln Asp Gln Trp Asn Thr Asn Val Lys Ala Ala Ala Asp Lys Tyr  
 280 285 290  
  
 ccg att aac atc acg gaa gtc aca tgg ttt aaa aac aaa cct ggc gat  
 1008  
 50 Pro Ile Asn Ile Thr Glu Val Thr Trp Phe Lys Asn Lys Pro Gly Asp  
 295 300 305  
  
 tca gca tac tgg aat ctt ttt aat ggc agc aat gaa ggc ttt ggc aca  
 1056  
 55 Ser Ala Tyr Trp Asn Leu Phe Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Thr  
 310 315 320 325

ES 2 757 053 T3

aac aca aaa acg atc ttt aat gca gca ggc aat gtt agc att gca gca  
 1104  
 Asn Thr Lys Thr Ile Phe Asn Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Ala  
 330 335 340  
 5  
 cat atg aat ggc ttt att ctg gaa ccg gga caa aga tca tca ttt gca  
 1152  
 His Met Asn Gly Phe Ile Leu Glu Pro Gly Gln Arg Ser Ser Phe Ala  
 345 350 355  
 10  
 gat ccg aca gca ggc ctg aaa tgg gat ggc gac gca tca aga tca gca  
 1200  
 Asp Pro Thr Ala Gly Leu Lys Trp Asp Gly Asp Ala Ser Arg Ser Ala  
 360 365 370  
 15  
 atg ggc aga ttt ctg ttt aat tgg tat cat gaa aga gcg caa tca tat  
 1248  
 Met Gly Arg Phe Leu Phe Asn Trp Tyr His Glu Arg Ala Gln Ser Tyr  
 375 380 385  
 20  
 cct ggc gga aat ggc gga gga ccg aca aca ggc ctg gtt tca ggc gca  
 1296  
 Pro Gly Gly Asn Gly Gly Gly Pro Thr Thr Gly Leu Val Ser Gly Ala  
 390 395 400 405  
 25  
 aca tac aaa att gtt gca cgc cat agc aac aaa gtc att gat gtc cct  
 1344  
 Thr Tyr Lys Ile Val Ala Arg His Ser Asn Lys Val Ile Asp Val Pro  
 410 415 420  
 30  
 ggc gga caa aat caa aac aat ctg caa ctg caa cag tgg tca gat ctg  
 1392  
 Gly Gly Gln Asn Gln Asn Asn Leu Gln Leu Gln Gln Trp Ser Asp Leu  
 425 430 435  
 35  
 gga ggc aat ccg caa aaa tgg gtt ctg aca tca att ggc gga ggc tca  
 1440  
 Gly Gly Asn Pro Gln Lys Trp Val Leu Thr Ser Ile Gly Gly Gly Ser  
 440 445 450  
 40  
 tat aca ctg aca tca gtt aat tca ccg gac aaa gtg att gat att cgc  
 1488  
 Tyr Thr Leu Thr Ser Val Asn Ser Pro Asp Lys Val Ile Asp Ile Arg  
 455 460 465  
 45  
 aat ggc aca ctg aca aat ggc gaa gca gtt caa ctg atg tca aat ctg  
 1536  
 Asn Gly Thr Leu Thr Asn Gly Glu Ala Val Gln Leu Met Ser Asn Leu  
 470 475 480 485  
 50  
 aat aca aca gcg cag cat ttt aaa gtc aat gat ctg ggc aat ggc tat  
 1584  
 Asn Thr Thr Ala Gln His Phe Lys Val Asn Asp Leu Gly Asn Gly Tyr  
 490 495 500  
 55  
 tgg agc att att aac gtc aac agc aac aaa gcg atc gaa gtt gaa aat  
 1632

ES 2 757 053 T3

Trp Ser Ile Ile Asn Val Asn Ser Asn Lys Ala Ile Glu Val Glu Asn  
505 510 515

gca tca aca tca gat ggc gca aaa ctg cag caa aat aca tat aca ggc  
5 1680

Ala Ser Thr Ser Asp Gly Ala Lys Leu Gln Gln Asn Thr Tyr Thr Gly  
520 525 530

gca aca aat cag cag tgg aaa ttt atc gca gtc agc aat taa  
10 1722

Ala Thr Asn Gln Gln Trp Lys Phe Ile Ala Val Ser Asn  
535 540 545

15 <210> 5  
<211> 573  
<212> PRT  
<213> Secuencia artificial

20 <220>  
<223> Construcción sintética

<400> 5

25 Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile  
-25 -20 -15

Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His Gln His Gln His  
30 -10 -5 -1 1 5

Gln His Pro Arg Trp Val Gly Met Pro Met Gly Lys Leu His Val Ser  
35 10 15 20

Gly Lys Asn Leu Val Asn Ser Asn Asn Gln Pro Val Leu Leu Asn Gly  
25 30 35

40 Trp His Gln Pro Ser Gly Ala Tyr Trp Thr Tyr Gln Ser Ser Asn Tyr  
40 45 50

45 Tyr Leu Asn Leu His Gly Asn Asn Arg His Ala Ala Thr Leu Ala Tyr  
55 60 65

Leu Lys Asp Ile Thr Asp Thr Phe Ala Asp Thr Ser Pro Lys Tyr Gly  
50 70 75 80 85

Ser Asn His Gly Trp Asn Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg  
90 95 100

55 Glu Asp Met Gly Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Val

ES 2 757 053 T3

				105						110						115
5	Gln	Thr	Val	Thr	Gln	Asn	Val	Ile	Ile	Pro	Tyr	Ile	Gln	Tyr	Ala	Lys
			120					125					130			
10	Thr	Lys	Gly	Val	Tyr	Val	Val	Leu	Gly	Leu	Asp	Phe	Thr	Leu	Lys	Asp
		135					140					145				
15	Asp	Gln	Ala	Thr	Thr	Ala	Ser	Asn	Leu	Gln	Lys	Phe	Asn	Gln	Ile	Trp
	150					155					160					165
20	Gly	Tyr	Leu	Ala	Ser	Arg	Pro	Glu	Ile	Lys	Ser	Ala	Asp	Asn	Val	His
					170					175					180	
25	Phe	Glu	Leu	Ile	Asn	Glu	Pro	Val	Lys	Ser	Tyr	Ala	Asn	Gly	His	Trp
				185					190					195		
30	Gly	Gly	Tyr	Asn	Gly	Glu	Asn	Asp	Phe	Val	Asp	His	Trp	Asn	Asp	Leu
			200					205					210			
35	Arg	Asn	Phe	Gln	Asn	Ser	Ile	Ile	Ser	Thr	Ile	Arg	Ser	Gln	Gly	Ala
		215					220					225				
40	Asp	Asn	Val	Ile	Trp	Ala	Ala	Gly	Leu	Gly	Tyr	Asn	Gln	Phe	Tyr	Ser
	230					235					240					245
45	Leu	Thr	Ala	Ser	His	Pro	Leu	Thr	Asp	Pro	Leu	Asn	Asn	Tyr	Gly	Tyr
					250					255					260	
50	Ala	Val	His	Trp	Tyr	Pro	Gly	Tyr	Gly	Ala	Tyr	Asp	Asn	Phe	Ser	Ile
				265					270					275		
55	Leu	Gln	Asp	Gln	Trp	Asn	Thr	Asn	Val	Lys	Ala	Ala	Ala	Asp	Lys	Tyr
			280					285					290			
60	Pro	Ile	Asn	Ile	Thr	Glu	Val	Thr	Trp	Phe	Lys	Asn	Lys	Pro	Gly	Asp
		295					300					305				
65	Ser	Ala	Tyr	Trp	Asn	Leu	Phe	Asn	Gly	Ser	Asn	Glu	Gly	Phe	Gly	Thr
	310					315					320					325
70	Asn	Thr	Lys	Thr	Ile	Phe	Asn	Ala	Ala	Gly	Asn	Val	Ser	Ile	Ala	Ala
					330					335					340	



ES 2 757 053 T3

5 His Met Asn Gly Phe Ile Leu Glu Pro Gly Gln Arg Ser Ser Phe Ala  
 345 350 355  
 Asp Pro Thr Ala Gly Leu Lys Trp Asp Gly Asp Ala Ser Arg Ser Ala  
 360 365 370  
 10 Met Gly Arg Phe Leu Phe Asn Trp Tyr His Glu Arg Ala Gln Ser Tyr  
 375 380 385  
 15 Pro Gly Gly Asn Gly Gly Gly Pro Thr Thr Gly Leu Val Ser Gly Ala  
 390 395 400 405  
 20 Thr Tyr Lys Ile Val Ala Arg His Ser Asn Lys Val Ile Asp Val Pro  
 410 415 420  
 25 Gly Gly Gln Asn Gln Asn Asn Leu Gln Leu Gln Gln Trp Ser Asp Leu  
 425 430 435  
 Gly Gly Asn Pro Gln Lys Trp Val Leu Thr Ser Ile Gly Gly Gly Ser  
 440 445 450  
 30 Tyr Thr Leu Thr Ser Val Asn Ser Pro Asp Lys Val Ile Asp Ile Arg  
 455 460 465  
 35 Asn Gly Thr Leu Thr Asn Gly Glu Ala Val Gln Leu Met Ser Asn Leu  
 470 475 480 485  
 40 Asn Thr Thr Ala Gln His Phe Lys Val Asn Asp Leu Gly Asn Gly Tyr  
 490 495 500  
 45 Trp Ser Ile Ile Asn Val Asn Ser Asn Lys Ala Ile Glu Val Glu Asn  
 505 510 515  
 Ala Ser Thr Ser Asp Gly Ala Lys Leu Gln Gln Asn Thr Tyr Thr Gly  
 520 525 530  
 50 Ala Thr Asn Gln Gln Trp Lys Phe Ile Ala Val Ser Asn  
 535 540 545  
 55 <210> 6  
 <211> 546  
 <212> PRT

ES 2 757 053 T3

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia madura con etiqueta HQ

5

<220>

<221> mat\_peptide

<222> (1)..(546)

10

<400> 6

His Gln His Gln His Gln His Pro Arg Trp Val Gly Met Pro Met Gly  
1 5 10 15

15

Lys Leu His Val Ser Gly Lys Asn Leu Val Asn Ser Asn Asn Gln Pro  
20 25 30

20

Val Leu Leu Asn Gly Trp His Gln Pro Ser Gly Ala Tyr Trp Thr Tyr  
35 40 45

25

Gln Ser Ser Asn Tyr Tyr Leu Asn Leu His Gly Asn Asn Arg His Ala  
50 55 60

30

Ala Thr Leu Ala Tyr Leu Lys Asp Ile Thr Asp Thr Phe Ala Asp Thr  
65 70 75 80

35

Ser Pro Lys Tyr Gly Ser Asn His Gly Trp Asn Met Asn Gln Val Arg  
85 90 95

40

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

45

Asn Phe Ala Gly Val Gln Thr Val Thr Gln Asn Val Ile Ile Pro Tyr  
115 120 125

50

Ile Gln Tyr Ala Lys Thr Lys Gly Val Tyr Val Val Leu Gly Leu Asp  
130 135 140

55

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

Phe Asn Gln Ile Trp Gly Tyr Leu Ala Ser Arg Pro Glu Ile Lys Ser  
165 170 175

Ala Asp Asn Val His Phe Glu Leu Ile Asn Glu Pro Val Lys Ser Tyr

ES 2 757 053 T3

			180					185						190		
5	Ala	Asn	Gly 195	His	Trp	Gly	Gly	Tyr 200	Asn	Gly	Glu	Asn	Asp 205	Phe	Val	Asp
10	His	Trp 210	Asn	Asp	Leu	Arg	Asn 215	Phe	Gln	Asn	Ser	Ile 220	Ile	Ser	Thr	Ile
15	Arg 225	Ser	Gln	Gly	Ala	Asp 230	Asn	Val	Ile	Trp	Ala 235	Ala	Gly	Leu	Gly	Tyr 240
20	Asn	Gln	Phe	Tyr	Ser 245	Leu	Thr	Ala	Ser	His 250	Pro	Leu	Thr	Asp	Pro	Leu 255
25	Asn	Asn	Tyr	Gly 260	Tyr	Ala	Val	His	Trp 265	Tyr	Pro	Gly	Tyr	Gly 270	Ala	Tyr
30	Asp	Asn	Phe 275	Ser	Ile	Leu	Gln	Asp 280	Gln	Trp	Asn	Thr	Asn 285	Val	Lys	Ala
35	Ala	Ala 290	Asp	Lys	Tyr	Pro	Ile 295	Asn	Ile	Thr	Glu	Val 300	Thr	Trp	Phe	Lys
40	Asn 305	Lys	Pro	Gly	Asp	Ser 310	Ala	Tyr	Trp	Asn	Leu 315	Phe	Asn	Gly	Ser	Asn 320
45	Glu	Gly	Phe	Gly	Thr 325	Asn	Thr	Lys	Thr	Ile 330	Phe	Asn	Ala	Ala	Gly 335	Asn
50	Val	Ser	Ile	Ala 340	Ala	His	Met	Asn	Gly 345	Phe	Ile	Leu	Glu 350	Pro	Gly	Gln
55	Arg	Ser	Ser 355	Phe	Ala	Asp	Pro	Thr 360	Ala	Gly	Leu	Lys	Trp 365	Asp	Gly	Asp
60	Ala 370	Ser	Arg	Ser	Ala	Met	Gly 375	Arg	Phe	Leu	Phe	Asn 380	Trp	Tyr	His	Glu
65	Arg 385	Ala	Gln	Ser	Tyr	Pro 390	Gly	Gly	Asn	Gly	Gly 395	Gly	Pro	Thr	Thr	Gly 400
70	Leu	Val	Ser	Gly	Ala 405	Thr	Tyr	Lys	Ile	Val 410	Ala	Arg	His	Ser	Asn 415	Lys

ES 2 757 053 T3

Val Ile Asp Val Pro Gly Gly Gln Asn Gln Asn Asn Leu Gln Leu Gln  
 420 425 430  
 5  
 Gln Trp Ser Asp Leu Gly Gly Asn Pro Gln Lys Trp Val Leu Thr Ser  
 435 440 445  
 10  
 Ile Gly Gly Gly Ser Tyr Thr Leu Thr Ser Val Asn Ser Pro Asp Lys  
 450 455 460  
 15  
 Val Ile Asp Ile Arg Asn Gly Thr Leu Thr Asn Gly Glu Ala Val Gln  
 465 470 475 480  
 20  
 Leu Met Ser Asn Leu Asn Thr Thr Ala Gln His Phe Lys Val Asn Asp  
 485 490 495  
 25  
 Leu Gly Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Ile Asn Val Asn Ser Asn Lys Ala  
 500 505 510  
 30  
 Ile Glu Val Glu Asn Ala Ser Thr Ser Asp Gly Ala Lys Leu Gln Gln  
 515 520 525  
 35  
 Asn Thr Tyr Thr Gly Ala Thr Asn Gln Gln Trp Lys Phe Ile Ala Val  
 530 535 540  
 35 Ser Asn  
 545  
 40 <210> 7  
 <211> 1758  
 <212> ADN  
 <213> Paenibacillus sp-18054  
 45 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1755)  
 50 <220>  
 <221> sig\_peptide  
 <222> (1)..(114)  
 55 <220>  
 <221> mat\_peptide  
 <222> (115)..(1755)  
 <400> 7

ES 2 757 053 T3

ttg ctc tgt cat atg ata gcg ctt aca aaa acg cca ttt cga gga gga  
 48  
 Leu Leu Cys His Met Ile Ala Leu Thr Lys Thr Pro Phe Arg Gly Gly  
 -35 -30 -25  
 5  
 gat tca tta atg aga aga gta gtg caa tgg ctg aag ctg gcc acg att  
 96  
 Asp Ser Leu Met Arg Arg Val Val Gln Trp Leu Lys Leu Ala Thr Ile  
 -20 -15 -10  
 10  
 gcg gcg gtg att ttg gct ttg acg gtt ccg ccc ggc gcc ccg gcc gag  
 144  
 Ala Ala Val Ile Leu Ala Leu Thr Val Pro Pro Gly Ala Pro Ala Glu  
 -5 -1 1 5 10  
 15  
 gct tgg tct ggc atg cct acg ccc aag ctt cat gtc agc ggc aac caa  
 192  
 Ala Trp Ser Gly Met Pro Thr Pro Lys Leu His Val Ser Gly Asn Gln  
 15 20 25  
 20  
 ctg gta aat gca aac gga cag cct gtc ctg cta agc ggg tgg cat cag  
 240  
 Leu Val Asn Ala Asn Gly Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp His Gln  
 30 35 40  
 25  
 cct tcc ggg tcc tac tgg acg tat cag agc agc agt tac tac ctg gac  
 288  
 Pro Ser Gly Ser Tyr Trp Thr Tyr Gln Ser Ser Ser Tyr Tyr Leu Asp  
 45 50 55  
 30  
 cgt aac ggc gga aac cgg cat gcc gcc aac ctg gcg tat ctc aag gat  
 336  
 Arg Asn Gly Gly Asn Arg His Ala Ala Asn Leu Ala Tyr Leu Lys Asp  
 60 65 70  
 35  
 atc aca gac acc ttt acg gac acc tcg ccc aaa tac ggg aac aac cac  
 384  
 Ile Thr Asp Thr Phe Thr Asp Thr Ser Pro Lys Tyr Gly Asn Asn His  
 75 80 85 90  
 40  
 ggc tgg tat atg aat cag gtt cgg cta ttc att gat cgc gag gat atg  
 432  
 Gly Trp Tyr Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met  
 95 100 105  
 45  
 ggg gat gtc gcc gaa ggc act tac aac ttt gct gga ttg cag gcg gtt  
 480  
 Gly Asp Val Ala Glu Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Gln Ala Val  
 110 115 120  
 50  
 acg caa aat gtg att att ccg tac att aat tat gcg aga aca aaa ggg  
 528  
 Thr Gln Asn Val Ile Ile Pro Tyr Ile Asn Tyr Ala Arg Thr Lys Gly  
 125 130 135  
 55  
 ctt tat gtg acg ctc gga ctg gat ttt acg ctc aaa gac aat cag gcg  
 576

ES 2 757 053 T3

Leu Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Lys Asp Asn Gln Ala  
 140 145 150  
 5 acc aca cag gcc aat ttg gac aag ttc aat cag att tgg agt tat cta  
 624  
 Thr Thr Gln Ala Asn Leu Asp Lys Phe Asn Gln Ile Trp Ser Tyr Leu  
 155 160 165 170  
 10 gca tcc aga ccg gaa ata aga agc gct gac aac gtc atg ttt gaa att  
 672  
 Ala Ser Arg Pro Glu Ile Arg Ser Ala Asp Asn Val Met Phe Glu Ile  
 175 180 185  
 15 att aac gag ccg gta ttg tcg tat gcg gac ggc aga tgg ggc ggt cat  
 720  
 Ile Asn Glu Pro Val Leu Ser Tyr Ala Asp Gly Arg Trp Gly Gly His  
 190 195 200  
 20 ccg tcc gac cct cat ttt ata gca ttc tgg aac gat ttg cgc agt ttt  
 768  
 Pro Ser Asp Pro His Phe Ile Ala Phe Trp Asn Asp Leu Arg Ser Phe  
 205 210 215  
 25 caa aac tct atc atc tcc tcc att cgc gca caa gga gcg gat aat gtg  
 816  
 Gln Asn Ser Ile Ile Ser Ser Ile Arg Ala Gln Gly Ala Asp Asn Val  
 220 225 230  
 30 atc tgg gcg gcc ggg ctc ggc tgg gat cag tac tac cag ttg tgt gcg  
 864  
 Ile Trp Ala Ala Gly Leu Gly Trp Asp Gln Tyr Tyr Gln Leu Cys Ala  
 235 240 245 250  
 35 tcg cat cct ctg acg gac ccg ctc aat aat gta ggt tat gcg gtt cac  
 912  
 Ser His Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Val Gly Tyr Ala Val His  
 255 260 265  
 40 tgg tat ccg gga tat gga gca ggg gat aac tat tcg gtg ctt cag caa  
 960  
 Trp Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala Gly Asp Asn Tyr Ser Val Leu Gln Gln  
 270 275 280  
 45 caa tgg gat acg aat att aag cca tgc gcc gac aac tat ccg atc aat  
 1008  
 Gln Trp Asp Thr Asn Ile Lys Pro Cys Ala Asp Asn Tyr Pro Ile Asn  
 285 290 295  
 50 ata acg gaa acg acc tgg ttc aag cga ctg cct ggc gat tcg gat tac  
 1056  
 Ile Thr Glu Thr Thr Trp Phe Lys Arg Leu Pro Gly Asp Ser Asp Tyr  
 300 305 310  
 55 tgg aat ttg ttc aat ggc tcg agc gag ggc ttc ggc aaa aat acg aaa  
 1104  
 Trp Asn Leu Phe Asn Gly Ser Ser Glu Gly Phe Gly Lys Asn Thr Lys  
 315 320 325 330

ES 2 757 053 T3

gca atc ttt act gcg gcg ggc aat gcc agc att gcc gtc cat atg aac  
1152  
5 Ala Ile Phe Thr Ala Ala Gly Asn Ala Ser Ile Ala Val His Met Asn  
335 340 345

ggc ttt tta ttg gcg ccg gga gca aga agc tca ttt gcc gat ccg act  
1200  
10 Gly Phe Leu Leu Ala Pro Gly Ala Arg Ser Ser Phe Ala Asp Pro Thr  
350 355 360

gcc ggt ctg tta tac gac gga aat aca gct cga gac ggc atg gcc cgc  
1248  
15 Ala Gly Leu Leu Tyr Asp Gly Asn Thr Ala Arg Asp Gly Met Ala Arg  
365 370 375

ttt ata ttc gag tgg tat tac gaa aga gcg cag ttc ttg ccg tgg aat  
1296  
20 Phe Ile Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Phe Leu Pro Trp Asn  
380 385 390

ggc att tgg aac gga ctg ttc aca gga tcg acc tac aag ttc gtg aat  
1344  
25 Gly Ile Trp Asn Gly Leu Phe Thr Gly Ser Thr Tyr Lys Phe Val Asn  
395 400 405 410

cgg gca acc ggc aaa aat atg gat gtg ccg ggc gga caa aac aat aat  
1392  
30 Arg Ala Thr Gly Lys Asn Met Asp Val Pro Gly Gly Gln Asn Asn Asn  
415 420 425

aat ctg caa ttg aac caa tgg acg gat aat gga gca acg gcg cag cgc  
1440  
35 Asn Leu Gln Leu Asn Gln Trp Thr Asp Asn Gly Ala Thr Ala Gln Arg  
430 435 440

tgg gtc gta gac gat atg ggc act ttc aac aat ata tat cgc atg aag  
1488  
40 Trp Val Val Asp Asp Met Gly Thr Phe Asn Asn Ile Tyr Arg Met Lys  
445 450 455

agc gtc agc tca tcg gac ggc aag gta atg gat gtc cgc aac ggc acc  
1536  
45 Ser Val Ser Ser Ser Asp Gly Lys Val Met Asp Val Arg Asn Gly Thr  
460 465 470

aaa aac aat gga gaa gcc att cag ctt atg cag gac ttc tcg aac acg  
1584  
50 Lys Asn Asn Gly Glu Ala Ile Gln Leu Met Gln Asp Phe Ser Asn Thr  
475 480 485 490

gcg cag cgt ttc cgg att att cga ctt agc aac ggc tat tgg agc att  
1632  
55 Ala Gln Arg Phe Arg Ile Ile Arg Leu Ser Asn Gly Tyr Trp Ser Ile  
495 500 505

ES 2 757 053 T3

att aat gtc aac agc aac aaa gcg gtt gag gtc gcc ggc ggc gct tct  
1680  
Ile Asn Val Asn Ser Asn Lys Ala Val Glu Val Ala Gly Gly Ala Ser  
510 515 520

5  
cat gac gga gcg cta ttg caa cag aac atg tat cgc gga gat cat cat  
1728  
His Asp Gly Ala Leu Leu Gln Gln Asn Met Tyr Arg Gly Asp His His  
525 530 535

10  
caa cag tgg cag ctg gtt cag att caa taa  
1758  
Gln Gln Trp Gln Leu Val Gln Ile Gln  
540 545

15  
<210> 8  
<211> 585  
<212> PRT  
20 <213> Paenibacillus sp-18054  
<400> 8

25  
Leu Leu Cys His Met Ile Ala Leu Thr Lys Thr Pro Phe Arg Gly Gly  
-35 -30 -25

30  
Asp Ser Leu Met Arg Arg Val Val Gln Trp Leu Lys Leu Ala Thr Ile  
-20 -15 -10

35  
Ala Ala Val Ile Leu Ala Leu Thr Val Pro Pro Gly Ala Pro Ala Glu  
-5 -1 1 5 10

40  
Ala Trp Ser Gly Met Pro Thr Pro Lys Leu His Val Ser Gly Asn Gln  
15 20 25

45  
Leu Val Asn Ala Asn Gly Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp His Gln  
30 35 40

50  
Pro Ser Gly Ser Tyr Trp Thr Tyr Gln Ser Ser Ser Tyr Tyr Leu Asp  
45 50 55

55  
Arg Asn Gly Gly Asn Arg His Ala Ala Asn Leu Ala Tyr Leu Lys Asp  
60 65 70

60  
Ile Thr Asp Thr Phe Thr Asp Thr Ser Pro Lys Tyr Gly Asn Asn His  
75 80 85 90

65  
Gly Trp Tyr Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met  
95 100 105



ES 2 757 053 T3

Gly Asp Val Ala Glu Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Gln Ala Val  
 110 115 120  
 5  
 Thr Gln Asn Val Ile Ile Pro Tyr Ile Asn Tyr Ala Arg Thr Lys Gly  
 125 130 135  
 10  
 Leu Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Lys Asp Asn Gln Ala  
 140 145 150  
 15  
 Thr Thr Gln Ala Asn Leu Asp Lys Phe Asn Gln Ile Trp Ser Tyr Leu  
 155 160 165 170  
 20  
 Ala Ser Arg Pro Glu Ile Arg Ser Ala Asp Asn Val Met Phe Glu Ile  
 175 180 185  
 25  
 Ile Asn Glu Pro Val Leu Ser Tyr Ala Asp Gly Arg Trp Gly Gly His  
 190 195 200  
 30  
 Pro Ser Asp Pro His Phe Ile Ala Phe Trp Asn Asp Leu Arg Ser Phe  
 205 210 215  
 35  
 Gln Asn Ser Ile Ile Ser Ser Ile Arg Ala Gln Gly Ala Asp Asn Val  
 220 225 230  
 40  
 Ile Trp Ala Ala Gly Leu Gly Trp Asp Gln Tyr Tyr Gln Leu Cys Ala  
 235 240 245 250  
 45  
 Ser His Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Val Gly Tyr Ala Val His  
 255 260 265  
 50  
 Trp Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala Gly Asp Asn Tyr Ser Val Leu Gln Gln  
 270 275 280  
 55  
 Gln Trp Asp Thr Asn Ile Lys Pro Cys Ala Asp Asn Tyr Pro Ile Asn  
 285 290 295  
 60  
 Ile Thr Glu Thr Thr Trp Phe Lys Arg Leu Pro Gly Asp Ser Asp Tyr  
 300 305 310  
 65  
 Trp Asn Leu Phe Asn Gly Ser Ser Glu Gly Phe Gly Lys Asn Thr Lys  
 315 320 325 330

ES 2 757 053 T3

Ala Ile Phe Thr Ala Ala Gly Asn Ala Ser Ile Ala Val His Met Asn  
 335 340 345

5  
 Gly Phe Leu Leu Ala Pro Gly Ala Arg Ser Ser Phe Ala Asp Pro Thr  
 350 355 360

10  
 Ala Gly Leu Leu Tyr Asp Gly Asn Thr Ala Arg Asp Gly Met Ala Arg  
 365 370 375

15  
 Phe Ile Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Phe Leu Pro Trp Asn  
 380 385 390

20  
 Gly Ile Trp Asn Gly Leu Phe Thr Gly Ser Thr Tyr Lys Phe Val Asn  
 395 400 405 410

25  
 Arg Ala Thr Gly Lys Asn Met Asp Val Pro Gly Gly Gln Asn Asn Asn  
 415 420 425

30  
 Trp Val Val Asp Asp Met Gly Thr Phe Asn Asn Ile Tyr Arg Met Lys  
 445 450 455

35  
 Ser Val Ser Ser Ser Asp Gly Lys Val Met Asp Val Arg Asn Gly Thr  
 460 465 470

40  
 Lys Asn Asn Gly Glu Ala Ile Gln Leu Met Gln Asp Phe Ser Asn Thr  
 475 480 485 490

45  
 Ala Gln Arg Phe Arg Ile Ile Arg Leu Ser Asn Gly Tyr Trp Ser Ile  
 495 500 505

50  
 Ile Asn Val Asn Ser Asn Lys Ala Val Glu Val Ala Gly Gly Ala Ser  
 510 515 520

55  
 His Asp Gly Ala Leu Leu Gln Gln Asn Met Tyr Arg Gly Asp His His  
 525 530 535

Gln Gln Trp Gln Leu Val Gln Ile Gln  
 540 545

ES 2 757 053 T3

<210> 9  
 <211> 547  
 <212> PRT  
 <213> Paenibacillus sp-18054

5

<220>  
 <221> mat\_peptide  
 <222> (1)..(547)

10

<400> 9

Leu Thr Val Pro Pro Gly Ala Pro Ala Glu Ala Trp Ser Gly Met Pro  
 1 5 10 15

15

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

20

Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp His Gln Pro Ser Gly Ser Tyr Trp  
 35 40 45

25

Thr Tyr Gln Ser Ser Ser Tyr Tyr Leu Asp Arg Asn Gly Gly Asn Arg  
 50 55 60

30

His Ala Ala Asn Leu Ala Tyr Leu Lys Asp Ile Thr Asp Thr Phe Thr  
 65 70 75 80

35

Asp Thr Ser Pro Lys Tyr Gly Asn Asn His Gly Trp Tyr Met Asn Gln  
 85 90 95

40

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

45

Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Gln Ala Val Thr Gln Asn Val Ile Ile  
 115 120 125

50

Pro Tyr Ile Asn Tyr Ala Arg Thr Lys Gly Leu Tyr Val Thr Leu Gly  
 130 135 140

55

Leu Asp Phe Thr Leu Lys Asp Asn Gln Ala Thr Thr Gln Ala Asn Leu  
 145 150 155 160

Asp Lys Phe Asn Gln Ile Trp Ser Tyr Leu Ala Ser Arg Pro Glu Ile  
 165 170 175

Arg Ser Ala Asp Asn Val Met Phe Glu Ile Ile Asn Glu Pro Val Leu

ES 2 757 053 T3

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

ES 2 757 053 T3

Met Asp Val Pro Gly Gly Gln Asn Asn Asn Asn Leu Gln Leu Asn Gln  
 420 425 430  
 5  
 Trp Thr Asp Asn Gly Ala Thr Ala Gln Arg Trp Val Val Asp Asp Met  
 435 440 445  
 10  
 Gly Thr Phe Asn Asn Ile Tyr Arg Met Lys Ser Val Ser Ser Ser Asp  
 450 455 460  
 15  
 Gly Lys Val Met Asp Val Arg Asn Gly Thr Lys Asn Asn Gly Glu Ala  
 465 470 475 480  
 20  
 Ile Gln Leu Met Gln Asp Phe Ser Asn Thr Ala Gln Arg Phe Arg Ile  
 485 490 495  
 25  
 Ile Arg Leu Ser Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Ile Asn Val Asn Ser Asn  
 500 505 510  
 30  
 Lys Ala Val Glu Val Ala Gly Gly Ala Ser His Asp Gly Ala Leu Leu  
 515 520 525  
 35  
 Gln Ile Gln  
 545  
 40  
 <210> 10  
 <211> 1749  
 <212> ADN  
 <213> Secuencia artificial  
 45  
 <220>  
 <223> Construcción de expresión  
 50  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1746)  
 55  
 <220>  
 <221> sig\_peptide  
 <222> (1)..(81)  
 <220>  
 <221> mat\_peptide

ES 2 757 053 T3

<222> (82)..(1746)

<400> 10

```

5  atg aag aaa ccg ttg ggg aaa att gtc gca agc acc gca cta ctc att
   48
   Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile
     -25                               -20                               -15

10  tct gtt gct ttt agt tca tcg ata gca tca gca cat cat cat cac cat
   96
   Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His His His His His
     -10                               -5                               -1 1                               5

15  cat cct agg ttg acg gtt ccg ccc ggc gcc ccg gcc gag gct tgg tct
  144
   His Pro Arg Leu Thr Val Pro Pro Gly Ala Pro Ala Glu Ala Trp Ser
                               10                               15                               20

20  ggc atg cct acg ccc aag ctt cat gtc agc ggc aac caa ctg gta aat
  192
   Gly Met Pro Thr Pro Lys Leu His Val Ser Gly Asn Gln Leu Val Asn
                               25                               30                               35

25  gca aac gga cag cct gtc ctg cta agc ggg tgg cat cag cct tcc ggg
  240
   Ala Asn Gly Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp His Gln Pro Ser Gly
                               40                               45                               50

30  tcc tac tgg acg tat cag agc agc agt tac tac ctg gac cgt aac ggc
  288
   Ser Tyr Trp Thr Tyr Gln Ser Ser Ser Tyr Tyr Leu Asp Arg Asn Gly
                               55                               60                               65

35  gga aac cgg cat gcc gcc aac ctg gcg tat ctc aag gat atc aca gac
  336
   Gly Asn Arg His Ala Ala Asn Leu Ala Tyr Leu Lys Asp Ile Thr Asp
   70                               75                               80                               85

40  acc ttt acg gac acc tcg ccc aaa tac ggg aac aac cac ggc tgg tat
  384
   Thr Phe Thr Asp Thr Ser Pro Lys Tyr Gly Asn Asn His Gly Trp Tyr
                               90                               95                               100

45  atg aat cag gtt cgg cta ttc att gat cgc gag gat atg ggg gat gtc
  432
   Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met Gly Asp Val
                               105                               110                               115

50  gcc gaa ggc act tac aac ttt gct gga ttg cag gcg gtt acg caa aat
  480
   Ala Glu Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Gln Ala Val Thr Gln Asn
                               120                               125                               130

55  gtg att att ccg tac att aat tat gcg aga aca aaa ggg ctt tat gtg
  528
   Val Ile Ile Pro Tyr Ile Asn Tyr Ala Arg Thr Lys Gly Leu Tyr Val
                               135                               140                               145

```

ES 2 757 053 T3

acg ctc gga ctg gat ttt acg ctc aaa gac aat cag gcg acc aca cag  
 576  
 5 Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Lys Asp Asn Gln Ala Thr Thr Gln  
 150 155 160 165  
  
 gcc aat ttg gac aag ttc aat cag att tgg agt tat cta gca tcc aga  
 624  
 10 Ala Asn Leu Asp Lys Phe Asn Gln Ile Trp Ser Tyr Leu Ala Ser Arg  
 170 175 180  
  
 ccg gaa ata aga agc gct gac aac gtc atg ttt gaa att att aac gag  
 672  
 15 Pro Glu Ile Arg Ser Ala Asp Asn Val Met Phe Glu Ile Ile Asn Glu  
 185 190 195  
  
 ccg gta ttg tcg tat gcg gac ggc aga tgg ggc ggt cat ccg tcc gac  
 720  
 20 Pro Val Leu Ser Tyr Ala Asp Gly Arg Trp Gly Gly His Pro Ser Asp  
 200 205 210  
  
 cct cat ttt ata gca ttc tgg aac gat ttg cgc agt ttt caa aac tct  
 768  
 25 Pro His Phe Ile Ala Phe Trp Asn Asp Leu Arg Ser Phe Gln Asn Ser  
 215 220 225  
  
 atc atc tcc tcc att cgc gca caa gga gcg gat aat gtg atc tgg gcg  
 816  
 30 Ile Ile Ser Ser Ile Arg Ala Gln Gly Ala Asp Asn Val Ile Trp Ala  
 230 235 240 245  
  
 gcc ggg ctc ggc tgg gat cag tac tac cag ttg tgt gcg tcg cat cct  
 864  
 35 Ala Gly Leu Gly Trp Asp Gln Tyr Tyr Gln Leu Cys Ala Ser His Pro  
 250 255 260  
  
 ctg acg gac ccg ctc aat aat gta ggt tat gcg gtt cac tgg tat ccg  
 912  
 40 Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Val Gly Tyr Ala Val His Trp Tyr Pro  
 265 270 275  
  
 gga tat gga gca ggg gat aac tat tcg gtg ctt cag caa caa tgg gat  
 960  
 45 Gly Tyr Gly Ala Gly Asp Asn Tyr Ser Val Leu Gln Gln Gln Trp Asp  
 280 285 290  
  
 acg aat att aag cca tgc gcc gac aac tat ccg atc aat ata acg gaa  
 1008  
 50 Thr Asn Ile Lys Pro Cys Ala Asp Asn Tyr Pro Ile Asn Ile Thr Glu  
 295 300 305  
  
 acg acc tgg ttc aag cga ctg cct ggc gat tcg gat tac tgg aat ttg  
 1056  
 55 Thr Thr Trp Phe Lys Arg Leu Pro Gly Asp Ser Asp Tyr Trp Asn Leu  
 310 315 320 325

ES 2 757 053 T3

ttc aat ggc tcg agc gag ggc ttc ggc aaa aat acg aaa gca atc ttt  
 1104  
 Phe Asn Gly Ser Ser Glu Gly Phe Gly Lys Asn Thr Lys Ala Ile Phe  
 330 335 340  
 5  
 act gcg gcg ggc aat gcc agc att gcc gtc cat atg aac ggc ttt tta  
 1152  
 Thr Ala Ala Gly Asn Ala Ser Ile Ala Val His Met Asn Gly Phe Leu  
 345 350 355  
 10  
 ttg gcg ccg gga gca aga agc tca ttt gcc gat ccg act gcc ggt ctg  
 1200  
 Leu Ala Pro Gly Ala Arg Ser Ser Phe Ala Asp Pro Thr Ala Gly Leu  
 360 365 370  
 15  
 tta tac gac gga aat aca gct cga gac ggc atg gcc cgc ttt ata ttc  
 1248  
 Leu Tyr Asp Gly Asn Thr Ala Arg Asp Gly Met Ala Arg Phe Ile Phe  
 375 380 385  
 20  
 gag tgg tat tac gaa aga gcg cag ttc ttg ccg tgg aat ggc att tgg  
 1296  
 Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Phe Leu Pro Trp Asn Gly Ile Trp  
 390 395 400 405  
 25  
 aac gga ctg ttc aca gga tcg acc tac aag ttc gtg aat cgg gca acc  
 1344  
 Asn Gly Leu Phe Thr Gly Ser Thr Tyr Lys Phe Val Asn Arg Ala Thr  
 410 415 420  
 30  
 ggc aaa aat atg gat gtg ccg ggc gga caa aac aat aat aat ctg caa  
 1392  
 Gly Lys Asn Met Asp Val Pro Gly Gly Gln Asn Asn Asn Asn Leu Gln  
 425 430 435  
 35  
 ttg aac caa tgg acg gat aat gga gca acg gcg cag cgc tgg gtc gta  
 1440  
 Leu Asn Gln Trp Thr Asp Asn Gly Ala Thr Ala Gln Arg Trp Val Val  
 440 445 450  
 40  
 gac gat atg ggc act ttc aac aat ata tat cgc atg aag agc gtc agc  
 1488  
 Asp Asp Met Gly Thr Phe Asn Asn Ile Tyr Arg Met Lys Ser Val Ser  
 455 460 465  
 45  
 tca tcg gac ggc aag gta atg gat gtc cgc aac ggc acc aaa aac aat  
 1536  
 Ser Ser Asp Gly Lys Val Met Asp Val Arg Asn Gly Thr Lys Asn Asn  
 470 475 480 485  
 50  
 gga gaa gcc att cag ctt atg cag gac ttc tcg aac acg gcg cag cgt  
 1584  
 Gly Glu Ala Ile Gln Leu Met Gln Asp Phe Ser Asn Thr Ala Gln Arg  
 490 495 500  
 55  
 ttc cgg att att cga ctt agc aac ggc tat tgg agc att att aat gtc  
 1632



ES 2 757 053 T3

Phe Arg Ile Ile Arg Leu Ser Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Ile Asn Val  
 505 510 515  
 aac agc aac aaa gcg gtt gag gtc gcc ggc ggc gct tct cat gac gga  
 5 1680  
 Asn Ser Asn Lys Ala Val Glu Val Ala Gly Gly Ala Ser His Asp Gly  
 520 525 530  
 gcg cta ttg caa cag aac atg tat cgc gga gat cat cat caa cag tgg  
 10 1728  
 Ala Leu Leu Gln Gln Asn Met Tyr Arg Gly Asp His His Gln Gln Trp  
 535 540 545  
 cag ctg gtt cag att caa taa  
 15 1749  
 Gln Leu Val Gln Ile Gln  
 550 555  
 <210> 11  
 <211> 582  
 <212> PRT  
 <213> Secuencia artificial  
 <220>  
 <223> Construcción sintética  
 <400> 11  
 30 Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile  
 -25 -20 -15  
 35 Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His His His His His  
 -10 -5 -1 1 5  
 40 His Pro Arg Leu Thr Val Pro Pro Gly Ala Pro Ala Glu Ala Trp Ser  
 10 15 20  
 45 Gly Met Pro Thr Pro Lys Leu His Val Ser Gly Asn Gln Leu Val Asn  
 25 30 35  
 50 Ala Asn Gly Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp His Gln Pro Ser Gly  
 40 45 50  
 55 Ser Tyr Trp Thr Tyr Gln Ser Ser Ser Tyr Tyr Leu Asp Arg Asn Gly  
 55 60 65  
 60 Gly Asn Arg His Ala Ala Asn Leu Ala Tyr Leu Lys Asp Ile Thr Asp  
 70 75 80 85

ES 2 757 053 T3

Thr Phe Thr Asp Thr Ser Pro Lys Tyr Gly Asn Asn His Gly Trp Tyr  
 90 95 100  
 5 Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met Gly Asp Val  
 105 110 115  
 10 Ala Glu Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Gln Ala Val Thr Gln Asn  
 120 125 130  
 15 Val Ile Ile Pro Tyr Ile Asn Tyr Ala Arg Thr Lys Gly Leu Tyr Val  
 135 140 145  
 20 Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Lys Asp Asn Gln Ala Thr Thr Gln  
 150 155 160 165  
 25 Ala Asn Leu Asp Lys Phe Asn Gln Ile Trp Ser Tyr Leu Ala Ser Arg  
 170 175 180  
 30 Pro Glu Ile Arg Ser Ala Asp Asn Val Met Phe Glu Ile Ile Asn Glu  
 185 190 195  
 35 Pro Val Leu Ser Tyr Ala Asp Gly Arg Trp Gly Gly His Pro Ser Asp  
 200 205 210  
 40 Pro His Phe Ile Ala Phe Trp Asn Asp Leu Arg Ser Phe Gln Asn Ser  
 215 220 225  
 45 Ile Ile Ser Ser Ile Arg Ala Gln Gly Ala Asp Asn Val Ile Trp Ala  
 230 235 240 245  
 50 Ala Gly Leu Gly Trp Asp Gln Tyr Tyr Gln Leu Cys Ala Ser His Pro  
 250 255 260  
 55 Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Val Gly Tyr Ala Val His Trp Tyr Pro  
 265 270 275  
 60 Gly Tyr Gly Ala Gly Asp Asn Tyr Ser Val Leu Gln Gln Gln Trp Asp  
 280 285 290  
 65 Thr Asn Ile Lys Pro Cys Ala Asp Asn Tyr Pro Ile Asn Ile Thr Glu  
 295 300 305  
 70 Thr Thr Trp Phe Lys Arg Leu Pro Gly Asp Ser Asp Tyr Trp Asn Leu

ES 2 757 053 T3

	310					315						320				325
5	Phe	Asn	Gly	Ser	Ser	Glu	Gly	Phe	Gly	Lys	Asn	Thr	Lys	Ala	Ile	Phe
					330					335					340	
10	Thr	Ala	Ala	Gly	Asn	Ala	Ser	Ile	Ala	Val	His	Met	Asn	Gly	Phe	Leu
				345					350					355		
15	Leu	Ala	Pro	Gly	Ala	Arg	Ser	Ser	Phe	Ala	Asp	Pro	Thr	Ala	Gly	Leu
			360					365					370			
20	Leu	Tyr	Asp	Gly	Asn	Thr	Ala	Arg	Asp	Gly	Met	Ala	Arg	Phe	Ile	Phe
		375					380					385				
25	Glu	Trp	Tyr	Tyr	Glu	Arg	Ala	Gln	Phe	Leu	Pro	Trp	Asn	Gly	Ile	Trp
	390					395					400					405
30	Asn	Gly	Leu	Phe	Thr	Gly	Ser	Thr	Tyr	Lys	Phe	Val	Asn	Arg	Ala	Thr
					410					415					420	
35	Gly	Lys	Asn	Met	Asp	Val	Pro	Gly	Gly	Gln	Asn	Asn	Asn	Asn	Leu	Gln
				425					430					435		
40	Leu	Asn	Gln	Trp	Thr	Asp	Asn	Gly	Ala	Thr	Ala	Gln	Arg	Trp	Val	Val
			440					445					450			
45	Asp	Asp	Met	Gly	Thr	Phe	Asn	Asn	Ile	Tyr	Arg	Met	Lys	Ser	Val	Ser
		455					460					465				
50	Ser	Ser	Asp	Gly	Lys	Val	Met	Asp	Val	Arg	Asn	Gly	Thr	Lys	Asn	Asn
	470					475					480					485
55	Gly	Glu	Ala	Ile	Gln	Leu	Met	Gln	Asp	Phe	Ser	Asn	Thr	Ala	Gln	Arg
					490					495					500	
60	Phe	Arg	Ile	Ile	Arg	Leu	Ser	Asn	Gly	Tyr	Trp	Ser	Ile	Ile	Asn	Val
				505					510					515		
65	Asn	Ser	Asn	Lys	Ala	Val	Glu	Val	Ala	Gly	Gly	Ala	Ser	His	Asp	Gly
			520					525					530			
70	Ala	Leu	Leu	Gln	Gln	Asn	Met	Tyr	Arg	Gly	Asp	His	His	Gln	Gln	Trp
		535					540					545				

ES 2 757 053 T3

Gln Leu Val Gln Ile Gln  
550 555

5

<210> 12  
<211> 555  
<212> PRT  
10 <213> Secuencia artificial

<220>  
<223> Secuencia madura con etiqueta de polihistidina

15

<220>  
<221> mat\_peptide  
<222> (1)..(555)

20 <400> 12

His His His His His His Pro Arg Leu Thr Val Pro Pro Gly Ala Pro  
1 5 10 15

25

Ala Glu Ala Trp Ser Gly Met Pro Thr Pro Lys Leu His Val Ser Gly  
20 25 30

30

Asn Gln Leu Val Asn Ala Asn Gly Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp  
35 40 45

35

His Gln Pro Ser Gly Ser Tyr Trp Thr Tyr Gln Ser Ser Ser Tyr Tyr  
50 55 60

40

Leu Asp Arg Asn Gly Gly Asn Arg His Ala Ala Asn Leu Ala Tyr Leu  
65 70 75 80

45

Lys Asp Ile Thr Asp Thr Phe Thr Asp Thr Ser Pro Lys Tyr Gly Asn  
85 90 95

50

Asn His Gly Trp Tyr Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu  
100 105 110

55

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

Ala Val Thr Gln Asn Val Ile Ile Pro Tyr Ile Asn Tyr Ala Arg Thr  
130 135 140

ES 2 757 053 T3

Lys Gly Leu Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Lys Asp Asn  
 145 150 155 160

5 Gln Ala Thr Thr Gln Ala Asn Leu Asp Lys Phe Asn Gln Ile Trp Ser  
 165 170 175

Tyr Leu Ala Ser Arg Pro Glu Ile Arg Ser Ala Asp Asn Val Met Phe  
 10 180 185 190

Glu Ile Ile Asn Glu Pro Val Leu Ser Tyr Ala Asp Gly Arg Trp Gly  
 15 195 200 205

Gly His Pro Ser Asp Pro His Phe Ile Ala Phe Trp Asn Asp Leu Arg  
 20 210 215 220

Ser Phe Gln Asn Ser Ile Ile Ser Ser Ile Arg Ala Gln Gly Ala Asp  
 225 230 235 240

25 Asn Val Ile Trp Ala Ala Gly Leu Gly Trp Asp Gln Tyr Tyr Gln Leu  
 245 250 255

Cys Ala Ser His Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Val Gly Tyr Ala  
 30 260 265 270

Val His Trp Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala Gly Asp Asn Tyr Ser Val Leu  
 35 275 280 285

Gln Gln Gln Trp Asp Thr Asn Ile Lys Pro Cys Ala Asp Asn Tyr Pro  
 290 295 300

40 Ile Asn Ile Thr Glu Thr Thr Trp Phe Lys Arg Leu Pro Gly Asp Ser  
 305 310 315 320

45 Asp Tyr Trp Asn Leu Phe Asn Gly Ser Ser Glu Gly Phe Gly Lys Asn  
 325 330 335

Thr Lys Ala Ile Phe Thr Ala Ala Gly Asn Ala Ser Ile Ala Val His  
 50 340 345 350

Met Asn Gly Phe Leu Leu Ala Pro Gly Ala Arg Ser Ser Phe Ala Asp  
 55 355 360 365

Pro Thr Ala Gly Leu Leu Tyr Asp Gly Asn Thr Ala Arg Asp Gly Met

ES 2 757 053 T3

370 375 380

5 Ala Arg Phe Ile Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Phe Leu Pro  
385 390 395 400

10 Trp Asn Gly Ile Trp Asn Gly Leu Phe Thr Gly Ser Thr Tyr Lys Phe  
405 410 415

15 Val Asn Arg Ala Thr Gly Lys Asn Met Asp Val Pro Gly Gly Gln Asn  
420 425 430

20 Asn Asn Asn Leu Gln Leu Asn Gln Trp Thr Asp Asn Gly Ala Thr Ala  
435 440 445

25 Gln Arg Trp Val Val Asp Asp Met Gly Thr Phe Asn Asn Ile Tyr Arg  
450 455 460

30 Met Lys Ser Val Ser Ser Ser Asp Gly Lys Val Met Asp Val Arg Asn  
465 470 475 480

35 Gly Thr Lys Asn Asn Gly Glu Ala Ile Gln Leu Met Gln Asp Phe Ser  
485 490 495

40 Asn Thr Ala Gln Arg Phe Arg Ile Ile Arg Leu Ser Asn Gly Tyr Trp  
500 505 510

45 Ser Ile Ile Asn Val Asn Ser Asn Lys Ala Val Glu Val Ala Gly Gly  
515 520 525

50 Ala Ser His Asp Gly Ala Leu Leu Gln Gln Asn Met Tyr Arg Gly Asp  
530 535 540

55 His His Gln Gln Trp Gln Leu Val Gln Ile Gln  
545 550 555

<210> 13  
<211> 1875  
<212> ADN  
<213> metagenoma de estiércol de elefante

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(1872)

ES 2 757 053 T3

```

<220>
<221> sig_peptide
<222> (1)..(78)

5 <220>
<221> mat_peptide
<222> (79)..(1872)

<400> 13
10 atg ata aga aaa tta cac aaa tca tgg aga ctg ttc ctt ttg gtc ttc
48
Met Ile Arg Lys Leu His Lys Ser Trp Arg Leu Phe Leu Leu Val Phe
-25 -20 -15

15 gtt ctg gtt att tcc aac gaa tca ttc gct tgg cgt gga atg cgc atg
96
Val Leu Val Ile Ser Asn Glu Ser Phe Ala Trp Arg Gly Met Arg Met
-10 -5 -1 1 5

20 cct gaa cta ttc att aaa ggc cgt tac ctc atg gct aag gat atg aac
144
Pro Glu Leu Phe Ile Lys Gly Arg Tyr Leu Met Ala Lys Asp Met Asn
10 15 20

25 ggc aat gat agt atc gta aac ctt cat ggt ttc gga cag aca tac tct
192
Gly Asn Asp Ser Ile Val Asn Leu His Gly Phe Gly Gln Thr Tyr Ser
25 30 35

30 gcc tat ttc aat gga tat gct tgg tgt aag aac cct gat ggc tcg gtc
240
Ala Tyr Phe Asn Gly Tyr Ala Trp Cys Lys Asn Pro Asp Gly Ser Val
40 45 50

35 aac tgg ggt aag act aag gat gct gcc gca tgc gtg aaa tgg aat aag
288
Asn Trp Gly Lys Thr Lys Asp Ala Ala Ala Cys Val Lys Trp Asn Lys
55 60 65 70

40 gag cag att gga ctt atg ctt gac cat ggt tgg aag gtc aac tgg ctt
336
Glu Gln Ile Gly Leu Met Leu Asp His Gly Trp Lys Val Asn Trp Leu
75 80 85

45 cga ctt cac atg gat cca gca tgg agc aac aac gag aca aag gtc aat
384
Arg Leu His Met Asp Pro Ala Trp Ser Asn Asn Glu Thr Lys Val Asn
90 95 100

50 caa tgg caa agc cag cat cca ggc act tac tac agc gag aat ctt atc
432
Gln Trp Gln Ser Gln His Pro Gly Thr Tyr Tyr Ser Glu Asn Leu Ile
105 110 115

55 gtg gca ttc gat atg aac ctc ttc aag aaa tac ctt gac gag atc ttc
480
Val Ala Phe Asp Met Asn Leu Phe Lys Lys Tyr Leu Asp Glu Ile Phe

```

ES 2 757 053 T3

	120		125		130												
	att	cct	atg	gca	gaa	tat	gcc	att	gag	aat	ggc	atc	tac	gtg	gtt	atg	
	528																
5	Ile	Pro	Met	Ala	Glu	Tyr	Ala	Ile	Glu	Asn	Gly	Ile	Tyr	Val	Val	Met	
	135					140					145					150	
	cgc	cca	cct	ggt	gta	tgc	cct	cag	aaa	ctt	acc	gta	ggc	gat	gaa	tat	
	576																
10	Arg	Pro	Pro	Gly	Val	Cys	Pro	Gln	Lys	Leu	Thr	Val	Gly	Asp	Glu	Tyr	
					155					160					165		
	cag	cag	tat	ctt	atc	aaa	gta	tgg	act	tac	gta	tgt	agc	cac	gag	aag	
	624																
15	Gln	Gln	Tyr	Leu	Ile	Lys	Val	Trp	Thr	Tyr	Val	Cys	Ser	His	Glu	Lys	
				170					175					180			
	ctt	aag	aat	aac	cca	tac	att	atg	ttt	gag	ctt	gcc	aat	gaa	cct	atc	
	672																
20	Leu	Lys	Asn	Asn	Pro	Tyr	Ile	Met	Phe	Glu	Leu	Ala	Asn	Glu	Pro	Ile	
			185					190					195				
	gac	atg	aac	gat	ggt	aac	ggc	aac	tac	aca	agc	tgg	tct	gac	ggt	tct	
	720																
25	Asp	Met	Asn	Asp	Gly	Asn	Gly	Asn	Tyr	Thr	Ser	Trp	Ser	Asp	Gly	Ser	
		200					205					210					
	cag	aag	aac	tgc	aca	aag	ttc	ttc	cag	aag	att	gtt	gac	gag	atc	cgt	
	768																
30	Gln	Lys	Asn	Cys	Thr	Lys	Phe	Phe	Gln	Lys	Ile	Val	Asp	Glu	Ile	Arg	
	215					220					225					230	
	gcc	gtg	ggc	tgc	aac	aac	att	ctc	tgg	gta	ccg	gga	ctt	gcc	tat	cag	
	816																
35	Ala	Val	Gly	Cys	Asn	Asn	Ile	Leu	Trp	Val	Pro	Gly	Leu	Ala	Tyr	Gln	
					235					240					245		
	cag	aac	tat	cag	ggc	tat	gtg	aag	tat	cct	att	gta	ggc	gag	aac	atc	
	864																
40	Gln	Asn	Tyr	Gln	Gly	Tyr	Val	Lys	Tyr	Pro	Ile	Val	Gly	Glu	Asn	Ile	
				250					255					260			
	gga	ttc	gcc	gtg	cat	tgc	tac	cca	ggc	tgg	tat	ggc	tct	gac	tca	gaa	
	912																
45	Gly	Phe	Ala	Val	His	Cys	Tyr	Pro	Gly	Trp	Tyr	Gly	Ser	Asp	Ser	Glu	
			265					270					275				
	gtt	gct	tca	gca	gaa	cag	cag	att	gtg	acc	aac	ggc	aac	acc	tac	gcc	
	960																
50	Val	Ala	Ser	Ala	Glu	Gln	Gln	Ile	Val	Thr	Asn	Gly	Asn	Thr	Tyr	Ala	
		280					285					290					
	gac	ttc	cag	tca	ggc	tgg	agt	gca	agc	atc	gat	ggt	gtc	tca	aag	ctt	
	1008																
55	Asp	Phe	Gln	Ser	Gly	Trp	Ser	Ala	Ser	Ile	Asp	Gly	Val	Ser	Lys	Leu	
	295					300					305					310	



ES 2 757 053 T3

cgt cct atc att gtc aca gag atg gac tgg gct cca aag aaa tac aat  
 1056  
 Arg Pro Ile Ile Val Thr Glu Met Asp Trp Ala Pro Lys Lys Tyr Asn  
 315 320 325  
 5  
 agc tca tgg ggt aag gct aca aca ggc aag ctc ggt ggt gta ggc ttc  
 1104  
 Ser Ser Trp Gly Lys Ala Thr Thr Gly Lys Leu Gly Gly Val Gly Phe  
 330 335 340  
 10  
 gga aac aac ttc aaa tac atc atg gat aag acc ggc aac gtg agc tgg  
 1152  
 Gly Asn Asn Phe Lys Tyr Ile Met Asp Lys Thr Gly Asn Val Ser Trp  
 345 350 355  
 15  
 atg ctg ttt acc gat gca gat aag ctt gcc aaa tat gat gac tca aaa  
 1200  
 Met Leu Phe Thr Asp Ala Asp Lys Leu Ala Lys Tyr Asp Asp Ser Lys  
 360 365 370  
 20  
 gct gat gga agc acc ttc ctc acc gac cca gag gca tgc cca cgc cct  
 1248  
 Ala Asp Gly Ser Thr Phe Leu Thr Asp Pro Glu Ala Cys Pro Arg Pro  
 375 380 385 390  
 25  
 gta tat cgc tgg tat aag gaa tat gca gaa cca ggt tgg aag ttc gtt  
 1296  
 Val Tyr Arg Trp Tyr Lys Glu Tyr Ala Glu Pro Gly Trp Lys Phe Val  
 395 400 405  
 30  
 gaa acc ctt gcc gat gag ttc tat atg ttc cct ggc acc aac tct atc  
 1344  
 Glu Thr Leu Ala Asp Glu Phe Tyr Met Phe Pro Gly Thr Asn Ser Ile  
 410 415 420  
 35  
 ttc agc cct aac atc tgg gag aaa ggc aca ctc acc aag aac gat gac  
 1392  
 Phe Ser Pro Asn Ile Trp Glu Lys Gly Thr Leu Thr Lys Asn Asp Asp  
 425 430 435  
 40  
 ggc agt cgc acc ctc gtc acc ggt cag tat ggc ttc ggc gga tgg aaa  
 1440  
 Gly Ser Arg Thr Leu Val Thr Gly Gln Tyr Gly Phe Gly Gly Trp Lys  
 440 445 450  
 45  
 ttc ggt ggt ggt ctc gac atg tcc gga tac aaa tat ctt gtg tta aac  
 1488  
 Phe Gly Gly Gly Leu Asp Met Ser Gly Tyr Lys Tyr Leu Val Leu Asn  
 455 460 465 470  
 50  
 ctt aca aag gca cca gcg tca aat caa tgg tca tta aga ttg ttt gat  
 1536  
 Leu Thr Lys Ala Pro Ala Ser Asn Gln Trp Ser Leu Arg Leu Phe Asp  
 475 480 485  
 55  
 gta gat aac tac tgg aca gat cct tat atg aag gat gta aag agc agc  
 1584

ES 2 757 053 T3

Val Asp Asn Tyr Trp Thr Asp Pro Tyr Met Lys Asp Val Lys Ser Ser  
 490 495 500  
 5 aca cgc gtt gtc gtt gac ctc cag aat atg aag aac agc aag ggc gta  
 1632  
 Thr Arg Val Val Val Asp Leu Gln Asn Met Lys Asn Ser Lys Gly Val  
 505 510 515  
 10 aag gtt gac cct tca cat atc tat atc ctc gga ctt tgg agt act ggt  
 1680  
 Lys Val Asp Pro Ser His Ile Tyr Ile Leu Gly Leu Trp Ser Thr Gly  
 520 525 530  
 15 gga acg cct atc act att aag gat atc tat ctt acc aac aac tct gac  
 1728  
 Gly Thr Pro Ile Thr Ile Lys Asp Ile Tyr Leu Thr Asn Asn Ser Asp  
 535 540 545 550  
 20 tat tca cca gag tca act ggt atc agc gag aca ctc gca gaa aag cgc  
 1776  
 Tyr Ser Pro Glu Ser Thr Gly Ile Ser Glu Thr Leu Ala Glu Lys Arg  
 555 560 565  
 25 ctt gac act cct atc tac aac ctg agt gga cag cgt gta aca gaa cca  
 1824  
 Leu Asp Thr Pro Ile Tyr Asn Leu Ser Gly Gln Arg Val Thr Glu Pro  
 570 575 580  
 30 aga aac gga cat gtc tat att aga aac ggc aag aaa ttt att tac aaa  
 1872  
 Arg Asn Gly His Val Tyr Ile Arg Asn Gly Lys Lys Phe Ile Tyr Lys  
 585 590 595  
 35 taa  
 1875  
 <210> 14  
 <211> 624  
 40 <212> PRT  
 <213> metagenoma de estiércol de elefante  
 <400> 14  
 45 Met Ile Arg Lys Leu His Lys Ser Trp Arg Leu Phe Leu Leu Val Phe  
 -25 -20 -15  
 50 Val Leu Val Ile Ser Asn Glu Ser Phe Ala Trp Arg Gly Met Arg Met  
 -10 -5 -1 1 5  
 55 Pro Glu Leu Phe Ile Lys Gly Arg Tyr Leu Met Ala Lys Asp Met Asn  
 10 15 20  
 Gly Asn Asp Ser Ile Val Asn Leu His Gly Phe Gly Gln Thr Tyr Ser

ES 2 757 053 T3

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

ES 2 757 053 T3

Gly Phe Ala Val His Cys Tyr Pro Gly Trp Tyr Gly Ser Asp Ser Glu  
 265 270 275  
 5

Val Ala Ser Ala Glu Gln Gln Ile Val Thr Asn Gly Asn Thr Tyr Ala  
 280 285 290

10

Asp Phe Gln Ser Gly Trp Ser Ala Ser Ile Asp Gly Val Ser Lys Leu  
 295 300 305 310

15

Arg Pro Ile Ile Val Thr Glu Met Asp Trp Ala Pro Lys Lys Tyr Asn  
 315 320 325

20

Ser Ser Trp Gly Lys Ala Thr Thr Gly Lys Leu Gly Gly Val Gly Phe  
 330 335 340

25

Gly Asn Asn Phe Lys Tyr Ile Met Asp Lys Thr Gly Asn Val Ser Trp  
 345 350 355

30

Met Leu Phe Thr Asp Ala Asp Lys Leu Ala Lys Tyr Asp Asp Ser Lys  
 360 365 370

35

Ala Asp Gly Ser Thr Phe Leu Thr Asp Pro Glu Ala Cys Pro Arg Pro  
 375 380 385 390

40

Val Tyr Arg Trp Tyr Lys Glu Tyr Ala Glu Pro Gly Trp Lys Phe Val  
 395 400 405

45

Glu Thr Leu Ala Asp Glu Phe Tyr Met Phe Pro Gly Thr Asn Ser Ile  
 410 415 420

Phe Ser Pro Asn Ile Trp Glu Lys Gly Thr Leu Thr Lys Asn Asp Asp  
 425 430 435

50

Gly Ser Arg Thr Leu Val Thr Gly Gln Tyr Gly Phe Gly Gly Trp Lys  
 440 445 450

Phe Gly Gly Gly Leu Asp Met Ser Gly Tyr Lys Tyr Leu Val Leu Asn  
 455 460 465 470

55

Leu Thr Lys Ala Pro Ala Ser Asn Gln Trp Ser Leu Arg Leu Phe Asp  
 475 480 485

ES 2 757 053 T3

Val Asp Asn Tyr Trp Thr Asp Pro Tyr Met Lys Asp Val Lys Ser Ser  
 490 495 500

5 Thr Arg Val Val Val Asp Leu Gln Asn Met Lys Asn Ser Lys Gly Val  
 505 510 515

10 Lys Val Asp Pro Ser His Ile Tyr Ile Leu Gly Leu Trp Ser Thr Gly  
 520 525 530

15 Gly Thr Pro Ile Thr Ile Lys Asp Ile Tyr Leu Thr Asn Asn Ser Asp  
 535 540 545 550

20 Tyr Ser Pro Glu Ser Thr Gly Ile Ser Glu Thr Leu Ala Glu Lys Arg  
 555 560 565

Leu Asp Thr Pro Ile Tyr Asn Leu Ser Gly Gln Arg Val Thr Glu Pro  
 570 575 580

25 Arg Asn Gly His Val Tyr Ile Arg Asn Gly Lys Lys Phe Ile Tyr Lys  
 585 590 595

30 <210> 15  
 <211> 598  
 <212> PRT  
 <213> metagenoma de estiércol de elefante

35 <220>  
 <221> mat\_peptide  
 <222> (1)..(598)

40 <400> 15

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

45 Met Ala Lys Asp Met Asn Gly Asn Asp Ser Ile Val Asn Leu His Gly  
 20 25 30

50 Phe Gly Gln Thr Tyr Ser Ala Tyr Phe Asn Gly Tyr Ala Trp Cys Lys  
 35 40 45

55 Asn Pro Asp Gly Ser Val Asn Trp Gly Lys Thr Lys Asp Ala Ala Ala  
 50 55 60

ES 2 757 053 T3

Cys Val Lys Trp Asn Lys Glu Gln Ile Gly Leu Met Leu Asp His Gly  
 65 70 75 80

5 Trp Lys Val Asn Trp Leu Arg Leu His Met Asp Pro Ala Trp Ser Asn  
 85 90 95

10 Asn Glu Thr Lys Val Asn Gln Trp Gln Ser Gln His Pro Gly Thr Tyr  
 100 105 110

15 Tyr Ser Glu Asn Leu Ile Val Ala Phe Asp Met Asn Leu Phe Lys Lys  
 115 120 125

Tyr Leu Asp Glu Ile Phe Ile Pro Met Ala Glu Tyr Ala Ile Glu Asn  
 130 135 140

20 Gly Ile Tyr Val Val Met Arg Pro Pro Gly Val Cys Pro Gln Lys Leu  
 145 150 155 160

25 Thr Val Gly Asp Glu Tyr Gln Gln Tyr Leu Ile Lys Val Trp Thr Tyr  
 165 170 175

30 Val Cys Ser His Glu Lys Leu Lys Asn Asn Pro Tyr Ile Met Phe Glu  
 180 185 190

35 Leu Ala Asn Glu Pro Ile Asp Met Asn Asp Gly Asn Gly Asn Tyr Thr  
 195 200 205

Ser Trp Ser Asp Gly Ser Gln Lys Asn Cys Thr Lys Phe Phe Gln Lys  
 210 215 220

40 Ile Val Asp Glu Ile Arg Ala Val Gly Cys Asn Asn Ile Leu Trp Val  
 225 230 235 240

45 Pro Gly Leu Ala Tyr Gln Gln Asn Tyr Gln Gly Tyr Val Lys Tyr Pro  
 245 250 255

50 Ile Val Gly Glu Asn Ile Gly Phe Ala Val His Cys Tyr Pro Gly Trp  
 260 265 270

55 Tyr Gly Ser Asp Ser Glu Val Ala Ser Ala Glu Gln Gln Ile Val Thr  
 275 280 285

Asn Gly Asn Thr Tyr Ala Asp Phe Gln Ser Gly Trp Ser Ala Ser Ile

ES 2 757 053 T3

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

ES 2 757 053 T3

Gly Leu Trp Ser Thr Gly Gly Thr Pro Ile Thr Ile Lys Asp Ile Tyr  
 530 535 540  
 5  
 Leu Thr Asn Asn Ser Asp Tyr Ser Pro Glu Ser Thr Gly Ile Ser Glu  
 545 550 555 560  
 10  
 Thr Leu Ala Glu Lys Arg Leu Asp Thr Pro Ile Tyr Asn Leu Ser Gly  
 565 570 575  
 15  
 Gln Arg Val Thr Glu Pro Arg Asn Gly His Val Tyr Ile Arg Asn Gly  
 580 585 590  
 20  
 Lys Lys Phe Ile Tyr Lys  
 595  
 25  
 <210> 16  
 <211> 1902  
 <212> ADN  
 <213> Secuencia artificial  
 30  
 <220>  
 <223> Construcción de expresión  
 35  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1899)  
 40  
 <220>  
 <221> sig\_peptide  
 <222> (1)..(81)  
 45  
 <220>  
 <221> mat\_peptide  
 <222> (82)..(1899)  
 50  
 <400> 16  
 atg aag aaa ccg ttg ggg aaa att gtc gca agc acc gca cta ctc att  
 48  
 Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile  
 -25 -20 -15  
 55  
 tct gtt gct ttt agt tca tcg ata gca tca gca cat cat cat cac cat  
 96  
 Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His His His His His  
 -10 -5 -1 1 5  
 55  
 cat cct agg tgg cgt ggc atg aga atg ccg gaa ctg ttt atc aaa ggc  
 144



ES 2 757 053 T3

His Pro Arg Trp Arg Gly Met Arg Met Pro Glu Leu Phe Ile Lys Gly  
 10 15 20

5 aga tat ctg atg gcg aaa gat atg aat ggc aac gat agc att gtt aat  
 192

Arg Tyr Leu Met Ala Lys Asp Met Asn Gly Asn Asp Ser Ile Val Asn  
 25 30 35

10 ctg cat ggc ttt ggc caa aca tat agc gcg tat ttt aac ggc tat gcg  
 240

Leu His Gly Phe Gly Gln Thr Tyr Ser Ala Tyr Phe Asn Gly Tyr Ala  
 40 45 50

15 tgg tgc aaa aat ccg gat ggc tca gtt aat tgg ggc aaa aca aaa gat  
 288

Trp Cys Lys Asn Pro Asp Gly Ser Val Asn Trp Gly Lys Thr Lys Asp  
 55 60 65

20 gca gca gca tgc gtt aaa tgg aat aaa gaa caa att ggc ctg atg ctg  
 336

Ala Ala Ala Cys Val Lys Trp Asn Lys Glu Gln Ile Gly Leu Met Leu  
 70 75 80 85

25 gat cat ggc tgg aaa gtt aat tgg ctg aga ctg cat atg gat ccg gca  
 384

Asp His Gly Trp Lys Val Asn Trp Leu Arg Leu His Met Asp Pro Ala  
 90 95 100

30 tgg tca aat aat gaa aca aaa gtc aat caa tgg cag agc caa cat ccg  
 432

Trp Ser Asn Asn Glu Thr Lys Val Asn Gln Trp Gln Ser Gln His Pro  
 105 110 115

35 gga aca tat tat tca gaa aat ctg atc gtc gcg ttt gat atg aac ctg  
 480

Gly Thr Tyr Tyr Ser Glu Asn Leu Ile Val Ala Phe Asp Met Asn Leu  
 120 125 130

40 ttt aaa aaa tat ctg gat gaa atc ttt att ccg atg gcg gaa tat gcg  
 528

Phe Lys Lys Tyr Leu Asp Glu Ile Phe Ile Pro Met Ala Glu Tyr Ala  
 135 140 145

45 att gaa aac ggc att tat gtt gtt atg cgt ccg cct ggc gtt tgt ccg  
 576

Ile Glu Asn Gly Ile Tyr Val Val Met Arg Pro Pro Gly Val Cys Pro  
 150 155 160 165

50 caa aaa ctg aca gtt gga gat gaa tat cag cag tac ctg att aaa gtc  
 624

Gln Lys Leu Thr Val Gly Asp Glu Tyr Gln Gln Tyr Leu Ile Lys Val  
 170 175 180

55 tgg aca tat gtt tgc agc cat gaa aaa ctg aaa aac aat ccg tat att  
 672

Trp Thr Tyr Val Cys Ser His Glu Lys Leu Lys Asn Asn Pro Tyr Ile  
 185 190 195

ES 2 757 053 T3

atg ttt gaa ctg gcg aac gaa ccg atc gat atg aat gat ggc aat ggc  
 720  
 5 Met Phe Glu Leu Ala Asn Glu Pro Ile Asp Met Asn Asp Gly Asn Gly  
 200 205 210

aat tat acg tca tgg tca gat ggc tca cag aaa aac tgc acg aaa ttt  
 768  
 10 Asn Tyr Thr Ser Trp Ser Asp Gly Ser Gln Lys Asn Cys Thr Lys Phe  
 215 220 225

ttt cag aaa att gtc gac gaa att aga gca gtc ggc tgc aat aac att  
 816  
 15 Phe Gln Lys Ile Val Asp Glu Ile Arg Ala Val Gly Cys Asn Asn Ile  
 230 235 240 245

ctg tgg gtt ccg gga ctg gca tat caa caa aat tat caa ggc tat gtc  
 864  
 20 Leu Trp Val Pro Gly Leu Ala Tyr Gln Gln Asn Tyr Gln Gly Tyr Val  
 250 255 260

aaa tac ccg att gtc ggc gaa aat att ggc ttt gca gtt cat tgc tat  
 912  
 25 Lys Tyr Pro Ile Val Gly Glu Asn Ile Gly Phe Ala Val His Cys Tyr  
 265 270 275

ccg gga tgg tat ggc tca gat tca gaa gtt gca tca gca gaa caa caa  
 960  
 30 Pro Gly Trp Tyr Gly Ser Asp Ser Glu Val Ala Ser Ala Glu Gln Gln  
 280 285 290

att gtc aca aac ggc aat acg tat gcg gat ttt caa tca ggc tgg tca  
 1008  
 35 Ile Val Thr Asn Gly Asn Thr Tyr Ala Asp Phe Gln Ser Gly Trp Ser  
 295 300 305

gca agc att gat ggc gtt tca aaa ctt aga ccg att atc gtc aca gaa  
 1056  
 40 Ala Ser Ile Asp Gly Val Ser Lys Leu Arg Pro Ile Ile Val Thr Glu  
 310 315 320 325

atg gat tgg gca ccg aaa aaa tac aat tca tca tgg ggc aaa gca acg  
 1104  
 45 Met Asp Trp Ala Pro Lys Lys Tyr Asn Ser Ser Trp Gly Lys Ala Thr  
 330 335 340

aca ggc aaa ctg gga ggc gtt ggc ttt ggc aat aac ttt aaa tac atc  
 1152  
 50 Thr Gly Lys Leu Gly Gly Val Gly Phe Gly Asn Asn Phe Lys Tyr Ile  
 345 350 355

atg gac aaa aca ggc aac gtt agc tgg atg ctg ttt aca gat gca gat  
 1200  
 55 Met Asp Lys Thr Gly Asn Val Ser Trp Met Leu Phe Thr Asp Ala Asp  
 360 365 370

ES 2 757 053 T3

aaa ctg gcg aaa tat gat gat tca aaa gca gat ggc agc acg ttt ctg  
 1248  
 Lys Leu Ala Lys Tyr Asp Asp Ser Lys Ala Asp Gly Ser Thr Phe Leu  
 375 380 385  
 5  
 aca gat ccg gaa gca tgc cct aga ccg gtt tat aga tgg tat aaa gaa  
 1296  
 Thr Asp Pro Glu Ala Cys Pro Arg Pro Val Tyr Arg Trp Tyr Lys Glu  
 390 395 400 405  
 10  
 tat gca gaa ccg gga tgg aaa ttt gtt gaa aca ctg gca gat gaa ttt  
 1344  
 Tyr Ala Glu Pro Gly Trp Lys Phe Val Glu Thr Leu Ala Asp Glu Phe  
 410 415 420  
 15  
 tac atg ttt ccg gga aca aac agc att ttt agc ccg aac att tgg gaa  
 1392  
 Tyr Met Phe Pro Gly Thr Asn Ser Ile Phe Ser Pro Asn Ile Trp Glu  
 425 430 435  
 20  
 aaa ggc aca ctg aca aaa aat gat gat ggc tca aga aca ctg gtc aca  
 1440  
 Lys Gly Thr Leu Thr Lys Asn Asp Asp Gly Ser Arg Thr Leu Val Thr  
 440 445 450  
 25  
 ggc caa tat ggc ttt gga ggc tgg aaa ttt ggc gga ggc ctg gat atg  
 1488  
 Gly Gln Tyr Gly Phe Gly Gly Trp Lys Phe Gly Gly Gly Leu Asp Met  
 455 460 465  
 30  
 tca ggc tat aaa tac ctg gtt ctg aac ctg aca aaa gca ccg gca tca  
 1536  
 Ser Gly Tyr Lys Tyr Leu Val Leu Asn Leu Thr Lys Ala Pro Ala Ser  
 470 475 480 485  
 35  
 aat caa tgg tca ctg aga ctg ttt gat gtc gat aac tat tgg aca gac  
 1584  
 Asn Gln Trp Ser Leu Arg Leu Phe Asp Val Asp Asn Tyr Trp Thr Asp  
 490 495 500  
 40  
 ccg tat atg aaa gat gtc aaa tca agc aca aga gtc gtt gtc gat ctg  
 1632  
 Pro Tyr Met Lys Asp Val Lys Ser Ser Thr Arg Val Val Val Asp Leu  
 505 510 515  
 45  
 cag aat atg aaa aat agc aaa ggc gtt aaa gtc gac ccg agc cat atc  
 1680  
 Gln Asn Met Lys Asn Ser Lys Gly Val Lys Val Asp Pro Ser His Ile  
 520 525 530  
 50  
 tat att ctg ggc ctg tgg tca aca ggc gga aca ccg att aca att aaa  
 1728  
 Tyr Ile Leu Gly Leu Trp Ser Thr Gly Gly Thr Pro Ile Thr Ile Lys  
 535 540 545  
 55  
 gat atc tat ctg aca aat aat agc gat tat tca ccg gaa tca aca ggc  
 1776

ES 2 757 053 T3

Asp Ile Tyr Leu Thr Asn Asn Ser Asp Tyr Ser Pro Glu Ser Thr Gly  
 550 555 560 565  
 att tca gaa aca ctt gca gaa aaa aga ctg gac aca ccg att tat aac  
 5 1824  
 Ile Ser Glu Thr Leu Ala Glu Lys Arg Leu Asp Thr Pro Ile Tyr Asn  
 570 575 580  
 ctg tca ggc caa aga gtt aca gaa ccg aga aat ggc cat gtc tat att  
 10 1872  
 Leu Ser Gly Gln Arg Val Thr Glu Pro Arg Asn Gly His Val Tyr Ile  
 585 590 595  
 cgc aac ggc aaa aaa ttc att tac aaa taa  
 15 1902  
 Arg Asn Gly Lys Lys Phe Ile Tyr Lys  
 600 605  
 20 <210> 17  
 <211> 633  
 <212> PRT  
 <213> Secuencia artificial  
 25 <220>  
 <223> Construcción sintética  
 <400> 17  
 30 Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile  
 -25 -20 -15  
 Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His His His His His  
 35 -10 -5 -1 1 5  
 His Pro Arg Trp Arg Gly Met Arg Met Pro Glu Leu Phe Ile Lys Gly  
 40 10 15 20  
 Arg Tyr Leu Met Ala Lys Asp Met Asn Gly Asn Asp Ser Ile Val Asn  
 25 30 35  
 45 Leu His Gly Phe Gly Gln Thr Tyr Ser Ala Tyr Phe Asn Gly Tyr Ala  
 40 45 50  
 50 Trp Cys Lys Asn Pro Asp Gly Ser Val Asn Trp Gly Lys Thr Lys Asp  
 55 55 60 65  
 Ala Ala Ala Cys Val Lys Trp Asn Lys Glu Gln Ile Gly Leu Met Leu  
 55 70 75 80 85

ES 2 757 053 T3

Asp His Gly Trp Lys Val Asn Trp Leu Arg Leu His Met Asp Pro Ala  
 90 95 100  
 5 Trp Ser Asn Asn Glu Thr Lys Val Asn Gln Trp Gln Ser Gln His Pro  
 105 110 115  
 10 Gly Thr Tyr Tyr Ser Glu Asn Leu Ile Val Ala Phe Asp Met Asn Leu  
 120 125 130  
 15 Phe Lys Lys Tyr Leu Asp Glu Ile Phe Ile Pro Met Ala Glu Tyr Ala  
 135 140 145  
 20 Ile Glu Asn Gly Ile Tyr Val Val Met Arg Pro Pro Gly Val Cys Pro  
 150 155 160 165  
 25 Gln Lys Leu Thr Val Gly Asp Glu Tyr Gln Gln Tyr Leu Ile Lys Val  
 170 175 180  
 30 Trp Thr Tyr Val Cys Ser His Glu Lys Leu Lys Asn Asn Pro Tyr Ile  
 185 190 195  
 35 Met Phe Glu Leu Ala Asn Glu Pro Ile Asp Met Asn Asp Gly Asn Gly  
 200 205 210  
 40 Asn Tyr Thr Ser Trp Ser Asp Gly Ser Gln Lys Asn Cys Thr Lys Phe  
 215 220 225  
 45 Phe Gln Lys Ile Val Asp Glu Ile Arg Ala Val Gly Cys Asn Asn Ile  
 230 235 240 245  
 50 Leu Trp Val Pro Gly Leu Ala Tyr Gln Gln Asn Tyr Gln Gly Tyr Val  
 250 255 260  
 55 Lys Tyr Pro Ile Val Gly Glu Asn Ile Gly Phe Ala Val His Cys Tyr  
 265 270 275  
 60 Pro Gly Trp Tyr Gly Ser Asp Ser Glu Val Ala Ser Ala Glu Gln Gln  
 280 285 290  
 65 Ile Val Thr Asn Gly Asn Thr Tyr Ala Asp Phe Gln Ser Gly Trp Ser  
 295 300 305  
 70 Ala Ser Ile Asp Gly Val Ser Lys Leu Arg Pro Ile Ile Val Thr Glu

ES 2 757 053 T3

	310				315					320					325	
5	Met	Asp	Trp	Ala	Pro	Lys	Lys	Tyr	Asn	Ser	Ser	Trp	Gly	Lys	Ala	Thr
					330					335					340	
10	Thr	Gly	Lys	Leu	Gly	Gly	Val	Gly	Phe	Gly	Asn	Asn	Phe	Lys	Tyr	Ile
				345					350					355		
15	Met	Asp	Lys	Thr	Gly	Asn	Val	Ser	Trp	Met	Leu	Phe	Thr	Asp	Ala	Asp
			360					365					370			
20	Lys	Leu	Ala	Lys	Tyr	Asp	Asp	Ser	Lys	Ala	Asp	Gly	Ser	Thr	Phe	Leu
		375					380					385				
25	Thr	Asp	Pro	Glu	Ala	Cys	Pro	Arg	Pro	Val	Tyr	Arg	Trp	Tyr	Lys	Glu
	390					395					400					405
30	Tyr	Ala	Glu	Pro	Gly	Trp	Lys	Phe	Val	Glu	Thr	Leu	Ala	Asp	Glu	Phe
					410					415					420	
35	Tyr	Met	Phe	Pro	Gly	Thr	Asn	Ser	Ile	Phe	Ser	Pro	Asn	Ile	Trp	Glu
				425					430					435		
40	Lys	Gly	Thr	Leu	Thr	Lys	Asn	Asp	Asp	Gly	Ser	Arg	Thr	Leu	Val	Thr
			440					445					450			
45	Gly	Gln	Tyr	Gly	Phe	Gly	Gly	Trp	Lys	Phe	Gly	Gly	Gly	Leu	Asp	Met
		455					460					465				
50	Ser	Gly	Tyr	Lys	Tyr	Leu	Val	Leu	Asn	Leu	Thr	Lys	Ala	Pro	Ala	Ser
	470					475					480					485
55	Asn	Gln	Trp	Ser	Leu	Arg	Leu	Phe	Asp	Val	Asp	Asn	Tyr	Trp	Thr	Asp
					490					495					500	
60	Pro	Tyr	Met	Lys	Asp	Val	Lys	Ser	Ser	Thr	Arg	Val	Val	Val	Asp	Leu
			505						510					515		
65	Gln	Asn	Met	Lys	Asn	Ser	Lys	Gly	Val	Lys	Val	Asp	Pro	Ser	His	Ile
			520					525					530			
70	Tyr	Ile	Leu	Gly	Leu	Trp	Ser	Thr	Gly	Gly	Thr	Pro	Ile	Thr	Ile	Lys
	535						540					545				

ES 2 757 053 T3

Asp Ile Tyr Leu Thr Asn Asn Ser Asp Tyr Ser Pro Glu Ser Thr Gly  
 550 555 560 565  
 5  
 Ile Ser Glu Thr Leu Ala Glu Lys Arg Leu Asp Thr Pro Ile Tyr Asn  
 570 575 580  
 10  
 Leu Ser Gly Gln Arg Val Thr Glu Pro Arg Asn Gly His Val Tyr Ile  
 585 590 595  
 15 Arg Asn Gly Lys Lys Phe Ile Tyr Lys  
 600 605  
 20 <210> 18  
 <211> 606  
 <212> PRT  
 <213> Secuencia artificial  
 <220>  
 25 <223> Secuencia madura con etiqueta de polihistidina  
 <220>  
 <221> mat\_peptide  
 30 <222> (1)..(606)  
 <400> 18  
 35 His His His His His His Pro Arg Trp Arg Gly Met Arg Met Pro Glu  
 1 5 10 15  
 Leu Phe Ile Lys Gly Arg Tyr Leu Met Ala Lys Asp Met Asn Gly Asn  
 20 25 30  
 40 Asp Ser Ile Val Asn Leu His Gly Phe Gly Gln Thr Tyr Ser Ala Tyr  
 35 40 45  
 45 Phe Asn Gly Tyr Ala Trp Cys Lys Asn Pro Asp Gly Ser Val Asn Trp  
 50 55 60  
 50 Gly Lys Thr Lys Asp Ala Ala Ala Cys Val Lys Trp Asn Lys Glu Gln  
 65 70 75 80  
 55 Ile Gly Leu Met Leu Asp His Gly Trp Lys Val Asn Trp Leu Arg Leu  
 85 90 95

ES 2 757 053 T3

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



ES 2 757 053 T3

					325					330						335	
5	Trp	Gly	Lys	Ala	Thr	Thr	Gly	Lys	Leu	Gly	Gly	Val	Gly	Phe	Gly	Asn	
				340					345					350			
10	Asn	Phe	Lys	Tyr	Ile	Met	Asp	Lys	Thr	Gly	Asn	Val	Ser	Trp	Met	Leu	
			355					360					365				
15	Phe	Thr	Asp	Ala	Asp	Lys	Leu	Ala	Lys	Tyr	Asp	Asp	Ser	Lys	Ala	Asp	
		370					375					380					
20	Gly	Ser	Thr	Phe	Leu	Thr	Asp	Pro	Glu	Ala	Cys	Pro	Arg	Pro	Val	Tyr	
	385					390					395					400	
25	Arg	Trp	Tyr	Lys	Glu	Tyr	Ala	Glu	Pro	Gly	Trp	Lys	Phe	Val	Glu	Thr	
				405						410					415		
30	Leu	Ala	Asp	Glu	Phe	Tyr	Met	Phe	Pro	Gly	Thr	Asn	Ser	Ile	Phe	Ser	
			420					425						430			
35	Pro	Asn	Ile	Trp	Glu	Lys	Gly	Thr	Leu	Thr	Lys	Asn	Asp	Asp	Gly	Ser	
			435					440					445				
40	Arg	Thr	Leu	Val	Thr	Gly	Gln	Tyr	Gly	Phe	Gly	Gly	Trp	Lys	Phe	Gly	
	450						455					460					
45	Gly	Gly	Leu	Asp	Met	Ser	Gly	Tyr	Lys	Tyr	Leu	Val	Leu	Asn	Leu	Thr	
	465					470					475					480	
50	Lys	Ala	Pro	Ala	Ser	Asn	Gln	Trp	Ser	Leu	Arg	Leu	Phe	Asp	Val	Asp	
				485						490					495		
55	Asn	Tyr	Trp	Thr	Asp	Pro	Tyr	Met	Lys	Asp	Val	Lys	Ser	Ser	Thr	Arg	
			500					505						510			
60	Val	Val	Val	Asp	Leu	Gln	Asn	Met	Lys	Asn	Ser	Lys	Gly	Val	Lys	Val	
			515					520					525				
65	Asp	Pro	Ser	His	Ile	Tyr	Ile	Leu	Gly	Leu	Trp	Ser	Thr	Gly	Gly	Thr	
	530						535					540					
70	Pro	Ile	Thr	Ile	Lys	Asp	Ile	Tyr	Leu	Thr	Asn	Asn	Ser	Asp	Tyr	Ser	
	545					550					555					560	

ES 2 757 053 T3

Pro Glu Ser Thr Gly Ile Ser Glu Thr Leu Ala Glu Lys Arg Leu Asp  
 565 570 575  
 5

Thr Pro Ile Tyr Asn Leu Ser Gly Gln Arg Val Thr Glu Pro Arg Asn  
 580 585 590  
 10

Gly His Val Tyr Ile Arg Asn Gly Lys Lys Phe Ile Tyr Lys  
 595 600 605  
 15

<210> 19  
 <211> 8  
 <212> PRT  
 <213> Secuencia artificial

20

<220>  
 <223> Motivo 1 conservado de la xilanasa GH5

25

<220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (2)..(2)  
 <223> El aminoácido en la posición 2 del motivo conservado es tirosina (Tyr, Y) o fenilalanina (Phe, F).

30

<220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (3)..(3)  
 <223> El aminoácido en la posición 3 del motivo conservado es alanina (Ala, A) o serina (Ser, S)

35

<220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (4)..(4)  
 <223> El aminoácido en la posición 4 del motivo conservado es valina (Val, V), glicina (Gly, G), isoleucina (Ile, I) o alanina (Ala, A).

40

<220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (6)..(6)  
 <223> El aminoácido en la posición 6 es cualquier aminoácido.

45

<220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (8)..(8)  
 <223> El aminoácido en la posición 8 del motivo conservado es prolina (Pro, P) o valina (Val, V)

50

<400> 19

55

Gly Xaa Xaa Xaa His Xaa Tyr Xaa  
 1 5

ES 2 757 053 T3

<210> 20  
 <211> 9  
 5 <212> PRT  
 <213> Secuencia artificial  
  
 <220>  
 <223> Motivo 2 conservado de la xilanasasa GH5.  
 10  
  
 <220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (1)..(1)  
 15 <223> El aminoácido en la posición 1 del motivo conservado es  
 isoleucina  
 (Ile, I), leucina (Leu, L) o valina (Val, V)  
  
 <220>  
 20 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (2)..(2)  
 <223> El aminoácido en la posición 2 del motivo conservado es  
 histidina (His, H), isoleucina (Ile, I), leucina (Leu, L),  
 metionina (Met, M) o valina (Val, V)  
 25  
 <220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (3)..(3)  
 <223> El aminoácido en la posición 3 del motivo conservado es  
 30 fenilalanina (Phe, F) o tirosina (Tyr, Y).  
  
 <220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (4)..(4)  
 35 <223> El aminoácido en la posición 4 del motivo conservado es ácido  
 aspártico (Asp, D) o ácido glutámico (Glu, E)  
  
 <220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 40 <222> (5)..(5)  
 <223> El aminoácido en la posición 5 del motivo conservado es  
 isoleucina  
 (Ile, I), leucina (Leu, L) o valina (Val, V)  
 45  
 <220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (6)..(6)  
 <223> El aminoácido en la posición 6 del motivo conservado es cualquier  
 aminoácido natural.  
 50  
 <400> 20  
  
 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Asn Glu Pro  
 1 5  
 55  
  
 <210> 21

ES 2 757 053 T3

<211> 11  
 <212> PRT  
 <213> Secuencia artificial

5 <220>  
 <223> Motivo III conservado

<220>  
 10 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (1)..(1)  
 <223> El aminoácido en la posición 1 del motivo conservado es ácido aspártico (Asp, D) o glicina (Gly, G).

15 <220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (2)..(2)  
 <223> El aminoácido en la posición 2 del motivo conservado es alanina (Ala, A), treonina (Thr, T) o triptófano (Trp, W).

20 <220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (3)..(3)  
 <223> El aminoácido en la posición 3 del motivo conservado es cualquier aminoácido natural.

25 <220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (4)..(4)  
 30 <223> El aminoácido en la posición 4 del motivo conservado es cualquier aminoácido natural.

<220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (5)..(5)  
 35 <223> El aminoácido en la posición 5 del motivo conservado es asparagina (Asn, N) o treonina (Thr, T).

40 <220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (6)..(6)  
 <223> El aminoácido en la posición 6 del motivo conservado es cualquier aminoácido natural.

45 <220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (7)..(7)  
 <223> El aminoácido en la posición 7 del motivo conservado es

50 isoleucina (Ile, I), leucina (leu, L), fenilalanina (Phe, F) o valina (val, V).

<220>  
 55 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (9)..(9)  
 <223> El aminoácido en la posición 9 del motivo conservado es alanina

ES 2 757 053 T3

(Ala, A), leucina (leu, L) o metionina (Met, M).

<220>  
 5 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (10)..(10)  
 <223> El aminoácido en la posición 10 del motivo conservado es alanina (Ala, A), fenilalanina (Phe, F) o histidina (His, H).

<220>  
 10 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (11)..(11)  
 <223> El aminoácido en la posición 11 del motivo conservado es isoleucina (Ile, I), leucina (leu, L) o metionina (Met, M).

15 <400> 21

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Arg Xaa Xaa Xaa  
 1 5 10

20 <210> 22  
 <211> 27  
 <212> PRT  
 <213> Secuencia artificial

25 <220>  
 <223> Señal de secreción de Bacillus clausii.

<220>  
 30 <221> sig\_peptide  
 <222> (1)..(17)

<400> 22

35 Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile  
 1 5 10 15

Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala  
 40 20 25

<210> 23  
 <211> 8  
 45 <212> PRT  
 <213> Secuencia artificial

<220>  
 <223> Secuencia de la etiqueta de polihistidina.

50 <400> 23

His His His His His His Pro Arg  
 1 5

55 <210> 24

ES 2 757 053 T3

```

<211> 9
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

5 <220>
  <223> Secuencia de la etiqueta HQ.

  <400> 24

10 His Gln His Gln His Gln His Pro Arg
   1                               5

  <210> 25
15 <211> 1722
  <212> ADN
  <213> Chryseobacterium sp-10696

  <220>
20 <221> CDS
  <222> (1)..(1719)

  <220>
  <221> sig_peptide
25 <222> (1)..(69)

  <220>
  <221> mat_peptide
  <222> (70)..(1719)
30
  <400> 25
  atg aga aca aac aaa atg tgg ctt ttt ctg gcc ttt ctg tta atc att
  48
  Met Arg Thr Asn Lys Met Trp Leu Phe Leu Ala Phe Leu Leu Ile Ile
35                               -20                               -15                               -10

  ctt tcc agc tgt tct acg atg gat gaa aaa aat tta cta gaa gac cct
  96
  Leu Ser Ser Cys Ser Thr Met Asp Glu Lys Asn Leu Leu Glu Asp Pro
40                               -5                               -1 1                               5

  gac tcc aac tta agt gcc ggc gct agc gca aga gca ttg gca gca aca
  144
  Asp Ser Asn Leu Ser Ala Gly Ala Ser Ala Arg Ala Leu Ala Ala Thr
45 10                               15                               20                               25

  cca atg ctg cat gtc gga ggc aga tac ctt aaa gat ccg tgt gac aat
  192
  Pro Met Leu His Val Gly Gly Arg Tyr Leu Lys Asp Pro Cys Asp Asn
50                               30                               35                               40

  aat gtt gtc tta cat ggt gtc gcc ata act cca agc ccc tgg ttc aat
  240
  Asn Val Val Leu His Gly Val Ala Ile Thr Pro Ser Pro Trp Phe Asn
55                               45                               50                               55

```

ES 2 757 053 T3

ggc tgt cag tat ggc gcc aat tcc ggc tac tgt acc tgg gat aat tac  
 288  
 Gly Cys Gln Tyr Gly Ala Asn Ser Gly Tyr Cys Thr Trp Asp Asn Tyr  
 60 65 70  
 5  
 aat gta cag ggc gca ctg aac tat aat aag gct gtg atg aac aag ctc  
 336  
 Asn Val Gln Gly Ala Leu Asn Tyr Asn Lys Ala Val Met Asn Lys Leu  
 75 80 85  
 10  
 acc agt gct gct gat ggc tgg tat ctc aat tac atc cgc ctt cat att  
 384  
 Thr Ser Ala Ala Asp Gly Trp Tyr Leu Asn Tyr Ile Arg Leu His Ile  
 90 95 100 105  
 15  
 gat ccg tat tgg acc aat gat ccc gga ccg gct atc cca gag aac gat  
 432  
 Asp Pro Tyr Trp Thr Asn Asp Pro Gly Pro Ala Ile Pro Glu Asn Asp  
 110 115 120  
 20  
 atc tca aga ttc aat tat aac cgc ctg gta act tac aca gat cag gtg  
 480  
 Ile Ser Arg Phe Asn Tyr Asn Arg Leu Val Thr Tyr Thr Asp Gln Val  
 125 130 135  
 25  
 ata atc ccg ctg att aac cat gcc cgc agc ctg gga atg tat gtc atc  
 528  
 Ile Ile Pro Leu Ile Asn His Ala Arg Ser Leu Gly Met Tyr Val Ile  
 140 145 150  
 30  
 cta cgt ccg cca ggc gta tgt cca aat cgt att gct gtg aac gat gcc  
 576  
 Leu Arg Pro Pro Gly Val Cys Pro Asn Arg Ile Ala Val Asn Asp Ala  
 155 160 165  
 35  
 tat cat agc tat ctt aaa acc gta tgg acc ttt ttg tcg caa cat ccg  
 624  
 Tyr His Ser Tyr Leu Lys Thr Val Trp Thr Phe Leu Ser Gln His Pro  
 170 175 180 185  
 40  
 ggg cta aag aac gct gac aat gtg atg ttc gaa tta gcc aac gaa cct  
 672  
 Gly Leu Lys Asn Ala Asp Asn Val Met Phe Glu Leu Ala Asn Glu Pro  
 190 195 200  
 45  
 gtt gag att ctg ggt aca aat ggc aca tgg gga tcg aca gga aac gag  
 720  
 Val Glu Ile Leu Gly Thr Asn Gly Thr Trp Gly Ser Thr Gly Asn Glu  
 205 210 215  
 50  
 cac ttt gca gca ctt aaa aac ttc ttc cag cca tta gtt aac atc att  
 768  
 His Phe Ala Ala Leu Lys Asn Phe Phe Gln Pro Leu Val Asn Ile Ile  
 220 225 230  
 55  
 cgc aac aat gga gcc aat aat gtt tgc tgg ata ccg ggt aca gga tgg  
 816

ES 2 757 053 T3

Arg Asn Asn Gly Ala Asn Asn Val Cys Trp Ile Pro Gly Thr Gly Trp  
 235 240 245  
 5 caa tcc cat tac caa ggc tat gtc aat aac cag att aca ggt ggt aat  
 864  
 Gln Ser His Tyr Gln Gly Tyr Val Asn Asn Gln Ile Thr Gly Gly Asn  
 250 255 260 265  
 10 att ggt tat gct gtt cat atc tat ccg gct tac tgg ggc ggt ctc agc  
 912  
 Ile Gly Tyr Ala Val His Ile Tyr Pro Ala Tyr Trp Gly Gly Leu Ser  
 270 275 280  
 15 aac tat caa gcc ttt cag aat gca tgg aat atc aat gtt aaa cca atc  
 960  
 Asn Tyr Gln Ala Phe Gln Asn Ala Trp Asn Ile Asn Val Lys Pro Ile  
 285 290 295  
 20 gca gac att gca cca att gcc att acc gag acc gac tgg gca ccg cag  
 1008  
 Ala Asp Ile Ala Pro Ile Ala Ile Thr Glu Thr Asp Trp Ala Pro Gln  
 300 305 310  
 25 ggt tat ggt acc ttc ggt atc ggt aca aca ggt acg gca ggc gga agc  
 1056  
 Gly Tyr Gly Thr Phe Gly Ile Gly Thr Thr Gly Thr Ala Gly Gly Ser  
 315 320 325  
 30 gga ttt ggc gcc aat tta aaa tat atc gtg gat cag tca ggc aat gta  
 1104  
 Gly Phe Gly Ala Asn Leu Lys Tyr Ile Val Asp Gln Ser Gly Asn Val  
 330 335 340 345  
 35 agc tgg aat gtt ctt gcc ccg gat aat ctc ctc cac aaa ggc gat cct  
 1152  
 Ser Trp Asn Val Leu Ala Pro Asp Asn Leu Leu His Lys Gly Asp Pro  
 350 355 360  
 40 aat gca gga aca gcc tac aac aac gat tgg gaa gcc tgc gcc gca cca  
 1200  
 Asn Ala Gly Thr Ala Tyr Asn Asn Asp Trp Glu Ala Cys Ala Ala Pro  
 365 370 375  
 45 gtt aaa cag tgg ttc cag caa tat gca tcc tcc aat tat cct gtt gga  
 1248  
 Val Lys Gln Trp Phe Gln Gln Tyr Ala Ser Ser Asn Tyr Pro Val Gly  
 380 385 390  
 50 aac tgt aat aca acc agc agc ctg gtt aat aat ggc att tac gaa atc  
 1296  
 Asn Cys Asn Thr Thr Ser Ser Leu Val Asn Asn Gly Ile Tyr Glu Ile  
 395 400 405  
 55 gag ttt cag acc gat gcc aat aaa gta gtt gat cta aaa tcc gga gag  
 1344  
 Glu Phe Gln Thr Asp Ala Asn Lys Val Val Asp Leu Lys Ser Gly Glu  
 410 415 420 425



ES 2 757 053 T3

gat gcc aat ggc gca gtg tta aga cca tgg aca agg aat ggt gct gct  
 1392  
 5 Asp Ala Asn Gly Ala Val Leu Arg Pro Trp Thr Arg Asn Gly Ala Ala  
 430 435 440

gca cag cgc tgg gtt gca att gac gcc ggc aat ggt tac tgg cgt ttt  
 1440  
 10 Ala Gln Arg Trp Val Ala Ile Asp Ala Gly Asn Gly Tyr Trp Arg Phe  
 445 450 455

gta tcc aaa gcg agt gca acc aat cgc tgc att gac tta gcc agt aac  
 1488  
 15 Val Ser Lys Ala Ser Ala Thr Asn Arg Cys Ile Asp Leu Ala Ser Asn  
 460 465 470

agc aat aca ctg gga acc tcg atc agg ctt tgg cag aac tat ggt aat  
 1536  
 20 Ser Asn Thr Leu Gly Thr Ser Ile Arg Leu Trp Gln Asn Tyr Gly Asn  
 475 480 485

gat gca caa gcc tgg cag gta gtt gct gtc tcc aat ggt tat tat aaa  
 1584  
 25 Asp Ala Gln Ala Trp Gln Val Val Ala Val Ser Asn Gly Tyr Tyr Lys  
 490 495 500 505

atc ctg tcc aag gtg gac cct aca cgt ggc tgg gat att ccc aac tgt  
 1632  
 30 Ile Leu Ser Lys Val Asp Pro Thr Arg Gly Trp Asp Ile Pro Asn Cys  
 510 515 520

acc atg gat ggc aat tca aac tta cac ctt tgg gat tat tat ggt acg  
 1680  
 35 Thr Met Asp Gly Asn Ser Asn Leu His Leu Trp Asp Tyr Tyr Gly Thr  
 525 530 535

tcc tgt cag ttg ttc aag ttc aaa tat att ggg atg aac tga  
 1722  
 40 Ser Cys Gln Leu Phe Lys Phe Lys Tyr Ile Gly Met Asn  
 540 545 550

<210> 26  
 <211> 573  
 45 <212> PRT  
 <213> Chryseobacterium sp-10696

<400> 26

50 Met Arg Thr Asn Lys Met Trp Leu Phe Leu Ala Phe Leu Leu Ile Ile  
 -20 -15 -10

55 Leu Ser Ser Cys Ser Thr Met Asp Glu Lys Asn Leu Leu Glu Asp Pro  
 -5 -1 1 5

ES 2 757 053 T3

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

ES 2 757 053 T3

	235					240										245
5	Gln 250	Ser	His	Tyr	Gln	Gly 255	Tyr	Val	Asn	Asn	Gln 260	Ile	Thr	Gly	Gly	Asn 265
10	Ile	Gly	Tyr	Ala	Val 270	His	Ile	Tyr	Pro	Ala 275	Tyr	Trp	Gly	Gly	Leu	Ser 280
15	Asn	Tyr	Gln	Ala 285	Phe	Gln	Asn	Ala	Trp 290	Asn	Ile	Asn	Val	Lys 295	Pro	Ile
20	Ala	Asp	Ile 300	Ala	Pro	Ile	Ala	Ile 305	Thr	Glu	Thr	Asp	Trp 310	Ala	Pro	Gln
25	Gly 330	Tyr 315	Gly	Thr	Phe	Gly	Ile 320	Gly	Thr	Thr	Gly	Thr	Ala	Gly	Gly	Ser
30	Gly 330	Phe	Gly	Ala	Asn	Leu 335	Lys	Tyr	Ile	Val	Asp 340	Gln	Ser	Gly	Asn	Val 345
35	Ser	Trp	Asn	Val	Leu 350	Ala	Pro	Asp	Asn	Leu 355	Leu	His	Lys	Gly	Asp 360	Pro
40	Asn	Ala	Gly	Thr 365	Ala	Tyr	Asn	Asn	Asp 370	Trp	Glu	Ala	Cys	Ala	Ala	Pro
45	Val	Lys	Gln 380	Trp	Phe	Gln	Gln	Tyr 385	Ala	Ser	Ser	Asn	Tyr	Pro	Val	Gly
50	Asn	Cys 395	Asn	Thr	Thr	Ser	Ser	Leu 400	Val	Asn	Asn	Gly	Ile	Tyr	Glu	Ile
55	Glu 410	Phe	Gln	Thr	Asp	Ala 415	Asn	Lys	Val	Val	Asp 420	Leu	Lys	Ser	Gly	Glu 425
60	Asp	Ala	Asn	Gly	Ala 430	Val	Leu	Arg	Pro	Trp 435	Thr	Arg	Asn	Gly	Ala	Ala
65	Ala	Gln	Arg	Trp 445	Val	Ala	Ile	Asp	Ala 450	Gly	Asn	Gly	Tyr	Trp 455	Arg	Phe
70	Val	Ser	Lys 460	Ala	Ser	Ala	Thr	Asn 465	Arg	Cys	Ile	Asp	Leu 470	Ala	Ser	Asn

ES 2 757 053 T3

Ser Asn Thr Leu Gly Thr Ser Ile Arg Leu Trp Gln Asn Tyr Gly Asn  
 475 480 485  
 5

Asp Ala Gln Ala Trp Gln Val Val Ala Val Ser Asn Gly Tyr Tyr Lys  
 490 495 500 505

10  
 Ile Leu Ser Lys Val Asp Pro Thr Arg Gly Trp Asp Ile Pro Asn Cys  
 510 515 520

15  
 Thr Met Asp Gly Asn Ser Asn Leu His Leu Trp Asp Tyr Tyr Gly Thr  
 525 530 535

20  
 Ser Cys Gln Leu Phe Lys Phe Lys Tyr Ile Gly Met Asn  
 540 545 550

25  
 <210> 27  
 <211> 550  
 <212> PRT  
 <213> Chryseobacterium sp-10696

30  
 <220>  
 <221> mat\_peptide  
 <222> (1)..(550)

<400> 27

35  
 Asp Glu Lys Asn Leu Leu Glu Asp Pro Asp Ser Asn Leu Ser Ala Gly  
 1 5 10 15

40  
 Ala Ser Ala Arg Ala Leu Ala Ala Thr Pro Met Leu His Val Gly Gly  
 20 25 30

45  
 Arg Tyr Leu Lys Asp Pro Cys Asp Asn Asn Val Val Leu His Gly Val  
 35 40 45

50  
 Ala Ile Thr Pro Ser Pro Trp Phe Asn Gly Cys Gln Tyr Gly Ala Asn  
 50 55 60

55  
 Ser Gly Tyr Cys Thr Trp Asp Asn Tyr Asn Val Gln Gly Ala Leu Asn  
 65 70 75 80

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

ES 2 757 053 T3

Tyr Leu Asn Tyr Ile Arg Leu His Ile Asp Pro Tyr Trp Thr Asn Asp  
 100 105 110

5 Pro Gly Pro Ala Ile Pro Glu Asn Asp Ile Ser Arg Phe Asn Tyr Asn  
 115 120 125

10 Arg Leu Val Thr Tyr Thr Asp Gln Val Ile Ile Pro Leu Ile Asn His  
 130 135 140

15 Ala Arg Ser Leu Gly Met Tyr Val Ile Leu Arg Pro Pro Gly Val Cys  
 145 150 155 160

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

20 Val Trp Thr Phe Leu Ser Gln His Pro Gly Leu Lys Asn Ala Asp Asn  
 180 185 190

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

30 Gly Thr Trp Gly Ser Thr Gly Asn Glu His Phe Ala Ala Leu Lys Asn  
 210 215 220

35 Phe Phe Gln Pro Leu Val Asn Ile Ile Arg Asn Asn Gly Ala Asn Asn  
 225 230 235 240

Val Cys Trp Ile Pro Gly Thr Gly Trp Gln Ser His Tyr Gln Gly Tyr  
 245 250 255

40 Val Asn Asn Gln Ile Thr Gly Gly Asn Ile Gly Tyr Ala Val His Ile  
 260 265 270

45 Tyr Pro Ala Tyr Trp Gly Gly Leu Ser Asn Tyr Gln Ala Phe Gln Asn  
 275 280 285

50 Ala Trp Asn Ile Asn Val Lys Pro Ile Ala Asp Ile Ala Pro Ile Ala  
 290 295 300

55 Ile Thr Glu Thr Asp Trp Ala Pro Gln Gly Tyr Gly Thr Phe Gly Ile  
 305 310 315 320

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

ES 2 757 053 T3

				325						330						335	
5	Tyr	Ile	Val	Asp 340	Gln	Ser	Gly	Asn	Val	Ser	Trp	Asn	Val	Leu	Ala	Pro	350
10	Asp	Asn	Leu 355	Leu	His	Lys	Gly	Asp 360	Pro	Asn	Ala	Gly	Thr	Ala	Tyr	Asn	365
15	Asn	Asp 370	Trp	Glu	Ala	Cys	Ala 375	Ala	Pro	Val	Lys	Gln 380	Trp	Phe	Gln	Gln	
20	Tyr 385	Ala	Ser	Ser	Asn	Tyr 390	Pro	Val	Gly	Asn	Cys 395	Asn	Thr	Thr	Ser	Ser	400
25	Leu	Val	Asn	Asn	Gly 405	Ile	Tyr	Glu	Ile	Glu 410	Phe	Gln	Thr	Asp	Ala	Asn	415
30	Lys	Val	Val	Asp 420	Leu	Lys	Ser	Gly	Glu 425	Asp	Ala	Asn	Gly	Ala	Val	Leu	430
35	Arg	Pro	Trp 435	Thr	Arg	Asn	Gly	Ala 440	Ala	Ala	Gln	Arg	Trp 445	Val	Ala	Ile	
40	Asp	Ala 450	Gly	Asn	Gly	Tyr	Trp	Arg 455	Phe	Val	Ser	Lys 460	Ala	Ser	Ala	Thr	
45	Asn	Arg	Cys	Ile	Asp	Leu 470	Ala	Ser	Asn	Ser	Asn 475	Thr	Leu	Gly	Thr	Ser	480
50	Ile	Arg	Leu	Trp	Gln 485	Asn	Tyr	Gly	Asn	Asp 490	Ala	Gln	Ala	Trp	Gln	Val	495
55	Val	Ala	Val	Ser 500	Asn	Gly	Tyr	Tyr	Lys 505	Ile	Leu	Ser	Lys	Val	Asp	Pro	510
60	Thr	Arg	Gly 515	Trp	Asp	Ile	Pro	Asn 520	Cys	Thr	Met	Asp	Gly 525	Asn	Ser	Asn	
65	Leu	His 530	Leu	Trp	Asp	Tyr	Tyr 535	Gly	Thr	Ser	Cys	Gln 540	Leu	Phe	Lys	Phe	
70	Lys	Tyr	Ile	Gly	Met	Asn 550											



ES 2 757 053 T3

gca ctg aac tat aat aag gct gtg atg aac aag ctc acc agt gct gct  
384  
5 Ala Leu Asn Tyr Asn Lys Ala Val Met Asn Lys Leu Thr Ser Ala Ala  
90 95 100

gat ggc tgg tat ctc aat tac atc cgc ctt cat att gat ccg tat tgg  
432  
10 Asp Gly Trp Tyr Leu Asn Tyr Ile Arg Leu His Ile Asp Pro Tyr Trp  
105 110 115

acc aat gat ccc gga ccg gct atc cca gag aac gat atc tca aga ttc  
480  
15 Thr Asn Asp Pro Gly Pro Ala Ile Pro Glu Asn Asp Ile Ser Arg Phe  
120 125 130

aat tat aac cgc ctg gta act tac aca gat cag gtg ata atc ccg ctg  
528  
20 Asn Tyr Asn Arg Leu Val Thr Tyr Thr Asp Gln Val Ile Ile Pro Leu  
135 140 145

att aac cat gcc cgc agc ctg gga atg tat gtc atc cta cgt ccg cca  
576  
25 Ile Asn His Ala Arg Ser Leu Gly Met Tyr Val Ile Leu Arg Pro Pro  
150 155 160 165

ggc gta tgt cca aat cgt att gct gtg aac gat gcc tat cat agc tat  
624  
30 Gly Val Cys Pro Asn Arg Ile Ala Val Asn Asp Ala Tyr His Ser Tyr  
170 175 180

ctt aaa acc gta tgg acc ttt ttg tcg caa cat ccg ggg cta aag aac  
672  
35 Leu Lys Thr Val Trp Thr Phe Leu Ser Gln His Pro Gly Leu Lys Asn  
185 190 195

gct gac aat gtg atg ttc gaa tta gcc aac gaa cct gtt gag att ctg  
720  
40 Ala Asp Asn Val Met Phe Glu Leu Ala Asn Glu Pro Val Glu Ile Leu  
200 205 210

ggt aca aat ggc aca tgg gga tcg aca gga aac gag cac ttt gca gca  
768  
45 Gly Thr Asn Gly Thr Trp Gly Ser Thr Gly Asn Glu His Phe Ala Ala  
215 220 225

ctt aaa aac ttc ttc cag cca tta gtt aac atc att cgc aac aat gga  
816  
50 Leu Lys Asn Phe Phe Gln Pro Leu Val Asn Ile Ile Arg Asn Asn Gly  
230 235 240 245

gcc aat aat gtt tgc tgg ata ccg ggt aca gga tgg caa tcc cat tac  
864  
55 Ala Asn Asn Val Cys Trp Ile Pro Gly Thr Gly Trp Gln Ser His Tyr  
250 255 260



ES 2 757 053 T3

caa ggc tat gtc aat aac cag att aca ggt ggt aat att ggt tat gct  
 912  
 Gln Gly Tyr Val Asn Asn Gln Ile Thr Gly Gly Asn Ile Gly Tyr Ala  
 265 270 275  
 5  
 gtt cat atc tat ccg gct tac tgg ggc ggt ctc agc aac tat caa gcc  
 960  
 Val His Ile Tyr Pro Ala Tyr Trp Gly Gly Leu Ser Asn Tyr Gln Ala  
 280 285 290  
 10  
 ttt cag aat gca tgg aat atc aat gtt aaa cca atc gca gac att gca  
 1008  
 Phe Gln Asn Ala Trp Asn Ile Asn Val Lys Pro Ile Ala Asp Ile Ala  
 295 300 305  
 15  
 cca att gcc att acc gag acc gac tgg gca ccg cag ggt tat ggt acc  
 1056  
 Pro Ile Ala Ile Thr Glu Thr Asp Trp Ala Pro Gln Gly Tyr Gly Thr  
 310 315 320 325  
 20  
 ttc ggt atc ggt aca aca ggt acg gca ggc gga agc gga ttt ggc gcc  
 1104  
 Phe Gly Ile Gly Thr Thr Gly Thr Ala Gly Gly Ser Gly Phe Gly Ala  
 330 335 340  
 25  
 aat tta aaa tat atc gtg gat cag tca ggc aat gta agc tgg aat gtt  
 1152  
 Asn Leu Lys Tyr Ile Val Asp Gln Ser Gly Asn Val Ser Trp Asn Val  
 345 350 355  
 30  
 ctt gcc ccg gat aat ctc ctc cac aaa ggc gat cct aat gca gga aca  
 1200  
 Leu Ala Pro Asp Asn Leu Leu His Lys Gly Asp Pro Asn Ala Gly Thr  
 360 365 370  
 35  
 gcc tac aac aac gat tgg gaa gcc tgc gcc gca cca gtt aaa cag tgg  
 1248  
 Ala Tyr Asn Asn Asp Trp Glu Ala Cys Ala Ala Pro Val Lys Gln Trp  
 375 380 385  
 40  
 ttc cag caa tat gca tcc tcc aat tat cct gtt gga aac tgt aat aca  
 1296  
 Phe Gln Gln Tyr Ala Ser Ser Asn Tyr Pro Val Gly Asn Cys Asn Thr  
 390 395 400 405  
 45  
 acc agc agc ctg gtt aat aat ggc att tac gaa atc gag ttt cag acc  
 1344  
 Thr Ser Ser Leu Val Asn Asn Gly Ile Tyr Glu Ile Glu Phe Gln Thr  
 410 415 420  
 50  
 gat gcc aat aaa gta gtt gat cta aaa tcc gga gag gat gcc aat ggc  
 1392  
 Asp Ala Asn Lys Val Val Asp Leu Lys Ser Gly Glu Asp Ala Asn Gly  
 425 430 435  
 55  
 gca gtg tta aga cca tgg aca agg aat ggt gct gct gca cag cgc tgg  
 1440

ES 2 757 053 T3

Ala Val Leu Arg Pro Trp Thr Arg Asn Gly Ala Ala Ala Gln Arg Trp  
440 445 450

5 gtt gca att gac gcc ggc aat ggt tac tgg cgt ttt gta tcc aaa gcg  
1488

Val Ala Ile Asp Ala Gly Asn Gly Tyr Trp Arg Phe Val Ser Lys Ala  
455 460 465

10 agt gca acc aat cgc tgc att gac tta gcc agt aac agc aat aca ctg  
1536

Ser Ala Thr Asn Arg Cys Ile Asp Leu Ala Ser Asn Ser Asn Thr Leu  
470 475 480 485

15 gga acc tcg atc agg ctt tgg cag aac tat ggt aat gat gca caa gcc  
1584

Gly Thr Ser Ile Arg Leu Trp Gln Asn Tyr Gly Asn Asp Ala Gln Ala  
490 495 500

20 tgg cag gta gtt gct gtc tcc aat ggt tat tat aaa atc ctg tcc aag  
1632

Trp Gln Val Val Ala Val Ser Asn Gly Tyr Tyr Lys Ile Leu Ser Lys  
505 510 515

25 gtg gac cct aca cgt ggc tgg gat att ccc aac tgt acc atg gat ggc  
1680

Val Asp Pro Thr Arg Gly Trp Asp Ile Pro Asn Cys Thr Met Asp Gly  
520 525 530

30 aat tca aac tta cac ctt tgg gat tat tat ggt acg tcc tgt cag ttg  
1728

Asn Ser Asn Leu His Leu Trp Asp Tyr Tyr Gly Thr Ser Cys Gln Leu  
535 540 545

35 ttc aag ttc aaa tat att ggg atg aac tga  
1758

Phe Lys Phe Lys Tyr Ile Gly Met Asn  
550 555

40 <210> 29  
<211> 585  
<212> PRT  
<213> Secuencia artificial

45 <220>  
<223> Construcción sintética

<400> 29

50 Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile  
-25 -20 -15

55 Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His His His His His  
-10 -5 -1 1 5

ES 2 757 053 T3

His Pro Arg Asp Glu Lys Asn Leu Leu Glu Asp Pro Asp Ser Asn Leu  
 10 15 20

5 Ser Ala Gly Ala Ser Ala Arg Ala Leu Ala Ala Thr Pro Met Leu His  
 25 30 35

10 Val Gly Gly Arg Tyr Leu Lys Asp Pro Cys Asp Asn Asn Val Val Leu  
 40 45 50

15 His Gly Val Ala Ile Thr Pro Ser Pro Trp Phe Asn Gly Cys Gln Tyr  
 55 60 65

20 Gly Ala Asn Ser Gly Tyr Cys Thr Trp Asp Asn Tyr Asn Val Gln Gly  
 70 75 80 85

Ala Leu Asn Tyr Asn Lys Ala Val Met Asn Lys Leu Thr Ser Ala Ala  
 90 95 100

25 Asp Gly Trp Tyr Leu Asn Tyr Ile Arg Leu His Ile Asp Pro Tyr Trp  
 105 110 115

30 Thr Asn Asp Pro Gly Pro Ala Ile Pro Glu Asn Asp Ile Ser Arg Phe  
 120 125 130

35 Asn Tyr Asn Arg Leu Val Thr Tyr Thr Asp Gln Val Ile Ile Pro Leu  
 135 140 145

40 Ile Asn His Ala Arg Ser Leu Gly Met Tyr Val Ile Leu Arg Pro Pro  
 150 155 160 165

Gly Val Cys Pro Asn Arg Ile Ala Val Asn Asp Ala Tyr His Ser Tyr  
 170 175 180

45 Leu Lys Thr Val Trp Thr Phe Leu Ser Gln His Pro Gly Leu Lys Asn  
 185 190 195

50 Ala Asp Asn Val Met Phe Glu Leu Ala Asn Glu Pro Val Glu Ile Leu  
 200 205 210

55 Gly Thr Asn Gly Thr Trp Gly Ser Thr Gly Asn Glu His Phe Ala Ala  
 215 220 225

Leu Lys Asn Phe Phe Gln Pro Leu Val Asn Ile Ile Arg Asn Asn Gly

ES 2 757 053 T3

	230				235					240					245	
5	Ala	Asn	Asn	Val	Cys 250	Trp	Ile	Pro	Gly	Thr 255	Gly	Trp	Gln	Ser	His	Tyr 260
10	Gln	Gly	Tyr	Val 265	Asn	Asn	Gln	Ile	Thr 270	Gly	Gly	Asn	Ile	Gly 275	Tyr	Ala
15	Val	His	Ile 280	Tyr	Pro	Ala	Tyr	Trp 285	Gly	Gly	Leu	Ser	Asn 290	Tyr	Gln	Ala
20	Phe	Gln 295	Asn	Ala	Trp	Asn	Ile 300	Asn	Val	Lys	Pro	Ile 305	Ala	Asp	Ile	Ala
25	Pro	Ile	Ala	Ile	Thr	Glu 315	Thr	Asp	Trp	Ala	Pro 320	Gln	Gly	Tyr	Gly	Thr 325
30	Phe	Gly	Ile	Gly	Thr 330	Thr	Gly	Thr	Ala	Gly 335	Gly	Ser	Gly	Phe	Gly 340	Ala
35	Asn	Leu	Lys	Tyr 345	Ile	Val	Asp	Gln	Ser 350	Gly	Asn	Val	Ser	Trp 355	Asn	Val
40	Leu	Ala	Pro 360	Asp	Asn	Leu	Leu	His 365	Lys	Gly	Asp	Pro	Asn 370	Ala	Gly	Thr
45	Ala	Tyr 375	Asn	Asn	Asp	Trp	Glu 380	Ala	Cys	Ala	Ala	Pro 385	Val	Lys	Gln	Trp
50	Phe	Gln	Gln	Tyr	Ala	Ser 395	Ser	Asn	Tyr	Pro	Val 400	Gly	Asn	Cys	Asn	Thr 405
55	Thr	Ser	Ser	Leu	Val 410	Asn	Asn	Gly	Ile	Tyr 415	Glu	Ile	Glu	Phe	Gln 420	Thr
60	Asp	Ala	Asn	Lys 425	Val	Val	Asp	Leu	Lys 430	Ser	Gly	Glu	Asp	Ala 435	Asn	Gly
65	Ala	Val	Leu 440	Arg	Pro	Trp	Thr	Arg 445	Asn	Gly	Ala	Ala	Ala 450	Gln	Arg	Trp
70	Val	Ala 455	Ile	Asp	Ala	Gly	Asn 460	Gly	Tyr	Trp	Arg	Phe 465	Val	Ser	Lys	Ala

ES 2 757 053 T3

Ser Ala Thr Asn Arg Cys Ile Asp Leu Ala Ser Asn Ser Asn Thr Leu  
 470 475 480 485  
 5  
 Gly Thr Ser Ile Arg Leu Trp Gln Asn Tyr Gly Asn Asp Ala Gln Ala  
 490 495 500  
 10  
 Trp Gln Val Val Ala Val Ser Asn Gly Tyr Tyr Lys Ile Leu Ser Lys  
 505 510 515  
 15  
 Val Asp Pro Thr Arg Gly Trp Asp Ile Pro Asn Cys Thr Met Asp Gly  
 520 525 530  
 20  
 Asn Ser Asn Leu His Leu Trp Asp Tyr Tyr Gly Thr Ser Cys Gln Leu  
 535 540 545  
 25  
 Phe Lys Phe Lys Tyr Ile Gly Met Asn  
 550 555  
 30  
 <210> 30  
 <211> 558  
 <212> PRT  
 <213> Secuencia artificial  
 <220>  
 <223> Secuencia madura con etiqueta de polihistidina  
 35  
 <220>  
 <221> mat\_peptide  
 <222> (1)..(558)  
 <400> 30  
 40  
 His His His His His His Pro Arg Asp Glu Lys Asn Leu Leu Glu Asp  
 1 5 10 15  
 45  
 Pro Asp Ser Asn Leu Ser Ala Gly Ala Ser Ala Arg Ala Leu Ala Ala  
 20 25 30  
 50  
 Thr Pro Met Leu His Val Gly Gly Arg Tyr Leu Lys Asp Pro Cys Asp  
 35 40 45  
 55  
 Asn Asn Val Val Leu His Gly Val Ala Ile Thr Pro Ser Pro Trp Phe  
 50 55 60  
 Asn Gly Cys Gln Tyr Gly Ala Asn Ser Gly Tyr Cys Thr Trp Asp Asn

ES 2 757 053 T3

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

ES 2 757 053 T3

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

ES 2 757 053 T3

Cys Thr Met Asp Gly Asn Ser Asn Leu His Leu Trp Asp Tyr Tyr Gly  
 530 535 540

5

Thr Ser Cys Gln Leu Phe Lys Phe Lys Tyr Ile Gly Met Asn  
 545 550 555

10 <210> 31  
 <211> 1971  
 <212> ADN  
 <213> metagenoma de estiércol de elefante

15 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1968)

<220>  
 20 <221> sig\_peptide  
 <222> (1)..(75)

<220>  
 <221> mat\_peptide  
 25 <222> (76)..(1968)

<400> 31

30 atg aag aaa cta ttc ttg ttg ctg ttg gca tct gtt ttg acg ctg acc  
 48  
 Met Lys Lys Leu Phe Leu Leu Leu Leu Ala Ser Val Leu Thr Leu Thr  
 -25 -20 -15 -10

35 tgt gcg act aca ttt aca tca tgt gat aag gac gag gat cct att gaa  
 96  
 Cys Ala Thr Thr Phe Thr Ser Cys Asp Lys Asp Glu Asp Pro Ile Glu  
 -5 -1 1 5

40 gaa cca gat cct aca cca gag gag cag cct gaa aat aaa cct gcc aac  
 144  
 Glu Pro Asp Pro Thr Pro Glu Glu Gln Pro Glu Asn Lys Pro Ala Asn  
 10 15 20

45 acg aac atc cag gca ggg aag tat ggt ccg ctt cat att gat ggg cgt  
 192  
 Thr Asn Ile Gln Ala Gly Lys Tyr Gly Pro Leu His Ile Asp Gly Arg  
 25 30 35

50 tac ctc tgt gat tca aac aac gtt cac gta aat ctt cat ggc ttt tgg  
 240  
 Tyr Leu Cys Asp Ser Asn Asn Val His Val Asn Leu His Gly Phe Trp  
 40 45 50 55

55 cag act tac agc cct tgg ttc aat ggt gga gca tgg ggc gag gac aac  
 288  
 Gln Thr Tyr Ser Pro Trp Phe Asn Gly Gly Ala Trp Gly Glu Asp Asn  
 60 65 70



ES 2 757 053 T3

tgg gga aat tat gat gtt gat gca tgt ctc gaa tac aac cag aag gaa  
 336  
 5 Trp Gly Asn Tyr Asp Val Asp Ala Cys Leu Glu Tyr Asn Gln Lys Glu  
 75 80 85  
  
 atc gat aag atc ttg aag tgc ggt tgg aag gtt gat ttc atg cgt gtg  
 384  
 10 Ile Asp Lys Ile Leu Lys Cys Gly Trp Lys Val Asp Phe Met Arg Val  
 90 95 100  
  
 cat atg gat agc tat tgg agt ctc tcc cgt agc cgc cag tat gga aca  
 432  
 15 His Met Asp Ser Tyr Trp Ser Leu Ser Arg Ser Arg Gln Tyr Gly Thr  
 105 110 115  
  
 gat cgt gcg gag tgg cag gat ttc aaa gag gta ctt ttc caa cag tat  
 480  
 20 Asp Arg Ala Glu Trp Gln Asp Phe Lys Glu Val Leu Phe Gln Gln Tyr  
 120 125 130 135  
  
 ctc gat gaa gtg ttt gtt cca atg atc gaa cat tgt att gat aga ggc  
 528  
 25 Leu Asp Glu Val Phe Val Pro Met Ile Glu His Cys Ile Asp Arg Gly  
 140 145 150  
  
 ctc tat gta gtt ctc atg cca ggt tat tct tcg cct gaa tat ctc gaa  
 576  
 30 Leu Tyr Val Val Leu Met Pro Gly Tyr Ser Ser Pro Glu Tyr Leu Glu  
 155 160 165  
  
 tat ggg gac ggt ttc ttc aag gtg ctt gag aaa ctt tgg aaa aac atc  
 624  
 35 Tyr Gly Asp Gly Phe Phe Lys Val Leu Glu Lys Leu Trp Lys Asn Ile  
 170 175 180  
  
 agt acc cat aag gac tta tgc aac aat ccg aat gtg atg ttt gag atc  
 672  
 40 Ser Thr His Lys Asp Leu Cys Asn Asn Pro Asn Val Met Phe Glu Ile  
 185 190 195  
  
 gtc aat gag cct cgt tcg atg aag aag gat ggc aag gct ctg gca ggt  
 720  
 45 Val Asn Glu Pro Arg Ser Met Lys Lys Asp Gly Lys Ala Leu Ala Gly  
 200 205 210 215  
  
 act agt gac gca agc aat aag gca ctc acg gaa tat atg cag cat ttt  
 768  
 50 Thr Ser Asp Ala Ser Asn Lys Ala Leu Thr Glu Tyr Met Gln His Phe  
 220 225 230  
  
 gtc gat ctt atc cgt gag aat gcc aac aac att atc tgg gtg cct ggt  
 816  
 55 Val Asp Leu Ile Arg Glu Asn Ala Asn Asn Ile Ile Trp Val Pro Gly  
 235 240 245

ES 2 757 053 T3

acc ggc tat cag agc cag tat gct ggt tat gcg aag tac cgt ctt tct  
864  
Thr Gly Tyr Gln Ser Gln Tyr Ala Gly Tyr Ala Lys Tyr Arg Leu Ser  
250 255 260

5  
ggc gat aat ctt ggt ttt gct gta cac tgt tac cca ggt tgg tat gga  
912  
Gly Asp Asn Leu Gly Phe Ala Val His Cys Tyr Pro Gly Trp Tyr Gly  
265 270 275

10  
agt gat gca gaa cag gag agt gcc gag tta ggt ggt ggt atg ggc ggt  
960  
Ser Asp Ala Glu Gln Glu Ser Ala Glu Leu Gly Gly Gly Met Gly Gly  
280 285 290 295

15  
gga tat act gcc ttc cgt gca ggt tgg gat gct cag att acc cct gct  
1008  
Gly Tyr Thr Ala Phe Arg Ala Gly Trp Asp Ala Gln Ile Thr Pro Ala  
300 305 310

20  
gct aat att gct cca atc atg gtt act gag atg gac tgg gct cct gct  
1056  
Ala Asn Ile Ala Pro Ile Met Val Thr Glu Met Asp Trp Ala Pro Ala  
315 320 325

25  
aag tat aat aaa tct tgg gga aag agc ttt act ggc gaa gcc gga gga  
1104  
Lys Tyr Asn Lys Ser Trp Gly Lys Ser Phe Thr Gly Glu Ala Gly Gly  
330 335 340

30  
agt ggc ttc ggt gca aac ttt aag tat ctt gct gat atg aca ggc aat  
1152  
Ser Gly Phe Gly Ala Asn Phe Lys Tyr Leu Ala Asp Met Thr Gly Asn  
345 350 355

35  
gtt tct tat atc ctg ttt acg gca cca aat gat ttg gcc gac tac agt  
1200  
Val Ser Tyr Ile Leu Phe Thr Ala Pro Asn Asp Leu Ala Asp Tyr Ser  
360 365 370 375

40  
gcg atg tct gtt aaa cct acc act aat tat tgg aat gat ccg aag ggc  
1248  
Ala Met Ser Val Lys Pro Thr Thr Asn Tyr Trp Asn Asp Pro Lys Gly  
380 385 390

45  
tgt cca tgg cag atc tat cat tgg tat cag gaa tat gca gag ggt cga  
1296  
Cys Pro Trp Gln Ile Tyr His Trp Tyr Gln Glu Tyr Ala Glu Gly Arg  
395 400 405

50  
gta caa cca ctg acg gca agt cag ctt aag atc ggt ggt agt cag aat  
1344  
Val Gln Pro Leu Thr Ala Ser Gln Leu Lys Ile Gly Gly Ser Gln Asn  
410 415 420

55  
ggc aaa ctt acg ctc tct gtt ggc act aca aca gat ttg att gtc aat  
1392

ES 2 757 053 T3

Gly Lys Leu Thr Leu Ser Val Gly Thr Thr Thr Asp Leu Ile Val Asn  
425 430 435

5 gct ata caa tct gga gat gtc gtt tat cct ttg cag tct ggc gtt gag  
1440  
Ala Ile Gln Ser Gly Asp Val Val Tyr Pro Leu Gln Ser Gly Val Glu  
440 445 450 455

10 att caa tca tca aat tct tct gtc gtg aag gtg aaa gga act cag gtt  
1488  
Ile Gln Ser Ser Asn Ser Ser Val Val Lys Val Lys Gly Thr Gln Val  
460 465 470

15 gaa gct gtg aat gag gga gaa gca act ctt act gtt tct gct ctc gga  
1536  
Glu Ala Val Asn Glu Gly Glu Ala Thr Leu Thr Val Ser Ala Leu Gly  
475 480 485

20 atg act tcg act tgc aac gtg act gtt gga agc ctg ttc cca ctg acg  
1584  
Met Thr Ser Thr Cys Asn Val Thr Val Gly Ser Leu Phe Pro Leu Thr  
490 495 500

25 aat gaa agt ttc aat cca agc att tgg gaa act gga tca ttc gat gaa  
1632  
Asn Glu Ser Phe Asn Pro Ser Ile Trp Glu Thr Gly Ser Phe Asp Glu  
505 510 515

30 tca acc cat aca ttc atc tct ggt acc tat ggc ttt ggt ggt tgg cag  
1680  
Ser Thr His Thr Phe Ile Ser Gly Thr Tyr Gly Phe Gly Gly Trp Gln  
520 525 530 535

35 ttc ggg ggt att gat att acg gga cat cag tat att gtc gct aag tta  
1728  
Phe Gly Gly Ile Asp Ile Thr Gly His Gln Tyr Ile Val Ala Lys Leu  
540 545 550

40 ggt gct ggt tcc gat atg tct tgt agt cca tcc ttc cgt ttg ttc gat  
1776  
Gly Ala Gly Ser Asp Met Ser Cys Ser Pro Ser Phe Arg Leu Phe Asp  
555 560 565

45 gac aag ggc tat tgg ggt ggc gct gtc gag tgt tct ttc aaa aac cga  
1824  
Asp Lys Gly Tyr Trp Gly Gly Ala Val Glu Cys Ser Phe Lys Asn Arg  
570 575 580

50 gag gct cgt atc gaa att gct tcg atg aag aga aca aag gat aat agc  
1872  
Glu Ala Arg Ile Glu Ile Ala Ser Met Lys Arg Thr Lys Asp Asn Ser  
585 590 595

55 ctt gtc gat gat ttc gat gct acg aat gtt acg att gta gga ttc tgg  
1920  
Leu Val Asp Asp Phe Asp Ala Thr Asn Val Thr Ile Val Gly Phe Trp  
600 605 610 615

ES 2 757 053 T3

aca acg gga ggt aag cca atc gtt atc gaa agt gta ggt ttc gag gat  
 1968  
 Thr Thr Gly Gly Lys Pro Ile Val Ile Glu Ser Val Gly Phe Glu Asp  
 5 620 625 630

tga  
 1971

10  
 <210> 32  
 <211> 656  
 <212> PRT  
 <213> metagenoma de estiércol de elefante

15  
 <400> 32

Met Lys Lys Leu Phe Leu Leu Leu Leu Ala Ser Val Leu Thr Leu Thr  
 -25 -20 -15 -10

20  
 Cys Ala Thr Thr Phe Thr Ser Cys Asp Lys Asp Glu Asp Pro Ile Glu  
 -5 -1 1 5

25  
 Glu Pro Asp Pro Thr Pro Glu Glu Gln Pro Glu Asn Lys Pro Ala Asn  
 10 15 20

30  
 Thr Asn Ile Gln Ala Gly Lys Tyr Gly Pro Leu His Ile Asp Gly Arg  
 25 30 35

35  
 Tyr Leu Cys Asp Ser Asn Asn Val His Val Asn Leu His Gly Phe Trp  
 40 45 50 55

40  
 Gln Thr Tyr Ser Pro Trp Phe Asn Gly Gly Ala Trp Gly Glu Asp Asn  
 60 65 70

45  
 Trp Gly Asn Tyr Asp Val Asp Ala Cys Leu Glu Tyr Asn Gln Lys Glu  
 75 80 85

50  
 Ile Asp Lys Ile Leu Lys Cys Gly Trp Lys Val Asp Phe Met Arg Val  
 90 95 100

55  
 His Met Asp Ser Tyr Trp Ser Leu Ser Arg Ser Arg Gln Tyr Gly Thr  
 105 110 115

Asp Arg Ala Glu Trp Gln Asp Phe Lys Glu Val Leu Phe Gln Gln Tyr  
 120 125 130 135

ES 2 757 053 T3

Leu Asp Glu Val Phe Val Pro Met Ile Glu His Cys Ile Asp Arg Gly  
 140 145 150  
 5 Leu Tyr Val Val Leu Met Pro Gly Tyr Ser Ser Pro Glu Tyr Leu Glu  
 155 160 165  
 10 Tyr Gly Asp Gly Phe Phe Lys Val Leu Glu Lys Leu Trp Lys Asn Ile  
 170 175 180  
 15 Ser Thr His Lys Asp Leu Cys Asn Asn Pro Asn Val Met Phe Glu Ile  
 185 190 195  
 20 Val Asn Glu Pro Arg Ser Met Lys Lys Asp Gly Lys Ala Leu Ala Gly  
 200 205 210 215  
 25 Thr Ser Asp Ala Ser Asn Lys Ala Leu Thr Glu Tyr Met Gln His Phe  
 220 225 230  
 30 Val Asp Leu Ile Arg Glu Asn Ala Asn Asn Ile Ile Trp Val Pro Gly  
 235 240 245  
 35 Thr Gly Tyr Gln Ser Gln Tyr Ala Gly Tyr Ala Lys Tyr Arg Leu Ser  
 250 255 260  
 40 Gly Asp Asn Leu Gly Phe Ala Val His Cys Tyr Pro Gly Trp Tyr Gly  
 265 270 275  
 45 Ser Asp Ala Glu Gln Glu Ser Ala Glu Leu Gly Gly Gly Met Gly Gly  
 280 285 290 295  
 50 Gly Tyr Thr Ala Phe Arg Ala Gly Trp Asp Ala Gln Ile Thr Pro Ala  
 300 305 310  
 55 Ala Asn Ile Ala Pro Ile Met Val Thr Glu Met Asp Trp Ala Pro Ala  
 315 320 325  
 60 Lys Tyr Asn Lys Ser Trp Gly Lys Ser Phe Thr Gly Glu Ala Gly Gly  
 330 335 340  
 65 Ser Gly Phe Gly Ala Asn Phe Lys Tyr Leu Ala Asp Met Thr Gly Asn  
 345 350 355  
 70 Val Ser Tyr Ile Leu Phe Thr Ala Pro Asn Asp Leu Ala Asp Tyr Ser

ES 2 757 053 T3

	360				365					370					375	
5	Ala	Met	Ser	Val	Lys	Pro	Thr	Thr	Asn	Tyr	Trp	Asn	Asp	Pro	Lys	Gly
					380					385					390	
10	Cys	Pro	Trp	Gln	Ile	Tyr	His	Trp	Tyr	Gln	Glu	Tyr	Ala	Glu	Gly	Arg
				395					400					405		
15	Val	Gln	Pro	Leu	Thr	Ala	Ser	Gln	Leu	Lys	Ile	Gly	Gly	Ser	Gln	Asn
			410					415					420			
20	Gly	Lys	Leu	Thr	Leu	Ser	Val	Gly	Thr	Thr	Thr	Asp	Leu	Ile	Val	Asn
		425					430					435				
25	Ala	Ile	Gln	Ser	Gly	Asp	Val	Val	Tyr	Pro	Leu	Gln	Ser	Gly	Val	Glu
	440					445					450					455
30	Ile	Gln	Ser	Ser	Asn	Ser	Ser	Val	Val	Lys	Val	Lys	Gly	Thr	Gln	Val
					460					465					470	
35	Glu	Ala	Val	Asn	Glu	Gly	Glu	Ala	Thr	Leu	Thr	Val	Ser	Ala	Leu	Gly
				475					480					485		
40	Met	Thr	Ser	Thr	Cys	Asn	Val	Thr	Val	Gly	Ser	Leu	Phe	Pro	Leu	Thr
			490					495					500			
45	Asn	Glu	Ser	Phe	Asn	Pro	Ser	Ile	Trp	Glu	Thr	Gly	Ser	Phe	Asp	Glu
		505					510					515				
50	Ser	Thr	His	Thr	Phe	Ile	Ser	Gly	Thr	Tyr	Gly	Phe	Gly	Gly	Trp	Gln
	520					525					530					535
55	Phe	Gly	Gly	Ile	Asp	Ile	Thr	Gly	His	Gln	Tyr	Ile	Val	Ala	Lys	Leu
					540					545					550	
60	Gly	Ala	Gly	Ser	Asp	Met	Ser	Cys	Ser	Pro	Ser	Phe	Arg	Leu	Phe	Asp
				555					560					565		
65	Asp	Lys	Gly	Tyr	Trp	Gly	Gly	Ala	Val	Glu	Cys	Ser	Phe	Lys	Asn	Arg
			570					575					580			
70	Glu	Ala	Arg	Ile	Glu	Ile	Ala	Ser	Met	Lys	Arg	Thr	Lys	Asp	Asn	Ser
		585					590					595				

ES 2 757 053 T3

5 Leu Val Asp Asp Phe Asp Ala Thr Asn Val Thr Ile Val Gly Phe Trp  
 600 605 610 615  
 Thr Thr Gly Gly Lys Pro Ile Val Ile Glu Ser Val Gly Phe Glu Asp  
 620 625 630  
 10 <210> 33  
 <211> 631  
 <212> PRT  
 <213> metagenoma de estiércol de elefante  
 15 <220>  
 <221> mat\_peptide  
 <222> (1)..(631)  
 20 <400> 33  
 Lys Asp Glu Asp Pro Ile Glu Glu Pro Asp Pro Thr Pro Glu Glu Gln  
 1 5 10 15  
 25 Pro Glu Asn Lys Pro Ala Asn Thr Asn Ile Gln Ala Gly Lys Tyr Gly  
 20 25 30  
 30 Pro Leu His Ile Asp Gly Arg Tyr Leu Cys Asp Ser Asn Asn Val His  
 35 40 45  
 35 Val Asn Leu His Gly Phe Trp Gln Thr Tyr Ser Pro Trp Phe Asn Gly  
 50 55 60  
 40 Gly Ala Trp Gly Glu Asp Asn Trp Gly Asn Tyr Asp Val Asp Ala Cys  
 65 70 75 80  
 45 Leu Glu Tyr Asn Gln Lys Glu Ile Asp Lys Ile Leu Lys Cys Gly Trp  
 85 90 95  
 50 Lys Val Asp Phe Met Arg Val His Met Asp Ser Tyr Trp Ser Leu Ser  
 100 105 110  
 55 Arg Ser Arg Gln Tyr Gly Thr Asp Arg Ala Glu Trp Gln Asp Phe Lys  
 115 120 125  
 60 Glu Val Leu Phe Gln Gln Tyr Leu Asp Glu Val Phe Val Pro Met Ile  
 130 135 140

ES 2 757 053 T3

Glu His Cys Ile Asp Arg Gly Leu Tyr Val Val Leu Met Pro Gly Tyr  
 145 150 155 160

5 Ser Ser Pro Glu Tyr Leu Glu Tyr Gly Asp Gly Phe Phe Lys Val Leu  
 165 170 175

10 Glu Lys Leu Trp Lys Asn Ile Ser Thr His Lys Asp Leu Cys Asn Asn  
 180 185 190

15 Pro Asn Val Met Phe Glu Ile Val Asn Glu Pro Arg Ser Met Lys Lys  
 195 200 205

Asp Gly Lys Ala Leu Ala Gly Thr Ser Asp Ala Ser Asn Lys Ala Leu  
 210 215 220

20 Thr Glu Tyr Met Gln His Phe Val Asp Leu Ile Arg Glu Asn Ala Asn  
 225 230 235 240

25 Asn Ile Ile Trp Val Pro Gly Thr Gly Tyr Gln Ser Gln Tyr Ala Gly  
 245 250 255

30 Tyr Ala Lys Tyr Arg Leu Ser Gly Asp Asn Leu Gly Phe Ala Val His  
 260 265 270

35 Cys Tyr Pro Gly Trp Tyr Gly Ser Asp Ala Glu Gln Glu Ser Ala Glu  
 275 280 285

40 Leu Gly Gly Gly Met Gly Gly Gly Tyr Thr Ala Phe Arg Ala Gly Trp  
 290 295 300

Asp Ala Gln Ile Thr Pro Ala Ala Asn Ile Ala Pro Ile Met Val Thr  
 305 310 315 320

45 Glu Met Asp Trp Ala Pro Ala Lys Tyr Asn Lys Ser Trp Gly Lys Ser  
 325 330 335

50 Phe Thr Gly Glu Ala Gly Gly Ser Gly Phe Gly Ala Asn Phe Lys Tyr  
 340 345 350

55 Leu Ala Asp Met Thr Gly Asn Val Ser Tyr Ile Leu Phe Thr Ala Pro  
 355 360 365

Asn Asp Leu Ala Asp Tyr Ser Ala Met Ser Val Lys Pro Thr Thr Asn



ES 2 757 053 T3

	370		375		380												
5	Tyr 385	Trp	Asn	Asp	Pro	Lys 390	Gly	Cys	Pro	Trp	Gln 395	Ile	Tyr	His	Trp	Tyr 400	
10	Gln	Glu	Tyr	Ala	Glu 405	Gly	Arg	Val	Gln	Pro 410	Leu	Thr	Ala	Ser	Gln 415	Leu	
15	Lys	Ile	Gly	Gly 420	Ser	Gln	Asn	Gly	Lys 425	Leu	Thr	Leu	Ser	Val 430	Gly	Thr	
20	Thr	Thr	Asp 435	Leu	Ile	Val	Asn	Ala 440	Ile	Gln	Ser	Gly	Asp 445	Val	Val	Tyr	
25	Pro	Leu 450	Gln	Ser	Gly	Val	Glu 455	Ile	Gln	Ser	Ser	Asn 460	Ser	Ser	Val	Val	
30	Lys 465	Val	Lys	Gly	Thr	Gln 470	Val	Glu	Ala	Val	Asn 475	Glu	Gly	Glu	Ala	Thr 480	
35	Leu	Thr	Val	Ser	Ala 485	Leu	Gly	Met	Thr	Ser 490	Thr	Cys	Asn	Val	Thr 495	Val	
40	Gly	Ser	Leu	Phe 500	Pro	Leu	Thr	Asn	Glu 505	Ser	Phe	Asn	Pro	Ser 510	Ile	Trp	
45	Glu	Thr	Gly 515	Ser	Phe	Asp	Glu	Ser 520	Thr	His	Thr	Phe	Ile 525	Ser	Gly	Thr	
50	Tyr	Gly 530	Phe	Gly	Gly	Trp	Gln 535	Phe	Gly	Gly	Ile	Asp 540	Ile	Thr	Gly	His	
55	Gln 545	Tyr	Ile	Val	Ala	Lys 550	Leu	Gly	Ala	Gly	Ser 555	Asp	Met	Ser	Cys	Ser 560	
60	Pro	Ser	Phe	Arg	Leu 565	Phe	Asp	Asp	Lys	Gly 570	Tyr	Trp	Gly	Gly	Ala 575	Val	
65	Glu	Cys	Ser	Phe 580	Lys	Asn	Arg	Glu	Ala 585	Arg	Ile	Glu	Ile	Ala 590	Ser	Met	
70	Lys	Arg	Thr 595	Lys	Asp	Asn	Ser	Leu 600	Val	Asp	Asp	Phe	Asp 605	Ala	Thr	Asn	

ES 2 757 053 T3

Val Thr Ile Val Gly Phe Trp Thr Thr Gly Gly Lys Pro Ile Val Ile  
610 615 620

5

Glu Ser Val Gly Phe Glu Asp  
625 630

10

<210> 34  
<211> 2001  
<212> ADN  
<213> Secuencia artificial

15

<220>  
<223> Construcción de expresión

<220>

20

<221> CDS  
<222> (1)..(1998)

<220>

<221> sig\_peptide  
25 <222> (1)..(81)

<220>

<221> mat\_peptide  
<222> (82)..(1998)

30

<400> 34

atg aag aaa ccg ttg ggg aaa att gtc gca agc acc gca cta ctc att  
48

35 Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile  
-25 -20 -15

tct gtt gct ttt agt tca tcg ata gca tca gca cat cat cat cac cat  
96

40 Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His His His His His  
-10 -5 -1 1 5

cat cct agg aag gac gag gat cct att gaa gaa cca gat cct aca cca  
144

45 His Pro Arg Lys Asp Glu Asp Pro Ile Glu Glu Pro Asp Pro Thr Pro  
10 15 20

gag gag cag cct gaa aat aaa cct gcc aac acg aac atc cag gca ggg  
192

50 Glu Glu Gln Pro Glu Asn Lys Pro Ala Asn Thr Asn Ile Gln Ala Gly  
25 30 35

aag tat ggt ccg ctt cat att gat ggg cgt tac ctc tgt gat tca aac  
240

55 Lys Tyr Gly Pro Leu His Ile Asp Gly Arg Tyr Leu Cys Asp Ser Asn  
40 45 50

ES 2 757 053 T3

aac gtt cac gta aat ctt cat ggc ttt tgg cag act tac agc cct tgg  
 288  
 Asn Val His Val Asn Leu His Gly Phe Trp Gln Thr Tyr Ser Pro Trp  
 55 60 65  
 5  
 ttc aat ggt gga gca tgg ggc gag gac aac tgg gga aat tat gat gtt  
 336  
 Phe Asn Gly Gly Ala Trp Gly Glu Asp Asn Trp Gly Asn Tyr Asp Val  
 70 75 80 85  
 10  
 gat gca tgt ctc gaa tac aac cag aag gaa atc gat aag atc ttg aag  
 384  
 Asp Ala Cys Leu Glu Tyr Asn Gln Lys Glu Ile Asp Lys Ile Leu Lys  
 90 95 100  
 15  
 tgc ggt tgg aag gtt gat ttc atg cgt gtg cat atg gat agc tat tgg  
 432  
 Cys Gly Trp Lys Val Asp Phe Met Arg Val His Met Asp Ser Tyr Trp  
 105 110 115  
 20  
 agt ctc tcc cgt agc cgc cag tat gga aca gat cgt gcg gag tgg cag  
 480  
 Ser Leu Ser Arg Ser Arg Gln Tyr Gly Thr Asp Arg Ala Glu Trp Gln  
 120 125 130  
 25  
 gat ttc aaa gag gta ctt ttc caa cag tat ctc gat gaa gtg ttt gtt  
 528  
 Asp Phe Lys Glu Val Leu Phe Gln Gln Tyr Leu Asp Glu Val Phe Val  
 135 140 145  
 30  
 cca atg atc gaa cat tgt att gat aga ggc ctc tat gta gtt ctc atg  
 576  
 Pro Met Ile Glu His Cys Ile Asp Arg Gly Leu Tyr Val Val Leu Met  
 150 155 160 165  
 35  
 cca ggt tat tct tcg cct gaa tat ctc gaa tat ggg gac ggt ttc ttc  
 624  
 Pro Gly Tyr Ser Ser Pro Glu Tyr Leu Glu Tyr Gly Asp Gly Phe Phe  
 170 175 180  
 40  
 aag gtg ctt gag aaa ctt tgg aaa aac atc agt acc cat aag gac tta  
 672  
 Lys Val Leu Glu Lys Leu Trp Lys Asn Ile Ser Thr His Lys Asp Leu  
 185 190 195  
 45  
 tgc aac aat ccg aat gtg atg ttt gag atc gtc aat gag cct cgt tcg  
 720  
 Cys Asn Asn Pro Asn Val Met Phe Glu Ile Val Asn Glu Pro Arg Ser  
 200 205 210  
 50  
 atg aag aag gat ggc aag gct ctg gca ggt act agt gac gca agc aat  
 768  
 Met Lys Lys Asp Gly Lys Ala Leu Ala Gly Thr Ser Asp Ala Ser Asn  
 215 220 225  
 55  
 aag gca ctc acg gaa tat atg cag cat ttt gtc gat ctt atc cgt gag  
 816

ES 2 757 053 T3

Lys Ala Leu Thr Glu Tyr Met Gln His Phe Val Asp Leu Ile Arg Glu  
 230 235 240 245  
 5 aat gcc aac aac att atc tgg gtg cct ggt acc ggc tat cag agc cag  
 864  
 Asn Ala Asn Asn Ile Ile Trp Val Pro Gly Thr Gly Tyr Gln Ser Gln  
 250 255 260  
 10 tat gct ggt tat gcg aag tac cgt ctt tct ggc gat aat ctt ggt ttt  
 912  
 Tyr Ala Gly Tyr Ala Lys Tyr Arg Leu Ser Gly Asp Asn Leu Gly Phe  
 265 270 275  
 15 gct gta cac tgt tac cca ggt tgg tat gga agt gat gca gaa cag gag  
 960  
 Ala Val His Cys Tyr Pro Gly Trp Tyr Gly Ser Asp Ala Glu Gln Glu  
 280 285 290  
 20 agt gcc gag tta ggt ggt ggt atg ggc ggt gga tat act gcc ttc cgt  
 1008  
 Ser Ala Glu Leu Gly Gly Gly Met Gly Gly Gly Tyr Thr Ala Phe Arg  
 295 300 305  
 25 gca ggt tgg gat gct cag att acc cct gct gct aat att gct cca atc  
 1056  
 Ala Gly Trp Asp Ala Gln Ile Thr Pro Ala Ala Asn Ile Ala Pro Ile  
 310 315 320 325  
 30 atg gtt act gag atg gac tgg gct cct gct aag tat aat aaa tct tgg  
 1104  
 Met Val Thr Glu Met Asp Trp Ala Pro Ala Lys Tyr Asn Lys Ser Trp  
 330 335 340  
 35 gga aag agc ttt act ggc gaa gcc gga gga agt ggc ttc ggt gca aac  
 1152  
 Gly Lys Ser Phe Thr Gly Glu Ala Gly Gly Ser Gly Phe Gly Ala Asn  
 345 350 355  
 40 ttt aag tat ctt gct gat atg aca ggc aat gtt tct tat atc ctg ttt  
 1200  
 Phe Lys Tyr Leu Ala Asp Met Thr Gly Asn Val Ser Tyr Ile Leu Phe  
 360 365 370  
 45 acg gca cca aat gat ttg gcc gac tac agt gcg atg tct gtt aaa cct  
 1248  
 Thr Ala Pro Asn Asp Leu Ala Asp Tyr Ser Ala Met Ser Val Lys Pro  
 375 380 385  
 50 acc act aat tat tgg aat gat ccg aag ggc tgt cca tgg cag atc tat  
 1296  
 Thr Thr Asn Tyr Trp Asn Asp Pro Lys Gly Cys Pro Trp Gln Ile Tyr  
 390 395 400 405  
 55 cat tgg tat cag gaa tat gca gag ggt cga gta caa cca ctg acg gca  
 1344  
 His Trp Tyr Gln Glu Tyr Ala Glu Gly Arg Val Gln Pro Leu Thr Ala  
 410 415 420

ES 2 757 053 T3

agt cag ctt aag atc ggt ggt agt cag aat ggc aaa ctt acg ctc tct  
 1392  
 5 Ser Gln Leu Lys Ile Gly Gly Ser Gln Asn Gly Lys Leu Thr Leu Ser  
 425 430 435  
  
 gtt ggc act aca aca gat ttg att gtc aat gct ata caa tct gga gat  
 1440  
 10 Val Gly Thr Thr Thr Asp Leu Ile Val Asn Ala Ile Gln Ser Gly Asp  
 440 445 450  
  
 gtc gtt tat cct ttg cat tct ggc gtt gag att caa tca tca aat tct  
 1488  
 15 Val Val Tyr Pro Leu His Ser Gly Val Glu Ile Gln Ser Ser Asn Ser  
 455 460 465  
  
 tct gtc gtg aag gtg aaa gga act cag gtt gaa gct gtg aat gag gga  
 1536  
 20 Ser Val Val Lys Val Lys Gly Thr Gln Val Glu Ala Val Asn Glu Gly  
 470 475 480 485  
  
 gaa gca act ctt act gtt tct gct ctc gga atg act tcg act tgc aac  
 1584  
 25 Glu Ala Thr Leu Thr Val Ser Ala Leu Gly Met Thr Ser Thr Cys Asn  
 490 495 500  
  
 gtg act gtt gga agc ctg ttc cca ctg acg aat gaa agt ttc aat cca  
 1632  
 30 Val Thr Val Gly Ser Leu Phe Pro Leu Thr Asn Glu Ser Phe Asn Pro  
 505 510 515  
  
 agc att tgg gaa act gga tca ttc gat gaa tca acc cat aca ttc atc  
 1680  
 35 Ser Ile Trp Glu Thr Gly Ser Phe Asp Glu Ser Thr His Thr Phe Ile  
 520 525 530  
  
 tct ggt acc tat ggc ttt ggt ggt tgg cag ttc ggg ggt att gat att  
 1728  
 40 Ser Gly Thr Tyr Gly Phe Gly Gly Trp Gln Phe Gly Gly Ile Asp Ile  
 535 540 545  
  
 acg gga cat cag tat att gtc gct aag tta ggt gct ggt tcc gat atg  
 1776  
 45 Thr Gly His Gln Tyr Ile Val Ala Lys Leu Gly Ala Gly Ser Asp Met  
 550 555 560 565  
  
 tct tgt agt cca tcc ttc cgt ttg ttc gat gac aag ggc tat tgg ggt  
 1824  
 50 Ser Cys Ser Pro Ser Phe Arg Leu Phe Asp Asp Lys Gly Tyr Trp Gly  
 570 575 580  
  
 ggc gct gtc gag tgt tct ttc aaa aac cga gag gct cgt atc gaa att  
 1872  
 55 Gly Ala Val Glu Cys Ser Phe Lys Asn Arg Glu Ala Arg Ile Glu Ile  
 585 590 595

ES 2 757 053 T3

gct tcg atg aag aga aca aag gat aat agc ctt gtc gat gat ttc gat  
1920  
Ala Ser Met Lys Arg Thr Lys Asp Asn Ser Leu Val Asp Asp Phe Asp  
600 605 610

5  
gct acg aat gtt acg att gta gga ttc tgg aca acg gga ggt aag cca  
1968  
Ala Thr Asn Val Thr Ile Val Gly Phe Trp Thr Thr Gly Gly Lys Pro  
615 620 625

10  
atc gtt atc gaa agt gta ggt ttc gag gat tga  
2001  
Ile Val Ile Glu Ser Val Gly Phe Glu Asp  
630 635

15  
<210> 35  
<211> 666  
<212> PRT  
20 <213> Secuencia artificial  
  
<220>  
<223> Construcción sintética

25 <400> 35  
  
Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile  
-25 -20 -15

30  
Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His His His His His  
-10 -5 -1 1 5

35 His Pro Arg Lys Asp Glu Asp Pro Ile Glu Glu Pro Asp Pro Thr Pro  
10 15 20

40  
Glu Glu Gln Pro Glu Asn Lys Pro Ala Asn Thr Asn Ile Gln Ala Gly  
25 30 35

45  
Lys Tyr Gly Pro Leu His Ile Asp Gly Arg Tyr Leu Cys Asp Ser Asn  
40 45 50

50  
Asn Val His Val Asn Leu His Gly Phe Trp Gln Thr Tyr Ser Pro Trp  
55 60 65

50  
Phe Asn Gly Gly Ala Trp Gly Glu Asp Asn Trp Gly Asn Tyr Asp Val  
70 75 80 85

55  
Asp Ala Cys Leu Glu Tyr Asn Gln Lys Glu Ile Asp Lys Ile Leu Lys  
90 95 100

ES 2 757 053 T3

Cys Gly Trp Lys Val Asp Phe Met Arg Val His Met Asp Ser Tyr Trp  
 105 110 115  
 5  
 Ser Leu Ser Arg Ser Arg Gln Tyr Gly Thr Asp Arg Ala Glu Trp Gln  
 120 125 130  
 10 Asp Phe Lys Glu Val Leu Phe Gln Gln Tyr Leu Asp Glu Val Phe Val  
 135 140 145  
 15 Pro Met Ile Glu His Cys Ile Asp Arg Gly Leu Tyr Val Val Leu Met  
 150 155 160 165  
 20 Pro Gly Tyr Ser Ser Pro Glu Tyr Leu Glu Tyr Gly Asp Gly Phe Phe  
 170 175 180  
 Lys Val Leu Glu Lys Leu Trp Lys Asn Ile Ser Thr His Lys Asp Leu  
 185 190 195  
 25 Cys Asn Asn Pro Asn Val Met Phe Glu Ile Val Asn Glu Pro Arg Ser  
 200 205 210  
 30 Met Lys Lys Asp Gly Lys Ala Leu Ala Gly Thr Ser Asp Ala Ser Asn  
 215 220 225  
 35 Lys Ala Leu Thr Glu Tyr Met Gln His Phe Val Asp Leu Ile Arg Glu  
 230 235 240 245  
 40 Asn Ala Asn Asn Ile Ile Trp Val Pro Gly Thr Gly Tyr Gln Ser Gln  
 250 255 260  
 Tyr Ala Gly Tyr Ala Lys Tyr Arg Leu Ser Gly Asp Asn Leu Gly Phe  
 265 270 275  
 45 Ala Val His Cys Tyr Pro Gly Trp Tyr Gly Ser Asp Ala Glu Gln Glu  
 280 285 290  
 50 Ser Ala Glu Leu Gly Gly Gly Met Gly Gly Gly Tyr Thr Ala Phe Arg  
 295 300 305  
 55 Ala Gly Trp Asp Ala Gln Ile Thr Pro Ala Ala Asn Ile Ala Pro Ile  
 310 315 320 325

ES 2 757 053 T3

Met Val Thr Glu Met Asp Trp Ala Pro Ala Lys Tyr Asn Lys Ser Trp  
 330 335 340

5 Gly Lys Ser Phe Thr Gly Glu Ala Gly Gly Ser Gly Phe Gly Ala Asn  
 345 350 355

10 Phe Lys Tyr Leu Ala Asp Met Thr Gly Asn Val Ser Tyr Ile Leu Phe  
 360 365 370

15 Thr Ala Pro Asn Asp Leu Ala Asp Tyr Ser Ala Met Ser Val Lys Pro  
 375 380 385

20 Thr Thr Asn Tyr Trp Asn Asp Pro Lys Gly Cys Pro Trp Gln Ile Tyr  
 390 395 400 405

25 His Trp Tyr Gln Glu Tyr Ala Glu Gly Arg Val Gln Pro Leu Thr Ala  
 410 415 420

30 Ser Gln Leu Lys Ile Gly Gly Ser Gln Asn Gly Lys Leu Thr Leu Ser  
 425 430 435

35 Val Gly Thr Thr Thr Asp Leu Ile Val Asn Ala Ile Gln Ser Ser Asn Ser  
 440 445 450

40 Ser Val Val Lys Val Lys Gly Thr Gln Val Glu Ala Val Asn Glu Gly  
 470 475 480 485

45 Glu Ala Thr Leu Thr Val Ser Ala Leu Gly Met Thr Ser Thr Cys Asn  
 490 495 500

50 Val Thr Val Gly Ser Leu Phe Pro Leu Thr Asn Glu Ser Phe Asn Pro  
 505 510 515

55 Ser Ile Trp Glu Thr Gly Ser Phe Asp Glu Ser Thr His Thr Phe Ile  
 520 525 530

Ser Gly Thr Tyr Gly Phe Gly Gly Trp Gln Phe Gly Gly Ile Asp Ile  
 535 540 545

Thr Gly His Gln Tyr Ile Val Ala Lys Leu Gly Ala Gly Ser Asp Met



# ES 2 757 053 T3

	550		555		560		565									
5	Ser	Cys	Ser	Pro	Ser	Phe	Arg	Leu	Phe	Asp	Asp	Lys	Gly	Tyr	Trp	Gly
					570					575					580	
10	Gly	Ala	Val	Glu	Cys	Ser	Phe	Lys	Asn	Arg	Glu	Ala	Arg	Ile	Glu	Ile
				585					590					595		
15	Ala	Ser	Met	Lys	Arg	Thr	Lys	Asp	Asn	Ser	Leu	Val	Asp	Asp	Phe	Asp
			600					605					610			
20	Ala	Thr	Asn	Val	Thr	Ile	Val	Gly	Phe	Trp	Thr	Thr	Gly	Gly	Lys	Pro
		615					620					625				
25	Ile	Val	Ile	Glu	Ser	Val	Gly	Phe	Glu	Asp						
	630					635										
	<210>															
	<211>															
	<212>															
	<213>															
	<220>															
30	<223>															
	<220>															
	<221>															
	<222>															
35	<400>															
40	His	His	His	His	His	His	Pro	Arg	Lys	Asp	Glu	Asp	Pro	Ile	Glu	Glu
	1				5					10				15		
45	Pro	Asp	Pro	Thr	Pro	Glu	Glu	Gln	Pro	Glu	Asn	Lys	Pro	Ala	Asn	Thr
			20					25					30			
50	Asn	Ile	Gln	Ala	Gly	Lys	Tyr	Gly	Pro	Leu	His	Ile	Asp	Gly	Arg	Tyr
			35					40					45			
55	Leu	Cys	Asp	Ser	Asn	Asn	Val	His	Val	Asn	Leu	His	Gly	Phe	Trp	Gln
		50				55					60					
60	Thr	Tyr	Ser	Pro	Trp	Phe	Asn	Gly	Gly	Ala	Trp	Gly	Glu	Asp	Asn	Trp
	65					70					75				80	

ES 2 757 053 T3

Gly Asn Tyr Asp Val Asp Ala Cys Leu Glu Tyr Asn Gln Lys Glu Ile  
85 90 95

5 Asp Lys Ile Leu Lys Cys Gly Trp Lys Val Asp Phe Met Arg Val His  
100 105 110

10 Met Asp Ser Tyr Trp Ser Leu Ser Arg Ser Arg Gln Tyr Gly Thr Asp  
115 120 125

15 Arg Ala Glu Trp Gln Asp Phe Lys Glu Val Leu Phe Gln Gln Tyr Leu  
130 135 140

20 Asp Glu Val Phe Val Pro Met Ile Glu His Cys Ile Asp Arg Gly Leu  
145 150 155 160

25 Tyr Val Val Leu Met Pro Gly Tyr Ser Ser Pro Glu Tyr Leu Glu Tyr  
165 170 175

30 Gly Asp Gly Phe Phe Lys Val Leu Glu Lys Leu Trp Lys Asn Ile Ser  
180 185 190

35 Thr His Lys Asp Leu Cys Asn Asn Pro Asn Val Met Phe Glu Ile Val  
195 200 205

40 Asn Glu Pro Arg Ser Met Lys Lys Asp Gly Lys Ala Leu Ala Gly Thr  
210 215 220

45 Ser Asp Ala Ser Asn Lys Ala Leu Thr Glu Tyr Met Gln His Phe Val  
225 230 235 240

50 Asp Leu Ile Arg Glu Asn Ala Asn Asn Ile Ile Trp Val Pro Gly Thr  
245 250 255

55 Gly Tyr Gln Ser Gln Tyr Ala Gly Tyr Ala Lys Tyr Arg Leu Ser Gly  
260 265 270

Asp Asn Leu Gly Phe Ala Val His Cys Tyr Pro Gly Trp Tyr Gly Ser  
275 280 285

Asp Ala Glu Gln Glu Ser Ala Glu Leu Gly Gly Gly Met Gly Gly Gly  
290 295 300

Tyr Thr Ala Phe Arg Ala Gly Trp Asp Ala Gln Ile Thr Pro Ala Ala

ES 2 757 053 T3

	305				310					315					320	
5	Asn	Ile	Ala	Pro	Ile	Met	Val	Thr	Glu	Met	Asp	Trp	Ala	Pro	Ala	Lys
					325					330					335	
10	Tyr	Asn	Lys	Ser	Trp	Gly	Lys	Ser	Phe	Thr	Gly	Glu	Ala	Gly	Gly	Ser
				340					345					350		
15	Gly	Phe	Gly	Ala	Asn	Phe	Lys	Tyr	Leu	Ala	Asp	Met	Thr	Gly	Asn	Val
			355					360					365			
20	Ser	Tyr	Ile	Leu	Phe	Thr	Ala	Pro	Asn	Asp	Leu	Ala	Asp	Tyr	Ser	Ala
		370					375					380				
25	Met	Ser	Val	Lys	Pro	Thr	Thr	Asn	Tyr	Trp	Asn	Asp	Pro	Lys	Gly	Cys
	385					390					395					400
30	Pro	Trp	Gln	Ile	Tyr	His	Trp	Tyr	Gln	Glu	Tyr	Ala	Glu	Gly	Arg	Val
				405						410					415	
35	Gln	Pro	Leu	Thr	Ala	Ser	Gln	Leu	Lys	Ile	Gly	Gly	Ser	Gln	Asn	Gly
			420						425					430		
40	Lys	Leu	Thr	Leu	Ser	Val	Gly	Thr	Thr	Thr	Asp	Leu	Ile	Val	Asn	Ala
			435					440					445			
45	Ile	Gln	Ser	Gly	Asp	Val	Val	Tyr	Pro	Leu	His	Ser	Gly	Val	Glu	Ile
	450						455					460				
50	Gln	Ser	Ser	Asn	Ser	Ser	Val	Val	Lys	Val	Lys	Gly	Thr	Gln	Val	Glu
	465				470						475					480
55	Ala	Val	Asn	Glu	Gly	Glu	Ala	Thr	Leu	Thr	Val	Ser	Ala	Leu	Gly	Met
				485						490					495	
60	Thr	Ser	Thr	Cys	Asn	Val	Thr	Val	Gly	Ser	Leu	Phe	Pro	Leu	Thr	Asn
				500					505					510		
65	Glu	Ser	Phe	Asn	Pro	Ser	Ile	Trp	Glu	Thr	Gly	Ser	Phe	Asp	Glu	Ser
			515					520					525			
70	Thr	His	Thr	Phe	Ile	Ser	Gly	Thr	Tyr	Gly	Phe	Gly	Gly	Trp	Gln	Phe
	530						535					540				

ES 2 757 053 T3

Gly Gly Ile Asp Ile Thr Gly His Gln Tyr Ile Val Ala Lys Leu Gly  
 545 550 555 560  
 5  
 Ala Gly Ser Asp Met Ser Cys Ser Pro Ser Phe Arg Leu Phe Asp Asp  
 565 570 575  
 10  
 Lys Gly Tyr Trp Gly Gly Ala Val Glu Cys Ser Phe Lys Asn Arg Glu  
 580 585 590  
 15  
 Ala Arg Ile Glu Ile Ala Ser Met Lys Arg Thr Lys Asp Asn Ser Leu  
 595 600 605  
 20  
 Val Asp Asp Phe Asp Ala Thr Asn Val Thr Ile Val Gly Phe Trp Thr  
 610 615 620  
 25  
 Thr Gly Gly Lys Pro Ile Val Ile Glu Ser Val Gly Phe Glu Asp  
 625 630 635  
 30  
 <210> 37  
 <211> 2541  
 <212> ADN  
 <213> metagenoma de estiércol de elefante  
 35  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(2538)  
 40  
 <220>  
 <221> sig\_peptide  
 <222> (1)..(54)  
 45  
 <220>  
 <221> mat\_peptide  
 <222> (55)..(2538)  
 <400> 37  
 48  
 atg aaa aaa ttc tac aag gct ata gtg gca ttt cta acc tta cca ctc  
 Met Lys Lys Phe Tyr Lys Ala Ile Val Ala Phe Leu Thr Leu Pro Leu  
 -15 -10 -5  
 50  
 gcc gca ttc gga caa ttc ggt gtt gtc cag ccg ctc cac gtg aat ggc  
 96  
 Ala Ala Phe Gly Gln Phe Gly Val Val Gln Pro Leu His Val Asn Gly  
 -1 1 5 10  
 55  
 aat cag ttt aat gac ccc tat gga aac aag gta gtc ctt cac ggt gtg  
 144

ES 2 757 053 T3

Asn Gln Phe Asn Asp Pro Tyr Gly Asn Lys Val Val Leu His Gly Val  
 15 20 25 30  
 5 atg gac act cca agc cca tat ttc aac agt tgg aga tgg gga tat tct  
 192  
 Met Asp Thr Pro Ser Pro Tyr Phe Asn Ser Trp Arg Trp Gly Tyr Ser  
 35 40 45  
 10 tgt aat gac gga gcc gtt tct ggc tgt ctc aac tat ttc gag aag atc  
 240  
 Cys Asn Asp Gly Ala Val Ser Gly Cys Leu Asn Tyr Phe Glu Lys Ile  
 50 55 60  
 15 ttc acc gct att aca gac aca aag caa ggt gct tat tgt aac ttg ttc  
 288  
 Phe Thr Ala Ile Thr Asp Thr Lys Gln Gly Ala Tyr Cys Asn Leu Phe  
 65 70 75  
 20 cgt ctc cac ctc gat cca tgc tgg act aac gat cca aac aag aca gct  
 336  
 Arg Leu His Leu Asp Pro Cys Trp Thr Asn Asp Pro Asn Lys Thr Ala  
 80 85 90  
 25 act ggt tct gag acg gga gaa gca aac att agt cgt ttc agc aac gac  
 384  
 Thr Gly Ser Glu Thr Gly Glu Ala Asn Ile Ser Arg Phe Ser Asn Asp  
 95 100 105 110  
 30 cgt ctt gta aag tat ctg aat acc gta tac tgg cca atc gca cag aag  
 432  
 Arg Leu Val Lys Tyr Leu Asn Thr Val Tyr Trp Pro Ile Ala Gln Lys  
 115 120 125  
 35 gct ctc aac cac ggt atg tac gtc att atg cgt cct cct ggc gta tgc  
 480  
 Ala Leu Asn His Gly Met Tyr Val Ile Met Arg Pro Pro Gly Val Cys  
 130 135 140  
 40 cct gat aat ctt cgc gtt ggc gat gct tat cag aac tat ctc aaa aca  
 528  
 Pro Asp Asn Leu Arg Val Gly Asp Ala Tyr Gln Asn Tyr Leu Lys Thr  
 145 150 155  
 45 gta tgg aat aca gtc act aag aac cag aat gtg att aag aac tct ggt  
 576  
 Val Trp Asn Thr Val Thr Lys Asn Gln Asn Val Ile Lys Asn Ser Gly  
 160 165 170  
 50 gtt gta atg att gaa ctt gca aac gag cca atc cat atc tac aat caa  
 624  
 Val Val Met Ile Glu Leu Ala Asn Glu Pro Ile His Ile Tyr Asn Gln  
 175 180 185 190  
 55 tat gga cag gct tct gca aca gct atg cgt gac tat ttc cag cct gtg  
 672  
 Tyr Gly Gln Ala Ser Ala Thr Ala Met Arg Asp Tyr Phe Gln Pro Val  
 195 200 205

ES 2 757 053 T3

ata gat gtt ata cgt aaa aat ggt tac aca ggt atc atc ctc gtt cct  
 720  
 5 Ile Asp Val Ile Arg Lys Asn Gly Tyr Thr Gly Ile Ile Leu Val Pro  
 210 215 220  
 gga aca ggt tgg cag tca aac tac aag gat tat gac aag tat cct gta  
 768  
 10 Gly Thr Gly Trp Gln Ser Asn Tyr Lys Asp Tyr Asp Lys Tyr Pro Val  
 225 230 235  
 aat gac aac aac tac ggc tat gcc gtt cac gac tac cca ggt tgg tac  
 816  
 15 Asn Asp Asn Asn Tyr Gly Tyr Ala Val His Asp Tyr Pro Gly Trp Tyr  
 240 245 250  
 agc aca agt gac cag agc tat gat cac aac aca gca atc cgt gct ttc  
 864  
 20 Ser Thr Ser Asp Gln Ser Tyr Asp His Asn Thr Ala Ile Arg Ala Phe  
 255 260 265 270  
 ggg gat aat gtt cct gta gta aag aag aaa cct atc gtg atc aca gag  
 912  
 25 Gly Asp Asn Val Pro Val Val Lys Lys Lys Pro Ile Val Ile Thr Glu  
 275 280 285  
 gtt gac tgg agt cca gag aaa gca gga aca ggt cat tat aat gag cac  
 960  
 30 Val Asp Trp Ser Pro Glu Lys Ala Gly Thr Gly His Tyr Asn Glu His  
 290 295 300  
 gga cag tgg gta aca agc aac tac ggt acc tgg gca aca gcc tca act  
 1008  
 35 Gly Gln Trp Val Thr Ser Asn Tyr Gly Thr Trp Ala Thr Ala Ser Thr  
 305 310 315  
 aca aag tgg ggt tat gct tac aaa gct gtg ctt gac tac tac gac aac  
 1056  
 40 Thr Lys Trp Gly Tyr Ala Tyr Lys Ala Val Leu Asp Tyr Tyr Asp Asn  
 320 325 330  
 atc tca atg aca ctt tcc gga aca gac aca tac att gat gtg gac aca  
 1104  
 45 Ile Ser Met Thr Leu Ser Gly Thr Asp Thr Tyr Ile Asp Val Asp Thr  
 335 340 345 350  
 tac ctt aat tct ggt aag gtt act ggt gca ttc ggt aac atc tgg gaa  
 1152  
 50 Tyr Leu Asn Ser Gly Lys Val Thr Gly Ala Phe Gly Asn Ile Trp Glu  
 355 360 365  
 gct tgt ggt gct gct tgt atg tat tgg tac aag ctc tgg gct cag aag  
 1200  
 55 Ala Cys Gly Ala Ala Cys Met Tyr Trp Tyr Lys Leu Trp Ala Gln Lys  
 370 375 380

ES 2 757 053 T3

gat tat gct cac gca aca ggt tct agt tct agt tca acc act acg caa  
1248  
Asp Tyr Ala His Ala Thr Gly Ser Ser Ser Ser Ser Thr Thr Thr Gln  
385 390 395

5  
cca tct aca gga ggt agt aca tca aca ggt agt act aca aca ggc aat  
1296  
Pro Ser Thr Gly Gly Ser Thr Ser Thr Gly Ser Thr Thr Thr Gly Asn  
400 405 410

10  
ggt gaa ttt act aac gta gac ctc tca tca tca ctc atc cca gga tgg  
1344  
Gly Glu Phe Thr Asn Val Asp Leu Ser Ser Ser Leu Ile Pro Gly Trp  
415 420 425 430

15  
tct caa ggt ggc gtt cgt cct aat gga tgg gct tgt aat gat gca ggc  
1392  
Ser Gln Gly Gly Val Arg Pro Asn Gly Trp Ala Cys Asn Asp Ala Gly  
435 440 445

20  
gac tat cca gcg tct ggt gag gca ggc tct ggt cca cgt gta atg cag  
1440  
Asp Tyr Pro Ala Ser Gly Glu Ala Gly Ser Gly Pro Arg Val Met Gln  
450 455 460

25  
ttc aat ggt ggt ggc gac ttc aag tac gga ttc tat ttc cgt cag cag  
1488  
Phe Asn Gly Gly Gly Asp Phe Lys Tyr Gly Phe Tyr Phe Arg Gln Gln  
465 470 475

30  
gac gca agc aag cct ggt tat att cag tac ggt aca aca agt ggc tac  
1536  
Asp Ala Ser Lys Pro Gly Tyr Ile Gln Tyr Gly Thr Thr Ser Gly Tyr  
480 485 490

35  
gaa ctc gct ctc aac agt ttc gga aac tat tgt ctc aca ttc aac tgt  
1584  
Glu Leu Ala Leu Asn Ser Phe Gly Asn Tyr Cys Leu Thr Phe Asn Cys  
495 500 505 510

40  
gca gct tgg gct ggt tca cct tat gta aag gca gag gtt atc act tct  
1632  
Ala Ala Trp Ala Gly Ser Pro Tyr Val Lys Ala Glu Val Ile Thr Ser  
515 520 525

45  
tct ggt aat gtc att gca agc act atc gtc aag tgc aat ctc aac ctc  
1680  
Ser Gly Asn Val Ile Ala Ser Thr Ile Val Lys Cys Asn Leu Asn Leu  
530 535 540

50  
aac aag aac act aat gca agc aca gca aaa tca gat cag ggc tat ctc  
1728  
Asn Lys Asn Thr Asn Ala Ser Thr Ala Lys Ser Asp Gln Gly Tyr Leu  
545 550 555

55  
agt ttc tat gtc ctc aac aag ggt aac ttc tct gtc aag ttc act cca  
1776

ES 2 757 053 T3

Ser Phe Tyr Val Leu Asn Lys Gly Asn Phe Ser Val Lys Phe Thr Pro  
560 565 570

5 tgt gct gat gct aat ggt ggt tca ggt act tgg gta gag gct gtc gta  
1824

Cys Ala Asp Ala Asn Gly Gly Ser Gly Thr Trp Val Glu Ala Val Val  
575 580 585 590

10 ggt aac atc aac ctc cgt tat atg ggt aac cca ctc tca ttc gag aaa  
1872

Gly Asn Ile Asn Leu Arg Tyr Met Gly Asn Pro Leu Ser Phe Glu Lys  
595 600 605

15 gca aac tac gta aat cca ggt tgg aag ata ctt gac ggt ggc aag att  
1920

Ala Asn Tyr Val Asn Pro Gly Trp Lys Ile Leu Asp Gly Gly Lys Ile  
610 615 620

20 gtt gag aca gga gac gct ggt tct ggc cct cgt atc ttc aac ttc cct  
1968

Val Glu Thr Gly Asp Ala Gly Ser Gly Pro Arg Ile Phe Asn Phe Pro  
625 630 635

25 gct gga ggt cag ttc aac tat ggt ctt tac atc cgc agt aca agc aca  
2016

Ala Gly Gly Gln Phe Asn Tyr Gly Leu Tyr Ile Arg Ser Thr Ser Thr  
640 645 650

30 gaa ctc tca gag aac tat gct gag ttt ggt tca cgt tgg gga tat gga  
2064

Glu Leu Ser Glu Asn Tyr Ala Glu Phe Gly Ser Arg Trp Gly Tyr Gly  
655 660 665 670

35 ttg aac ttc ctc cca ggt cgc tac act ctc aca tat aac tgc gca gca  
2112

Leu Asn Phe Leu Pro Gly Arg Tyr Thr Leu Thr Tyr Asn Cys Ala Ala  
675 680 685

40 tgg aca ggt tca cca tac gtg aag tgt gaa gtt atc aat gag aat gat  
2160

Trp Thr Gly Ser Pro Tyr Val Lys Cys Glu Val Ile Asn Glu Asn Asp  
690 695 700

45 cag gtt gtt gca agc agc att aca aac tgt tca ctc aac ctc aac aag  
2208

Gln Val Val Ala Ser Ser Ile Thr Asn Cys Ser Leu Asn Leu Asn Lys  
705 710 715

50 aac ctc aat gca tct act gca aat gca cct cag ggt tca gta tca ttc  
2256

Asn Leu Asn Ala Ser Thr Ala Asn Ala Pro Gln Gly Ser Val Ser Phe  
720 725 730

55 aca gta agc aac act ggt agc tac aag ctg cgt tgg aca cca gtc gca  
2304

Thr Val Ser Asn Thr Gly Ser Tyr Lys Leu Arg Trp Thr Pro Val Ala  
735 740 745 750



ES 2 757 053 T3

aat gca aac ggt gat gca ggt tac tgg gta gag gct gtc att ggt cat  
 2352  
 5 Asn Ala Asn Gly Asp Ala Gly Tyr Trp Val Glu Ala Val Ile Gly His  
 755 760 765  
  
 atc aag atc aca cag aac tca ggc aac aag gtt gct gca tac aca gat  
 2400  
 10 Ile Lys Ile Thr Gln Asn Ser Gly Asn Lys Val Ala Ala Tyr Thr Asp  
 770 775 780  
  
 gac aac gat gaa gtc aca tct gtt gca gaa gta gaa aac gaa gca aac  
 2448  
 15 Asp Asn Asp Glu Val Thr Ser Val Ala Glu Val Glu Asn Glu Ala Asn  
 785 790 795  
  
 tca gag gag aca ttc aac ctc tct ggt cag cgt gtt gaa aac cca act  
 2496  
 20 Ser Glu Glu Thr Phe Asn Leu Ser Gly Gln Arg Val Glu Asn Pro Thr  
 800 805 810  
  
 aag ggt atc tat ata aag aat gga aag aag gta atc gtt agg taa  
 2541  
 25 Lys Gly Ile Tyr Ile Lys Asn Gly Lys Lys Val Ile Val Arg  
 815 820 825  
  
 <210> 38  
 <211> 846  
 30 <212> PRT  
 <213> metagenoma de estiércol de elefante  
  
 <400> 38  
  
 35 Met Lys Lys Phe Tyr Lys Ala Ile Val Ala Phe Leu Thr Leu Pro Leu  
 -15 -10 -5  
  
 Ala Ala Phe Gly Gln Phe Gly Val Val Gln Pro Leu His Val Asn Gly  
 40 -1 1 5 10  
  
 Asn Gln Phe Asn Asp Pro Tyr Gly Asn Lys Val Val Leu His Gly Val  
 45 15 20 25 30  
  
 Met Asp Thr Pro Ser Pro Tyr Phe Asn Ser Trp Arg Trp Gly Tyr Ser  
 50 35 40 45  
  
 Cys Asn Asp Gly Ala Val Ser Gly Cys Leu Asn Tyr Phe Glu Lys Ile  
 55 50 55 60  
  
 Phe Thr Ala Ile Thr Asp Thr Lys Gln Gly Ala Tyr Cys Asn Leu Phe  
 65 70 75

ES 2 757 053 T3

Arg Leu His Leu Asp Pro Cys Trp Thr Asn Asp Pro Asn Lys Thr Ala  
 80 85 90  
 5  
 Thr Gly Ser Glu Thr Gly Glu Ala Asn Ile Ser Arg Phe Ser Asn Asp  
 95 100 105 110  
 10 Arg Leu Val Lys Tyr Leu Asn Thr Val Tyr Trp Pro Ile Ala Gln Lys  
 115 120 125  
 15 Ala Leu Asn His Gly Met Tyr Val Ile Met Arg Pro Pro Gly Val Cys  
 130 135 140  
 20 Pro Asp Asn Leu Arg Val Gly Asp Ala Tyr Gln Asn Tyr Leu Lys Thr  
 145 150 155  
 Val Trp Asn Thr Val Thr Lys Asn Gln Asn Val Ile Lys Asn Ser Gly  
 160 165 170  
 25 Val Val Met Ile Glu Leu Ala Asn Glu Pro Ile His Ile Tyr Asn Gln  
 175 180 185 190  
 30 Tyr Gly Gln Ala Ser Ala Thr Ala Met Arg Asp Tyr Phe Gln Pro Val  
 195 200 205  
 35 Ile Asp Val Ile Arg Lys Asn Gly Tyr Thr Gly Ile Ile Leu Val Pro  
 210 215 220  
 40 Gly Thr Gly Trp Gln Ser Asn Tyr Lys Asp Tyr Asp Lys Tyr Pro Val  
 225 230 235  
 Asn Asp Asn Asn Tyr Gly Tyr Ala Val His Asp Tyr Pro Gly Trp Tyr  
 240 245 250  
 45 Ser Thr Ser Asp Gln Ser Tyr Asp His Asn Thr Ala Ile Arg Ala Phe  
 255 260 265 270  
 50 Gly Asp Asn Val Pro Val Val Lys Lys Lys Pro Ile Val Ile Thr Glu  
 275 280 285  
 55 Val Asp Trp Ser Pro Glu Lys Ala Gly Thr Gly His Tyr Asn Glu His  
 290 295 300

ES 2 757 053 T3

Gly Gln Trp Val Thr Ser Asn Tyr Gly Thr Trp Ala Thr Ala Ser Thr  
 305 310 315

5 Thr Lys Trp Gly Tyr Ala Tyr Lys Ala Val Leu Asp Tyr Tyr Asp Asn  
 320 325 330

10 Ile Ser Met Thr Leu Ser Gly Thr Asp Thr Tyr Ile Asp Val Asp Thr  
 335 340 345

15 Tyr Leu Asn Ser Gly Lys Val Thr Gly Ala Phe Gly Asn Ile Trp Glu  
 355 360 365

20 Ala Cys Gly Ala Ala Cys Met Tyr Trp Tyr Lys Leu Trp Ala Gln Lys  
 370 375 380

25 Asp Tyr Ala His Ala Thr Gly Ser Ser Ser Ser Ser Thr Thr Thr Gln  
 385 390 395

30 Gly Glu Phe Thr Asn Val Asp Leu Ser Ser Ser Leu Ile Pro Gly Trp  
 415 420 425 430

35 Ser Gln Gly Gly Val Arg Pro Asn Gly Trp Ala Cys Asn Asp Ala Gly  
 435 440 445

40 Asp Tyr Pro Ala Ser Gly Glu Ala Gly Ser Gly Pro Arg Val Met Gln  
 450 455 460

45 Phe Asn Gly Gly Gly Asp Phe Lys Tyr Gly Phe Tyr Phe Arg Gln Gln  
 465 470 475

50 Asp Ala Ser Lys Pro Gly Tyr Ile Gln Tyr Gly Thr Thr Ser Gly Tyr  
 480 485 490

55 Glu Leu Ala Leu Asn Ser Phe Gly Asn Tyr Cys Leu Thr Phe Asn Cys  
 495 500 505 510

Ala Ala Trp Ala Gly Ser Pro Tyr Val Lys Ala Glu Val Ile Thr Ser  
 515 520 525

Ser Gly Asn Val Ile Ala Ser Thr Ile Val Lys Cys Asn Leu Asn Leu

ES 2 757 053 T3

				530					535							540
5	Asn	Lys	Asn	Thr	Asn	Ala	Ser	Thr	Ala	Lys	Ser	Asp	Gln	Gly	Tyr	Leu
			545					550					555			
10	Ser	Phe	Tyr	Val	Leu	Asn	Lys	Gly	Asn	Phe	Ser	Val	Lys	Phe	Thr	Pro
		560					565					570				
15	Cys	Ala	Asp	Ala	Asn	Gly	Gly	Ser	Gly	Thr	Trp	Val	Glu	Ala	Val	Val
	575					580					585					590
20	Gly	Asn	Ile	Asn	Leu	Arg	Tyr	Met	Gly	Asn	Pro	Leu	Ser	Phe	Glu	Lys
					595					600					605	
25	Ala	Asn	Tyr	Val	Asn	Pro	Gly	Trp	Lys	Ile	Leu	Asp	Gly	Gly	Lys	Ile
				610					615					620		
30	Val	Glu	Thr	Gly	Asp	Ala	Gly	Ser	Gly	Pro	Arg	Ile	Phe	Asn	Phe	Pro
			625					630					635			
35	Ala	Gly	Gly	Gln	Phe	Asn	Tyr	Gly	Leu	Tyr	Ile	Arg	Ser	Thr	Ser	Thr
		640					645					650				
40	Glu	Leu	Ser	Glu	Asn	Tyr	Ala	Glu	Phe	Gly	Ser	Arg	Trp	Gly	Tyr	Gly
	655					660					665					670
45	Leu	Asn	Phe	Leu	Pro	Gly	Arg	Tyr	Thr	Leu	Thr	Tyr	Asn	Cys	Ala	Ala
					675					680					685	
50	Trp	Thr	Gly	Ser	Pro	Tyr	Val	Lys	Cys	Glu	Val	Ile	Asn	Glu	Asn	Asp
				690					695					700		
55	Gln	Val	Val	Ala	Ser	Ser	Ile	Thr	Asn	Cys	Ser	Leu	Asn	Leu	Asn	Lys
			705					710					715			
60	Asn	Leu	Asn	Ala	Ser	Thr	Ala	Asn	Ala	Pro	Gln	Gly	Ser	Val	Ser	Phe
		720					725					730				
65	Thr	Val	Ser	Asn	Thr	Gly	Ser	Tyr	Lys	Leu	Arg	Trp	Thr	Pro	Val	Ala
	735					740					745					750
70	Asn	Ala	Asn	Gly	Asp	Ala	Gly	Tyr	Trp	Val	Glu	Ala	Val	Ile	Gly	His
					755					760					765	

ES 2 757 053 T3

5 Ile Lys Ile Thr Gln Asn Ser Gly Asn Lys Val Ala Ala Tyr Thr Asp  
 770 775 780

Asp Asn Asp Glu Val Thr Ser Val Ala Glu Val Glu Asn Glu Ala Asn  
 785 790 795

10 Ser Glu Glu Thr Phe Asn Leu Ser Gly Gln Arg Val Glu Asn Pro Thr  
 800 805 810

15 Lys Gly Ile Tyr Ile Lys Asn Gly Lys Lys Val Ile Val Arg  
 815 820 825

20 <210> 39  
 <211> 828  
 <212> PRT  
 <213> metagenoma de estiércol de elefante

25 <220>  
 <221> mat\_peptide  
 <222> (1)..(828)

<400> 39

30 Phe Gly Gln Phe Gly Val Val Gln Pro Leu His Val Asn Gly Asn Gln  
 1 5 10 15

35 Phe Asn Asp Pro Tyr Gly Asn Lys Val Val Leu His Gly Val Met Asp  
 20 25 30

40 Thr Pro Ser Pro Tyr Phe Asn Ser Trp Arg Trp Gly Tyr Ser Cys Asn  
 35 40 45

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

45 Ala Ile Thr Asp Thr Lys Gln Gly Ala Tyr Cys Asn Leu Phe Arg Leu  
 65 70 75 80

50 His Leu Asp Pro Cys Trp Thr Asn Asp Pro Asn Lys Thr Ala Thr Gly  
 85 90 95

55 Ser Glu Thr Gly Glu Ala Asn Ile Ser Arg Phe Ser Asn Asp Arg Leu  
 100 105 110

ES 2 757 053 T3

Val Lys Tyr Leu Asn Thr Val Tyr Trp Pro Ile Ala Gln Lys Ala Leu  
115 120 125

5 Asn His Gly Met Tyr Val Ile Met Arg Pro Pro Gly Val Cys Pro Asp  
130 135 140

10 Asn Leu Arg Val Gly Asp Ala Tyr Gln Asn Tyr Leu Lys Thr Val Trp  
145 150 155 160

15 Asn Thr Val Thr Lys Asn Gln Asn Val Ile Lys Asn Ser Gly Val Val  
165 170 175

20 Met Ile Glu Leu Ala Asn Glu Pro Ile His Ile Tyr Asn Gln Tyr Gly  
180 185 190

Gln Ala Ser Ala Thr Ala Met Arg Asp Tyr Phe Gln Pro Val Ile Asp  
195 200 205

25 Val Ile Arg Lys Asn Gly Tyr Thr Gly Ile Ile Leu Val Pro Gly Thr  
210 215 220

30 Gly Trp Gln Ser Asn Tyr Lys Asp Tyr Asp Lys Tyr Pro Val Asn Asp  
225 230 235 240

35 Asn Asn Tyr Gly Tyr Ala Val His Asp Tyr Pro Gly Trp Tyr Ser Thr  
245 250 255

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

40 Asn Val Pro Val Val Lys Lys Lys Pro Ile Val Ile Thr Glu Val Asp  
275 280 285

45 Trp Ser Pro Glu Lys Ala Gly Thr Gly His Tyr Asn Glu His Gly Gln  
290 295 300

50 Trp Val Thr Ser Asn Tyr Gly Thr Trp Ala Thr Ala Ser Thr Thr Lys  
305 310 315 320

55 Trp Gly Tyr Ala Tyr Lys Ala Val Leu Asp Tyr Tyr Asp Asn Ile Ser  
325 330 335

Met Thr Leu Ser Gly Thr Asp Thr Tyr Ile Asp Val Asp Thr Tyr Leu



ES 2 757 053 T3

5 Asp Ala Asn Gly Gly Ser Gly Thr Trp Val Glu Ala Val Val Gly Asn  
 580 585 590  
 10 Ile Asn Leu Arg Tyr Met Gly Asn Pro Leu Ser Phe Glu Lys Ala Asn  
 595 600 605  
 15 Tyr Val Asn Pro Gly Trp Lys Ile Leu Asp Gly Gly Lys Ile Val Glu  
 610 615 620  
 20 Thr Gly Asp Ala Gly Ser Gly Pro Arg Ile Phe Asn Phe Pro Ala Gly  
 625 630 635 640  
 25 Gly Gln Phe Asn Tyr Gly Leu Tyr Ile Arg Ser Thr Ser Thr Glu Leu  
 645 650 655  
 30 Ser Glu Asn Tyr Ala Glu Phe Gly Ser Arg Trp Gly Tyr Gly Leu Asn  
 660 665 670  
 35 Phe Leu Pro Gly Arg Tyr Thr Leu Thr Tyr Asn Cys Ala Ala Trp Thr  
 675 680 685  
 40 Gly Ser Pro Tyr Val Lys Cys Glu Val Ile Asn Glu Asn Asp Gln Val  
 690 695 700  
 45 Val Ala Ser Ser Ile Thr Asn Cys Ser Leu Asn Leu Asn Lys Asn Leu  
 705 710 715 720  
 50 Asn Ala Ser Thr Ala Asn Ala Pro Gln Gly Ser Val Ser Phe Thr Val  
 725 730 735  
 55 Ser Asn Thr Gly Ser Tyr Lys Leu Arg Trp Thr Pro Val Ala Asn Ala  
 740 745 750  
 60 Asn Gly Asp Ala Gly Tyr Trp Val Glu Ala Val Ile Gly His Ile Lys  
 755 760 765  
 65 Ile Thr Gln Asn Ser Gly Asn Lys Val Ala Ala Tyr Thr Asp Asp Asn  
 770 775 780  
 70 Asp Glu Val Thr Ser Val Ala Glu Val Glu Asn Glu Ala Asn Ser Glu  
 785 790 795 800



ES 2 757 053 T3

Glu Thr Phe Asn Leu Ser Gly Gln Arg Val Glu Asn Pro Thr Lys Gly  
805 810 815

5  
Ile Tyr Ile Lys Asn Gly Lys Lys Val Ile Val Arg  
820 825

10 <210> 40  
<211> 2592  
<212> ADN  
<213> Secuencia artificial

15 <220>  
<223> Construcción de expresión

<220>  
<221> CDS

20 <222> (1)..(2589)

<220>  
<221> sig\_peptide  
<222> (1)..(81)

25 <220>  
<221> mat\_peptide  
<222> (82)..(2589)

30 <400> 40

atg aag aaa ccg ttg ggg aaa att gtc gca agc acc gca cta ctc att  
48  
Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile  
35 -25 -20 -15

tct gtt gct ttt agt tca tcg ata gca tca gca cat cat cat cac cat  
96  
Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His His His His His  
40 -10 -5 -1 1 5

cat cct agg ttc gga caa ttc ggt gtt gtc cag ccg ctc cac gtg aat  
144  
His Pro Arg Phe Gly Gln Phe Gly Val Val Gln Pro Leu His Val Asn  
45 10 15 20

ggc aat cag ttt aat gac ccc tat gga aac aag gta gtc ctt cac ggt  
192  
Gly Asn Gln Phe Asn Asp Pro Tyr Gly Asn Lys Val Val Leu His Gly  
50 25 30 35

gtg atg gac act cca agc cca tat ttc aac agt tgg aga tgg gga tat  
240  
Val Met Asp Thr Pro Ser Pro Tyr Phe Asn Ser Trp Arg Trp Gly Tyr  
55 40 45 50

ES 2 757 053 T3

tct tgt aat gac gga gcc gtt tct ggc tgt ctc aac tat ttc gag aag  
 288  
 Ser Cys Asn Asp Gly Ala Val Ser Gly Cys Leu Asn Tyr Phe Glu Lys  
 55 60 65  
 5  
 atc ttc acc gct att aca gac aca aag caa ggt gct tat tgt aac ttg  
 336  
 Ile Phe Thr Ala Ile Thr Asp Thr Lys Gln Gly Ala Tyr Cys Asn Leu  
 70 75 80 85  
 10  
 ttc cgt ctc cac ctc gat cca tgc tgg act aac gat cca aac aag aca  
 384  
 Phe Arg Leu His Leu Asp Pro Cys Trp Thr Asn Asp Pro Asn Lys Thr  
 90 95 100  
 15  
 gct act ggt tct gag acg gga gaa gca aac att agt cgt ttc agc aac  
 432  
 Ala Thr Gly Ser Glu Thr Gly Glu Ala Asn Ile Ser Arg Phe Ser Asn  
 105 110 115  
 20  
 gac cgt ctt gta aag tat ctg aat acc gta tac tgg cca atc gca cag  
 480  
 Asp Arg Leu Val Lys Tyr Leu Asn Thr Val Tyr Trp Pro Ile Ala Gln  
 120 125 130  
 25  
 aag gct ctc aac cac ggt atg tac gtc att atg cgt cct cct ggc gta  
 528  
 Lys Ala Leu Asn His Gly Met Tyr Val Ile Met Arg Pro Pro Gly Val  
 135 140 145  
 30  
 tgc cct gat aat ctt cgc gtt ggc gat gct tat cag aac tat ctc aaa  
 576  
 Cys Pro Asp Asn Leu Arg Val Gly Asp Ala Tyr Gln Asn Tyr Leu Lys  
 150 155 160 165  
 35  
 aca gta tgg aat aca gtc act aag aac cag aat gtg att aag aac tct  
 624  
 Thr Val Trp Asn Thr Val Thr Lys Asn Gln Asn Val Ile Lys Asn Ser  
 170 175 180  
 40  
 ggt gtt gta atg att gaa ctt gca aac gag cca atc cat atc tac aat  
 672  
 Gly Val Val Met Ile Glu Leu Ala Asn Glu Pro Ile His Ile Tyr Asn  
 185 190 195  
 45  
 caa tat gga cag gct tct gca aca gct atg cgt gac tat ttc cag cct  
 720  
 Gln Tyr Gly Gln Ala Ser Ala Thr Ala Met Arg Asp Tyr Phe Gln Pro  
 200 205 210  
 50  
 gtg ata gat gtt ata cgt aaa aat ggt tac aca ggt atc atc ctc gtt  
 768  
 Val Ile Asp Val Ile Arg Lys Asn Gly Tyr Thr Gly Ile Ile Leu Val  
 215 220 225  
 55  
 cct gga aca ggt tgg cag tca aac tac aag gat tat gac aag tat cct  
 816

ES 2 757 053 T3

Pro Gly Thr Gly Trp Gln Ser Asn Tyr Lys Asp Tyr Asp Lys Tyr Pro  
 230 235 240 245  
 5 gta aat gac aac aac tac ggc tat gcc gtt cac gac tac cca ggt tgg  
 864  
 Val Asn Asp Asn Asn Tyr Gly Tyr Ala Val His Asp Tyr Pro Gly Trp  
 250 255 260  
 10 tac agc aca agt gac cag agc tat gat cac aac aca gca atc cgt gct  
 912  
 Tyr Ser Thr Ser Asp Gln Ser Tyr Asp His Asn Thr Ala Ile Arg Ala  
 265 270 275  
 15 ttc ggg gat aat gtt cct gta gta aag aag aaa cct atc gtg atc aca  
 960  
 Phe Gly Asp Asn Val Pro Val Val Lys Lys Lys Pro Ile Val Ile Thr  
 280 285 290  
 20 gag gtt gac tgg agt cca gag aaa gca gga aca ggt cat tat aat gag  
 1008  
 Glu Val Asp Trp Ser Pro Glu Lys Ala Gly Thr Gly His Tyr Asn Glu  
 295 300 305  
 25 cac gga cag tgg gta aca agc aac tac ggt acc tgg gca aca gcc tca  
 1056  
 His Gly Gln Trp Val Thr Ser Asn Tyr Gly Thr Trp Ala Thr Ala Ser  
 310 315 320 325  
 30 act aca aag tgg ggt tat gct tac aaa gct gtg ctt gac tac tac gac  
 1104  
 Thr Thr Lys Trp Gly Tyr Ala Tyr Lys Ala Val Leu Asp Tyr Tyr Asp  
 330 335 340  
 35 aac atc tca atg aca ctt tcc gga aca gac aca tac att gat gtg gac  
 1152  
 Asn Ile Ser Met Thr Leu Ser Gly Thr Asp Thr Tyr Ile Asp Val Asp  
 345 350 355  
 40 aca tac ctt aat tct ggt aag gtt act ggt gca ttc ggt aac atc tgg  
 1200  
 Thr Tyr Leu Asn Ser Gly Lys Val Thr Gly Ala Phe Gly Asn Ile Trp  
 360 365 370  
 45 gaa gct tgt ggt gct gct tgt atg tat tgg tac aag ctc tgg gct cag  
 1248  
 Glu Ala Cys Gly Ala Ala Cys Met Tyr Trp Tyr Lys Leu Trp Ala Gln  
 375 380 385  
 50 aag gat tat gct cac gca aca ggt tct agt tct agt tca acc act acg  
 1296  
 Lys Asp Tyr Ala His Ala Thr Gly Ser Ser Ser Ser Ser Thr Thr Thr  
 390 395 400 405  
 55 caa cca tct aca gga ggt agt aca tca aca ggt agt act aca aca ggc  
 1344  
 Gln Pro Ser Thr Gly Gly Ser Thr Ser Thr Gly Ser Thr Thr Thr Gly  
 410 415 420

ES 2 757 053 T3

aat ggt gaa ttt act aac gta gac ctc tca tca tca ctc atc cca gga  
 1392  
 5 Asn Gly Glu Phe Thr Asn Val Asp Leu Ser Ser Ser Leu Ile Pro Gly  
 425 430 435  
 tgg tct caa ggt ggc gtt cgt cct aat gga tgg gct tgt aat gat gca  
 1440  
 10 Trp Ser Gln Gly Gly Val Arg Pro Asn Gly Trp Ala Cys Asn Asp Ala  
 440 445 450  
 ggc gac tat cca gcg tct ggt gag gca ggc tct ggt cca cgt gta atg  
 1488  
 15 Gly Asp Tyr Pro Ala Ser Gly Glu Ala Gly Ser Gly Pro Arg Val Met  
 455 460 465  
 cag ttc aat ggt ggt ggc gac ttc aag tac gga ttc tat ttc cgt cag  
 1536  
 20 Gln Phe Asn Gly Gly Gly Asp Phe Lys Tyr Gly Phe Tyr Phe Arg Gln  
 470 475 480 485  
 cag gac gca agc aag cct ggt tat att cag tac ggt aca aca agt ggc  
 1584  
 25 Gln Asp Ala Ser Lys Pro Gly Tyr Ile Gln Tyr Gly Thr Thr Ser Gly  
 490 495 500  
 tac gaa ctc gct ctc aac agt ttc gga aac tat tgt ctc aca ttc aac  
 1632  
 30 Tyr Glu Leu Ala Leu Asn Ser Phe Gly Asn Tyr Cys Leu Thr Phe Asn  
 505 510 515  
 tgt gca gct tgg gct ggt tca cct tat gta aag gca gag gtt atc act  
 1680  
 35 Cys Ala Ala Trp Ala Gly Ser Pro Tyr Val Lys Ala Glu Val Ile Thr  
 520 525 530  
 tct tct ggt aat gtc att gca agc act atc gtc aag tgc aat ctc aac  
 1728  
 40 Ser Ser Gly Asn Val Ile Ala Ser Thr Ile Val Lys Cys Asn Leu Asn  
 535 540 545  
 ctc aac aag aac act aat gca agc aca gca aaa tca gat cag ggc tat  
 1776  
 45 Leu Asn Lys Asn Thr Asn Ala Ser Thr Ala Lys Ser Asp Gln Gly Tyr  
 550 555 560 565  
 ctc agt ttc tat gtc ctc aac aag ggt aac ttc tct gtc aag ttc act  
 1824  
 50 Leu Ser Phe Tyr Val Leu Asn Lys Gly Asn Phe Ser Val Lys Phe Thr  
 570 575 580  
 cca tgt gct gat gct aat ggt ggt tca ggt act tgg gta gag gct gtc  
 1872  
 55 Pro Cys Ala Asp Ala Asn Gly Gly Ser Gly Thr Trp Val Glu Ala Val  
 585 590 595

ES 2 757 053 T3

gta ggt aac atc aac ctc cgt tat atg ggt aac cca ctc tca ttc gag  
1920  
Val Gly Asn Ile Asn Leu Arg Tyr Met Gly Asn Pro Leu Ser Phe Glu  
600 605 610

5  
aaa gca aac tac gta aat cca ggt tgg aag ata ctt gac ggt ggc aag  
1968  
Lys Ala Asn Tyr Val Asn Pro Gly Trp Lys Ile Leu Asp Gly Gly Lys  
615 620 625

10  
att gtt gag aca gga gac gct ggt tct ggc cct cgt atc ttc aac ttc  
2016  
Ile Val Glu Thr Gly Asp Ala Gly Ser Gly Pro Arg Ile Phe Asn Phe  
630 635 640 645

15  
cct gct gga ggt cag ttc aac tat ggt ctt tac atc cgc agt aca agc  
2064  
Pro Ala Gly Gly Gln Phe Asn Tyr Gly Leu Tyr Ile Arg Ser Thr Ser  
650 655 660

20  
aca gaa ctc tca gag aac tat gct gag ttt ggt tca cgt tgg gga tat  
2112  
Thr Glu Leu Ser Glu Asn Tyr Ala Glu Phe Gly Ser Arg Trp Gly Tyr  
665 670 675

25  
gga ttg aac ttc ctc cca ggt cgc tac act ctc aca tat aac tgc gca  
2160  
Gly Leu Asn Phe Leu Pro Gly Arg Tyr Thr Leu Thr Tyr Asn Cys Ala  
680 685 690

30  
gca tgg aca ggt tca cca tac gtg aag tgt gaa gtt atc aat gag aat  
2208  
Ala Trp Thr Gly Ser Pro Tyr Val Lys Cys Glu Val Ile Asn Glu Asn  
695 700 705

35  
gat cag gtt gtt gca agc agc att aca aac tgt tca ctc aac ctc aac  
2256  
Asp Gln Val Val Ala Ser Ser Ile Thr Asn Cys Ser Leu Asn Leu Asn  
710 715 720 725

40  
aag aac ctc aat gca tct act gca aat gca cct cag ggt tca gta tca  
2304  
Lys Asn Leu Asn Ala Ser Thr Ala Asn Ala Pro Gln Gly Ser Val Ser  
730 735 740

45  
ttc aca gta agc aac act ggt agc tac aag ctg cgt tgg aca cca gtc  
2352  
Phe Thr Val Ser Asn Thr Gly Ser Tyr Lys Leu Arg Trp Thr Pro Val  
745 750 755

50  
gca aat gca aac ggt gat gca ggt tac tgg gta gag gct gtc att ggt  
2400  
Ala Asn Ala Asn Gly Asp Ala Gly Tyr Trp Val Glu Ala Val Ile Gly  
760 765 770

55  
cat atc aag atc aca cag aac tca ggc aac aag gtt gct gca tac aca  
2448

ES 2 757 053 T3

His Ile Lys Ile Thr Gln Asn Ser Gly Asn Lys Val Ala Ala Tyr Thr  
 775 780 785  
 5 gat gac aac gat gaa gtc aca tct gtt gca gaa gta gaa aac gaa gca  
 2496  
 Asp Asp Asn Asp Glu Val Thr Ser Val Ala Glu Val Glu Asn Glu Ala  
 790 795 800 805  
 10 aac tca gag gag aca ttc aac ctc tct ggt cag cgt gtt gaa aac cca  
 2544  
 Asn Ser Glu Glu Thr Phe Asn Leu Ser Gly Gln Arg Val Glu Asn Pro  
 810 815 820  
 15 act aag ggt atc tat ata aag aat gga aag aag gta atc gtt agg taa  
 2592  
 Thr Lys Gly Ile Tyr Ile Lys Asn Gly Lys Lys Val Ile Val Arg  
 825 830 835  
 20 <210> 41  
 <211> 863  
 <212> PRT  
 <213> Secuencia artificial  
 25 <220>  
 <223> Construcción sintética  
 <400> 41  
 30 Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile  
 -25 -20 -15  
 35 Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His His His His His  
 -10 -5 -1 1 5  
 40 His Pro Arg Phe Gly Gln Phe Gly Val Val Gln Pro Leu His Val Asn  
 10 15 20  
 45 Gly Asn Gln Phe Asn Asp Pro Tyr Gly Asn Lys Val Val Leu His Gly  
 25 30 35  
 50 Val Met Asp Thr Pro Ser Pro Tyr Phe Asn Ser Trp Arg Trp Gly Tyr  
 40 45 50  
 55 Ser Cys Asn Asp Gly Ala Val Ser Gly Cys Leu Asn Tyr Phe Glu Lys  
 55 60 65  
 60 Ile Phe Thr Ala Ile Thr Asp Thr Lys Gln Gly Ala Tyr Cys Asn Leu  
 70 75 80 85

ES 2 757 053 T3

Phe Arg Leu His Leu Asp Pro Cys Trp Thr Asn Asp Pro Asn Lys Thr  
 90 95 100

5 Ala Thr Gly Ser Glu Thr Gly Glu Ala Asn Ile Ser Arg Phe Ser Asn  
 105 110 115

10 Asp Arg Leu Val Lys Tyr Leu Asn Thr Val Tyr Trp Pro Ile Ala Gln  
 120 125 130

15 Lys Ala Leu Asn His Gly Met Tyr Val Ile Met Arg Pro Pro Gly Val  
 135 140 145

20 Cys Pro Asp Asn Leu Arg Val Gly Asp Ala Tyr Gln Asn Tyr Leu Lys  
 150 155 160 165

25 Thr Val Trp Asn Thr Val Thr Lys Asn Gln Asn Val Ile Lys Asn Ser  
 170 175 180

30 Gly Val Val Met Ile Glu Leu Ala Asn Glu Pro Ile His Ile Tyr Asn  
 185 190 195

35 Gln Tyr Gly Gln Ala Ser Ala Thr Ala Met Arg Asp Tyr Phe Gln Pro  
 200 205 210

40 Val Ile Asp Val Ile Arg Lys Asn Gly Tyr Thr Gly Ile Ile Leu Val  
 215 220 225

45 Pro Gly Thr Gly Trp Gln Ser Asn Tyr Lys Asp Tyr Asp Lys Tyr Pro  
 230 235 240 245

50 Val Asn Asp Asn Asn Tyr Gly Tyr Ala Val His Asp Tyr Pro Gly Trp  
 250 255 260

55 Tyr Ser Thr Ser Asp Gln Ser Tyr Asp His Asn Thr Ala Ile Arg Ala  
 265 270 275

Phe Gly Asp Asn Val Pro Val Val Lys Lys Lys Pro Ile Val Ile Thr  
 280 285 290

60 Glu Val Asp Trp Ser Pro Glu Lys Ala Gly Thr Gly His Tyr Asn Glu  
 295 300 305

65 His Gly Gln Trp Val Thr Ser Asn Tyr Gly Thr Trp Ala Thr Ala Ser

ES 2 757 053 T3

	310				315					320					325	
5	Thr	Thr	Lys	Trp	Gly	Tyr	Ala	Tyr	Lys	Ala	Val	Leu	Asp	Tyr	Tyr	Asp
					330					335					340	
10	Asn	Ile	Ser	Met	Thr	Leu	Ser	Gly	Thr	Asp	Thr	Tyr	Ile	Asp	Val	Asp
				345					350					355		
15	Thr	Tyr	Leu	Asn	Ser	Gly	Lys	Val	Thr	Gly	Ala	Phe	Gly	Asn	Ile	Trp
			360					365					370			
20	Glu	Ala	Cys	Gly	Ala	Ala	Cys	Met	Tyr	Trp	Tyr	Lys	Leu	Trp	Ala	Gln
		375					380					385				
25	Lys	Asp	Tyr	Ala	His	Ala	Thr	Gly	Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Thr	Thr	Thr
	390					395					400					405
30	Gln	Pro	Ser	Thr	Gly	Gly	Ser	Thr	Ser	Thr	Gly	Ser	Thr	Thr	Thr	Gly
					410					415					420	
35	Asn	Gly	Glu	Phe	Thr	Asn	Val	Asp	Leu	Ser	Ser	Ser	Leu	Ile	Pro	Gly
				425					430					435		
40	Trp	Ser	Gln	Gly	Gly	Val	Arg	Pro	Asn	Gly	Trp	Ala	Cys	Asn	Asp	Ala
			440					445					450			
45	Gly	Asp	Tyr	Pro	Ala	Ser	Gly	Glu	Ala	Gly	Ser	Gly	Pro	Arg	Val	Met
		455					460					465				
50	Gln	Phe	Asn	Gly	Gly	Gly	Asp	Phe	Lys	Tyr	Gly	Phe	Tyr	Phe	Arg	Gln
	470					475					480					485
55	Gln	Asp	Ala	Ser	Lys	Pro	Gly	Tyr	Ile	Gln	Tyr	Gly	Thr	Thr	Ser	Gly
					490					495					500	
60	Tyr	Glu	Leu	Ala	Leu	Asn	Ser	Phe	Gly	Asn	Tyr	Cys	Leu	Thr	Phe	Asn
			505						510					515		
65	Cys	Ala	Ala	Trp	Ala	Gly	Ser	Pro	Tyr	Val	Lys	Ala	Glu	Val	Ile	Thr
			520					525					530			
70	Ser	Ser	Gly	Asn	Val	Ile	Ala	Ser	Thr	Ile	Val	Lys	Cys	Asn	Leu	Asn
		535					540					545				



ES 2 757 053 T3

5 Leu Asn Lys Asn Thr Asn Ala Ser Thr Ala Lys Ser Asp Gln Gly Tyr  
 550 555 560 565  
 10 Leu Ser Phe Tyr Val Leu Asn Lys Gly Asn Phe Ser Val Lys Phe Thr  
 570 575 580  
 15 Pro Cys Ala Asp Ala Asn Gly Gly Ser Gly Thr Trp Val Glu Ala Val  
 585 590 595  
 20 Lys Ala Asn Tyr Val Asn Pro Gly Trp Lys Ile Leu Asp Gly Gly Lys  
 600 605 610 615  
 25 Ile Val Glu Thr Gly Asp Ala Gly Ser Gly Pro Arg Ile Phe Asn Phe  
 630 635 640 645  
 30 Pro Ala Gly Gly Gln Phe Asn Tyr Gly Leu Tyr Ile Arg Ser Thr Ser  
 650 655 660  
 35 Thr Glu Leu Ser Glu Asn Tyr Ala Glu Phe Gly Ser Arg Trp Gly Tyr  
 665 670 675  
 40 Gly Leu Asn Phe Leu Pro Gly Arg Tyr Thr Leu Thr Tyr Asn Cys Ala  
 680 685 690  
 45 Ala Trp Thr Gly Ser Pro Tyr Val Lys Cys Glu Val Ile Asn Glu Asn  
 695 700 705  
 50 Asp Gln Val Val Ala Ser Ser Ile Thr Asn Cys Ser Leu Asn Leu Asn  
 710 715 720 725  
 55 Lys Asn Leu Asn Ala Ser Thr Ala Asn Ala Pro Gln Gly Ser Val Ser  
 730 735 740  
 60 Phe Thr Val Ser Asn Thr Gly Ser Tyr Lys Leu Arg Trp Thr Pro Val  
 745 750 755  
 65 Ala Asn Ala Asn Gly Asp Ala Gly Tyr Trp Val Glu Ala Val Ile Gly  
 760 765 770

ES 2 757 053 T3

His Ile Lys Ile Thr Gln Asn Ser Gly Asn Lys Val Ala Ala Tyr Thr  
 775 780 785  
 5  
 Asp Asp Asn Asp Glu Val Thr Ser Val Ala Glu Val Glu Asn Glu Ala  
 790 795 800 805  
 10 Asn Ser Glu Glu Thr Phe Asn Leu Ser Gly Gln Arg Val Glu Asn Pro  
 810 815 820  
 15 Thr Lys Gly Ile Tyr Ile Lys Asn Gly Lys Lys Val Ile Val Arg  
 825 830 835  
 <210> 42  
 <211> 836  
 20 <212> PRT  
 <213> Secuencia artificial  
 <220>  
 <223> Secuencia madura con etiqueta de polihistidina  
 25 <220>  
 <221> mat\_peptide  
 <222> (1)..(836)  
 30 <400> 42  
 His His His His His His Pro Arg Phe Gly Gln Phe Gly Val Val Gln  
 1 5 10 15  
 35 Pro Leu His Val Asn Gly Asn Gln Phe Asn Asp Pro Tyr Gly Asn Lys  
 20 25 30  
 40 Val Val Leu His Gly Val Met Asp Thr Pro Ser Pro Tyr Phe Asn Ser  
 35 40 45  
 45 Trp Arg Trp Gly Tyr Ser Cys Asn Asp Gly Ala Val Ser Gly Cys Leu  
 50 55 60  
 Asn Tyr Phe Glu Lys Ile Phe Thr Ala Ile Thr Asp Thr Lys Gln Gly  
 65 70 75 80  
 50 Ala Tyr Cys Asn Leu Phe Arg Leu His Leu Asp Pro Cys Trp Thr Asn  
 85 90 95  
 55 Asp Pro Asn Lys Thr Ala Thr Gly Ser Glu Thr Gly Glu Ala Asn Ile  
 100 105 110

ES 2 757 053 T3

Ser Arg Phe Ser Asn Asp Arg Leu Val Lys Tyr Leu Asn Thr Val Tyr  
 115 120 125  
 5  
 Trp Pro Ile Ala Gln Lys Ala Leu Asn His Gly Met Tyr Val Ile Met  
 130 135 140  
 10  
 Arg Pro Pro Gly Val Cys Pro Asp Asn Leu Arg Val Gly Asp Ala Tyr  
 145 150 155 160  
 15  
 Gln Asn Tyr Leu Lys Thr Val Trp Asn Thr Val Thr Lys Asn Gln Asn  
 165 170 175  
 20  
 Val Ile Lys Asn Ser Gly Val Val Met Ile Glu Leu Ala Asn Glu Pro  
 180 185 190  
 25  
 Ile His Ile Tyr Asn Gln Tyr Gly Gln Ala Ser Ala Thr Ala Met Arg  
 195 200 205  
 30  
 Asp Tyr Phe Gln Pro Val Ile Asp Val Ile Arg Lys Asn Gly Tyr Thr  
 210 215 220  
 35  
 Tyr Asp Lys Tyr Pro Val Asn Asp Asn Asn Tyr Gly Tyr Ala Val His  
 245 250 255  
 40  
 Asp Tyr Pro Gly Trp Tyr Ser Thr Ser Asp Gln Ser Tyr Asp His Asn  
 260 265 270  
 45  
 Thr Ala Ile Arg Ala Phe Gly Asp Asn Val Pro Val Val Lys Lys Lys  
 275 280 285  
 50  
 Pro Ile Val Ile Thr Glu Val Asp Trp Ser Pro Glu Lys Ala Gly Thr  
 290 295 300  
 55  
 Gly His Tyr Asn Glu His Gly Gln Trp Val Thr Ser Asn Tyr Gly Thr  
 305 310 315 320  
 Trp Ala Thr Ala Ser Thr Thr Lys Trp Gly Tyr Ala Tyr Lys Ala Val  
 325 330 335

ES 2 757 053 T3

Leu Asp Tyr Tyr Asp Asn Ile Ser Met Thr Leu Ser Gly Thr Asp Thr  
 340 345 350  
 5  
 Tyr Ile Asp Val Asp Thr Tyr Leu Asn Ser Gly Lys Val Thr Gly Ala  
 355 360 365  
 10 Phe Gly Asn Ile Trp Glu Ala Cys Gly Ala Ala Cys Met Tyr Trp Tyr  
 370 375 380  
 15 Lys Leu Trp Ala Gln Lys Asp Tyr Ala His Ala Thr Gly Ser Ser Ser  
 385 390 395 400  
 20 Ser Ser Thr Thr Thr Gln Pro Ser Thr Gly Gly Ser Thr Ser Thr Gly  
 405 410 415  
 Ser Thr Thr Thr Gly Asn Gly Glu Phe Thr Asn Val Asp Leu Ser Ser  
 420 425 430  
 25 Ser Leu Ile Pro Gly Trp Ser Gln Gly Gly Val Arg Pro Asn Gly Trp  
 435 440 445  
 30 Ala Cys Asn Asp Ala Gly Asp Tyr Pro Ala Ser Gly Glu Ala Gly Ser  
 450 455 460  
 35 Gly Pro Arg Val Met Gln Phe Asn Gly Gly Gly Asp Phe Lys Tyr Gly  
 465 470 475 480  
 40 Phe Tyr Phe Arg Gln Gln Asp Ala Ser Lys Pro Gly Tyr Ile Gln Tyr  
 485 490 495  
 Gly Thr Thr Ser Gly Tyr Glu Leu Ala Leu Asn Ser Phe Gly Asn Tyr  
 500 505 510  
 45 Cys Leu Thr Phe Asn Cys Ala Ala Trp Ala Gly Ser Pro Tyr Val Lys  
 515 520 525  
 50 Ala Glu Val Ile Thr Ser Ser Gly Asn Val Ile Ala Ser Thr Ile Val  
 530 535 540  
 55 Lys Cys Asn Leu Asn Leu Asn Lys Asn Thr Asn Ala Ser Thr Ala Lys  
 545 550 555 560

ES 2 757 053 T3

Ser Asp Gln Gly Tyr Leu Ser Phe Tyr Val Leu Asn Lys Gly Asn Phe  
565 570 575

5 Ser Val Lys Phe Thr Pro Cys Ala Asp Ala Asn Gly Gly Ser Gly Thr  
580 585 590

10 Trp Val Glu Ala Val Val Gly Asn Ile Asn Leu Arg Tyr Met Gly Asn  
595 600 605

15 Pro Leu Ser Phe Glu Lys Ala Asn Tyr Val Asn Pro Gly Trp Lys Ile  
610 615 620

20 Leu Asp Gly Gly Lys Ile Val Glu Thr Gly Asp Ala Gly Ser Gly Pro  
625 630 635 640

Arg Ile Phe Asn Phe Pro Ala Gly Gly Gln Phe Asn Tyr Gly Leu Tyr  
645 650 655

25 Ile Arg Ser Thr Ser Thr Glu Leu Ser Glu Asn Tyr Ala Glu Phe Gly  
660 665 670

30 Ser Arg Trp Gly Tyr Gly Leu Asn Phe Leu Pro Gly Arg Tyr Thr Leu  
675 680 685

35 Thr Tyr Asn Cys Ala Ala Trp Thr Gly Ser Pro Tyr Val Lys Cys Glu  
690 695 700

40 Val Ile Asn Glu Asn Asp Gln Val Val Ala Ser Ser Ile Thr Asn Cys  
705 710 715 720

Ser Leu Asn Leu Asn Lys Asn Leu Asn Ala Ser Thr Ala Asn Ala Pro  
725 730 735

45 Gln Gly Ser Val Ser Phe Thr Val Ser Asn Thr Gly Ser Tyr Lys Leu  
740 745 750

50 Arg Trp Thr Pro Val Ala Asn Ala Asn Gly Asp Ala Gly Tyr Trp Val  
755 760 765

55 Glu Ala Val Ile Gly His Ile Lys Ile Thr Gln Asn Ser Gly Asn Lys  
770 775 780

Val Ala Ala Tyr Thr Asp Asp Asn Asp Glu Val Thr Ser Val Ala Glu

ES 2 757 053 T3

```

785                               790                               795                               800

5  Val Glu Asn Glu Ala Asn Ser Glu Glu Thr Phe Asn Leu Ser Gly Gln
    805                               810                               815

10 Arg Val Glu Asn Pro Thr Lys Gly Ile Tyr Ile Lys Asn Gly Lys Lys
    820                               825                               830

15 Val Ile Val Arg
    835

15 <210> 43
    <211> 1794
    <212> ADN
    <213> metagenoma de estiércol de elefante

20 <220>
    <221> CDS
    <222> (1)..(1791)

25 <220>
    <221> sig_peptide
    <222> (1)..(63)

30 <220>
    <221> mat_peptide
    <222> (64)..(1791)

    <400> 43

35 atg aaa aga tac ctg ctt ata ctt gtc tcg ttt atg atg tta cat ctc
    48
    Met Lys Arg Tyr Leu Leu Ile Leu Val Ser Phe Met Met Leu His Leu
      -20                               -15                               -10

40 tgc atc cag gca gag aca ctc tct cca ttg cat gtg gaa gga cgt tgg
    96
    Cys Ile Gln Ala Glu Thr Leu Ser Pro Leu His Val Glu Gly Arg Trp
    -5                               -1 1                               5                               10

45 ctt tgt aac gaa aac gga gaa cat gtc aac ctg cat ggc ttc ggt cag
    144
    Leu Cys Asn Glu Asn Gly Glu His Val Asn Leu His Gly Phe Gly Gln
      15                               20                               25

50 acg tat agc cct tgg ttc aac gaa cag ggc aac ggt tgg ggc tgg ggc
    192
    Thr Tyr Ser Pro Trp Phe Asn Glu Gln Gly Asn Gly Trp Gly Trp Gly
      30                               35                               40

55 tac agc gtc agt gac tgt atg aaa tac aac aag gga ctc att gat aag
    240
    Tyr Ser Val Ser Asp Cys Met Lys Tyr Asn Lys Gly Leu Ile Asp Lys

```

ES 2 757 053 T3

```

      45              50              55
att att agc gct ggt tgg aag atg aac tgg ctt cgt ctg cac atg gat
288
5  Ile Ile Ser Ala Gly Trp Lys Met Asn Trp Leu Arg Leu His Met Asp
60              65              70              75

ccc cat tgg agc aac act ccg ggt gta agt aca tcg ggc gag aac gac
336
10 Pro His Trp Ser Asn Thr Pro Gly Val Ser Thr Ser Gly Glu Asn Asp
80              85              90

atc tcg gct ttt aat gag tct cgt ttc cgt acc tat ctg aac agt ctg
384
15 Ile Ser Ala Phe Asn Glu Ser Arg Phe Arg Thr Tyr Leu Asn Ser Leu
95              100             105

ttc atc ccg atg gcc gaa tat gcc aat cag cat ggc atg tac gtt gtg
432
20 Phe Ile Pro Met Ala Glu Tyr Ala Asn Gln His Gly Met Tyr Val Val
110             115             120

atg cgt ccc cct gga gtc tgt ccg gag aag ata gag atc gga ggc gcc
480
25 Met Arg Pro Pro Gly Val Cys Pro Glu Lys Ile Glu Ile Gly Gly Ala
125             130             135

tac tac aag tat ctg ctc aag gtg tgg ggc att gtg gcc agc aac gag
528
30 Tyr Tyr Lys Tyr Leu Leu Lys Val Trp Gly Ile Val Ala Ser Asn Glu
140             145             150             155

aag ttg aag aac aat cct ggc atc atg ttc gag ttg gcc aac gag cca
576
35 Lys Leu Lys Asn Asn Pro Gly Ile Met Phe Glu Leu Ala Asn Glu Pro
160             165             170

atc aac atc aaa ggt acc gac ggt cag tat act tcg tac agc gac gga
624
40 Ile Asn Ile Lys Gly Thr Asp Gly Gln Tyr Thr Ser Tyr Ser Asp Gly
175             180             185

agc aac cag aac atg acc aag ttc ttt cag gcc atc gtc gat agc atc
672
45 Ser Asn Gln Asn Met Thr Lys Phe Phe Gln Ala Ile Val Asp Ser Ile
190             195             200

cgt tcg tgt gga gcc aac aac atc ctt tgg gtg ccg ggt ctg ggc tat
720
50 Arg Ser Cys Gly Ala Asn Asn Ile Leu Trp Val Pro Gly Leu Gly Tyr
205             210             215

cag tcg caa tat gca gga ttc gtc aaa tat cct atc caa ggc gag aat
768
55 Gln Ser Gln Tyr Ala Gly Phe Val Lys Tyr Pro Ile Gln Gly Glu Asn
220             225             230             235

```

ES 2 757 053 T3

atc ggc tat gcg gta cac tgc tac ccg ggc tgg tat ggt tcc gat agc  
 816  
 Ile Gly Tyr Ala Val His Cys Tyr Pro Gly Trp Tyr Gly Ser Asp Ser  
 240 245 250  
 5  
 gag gcc gat ggt ggc agt gtc gaa cag ggc gta gtc acc aag gga gcc  
 864  
 Glu Ala Asp Gly Gly Ser Val Glu Gln Gly Val Val Thr Lys Gly Ala  
 255 260 265  
 10  
 ggt tat tcc gaa ttc aag gcc ggc tgg gat aat cag gtg gga cca gtc  
 912  
 Gly Tyr Ser Glu Phe Lys Ala Gly Trp Asp Asn Gln Val Gly Pro Val  
 270 275 280  
 15  
 gcc aag atc gcc ccg att ctc atc acc gag atg gat tgg gcc ccg aaa  
 960  
 Ala Lys Ile Ala Pro Ile Leu Ile Thr Glu Met Asp Trp Ala Pro Lys  
 285 290 295  
 20  
 tca tat aat tgt tcg tgg ggt aag gct acc aca ggt gtg gct ggt ggc  
 1008  
 Ser Tyr Asn Cys Ser Trp Gly Lys Ala Thr Thr Gly Val Ala Gly Gly  
 300 305 310 315  
 25  
 gtt ggc ttc ggc gcc aac ttc aag tac atc gtc gat aag acc ggc aac  
 1056  
 Val Gly Phe Gly Ala Asn Phe Lys Tyr Ile Val Asp Lys Thr Gly Asn  
 320 325 330  
 30  
 gtc tca tgg atg ctc ttc acc gga ccg gaa cat ctg gct aag tat gtt  
 1104  
 Val Ser Trp Met Leu Phe Thr Gly Pro Glu His Leu Ala Lys Tyr Val  
 335 340 345  
 35  
 gac agc aaa gcc gat ggc aag acc ttt ttg acc gac ccg gag gca tgt  
 1152  
 Asp Ser Lys Ala Asp Gly Lys Thr Phe Leu Thr Asp Pro Glu Ala Cys  
 350 355 360  
 40  
 gtc cgt cca atc tat cgt tgg ttc aag gag tat acc gat ccg aac tgg  
 1200  
 Val Arg Pro Ile Tyr Arg Trp Phe Lys Glu Tyr Thr Asp Pro Asn Trp  
 365 370 375  
 45  
 gtc ttc gaa gat acg tta gcg agc caa acg atg tat ttc ccg cag acc  
 1248  
 Val Phe Glu Asp Thr Leu Ala Ser Gln Thr Met Tyr Phe Pro Gln Thr  
 380 385 390 395  
 50  
 gac acc tgg atc aat cca agc att tgg gag aag ggt tcg ttc gat gcc  
 1296  
 Asp Thr Trp Ile Asn Pro Ser Ile Trp Glu Lys Gly Ser Phe Asp Ala  
 400 405 410  
 55  
 acg aca gga gcg ctc gtc acg ggt caa tat ggc ttc ggc ggc tgg cag  
 1344



ES 2 757 053 T3

Thr Thr Gly Ala Leu Val Thr Gly Gln Tyr Gly Phe Gly Gly Trp Gln  
 415 420 425  
 5 ttc ggt act gga ttg gat ctc tcg aag tgg aaa tat ctg gtc atc aag  
 1392  
 Phe Gly Thr Gly Leu Asp Leu Ser Lys Trp Lys Tyr Leu Val Ile Lys  
 430 435 440  
 10 ctc aag cag acc gca tca tcg ggc gga tgg tcg ttc cgt gtc ttc gac  
 1440  
 Leu Lys Gln Thr Ala Ser Ser Gly Gly Trp Ser Phe Arg Val Phe Asp  
 445 450 455  
 15 gag aac agc tat tgg tcc aat tgc tac cag aag tcg gtc ggt tcc agt  
 1488  
 Glu Asn Ser Tyr Trp Ser Asn Cys Tyr Gln Lys Ser Val Gly Ser Ser  
 460 465 470 475  
 20 ctg cgt gcc atc gtt cct ttg aat gga atg tat aag acc atc gac ggt  
 1536  
 Leu Arg Ala Ile Val Pro Leu Asn Gly Met Tyr Lys Thr Ile Asp Gly  
 480 485 490  
 25 tcg gtg tca aat tcg tcc aaa gtc aat ccg tcg cat atc tat atc gca  
 1584  
 Ser Val Ser Asn Ser Ser Lys Val Asn Pro Ser His Ile Tyr Ile Ala  
 495 500 505  
 30 gga ttc tgg agc tat ggt ggc aca ccg ctc tac atc gac aag ctc tat  
 1632  
 Gly Phe Trp Ser Tyr Gly Gly Thr Pro Leu Tyr Ile Asp Lys Leu Tyr  
 510 515 520  
 35 ctg acc aac caa tcg gac tat tcg gag gag gtc gga ctg gaa caa gtc  
 1680  
 Leu Thr Asn Gln Ser Asp Tyr Ser Glu Glu Val Gly Leu Glu Gln Val  
 525 530 535  
 40 gcg caa gac gat gat gtt cct atc gtt atg ttc gat gtt atg ggt cgt  
 1728  
 Ala Gln Asp Asp Asp Val Pro Ile Val Met Phe Asp Val Met Gly Arg  
 540 545 550 555  
 45 cgc gta gaa aca ccg cat cgt gga ggc ttc tac atg agc aaa gac cga  
 1776  
 Arg Val Glu Thr Pro His Arg Gly Gly Phe Tyr Met Ser Lys Asp Arg  
 560 565 570  
 50 aaa ttc att gta cgt taa  
 1794  
 Lys Phe Ile Val Arg  
 575  
 55 <210> 44  
 <211> 597  
 <212> PRT

ES 2 757 053 T3

<213> metagenoma de estiércol de elefante

<400> 44

5 Met Lys Arg Tyr Leu Leu Ile Leu Val Ser Phe Met Met Leu His Leu  
-20 -15 -10

10 Cys Ile Gln Ala Glu Thr Leu Ser Pro Leu His Val Glu Gly Arg Trp  
-5 -1 1 5 10

15 Leu Cys Asn Glu Asn Gly Glu His Val Asn Leu His Gly Phe Gly Gln  
15 20 25

20 Thr Tyr Ser Pro Trp Phe Asn Glu Gln Gly Asn Gly Trp Gly Trp Gly  
30 35 40

25 Tyr Ser Val Ser Asp Cys Met Lys Tyr Asn Lys Gly Leu Ile Asp Lys  
45 50 55

30 Ile Ile Ser Ala Gly Trp Lys Met Asn Trp Leu Arg Leu His Met Asp  
60 65 70 75

35 Pro His Trp Ser Asn Thr Pro Gly Val Ser Thr Ser Gly Glu Asn Asp  
80 85 90

40 Ile Ser Ala Phe Asn Glu Ser Arg Phe Arg Thr Tyr Leu Asn Ser Leu  
95 100 105

45 Phe Ile Pro Met Ala Glu Tyr Ala Asn Gln His Gly Met Tyr Val Val  
110 115 120

50 Met Arg Pro Pro Gly Val Cys Pro Glu Lys Ile Glu Ile Gly Gly Ala  
125 130 135

55 Tyr Tyr Lys Tyr Leu Leu Lys Val Trp Gly Ile Val Ala Ser Asn Glu  
140 145 150 155

60 Lys Leu Lys Asn Asn Pro Gly Ile Met Phe Glu Leu Ala Asn Glu Pro  
160 165 170

65 Ile Asn Ile Lys Gly Thr Asp Gly Gln Tyr Thr Ser Tyr Ser Asp Gly  
175 180 185

70 Ser Asn Gln Asn Met Thr Lys Phe Phe Gln Ala Ile Val Asp Ser Ile

ES 2 757 053 T3

	190		195		200												
5	Arg	Ser	Cys	Gly	Ala	Asn	Asn	Ile	Leu	Trp	Val	Pro	Gly	Leu	Gly	Tyr	
	205						210					215					
10	Gln	Ser	Gln	Tyr	Ala	Gly	Phe	Val	Lys	Tyr	Pro	Ile	Gln	Gly	Glu	Asn	
	220					225					230					235	
15	Ile	Gly	Tyr	Ala	Val	His	Cys	Tyr	Pro	Gly	Trp	Tyr	Gly	Ser	Asp	Ser	
				240						245					250		
20	Glu	Ala	Asp	Gly	Gly	Ser	Val	Glu	Gln	Gly	Val	Val	Thr	Lys	Gly	Ala	
				255					260					265			
25	Ala	Lys	Ile	Ala	Pro	Ile	Leu	Ile	Thr	Glu	Met	Asp	Trp	Ala	Pro	Lys	
	285						290					295					
30	Ser	Tyr	Asn	Cys	Ser	Trp	Gly	Lys	Ala	Thr	Thr	Gly	Val	Ala	Gly	Gly	
	300					305					310					315	
35	Val	Gly	Phe	Gly	Ala	Asn	Phe	Lys	Tyr	Ile	Val	Asp	Lys	Thr	Gly	Asn	
					320					325					330		
40	Val	Ser	Trp	Met	Leu	Phe	Thr	Gly	Pro	Glu	His	Leu	Ala	Lys	Tyr	Val	
				335					340					345			
45	Asp	Ser	Lys	Ala	Asp	Gly	Lys	Thr	Phe	Leu	Thr	Asp	Pro	Glu	Ala	Cys	
			350					355					360				
50	Val	Arg	Pro	Ile	Tyr	Arg	Trp	Phe	Lys	Glu	Tyr	Thr	Asp	Pro	Asn	Trp	
	365						370					375					
55	Val	Phe	Glu	Asp	Thr	Leu	Ala	Ser	Gln	Thr	Met	Tyr	Phe	Pro	Gln	Thr	
	380					385					390					395	
60	Asp	Thr	Trp	Ile	Asn	Pro	Ser	Ile	Trp	Glu	Lys	Gly	Ser	Phe	Asp	Ala	
				400						405					410		
65	Thr	Thr	Gly	Ala	Leu	Val	Thr	Gly	Gln	Tyr	Gly	Phe	Gly	Gly	Trp	Gln	
				415					420					425			

ES 2 757 053 T3

Phe Gly Thr Gly Leu Asp Leu Ser Lys Trp Lys Tyr Leu Val Ile Lys  
 430 435 440  
 5

Leu Lys Gln Thr Ala Ser Ser Gly Gly Trp Ser Phe Arg Val Phe Asp  
 445 450 455  
 10

Glu Asn Ser Tyr Trp Ser Asn Cys Tyr Gln Lys Ser Val Gly Ser Ser  
 460 465 470 475  
 15

Leu Arg Ala Ile Val Pro Leu Asn Gly Met Tyr Lys Thr Ile Asp Gly  
 480 485 490  
 20

Ser Val Ser Asn Ser Ser Lys Val Asn Pro Ser His Ile Tyr Ile Ala  
 495 500 505  
 25

Gly Phe Trp Ser Tyr Gly Gly Thr Pro Leu Tyr Ile Asp Lys Leu Tyr  
 510 515 520  
 30

Leu Thr Asn Gln Ser Asp Tyr Ser Glu Glu Val Gly Leu Glu Gln Val  
 525 530 535  
 35

Ala Gln Asp Asp Asp Val Pro Ile Val Met Phe Asp Val Met Gly Arg  
 540 545 550 555  
 40

Arg Val Glu Thr Pro His Arg Gly Gly Phe Tyr Met Ser Lys Asp Arg  
 560 565 570  
 45

Lys Phe Ile Val Arg  
 575

<210> 45  
 <211> 577  
 <212> PRT  
 <213> metagenoma de estiércol de elefante

<220>  
 <221> mat\_peptide  
 <222> (1)..(577)

<400> 45

Glu Thr Leu Ser Pro Leu His Val Glu Gly Arg Trp Leu Cys Asn Glu  
 1 5 10 15  
 55

ES 2 757 053 T3

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

ES 2 757 053 T3

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

ES 2 757 053 T3

Val Pro Leu Asn Gly Met Tyr Lys Thr Ile Asp Gly Ser Val Ser Asn  
 485 490 495  
 5  
 Ser Ser Lys Val Asn Pro Ser His Ile Tyr Ile Ala Gly Phe Trp Ser  
 500 505 510  
 10  
 Tyr Gly Gly Thr Pro Leu Tyr Ile Asp Lys Leu Tyr Leu Thr Asn Gln  
 515 520 525  
 15  
 Ser Asp Tyr Ser Glu Glu Val Gly Leu Glu Gln Val Ala Gln Asp Asp  
 530 535 540  
 20  
 Asp Val Pro Ile Val Met Phe Asp Val Met Gly Arg Arg Val Glu Thr  
 545 550 555 560  
 25  
 Pro His Arg Gly Gly Phe Tyr Met Ser Lys Asp Arg Lys Phe Ile Val  
 565 570 575  
 Arg  
 30  
 <210> 46  
 <211> 1839  
 <212> ADN  
 <213> Secuencia artificial  
 35  
 <220>  
 <223> Construcción de expresión  
 <220>  
 40  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1836)  
 <220>  
 <221> sig\_peptide  
 45  
 <222> (1)..(81)  
 <220>  
 <221> mat\_peptide  
 <222> (82)..(1836)  
 50  
 <400> 46  
 atg aag aaa ccg ttg ggg aaa att gtc gca agc acc gca cta ctc att  
 48  
 55  
 Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile  
 -25 -20 -15

ES 2 757 053 T3

tct gtt gct ttt agt tca tcg ata gca tca gca cat cat cat cac cat  
 96  
 Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His His His His His  
 -10 -5 -1 1 5  
 5  
 cat cct agg gag aca ctc tct cca ttg cat gtg gaa gga cgt tgg ctt  
 144  
 His Pro Arg Glu Thr Leu Ser Pro Leu His Val Glu Gly Arg Trp Leu  
 10 10 15 20  
 10  
 tgt aac gaa aac gga gaa cat gtc aac ctg cat ggc ttc ggt cag acg  
 192  
 Cys Asn Glu Asn Gly Glu His Val Asn Leu His Gly Phe Gly Gln Thr  
 15 25 30 35  
 15  
 tat agc cct tgg ttc aac gaa cag ggc aac ggt tgg ggc tgg ggc tac  
 240  
 Tyr Ser Pro Trp Phe Asn Glu Gln Gly Asn Gly Trp Gly Trp Gly Tyr  
 20 40 45 50  
 20  
 agc gtc agt gac tgt atg aaa tac aac aag gga ctc att gat aag att  
 288  
 Ser Val Ser Asp Cys Met Lys Tyr Asn Lys Gly Leu Ile Asp Lys Ile  
 25 55 60 65  
 25  
 att agc gct ggt tgg aag atg aac tgg ctt cgt ctg cac atg gat ccc  
 336  
 Ile Ser Ala Gly Trp Lys Met Asn Trp Leu Arg Leu His Met Asp Pro  
 30 70 75 80 85  
 30  
 cat tgg agc aac act ccg ggt gta agt aca tcg ggc gag aac gac atc  
 384  
 His Trp Ser Asn Thr Pro Gly Val Ser Thr Ser Gly Glu Asn Asp Ile  
 35 90 95 100  
 35  
 tcg gct ttt aat gag tct cgt ttc cgt acc tat ctg aac agt ctg ttc  
 432  
 Ser Ala Phe Asn Glu Ser Arg Phe Arg Thr Tyr Leu Asn Ser Leu Phe  
 40 105 110 115  
 40  
 atc ccg atg gcc gaa tat gcc aat cag cat ggc atg tac gtt gtg atg  
 480  
 Ile Pro Met Ala Glu Tyr Ala Asn Gln His Gly Met Tyr Val Val Met  
 45 120 125 130  
 45  
 cgt ccc cct gga gtc tgt ccg gag aag ata gag atc gga ggc gcc tac  
 528  
 Arg Pro Pro Gly Val Cys Pro Glu Lys Ile Glu Ile Gly Gly Ala Tyr  
 50 135 140 145  
 50  
 tac aag tat ctg ctc aag gtg tgg ggc att gtg gcc agc aac gag aag  
 576  
 Tyr Lys Tyr Leu Leu Lys Val Trp Gly Ile Val Ala Ser Asn Glu Lys  
 55 150 155 160 165  
 55  
 ttg aag aac aat cct ggc atc atg ttc gag ttg gcc aac gag cca atc  
 624



ES 2 757 053 T3

Leu Lys Asn Asn Pro Gly Ile Met Phe Glu Leu Ala Asn Glu Pro Ile  
 170 175 180  
 5 aac atc aaa ggt acc gac ggt cag tat act tcg tac agc gac gga agc  
 672  
 Asn Ile Lys Gly Thr Asp Gly Gln Tyr Thr Ser Tyr Ser Asp Gly Ser  
 185 190 195  
 10 aac cag aac atg acc aag ttc ttt cag gcc atc gtc gat agc atc cgt  
 720  
 Asn Gln Asn Met Thr Lys Phe Phe Gln Ala Ile Val Asp Ser Ile Arg  
 200 205 210  
 15 tcg tgt gga gcc aac aac atc ctt tgg gtg ccg ggt ctg ggc tat cag  
 768  
 Ser Cys Gly Ala Asn Asn Ile Leu Trp Val Pro Gly Leu Gly Tyr Gln  
 215 220 225  
 20 tcg caa tat gca gga ttc gtc aaa tat cct atc caa ggc gag aat atc  
 816  
 Ser Gln Tyr Ala Gly Phe Val Lys Tyr Pro Ile Gln Gly Glu Asn Ile  
 230 235 240 245  
 25 ggc tat gcg gta cac tgc tac ccg ggc tgg tat ggt tcc gat agc gag  
 864  
 Gly Tyr Ala Val His Cys Tyr Pro Gly Trp Tyr Gly Ser Asp Ser Glu  
 250 255 260  
 30 gcc gat ggt ggc agt gtc gaa cag ggc gta gtc acc aag gga gcc ggt  
 912  
 Ala Asp Gly Gly Ser Val Glu Gln Gly Val Val Thr Lys Gly Ala Gly  
 265 270 275  
 35 tat tcc gaa ttc aag gcc ggc tgg gat aat cag gtg gga cca gtc gcc  
 960  
 Tyr Ser Glu Phe Lys Ala Gly Trp Asp Asn Gln Val Gly Pro Val Ala  
 280 285 290  
 40 aag atc gcc ccg att ctc atc acc gag atg gat tgg gcc ccg aaa tca  
 1008  
 Lys Ile Ala Pro Ile Leu Ile Thr Glu Met Asp Trp Ala Pro Lys Ser  
 295 300 305  
 45 tat aat tgt tcg tgg ggt aag gct acc aca ggt gtg gct ggt ggc gtt  
 1056  
 Tyr Asn Cys Ser Trp Gly Lys Ala Thr Thr Gly Val Ala Gly Gly Val  
 310 315 320 325  
 50 ggc ttc ggc gcc aac ttc aag tac atc gtc gat aag acc ggc aac gtc  
 1104  
 Gly Phe Gly Ala Asn Phe Lys Tyr Ile Val Asp Lys Thr Gly Asn Val  
 330 335 340  
 55 tca tgg atg ctc ttc acc gga ccg gaa cat ctg gct aag tat gtt gac  
 1152  
 Ser Trp Met Leu Phe Thr Gly Pro Glu His Leu Ala Lys Tyr Val Asp  
 345 350 355

ES 2 757 053 T3

agc aaa gcc gat ggc aag acc ttt ttg acc gac ccg gag gca tgt gtc  
 1200  
 Ser Lys Ala Asp Gly Lys Thr Phe Leu Thr Asp Pro Glu Ala Cys Val  
 5 360 365 370  
  
 cgt cca atc tat cgt tgg ttc aag gag tat acc gat ccg aac tgg gtc  
 1248  
 Arg Pro Ile Tyr Arg Trp Phe Lys Glu Tyr Thr Asp Pro Asn Trp Val  
 10 375 380 385  
  
 ttc gaa gat acg tta gcg agc caa acg atg tat ttc ccg cag acc gac  
 1296  
 Phe Glu Asp Thr Leu Ala Ser Gln Thr Met Tyr Phe Pro Gln Thr Asp  
 15 390 395 400 405  
  
 acc tgg atc aat cca agc att tgg gag aag ggt tcg ttc gat gcc acg  
 1344  
 Thr Trp Ile Asn Pro Ser Ile Trp Glu Lys Gly Ser Phe Asp Ala Thr  
 20 410 415 420  
  
 aca gga gcg ctc gtc acg ggt caa tat ggc ttc ggc ggc tgg cag ttc  
 1392  
 Thr Gly Ala Leu Val Thr Gly Gln Tyr Gly Phe Gly Gly Trp Gln Phe  
 25 425 430 435  
  
 ggt act gga ttg gat ctc tcg aag tgg aaa tat ctg gtc atc aag ctc  
 1440  
 Gly Thr Gly Leu Asp Leu Ser Lys Trp Lys Tyr Leu Val Ile Lys Leu  
 30 440 445 450  
  
 aag cag acc gca tca tcg ggc gga tgg tcg ttc cgt gtc ttc gac gag  
 1488  
 Lys Gln Thr Ala Ser Ser Gly Gly Trp Ser Phe Arg Val Phe Asp Glu  
 35 455 460 465  
  
 aac agc tat tgg tcc aat tgc tac cag aag tcg gtc ggt tcc agt ctg  
 1536  
 Asn Ser Tyr Trp Ser Asn Cys Tyr Gln Lys Ser Val Gly Ser Ser Leu  
 40 470 475 480 485  
  
 cgt gcc atc gtt cct ttg aat gga atg tat aag acc atc gac ggt tcg  
 1584  
 Arg Ala Ile Val Pro Leu Asn Gly Met Tyr Lys Thr Ile Asp Gly Ser  
 45 490 495 500  
  
 gtg tca aat tcg tcc aaa gtc aat ccg tcg cat atc tat atc gca gga  
 1632  
 Val Ser Asn Ser Ser Lys Val Asn Pro Ser His Ile Tyr Ile Ala Gly  
 50 505 510 515  
  
 ttc tgg agc tat ggt ggc aca ccg ctc tac atc gac aag ctc tat ctg  
 1680  
 Phe Trp Ser Tyr Gly Gly Thr Pro Leu Tyr Ile Asp Lys Leu Tyr Leu  
 55 520 525 530

ES 2 757 053 T3

acc aac caa tcg gac tat tcg gag gag gtc gga ctg gaa caa gtc gcg  
 1728  
 Thr Asn Gln Ser Asp Tyr Ser Glu Glu Val Gly Leu Glu Gln Val Ala  
 535 540 545

5  
 caa gac gat gat gtt cct atc gtt atg ttc gat gtt atg ggt cgt cgc  
 1776  
 Gln Asp Asp Asp Val Pro Ile Val Met Phe Asp Val Met Gly Arg Arg  
 550 555 560 565

10  
 gta gaa aca ccg cat cgt gga ggc ttc tac atg agc aaa gac cga aaa  
 1824  
 Val Glu Thr Pro His Arg Gly Gly Phe Tyr Met Ser Lys Asp Arg Lys  
 570 575 580

15  
 ttc att gta cgt taa  
 1839  
 Phe Ile Val Arg  
 585

20  
 <210> 47  
 <211> 612  
 <212> PRT  
 25 <213> Secuencia artificial

<220>  
 <223> Construcción sintética

30 <400> 47

Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile  
 -25 -20 -15

35  
 Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His His His His His  
 -10 -5 -1 1 5

40 His Pro Arg Glu Thr Leu Ser Pro Leu His Val Glu Gly Arg Trp Leu  
 10 15 20

45 Cys Asn Glu Asn Gly Glu His Val Asn Leu His Gly Phe Gly Gln Thr  
 25 30 35

Tyr Ser Pro Trp Phe Asn Glu Gln Gly Asn Gly Trp Gly Trp Gly Tyr  
 40 45 50

50  
 Ser Val Ser Asp Cys Met Lys Tyr Asn Lys Gly Leu Ile Asp Lys Ile  
 55 60 65

55  
 Ile Ser Ala Gly Trp Lys Met Asn Trp Leu Arg Leu His Met Asp Pro  
 70 75 80 85

ES 2 757 053 T3

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

ES 2 757 053 T3

Tyr Asn Cys Ser Trp Gly Lys Ala Thr Thr Gly Val Ala Gly Gly Val  
 310 315 320 325  
 5  
 Gly Phe Gly Ala Asn Phe Lys Tyr Ile Val Asp Lys Thr Gly Asn Val  
 330 335 340  
 10  
 Ser Trp Met Leu Phe Thr Gly Pro Glu His Leu Ala Lys Tyr Val Asp  
 345 350 355  
 15  
 Ser Lys Ala Asp Gly Lys Thr Phe Leu Thr Asp Pro Glu Ala Cys Val  
 360 365 370  
 20  
 Arg Pro Ile Tyr Arg Trp Phe Lys Glu Tyr Thr Asp Pro Asn Trp Val  
 375 380 385  
 25  
 Phe Glu Asp Thr Leu Ala Ser Gln Thr Met Tyr Phe Pro Gln Thr Asp  
 390 395 400 405  
 30  
 Thr Trp Ile Asn Pro Ser Ile Trp Glu Lys Gly Ser Phe Asp Ala Thr  
 410 415 420  
 35  
 Thr Gly Ala Leu Val Thr Gly Gln Tyr Gly Phe Gly Gly Trp Gln Phe  
 425 430 435  
 40  
 Gly Thr Gly Leu Asp Leu Ser Lys Trp Lys Tyr Leu Val Ile Lys Leu  
 440 445 450  
 45  
 Lys Gln Thr Ala Ser Ser Gly Gly Trp Ser Phe Arg Val Phe Asp Glu  
 455 460 465  
 50  
 Asn Ser Tyr Trp Ser Asn Cys Tyr Gln Lys Ser Val Gly Ser Ser Leu  
 470 475 480 485  
 55  
 Arg Ala Ile Val Pro Leu Asn Gly Met Tyr Lys Thr Ile Asp Gly Ser  
 490 495 500  
 Val Ser Asn Ser Ser Lys Val Asn Pro Ser His Ile Tyr Ile Ala Gly  
 505 510 515  
 Phe Trp Ser Tyr Gly Gly Thr Pro Leu Tyr Ile Asp Lys Leu Tyr Leu  
 520 525 530

ES 2 757 053 T3

Thr Asn Gln Ser Asp Tyr Ser Glu Glu Val Gly Leu Glu Gln Val Ala  
535 540 545

5 Gln Asp Asp Asp Val Pro Ile Val Met Phe Asp Val Met Gly Arg Arg  
550 555 560 565

10 Val Glu Thr Pro His Arg Gly Gly Phe Tyr Met Ser Lys Asp Arg Lys  
570 575 580

Phe Ile Val Arg  
585

15

<210> 48  
<211> 585  
<212> PRT  
20 <213> Secuencia artificial

<220>  
<223> Secuencia madura con etiqueta de polihistidina

25

<220>  
<221> mat\_peptide  
<222> (1)..(585)

30 <400> 48

His His His His His His Pro Arg Glu Thr Leu Ser Pro Leu His Val  
1 5 10 15

35 Glu Gly Arg Trp Leu Cys Asn Glu Asn Gly Glu His Val Asn Leu His  
20 25 30

40 Gly Phe Gly Gln Thr Tyr Ser Pro Trp Phe Asn Glu Gln Gly Asn Gly  
35 40 45

45 Trp Gly Trp Gly Tyr Ser Val Ser Asp Cys Met Lys Tyr Asn Lys Gly  
50 55 60

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

50

Leu His Met Asp Pro His Trp Ser Asn Thr Pro Gly Val Ser Thr Ser  
85 90 95

55 Gly Glu Asn Asp Ile Ser Ala Phe Asn Glu Ser Arg Phe Arg Thr Tyr  
100 105 110

ES 2 757 053 T3

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

ES 2 757 053 T3

Lys Thr Gly Asn Val Ser Trp Met Leu Phe Thr Gly Pro Glu His Leu  
 340 345 350  
 5  
 Ala Lys Tyr Val Asp Ser Lys Ala Asp Gly Lys Thr Phe Leu Thr Asp  
 355 360 365  
 10 Pro Glu Ala Cys Val Arg Pro Ile Tyr Arg Trp Phe Lys Glu Tyr Thr  
 370 375 380  
 15 Asp Pro Asn Trp Val Phe Glu Asp Thr Leu Ala Ser Gln Thr Met Tyr  
 385 390 395 400  
 20 Phe Pro Gln Thr Asp Thr Trp Ile Asn Pro Ser Ile Trp Glu Lys Gly  
 405 410 415  
 Ser Phe Asp Ala Thr Thr Gly Ala Leu Val Thr Gly Gln Tyr Gly Phe  
 420 425 430  
 25 Gly Gly Trp Gln Phe Gly Thr Gly Leu Asp Leu Ser Lys Trp Lys Tyr  
 435 440 445  
 30 Leu Val Ile Lys Leu Lys Gln Thr Ala Ser Ser Gly Gly Trp Ser Phe  
 450 455 460  
 35 Arg Val Phe Asp Glu Asn Ser Tyr Trp Ser Asn Cys Tyr Gln Lys Ser  
 465 470 475 480  
 40 Val Gly Ser Ser Leu Arg Ala Ile Val Pro Leu Asn Gly Met Tyr Lys  
 485 490 495  
 Thr Ile Asp Gly Ser Val Ser Asn Ser Ser Lys Val Asn Pro Ser His  
 500 505 510  
 45 Ile Tyr Ile Ala Gly Phe Trp Ser Tyr Gly Gly Thr Pro Leu Tyr Ile  
 515 520 525  
 50 Asp Lys Leu Tyr Leu Thr Asn Gln Ser Asp Tyr Ser Glu Glu Val Gly  
 530 535 540  
 55 Leu Glu Gln Val Ala Gln Asp Asp Asp Val Pro Ile Val Met Phe Asp  
 545 550 555 560



ES 2 757 053 T3

Val Met Gly Arg Arg Val Glu Thr Pro His Arg Gly Gly Phe Tyr Met  
565 570 575

5 Ser Lys Asp Arg Lys Phe Ile Val Arg  
580 585

<210> 49  
10 <211> 384  
<212> PRT  
<213> Aspergillus aculeatus

<400> 49

15 Val Gly Leu Asp Gln Ala Ala Val Ala Lys Gly Leu Gln Tyr Phe Gly  
1 5 10 15

20 Thr Ala Thr Asp Asn Pro Glu Leu Thr Asp Ile Pro Tyr Val Thr Gln  
20 25 30

25 Leu Asn Asn Thr Ala Asp Phe Gly Gln Ile Thr Pro Gly Asn Ser Met  
35 40 45

Lys Trp Asp Ala Thr Glu Pro Ser Gln Gly Thr Phe Thr Phe Thr Lys  
50 55 60

30 Gly Asp Val Ile Ala Asp Leu Ala Glu Gly Asn Gly Gln Tyr Leu Arg  
65 70 75 80

35 Cys His Thr Leu Val Trp Tyr Asn Gln Leu Pro Ser Trp Val Thr Ser  
85 90 95

40 Gly Thr Trp Thr Asn Ala Thr Leu Thr Ala Ala Leu Lys Asn His Ile  
100 105 110

45 Thr Asn Val Val Ser His Tyr Lys Gly Lys Cys Leu His Trp Asp Val  
115 120 125

50 Val Asn Glu Ala Leu Asn Asp Asp Gly Thr Tyr Arg Thr Asn Ile Phe  
130 135 140

Tyr Thr Thr Ile Gly Glu Ala Tyr Ile Pro Ile Ala Phe Ala Ala Ala  
145 150 155 160

55 Ala Ala Ala Asp Pro Asp Ala Lys Leu Phe Tyr Asn Asp Tyr Asn Leu  
165 170 175



ES 2 757 053 T3

<213> Aspergillus aculeatus

<400> 50

5 Asn Pro Ile Glu Pro Arg Gln Ala Ser Val Ser Ile Asp Ala Lys Phe  
 1 5 10 15

10 Lys Ala His Gly Lys Lys Tyr Leu Gly Thr Ile Gly Asp Gln Tyr Thr  
 20 25 30

15 Leu Asn Lys Asn Ala Lys Thr Pro Ala Ile Ile Lys Ala Asp Phe Gly  
 35 40 45

20 Gln Leu Thr Pro Glu Asn Ser Met Lys Trp Asp Ala Thr Glu Pro Asn  
 50 55 60

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

25 Gln Ser Asn Gly Lys Leu Ile Arg Gly His Thr Leu Val Trp His Ser  
 85 90 95

30 Gln Leu Pro Ser Trp Val Gln Ser Ile Ser Asp Lys Asn Thr Leu Ile  
 100 105 110

35 Gln Val Met Gln Asn His Ile Thr Thr Val Met Gln Arg Tyr Lys Gly  
 115 120 125

Lys Val Tyr Ala Trp Asp Val Val Asn Glu Ile Phe Asn Glu Asp Gly  
 130 135 140

40 Ser Leu Cys Gln Ser His Phe Tyr Asn Val Ile Gly Glu Asp Tyr Val  
 145 150 155 160

45 Arg Ile Ala Phe Glu Thr Ala Arg Ala Val Asp Pro Asn Ala Lys Leu  
 165 170 175

50 Tyr Ile Asn Asp Tyr Asn Leu Asp Ser Ala Ser Tyr Pro Lys Leu Thr  
 180 185 190

55 Gly Leu Val Asn His Val Lys Lys Trp Val Ala Ala Gly Val Pro Ile  
 195 200 205

Asp Gly Ile Gly Ser Gln Thr His Leu Ser Ala Gly Ala Gly Ala Ala

ES 2 757 053 T3

210 215 220

5 Val Ser Gly Ala Leu Asn Ala Leu Ala Gly Ala Gly Thr Lys Glu Val  
225 230 235 240

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

15 Asn Val Val Lys Ala Cys Leu Asn Gln Pro Lys Cys Val Gly Ile Thr  
260 265 270

20 Val Trp Gly Ser Ser Asp Pro Asp Ser Trp Arg Ser Ser Ser Ser Pro  
275 280 285

25 Leu Leu Phe Asp Ser Asn Tyr Asn Pro Lys Ala Ala Tyr Thr Ala Ile  
290 295 300

30 Ala Asn Ala Leu  
305

<210> 51  
<211> 195  
<212> PRT  
<213> Thermomyces lanuginosus  
<400> 51

35 Arg Gln Thr Thr Pro Asn Ser Glu Gly Trp His Asp Gly Tyr Tyr Tyr  
1 5 10 15

40 Ser Trp Trp Ser Asp Gly Gly Ala Gln Ala Thr Tyr Thr Asn Leu Glu  
20 25 30

45 Gly Gly Thr Tyr Glu Ile Ser Trp Gly Asp Gly Gly Asn Leu Val Gly  
35 40 45

50 Gly Lys Gly Trp Asn Pro Gly Leu Asn Ala Arg Ala Ile His Phe Glu  
50 55 60

55 Gly Val Tyr Gln Pro Asn Gly Asn Ser Tyr Leu Ala Val Tyr Gly Trp  
65 70 75 80

Thr Arg Asn Pro Leu Val Glu Tyr Tyr Ile Val Glu Asn Phe Gly Thr  
85 90 95

ES 2 757 053 T3

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

5

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

10

Ile Asp Gly Thr Gln Thr Phe Asp Gln Tyr Trp Ser Val Arg Gln Asp  
 130 135 140

15

Lys Arg Thr Ser Gly Thr Val Gln Thr Gly Cys His Phe Asp Ala Trp  
 145 150 155 160

20

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

25

Ala Thr Glu Gly Tyr Phe Ser Ser Gly Tyr Ala Arg Ile Thr Val Ala  
 180 185 190

25

Asp Val Gly  
 195

30

<210> 52  
 <211> 203  
 <212> PRT  
 <213> Dictyoglomus thermophilum

35

<400> 52

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

40

Tyr Tyr Tyr Glu Leu Trp Lys Asp Thr Gly Asn Thr Thr Met Thr Val  
 20 25 30

45

Tyr Thr Gln Gly Arg Phe Ser Cys Gln Trp Ser Asn Ile Asn Asn Ala  
 35 40 45

50

Leu Phe Arg Thr Gly Lys Lys Tyr Asn Gln Asn Trp Gln Ser Leu Gly  
 50 55 60

55

Thr Ile Arg Ile Thr Tyr Ser Ala Thr Tyr Asn Pro Asn Gly Asn Ser  
 65 70 75 80

Tyr Leu Cys Ile Tyr Gly Trp Ser Thr Asn Pro Leu Val Glu Phe Tyr

ES 2 757 053 T3

				85					90					95			
5	Ile	Val	Glu	Ser	Trp	Gly	Asn	Trp	Arg	Pro	Pro	Gly	Ala	Thr	Ser	Leu	
				100					105					110			
10	Gly	Gln	Val	Thr	Ile	Asp	Gly	Gly	Thr	Tyr	Asp	Ile	Tyr	Arg	Thr	Thr	
			115					120					125				
15	Arg	Val	Asn	Gln	Pro	Ser	Ile	Val	Gly	Thr	Ala	Thr	Phe	Asp	Gln	Tyr	
		130					135					140					
20	Trp	Ser	Val	Arg	Thr	Ser	Lys	Arg	Thr	Ser	Gly	Thr	Val	Thr	Val	Thr	
	145					150					155					160	
25	Asp	His	Phe	Arg	Ala	Trp	Ala	Asn	Arg	Gly	Leu	Asn	Leu	Gly	Thr	Ile	
					165					170					175		
30	Asp	Gln	Ile	Thr	Leu	Cys	Val	Glu	Gly	Tyr	Gln	Ser	Ser	Gly	Ser	Ala	
			180						185					190			
35	Asn	Ile	Thr	Gln	Asn	Thr	Phe	Ser	Gln	Gly	Ser						
			195					200									
40	<210>	53															
	<211>	182															
	<212>	PRT															
45	<213>	Paenibacillus	Pabuli														
	<400>	53															
50	Thr	Asp	Tyr	Trp	Gln	Asn	Trp	Thr	Asp	Gly	Gly	Gly	Thr	Val	Asn	Ala	
	1				5					10					15		
55	Val	Asn	Gly	Ser	Gly	Gly	Asn	Tyr	Ser	Val	Asn	Trp	Gln	Asn	Thr	Gly	
			20						25					30			
60	Asn	Phe	Val	Val	Gly	Lys	Gly	Trp	Thr	Tyr	Gly	Thr	Pro	Asn	Arg	Val	
			35					40					45				
65	Val	Asn	Tyr	Asn	Ala	Gly	Val	Phe	Ser	Pro	Ser	Gly	Asn	Gly	Tyr	Leu	
		50					55					60					
70	Thr	Phe	Tyr	Gly	Trp	Thr	Arg	Asn	Ala	Leu	Ile	Glu	Tyr	Tyr	Val	Val	
	65					70					75					80	

ES 2 757 053 T3

Asp Asn Trp Gly Thr Tyr Arg Pro Thr Gly Thr Tyr Lys Gly Thr Val  
 85 90 95  
 5  
 Thr Ser Asp Gly Gly Thr Tyr Asp Ile Tyr Thr Thr Met Arg Tyr Asn  
 100 105 110  
 10 Gln Pro Ser Ile Asp Gly Tyr Ser Thr Phe Pro Gln Tyr Trp Ser Val  
 115 120 125  
 15 Arg Gln Ser Lys Arg Pro Ile Gly Val Asn Ser Gln Ile Thr Phe Gln  
 130 135 140  
 20 Asn His Val Asn Ala Trp Ala Ser Lys Gly Met Tyr Leu Gly Asn Ser  
 145 150 155 160  
 Trp Ser Tyr Gln Val Met Ala Thr Glu Gly Tyr Gln Ser Ser Gly Ser  
 165 170 175  
 25 Ser Asn Val Thr Val Trp  
 180  
 30 <210> 54  
 <211> 188  
 <212> PRT  
 <213> Fusarium oxysporum  
 35 <400> 54  
 Thr Gln Pro Thr Thr Gly Thr Ser Gly Gly Tyr Tyr Phe Ser Phe Trp  
 1 5 10 15  
 40 Thr Asp Thr Pro Asn Ser Val Thr Tyr Thr Asn Gly Asn Gly Gly Gln  
 20 25 30  
 45 Phe Ser Met Gln Trp Ser Gly Asn Gly Asn His Val Gly Gly Lys Gly  
 35 40 45  
 50 Trp Met Pro Gly Thr Ser Arg Thr Ile Lys Tyr Ser Gly Ser Tyr Asn  
 50 55 60  
 55 Pro Asn Gly Asn Ser Tyr Leu Ala Val Tyr Gly Trp Thr Arg Asn Pro  
 65 70 75 80  
 Leu Ile Glu Tyr Tyr Ile Val Glu Asn Phe Gly Thr Tyr Asn Pro Ser

ES 2 757 053 T3

				85					90					95			
5	Ser	Gly	Gly	Gln	Lys	Lys	Gly	Glu	Val	Asn	Val	Asp	Gly	Ser	Val	Tyr	
				100					105					110			
10	Asp	Ile	Tyr	Val	Ser	Thr	Arg	Val	Asn	Ala	Pro	Ser	Ile	Asp	Gly	Asn	
			115					120					125				
15	Lys	Thr	Phe	Gln	Gln	Tyr	Trp	Ser	Val	Arg	Arg	Asn	Lys	Arg	Ser	Ser	
		130					135					140					
20	Gly	Ser	Val	Asn	Thr	Gly	Ala	His	Phe	Gln	Ala	Trp	Lys	Asn	Val	Gly	
	145					150					155					160	
25	Leu	Asn	Leu	Gly	Thr	His	Asp	Tyr	Gln	Ile	Leu	Ala	Val	Glu	Gly	Tyr	
					165					170					175		
30	Tyr	Ser	Ser	Gly	Ser	Ala	Ser	Met	Thr	Val	Ser	Gln					
			180						185								
	<210>	55															
	<211>	189															
	<212>	PRT															
	<213>	Aspergillus clavatus															
	<400>	55															
35	Ala	Gly	Thr	Pro	Ser	Ser	Thr	Gly	Trp	Asn	Asn	Gly	Tyr	Tyr	Tyr	Ser	
	1				5					10					15		
40	Phe	Trp	Thr	Asp	Asn	Gly	Gly	Thr	Val	Asn	Tyr	Gln	Asn	Gly	Asn	Gly	
			20						25					30			
45	Gly	Ser	Tyr	Ser	Val	Gln	Trp	Lys	Asp	Thr	Gly	Asn	Phe	Val	Gly	Gly	
		35						40					45				
50	Lys	Gly	Trp	Asn	Pro	Gly	Ser	Ala	Arg	Thr	Ile	Asn	Tyr	Ser	Gly	Ser	
	50						55					60					
55	Phe	Asn	Pro	Ser	Gly	Asn	Ala	Tyr	Leu	Thr	Val	Tyr	Gly	Trp	Thr	Thr	
	65				70						75					80	
55	Asn	Pro	Leu	Val	Glu	Tyr	Tyr	Ile	Val	Glu	Asn	Tyr	Gly	Thr	Tyr	Asn	
					85					90					95		



ES 2 757 053 T3

Pro Gly Asn Gly Gly Thr Tyr Arg Gly Ser Val Tyr Ser Asp Gly Ala  
 100 105 110

5

Asn Tyr Asn Ile Tyr Thr Ala Thr Arg Tyr Asn Ala Pro Ser Ile Glu  
 115 120 125

10

Gly Asp Lys Thr Phe Thr Gln Tyr Trp Ser Val Arg Gln Ser Lys Arg  
 130 135 140

15

Thr Gly Gly Thr Val Thr Thr Ala Asn His Phe Asn Ala Trp Ala Gln  
 145 150 155 160

20

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

25

Gly Tyr Gln Ser Ser Gly Ser Ser Ser Ile Thr Val Tyr  
 180 185

30

<210> 56  
 <211> 558  
 <212> PRT  
 <213> Humicola insolens

35

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

40

Val Ser Val Pro His Ala Gly Asn Leu Pro Arg Gln Ala Ser Thr Phe  
 20 25 30

45

Thr Asn Pro Val Leu Trp Glu Asp His Pro Asp Leu Glu Val Phe Arg  
 35 40 45

50

Val Gly Ser Val Phe Tyr Tyr Ser Ser Ser Thr Phe Ala Tyr Ser Pro  
 50 55 60

55

Gly Ala Pro Val Leu Lys Ser Tyr Asp Leu Val His Trp Thr Pro Val  
 65 70 75 80

Thr His Ser Val Pro Arg Leu Asn Phe Gly Ser Asn Tyr Asp Leu Pro  
 85 90 95

Ser Gly Thr Pro Gly Ala Tyr Val Lys Gly Ile Trp Ala Ser Thr Leu

ES 2 757 053 T3

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

ES 2 757 053 T3

5 Thr Glu Gly Leu Ala Ser Thr Asp Leu Asp Glu Phe Arg Gly Thr Arg  
 340 345 350  
 Phe Ser Glu His Trp Glu Trp Asn His Asn Pro Asp Thr Ser Lys Phe  
 355 360  
 10 Thr Leu Leu Gly Gly Asn Glu Gly Gly Leu Ile Leu Arg Thr Ala Thr  
 370 375 380  
 15 Val Thr Gly Asp Leu Phe Ala Ala Arg Asn Thr Leu Thr Arg Arg Ile  
 385 390 395 400  
 20 Ala Gly Pro Lys Ala Ser Gly Ile Phe Arg Leu Asp Val Arg Gly Met  
 405 410 415  
 25 Arg Asp Gly Asp Arg Ala Gly Ala Val Leu Phe Arg Asp Arg Ala Ala  
 420 425 430  
 Tyr Ile Gly Val Trp Lys Gln Gly Asn Glu Ala Arg Ile Val Met Val  
 435 440 445  
 30 Asp Asp Leu Arg Leu Asn Glu Asp Gly Trp Arg Thr Ala Ser Thr Gly  
 450 455 460  
 35 Arg Val Ala Ala Asn Gly Pro Val Ile Asp Thr Asn Ala Gln Gln Asp  
 465 470 475 480  
 40 Ile Trp Leu Arg Ile Asp Ala Asp Ile Thr Pro Ala Phe Gly Thr Asn  
 485 490 495  
 45 Thr Glu Arg Thr Thr Thr Phe Tyr Tyr Ser Ile Asp Gly Gly Arg Thr  
 500 505 510  
 Tyr Thr Arg Leu Gly Pro Ala Phe Ala Met Thr Asn Ser Trp Arg Tyr  
 515 520 525  
 50 Phe Thr Gly Tyr Arg Phe Gly Val Phe Asn Phe Ser Thr Lys Ser Leu  
 530 535 540  
 55 Gly Gly Glu Val Lys Val Lys Gly Phe Lys Met Asn Met Ile  
 545 550 555

ES 2 757 053 T3

<210> 57  
 <211> 643  
 <212> PRT  
 5 <213> Meripilus giganteus  
 <400> 57  
 10 Met Lys Leu Leu Phe Leu Leu Gly Ala Phe Val Ala Gln Cys Leu Ala  
 1 5 10 15  
 Val Thr Val Thr Val Asn Lys Asn Pro Ser His Thr Val Pro Ser Thr  
 15 20 25 30  
 Leu Tyr Gly Leu Met Phe Glu Asp Ile Asn His Ser Gly Asp Gly Gly  
 20 35 40 45  
 Leu Tyr Ala Glu Leu Leu Gln Asn Arg Ala Phe Gln Gln Val Thr Pro  
 50 55 60  
 25 Asn Thr Ala Ala Ala Leu Ala Ala Trp His Pro Ile Ser Asn Ala Lys  
 65 70 75 80  
 Leu Ala Val Ile Gln Asp Pro Ser Pro Val Ser Asn Ala Leu Pro Asn  
 30 85 90 95  
 Ser Leu Gln Phe Ser Val Pro Ser Gly Ser Ser Gly Arg Val Gly Phe  
 35 100 105 110  
 Thr Asn Glu Gly Phe Trp Gly Ile Lys Val Asp Ser Thr Trp Thr Tyr  
 40 115 120 125  
 Lys Ala Ser Leu Phe Phe Arg Phe Pro Thr Ser Ser Ser Phe Ser Gly  
 130 135 140  
 45 Ala Leu Thr Val Gly Leu Gln Thr Asn Ala Gly Arg Val Leu Ala Gln  
 145 150 155 160  
 Asn Ser Thr Gln Ile Arg Gly Thr Thr Thr Lys Trp Thr Gln Ile Asn  
 50 165 170 175  
 Leu Glu Leu His Pro Thr Ala Ser Ala Pro Asp Val Ser Asn Ser Phe  
 55 180 185 190  
 Phe Val Thr Ile Asp Gly Ala Ala Gly Ala Gly Gln Thr Ile Asn Phe

ES 2 757 053 T3

	195		200		205												
5	Ala 210	Met	Phe	Ser	Leu	Phe	Pro 215	Pro	Thr	Phe	Lys	Asn 220	Arg	Pro	Asn	Gly	
10	Leu 225	Arg	Ala	Asp	Ile	Ala 230	Glu	Thr	Leu	Ala	Glu 235	Met	Gly	Pro	Ser	Phe 240	
15	Phe	Arg	Phe	Pro	Gly 245	Gly	Asn	Asn	Leu	Glu 250	Gly	Gln	Thr	Thr	Ala 255	Thr	
20	Arg	Trp	Gln	Trp 260	Asn	Ala	Thr	Val	Gly 265	Ser	Leu	Leu	Asp	Arg 270	Pro	Gly	
25	Arg	Val	Gly 275	Asp	Trp	Gly	Tyr	Val 280	Asn	Thr	Asp	Gly	Leu 285	Gly	Leu	Leu	
30	Glu	Tyr 290	Leu	Gln	Phe	Phe	Glu 295	Asp	Thr	Gly	Met	Glu 300	Pro	Ile	Met	Ala	
35	Val 305	Trp	Ala	Gly	Tyr	Ser 310	Leu	Gly	Gly	Thr	Ser 315	Leu	Ala	Glu	Asn	Gln 320	
40	Leu	Ala	Pro	Tyr	Ile 325	Gln	Gln	Ala	Ile	Asp 330	Gln	Ile	Asn	Phe	Val 335	Ile	
45	Gly	Asp	Pro	Ala 340	Lys	Ser	Ala	Pro	Ala 345	Ala	Leu	Arg	Ala	Ser 350	Leu	Gly	
50	His	Pro	Glu 355	Pro	Phe	Thr	Leu	Arg 360	Phe	Val	Glu	Val	Gly 365	Asn	Glu	Asp	
55	Phe	Phe 370	Ala	Ala	Gly	Ser	Tyr 375	Pro	Tyr	Arg	Trp	His 380	Asp	Phe	Val	Thr	
60	Ala 385	Leu	Gln	Ala	Gln	Phe 390	Pro	Gln	Ile	Arg	Phe 395	Ile	Ala	Thr	Thr	Asn 400	
65	Ala	Trp	Asn	Pro	Val 405	Leu	Ser	Pro	Val 410	Pro	Gln	Ser	Tyr	Asp	Val 415	His	
70	Val	Tyr	Gln	Thr 420	Pro	Thr	Trp	Phe	Tyr 425	Gln	Asn	Ala	Phe	Tyr 430	Tyr	Asp	

ES 2 757 053 T3

Gly Phe Gln Arg Asn Gly Thr Thr Tyr Phe Glu Gly Glu Tyr Ala Ala  
 435 440 445  
 5  
 Ile Ser Thr Asn Ala Asn Asp Leu Phe Gly Thr Val Ala Asp Gly Arg  
 450 455 460  
 10  
 Leu Ala Phe Pro Thr Val Gln Ser Ala Thr Gly Glu Ala Ala Phe Met  
 465 470 475 480  
 15  
 Thr Gly Leu Glu Arg Asn Ser Asp Ile Val Phe Ala Ala Ser Tyr Ala  
 485 490 495  
 20  
 Pro Leu Leu Gln His Val Asn Ser Thr Gln Trp Thr Pro Asp Leu Val  
 500 505 510  
 25  
 Ser Tyr Asp Ala Gly Ser Val Ile Lys Ser Thr Ser Phe Phe Ala Gln  
 515 520 525  
 30  
 Lys Leu Phe Ala Leu Asn Lys Gly Asp Gln Tyr Leu Pro Ser Thr Leu  
 530 535 540  
 35  
 Pro Thr Asn Gly Gly Thr Leu His Trp Ser Ile Thr Arg Ala Ser Ser  
 545 550 555 560  
 40  
 Ser Gly Lys Thr Phe Ile Lys Ile Ala Asn Ala Gly Ser Ser Ala Gln  
 565 570 575  
 45  
 Ser Leu Thr Phe Gln Leu Thr Gln Phe Asn Ser Val Ser Ser Thr Gly  
 580 585 590  
 50  
 Thr Leu Gln Val Leu Thr Gly Pro Glu Thr Ala Ser Asn Thr Pro Glu  
 595 600 605  
 Ala Pro Gln Ala Ile Val Pro Lys Thr Ser Thr Ile Gly Thr Gly Lys  
 610 615 620  
 55  
 Thr Phe Thr Tyr Asn Ala Pro Ala Phe Ser Val Ser Val Ile Thr Val  
 625 630 635 640  
 60  
 Thr Thr Asn

ES 2 757 053 T3

<210> 58  
 <211> 327  
 <212> PRT  
 5 <213> *Thermotoga maritima*  
 <400> 58  
 10 Gln Asn Val Ser Leu Arg Glu Leu Ala Glu Lys Leu Asn Ile Tyr Ile  
 1 5 10 15  
 Gly Phe Ala Ala Ile Asn Asn Phe Trp Ser Leu Ser Asp Ala Glu Lys  
 15 20 25 30  
 Tyr Met Glu Val Ala Arg Arg Glu Phe Asn Ile Leu Thr Pro Glu Asn  
 35 40 45  
 20 Gln Met Lys Trp Asp Thr Ile His Pro Glu Arg Asp Arg Tyr Asn Phe  
 50 55 60  
 25 Thr Pro Ala Glu Lys His Val Glu Phe Ala Glu Glu Asn Asp Met Ile  
 65 70 75 80  
 30 Val His Gly His Thr Leu Val Trp His Asn Gln Leu Pro Gly Trp Ile  
 85 90 95  
 Thr Gly Arg Glu Trp Thr Lys Glu Glu Leu Leu Asn Val Leu Glu Asp  
 100 105 110  
 35 His Ile Lys Thr Val Val Ser His Phe Lys Gly Arg Val Lys Ile Trp  
 115 120 125  
 40 Asp Val Val Asn Glu Ala Val Ser Asp Ser Gly Thr Tyr Arg Glu Ser  
 130 135 140  
 45 Val Trp Tyr Lys Thr Ile Gly Pro Glu Tyr Ile Glu Lys Ala Phe Arg  
 145 150 155 160  
 50 Trp Ala Lys Glu Ala Asp Pro Asp Ala Ile Leu Ile Tyr Asn Asp Tyr  
 165 170 175  
 Ser Ile Glu Glu Ile Asn Ala Lys Ser Asn Phe Val Tyr Asn Met Ile  
 180 185 190  
 55 Lys Glu Leu Lys Glu Lys Gly Val Pro Val Asp Gly Ile Gly Phe Gln

ES 2 757 053 T3

	195		200		205														
5	Met	His	Ile	Asp	Tyr	Arg	Gly	Leu	Asn	Tyr	Asp	Ser	Phe	Arg	Arg	Asn			
	210						215					220							
10	Leu	Glu	Arg	Phe	Ala	Lys	Leu	Gly	Leu	Gln	Ile	Tyr	Ile	Thr	Glu	Met			
	225					230					235					240			
15	Asp	Val	Arg	Ile	Pro	Leu	Ser	Gly	Ser	Glu	Glu	Tyr	Tyr	Leu	Lys	Lys			
					245					250					255				
20	Gln	Ala	Glu	Val	Cys	Ala	Lys	Ile	Phe	Asp	Ile	Cys	Leu	Asp	Asn	Pro			
				260					265					270					
25	Ala	Val	Lys	Ala	Ile	Gln	Phe	Trp	Gly	Phe	Thr	Asp	Lys	Tyr	Ser	Trp			
			275					280					285						
30	Val	Pro	Gly	Phe	Phe	Lys	Gly	Tyr	Gly	Lys	Ala	Leu	Leu	Phe	Asp	Glu			
	290						295					300							
35	Asn	Tyr	Asn	Pro	Lys	Pro	Cys	Tyr	Tyr	Ala	Ile	Lys	Glu	Val	Leu	Glu			
	305					310					315					320			
40	Lys	Lys	Ile	Glu	Glu	Arg	Lys												
					325														
45	<210>	59																	
	<211>	8																	
	<212>	PRT																	
	<213>	Secuencia artificial																	
50	<220>																		
	<221>	MISC_FEATURE																	
	<222>	(2)..(2)																	
	<223>	El aminoácido en la posición 2 del motivo conservado es fenilalanina (Phe, F) o tirosina (Tyr,Y)																	
55	<220>																		
	<221>	MISC_FEATURE																	
	<222>	(3)..(3)																	
	<223>	El aminoácido en la posición 3 del motivo conservado es alanina (Ala, A) o serina (Ser, S)																	
	<220>																		
	<221>	MISC_FEATURE																	



## ES 2 757 053 T3

<222> (6)..(6)  
<223> El aminoácido en la posición 6 del motivo conservado es cisteína (Cys, C), ácido aspártico (Asp, D), isoleucina (Ile, I) o triptófano (Trp, W).

5  
<400> 59

Gly Xaa Xaa Val His Xaa Tyr Pro  
1 5

10  
<210> 60  
<211> 8  
<212> PRT  
15 <213> Secuencia artificial

<220>  
<223> Motivo I-C conservado de la xilanasa GH5.

20 <400> 60

Gly Tyr Ala Val His Trp Tyr Pro  
1 5

25  
<210> 61  
<211> 9  
<212> PRT  
<213> Secuencia artificial

30  
<220>  
<223> Motivo II-B conservado de la xilanasa GH5.

<220>  
35 <221> MISC\_FEATURE  
<222> (1)..(1)  
<223> El aminoácido en la posición 1 del motivo conservado es isoleucina (Ile, I) o valina (Val, V).

40  
<220>  
<221> MISC\_FEATURE  
<222> (2)..(2)  
<223> El aminoácido en la posición 2 del motivo conservado es histidina (His, H) o metionina (Met, M).

45  
<220>  
<221> MISC\_FEATURE  
<222> (3)..(3)  
50 <223> El aminoácido en la posición 3 del motivo conservado es fenilalanina (Phe, F) o isoleucina (Ile, I).

<220>  
<221> MISC\_FEATURE  
55 <222> (5)..(5)  
<223> El aminoácido en la posición 5 del motivo conservado es isoleucina

## ES 2 757 053 T3

(Ile, I) o leucina (Leu, L).

<220>

<221> MISC\_FEATURE

5 <222> (6)..(6)

<223> El aminoácido en la posición 6 del motivo conservado es alanina (Ala, A), isoleucina (Ile, I) o valina (Val, V).

<400> 61

10

Xaa Xaa Xaa Glu Xaa Xaa Asn Glu Pro  
1 5

15 <210> 62

<211> 9

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

20 <220>

<223> Motivo II-C conservado de la xilanasa GH5.

<220>

<221> MISC\_FEATURE

25 <222> (5)..(5)

<223> El aminoácido en la posición 5 del motivo conservado es isoleucina (Ile, I) o leucina (Leu, L).

30 <220>

<221> MISC\_FEATURE

<222> (6)..(6)

<223> El aminoácido en la posición 6 del motivo conservado es alanina (Ala, A), isoleucina (Ile, I) o valina (Val, V).

35

<400> 62

Val Met Phe Glu Xaa Xaa Asn Glu Pro  
1 5

40

<210> 63

<211> 11

<212> PRT

45 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Motivo III-B conservado de la xilanasa GH5.

50 <220>

<221> MISC\_FEATURE

<222> (2)..(2)

<223> El aminoácido en la posición 2 del motivo conservado es alanina (Ala, A) o triptófano (Trp, W).

55

<220>

<221> MISC\_FEATURE

ES 2 757 053 T3

<222> (3)..(3)  
 <223> El aminoácido en la posición 3 del motivo conservado es lisina (Lys, K), asparagina (Asn, N) o tirosina (Tyr, Y).

5 <220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (4)..(4)  
 <223> El aminoácido en la posición 4 del motivo conservado es cisteína (Cys, C), lisina (Lys, K), metionina (Met, M), serina (Ser, S)  
 10 o valina (Val, V).

<220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (6)..(6)  
 15 <223> El aminoácido en la posición 6 del motivo conservado es leucina (Leu, L), glutamina (Glu, Q), triptófano (Trp, W) o tirosina (Tyr, Y).

<220>  
 20 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (7)..(7)  
 <223> El aminoácido en la posición 4 del motivo conservado es fenilalanina (Phe, F), isoleucina (Ile, I), leucina (Leu, L) o valina (Val, V).

25 <220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (10)..(10)  
 <223> El aminoácido en la posición 10 del motivo conservado es  
 30 fenilalanina (Phe, F) o histidina (His, H).

<220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (11)..(11)  
 35 <223> El aminoácido en la posición 11 del motivo conservado es isoleucina (Ile, I), leucina (Leu, L) o metionina (Met, M).

<400> 63

40 Gly Xaa Xaa Xaa Asn Xaa Xaa Arg Leu Xaa Xaa  
 1 5 10

<210> 64  
 45 <211> 11  
 <212> PRT  
 <213> Secuencia artificial

<220>  
 50 <223> Motivo III-C conservado de la xilanasa GH5.

<400> 64

Gly Trp Asn Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile  
 55 1 5 10

ES 2 757 053 T3

```

<210> 65
<211> 1704
<212> ADN
<213> Paenibacillus campinasensis
5

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1701)
10

<220>
<221> sig_peptide
<222> (1)..(90)

15

<220>
<221> mat_peptide
<222> (91)..(1701)

<400> 65
20
atg aaa aga act gga tgg acg ctt aag ttg tta ttg gct gtg ctg ctc
48
Met Lys Arg Thr Gly Trp Thr Leu Lys Leu Leu Leu Ala Val Leu Leu
-30 -25 -20 -15
25
ctg ctg ccg ata acg ctg ggg cac cct aac ggt gct gct gac gca tgg
96
Leu Leu Pro Ile Thr Leu Gly His Pro Asn Gly Ala Ala Asp Ala Trp
-10 -5 -1 1
30
tcg ggc atg ccg atg tcc aag ctt cgc gtc agc ggc aat cag ctg gta
144
Ser Gly Met Pro Met Ser Lys Leu Arg Val Ser Gly Asn Gln Leu Val
5 10 15
35
aac agc gag ggg cag ccc gtt gtc ctc agc gga tgg cac cag cct ggg
192
Asn Ser Glu Gly Gln Pro Val Val Leu Ser Gly Trp His Gln Pro Gly
20 25 30
40
ggc tcg tac tgg acg tat cag gga agc aac tac tac ctg aac cgg aat
240
Gly Ser Tyr Trp Thr Tyr Gln Gly Ser Asn Tyr Tyr Leu Asn Arg Asn
35 40 45 50
45
gga gga aat cgc cat gct gcc att ttg gaa tat cta aag gat att acc
288
Gly Gly Asn Arg His Ala Ala Ile Leu Glu Tyr Leu Lys Asp Ile Thr
55 60 65
50
gac aca ttc tcc gat acg tct ccg aag tac ggc aac aat cac ggc tgg
336
Asp Thr Phe Ser Asp Thr Ser Pro Lys Tyr Gly Asn Asn His Gly Trp
70 75 80
55
tat atg aat cag gtc agg ctc ttt atc gac cgc gaa gac atg ggc gac
384

```

ES 2 757 053 T3

Tyr Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met Gly Asp  
 85 90 95  
 5  
 gtg gcg gcc gga acg tat aat ttt gcg ggc gtg cag tcc ttt acg cag  
 432  
 Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Val Gln Ser Phe Thr Gln  
 100 105 110  
 10  
 aat gtt gtc gtg cct tat atc cag tat gct aag agc aag gga atc tac  
 480  
 Asn Val Val Val Pro Tyr Ile Gln Tyr Ala Lys Ser Lys Gly Ile Tyr  
 115 120 125 130  
 15  
 gtt acg cta ggc ctc gac ttc acg ctc cag gat aat cag gca acg acg  
 528  
 Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Gln Asp Asn Gln Ala Thr Thr  
 135 140 145  
 20  
 caa gcc aat ctc gag aaa ttc aat caa atc tgg gga tat ctt gcg gca  
 576  
 Gln Ala Asn Leu Glu Lys Phe Asn Gln Ile Trp Gly Tyr Leu Ala Ala  
 150 155 160  
 25  
 caa cct gcg atc aaa agc gcg gac aac gtc atg ttc gag att atc aat  
 624  
 Gln Pro Ala Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val Met Phe Glu Ile Ile Asn  
 165 170 175  
 30  
 gag ccg gtg ctg tcc tat gcg aat gga cgc tgg gga gga cac ccg tct  
 672  
 Glu Pro Val Leu Ser Tyr Ala Asn Gly Arg Trp Gly Gly His Pro Ser  
 180 185 190  
 35  
 gat ccc gat ttt ccg gcg ttt tgg gac tcg ctt cgc aat ttt caa aat  
 720  
 Asp Pro Asp Phe Pro Ala Phe Trp Asp Ser Leu Arg Asn Phe Gln Asn  
 195 200 205 210  
 40  
 tcc atc att tcc acg atc cgc agt caa ggg gca gat aac gtg ata tgg  
 768  
 Ser Ile Ile Ser Thr Ile Arg Ser Gln Gly Ala Asp Asn Val Ile Trp  
 215 220 225  
 45  
 gct gcc ggc ctt gga tgg gat caa tat tat cag tta tgc gcc acg cgt  
 816  
 Ala Ala Gly Leu Gly Trp Asp Gln Tyr Tyr Gln Leu Cys Ala Thr Arg  
 230 235 240  
 50  
 ccg cta acc gat ccg ctg aac aac atc gga tat gcc gtg cat tgg tac  
 864  
 Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Ile Gly Tyr Ala Val His Trp Tyr  
 245 250 255  
 55  
 ccg ggc tac gga gca aag gat aac ggt tcg ata ctc cag cag cag tgg  
 912  
 Pro Gly Tyr Gly Ala Lys Asp Asn Gly Ser Ile Leu Gln Gln Gln Trp  
 260 265 270

ES 2 757 053 T3

gat acc aac att aag cct tgc gcg gac aac tat ccg atc aat att acg  
 960  
 5 Asp Thr Asn Ile Lys Pro Cys Ala Asp Asn Tyr Pro Ile Asn Ile Thr  
 275 280 285 290  
  
 gaa acg acc tgg ttc aaa cgg ttg ccg gga gac tcg gag tac tgg gag  
 1008  
 10 Glu Thr Thr Trp Phe Lys Arg Leu Pro Gly Asp Ser Glu Tyr Trp Glu  
 295 300 305  
  
 ctg ttc aac ggc tcg aac gaa ggc ttc ggc aaa aac acc aaa gcg ata  
 1056  
 15 Leu Phe Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Lys Asn Thr Lys Ala Ile  
 310 315 320  
  
 ttt acg aca gcc ggg aac gtc agc atc gcg gtc cac atg aac ggt ttt  
 1104  
 20 Phe Thr Thr Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Val His Met Asn Gly Phe  
 325 330 335  
  
 ctt ctg cag ccg ggg cca aga agc acg ttt gcc gat ccg acg tca ggt  
 1152  
 25 Leu Leu Gln Pro Gly Pro Arg Ser Thr Phe Ala Asp Pro Thr Ser Gly  
 340 345 350  
  
 ctg ctc ttc gac ggc gat ccg gca cgg gac ggc atg gcc cgc ttt atc  
 1200  
 30 Leu Leu Phe Asp Gly Asp Pro Ala Arg Asp Gly Met Ala Arg Phe Ile  
 355 360 365 370  
  
 ttc gaa tgg tat tac gaa cgt gcg cag ctt cat cca tgg aac ggc ata  
 1248  
 35 Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Leu His Pro Trp Asn Gly Ile  
 375 380 385  
  
 tgg aat ggt att ata tcg gga gaa acc tat aaa atc gtg aac cgt gcc  
 1296  
 40 Trp Asn Gly Ile Ile Ser Gly Glu Thr Tyr Lys Ile Val Asn Arg Ala  
 390 395 400  
  
 tca ggg aag gtg atc gac gtc ccg ggc gga caa aac agc aat tcg ctg  
 1344  
 45 Ser Gly Lys Val Ile Asp Val Pro Gly Gly Gln Asn Ser Asn Ser Leu  
 405 410 415  
  
 cag ctg cag caa tgg ccg gac aat aac gcc acg gcg cag cga tgg gtt  
 1392  
 50 Gln Leu Gln Gln Trp Pro Asp Asn Asn Ala Thr Ala Gln Arg Trp Val  
 420 425 430  
  
 gcg gac gat atg gga gca tac aac aat gta tac ccg ctt cgc agc gtc  
 1440  
 55 Ala Asp Asp Met Gly Ala Tyr Asn Asn Val Tyr Arg Leu Arg Ser Val  
 435 440 445 450

ES 2 757 053 T3

agt tcg agc gac ggc aag gtg atg gat gtt aga aac ggt tct tca aac  
 1488  
 Ser Ser Ser Asp Gly Lys Val Met Asp Val Arg Asn Gly Ser Ser Asn  
 455 460 465  
 5  
 aac ggg gaa gca ata cag ctc atg cag gat tat ggg aat caa gcg cag  
 1536  
 Asn Gly Glu Ala Ile Gln Leu Met Gln Asp Tyr Gly Asn Gln Ala Gln  
 470 475 480  
 10  
 cga ttc cgt ctg atc aag ctc agc aac gga tac tgg agc atc ctt aac  
 1584  
 Arg Phe Arg Leu Ile Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Leu Asn  
 485 490 495  
 15  
 gcc aac agc aat aaa gcc gtc gaa gtg gcg ggt ggt tcg tcc gca gac  
 1632  
 Ala Asn Ser Asn Lys Ala Val Glu Val Ala Gly Gly Ser Ser Ala Asp  
 500 505 510  
 20  
 gga gcc aag ctc cag cag aat cct tat cga ggg gat ttg cat cag caa  
 1680  
 Gly Ala Lys Leu Gln Gln Asn Pro Tyr Arg Gly Asp Leu His Gln Gln  
 515 520 525 530  
 25  
 tgg cag ctg gtc aag gtg aat taa  
 1704  
 Trp Gln Leu Val Lys Val Asn  
 535  
 30  
 <210> 66  
 <211> 567  
 <212> PRT  
 35 <213> Paenibacillus campinasensis  
 <400> 66  
 40 Met Lys Arg Thr Gly Trp Thr Leu Lys Leu Leu Leu Ala Val Leu Leu  
 -30 -25 -20 -15  
 Leu Leu Pro Ile Thr Leu Gly His Pro Asn Gly Ala Ala Asp Ala Trp  
 -10 -5 -1 1  
 45 Ser Gly Met Pro Met Ser Lys Leu Arg Val Ser Gly Asn Gln Leu Val  
 5 10 15  
 50 Asn Ser Glu Gly Gln Pro Val Val Leu Ser Gly Trp His Gln Pro Gly  
 20 25 30  
 55 Gly Ser Tyr Trp Thr Tyr Gln Gly Ser Asn Tyr Tyr Leu Asn Arg Asn  
 35 40 45 50

ES 2 757 053 T3

Gly Gly Asn Arg His Ala Ala Ile Leu Glu Tyr Leu Lys Asp Ile Thr  
 55 60 65  
 5  
 Asp Thr Phe Ser Asp Thr Ser Pro Lys Tyr Gly Asn Asn His Gly Trp  
 70 75 80  
 10  
 Tyr Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met Gly Asp  
 85 90 95  
 15  
 Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Val Gln Ser Phe Thr Gln  
 100 105 110  
 20  
 Asn Val Val Val Pro Tyr Ile Gln Tyr Ala Lys Ser Lys Gly Ile Tyr  
 115 120 125 130  
 25  
 Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Gln Asp Asn Gln Ala Thr Thr  
 135 140 145  
 30  
 Gln Ala Asn Leu Glu Lys Phe Asn Gln Ile Trp Gly Tyr Leu Ala Ala  
 150 155 160  
 35  
 Glu Pro Val Leu Ser Tyr Ala Asn Gly Arg Trp Gly Gly His Pro Ser  
 180 185 190  
 40  
 Asp Pro Asp Phe Pro Ala Phe Trp Asp Ser Leu Arg Asn Phe Gln Asn  
 195 200 205 210  
 45  
 Ser Ile Ile Ser Thr Ile Arg Ser Gln Gly Ala Asp Asn Val Ile Trp  
 215 220 225  
 50  
 Ala Ala Gly Leu Gly Trp Asp Gln Tyr Tyr Gln Leu Cys Ala Thr Arg  
 230 235 240  
 55  
 Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Ile Gly Tyr Ala Val His Trp Tyr  
 245 250 255  
 Pro Gly Tyr Gly Ala Lys Asp Asn Gly Ser Ile Leu Gln Gln Gln Trp  
 260 265 270



ES 2 757 053 T3

Asp Thr Asn Ile Lys Pro Cys Ala Asp Asn Tyr Pro Ile Asn Ile Thr  
 275 280 285 290  
 5 Glu Thr Thr Trp Phe Lys Arg Leu Pro Gly Asp Ser Glu Tyr Trp Glu  
 295 300 305  
 10 Leu Phe Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Lys Asn Thr Lys Ala Ile  
 310 315 320  
 15 Phe Thr Thr Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Val His Met Asn Gly Phe  
 325 330 335  
 20 Leu Leu Gln Pro Gly Pro Arg Ser Thr Phe Ala Asp Pro Thr Ser Gly  
 340 345 350  
 25 Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Leu His Pro Trp Asn Gly Ile  
 375 380 385  
 30 Trp Asn Gly Ile Ile Ser Gly Glu Thr Tyr Lys Ile Val Asn Arg Ala  
 390 395 400  
 35 Ser Gly Lys Val Ile Asp Val Pro Gly Gly Gln Asn Ser Asn Ser Leu  
 405 410 415  
 40 Gln Leu Gln Gln Trp Pro Asp Asn Asn Ala Thr Ala Gln Arg Trp Val  
 420 425 430  
 45 Ala Asp Asp Met Gly Ala Tyr Asn Asn Val Tyr Arg Leu Arg Ser Val  
 435 440 445 450  
 50 Ser Ser Ser Asp Gly Lys Val Met Asp Val Arg Asn Gly Ser Ser Asn  
 455 460 465  
 55 Asn Gly Glu Ala Ile Gln Leu Met Gln Asp Tyr Gly Asn Gln Ala Gln  
 470 475 480  
 Arg Phe Arg Leu Ile Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Leu Asn  
 485 490 495  
 Ala Asn Ser Asn Lys Ala Val Glu Val Ala Gly Gly Ser Ser Ala Asp

ES 2 757 053 T3

```

500                               505                               510

5  Gly Ala Lys Leu Gln Gln Asn Pro Tyr Arg Gly Asp Leu His Gln Gln
   515                               520                               525                               530

Trp Gln Leu Val Lys Val Asn
10                               535

<210> 67
<211> 537
<212> PRT
15 <213> Paenibacillus campinasensis

<220>
<221> mat_peptide
20 <222> (1)..(537)

<400> 67

25 Ala Trp Ser Gly Met Pro Met Ser Lys Leu Arg Val Ser Gly Asn Gln
   1                               5                               10                               15

Leu Val Asn Ser Glu Gly Gln Pro Val Val Leu Ser Gly Trp His Gln
30                               20                               25                               30

Pro Gly Gly Ser Tyr Trp Thr Tyr Gln Gly Ser Asn Tyr Tyr Leu Asn
35                               35                               40                               45

Arg Asn Gly Gly Asn Arg His Ala Ala Ile Leu Glu Tyr Leu Lys Asp
40                               50                               55                               60

Ile Thr Asp Thr Phe Ser Asp Thr Ser Pro Lys Tyr Gly Asn Asn His
45                               65                               70                               75                               80

Gly Trp Tyr Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met
50                               85                               90                               95

Gly Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Val Gln Ser Phe
55                               100                              105                              110

Thr Gln Asn Val Val Val Pro Tyr Ile Gln Tyr Ala Lys Ser Lys Gly
60                               115                              120                              125

Ile Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Gln Asp Asn Gln Ala
65                               130                              135                              140

```

ES 2 757 053 T3

Thr Thr Gln Ala Asn Leu Glu Lys Phe Asn Gln Ile Trp Gly Tyr Leu  
 145 150 155 160  
 5  
 Ala Ala Gln Pro Ala Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val Met Phe Glu Ile  
 165 170 175  
 10  
 Ile Asn Glu Pro Val Leu Ser Tyr Ala Asn Gly Arg Trp Gly Gly His  
 180 185 190  
 15  
 Pro Ser Asp Pro Asp Phe Pro Ala Phe Trp Asp Ser Leu Arg Asn Phe  
 195 200 205  
 20  
 Gln Asn Ser Ile Ile Ser Thr Ile Arg Ser Gln Gly Ala Asp Asn Val  
 210 215 220  
 25  
 Ile Trp Ala Ala Gly Leu Gly Trp Asp Gln Tyr Tyr Gln Leu Cys Ala  
 225 230 235 240  
 30  
 Thr Arg Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Ile Gly Tyr Ala Val His  
 245 250 255  
 35  
 Trp Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala Lys Asp Asn Gly Ser Ile Leu Gln Gln  
 260 265 270  
 40  
 Gln Trp Asp Thr Asn Ile Lys Pro Cys Ala Asp Asn Tyr Pro Ile Asn  
 275 280 285  
 45  
 Ile Thr Glu Thr Thr Trp Phe Lys Arg Leu Pro Gly Asp Ser Glu Tyr  
 290 295 300  
 50  
 Trp Glu Leu Phe Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Lys Asn Thr Lys  
 305 310 315 320  
 55  
 Ala Ile Phe Thr Thr Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Val His Met Asn  
 325 330 335  
 Gly Phe Leu Leu Gln Pro Gly Pro Arg Ser Thr Phe Ala Asp Pro Thr  
 340 345 350  
 Ser Gly Leu Leu Phe Asp Gly Asp Pro Ala Arg Asp Gly Met Ala Arg  
 355 360 365

ES 2 757 053 T3

Phe Ile Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Leu His Pro Trp Asn  
 370 375 380

5  
 Gly Ile Trp Asn Gly Ile Ile Ser Gly Glu Thr Tyr Lys Ile Val Asn  
 385 390 395 400

10 Arg Ala Ser Gly Lys Val Ile Asp Val Pro Gly Gly Gln Asn Ser Asn  
 405 410 415

15 Ser Leu Gln Leu Gln Gln Trp Pro Asp Asn Asn Ala Thr Ala Gln Arg  
 420 425 430

20 Trp Val Ala Asp Asp Met Gly Ala Tyr Asn Asn Val Tyr Arg Leu Arg  
 435 440 445

25 Ser Val Ser Ser Ser Asp Gly Lys Val Met Asp Val Arg Asn Gly Ser  
 450 455 460

30 Ala Gln Arg Phe Arg Leu Ile Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Trp Ser Ile  
 485 490 495

35 Leu Asn Ala Asn Ser Asn Lys Ala Val Glu Val Ala Gly Gly Ser Ser  
 500 505 510

40 Ala Asp Gly Ala Lys Leu Gln Gln Asn Pro Tyr Arg Gly Asp Leu His  
 515 520 525

45 Gln Gln Trp Gln Leu Val Lys Val Asn  
 530 535

45  
 <210> 68  
 <211> 1719  
 <212> ADN  
 <213> Secuencia artificial

50  
 <220>  
 <223> Construcción de expresión

55  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1716)

ES 2 757 053 T3

```

<220>
<221> sig_peptide
<222> (1)..(81)
5
<220>
<221> mat_peptide
<222> (82)..(1716)
10 <400> 68

atg aag aaa ccg ttg ggg aaa att gtc gca agc acc gca cta ctc att
48
Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile
15      -25      -20      -15

tct gtt gct ttt agt tca tcg ata gca tca gca cat cat cat cac cat
96
Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His His His His His
20      -10      -5      -1 1      5

cat cct agg gca tgg tcg ggc atg ccg atg tcc aag ctt cgc gtc agc
144
His Pro Arg Ala Trp Ser Gly Met Pro Met Ser Lys Leu Arg Val Ser
25      10      15      20

ggc aat cag ctg gta aac agc gag ggg cag ccc gtt gtc ctc agc gga
192
Gly Asn Gln Leu Val Asn Ser Glu Gly Gln Pro Val Val Leu Ser Gly
30      25      30      35

tgg cac cag cct ggg ggc tcg tac tgg acg tat cag gga agc aac tac
240
Trp His Gln Pro Gly Gly Ser Tyr Trp Thr Tyr Gln Gly Ser Asn Tyr
35      40      45      50

tac ctg aac cgg aat gga gga aat cgc cat gct gcc att ttg gaa tat
288
Tyr Leu Asn Arg Asn Gly Gly Asn Arg His Ala Ala Ile Leu Glu Tyr
40      55      60      65

cta aag gat att acc gac aca ttc tcc gat acg tct ccg aag tac ggc
336
Leu Lys Asp Ile Thr Asp Thr Phe Ser Asp Thr Ser Pro Lys Tyr Gly
45      70      75      80      85

aac aat cac ggc tgg tat atg aat cag gtc agg ctc ttt atc gac cgc
384
Asn Asn His Gly Trp Tyr Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg
50      90      95      100

gaa gac atg ggc gac gtg gcg gcc gga acg tat aat ttt gcg ggc gtg
432
Glu Asp Met Gly Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Val
55      105      110      115

```

ES 2 757 053 T3

cag tcc ttt acg cag aat gtt gtc gtg cct tat atc cag tat gct aag  
 480  
 Gln Ser Phe Thr Gln Asn Val Val Val Pro Tyr Ile Gln Tyr Ala Lys  
 120 125 130  
 5  
 agc aag gga atc tac gtt acg cta ggc ctc gac ttc acg ctc cag gat  
 528  
 Ser Lys Gly Ile Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Gln Asp  
 135 140 145  
 10  
 aat cag gca acg acg caa gcc aat ctc gag aaa ttc aat caa atc tgg  
 576  
 Asn Gln Ala Thr Thr Gln Ala Asn Leu Glu Lys Phe Asn Gln Ile Trp  
 150 155 160 165  
 15  
 gga tat ctt gcg gca caa cct gcg atc aaa agc gcg gac aac gtc atg  
 624  
 Gly Tyr Leu Ala Ala Gln Pro Ala Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val Met  
 170 175 180  
 20  
 ttc gag att atc aat gag ccg gtg ctg tcc tat gcg aat gga cgc tgg  
 672  
 Phe Glu Ile Ile Asn Glu Pro Val Leu Ser Tyr Ala Asn Gly Arg Trp  
 185 190 195  
 25  
 gga gga cac ccg tct gat ccc gat ttt ccg gcg ttt tgg gac tcg ctt  
 720  
 Gly Gly His Pro Ser Asp Pro Asp Phe Pro Ala Phe Trp Asp Ser Leu  
 200 205 210  
 30  
 cgc aat ttt caa aat tcc atc att tcc acg atc cgc agt caa ggg gca  
 768  
 Arg Asn Phe Gln Asn Ser Ile Ile Ser Thr Ile Arg Ser Gln Gly Ala  
 215 220 225  
 35  
 gat aac gtg ata tgg gct gcc ggc ctt gga tgg gat caa tat tat cag  
 816  
 Asp Asn Val Ile Trp Ala Ala Gly Leu Gly Trp Asp Gln Tyr Tyr Gln  
 230 235 240 245  
 40  
 tta tgc gcc acg cgt ccg cta acc gat ccg ctg aac aac atc gga tat  
 864  
 Leu Cys Ala Thr Arg Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Ile Gly Tyr  
 250 255 260  
 45  
 gcc gtg cat tgg tac ccg ggc tac gga gca aag gat aac ggt tcg ata  
 912  
 Ala Val His Trp Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala Lys Asp Asn Gly Ser Ile  
 265 270 275  
 50  
 ctc cag cag cag tgg gat acc aac att aag cct tgc gcg gac aac tat  
 960  
 Leu Gln Gln Gln Trp Asp Thr Asn Ile Lys Pro Cys Ala Asp Asn Tyr  
 280 285 290  
 55  
 ccg atc aat att acg gaa acg acc tgg ttc aaa cgg ttg ccg gga gac  
 1008

ES 2 757 053 T3

Pro Ile Asn Ile Thr Glu Thr Thr Trp Phe Lys Arg Leu Pro Gly Asp  
 295 300 305

5 tcg gag tac tgg gag ctg ttc aac ggc tcg aac gaa ggc ttc ggc aaa  
 1056  
 Ser Glu Tyr Trp Glu Leu Phe Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Lys  
 310 315 320 325

10 aac acc aaa gcg ata ttt acg aca gcc ggg aac gtc agc atc gcg gtc  
 1104  
 Asn Thr Lys Ala Ile Phe Thr Thr Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Val  
 330 335 340

15 cac atg aac ggt ttt ctt ctg cag ccg ggg cca aga agc acg ttt gcc  
 1152  
 His Met Asn Gly Phe Leu Leu Gln Pro Gly Pro Arg Ser Thr Phe Ala  
 345 350 355

20 gat ccg acg tca ggt ctg ctc ttc gac ggc gat ccg gca cgg gac ggc  
 1200  
 Asp Pro Thr Ser Gly Leu Leu Phe Asp Gly Asp Pro Ala Arg Asp Gly  
 360 365 370

25 atg gcc cgc ttt atc ttc gaa tgg tat tac gaa cgt gcg cag ctt cat  
 1248  
 Met Ala Arg Phe Ile Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Leu His  
 375 380 385

30 cca tgg aac ggc ata tgg aat ggt att ata tcg gga gaa acc tat aaa  
 1296  
 Pro Trp Asn Gly Ile Trp Asn Gly Ile Ile Ser Gly Glu Thr Tyr Lys  
 390 395 400 405

35 atc gtg aac cgt gcc tca ggg aag gtg atc gac gtc ccg ggc gga caa  
 1344  
 Ile Val Asn Arg Ala Ser Gly Lys Val Ile Asp Val Pro Gly Gly Gln  
 410 415 420

40 aac agc aat tcg ctg cag ctg cag caa tgg ccg gac aat aac gcc acg  
 1392  
 Asn Ser Asn Ser Leu Gln Leu Gln Gln Trp Pro Asp Asn Asn Ala Thr  
 425 430 435

45 gcg cag cga tgg gtt gcg gac gat atg gga gca tac aac aat gta tac  
 1440  
 Ala Gln Arg Trp Val Ala Asp Asp Met Gly Ala Tyr Asn Asn Val Tyr  
 440 445 450

50 cgg ctt cgc agc gtc agt tcg agc gac ggc aag gtg atg gat gtt aga  
 1488  
 Arg Leu Arg Ser Val Ser Ser Ser Asp Gly Lys Val Met Asp Val Arg  
 455 460 465

55 aac ggt tct tca aac aac ggg gaa gca ata cag ctc atg cag gat tat  
 1536  
 Asn Gly Ser Ser Asn Asn Gly Glu Ala Ile Gln Leu Met Gln Asp Tyr  
 470 475 480 485

ES 2 757 053 T3

ggg aat caa gcg cag cga ttc cgt ctg atc aag ctc agc aac gga tac  
 1584  
 Gly Asn Gln Ala Gln Arg Phe Arg Leu Ile Lys Leu Ser Asn Gly Tyr  
 5 490 495 500

tgg agc atc ctt aac gcc aac agc aat aaa gcc gtc gaa gtg gcg ggt  
 1632  
 Trp Ser Ile Leu Asn Ala Asn Ser Asn Lys Ala Val Glu Val Ala Gly  
 10 505 510 515

ggt tcg tcc gca gac gga gcc aag ctc cag cag aat cct tat cga ggg  
 1680  
 Gly Ser Ser Ala Asp Gly Ala Lys Leu Gln Gln Asn Pro Tyr Arg Gly  
 15 520 525 530

gat ttg cat cag caa tgg cag ctg gtc aag gtg aat taa  
 1719  
 Asp Leu His Gln Gln Trp Gln Leu Val Lys Val Asn  
 20 535 540 545

<210> 69  
 <211> 572  
 25 <212> PRT  
 <213> Secuencia artificial

<220>  
 <223> Construcción sintética  
 30

<400> 69

Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile  
 35 -25 -20 -15

Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His His His His His  
 -10 -5 -1 1 5

40 His Pro Arg Ala Trp Ser Gly Met Pro Met Ser Lys Leu Arg Val Ser  
 10 15 20

45 Gly Asn Gln Leu Val Asn Ser Glu Gly Gln Pro Val Val Leu Ser Gly  
 25 30 35

50 Trp His Gln Pro Gly Gly Ser Tyr Trp Thr Tyr Gln Gly Ser Asn Tyr  
 40 45 50

Tyr Leu Asn Arg Asn Gly Gly Asn Arg His Ala Ala Ile Leu Glu Tyr  
 55 55 60 65

Leu Lys Asp Ile Thr Asp Thr Phe Ser Asp Thr Ser Pro Lys Tyr Gly



ES 2 757 053 T3

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

ES 2 757 053 T3

Ser Glu Tyr Trp Glu Leu Phe Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Lys  
 310 315 320 325  
 5  
 Asn Thr Lys Ala Ile Phe Thr Thr Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Val  
 330 335 340  
 10  
 His Met Asn Gly Phe Leu Leu Gln Pro Gly Pro Arg Ser Thr Phe Ala  
 345 350 355  
 15  
 Asp Pro Thr Ser Gly Leu Leu Phe Asp Gly Asp Pro Ala Arg Asp Gly  
 360 365 370  
 20  
 Met Ala Arg Phe Ile Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Leu His  
 375 380 385  
 25  
 Pro Trp Asn Gly Ile Trp Asn Gly Ile Ile Ser Gly Glu Thr Tyr Lys  
 390 395 400 405  
 30  
 Ile Val Asn Arg Ala Ser Gly Lys Val Ile Asp Val Pro Gly Gly Gln  
 410 415 420  
 35  
 Asn Ser Asn Ser Leu Gln Leu Gln Gln Trp Pro Asp Asn Asn Ala Thr  
 425 430 435  
 40  
 Ala Gln Arg Trp Val Ala Asp Asp Met Gly Ala Tyr Asn Asn Val Tyr  
 440 445 450  
 45  
 Arg Leu Arg Ser Val Ser Ser Ser Asp Gly Lys Val Met Asp Val Arg  
 455 460 465  
 50  
 Asn Gly Ser Ser Asn Asn Gly Glu Ala Ile Gln Leu Met Gln Asp Tyr  
 470 475 480 485  
 55  
 Gly Asn Gln Ala Gln Arg Phe Arg Leu Ile Lys Leu Ser Asn Gly Tyr  
 490 495 500  
 Trp Ser Ile Leu Asn Ala Asn Ser Asn Lys Ala Val Glu Val Ala Gly  
 505 510 515  
 Gly Ser Ser Ala Asp Gly Ala Lys Leu Gln Gln Asn Pro Tyr Arg Gly  
 520 525 530

ES 2 757 053 T3

Asp Leu His Gln Gln Trp Gln Leu Val Lys Val Asn  
535 540 545

5  
<210> 70  
<211> 545  
<212> PRT  
<213> Secuencia artificial

10  
<220>  
<223> Secuencia madura con etiqueta de polihistidina

15  
<220>  
<221> mat\_peptide  
<222> (1)..(545)  
<400> 70

20  
His His His His His His Pro Arg Ala Trp Ser Gly Met Pro Met Ser  
1 5 10 15

25  
Lys Leu Arg Val Ser Gly Asn Gln Leu Val Asn Ser Glu Gly Gln Pro  
20 25 30

30  
Val Val Leu Ser Gly Trp His Gln Pro Gly Gly Ser Tyr Trp Thr Tyr  
35 40 45

35  
Gln Gly Ser Asn Tyr Tyr Leu Asn Arg Asn Gly Gly Asn Arg His Ala  
50 55 60

40  
Ala Ile Leu Glu Tyr Leu Lys Asp Ile Thr Asp Thr Phe Ser Asp Thr  
65 70 75 80

45  
Ser Pro Lys Tyr Gly Asn Asn His Gly Trp Tyr Met Asn Gln Val Arg  
85 90 95

50  
Leu Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met Gly Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr  
100 105 110

55  
Asn Phe Ala Gly Val Gln Ser Phe Thr Gln Asn Val Val Val Pro Tyr  
115 120 125

Ile Gln Tyr Ala Lys Ser Lys Gly Ile Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp  
130 135 140

Phe Thr Leu Gln Asp Asn Gln Ala Thr Thr Gln Ala Asn Leu Glu Lys

ES 2 757 053 T3

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

ES 2 757 053 T3

5 Arg Ala Gln Leu His Pro Trp Asn Gly Ile Trp Asn Gly Ile Ile Ser  
 385 390 395 400  
 Gly Glu Thr Tyr Lys Ile Val Asn Arg Ala Ser Gly Lys Val Ile Asp  
 405 410 415  
 10 Val Pro Gly Gly Gln Asn Ser Asn Ser Leu Gln Leu Gln Gln Trp Pro  
 420 425 430  
 15 Asp Asn Asn Ala Thr Ala Gln Arg Trp Val Ala Asp Asp Met Gly Ala  
 435 440 445  
 20 Tyr Asn Asn Val Tyr Arg Leu Arg Ser Val Ser Ser Ser Asp Gly Lys  
 450 455 460  
 25 Val Met Asp Val Arg Asn Gly Ser Ser Asn Asn Gly Glu Ala Ile Gln  
 465 470 475 480  
 Leu Met Gln Asp Tyr Gly Asn Gln Ala Gln Arg Phe Arg Leu Ile Lys  
 485 490 495  
 30 Leu Ser Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Leu Asn Ala Asn Ser Asn Lys Ala  
 500 505 510  
 35 Val Glu Val Ala Gly Gly Ser Ser Ala Asp Gly Ala Lys Leu Gln Gln  
 515 520 525  
 40 Asn Pro Tyr Arg Gly Asp Leu His Gln Gln Trp Gln Leu Val Lys Val  
 530 535 540  
 45 Asn  
 545  
 <210> 71  
 <211> 1707  
 <212> ADN  
 50 <213> Paenibacillus sp-62250  
 <220>  
 <221> CDS  
 55 <222> (1)..(1704)  
 <220>

ES 2 757 053 T3

```

<221> sig_peptide
<222> (1)..(96)

<220>
5 <221> mat_peptide
  <222> (97)..(1704)

<400> 71

10  gtg aga aaa agg aag ttg aac tgg tcc atc aag ctg ctg gtt atg atg
    48
    Val Arg Lys Arg Lys Leu Asn Trp Ser Ile Lys Leu Leu Val Met Met
      -30          -25          -20

15  gcg ttg ctg ctg gtt cct atg cag acc ggc ggc ggt acc gca agt gcc
    96
    Ala Leu Leu Leu Val Pro Met Gln Thr Gly Gly Gly Thr Ala Ser Ala
      -15          -10          -5          -1

20  tgg gag gga act ccc gtg tcc aag ctc cat gtc agc ggc aac cag ctg
   144
    Trp Glu Gly Thr Pro Val Ser Lys Leu His Val Ser Gly Asn Gln Leu
     1          5          10          15

25  gtg aac ggc agc gga cag cct gta ctc ctc agc ggc tgg cat cag cct
   192
    Val Asn Gly Ser Gly Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp His Gln Pro
      20          25          30

30  acc gga gcc tac tgg acg tat cag aac agc aat tat tat ctg aac cgc
   240
    Thr Gly Ala Tyr Trp Thr Tyr Gln Asn Ser Asn Tyr Tyr Leu Asn Arg
      35          40          45

35  aac gca ggg aac cga cat aag gcc act ctg gag tac ctt aag gaa att
   288
    Asn Ala Gly Asn Arg His Lys Ala Thr Leu Glu Tyr Leu Lys Glu Ile
      50          55          60

40  acg gac acc ttc acc agc acc tcg ggc aaa tac ggc aac agc cat ggc
   336
    Thr Asp Thr Phe Thr Ser Thr Ser Gly Lys Tyr Gly Asn Ser His Gly
     65          70          75          80

45  tgg tac tcg aac cag gtc cgt ctg ttc atc gac cgg gag gat atg ggg
   384
    Trp Tyr Ser Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met Gly
      85          90          95

50  gat gtg gca gca gga acc tat aac ttc gcg ggt ctt cag gcg gct acc
   432
    Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Gln Ala Ala Thr
      100          105          110

55  cag aat gtg att atc cct tat gtc caa tat gcc aag acg aaa ggg ctg
   480
    Gln Asn Val Ile Ile Pro Tyr Val Gln Tyr Ala Lys Thr Lys Gly Leu

```

ES 2 757 053 T3

	115		120		125												
	tat	gtc	aca	ctg	ggg	ctg	gat	ttc	acc	ctg	ctg	gac	aac	aag	gcg	acc	
	528																
5	Tyr	Val	Thr	Leu	Gly	Leu	Asp	Phe	Thr	Leu	Leu	Asp	Asn	Lys	Ala	Thr	
	130						135					140					
	acc	cag	gcc	aat	ctg	gac	aag	ttc	aat	cag	atc	tgg	ggt	tac	ctg	gcc	
	576																
10	Thr	Gln	Ala	Asn	Leu	Asp	Lys	Phe	Asn	Gln	Ile	Trp	Gly	Tyr	Leu	Ala	
	145					150					155					160	
	tcc	cag	ccg	gcc	ctc	aag	agc	gcg	gat	aat	gtc	atg	ttc	gag	ctg	gtt	
	624																
15	Ser	Gln	Pro	Ala	Leu	Lys	Ser	Ala	Asp	Asn	Val	Met	Phe	Glu	Leu	Val	
					165					170					175		
	aac	gag	ccg	gtg	ctg	agc	gat	gtg	aac	gga	caa	tgg	ggc	ggt	aat	ccc	
	672																
20	Asn	Glu	Pro	Val	Leu	Ser	Asp	Val	Asn	Gly	Gln	Trp	Gly	Gly	Asn	Pro	
				180					185					190			
	tct	cag	cct	aac	ttc	gcg	gcg	ttc	tgg	aat	tct	ctg	aaa	aac	ttc	cag	
	720																
25	Ser	Gln	Pro	Asn	Phe	Ala	Ala	Phe	Trp	Asn	Ser	Leu	Lys	Asn	Phe	Gln	
			195					200					205				
	aac	tct	atg	atc	tcc	acg	atc	cgc	agc	aag	ggc	gcg	gat	aat	gtg	atc	
	768																
30	Asn	Ser	Met	Ile	Ser	Thr	Ile	Arg	Ser	Lys	Gly	Ala	Asp	Asn	Val	Ile	
	210						215					220					
	tgg	gct	gcg	gga	ctc	gga	tgg	gat	cag	cat	tac	cag	ctg	acc	gca	tcg	
	816																
35	Trp	Ala	Ala	Gly	Leu	Gly	Trp	Asp	Gln	His	Tyr	Gln	Leu	Thr	Ala	Ser	
	225					230					235					240	
	aat	ccg	ctt	acg	gac	cct	ctg	aac	aac	tac	ggc	tat	gcc	gta	cac	tgg	
	864																
40	Asn	Pro	Leu	Thr	Asp	Pro	Leu	Asn	Asn	Tyr	Gly	Tyr	Ala	Val	His	Trp	
					245					250					255		
	tat	ccg	ggc	tac	ggc	gcg	tat	gac	aat	ttc	aat	tcg	ctt	cag	cag	atc	
	912																
45	Tyr	Pro	Gly	Tyr	Gly	Ala	Tyr	Asp	Asn	Phe	Asn	Ser	Leu	Gln	Gln	Ile	
				260					265					270			
	tgg	gat	agc	agc	atc	aag	cct	gct	gcc	gat	aag	tac	ccg	atc	aat	att	
	960																
50	Trp	Asp	Ser	Ser	Ile	Lys	Pro	Ala	Ala	Asp	Lys	Tyr	Pro	Ile	Asn	Ile	
			275					280					285				
	acc	gag	acg	acc	tgg	ttc	aaa	aga	cag	ccg	gga	gac	tcc	gaa	tat	tgg	
	1008																
55	Thr	Glu	Thr	Thr	Trp	Phe	Lys	Arg	Gln	Pro	Gly	Asp	Ser	Glu	Tyr	Trp	
	290						295					300					

ES 2 757 053 T3

gat ctg ttc aac ggt acg aac gca ggc ttc ggc aag aac acc aaa gcg  
 1056  
 Asp Leu Phe Asn Gly Thr Asn Ala Gly Phe Gly Lys Asn Thr Lys Ala  
 305 310 315 320  
 5  
 atc ttt acc gca gcc ggt aat gtc agc att gcc gtc cat atg aac ggc  
 1104  
 Ile Phe Thr Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Val His Met Asn Gly  
 325 330 335  
 10  
 ttc ctg ctg gac ccc ggt ccc aaa agc tcc ttc gca gac cct gac ggc  
 1152  
 Phe Leu Leu Asp Pro Gly Pro Lys Ser Ser Phe Ala Asp Pro Asp Gly  
 340 345 350  
 15  
 gga ctg atg tat gac ggc aat gcc acc cgg gac gga atg gcg cgg ttt  
 1200  
 Gly Leu Met Tyr Asp Gly Asn Ala Thr Arg Asp Gly Met Ala Arg Phe  
 355 360 365  
 20  
 atc ttc gaa tgg tac tat gag cgg gcg cag ttc aat ccc tgg aac ggc  
 1248  
 Ile Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Phe Asn Pro Trp Asn Gly  
 370 375 380  
 25  
 gta tgg aac ggg gta acc aac aat gcg aag tat aag ctg atc aac cgg  
 1296  
 Val Trp Asn Gly Val Thr Asn Asn Ala Lys Tyr Lys Leu Ile Asn Arg  
 385 390 395 400  
 30  
 gcg tca ggc aaa gcg att gac gtt ccg aac ggg cag aat acg aac tcc  
 1344  
 Ala Ser Gly Lys Ala Ile Asp Val Pro Asn Gly Gln Asn Thr Asn Ser  
 405 410 415  
 35  
 ctt cag ctt cag caa tgg ccg gag aac act gcg gct gcc cag caa tgg  
 1392  
 Leu Gln Leu Gln Gln Trp Pro Glu Asn Thr Ala Ala Ala Gln Gln Trp  
 420 425 430  
 40  
 aca gct acc gat atg ggc acc tac aat aac gtg tac cgg ctg cgc agt  
 1440  
 Thr Ala Thr Asp Met Gly Thr Tyr Asn Asn Val Tyr Arg Leu Arg Ser  
 435 440 445  
 45  
 gtg aac tct tcg gac aac aaa gta atg gat gtg cga aac gga acg aag  
 1488  
 Val Asn Ser Ser Asp Asn Lys Val Met Asp Val Arg Asn Gly Thr Lys  
 450 455 460  
 50  
 aat aac ggc gaa gcc atc cag ctc atg cag gat ttg aac aac act gcc  
 1536  
 Asn Asn Gly Glu Ala Ile Gln Leu Met Gln Asp Leu Asn Asn Thr Ala  
 465 470 475 480  
 55  
 cag cag ttc aga ctg att aag ctg agt aac ggg tac tgg agc att ctc  
 1584



ES 2 757 053 T3

Gln Gln Phe Arg Leu Ile Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Leu  
485 490 495

5 aac gtg aac agc aac aga gcc gtt gaa gtc aca gga gcc tcc aca gcc  
1632

Asn Val Asn Ser Asn Arg Ala Val Glu Val Thr Gly Ala Ser Thr Ala  
500 505 510

10 gac ggt gcg aag ctg cag cag aac cag tac cgc ggc gat ctg cac cag  
1680

Asp Gly Ala Lys Leu Gln Gln Asn Gln Tyr Arg Gly Asp Leu His Gln  
515 520 525

15 caa tgg aag ctg gtt cag gtg aat taa  
1707

Gln Trp Lys Leu Val Gln Val Asn  
530 535

20 <210> 72  
<211> 568  
<212> PRT  
<213> Paenibacillus sp-62250

25 <400> 72

Val Arg Lys Arg Lys Leu Asn Trp Ser Ile Lys Leu Leu Val Met Met  
-30 -25 -20

30 Ala Leu Leu Leu Val Pro Met Gln Thr Gly Gly Gly Thr Ala Ser Ala  
-15 -10 -5 -1

35 Trp Glu Gly Thr Pro Val Ser Lys Leu His Val Ser Gly Asn Gln Leu  
1 5 10 15

40 Val Asn Gly Ser Gly Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp His Gln Pro  
20 25 30

45 Thr Gly Ala Tyr Trp Thr Tyr Gln Asn Ser Asn Tyr Tyr Leu Asn Arg  
35 40 45

50 Asn Ala Gly Asn Arg His Lys Ala Thr Leu Glu Tyr Leu Lys Glu Ile  
50 55 60

55 Thr Asp Thr Phe Thr Ser Thr Ser Gly Lys Tyr Gly Asn Ser His Gly  
65 70 75 80

Trp Tyr Ser Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met Gly  
85 90 95

ES 2 757 053 T3

Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Gln Ala Ala Thr  
 100 105 110  
 5  
 Gln Asn Val Ile Ile Pro Tyr Val Gln Tyr Ala Lys Thr Lys Gly Leu  
 115 120 125  
 10  
 Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Leu Asp Asn Lys Ala Thr  
 130 135 140  
 15  
 Thr Gln Ala Asn Leu Asp Lys Phe Asn Gln Ile Trp Gly Tyr Leu Ala  
 145 150 155 160  
 20  
 Ser Gln Pro Ala Leu Lys Ser Ala Asp Asn Val Met Phe Glu Leu Val  
 165 170 175  
 25  
 Asn Glu Pro Val Leu Ser Asp Val Asn Gly Gln Trp Gly Gly Asn Pro  
 180 185 190  
 30  
 Ser Gln Pro Asn Phe Ala Ala Phe Trp Asn Ser Leu Lys Asn Phe Gln  
 195 200 205  
 35  
 Asn Ser Met Ile Ser Thr Ile Arg Ser Lys Gly Ala Asp Asn Val Ile  
 210 215 220  
 40  
 Trp Ala Ala Gly Leu Gly Trp Asp Gln His Tyr Gln Leu Thr Ala Ser  
 225 230 235 240  
 45  
 Asn Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Tyr Gly Tyr Ala Val His Trp  
 245 250 255  
 50  
 Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala Tyr Asp Asn Phe Asn Ser Leu Gln Gln Ile  
 260 265 270  
 55  
 Trp Asp Ser Ser Ile Lys Pro Ala Ala Asp Lys Tyr Pro Ile Asn Ile  
 275 280 285  
 60  
 Thr Glu Thr Thr Trp Phe Lys Arg Gln Pro Gly Asp Ser Glu Tyr Trp  
 290 295 300  
 65  
 Asp Leu Phe Asn Gly Thr Asn Ala Gly Phe Gly Lys Asn Thr Lys Ala  
 305 310 315 320

ES 2 757 053 T3

Ile Phe Thr Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Val His Met Asn Gly  
 325 330 335

5 Phe Leu Leu Asp Pro Gly Pro Lys Ser Ser Phe Ala Asp Pro Asp Gly  
 340 345 350

10 Gly Leu Met Tyr Asp Gly Asn Ala Thr Arg Asp Gly Met Ala Arg Phe  
 355 360 365

15 Ile Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Phe Asn Pro Trp Asn Gly  
 370 375 380

20 Val Trp Asn Gly Val Thr Asn Asn Ala Lys Tyr Lys Leu Ile Asn Arg  
 385 390 395 400

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

25 Leu Gln Leu Gln Gln Trp Pro Glu Asn Thr Ala Ala Ala Gln Gln Trp  
 420 425 430

30 Thr Ala Thr Asp Met Gly Thr Tyr Asn Asn Val Tyr Arg Leu Arg Ser  
 435 440 445

35 Val Asn Ser Ser Asp Asn Lys Val Met Asp Val Arg Asn Gly Thr Lys  
 450 455 460

40 Asn Asn Gly Glu Ala Ile Gln Leu Met Gln Asp Leu Asn Asn Thr Ala  
 465 470 475 480

Gln Gln Phe Arg Leu Ile Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Leu  
 485 490 495

45 Asn Val Asn Ser Asn Arg Ala Val Glu Val Thr Gly Ala Ser Thr Ala  
 500 505 510

50 Asp Gly Ala Lys Leu Gln Gln Asn Gln Tyr Arg Gly Asp Leu His Gln  
 515 520 525

55 Gln Trp Lys Leu Val Gln Val Asn  
 530 535

<210> 73

ES 2 757 053 T3

<211> 536  
 <212> PRT  
 <213> Paenibacillus sp-62250

5

<220>  
 <221> mat\_peptide  
 <222> (1)..(536)

10 <400> 73

Trp Glu Gly Thr Pro Val Ser Lys Leu His Val Ser Gly Asn Gln Leu  
 1 5 10 15

15

Val Asn Gly Ser Gly Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp His Gln Pro  
 20 25 30

20

Thr Gly Ala Tyr Trp Thr Tyr Gln Asn Ser Asn Tyr Tyr Leu Asn Arg  
 35 40 45

25

Asn Ala Gly Asn Arg His Lys Ala Thr Leu Glu Tyr Leu Lys Glu Ile  
 50 55 60

30

Thr Asp Thr Phe Thr Ser Thr Ser Gly Lys Tyr Gly Asn Ser His Gly  
 65 70 75 80

35

Trp Tyr Ser Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met Gly  
 85 90 95

40

Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Gln Ala Ala Thr  
 100 105 110

45

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

50

Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Leu Asp Asn Lys Ala Thr  
 130 135 140

55

Thr Gln Ala Asn Leu Asp Lys Phe Asn Gln Ile Trp Gly Tyr Leu Ala  
 145 150 155 160

Ser Gln Pro Ala Leu Lys Ser Ala Asp Asn Val Met Phe Glu Leu Val  
 165 170 175

Asn Glu Pro Val Leu Ser Asp Val Asn Gly Gln Trp Gly Gly Asn Pro  
 180 185 190

ES 2 757 053 T3

Ser Gln Pro Asn Phe Ala Ala Phe Trp Asn Ser Leu Lys Asn Phe Gln  
 195 200 205  
 5

Asn Ser Met Ile Ser Thr Ile Arg Ser Lys Gly Ala Asp Asn Val Ile  
 210 215 220

10

Trp Ala Ala Gly Leu Gly Trp Asp Gln His Tyr Gln Leu Thr Ala Ser  
 225 230 235 240

15

Asn Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Tyr Gly Tyr Ala Val His Trp  
 245 250 255

20

Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala Tyr Asp Asn Phe Asn Ser Leu Gln Gln Ile  
 260 265 270

25

Trp Asp Ser Ser Ile Lys Pro Ala Ala Asp Lys Tyr Pro Ile Asn Ile  
 275 280 285

30

Thr Glu Thr Thr Trp Phe Lys Arg Gln Pro Gly Asp Ser Glu Tyr Trp  
 290 295 300

35

Asp Leu Phe Asn Gly Thr Asn Ala Gly Phe Gly Lys Asn Thr Lys Ala  
 305 310 315 320

40

Ile Phe Thr Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Val His Met Asn Gly  
 325 330 335

45

Phe Leu Leu Asp Pro Gly Pro Lys Ser Ser Phe Ala Asp Pro Asp Gly  
 340 345 350

Gly Leu Met Tyr Asp Gly Asn Ala Thr Arg Asp Gly Met Ala Arg Phe  
 355 360 365

50

Ile Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Phe Asn Pro Trp Asn Gly  
 370 375 380

55

Val Trp Asn Gly Val Thr Asn Asn Ala Lys Tyr Lys Leu Ile Asn Arg  
 385 390 395 400

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

ES 2 757 053 T3

Leu Gln Leu Gln Gln Trp Pro Glu Asn Thr Ala Ala Ala Gln Gln Trp  
420 425 430

5 Thr Ala Thr Asp Met Gly Thr Tyr Asn Asn Val Tyr Arg Leu Arg Ser  
435 440 445

10 Val Asn Ser Ser Asp Asn Lys Val Met Asp Val Arg Asn Gly Thr Lys  
450 455 460

15 Asn Asn Gly Glu Ala Ile Gln Leu Met Gln Asp Leu Asn Asn Thr Ala  
465 470 475 480

Gln Gln Phe Arg Leu Ile Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Leu  
485 490 495

20 Asn Val Asn Ser Asn Arg Ala Val Glu Val Thr Gly Ala Ser Thr Ala  
500 505 510

25 Asp Gly Ala Lys Leu Gln Gln Asn Gln Tyr Arg Gly Asp Leu His Gln  
515 520 525

30 Gln Trp Lys Leu Val Gln Val Asn  
530 535

35 <210> 74  
<211> 1716  
<212> ADN  
<213> Secuencia artificial

<220>  
40 <223> Construcción de expresión

<220>  
45 <221> CDS  
<222> (1)..(1713)

<220>  
<221> sig\_peptide  
<222> (1)..(81)

50 <220>  
<221> mat\_peptide  
<222> (82)..(1713)

55 <400> 74



ES 2 757 053 T3

Lys Ala Thr Thr Gln Ala Asn Leu Asp Lys Phe Asn Gln Ile Trp Gly  
 150 155 160 165  
 5 tac ctg gcc tcc cag ccg gcc ctc aag agc gcg gat aat gtc atg ttc  
 624  
 Tyr Leu Ala Ser Gln Pro Ala Leu Lys Ser Ala Asp Asn Val Met Phe  
 170 175 180  
 10 gag ctg gtt aac gag ccg gtg ctg agc gat gtg aac gga caa tgg ggc  
 672  
 Glu Leu Val Asn Glu Pro Val Leu Ser Asp Val Asn Gly Gln Trp Gly  
 185 190 195  
 15 ggt aat ccc tct cag cct aac ttc gcg gcg ttc tgg aat tct ctg aaa  
 720  
 Gly Asn Pro Ser Gln Pro Asn Phe Ala Ala Phe Trp Asn Ser Leu Lys  
 200 205 210  
 20 aac ttc cag aac tct atg atc tcc acg atc cgc agc aag ggc gcg gat  
 768  
 Asn Phe Gln Asn Ser Met Ile Ser Thr Ile Arg Ser Lys Gly Ala Asp  
 215 220 225  
 25 aat gtg atc tgg gct gcg gga ctc gga tgg gat cag cat tac cag ctg  
 816  
 Asn Val Ile Trp Ala Ala Gly Leu Gly Trp Asp Gln His Tyr Gln Leu  
 230 235 240 245  
 30 acc gca tcg aat ccg ctt acg gac cct ctg aac aac tac ggc tat gcc  
 864  
 Thr Ala Ser Asn Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Tyr Gly Tyr Ala  
 250 255 260  
 35 gta cac tgg tat ccg ggc tac ggc gcg tat gac aat ttc aat tcg ctt  
 912  
 Val His Trp Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala Tyr Asp Asn Phe Asn Ser Leu  
 265 270 275  
 40 cag cag atc tgg gat agc agc atc aag cct gct gcc gat aag tac ccg  
 960  
 Gln Gln Ile Trp Asp Ser Ser Ile Lys Pro Ala Ala Asp Lys Tyr Pro  
 280 285 290  
 45 atc aat att acc gag acg acc tgg ttc aaa aga cag ccg gga gac tcc  
 1008  
 Ile Asn Ile Thr Glu Thr Thr Trp Phe Lys Arg Gln Pro Gly Asp Ser  
 295 300 305  
 50 gaa tat tgg gat ctg ttc aac ggt acg aac gca ggc ttc ggc aag aac  
 1056  
 Glu Tyr Trp Asp Leu Phe Asn Gly Thr Asn Ala Gly Phe Gly Lys Asn  
 310 315 320 325  
 55 acc aaa gcg atc ttt acc gca gcc ggt aat gtc agc att gcc gtc cat  
 1104  
 Thr Lys Ala Ile Phe Thr Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Val His  
 330 335 340



ES 2 757 053 T3

atg aac ggc ttc ctg ctg gac ccc ggt ccc aaa agc tcc ttc gca gac  
 1152  
 5 Met Asn Gly Phe Leu Leu Asp Pro Gly Pro Lys Ser Ser Phe Ala Asp  
 345 350 355  
  
 cct gac ggc gga ctg atg tat gac ggc aat gcc acc cgg gac gga atg  
 1200  
 10 Pro Asp Gly Gly Leu Met Tyr Asp Gly Asn Ala Thr Arg Asp Gly Met  
 360 365 370  
  
 gcg cgg ttt atc ttc gaa tgg tac tat gag cgg gcg cag ttc aat ccc  
 1248  
 15 Ala Arg Phe Ile Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Phe Asn Pro  
 375 380 385  
  
 tgg aac ggc gta tgg aac ggg gta acc aac aat gcg aag tat aag ctg  
 1296  
 20 Trp Asn Gly Val Trp Asn Gly Val Thr Asn Asn Ala Lys Tyr Lys Leu  
 390 395 400 405  
  
 atc aac cgg gcg tca ggc aaa gcg att gac gtt ccg aac ggg cag aat  
 1344  
 25 Ile Asn Arg Ala Ser Gly Lys Ala Ile Asp Val Pro Asn Gly Gln Asn  
 410 415 420  
  
 acg aac tcc ctt cag ctt cag caa tgg ccg gag aac act gcg gct gcc  
 1392  
 30 Thr Asn Ser Leu Gln Leu Gln Gln Trp Pro Glu Asn Thr Ala Ala Ala  
 425 430 435  
  
 cag caa tgg aca gct acc gat atg ggc acc tac aat aac gtg tac cgg  
 1440  
 35 Gln Gln Trp Thr Ala Thr Asp Met Gly Thr Tyr Asn Asn Val Tyr Arg  
 440 445 450  
  
 ctg cgc agt gtg aac tct tcg gac aac aaa gta atg gat gtg cga aac  
 1488  
 40 Leu Arg Ser Val Asn Ser Ser Asp Asn Lys Val Met Asp Val Arg Asn  
 455 460 465  
  
 gga acg aag aat aac ggc gaa gcc atc cag ctc atg cag gat ttg aac  
 1536  
 45 Gly Thr Lys Asn Asn Gly Glu Ala Ile Gln Leu Met Gln Asp Leu Asn  
 470 475 480 485  
  
 aac act gcc cag cag ttc aga ctg att aag ctg agt aac ggg tac tgg  
 1584  
 50 Asn Thr Ala Gln Gln Phe Arg Leu Ile Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Trp  
 490 495 500  
  
 agc att ctc aac gtg aac agc aac aga gcc gtt gaa gtc aca gga gcc  
 1632  
 55 Ser Ile Leu Asn Val Asn Ser Asn Arg Ala Val Glu Val Thr Gly Ala  
 505 510 515

ES 2 757 053 T3

tcc aca gcc gac ggt gcg aag ctg cag cag aac cag tac cgc ggc gat  
1680  
Ser Thr Ala Asp Gly Ala Lys Leu Gln Gln Asn Gln Tyr Arg Gly Asp  
520 525 530

5  
ctg cac cag caa tgg aag ctg gtt cag gtg aat taa  
1716  
Leu His Gln Gln Trp Lys Leu Val Gln Val Asn  
535 540

10  
<210> 75  
<211> 571  
<212> PRT  
15 <213> Secuencia artificial  
<220>  
<223> Construcción sintética

20 <400> 75  
Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile  
-25 -20 -15

25  
Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His His His His His  
-10 -5 -1 1 5

30  
His Pro Arg Trp Glu Gly Thr Pro Val Ser Lys Leu His Val Ser Gly  
10 15 20

35  
Asn Gln Leu Val Asn Gly Ser Gly Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp  
25 30 35

40  
His Gln Pro Thr Gly Ala Tyr Trp Thr Tyr Gln Asn Ser Asn Tyr Tyr  
40 45 50

45  
Leu Asn Arg Asn Ala Gly Asn Arg His Lys Ala Thr Leu Glu Tyr Leu  
55 60 65

50  
Lys Glu Ile Thr Asp Thr Phe Thr Ser Thr Ser Gly Lys Tyr Gly Asn  
70 75 80 85

50  
Ser His Gly Trp Tyr Ser Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu  
90 95 100

55  
Asp Met Gly Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Gln  
105 110 115

ES 2 757 053 T3

Ala Ala Thr Gln Asn Val Ile Ile Pro Tyr Val Gln Tyr Ala Lys Thr  
120 125 130

5 Lys Gly Leu Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Leu Asp Asn  
135 140 145

10 Lys Ala Thr Thr Gln Ala Asn Leu Asp Lys Phe Asn Gln Ile Trp Gly  
150 155 160 165

15 Tyr Leu Ala Ser Gln Pro Ala Leu Lys Ser Ala Asp Asn Val Met Phe  
170 175 180

20 Glu Leu Val Asn Glu Pro Val Leu Ser Asp Val Asn Gly Gln Trp Gly  
185 190 195

Gly Asn Pro Ser Gln Pro Asn Phe Ala Ala Phe Trp Asn Ser Leu Lys  
200 205 210

25 Asn Phe Gln Asn Ser Met Ile Ser Thr Ile Arg Ser Lys Gly Ala Asp  
215 220 225

30 Asn Val Ile Trp Ala Ala Gly Leu Gly Trp Asp Gln His Tyr Gln Leu  
230 235 240 245

35 Thr Ala Ser Asn Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Tyr Gly Tyr Ala  
250 255 260

40 Val His Trp Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala Tyr Asp Asn Phe Asn Ser Leu  
265 270 275

Gln Gln Ile Trp Asp Ser Ser Ile Lys Pro Ala Ala Asp Lys Tyr Pro  
280 285 290

45 Ile Asn Ile Thr Glu Thr Thr Trp Phe Lys Arg Gln Pro Gly Asp Ser  
295 300 305

50 Glu Tyr Trp Asp Leu Phe Asn Gly Thr Asn Ala Gly Phe Gly Lys Asn  
310 315 320 325

55 Thr Lys Ala Ile Phe Thr Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Val His  
330 335 340

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

ES 2 757 053 T3

			345					350						355			
5	Pro	Asp	Gly 360	Gly	Leu	Met	Tyr	Asp 365	Gly	Asn	Ala	Thr	Arg 370	Asp	Gly	Met	
10	Ala	Arg 375	Phe	Ile	Phe	Glu	Trp 380	Tyr	Tyr	Glu	Arg	Ala 385	Gln	Phe	Asn	Pro	
15	Trp 390	Asn	Gly	Val	Trp	Asn 395	Gly	Val	Thr	Asn	Asn 400	Ala	Lys	Tyr	Lys	Leu 405	
20	Ile	Asn	Arg	Ala	Ser 410	Gly	Lys	Ala	Ile	Asp 415	Val	Pro	Asn	Gly	Gln 420	Asn	
25	Thr	Asn	Ser	Leu 425	Gln	Leu	Gln	Gln	Trp 430	Pro	Glu	Asn	Thr	Ala 435	Ala	Ala	
30	Gln	Gln	Trp 440	Thr	Ala	Thr	Asp	Met 445	Gly	Thr	Tyr	Asn	Asn 450	Val	Tyr	Arg	
35	Leu	Arg 455	Ser	Val	Asn	Ser	Ser 460	Asp	Asn	Lys	Val	Met 465	Asp	Val	Arg	Asn	
40	Gly 470	Thr	Lys	Asn	Asn	Gly 475	Glu	Ala	Ile	Gln	Leu 480	Met	Gln	Asp	Leu	Asn 485	
45	Asn	Thr	Ala	Gln	Gln	Phe	Arg	Leu	Ile	Lys 495	Leu	Ser	Asn	Gly	Tyr	Trp 500	
50	Ser	Ile	Leu	Asn 505	Val	Asn	Ser	Asn	Arg 510	Ala	Val	Glu	Val	Thr 515	Gly	Ala	
55	Ser	Thr	Ala 520	Asp	Gly	Ala	Lys	Leu 525	Gln	Gln	Asn	Gln	Tyr 530	Arg	Gly	Asp	
	Leu	His 535	Gln	Gln	Trp	Lys	Leu 540	Val	Gln	Val	Asn						
	<210>	76															
	<211>	544															
	<212>	PRT															
	<213>	Secuencia artificial															
	<220>																

ES 2 757 053 T3

<223> Secuencia madura con etiqueta de polihistidina

<220>

5 <221> mat\_peptide

<222> (1)..(544)

<400> 76

10 His His His His His His Pro Arg Trp Glu Gly Thr Pro Val Ser Lys  
 1 5 10 15

15 Leu His Val Ser Gly Asn Gln Leu Val Asn Gly Ser Gly Gln Pro Val  
 20 25 30

20 Leu Leu Ser Gly Trp His Gln Pro Thr Gly Ala Tyr Trp Thr Tyr Gln  
 35 40 45

25 Asn Ser Asn Tyr Tyr Leu Asn Arg Asn Ala Gly Asn Arg His Lys Ala  
 50 55 60

30 Thr Leu Glu Tyr Leu Lys Glu Ile Thr Asp Thr Phe Thr Ser Thr Ser  
 65 70 75 80

35 Gly Lys Tyr Gly Asn Ser His Gly Trp Tyr Ser Asn Gln Val Arg Leu  
 85 90 95

40 Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met Gly Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn  
 100 105 110

45 Phe Ala Gly Leu Gln Ala Ala Thr Gln Asn Val Ile Ile Pro Tyr Val  
 115 120 125

50 Gln Tyr Ala Lys Thr Lys Gly Leu Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe  
 130 135 140

55 Thr Leu Leu Asp Asn Lys Ala Thr Thr Gln Ala Asn Leu Asp Lys Phe  
 145 150 155 160

60 Asn Gln Ile Trp Gly Tyr Leu Ala Ser Gln Pro Ala Leu Lys Ser Ala  
 165 170 175

65 Asp Asn Val Met Phe Glu Leu Val Asn Glu Pro Val Leu Ser Asp Val  
 180 185 190

ES 2 757 053 T3

Asn Gly Gln Trp Gly Gly Asn Pro Ser Gln Pro Asn Phe Ala Ala Phe  
 195 200 205

5 Trp Asn Ser Leu Lys Asn Phe Gln Asn Ser Met Ile Ser Thr Ile Arg  
 210 215 220

10 Ser Lys Gly Ala Asp Asn Val Ile Trp Ala Ala Gly Leu Gly Trp Asp  
 225 230 235 240

15 Gln His Tyr Gln Leu Thr Ala Ser Asn Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn  
 245 250 255

20 Asn Tyr Gly Tyr Ala Val His Trp Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala Tyr Asp  
 260 265 270

25 Asn Phe Asn Ser Leu Gln Gln Ile Trp Asp Ser Ser Ile Lys Pro Ala  
 275 280 285

30 Ala Asp Lys Tyr Pro Ile Asn Ile Thr Glu Thr Thr Trp Phe Lys Arg  
 290 300

35 Gln Pro Gly Asp Ser Glu Tyr Trp Asp Leu Phe Asn Gly Thr Asn Ala  
 305 310 315 320

40 Gly Phe Gly Lys Asn Thr Lys Ala Ile Phe Thr Ala Ala Gly Asn Val  
 325 330 335

45 Ser Ile Ala Val His Met Asn Gly Phe Leu Leu Asp Pro Gly Pro Lys  
 340 345 350

50 Ser Ser Phe Ala Asp Pro Asp Gly Gly Leu Met Tyr Asp Gly Asn Ala  
 355 360 365

55 Thr Arg Asp Gly Met Ala Arg Phe Ile Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg  
 370 375 380

Ala Gln Phe Asn Pro Trp Asn Gly Val Trp Asn Gly Val Thr Asn Asn  
 385 390 395 400

Ala Lys Tyr Lys Leu Ile Asn Arg Ala Ser Gly Lys Ala Ile Asp Val  
 405 410 415

Pro Asn Gly Gln Asn Thr Asn Ser Leu Gln Leu Gln Gln Trp Pro Glu



ES 2 757 053 T3

gta atc ccg acg ctc atg aac agc cac cgc gcg gat gca tgg aac gga  
96  
Val Ile Pro Thr Leu Met Asn Ser His Arg Ala Asp Ala Trp Asn Gly  
-10 -5 -1 1  
5  
atg ccc atg tcc aag ctc cat gtg agc ggc aac cag ctg gtg aac agc  
144  
Met Pro Met Ser Lys Leu His Val Ser Gly Asn Gln Leu Val Asn Ser  
5 10 15  
10  
agc ggg cag ccc gtc ctg cta agc ggt tgg cat cag ccc tcg ggc tcc  
192  
Ser Gly Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp His Gln Pro Ser Gly Ser  
20 25 30 35  
15  
tat tgg acc tac cag tcc agc agc tac tat ctg gac cgg aac gga ggg  
240  
Tyr Trp Thr Tyr Gln Ser Ser Ser Tyr Tyr Leu Asp Arg Asn Gly Gly  
40 45 50  
20  
aac cgg cat gcg gca att ctg gac tat ttg aag gtt atc acc gat acc  
288  
Asn Arg His Ala Ala Ile Leu Asp Tyr Leu Lys Val Ile Thr Asp Thr  
55 60 65  
25  
ttt acc ggt acc tct gcc aag tac ggc agc agc cac ggc tgg tat atg  
336  
Phe Thr Gly Thr Ser Ala Lys Tyr Gly Ser Ser His Gly Trp Tyr Met  
70 75 80  
30  
aat cag gtc cgg ctg ttt atc gac cgg gag gat atg ggc gac gta gcc  
384  
Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met Gly Asp Val Ala  
85 90 95  
35  
gcc ggg acg tat aat ttt gcc ggt ttg cag agc gtt acg cag gac gtc  
432  
Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Gln Ser Val Thr Gln Asp Val  
100 105 110 115  
40  
atc att ccg tat att gcc tat gcc aag acc aag ggc ctg tat gtc acg  
480  
Ile Ile Pro Tyr Ile Ala Tyr Ala Lys Thr Lys Gly Leu Tyr Val Thr  
120 125 130  
45  
ctg ggt ctc gat ttt acc ctt tca aac aac cag gca acc acc cca tcc  
528  
Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Ser Asn Asn Gln Ala Thr Thr Pro Ser  
135 140 145  
50  
aat ctg aac aag ttc aac gaa atc tgg ggt tac ctt gcc tcc caa ccg  
576  
Asn Leu Asn Lys Phe Asn Glu Ile Trp Gly Tyr Leu Ala Ser Gln Pro  
150 155 160  
55  
gcg atc aag agc gcg gac aac gtg atg ttc gaa ctg atc aat gaa ccg  
624



ES 2 757 053 T3

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

5 gtc ctg tcc gat gtc aac ggg caa tgg ggc gga aat ccc tct caa ccc  
 672

Val Leu Ser Asp Val Asn Gly Gln Trp Gly Gly Asn Pro Ser Gln Pro  
 180 185 190 195

10 aat ttc gct gac tac tgg aac tcc ctt aaa aaa ttt caa aac tcc atc  
 720

Asn Phe Ala Asp Tyr Trp Asn Ser Leu Lys Lys Phe Gln Asn Ser Ile  
 200 205 210

15 ata tcc acg ata cgc agt aaa ggt gcc gac aac gtg ata tgg gcc gcg  
 768

Ile Ser Thr Ile Arg Ser Lys Gly Ala Asp Asn Val Ile Trp Ala Ala  
 215 220 225

20 ggg ctt ggc tgg gat caa tac tac cag ctc tgt gca tcc agt ccg ctg  
 816

Gly Leu Gly Trp Asp Gln Tyr Tyr Gln Leu Cys Ala Ser Ser Pro Leu  
 230 235 240

25 acg gat ccc ttg aac aat atc ggg tat tcc gtt cac tgg tac cca ggg  
 864

Thr Asp Pro Leu Asn Asn Ile Gly Tyr Ser Val His Trp Tyr Pro Gly  
 245 250 255

30 tac ggt gcc cat gac gat tat gcg act ctg cag cag cag tgg gat acg  
 912

Tyr Gly Ala His Asp Asp Tyr Ala Thr Leu Gln Gln Gln Trp Asp Thr  
 260 265 270 275

35 aat att aag ccc tgc gcc gat cat tat ccc atc aac att acg gag acc  
 960

Asn Ile Lys Pro Cys Ala Asp His Tyr Pro Ile Asn Ile Thr Glu Thr  
 280 285 290

40 acc tgg ttc aag aca cag ccc ggg gat tct tcc tac tgg gag ctg ttc  
 1008

Thr Trp Phe Lys Thr Gln Pro Gly Asp Ser Ser Tyr Trp Glu Leu Phe  
 295 300 305

45 aac ggg tcc aat gaa ggt ttc ggg aaa aac acg aag gct att ttc aca  
 1056

Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Lys Asn Thr Lys Ala Ile Phe Thr  
 310 315 320

50 gcg gct ggc aat gtc agc atg acc gcg cat atg aac gga ttt ttg ctg  
 1104

Ala Ala Gly Asn Val Ser Met Thr Ala His Met Asn Gly Phe Leu Leu  
 325 330 335

55 gag ccc ggc aca aga agt tct ttc gcc gat cca acc gca ggc ctc aaa  
 1152

Glu Pro Gly Thr Arg Ser Ser Phe Ala Asp Pro Thr Ala Gly Leu Lys  
 340 345 350 355

ES 2 757 053 T3

tat gac ggc aat acc gca cgg gac ggc atg gcc cgt ttc ctc ttc gaa  
 1200  
 Tyr Asp Gly Asn Thr Ala Arg Asp Gly Met Ala Arg Phe Leu Phe Glu  
 5 360 365 370

tgg tat tac gaa cgc gcg cag ttg aac cct tgg aac ggt ata tgg aac  
 1248  
 Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Leu Asn Pro Trp Asn Gly Ile Trp Asn  
 10 375 380 385

gga gtc ctg tcc ggc tcg acg tat aag atc gtg aac cgc gca tcg ggt  
 1296  
 Gly Val Leu Ser Gly Ser Thr Tyr Lys Ile Val Asn Arg Ala Ser Gly  
 15 390 395 400

aaa gcg att gac gtg ccg ggc ggt cag aat acc aac ggg ctg cag ctt  
 1344  
 Lys Ala Ile Asp Val Pro Gly Gly Gln Asn Thr Asn Gly Leu Gln Leu  
 20 405 410 415

cag cag tgg tca gac aac aat gca aca gcc cag caa tgg gtt gct gat  
 1392  
 Gln Gln Trp Ser Asp Asn Asn Ala Thr Ala Gln Gln Trp Val Ala Asp  
 25 420 425 430 435

gat ctg ggg act tac aac aac gtg tac agg ctg cga agc gtc agc tcg  
 1440  
 Asp Leu Gly Thr Tyr Asn Asn Val Tyr Arg Leu Arg Ser Val Ser Ser  
 30 440 445 450

gcc gac caa aaa gtc atg gat atc cga aac gga acg aaa aac aac ggc  
 1488  
 Ala Asp Gln Lys Val Met Asp Ile Arg Asn Gly Thr Lys Asn Asn Gly  
 35 455 460 465

gaa gcg gtc caa ctc atg cag gac ttg gga aat acc gca cag cag ttc  
 1536  
 Glu Ala Val Gln Leu Met Gln Asp Leu Gly Asn Thr Ala Gln Gln Phe  
 40 470 475 480

aga ttg atc aaa ctg agc aac ggt tac tgg agc atc ctc aat gta aac  
 1584  
 Arg Leu Ile Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Leu Asn Val Asn  
 45 485 490 495

agc aac aag gcc gtc gag gtt gcc gga gcc tcc tca gcg gac gga gcg  
 1632  
 Ser Asn Lys Ala Val Glu Val Ala Gly Ala Ser Ser Ala Asp Gly Ala  
 50 500 505 510 515

aag ctt cag caa aat ctc tac cgg ggt gat ctg aac cag caa tgg cag  
 1680  
 Lys Leu Gln Gln Asn Leu Tyr Arg Gly Asp Leu Asn Gln Gln Trp Gln  
 55 520 525 530

ES 2 757 053 T3

ctg gtg aaa atc aat tag  
1698

Leu Val Lys Ile Asn  
535

5

<210> 78

<211> 565

<212> PRT

10 <213> Paenibacillus favisporus

<400> 78

15 Val Lys Lys Met Arg Trp Thr Ile Lys Leu Leu Leu Ala Leu Leu Leu  
-25 -20 -15

20 Val Ile Pro Thr Leu Met Asn Ser His Arg Ala Asp Ala Trp Asn Gly  
-10 -5 -1 1

25 Met Pro Met Ser Lys Leu His Val Ser Gly Asn Gln Leu Val Asn Ser  
5 10 15

30 Ser Gly Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp His Gln Pro Ser Gly Ser  
20 25 30 35

35 Tyr Trp Thr Tyr Gln Ser Ser Ser Tyr Tyr Leu Asp Arg Asn Gly Gly  
40 45 50

40 Asn Arg His Ala Ala Ile Leu Asp Tyr Leu Lys Val Ile Thr Asp Thr  
55 60 65

45 Phe Thr Gly Thr Ser Ala Lys Tyr Gly Ser Ser His Gly Trp Tyr Met  
70 75 80

50 Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met Gly Asp Val Ala  
85 90 95

55 Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Gln Ser Val Thr Gln Asp Val  
100 105 110 115

60 Ile Ile Pro Tyr Ile Ala Tyr Ala Lys Thr Lys Gly Leu Tyr Val Thr  
120 125 130

65 Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Ser Asn Asn Gln Ala Thr Thr Pro Ser  
135 140 145

ES 2 757 053 T3

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



ES 2 757 053 T3

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

ES 2 757 053 T3

Ser Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Ile Gly Tyr Ser Val His Trp  
 245 250 255  
 5  
 Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala His Asp Asp Tyr Ala Thr Leu Gln Gln Gln  
 260 265 270  
 10 Trp Asp Thr Asn Ile Lys Pro Cys Ala Asp His Tyr Pro Ile Asn Ile  
 275 280 285  
 15 Thr Glu Thr Thr Trp Phe Lys Thr Gln Pro Gly Asp Ser Ser Tyr Trp  
 290 295 300  
 20 Glu Leu Phe Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Lys Asn Thr Lys Ala  
 305 310 315 320  
 25 Ile Phe Thr Ala Ala Gly Asn Val Ser Met Thr Ala His Met Asn Gly  
 325 330 335  
 30 Phe Leu Leu Glu Pro Gly Thr Arg Ser Ser Phe Ala Asp Pro Thr Ala  
 340 345 350  
 35 Gly Leu Lys Tyr Asp Gly Asn Thr Ala Arg Asp Gly Met Ala Arg Phe  
 355 360 365  
 40 Leu Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Leu Asn Pro Trp Asn Gly  
 370 375 380  
 45 Ile Trp Asn Gly Val Leu Ser Gly Ser Thr Tyr Lys Ile Val Asn Arg  
 385 390 395 400  
 50 Ala Ser Gly Lys Ala Ile Asp Val Pro Gly Gly Gln Asn Thr Asn Gly  
 405 410 415  
 55 Leu Gln Leu Gln Gln Trp Ser Asp Asn Asn Ala Thr Ala Gln Gln Trp  
 420 425 430  
 Val Ala Asp Asp Leu Gly Thr Tyr Asn Asn Val Tyr Arg Leu Arg Ser  
 435 440 445  
 Val Ser Ser Ala Asp Gln Lys Val Met Asp Ile Arg Asn Gly Thr Lys  
 450 455 460

ES 2 757 053 T3

Asn Asn Gly Glu Ala Val Gln Leu Met Gln Asp Leu Gly Asn Thr Ala  
 465 470 475 480

5 Gln Gln Phe Arg Leu Ile Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Leu  
 485 490 495

10 Asn Val Asn Ser Asn Lys Ala Val Glu Val Ala Gly Ala Ser Ser Ala  
 500 505 510

15 Asp Gly Ala Lys Leu Gln Gln Asn Leu Tyr Arg Gly Asp Leu Asn Gln  
 515 520 525

Gln Trp Gln Leu Val Lys Ile Asn  
 530 535

20  
 <210> 80  
 <211> 1716  
 <212> ADN  
 <213> Secuencia artificial

25  
 <220>  
 <223> Construcción de expresión

30  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1713)

35  
 <220>  
 <221> sig\_peptide  
 <222> (1)..(81)

40  
 <220>  
 <221> mat\_peptide  
 <222> (82)..(1713)

<400> 80

45 atg aag aaa ccg ttg ggg aaa att gtc gca agc acc gca cta ctc att  
 48  
 Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile  
 -25 -20 -15

50 tct gtt gct ttt agt tca tcg ata gca tca gca cat cat cat cac cat  
 96  
 Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His His His His His  
 -10 -5 -1 1 5

55 cat cct agg tgg aat ggc atg ccg atg tca aaa ctg cat gtt tca ggc  
 144  
 His Pro Arg Trp Asn Gly Met Pro Met Ser Lys Leu His Val Ser Gly  
 10 15 20



ES 2 757 053 T3

aat caa ctg gtt aat tca tca ggc caa ccg gtt ctg ctg tca ggc tgg  
 192  
 5 Asn Gln Leu Val Asn Ser Ser Gly Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp  
 25 30 35  
  
 cat caa ccg tca ggc tca tat tgg aca tat caa tca tca agc tat tat  
 240  
 10 His Gln Pro Ser Gly Ser Tyr Trp Thr Tyr Gln Ser Ser Ser Tyr Tyr  
 40 45 50  
  
 ctg gat cgc aat ggc gga aat aga cat gca gca att ctg gat tat ctg  
 288  
 15 Leu Asp Arg Asn Gly Gly Asn Arg His Ala Ala Ile Leu Asp Tyr Leu  
 55 60 65  
  
 aaa gtc atc aca gat aca ttt aca ggc aca agc gca aaa tat ggc tca  
 336  
 20 Lys Val Ile Thr Asp Thr Phe Thr Gly Thr Ser Ala Lys Tyr Gly Ser  
 70 75 80 85  
  
 tca cat ggc tgg tat atg aat caa gtc cgc ctg ttt att gat cgc gaa  
 384  
 25 Ser His Gly Trp Tyr Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu  
 90 95 100  
  
 gat atg gga gat gtt gca gca ggc aca tat aac ttt gca ggc ctt caa  
 432  
 30 Asp Met Gly Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Gln  
 105 110 115  
  
 tca gtt aca cag gat gtt att att ccg tat atc gcg tat gcg aaa acg  
 480  
 35 Ser Val Thr Gln Asp Val Ile Ile Pro Tyr Ile Ala Tyr Ala Lys Thr  
 120 125 130  
  
 aaa ggc ctg tat gtt aca ctg ggc ctg gat ttt aca ctt agc aat aat  
 528  
 40 Lys Gly Leu Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Ser Asn Asn  
 135 140 145  
  
 caa gca aca aca ccg agc aac ctg aac aaa ttt aac gaa att tgg ggc  
 576  
 45 Gln Ala Thr Thr Pro Ser Asn Leu Asn Lys Phe Asn Glu Ile Trp Gly  
 150 155 160 165  
  
 tat ctg gca tca caa ccg gca att aaa tca gca gat aac gtc atg ttt  
 624  
 50 Tyr Leu Ala Ser Gln Pro Ala Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val Met Phe  
 170 175 180  
  
 gaa ctg att aat gaa ccg gtc ctg tca gat gtt aat ggc caa tgg gga  
 672  
 55 Glu Leu Ile Asn Glu Pro Val Leu Ser Asp Val Asn Gly Gln Trp Gly  
 185 190 195

ES 2 757 053 T3

ggc aat ccg tca caa ccg aat ttt gca gat tat tgg aac agc ctg aaa  
 720  
 Gly Asn Pro Ser Gln Pro Asn Phe Ala Asp Tyr Trp Asn Ser Leu Lys  
 200 205 210  
 5  
 aaa ttt cag aac agc atc att agc acg att aga tca aaa ggc gca gat  
 768  
 Lys Phe Gln Asn Ser Ile Ile Ser Thr Ile Arg Ser Lys Gly Ala Asp  
 215 220 225  
 10  
 aat gtt att tgg gca gca ggc ctg ggc tgg gat caa tat tat caa ctg  
 816  
 Asn Val Ile Trp Ala Ala Gly Leu Gly Trp Asp Gln Tyr Tyr Gln Leu  
 230 235 240 245  
 15  
 tgc gca tca tca ccg ctg aca gat ccg ctg aat aac att ggc tat tca  
 864  
 Cys Ala Ser Ser Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Ile Gly Tyr Ser  
 250 255 260  
 20  
 gtt cat tgg tat ccg gga tat ggc gca cat gat gat tat gca aca ctg  
 912  
 Val His Trp Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala His Asp Asp Tyr Ala Thr Leu  
 265 270 275  
 25  
 caa caa caa tgg gac aca aac att aaa ccg tgc gca gat cat tat ccg  
 960  
 Gln Gln Gln Trp Asp Thr Asn Ile Lys Pro Cys Ala Asp His Tyr Pro  
 280 285 290  
 30  
 atc aac att aca gaa acg acg tgg ttt aaa aca caa cct ggc gat tca  
 1008  
 Ile Asn Ile Thr Glu Thr Thr Trp Phe Lys Thr Gln Pro Gly Asp Ser  
 295 300 305  
 35  
 tca tac tgg gaa ctg ttt aat ggc agc aat gaa ggc ttt ggc aaa aac  
 1056  
 Ser Tyr Trp Glu Leu Phe Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Lys Asn  
 310 315 320 325  
 40  
 aca aaa gcg att ttt aca gcg gca ggc aat gtt tca atg aca gca cat  
 1104  
 Thr Lys Ala Ile Phe Thr Ala Ala Gly Asn Val Ser Met Thr Ala His  
 330 335 340  
 45  
 atg aat ggc ttt ctg ctg gaa ccg gga aca aga tca tca ttt gca gat  
 1152  
 Met Asn Gly Phe Leu Leu Glu Pro Gly Thr Arg Ser Ser Phe Ala Asp  
 345 350 355  
 50  
 ccg aca gca gga ctg aaa tat gat ggc aat aca gca aga gat ggc atg  
 1200  
 Pro Thr Ala Gly Leu Lys Tyr Asp Gly Asn Thr Ala Arg Asp Gly Met  
 360 365 370  
 55  
 gca aga ttt ctg ttt gaa tgg tat tat gaa cgc gca caa ctg aat ccg  
 1248

ES 2 757 053 T3

Ala Arg Phe Leu Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Leu Asn Pro  
 375 380 385

5 tgg aat gga att tgg aat ggc gtt ctt tca ggc agc aca tac aaa att  
 1296  
 Trp Asn Gly Ile Trp Asn Gly Val Leu Ser Gly Ser Thr Tyr Lys Ile  
 390 395 400 405

10 gtt aat aga gca agc ggc aaa gcg att gat gtt cct ggc gga caa aat  
 1344  
 Val Asn Arg Ala Ser Gly Lys Ala Ile Asp Val Pro Gly Gly Gln Asn  
 410 415 420

15 aca aat ggc ctg caa ctt caa cag tgg tca gat aat aat gca aca gca  
 1392  
 Thr Asn Gly Leu Gln Leu Gln Gln Trp Ser Asp Asn Asn Ala Thr Ala  
 425 430 435

20 caa cag tgg gtt gca gat gat ctg gga aca tat aac aat gtt tat aga  
 1440  
 Gln Gln Trp Val Ala Asp Asp Leu Gly Thr Tyr Asn Asn Val Tyr Arg  
 440 445 450

25 ctg aga agc gtc agc tca gca gat caa aaa gtt atg gat att cgc aac  
 1488  
 Leu Arg Ser Val Ser Ser Ala Asp Gln Lys Val Met Asp Ile Arg Asn  
 455 460 465

30 ggc aca aaa aac aat ggc gaa gca gtt caa ctg atg caa gat ctg ggc  
 1536  
 Gly Thr Lys Asn Asn Gly Glu Ala Val Gln Leu Met Gln Asp Leu Gly  
 470 475 480 485

35 aac aca gcg caa caa ttt aga ctg att aaa ctg agc aat ggc tat tgg  
 1584  
 Asn Thr Ala Gln Gln Phe Arg Leu Ile Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Trp  
 490 495 500

40 agc att ctg aat gtc aat agc aat aaa gca gtc gaa gtc gca ggc gca  
 1632  
 Ser Ile Leu Asn Val Asn Ser Asn Lys Ala Val Glu Val Ala Gly Ala  
 505 510 515

45 tca agc gca gat ggc gca aaa ctt cag caa aat ctg tat aga ggc gat  
 1680  
 Ser Ser Ala Asp Gly Ala Lys Leu Gln Gln Asn Leu Tyr Arg Gly Asp  
 520 525 530

50 ctg aat caa caa tgg caa ctg gtc aaa atc aac taa  
 1716  
 Leu Asn Gln Gln Trp Gln Leu Val Lys Ile Asn  
 535 540

55 <210> 81  
 <211> 571  
 <212> PRT

ES 2 757 053 T3

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Construcción sintética

5

<400> 81

Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile  
 -25 -20 -15

10

Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His His His His His  
 -10 -5 -1 1 5

15

His Pro Arg Trp Asn Gly Met Pro Met Ser Lys Leu His Val Ser Gly  
 10 15 20

20

Asn Gln Leu Val Asn Ser Ser Gly Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp  
 25 30 35

25

His Gln Pro Ser Gly Ser Tyr Trp Thr Tyr Gln Ser Ser Ser Tyr Tyr  
 40 45 50

30

Leu Asp Arg Asn Gly Gly Asn Arg His Ala Ala Ile Leu Asp Tyr Leu  
 55 60 65

35

Lys Val Ile Thr Asp Thr Phe Thr Gly Thr Ser Ala Lys Tyr Gly Ser  
 70 75 80 85

40

Ser His Gly Trp Tyr Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu  
 90 95 100

45

Asp Met Gly Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Gln  
 105 110 115

50

Ser Val Thr Gln Asp Val Ile Ile Pro Tyr Ile Ala Tyr Ala Lys Thr  
 120 125 130

Lys Gly Leu Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Ser Asn Asn  
 135 140 145

55

Gln Ala Thr Thr Pro Ser Asn Leu Asn Lys Phe Asn Glu Ile Trp Gly  
 150 155 160 165

Tyr Leu Ala Ser Gln Pro Ala Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val Met Phe  
 170 175 180

ES 2 757 053 T3

5 Glu Leu Ile Asn Glu Pro Val Leu Ser Asp Val Asn Gly Gln Trp Gly  
 185 190 195  
 Gly Asn Pro Ser Gln Pro Asn Phe Ala Asp Tyr Trp Asn Ser Leu Lys  
 200 205 210  
 10 Lys Phe Gln Asn Ser Ile Ile Ser Thr Ile Arg Ser Lys Gly Ala Asp  
 215 220 225  
 15 Asn Val Ile Trp Ala Ala Gly Leu Gly Trp Asp Gln Tyr Tyr Gln Leu  
 230 235 240 245  
 20 Cys Ala Ser Ser Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Ile Gly Tyr Ser  
 250 255 260  
 25 Val His Trp Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala His Asp Asp Tyr Ala Thr Leu  
 265 270 275  
 30 Gln Gln Gln Trp Asp Thr Asn Ile Lys Pro Cys Ala Asp His Tyr Pro  
 280 285 290  
 Ile Asn Ile Thr Glu Thr Thr Trp Phe Lys Thr Gln Pro Gly Asp Ser  
 295 300 305  
 35 Ser Tyr Trp Glu Leu Phe Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Lys Asn  
 310 315 320 325  
 40 Thr Lys Ala Ile Phe Thr Ala Ala Gly Asn Val Ser Met Thr Ala His  
 330 335 340  
 45 Met Asn Gly Phe Leu Leu Glu Pro Gly Thr Arg Ser Ser Phe Ala Asp  
 345 350 355  
 Pro Thr Ala Gly Leu Lys Tyr Asp Gly Asn Thr Ala Arg Asp Gly Met  
 360 365 370  
 50 Ala Arg Phe Leu Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Leu Asn Pro  
 375 380 385  
 55 Trp Asn Gly Ile Trp Asn Gly Val Leu Ser Gly Ser Thr Tyr Lys Ile  
 390 395 400 405

ES 2 757 053 T3

Val Asn Arg Ala Ser Gly Lys Ala Ile Asp Val Pro Gly Gly Gln Asn  
 410 415 420

5 Thr Asn Gly Leu Gln Leu Gln Gln Trp Ser Asp Asn Asn Ala Thr Ala  
 425 430 435

10 Gln Gln Trp Val Ala Asp Asp Leu Gly Thr Tyr Asn Asn Val Tyr Arg  
 440 445 450

15 Leu Arg Ser Val Ser Ser Ala Asp Gln Lys Val Met Asp Ile Arg Asn  
 455 460 465

20 Gly Thr Lys Asn Asn Gly Glu Ala Val Gln Leu Met Gln Asp Leu Gly  
 470 475 480 485

Asn Thr Ala Gln Gln Phe Arg Leu Ile Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Trp  
 490 495 500

25 Ser Ile Leu Asn Val Asn Ser Asn Lys Ala Val Glu Val Ala Gly Ala  
 505 510 515

30 Ser Ser Ala Asp Gly Ala Lys Leu Gln Gln Asn Leu Tyr Arg Gly Asp  
 520 525 530

35 Leu Asn Gln Gln Trp Gln Leu Val Lys Ile Asn  
 535 540

<210> 82  
 <211> 544  
 40 <212> PRT  
 <213> Secuencia artificial

<220>  
 <223> Secuencia madura con etiqueta de polihistidina

45 <220>  
 <221> mat\_peptide  
 <222> (1)..(544)

50 <400> 82

His His His His His His Pro Arg Trp Asn Gly Met Pro Met Ser Lys  
 1 5 10 15

55 Leu His Val Ser Gly Asn Gln Leu Val Asn Ser Ser Gly Gln Pro Val

ES 2 757 053 T3

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

ES 2 757 053 T3

5 Asn Ile Gly Tyr Ser Val His Trp Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala His Asp  
 260 265 270  
 Asp Tyr Ala Thr Leu Gln Gln Gln Trp Asp Thr Asn Ile Lys Pro Cys  
 275 280 285  
 10 Ala Asp His Tyr Pro Ile Asn Ile Thr Glu Thr Thr Trp Phe Lys Thr  
 290 295 300  
 15 Gln Pro Gly Asp Ser Ser Tyr Trp Glu Leu Phe Asn Gly Ser Asn Glu  
 305 310 315 320  
 20 Gly Phe Gly Lys Asn Thr Lys Ala Ile Phe Thr Ala Ala Gly Asn Val  
 325 330 335  
 25 Ser Met Thr Ala His Met Asn Gly Phe Leu Leu Glu Pro Gly Thr Arg  
 340 345 350  
 30 Ser Ser Phe Ala Asp Pro Thr Ala Gly Leu Lys Tyr Asp Gly Asn Thr  
 355 360 365  
 35 Ala Arg Asp Gly Met Ala Arg Phe Leu Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg  
 370 375 380  
 40 Ser Thr Tyr Lys Ile Val Asn Arg Ala Ser Gly Lys Ala Ile Asp Val  
 405 410 415  
 45 Pro Gly Gly Gln Asn Thr Asn Gly Leu Gln Leu Gln Gln Trp Ser Asp  
 420 425 430  
 50 Asn Asn Ala Thr Ala Gln Gln Trp Val Ala Asp Asp Leu Gly Thr Tyr  
 435 440 445  
 55 Asn Asn Val Tyr Arg Leu Arg Ser Val Ser Ser Ala Asp Gln Lys Val  
 450 455 460  
 Met Asp Ile Arg Asn Gly Thr Lys Asn Asn Gly Glu Ala Val Gln Leu  
 465 470 475 480



ES 2 757 053 T3

Met Gln Asp Leu Gly Asn Thr Ala Gln Gln Phe Arg Leu Ile Lys Leu  
485 490 495

5 Ser Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Leu Asn Val Asn Ser Asn Lys Ala Val  
500 505 510

10 Glu Val Ala Gly Ala Ser Ser Ala Asp Gly Ala Lys Leu Gln Gln Asn  
515 520 525

15 Leu Tyr Arg Gly Asp Leu Asn Gln Gln Trp Gln Leu Val Lys Ile Asn  
530 535 540

<210> 83  
<211> 1701  
20 <212> ADN  
<213> Paenibacillus tundra

<220>  
25 <221> CDS  
<222> (1)..(1698)

<220>  
30 <221> sig\_peptide  
<222> (1)..(93)

<220>  
<221> mat\_peptide  
<222> (94)..(1698)

35 <400> 83

atg ttg aag aag atg ttg aat tac tgt aaa ttt atg ctc att ctg gct  
48

40 Met Leu Lys Lys Met Leu Asn Tyr Cys Lys Phe Met Leu Ile Leu Ala  
-30 -25 -20

ttg ctg ctg tcc atc acg cca ctc gga tcg ggt cgc gcg gac gcg tgg  
96

45 Leu Leu Leu Ser Ile Thr Pro Leu Gly Ser Gly Arg Ala Asp Ala Trp  
-15 -10 -5 -1 1

gtt ggc atg cct atg ggc aag ctt cac gtc agt ggg aaa aat cta gtg  
144

50 Val Gly Met Pro Met Gly Lys Leu His Val Ser Gly Lys Asn Leu Val  
5 10 15

aac agc agt aac caa ccc gtc gta atg agt ggc tgg cat cag ccc tca  
192

55 Asn Ser Ser Asn Gln Pro Val Val Met Ser Gly Trp His Gln Pro Ser  
20 25 30

ES 2 757 053 T3

gga gcc tac tgg acc tac cag aac agc aac tat tat ctc act cga aac  
 240  
 Gly Ala Tyr Trp Thr Tyr Gln Asn Ser Asn Tyr Tyr Leu Thr Arg Asn  
 35 40 45  
 5  
 ggc aac aac cgc cat gcc gct aca ttg gct tat ctg aaa gac att acc  
 288  
 Gly Asn Asn Arg His Ala Ala Thr Leu Ala Tyr Leu Lys Asp Ile Thr  
 50 55 60 65  
 10  
 gat aca ttt aca agt aca agt cct aaa tac gga agc agc cac ggc tgg  
 336  
 Asp Thr Phe Thr Ser Thr Ser Pro Lys Tyr Gly Ser Ser His Gly Trp  
 70 75 80  
 15  
 aat atg aat cag att cgt ctg ttc att gac cgc gag gac atg gga gac  
 384  
 Asn Met Asn Gln Ile Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met Gly Asp  
 85 90 95  
 20  
 gta gca gca ggc act tat aat ttt gct ggt ata caa act gta acg cag  
 432  
 Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Ile Gln Thr Val Thr Gln  
 100 105 110  
 25  
 aac gtc att atc cct tat atc caa tat gca aaa acg aaa ggc gtc tat  
 480  
 Asn Val Ile Ile Pro Tyr Ile Gln Tyr Ala Lys Thr Lys Gly Val Tyr  
 115 120 125  
 30  
 gtt aca ctc gga ctt gac ttc aca ttg aag gat gat caa gct acg acc  
 528  
 Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Lys Asp Asp Gln Ala Thr Thr  
 130 135 140 145  
 35  
 gca gcc aat ctg caa aag ttc aat caa atc tgg ggt tat ctc gct tct  
 576  
 Ala Ala Asn Leu Gln Lys Phe Asn Gln Ile Trp Gly Tyr Leu Ala Ser  
 150 155 160  
 40  
 cgc ccg gaa att aaa agc gca gac aac gta cac ttt gag cta atc aat  
 624  
 Arg Pro Glu Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val His Phe Glu Leu Ile Asn  
 165 170 175  
 45  
 gag ccg gtt aaa tcg tat gct aac gga cat tgg ggc ggc tac aac ggc  
 672  
 Glu Pro Val Lys Ser Tyr Ala Asn Gly His Trp Gly Gly Tyr Asn Gly  
 180 185 190  
 50  
 gag aac gac ttt gtg gat cac tgg aat gat ctg cgc aat ttc cag aac  
 720  
 Glu Asn Asp Phe Val Asp His Trp Asn Asp Leu Arg Asn Phe Gln Asn  
 195 200 205  
 55  
 tcc atc atc tca acc atc cgc agc caa ggc gcg gat aat gtt atc tgg  
 768

ES 2 757 053 T3

Ser Ile Ile Ser Thr Ile Arg Ser Gln Gly Ala Asp Asn Val Ile Trp  
 210 215 220 225  
 5 gcc gct ggt ttg ggg tac aac caa ttc tat agt ctg aca gca agc cat  
 816  
 Ala Ala Gly Leu Gly Tyr Asn Gln Phe Tyr Ser Leu Thr Ala Ser His  
 230 235 240  
 10 ccc tta aca gac cct ttg aac aat tac ggt tat gcc gtt cac tgg tat  
 864  
 Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Tyr Gly Tyr Ala Val His Trp Tyr  
 245 250 255  
 15 ccg ggg tac gga gcg cat gac aac atg tcg att ctg caa gat cag tgg  
 912  
 Pro Gly Tyr Gly Ala His Asp Asn Met Ser Ile Leu Gln Asp Gln Trp  
 260 265 270  
 20 aat acg aat gtg aag gct gcg gct gat aaa tat ccg att aac atc acc  
 960  
 Asn Thr Asn Val Lys Ala Ala Ala Asp Lys Tyr Pro Ile Asn Ile Thr  
 275 280 285  
 25 gaa gtc acg tgg ttc aaa acg aag ccg ggc gat tcc gaa tac tgg aat  
 1008  
 Glu Val Thr Trp Phe Lys Thr Lys Pro Gly Asp Ser Glu Tyr Trp Asn  
 290 295 300 305  
 30 ctg ttc aac ggc agt aat gaa ggt ttt ggc aac aat acg aag acc att  
 1056  
 Leu Phe Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Asn Asn Thr Lys Thr Ile  
 310 315 320  
 35 ttc aac gcg gca ggc aat gtc agc att gca gca cat atg aac ggc ttc  
 1104  
 Phe Asn Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Ala His Met Asn Gly Phe  
 325 330 335  
 40 att ttg gat gcc ggg gaa cga agc tcc ttt gcc gat ccg acg gca ggc  
 1152  
 Ile Leu Asp Ala Gly Glu Arg Ser Ser Phe Ala Asp Pro Thr Ala Gly  
 340 345 350  
 45 ctg aaa tgg gac ggt gat gct tca cgg agc gcg atg gga cgt ttt ctg  
 1200  
 Leu Lys Trp Asp Gly Asp Ala Ser Arg Ser Ala Met Gly Arg Phe Leu  
 355 360 365  
 50 ttc gat tgg ttc tat gaa cgc gca cag tct tac ccg aac ggt ggc act  
 1248  
 Phe Asp Trp Phe Tyr Glu Arg Ala Gln Ser Tyr Pro Asn Gly Gly Thr  
 370 375 380 385  
 55 cca tca acg gga ttg acg ccg ggg gca acc tac aag atc gtg gct aga  
 1296  
 Pro Ser Thr Gly Leu Thr Pro Gly Ala Thr Tyr Lys Ile Val Ala Arg  
 390 395 400

ES 2 757 053 T3

cat tcg ggc aaa gtt ata gat gta ccg ggt ggg gta aat gag agc aat  
 1344  
 5 His Ser Gly Lys Val Ile Asp Val Pro Gly Gly Val Asn Glu Ser Asn  
 405 410 415  
  
 ttg cag ctt cag caa tgg tct gat ctg ggc ggc aat cct caa aag tgg  
 1392  
 10 Leu Gln Leu Gln Gln Trp Ser Asp Leu Gly Gly Asn Pro Gln Lys Trp  
 420 425 430  
  
 gtc ctg acc cag att gct agt gga att tac agt ttg acg agt gta aat  
 1440  
 15 Val Leu Thr Gln Ile Ala Ser Gly Ile Tyr Ser Leu Thr Ser Val Asn  
 435 440 445  
  
 tcg ccc gat aag gtc atc gac att cgt aat ggg aca agt aac aac gga  
 1488  
 20 Ser Pro Asp Lys Val Ile Asp Ile Arg Asn Gly Thr Ser Asn Asn Gly  
 450 455 460 465  
  
 gag gca gta caa ctc atg agc aat ttg aat acc acc gcg cag cat ttt  
 1536  
 25 Glu Ala Val Gln Leu Met Ser Asn Leu Asn Thr Thr Ala Gln His Phe  
 470 475 480  
  
 aaa atc aac gat ctg ggc aat ggc tat tgg agt att ata aac gtc aac  
 1584  
 30 Lys Ile Asn Asp Leu Gly Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Ile Asn Val Asn  
 485 490 495  
  
 agc aat aag gcc ata gag gtc gca ggc tcc tca acg gca gac ggt gcc  
 1632  
 35 Ser Asn Lys Ala Ile Glu Val Ala Gly Ser Ser Thr Ala Asp Gly Ala  
 500 505 510  
  
 aaa tta cag caa aac ggt ttt aca aac gca acc aat cag caa tgg aaa  
 1680  
 40 Lys Leu Gln Gln Asn Gly Phe Thr Asn Ala Thr Asn Gln Gln Trp Lys  
 515 520 525  
  
 ttt gtc gca gtt aac aat taa  
 1701  
 45 Phe Val Ala Val Asn Asn  
 530 535  
  
 <210> 84  
 <211> 566  
 50 <212> PRT  
 <213> Paenibacillus tundra  
  
 <400> 84  
  
 55 Met Leu Lys Lys Met Leu Asn Tyr Cys Lys Phe Met Leu Ile Leu Ala  
 -30 -25 -20

ES 2 757 053 T3

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

ES 2 757 053 T3

Ser Ile Ile Ser Thr Ile Arg Ser Gln Gly Ala Asp Asn Val Ile Trp  
 210 215 220 225  
 5 Ala Ala Gly Leu Gly Tyr Asn Gln Phe Tyr Ser Leu Thr Ala Ser His  
 230 235 240  
 10 Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Tyr Gly Tyr Ala Val His Trp Tyr  
 245 250 255  
 15 Pro Gly Tyr Gly Ala His Asp Asn Met Ser Ile Leu Gln Asp Gln Trp  
 260 265  
 20 Asn Thr Asn Val Lys Ala Ala Ala Asp Lys Tyr Pro Ile Asn Ile Thr  
 275 280 285  
 25 Glu Val Thr Trp Phe Lys Thr Lys Pro Gly Asp Ser Glu Tyr Trp Asn  
 290 295 300 305  
 30 Leu Phe Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Asn Asn Thr Lys Thr Ile  
 310 315 320  
 35 Phe Asn Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Ala His Met Asn Gly Phe  
 325 330 335  
 40 Ile Leu Asp Ala Gly Glu Arg Ser Ser Phe Ala Asp Pro Thr Ala Gly  
 340 345 350  
 45 Leu Lys Trp Asp Gly Asp Ala Ser Arg Ser Ala Met Gly Arg Phe Leu  
 355 360 365  
 50 Phe Asp Trp Phe Tyr Glu Arg Ala Gln Ser Tyr Pro Asn Gly Gly Thr  
 370 375 380 385  
 55 Pro Ser Thr Gly Leu Thr Pro Gly Ala Thr Tyr Lys Ile Val Ala Arg  
 390 395 400  
 His Ser Gly Lys Val Ile Asp Val Pro Gly Gly Val Asn Glu Ser Asn  
 405 410 415  
 Leu Gln Leu Gln Gln Trp Ser Asp Leu Gly Gly Asn Pro Gln Lys Trp  
 420 425 430  
 Val Leu Thr Gln Ile Ala Ser Gly Ile Tyr Ser Leu Thr Ser Val Asn

ES 2 757 053 T3

435 440 445

5 Ser Pro Asp Lys Val Ile Asp Ile Arg Asn Gly Thr Ser Asn Asn Gly  
450 455 460 465

10 Glu Ala Val Gln Leu Met Ser Asn Leu Asn Thr Thr Ala Gln His Phe  
470 475 480

15 Lys Ile Asn Asp Leu Gly Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Ile Asn Val Asn  
485 490 495

20 Ser Asn Lys Ala Ile Glu Val Ala Gly Ser Ser Thr Ala Asp Gly Ala  
500 505 510

25 Lys Leu Gln Gln Asn Gly Phe Thr Asn Ala Thr Asn Gln Gln Trp Lys  
515 520 525

30 Phe Val Ala Val Asn Asn  
530 535

<210> 85  
<211> 535  
<212> PRT  
<213> Paenibacillus tundra

35 <220>  
<221> mat\_peptide  
<222> (1)..(535)

<400> 85

40 Trp Val Gly Met Pro Met Gly Lys Leu His Val Ser Gly Lys Asn Leu  
1 5 10 15

45 Val Asn Ser Ser Asn Gln Pro Val Val Met Ser Gly Trp His Gln Pro  
20 25 30

50 Ser Gly Ala Tyr Trp Thr Tyr Gln Asn Ser Asn Tyr Tyr Leu Thr Arg  
35 40 45

55 Asn Gly Asn Asn Arg His Ala Ala Thr Leu Ala Tyr Leu Lys Asp Ile  
50 55 60

Thr Asp Thr Phe Thr Ser Thr Ser Pro Lys Tyr Gly Ser Ser His Gly  
65 70 75 80

ES 2 757 053 T3

Trp Asn Met Asn Gln Ile Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met Gly  
 85 90 95  
 5  
 Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Ile Gln Thr Val Thr  
 100 105 110  
 10  
 Gln Asn Val Ile Ile Pro Tyr Ile Gln Tyr Ala Lys Thr Lys Gly Val  
 115 120 125  
 15  
 Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Lys Asp Asp Gln Ala Thr  
 130 135 140  
 20  
 Thr Ala Ala Asn Leu Gln Lys Phe Asn Gln Ile Trp Gly Tyr Leu Ala  
 145 150 155 160  
 25  
 Ser Arg Pro Glu Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val His Phe Glu Leu Ile  
 165 170 175  
 30  
 Asn Glu Pro Val Lys Ser Tyr Ala Asn Gly His Trp Gly Gly Tyr Asn  
 180 185 190  
 35  
 Gly Glu Asn Asp Phe Val Asp His Trp Asn Asp Leu Arg Asn Phe Gln  
 195 200 205  
 40  
 Asn Ser Ile Ile Ser Thr Ile Arg Ser Gln Gly Ala Asp Asn Val Ile  
 210 215 220  
 45  
 Trp Ala Ala Gly Leu Gly Tyr Asn Gln Phe Tyr Ser Leu Thr Ala Ser  
 225 230 235 240  
 50  
 His Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Tyr Gly Tyr Ala Val His Trp  
 245 250 255  
 55  
 Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala His Asp Asn Met Ser Ile Leu Gln Asp Gln  
 260 265 270  
 60  
 Trp Asn Thr Asn Val Lys Ala Ala Ala Asp Lys Tyr Pro Ile Asn Ile  
 275 280 285  
 65  
 Thr Glu Val Thr Trp Phe Lys Thr Lys Pro Gly Asp Ser Glu Tyr Trp  
 290 295 300



ES 2 757 053 T3

Asn Leu Phe Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Asn Asn Thr Lys Thr  
 305 310 315 320

5  
 Ile Phe Asn Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Ala His Met Asn Gly  
 325 330 335

10  
 Phe Ile Leu Asp Ala Gly Glu Arg Ser Ser Phe Ala Asp Pro Thr Ala  
 340 345 350

15  
 Gly Leu Lys Trp Asp Gly Asp Ala Ser Arg Ser Ala Met Gly Arg Phe  
 355 360 365

20  
 Leu Phe Asp Trp Phe Tyr Glu Arg Ala Gln Ser Tyr Pro Asn Gly Gly  
 370 375 380

25  
 Thr Pro Ser Thr Gly Leu Thr Pro Gly Ala Thr Tyr Lys Ile Val Ala  
 385 390 395 400

30  
 Arg His Ser Gly Lys Val Ile Asp Val Pro Gly Gly Val Asn Glu Ser  
 405 410 415

35  
 Asn Leu Gln Leu Gln Gln Trp Ser Asp Leu Gly Gly Asn Pro Gln Lys  
 420 425 430

40  
 Trp Val Leu Thr Gln Ile Ala Ser Gly Ile Tyr Ser Leu Thr Ser Val  
 435 440 445

45  
 Asn Ser Pro Asp Lys Val Ile Asp Ile Arg Asn Gly Thr Ser Asn Asn  
 450 455 460

50  
 Gly Glu Ala Val Gln Leu Met Ser Asn Leu Asn Thr Thr Ala Gln His  
 465 470 475 480

55  
 Phe Lys Ile Asn Asp Leu Gly Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Ile Asn Val  
 485 490 495

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

Ala Lys Leu Gln Gln Asn Gly Phe Thr Asn Ala Thr Asn Gln Gln Trp  
 515 520 525

ES 2 757 053 T3

Lys Phe Val Ala Val Asn Asn  
530 535

5 <210> 86  
<211> 1713  
<212> ADN  
<213> Secuencia artificial

10 <220>  
<223> Construcción de expresión

<220>  
15 <221> CDS  
<222> (1)..(1710)

<220>  
<221> sig\_peptide  
20 <222> (1)..(81)

<220>  
<221> mat\_peptide  
<222> (82)..(1710)

25 <400> 86

atg aag aaa ccg ttg ggg aaa att gtc gca agc acc gca cta ctc att  
48  
30 Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile  
-25 -20 -15

tct gtt gct ttt agt tca tcg ata gca tca gca cat cat cat cac cat  
96  
35 Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His His His His His  
-10 -5 -1 1 5

cat cct agg tgg gtt ggc atg cct atg ggc aag ctt cac gtc agt ggg  
144  
40 His Pro Arg Trp Val Gly Met Pro Met Gly Lys Leu His Val Ser Gly  
10 15 20

aaa aat cta gtg aac agc agt aac caa ccc gtc gta atg agt ggc tgg  
192  
45 Lys Asn Leu Val Asn Ser Ser Asn Gln Pro Val Val Met Ser Gly Trp  
25 30 35

cat cag ccc tca gga gcc tac tgg acc tac cag aac agc aac tat tat  
240  
50 His Gln Pro Ser Gly Ala Tyr Trp Thr Tyr Gln Asn Ser Asn Tyr Tyr  
40 45 50

ctc act cga aac ggc aac aac cgc cat gcc gct aca ttg gct tat ctg  
288  
55 Leu Thr Arg Asn Gly Asn Asn Arg His Ala Ala Thr Leu Ala Tyr Leu  
55 60 65

ES 2 757 053 T3

aaa gac att acc gat aca ttt aca agt aca agt cct aaa tac gga agc  
 336  
 Lys Asp Ile Thr Asp Thr Phe Thr Ser Thr Ser Pro Lys Tyr Gly Ser  
 70 75 80 85  
 5  
 agc cac ggc tgg aat atg aat cag att cgt ctg ttc att gac cgc gag  
 384  
 Ser His Gly Trp Asn Met Asn Gln Ile Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu  
 90 95 100  
 10  
 gac atg gga gac gta gca gca ggc act tat aat ttt gct ggt ata caa  
 432  
 Asp Met Gly Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Ile Gln  
 105 110 115  
 15  
 act gta acg cag aac gtc att atc cct tat atc caa tat gca aaa acg  
 480  
 Thr Val Thr Gln Asn Val Ile Ile Pro Tyr Ile Gln Tyr Ala Lys Thr  
 120 125 130  
 20  
 aaa ggc gtc tat gtt aca ctc gga ctt gac ttc aca ttg aag gat gat  
 528  
 Lys Gly Val Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Lys Asp Asp  
 135 140 145  
 25  
 caa gct acg acc gca gcc aat ctg caa aag ttc aat caa atc tgg ggt  
 576  
 Gln Ala Thr Thr Ala Ala Asn Leu Gln Lys Phe Asn Gln Ile Trp Gly  
 150 155 160 165  
 30  
 tat ctc gct tct cgc ccg gaa att aaa agc gca gac aac gta cac ttt  
 624  
 Tyr Leu Ala Ser Arg Pro Glu Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val His Phe  
 170 175 180  
 35  
 gag cta atc aat gag ccg gtt aaa tcg tat gct aac gga cat tgg ggc  
 672  
 Glu Leu Ile Asn Glu Pro Val Lys Ser Tyr Ala Asn Gly His Trp Gly  
 185 190 195  
 40  
 ggc tac aac ggc gag aac gac ttt gtg gat cac tgg aat gat ctg cgc  
 720  
 Gly Tyr Asn Gly Glu Asn Asp Phe Val Asp His Trp Asn Asp Leu Arg  
 200 205 210  
 45  
 aat ttc cag aac tcc atc atc tca acc atc cgc agc caa ggc gcg gat  
 768  
 Asn Phe Gln Asn Ser Ile Ile Ser Thr Ile Arg Ser Gln Gly Ala Asp  
 215 220 225  
 50  
 aat gtt atc tgg gcc gct ggt ttg ggg tac aac caa ttc tat agt ctg  
 816  
 Asn Val Ile Trp Ala Ala Gly Leu Gly Tyr Asn Gln Phe Tyr Ser Leu  
 230 235 240 245  
 55  
 aca gca agc cat ccc tta aca gac cct ttg aac aat tac ggt tat gcc  
 864

ES 2 757 053 T3

Thr Ala Ser His Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Tyr Gly Tyr Ala  
 250 255 260  
 5 gtt cac tgg tat ccg ggg tac gga gcg cat gac aac atg tcg att ctg  
 912  
 Val His Trp Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala His Asp Asn Met Ser Ile Leu  
 265 270 275  
 10 caa gat cag tgg aat acg aat gtg aag gct gcg gct gat aaa tat ccg  
 960  
 Gln Asp Gln Trp Asn Thr Asn Val Lys Ala Ala Ala Asp Lys Tyr Pro  
 280 285 290  
 15 att aac atc acc gaa gtc acg tgg ttc aaa acg aag ccg ggc gat tcc  
 1008  
 Ile Asn Ile Thr Glu Val Thr Trp Phe Lys Thr Lys Pro Gly Asp Ser  
 295 300 305  
 20 gaa tac tgg aat ctg ttc aac ggc agt aat gaa ggt ttt ggc aac aat  
 1056  
 Glu Tyr Trp Asn Leu Phe Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Asn Asn  
 310 315 320 325  
 25 acg aag acc att ttc aac gcg gca ggc aat gtc agc att gca gca cat  
 1104  
 Thr Lys Thr Ile Phe Asn Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Ala His  
 330 335 340  
 30 atg aac ggc ttc att ttg gat gcc ggg gaa cga agc tcc ttt gcc gat  
 1152  
 Met Asn Gly Phe Ile Leu Asp Ala Gly Glu Arg Ser Ser Phe Ala Asp  
 345 350 355  
 35 ccg acg gca ggc ctg aaa tgg gac ggt gat gct tca cgg agc gcg atg  
 1200  
 Pro Thr Ala Gly Leu Lys Trp Asp Gly Asp Ala Ser Arg Ser Ala Met  
 360 365 370  
 40 gga cgt ttt ctg ttc gat tgg ttc tat gaa cgc gca cag tct tac ccg  
 1248  
 Gly Arg Phe Leu Phe Asp Trp Phe Tyr Glu Arg Ala Gln Ser Tyr Pro  
 375 380 385  
 45 aac ggt ggc act cca tca acg gga ttg acg ccg ggg gca acc tac aag  
 1296  
 Asn Gly Gly Thr Pro Ser Thr Gly Leu Thr Pro Gly Ala Thr Tyr Lys  
 390 395 400 405  
 50 atc gtg gct aga cat tcg ggc aaa gtt ata gat gta ccg ggt ggg gta  
 1344  
 Ile Val Ala Arg His Ser Gly Lys Val Ile Asp Val Pro Gly Gly Val  
 410 415 420  
 55 aat gag agc aat ttg cag ctt cag caa tgg tct gat ctg ggc ggc aat  
 1392  
 Asn Glu Ser Asn Leu Gln Leu Gln Gln Trp Ser Asp Leu Gly Gly Asn  
 425 430 435

ES 2 757 053 T3

cct caa aag tgg gtc ctg acc cag att gct agt gga att tac agt ttg  
 1440  
 5 Pro Gln Lys Trp Val Leu Thr Gln Ile Ala Ser Gly Ile Tyr Ser Leu  
 440 445 450

acg agt gta aat tcg ccc gat aag gtc atc gac att cgt aat ggg aca  
 1488  
 10 Thr Ser Val Asn Ser Pro Asp Lys Val Ile Asp Ile Arg Asn Gly Thr  
 455 460 465

agt aac aac gga gag gca gta caa ctc atg agc aat ttg aat acc acc  
 1536  
 15 Ser Asn Asn Gly Glu Ala Val Gln Leu Met Ser Asn Leu Asn Thr Thr  
 470 475 480 485

gcg cag cat ttt aaa atc aac gat ctg ggc aat ggc tat tgg agt att  
 1584  
 20 Ala Gln His Phe Lys Ile Asn Asp Leu Gly Asn Gly Tyr Trp Ser Ile  
 490 495 500

ata aac gtc aac agc aat aag gcc ata gag gtc gca ggc tcc tca acg  
 1632  
 25 Ile Asn Val Asn Ser Asn Lys Ala Ile Glu Val Ala Gly Ser Ser Thr  
 505 510 515

gca gac ggt gcc aaa tta cag caa aac ggt ttt aca aac gca acc aat  
 1680  
 30 Ala Asp Gly Ala Lys Leu Gln Gln Asn Gly Phe Thr Asn Ala Thr Asn  
 520 525 530

cag caa tgg aaa ttt gtc gca gtt aac aat taa  
 1713  
 35 Gln Gln Trp Lys Phe Val Ala Val Asn Asn  
 535 540

<210> 87  
 <211> 570  
 40 <212> PRT  
 <213> Secuencia artificial

<220>  
 <223> Construcción sintética  
 45

<400> 87

Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile  
 -25 -20 -15  
 50

Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His His His His His  
 -10 -5 -1 1 5  
 55

His Pro Arg Trp Val Gly Met Pro Met Gly Lys Leu His Val Ser Gly  
 10 15 20

ES 2 757 053 T3

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

ES 2 757 053 T3

Thr Ala Ser His Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Tyr Gly Tyr Ala  
 250 255 260  
 5  
 Val His Trp Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala His Asp Asn Met Ser Ile Leu  
 265 270 275  
 10  
 Gln Asp Gln Trp Asn Thr Asn Val Lys Ala Ala Ala Asp Lys Tyr Pro  
 280 285 290  
 15  
 Ile Asn Ile Thr Glu Val Thr Trp Phe Lys Thr Lys Pro Gly Asp Ser  
 295 300 305  
 20  
 Glu Tyr Trp Asn Leu Phe Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Asn Asn  
 310 315 320 325  
 Thr Lys Thr Ile Phe Asn Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Ala His  
 330 335 340  
 25  
 Met Asn Gly Phe Ile Leu Asp Ala Gly Glu Arg Ser Ser Phe Ala Asp  
 345 350 355  
 30  
 Pro Thr Ala Gly Leu Lys Trp Asp Gly Asp Ala Ser Arg Ser Ala Met  
 360 365 370  
 35  
 Gly Arg Phe Leu Phe Asp Trp Phe Tyr Glu Arg Ala Gln Ser Tyr Pro  
 375 380 385  
 40  
 Asn Gly Gly Thr Pro Ser Thr Gly Leu Thr Pro Gly Ala Thr Tyr Lys  
 390 395 400 405  
 Ile Val Ala Arg His Ser Gly Lys Val Ile Asp Val Pro Gly Gly Val  
 410 415 420  
 45  
 Asn Glu Ser Asn Leu Gln Leu Gln Gln Trp Ser Asp Leu Gly Gly Asn  
 425 430 435  
 50  
 Pro Gln Lys Trp Val Leu Thr Gln Ile Ala Ser Gly Ile Tyr Ser Leu  
 440 445 450  
 55  
 Thr Ser Val Asn Ser Pro Asp Lys Val Ile Asp Ile Arg Asn Gly Thr  
 455 460 465

ES 2 757 053 T3

Ser Asn Asn Gly Glu Ala Val Gln Leu Met Ser Asn Leu Asn Thr Thr  
 470 475 480 485

5 Ala Gln His Phe Lys Ile Asn Asp Leu Gly Asn Gly Tyr Trp Ser Ile  
 490 495 500

10 Ile Asn Val Asn Ser Asn Lys Ala Ile Glu Val Ala Gly Ser Ser Thr  
 505 510 515

15 Ala Asp Gly Ala Lys Leu Gln Gln Asn Gly Phe Thr Asn Ala Thr Asn  
 520 525 530

Gln Gln Trp Lys Phe Val Ala Val Asn Asn  
 535 540

20  
 <210> 88  
 <211> 543  
 <212> PRT  
 <213> Secuencia artificial

25  
 <220>  
 <223> Secuencia madura con etiqueta de polihistidina

30  
 <220>  
 <221> mat\_peptide  
 <222> (1)..(543)

<400> 88

35 His His His His His His Pro Arg Trp Val Gly Met Pro Met Gly Lys  
 1 5 10 15

40 Leu His Val Ser Gly Lys Asn Leu Val Asn Ser Ser Asn Gln Pro Val  
 20 25 30

45 Val Met Ser Gly Trp His Gln Pro Ser Gly Ala Tyr Trp Thr Tyr Gln  
 35 40 45

Asn Ser Asn Tyr Tyr Leu Thr Arg Asn Gly Asn Asn Arg His Ala Ala  
 50 55 60

50 Thr Leu Ala Tyr Leu Lys Asp Ile Thr Asp Thr Phe Thr Ser Thr Ser  
 65 70 75 80

55 Pro Lys Tyr Gly Ser Ser His Gly Trp Asn Met Asn Gln Ile Arg Leu  
 85 90 95



ES 2 757 053 T3

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

ES 2 757 053 T3

Gly Phe Gly Asn Asn Thr Lys Thr Ile Phe Asn Ala Ala Gly Asn Val  
 325 330 335  
 5  
 Ser Ile Ala Ala His Met Asn Gly Phe Ile Leu Asp Ala Gly Glu Arg  
 340 345 350  
 10 Ser Ser Phe Ala Asp Pro Thr Ala Gly Leu Lys Trp Asp Gly Asp Ala  
 355 360 365  
 15 Ser Arg Ser Ala Met Gly Arg Phe Leu Phe Asp Trp Phe Tyr Glu Arg  
 370 375 380  
 20 Ala Gln Ser Tyr Pro Asn Gly Gly Thr Pro Ser Thr Gly Leu Thr Pro  
 385 390 395 400  
 25 Gly Ala Thr Tyr Lys Ile Val Ala Arg His Ser Gly Lys Val Ile Asp  
 405 410 415  
 30 Val Pro Gly Gly Val Asn Glu Ser Asn Leu Gln Leu Gln Gln Trp Ser  
 420 425 430  
 35 Asp Leu Gly Gly Asn Pro Gln Lys Trp Val Leu Thr Gln Ile Ala Ser  
 435 440 445  
 40 Gly Ile Tyr Ser Leu Thr Ser Val Asn Ser Pro Asp Lys Val Ile Asp  
 450 455 460  
 45 Ile Arg Asn Gly Thr Ser Asn Asn Gly Glu Ala Val Gln Leu Met Ser  
 465 470 475 480  
 50 Asn Leu Asn Thr Thr Ala Gln His Phe Lys Ile Asn Asp Leu Gly Asn  
 485 490 495  
 55 Gly Tyr Trp Ser Ile Ile Asn Val Asn Ser Asn Lys Ala Ile Glu Val  
 500 505 510  
 50 Ala Gly Ser Ser Thr Ala Asp Gly Ala Lys Leu Gln Gln Asn Gly Phe  
 515 520 525  
 55 Thr Asn Ala Thr Asn Gln Gln Trp Lys Phe Val Ala Val Asn Asn  
 530 535 540

ES 2 757 053 T3

```

<210> 89
<211> 1707
<212> ADN
<213> Paenibacillus sp-62603
5

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1704)
10

<220>
<221> sig_peptide
<222> (1)..(96)

15

<220>
<221> mat_peptide
<222> (97)..(1704)

<400> 89
20
atg att aaa aag aaa gtc ggt ttg gca atg aag ctt ctg ctg ctt gtg
48
Met Ile Lys Lys Lys Val Gly Leu Ala Met Lys Leu Leu Leu Leu Val
      -30                -25                -20
25
gcg cta gtg atg tcg cca atg ctg ctg agc ggc aag aag gca gat gcg
96
Ala Leu Val Met Ser Pro Met Leu Leu Ser Gly Lys Lys Ala Asp Ala
      -15                -10                -5                -1
30
tgg gtt ggc atg ccg atg tcc aag ctc cat gta agc ggc aac caa ttg
144
Trp Val Gly Met Pro Met Ser Lys Leu His Val Ser Gly Asn Gln Leu
1      5      10      15
35
gtg aac agc agt gga cag cct gtt ttg cta agc ggc tgg cat cag cct
192
Val Asn Ser Ser Gly Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp His Gln Pro
      20                25                30
40
tcg ggc gct tat tgg acg tac cag aac agc aat tac tac ctg aat cag
240
Ser Gly Ala Tyr Trp Thr Tyr Gln Asn Ser Asn Tyr Tyr Leu Asn Gln
      35                40                45
45
aat ggc ggg aat cga cat gca gcg atc tta gcg tat ttg aaa gat atc
288
Asn Gly Gly Asn Arg His Ala Ala Ile Leu Ala Tyr Leu Lys Asp Ile
      50                55                60
50
acc gac acc ttt aca agc acc tcg gcc aaa tac ggc aac aac cat gga
336
Thr Asp Thr Phe Thr Ser Thr Ser Ala Lys Tyr Gly Asn Asn His Gly
65                70                75                80
55
tgg tat atg aat cag gta cgt cta ttc att gac cgg gaa gac atg ggc
384

```

ES 2 757 053 T3

Trp Tyr Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met Gly  
85 90 95

5 gac gta gcg gcg ggc acg tac aat ttt gcc ggc ctg cag gcc gtt act  
432

Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Gln Ala Val Thr  
100 105 110

10 cag aac gtc atc att cct tat atc aac tat gcc aag acc aag gga ctg  
480

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

15 tat gtc acc ctc ggc cta gat ttc act tta agc aac aac caa gca aca  
528

Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Ser Asn Asn Gln Ala Thr  
130 135 140

20 acg cct gcc aat ctc gca aag ttt aat cag att tgg ggt tac ctc gct  
576

Thr Pro Ala Asn Leu Ala Lys Phe Asn Gln Ile Trp Gly Tyr Leu Ala  
145 150 155 160

25 gat cag cca gga atc aag agc gct gac aat gtt atg ttc gag ctc att  
624

Asp Gln Pro Gly Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val Met Phe Glu Leu Ile  
165 170 175

30 aac gag ccc gta ctg tct gat gtc aat ggc gtc tgg ggc ggt cat cct  
672

Asn Glu Pro Val Leu Ser Asp Val Asn Gly Val Trp Gly Gly His Pro  
180 185 190

35 tcc caa tcc aat ttc att gcg tac tgg aac tcg ctc aaa aat ttc caa  
720

Ser Gln Ser Asn Phe Ile Ala Tyr Trp Asn Ser Leu Lys Asn Phe Gln  
195 200 205

40 aat tcc atg atc tcc acc att cgc agc aaa ggc gcg gat aac gtc atc  
768

Asn Ser Met Ile Ser Thr Ile Arg Ser Lys Gly Ala Asp Asn Val Ile  
210 215 220

45 tgg gca tcg gga ctt ggt tgg gat caa tac tat cag cta tgc gca gcc  
816

Trp Ala Ser Gly Leu Gly Trp Asp Gln Tyr Tyr Gln Leu Cys Ala Ala  
225 230 235 240

50 tat cca ttg acg gat tca cta aac aat ata ggt tat tcc gta cat tgg  
864

Tyr Pro Leu Thr Asp Ser Leu Asn Asn Ile Gly Tyr Ser Val His Trp  
245 250 255

55 tat ccg ggc tat ggc gct tat gat gac tac act cct ttg caa cag caa  
912

Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala Tyr Asp Asp Tyr Thr Pro Leu Gln Gln Gln  
260 265 270

ES 2 757 053 T3

tgg gac acc aat att aag cca tgc gct gat aat tat cca att aat att  
 960  
 5 Trp Asp Thr Asn Ile Lys Pro Cys Ala Asp Asn Tyr Pro Ile Asn Ile  
 275 280 285  
 aca gag aca acc tgg ttc aag acc caa ccg gga gac tct tcc tac tgg  
 1008  
 10 Thr Glu Thr Thr Trp Phe Lys Thr Gln Pro Gly Asp Ser Ser Tyr Trp  
 290 295 300  
 gat ctg ttc aac ggc tcg aac gcg ggc ttc ggc aaa aat acc aaa gcg  
 1056  
 15 Asp Leu Phe Asn Gly Ser Asn Ala Gly Phe Gly Lys Asn Thr Lys Ala  
 305 310 315 320  
 atc ttc aca gca gcg ggc aat gtg agc atc gct gtc cat atg aac gga  
 1104  
 20 Ile Phe Thr Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Val His Met Asn Gly  
 325 330 335  
 ttt ttg ttg aat ccc ggc acg aga agc tca ttc gca gac cca aca ggc  
 1152  
 25 Phe Leu Leu Asn Pro Gly Thr Arg Ser Ser Phe Ala Asp Pro Thr Gly  
 340 345 350  
 ggt ttg atg tat gat ggc aac act gcc cgg gac ggc atg gcc cga ttt  
 1200  
 30 Gly Leu Met Tyr Asp Gly Asn Thr Ala Arg Asp Gly Met Ala Arg Phe  
 355 360 365  
 att ttc gaa tgg tac tat gaa cgt gcg cag ttt aat cct tgg aat ggt  
 1248  
 35 Ile Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Phe Asn Pro Trp Asn Gly  
 370 375 380  
 ata tgg aat gga gtc acg aat ggc gca act tac aag ctc gtc aac cgc  
 1296  
 40 Ile Trp Asn Gly Val Thr Asn Gly Ala Thr Tyr Lys Leu Val Asn Arg  
 385 390 395 400  
 gct tcg agt aaa ata ctc gag gtt cca ggc ggc cag aat act aat gcg  
 1344  
 45 Ala Ser Ser Lys Ile Leu Glu Val Pro Gly Gly Gln Asn Thr Asn Ala  
 405 410 415  
 ttg cag ctt caa cag cgg gca gac aat aat acg aca gct cag cgc tgg  
 1392  
 50 Leu Gln Leu Gln Gln Arg Ala Asp Asn Asn Thr Thr Ala Gln Arg Trp  
 420 425 430  
 atc gtc acg gat caa ggc acc tac aat aac tat tac gaa ttg cga agc  
 1440  
 55 Ile Val Thr Asp Gln Gly Thr Tyr Asn Asn Tyr Tyr Glu Leu Arg Ser  
 435 440 445

ES 2 757 053 T3

gta agc tca tcc gac aac aaa gtc atg gat gtt cgt aac ggg aca aaa  
 1488  
 Val Ser Ser Ser Asp Asn Lys Val Met Asp Val Arg Asn Gly Thr Lys  
 450 455 460

5  
 aac aat ggg gaa gcg att cag ctt atg cag gat ctc tcc aat acc gcg  
 1536  
 Asn Asn Gly Glu Ala Ile Gln Leu Met Gln Asp Leu Ser Asn Thr Ala  
 465 470 475 480

10  
 cag cag ttc aga ttg atc aag ctc agc aac ggt tac tgg agc atc ttg  
 1584  
 Gln Gln Phe Arg Leu Ile Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Leu  
 485 490 495

15  
 aat gtg aat agc aac aaa gcg ata gag gtc acc ggc tcc tcc acg gct  
 1632  
 Asn Val Asn Ser Asn Lys Ala Ile Glu Val Thr Gly Ser Ser Thr Ala  
 500 505 510

20  
 gat ggc gcg aat att cag caa aac tta tac agc ggc aat ctc aat cag  
 1680  
 Asp Gly Ala Asn Ile Gln Gln Asn Leu Tyr Ser Gly Asn Leu Asn Gln  
 515 520 525

25  
 caa tgg cag ctg gta cag att aac tag  
 1707  
 Gln Trp Gln Leu Val Gln Ile Asn  
 530 535

30  
 <210> 90  
 <211> 568  
 <212> PRT  
 35 <213> Paenibacillus sp-62603  
 <400> 90

40 Met Ile Lys Lys Lys Val Gly Leu Ala Met Lys Leu Leu Leu Leu Val  
 -30 -25 -20

45 Ala Leu Val Met Ser Pro Met Leu Leu Ser Gly Lys Lys Ala Asp Ala  
 -15 -10 -5 -1

50 Trp Val Gly Met Pro Met Ser Lys Leu His Val Ser Gly Asn Gln Leu  
 1 5 10 15

55 Val Asn Ser Ser Gly Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp His Gln Pro  
 20 25 30

Ser Gly Ala Tyr Trp Thr Tyr Gln Asn Ser Asn Tyr Tyr Leu Asn Gln  
 35 40 45

ES 2 757 053 T3

Asn Gly Gly Asn Arg His Ala Ala Ile Leu Ala Tyr Leu Lys Asp Ile  
 50 55 60  
 5  
 Thr Asp Thr Phe Thr Ser Thr Ser Ala Lys Tyr Gly Asn Asn His Gly  
 65 70 75 80  
 10 Trp Tyr Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met Gly  
 85 90 95  
 15 Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Gln Ala Val Thr  
 100 105 110  
 20 Gln Asn Val Ile Ile Pro Tyr Ile Asn Tyr Ala Lys Thr Lys Gly Leu  
 115 120 125  
 Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Ser Asn Asn Gln Ala Thr  
 130 135 140  
 25 Thr Pro Ala Asn Leu Ala Lys Phe Asn Gln Ile Trp Gly Tyr Leu Ala  
 145 150 155 160  
 30 Asp Gln Pro Gly Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val Met Phe Glu Leu Ile  
 165 170 175  
 35 Asn Glu Pro Val Leu Ser Asp Val Asn Gly Val Trp Gly Gly His Pro  
 180 185 190  
 40 Ser Gln Ser Asn Phe Ile Ala Tyr Trp Asn Ser Leu Lys Asn Phe Gln  
 195 200 205  
 Asn Ser Met Ile Ser Thr Ile Arg Ser Lys Gly Ala Asp Asn Val Ile  
 210 215 220  
 45 Trp Ala Ser Gly Leu Gly Trp Asp Gln Tyr Tyr Gln Leu Cys Ala Ala  
 225 230 235 240  
 50 Tyr Pro Leu Thr Asp Ser Leu Asn Asn Ile Gly Tyr Ser Val His Trp  
 245 250 255  
 55 Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala Tyr Asp Asp Tyr Thr Pro Leu Gln Gln Gln  
 260 265 270

ES 2 757 053 T3

Trp Asp Thr Asn Ile Lys Pro Cys Ala Asp Asn Tyr Pro Ile Asn Ile  
 275 280 285

5 Thr Glu Thr Thr Trp Phe Lys Thr Gln Pro Gly Asp Ser Ser Tyr Trp  
 290 295 300

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

15 Ile Phe Thr Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Val His Met Asn Gly  
 325 330 335

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

Gly Leu Met Tyr Asp Gly Asn Thr Ala Arg Asp Gly Met Ala Arg Phe  
 355 360 365

25 Ile Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Phe Asn Pro Trp Asn Gly  
 370 375 380

30 Ile Trp Asn Gly Val Thr Asn Gly Ala Thr Tyr Lys Leu Val Asn Arg  
 385 390 395 400

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

40 Leu Gln Leu Gln Gln Arg Ala Asp Asn Asn Thr Thr Ala Gln Arg Trp  
 420 425 430

Ile Val Thr Asp Gln Gly Thr Tyr Asn Asn Tyr Tyr Glu Leu Arg Ser  
 435 440 445

45 Val Ser Ser Ser Asp Asn Lys Val Met Asp Val Arg Asn Gly Thr Lys  
 450 455 460

50 Asn Asn Gly Glu Ala Ile Gln Leu Met Gln Asp Leu Ser Asn Thr Ala  
 465 470 475 480

55 Gln Gln Phe Arg Leu Ile Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Leu  
 485 490 495

Asn Val Asn Ser Asn Lys Ala Ile Glu Val Thr Gly Ser Ser Thr Ala



ES 2 757 053 T3

500 505 510

5 Asp Gly Ala Asn Ile Gln Gln Asn Leu Tyr Ser Gly Asn Leu Asn Gln  
515 520 525

Gln Trp Gln Leu Val Gln Ile Asn  
530 535

10

<210> 91  
<211> 536  
<212> PRT  
15 <213> Paenibacillus sp-62603

<220>  
<221> mat\_peptide  
20 <222> (1)..(536)

<400> 91

25 Trp Val Gly Met Pro Met Ser Lys Leu His Val Ser Gly Asn Gln Leu  
1 5 10 15

30 Val Asn Ser Ser Gly Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp His Gln Pro  
20 25 30

35 Ser Gly Ala Tyr Trp Thr Tyr Gln Asn Ser Asn Tyr Tyr Leu Asn Gln  
35 40 45

Asn Gly Gly Asn Arg His Ala Ala Ile Leu Ala Tyr Leu Lys Asp Ile  
50 55 60

40 Thr Asp Thr Phe Thr Ser Thr Ser Ala Lys Tyr Gly Asn Asn His Gly  
65 70 75 80

45 Trp Tyr Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met Gly  
85 90 95

50 Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Gln Ala Val Thr  
100 105 110

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

55 Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Ser Asn Asn Gln Ala Thr  
130 135 140

ES 2 757 053 T3

Thr Pro Ala Asn Leu Ala Lys Phe Asn Gln Ile Trp Gly Tyr Leu Ala  
 145 150 155 160  
 5  
 Asp Gln Pro Gly Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val Met Phe Glu Leu Ile  
 165 170 175  
 10  
 Asn Glu Pro Val Leu Ser Asp Val Asn Gly Val Trp Gly Gly His Pro  
 180 185 190  
 15  
 Ser Gln Ser Asn Phe Ile Ala Tyr Trp Asn Ser Leu Lys Asn Phe Gln  
 195 200 205  
 20  
 Asn Ser Met Ile Ser Thr Ile Arg Ser Lys Gly Ala Asp Asn Val Ile  
 210 215 220  
 25  
 Trp Ala Ser Gly Leu Gly Trp Asp Gln Tyr Tyr Gln Leu Cys Ala Ala  
 225 230 235 240  
 30  
 Tyr Pro Leu Thr Asp Ser Leu Asn Asn Ile Gly Tyr Ser Val His Trp  
 245 250 255  
 35  
 Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala Tyr Asp Asp Tyr Thr Pro Leu Gln Gln Gln  
 260 265 270  
 40  
 Trp Asp Thr Asn Ile Lys Pro Cys Ala Asp Asn Tyr Pro Ile Asn Ile  
 275 280 285  
 45  
 Thr Glu Thr Thr Trp Phe Lys Thr Gln Pro Gly Asp Ser Ser Tyr Trp  
 290 295 300  
 50  
 Asp Leu Phe Asn Gly Ser Asn Ala Gly Phe Gly Lys Asn Thr Lys Ala  
 305 310 315 320  
 55  
 Ile Phe Thr Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Val His Met Asn Gly  
 325 330 335  
 Phe Leu Leu Asn Pro Gly Thr Arg Ser Ser Phe Ala Asp Pro Thr Gly  
 340 345 350  
 Gly Leu Met Tyr Asp Gly Asn Thr Ala Arg Asp Gly Met Ala Arg Phe  
 355 360 365

ES 2 757 053 T3

Ile Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Phe Asn Pro Trp Asn Gly  
 370 375 380

5  
 Ile Trp Asn Gly Val Thr Asn Gly Ala Thr Tyr Lys Leu Val Asn Arg  
 385 390 395 400

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

15 Leu Gln Leu Gln Gln Arg Ala Asp Asn Asn Thr Thr Ala Gln Arg Trp  
 420 425 430

20 Ile Val Thr Asp Gln Gly Thr Tyr Asn Asn Tyr Tyr Glu Leu Arg Ser  
 435 440 445

25 Val Ser Ser Ser Asp Asn Lys Val Met Asp Val Arg Asn Gly Thr Lys  
 450 455 460

30 Asn Asn Gly Glu Ala Ile Gln Leu Met Gln Asp Leu Ser Asn Thr Ala  
 465 470 475 480

35 Gln Gln Phe Arg Leu Ile Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Leu  
 485 490 495

40 Asn Val Asn Ser Asn Lys Ala Ile Glu Val Thr Gly Ser Ser Thr Ala  
 500 505 510

45 Asp Gly Ala Asn Ile Gln Gln Asn Leu Tyr Ser Gly Asn Leu Asn Gln  
 515 520 525

50 Gln Trp Gln Leu Val Gln Ile Asn  
 530 535

55 <210> 92  
 <211> 1716  
 <212> ADN  
 <213> Secuencia artificial

<220>  
 <223> Construcción de expresión

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1713)

ES 2 757 053 T3

```

<220>
<221> sig_peptide
<222> (1)..(81)
5
<220>
<221> mat_peptide
<222> (82)..(1713)
10 <400> 92

atg aag aaa ccg ttg ggg aaa att gtc gca agc acc gca cta ctc att
48
Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile
15      -25                -20                -15

tct gtt gct ttt agt tca tcg ata gca tca gca cat cat cat cac cat
96
Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His His His His His
20      -10                -5                -1 1                5

cat cct agg tgg gtt ggc atg ccg atg tcc aag ctc cat gta agc ggc
144
His Pro Arg Trp Val Gly Met Pro Met Ser Lys Leu His Val Ser Gly
25      10                15                20

aac caa ttg gtg aac agc agt gga cag cct gtt ttg cta agc ggg tgg
192
Asn Gln Leu Val Asn Ser Ser Gly Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp
30      25                30                35

cat cag cct tcg ggc gct tat tgg acg tac cag aac agc aat tac tac
240
His Gln Pro Ser Gly Ala Tyr Trp Thr Tyr Gln Asn Ser Asn Tyr Tyr
35      40                45                50

ctg aat cag aat ggc ggg aat cga cat gca gcg atc tta gcg tat ttg
288
Leu Asn Gln Asn Gly Gly Asn Arg His Ala Ala Ile Leu Ala Tyr Leu
40      55                60                65

aaa gat atc acc gac acc ttt aca agc acc tcg gcc aaa tac ggc aac
336
Lys Asp Ile Thr Asp Thr Phe Thr Ser Thr Ser Ala Lys Tyr Gly Asn
45      70                75                80                85

aac cat gga tgg tat atg aat cag gta cgt cta ttc att gac cgg gaa
384
Asn His Gly Trp Tyr Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu
50      90                95                100

gac atg ggc gac gta gcg gcg ggc acg tac aat ttt gcc ggc ctg cag
432
Asp Met Gly Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Gln
55      105                110                115

```

ES 2 757 053 T3

gcc gtt act cag aac gtc atc att cct tat atc aac tat gcc aag acc  
 480  
 Ala Val Thr Gln Asn Val Ile Ile Pro Tyr Ile Asn Tyr Ala Lys Thr  
 120 125 130  
 5  
 aag gga ctg tat gtc acc ctc ggc cta gat ttc act tta agc aac aac  
 528  
 Lys Gly Leu Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Ser Asn Asn  
 135 140 145  
 10  
 caa gca aca acg cct gcc aat ctc gca aag ttt aat cag att tgg ggt  
 576  
 Gln Ala Thr Thr Pro Ala Asn Leu Ala Lys Phe Asn Gln Ile Trp Gly  
 150 155 160 165  
 15  
 tac ctc gct gat cag cca gga atc aag agc gct gac aat gtt atg ttc  
 624  
 Tyr Leu Ala Asp Gln Pro Gly Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val Met Phe  
 170 175 180  
 20  
 gag ctc att aac gag ccc gta ctg tct gat gtc aat ggc gtc tgg ggc  
 672  
 Glu Leu Ile Asn Glu Pro Val Leu Ser Asp Val Asn Gly Val Trp Gly  
 185 190 195  
 25  
 ggt cat cct tcc caa tcc aat ttc att gcg tac tgg aac tcg ctc aaa  
 720  
 Gly His Pro Ser Gln Ser Asn Phe Ile Ala Tyr Trp Asn Ser Leu Lys  
 200 205 210  
 30  
 aat ttc caa aat tcc atg atc tcc acc att cgc agc aaa ggc gcg gat  
 768  
 Asn Phe Gln Asn Ser Met Ile Ser Thr Ile Arg Ser Lys Gly Ala Asp  
 215 220 225  
 35  
 aac gtc atc tgg gca tcg gga ctt ggt tgg gat caa tac tat cag cta  
 816  
 Asn Val Ile Trp Ala Ser Gly Leu Gly Trp Asp Gln Tyr Tyr Gln Leu  
 230 235 240 245  
 40  
 tgc gca gcc tat cca ttg acg gat tca cta aac aat ata ggt tat tcc  
 864  
 Cys Ala Ala Tyr Pro Leu Thr Asp Ser Leu Asn Asn Ile Gly Tyr Ser  
 250 255 260  
 45  
 gta cat tgg tat ccg ggc tat ggc gct tat gat gac tac act cct ttg  
 912  
 Val His Trp Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala Tyr Asp Asp Tyr Thr Pro Leu  
 265 270 275  
 50  
 caa cag caa tgg gac acc aat att aag cca tgc gct gat aat tat cca  
 960  
 Gln Gln Gln Trp Asp Thr Asn Ile Lys Pro Cys Ala Asp Asn Tyr Pro  
 280 285 290  
 55  
 att aat att aca gag aca acc tgg ttc aag acc caa ccg gga gac tct  
 1008

ES 2 757 053 T3

Ile Asn Ile Thr Glu Thr Thr Trp Phe Lys Thr Gln Pro Gly Asp Ser  
 295 300 305

5 tcc tac tgg gat ctg ttc aac ggc tcg aac gcg ggc ttc ggc aaa aat  
 1056

Ser Tyr Trp Asp Leu Phe Asn Gly Ser Asn Ala Gly Phe Gly Lys Asn  
 310 315 320 325

10 acc aaa gcg atc ttc aca gca gcg ggc aat gtg agc atc gct gtc cat  
 1104

Thr Lys Ala Ile Phe Thr Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Val His  
 330 335 340

15 atg aac gga ttt ttg ttg aat ccc ggc acg aga agc tca ttc gca gac  
 1152

Met Asn Gly Phe Leu Leu Asn Pro Gly Thr Arg Ser Ser Phe Ala Asp  
 345 350 355

20 cca aca ggc ggt ttg atg tat gat ggc aac act gcc cgg gac ggc atg  
 1200

Pro Thr Gly Gly Leu Met Tyr Asp Gly Asn Thr Ala Arg Asp Gly Met  
 360 365 370

25 gcc cga ttt att ttc gaa tgg tac tat gaa cgt gcg cag ttt aat cct  
 1248

Ala Arg Phe Ile Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Phe Asn Pro  
 375 380 385

30 tgg aat ggt ata tgg aat gga gtc acg aat ggc gca act tac aag ctc  
 1296

Trp Asn Gly Ile Trp Asn Gly Val Thr Asn Gly Ala Thr Tyr Lys Leu  
 390 395 400 405

35 gtc aac cgc gct tcg agt aaa ata ctc gag gtt cca ggc ggc cag aat  
 1344

Val Asn Arg Ala Ser Ser Lys Ile Leu Glu Val Pro Gly Gly Gln Asn  
 410 415 420

40 act aat gcg ttg cag ctt caa cag cgg gca gac aat aat acg aca gct  
 1392

Thr Asn Ala Leu Gln Leu Gln Gln Arg Ala Asp Asn Asn Thr Thr Ala  
 425 430 435

45 cag cgc tgg atc gtc acg gat caa ggc acc tac aat aac tat tac gaa  
 1440

Gln Arg Trp Ile Val Thr Asp Gln Gly Thr Tyr Asn Asn Tyr Tyr Glu  
 440 445 450

50 ttg cga agc gta agc tca tcc gac aac aaa gtc atg gat gtt cgt aac  
 1488

Leu Arg Ser Val Ser Ser Ser Asp Asn Lys Val Met Asp Val Arg Asn  
 455 460 465

55 ggg aca aaa aac aat ggg gaa gcg att cag ctt atg cag gat ctc tcc  
 1536

Gly Thr Lys Asn Asn Gly Glu Ala Ile Gln Leu Met Gln Asp Leu Ser  
 470 475 480 485

ES 2 757 053 T3

aat acc gcg cag cag ttc aga ttg atc aag ctc agc aac ggt tac tgg  
 1584  
 5 Asn Thr Ala Gln Gln Phe Arg Leu Ile Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Trp  
 490 495 500  
  
 agc atc ttg aat gtg aat agc aac aaa gcg ata gag gtc acc ggc tcc  
 1632  
 10 Ser Ile Leu Asn Val Asn Ser Asn Lys Ala Ile Glu Val Thr Gly Ser  
 505 510 515  
  
 tcc acg gct gat ggc gcg aat att cag caa aac tta tac agc ggc aat  
 1680  
 15 Ser Thr Ala Asp Gly Ala Asn Ile Gln Gln Asn Leu Tyr Ser Gly Asn  
 520 525 530  
  
 ctc aat cag caa tgg cag ctg gta cag att aac tag  
 1716  
 20 Leu Asn Gln Gln Trp Gln Leu Val Gln Ile Asn  
 535 540  
  
 <210> 93  
 <211> 571  
 25 <212> PRT  
 <213> Secuencia artificial  
  
 <220>  
 <223> Construcción sintética  
 30  
 <400> 93  
  
 Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile  
 -25 -20 -15  
 35  
  
 Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His His His His His  
 -10 -5 -1 1 5  
 40  
  
 His Pro Arg Trp Val Gly Met Pro Met Ser Lys Leu His Val Ser Gly  
 10 15 20  
 45  
  
 Asn Gln Leu Val Asn Ser Ser Gly Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp  
 25 30 35  
 50  
  
 His Gln Pro Ser Gly Ala Tyr Trp Thr Tyr Gln Asn Ser Asn Tyr Tyr  
 40 45 50  
 55  
  
 Leu Asn Gln Asn Gly Gly Asn Arg His Ala Ala Ile Leu Ala Tyr Leu  
 55 60 65  
  
 Lys Asp Ile Thr Asp Thr Phe Thr Ser Thr Ser Ala Lys Tyr Gly Asn

ES 2 757 053 T3

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



ES 2 757 053 T3

Ser Tyr Trp Asp Leu Phe Asn Gly Ser Asn Ala Gly Phe Gly Lys Asn  
 310 315 320 325  
 5  
 Thr Lys Ala Ile Phe Thr Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Val His  
 330 335 340  
 10  
 Met Asn Gly Phe Leu Leu Asn Pro Gly Thr Arg Ser Ser Phe Ala Asp  
 345 350 355  
 15  
 Pro Thr Gly Gly Leu Met Tyr Asp Gly Asn Thr Ala Arg Asp Gly Met  
 360 365 370  
 20  
 Ala Arg Phe Ile Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Phe Asn Pro  
 375 380 385  
 25  
 Trp Asn Gly Ile Trp Asn Gly Val Thr Asn Gly Ala Thr Tyr Lys Leu  
 390 395 400 405  
 30  
 Val Asn Arg Ala Ser Ser Lys Ile Leu Glu Val Pro Gly Gly Gln Asn  
 410 415 420  
 35  
 Thr Asn Ala Leu Gln Leu Gln Gln Arg Ala Asp Asn Asn Thr Thr Ala  
 425 430 435  
 40  
 Gln Arg Trp Ile Val Thr Asp Gln Gly Thr Tyr Asn Asn Tyr Tyr Glu  
 440 445 450  
 45  
 Leu Arg Ser Val Ser Ser Ser Asp Asn Lys Val Met Asp Val Arg Asn  
 455 460 465  
 50  
 Gly Thr Lys Asn Asn Gly Glu Ala Ile Gln Leu Met Gln Asp Leu Ser  
 470 475 480 485  
 55  
 Asn Thr Ala Gln Gln Phe Arg Leu Ile Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Trp  
 490 495 500  
 Ser Ile Leu Asn Val Asn Ser Asn Lys Ala Ile Glu Val Thr Gly Ser  
 505 510 515  
 Ser Thr Ala Asp Gly Ala Asn Ile Gln Gln Asn Leu Tyr Ser Gly Asn  
 520 525 530

ES 2 757 053 T3

Leu Asn Gln Gln Trp Gln Leu Val Gln Ile Asn  
 535 540

5

<210> 94  
 <211> 544  
 <212> PRT  
 <213> Secuencia artificial

10

<220>  
 <223> Secuencia madura con etiqueta de polihistidina

15

<220>  
 <221> mat\_peptide  
 <222> (1)..(544)

<400> 94

20

His His His His His His Pro Arg Trp Val Gly Met Pro Met Ser Lys  
 1 5 10 15

25

Leu His Val Ser Gly Asn Gln Leu Val Asn Ser Ser Gly Gln Pro Val  
 20 25 30

30

Leu Leu Ser Gly Trp His Gln Pro Ser Gly Ala Tyr Trp Thr Tyr Gln  
 35 40 45

35

Asn Ser Asn Tyr Tyr Leu Asn Gln Asn Gly Gly Asn Arg His Ala Ala  
 50 55 60

40

Ile Leu Ala Tyr Leu Lys Asp Ile Thr Asp Thr Phe Thr Ser Thr Ser  
 65 70 75 80

45

Ala Lys Tyr Gly Asn Asn His Gly Trp Tyr Met Asn Gln Val Arg Leu  
 85 90 95

50

Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met Gly Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn  
 100 105 110

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

55

Asn Tyr Ala Lys Thr Lys Gly Leu Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe  
 130 135 140

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



ES 2 757 053 T3

5 Ala Gln Phe Asn Pro Trp Asn Gly Ile Trp Asn Gly Val Thr Asn Gly  
 385 390 395 400  
 Ala Thr Tyr Lys Leu Val Asn Arg Ala Ser Ser Lys Ile Leu Glu Val  
 405 410 415  
 10 Pro Gly Gly Gln Asn Thr Asn Ala Leu Gln Leu Gln Gln Arg Ala Asp  
 420 425 430  
 15 Asn Asn Thr Thr Ala Gln Arg Trp Ile Val Thr Asp Gln Gly Thr Tyr  
 435 440 445  
 20 Asn Asn Tyr Tyr Glu Leu Arg Ser Val Ser Ser Ser Asp Asn Lys Val  
 450 455 460  
 25 Met Asp Val Arg Asn Gly Thr Lys Asn Asn Gly Glu Ala Ile Gln Leu  
 465 470 475 480  
 Met Gln Asp Leu Ser Asn Thr Ala Gln Gln Phe Arg Leu Ile Lys Leu  
 485 490 495  
 30 Ser Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Leu Asn Val Asn Ser Asn Lys Ala Ile  
 500 505 510  
 35 Glu Val Thr Gly Ser Ser Thr Ala Asp Gly Ala Asn Ile Gln Gln Asn  
 515 520 525  
 40 Leu Tyr Ser Gly Asn Leu Asn Gln Gln Trp Gln Leu Val Gln Ile Asn  
 530 535 540  
 <210> 95  
 <211> 1704  
 45 <212> ADN  
 <213> Paenibacillus sp-19179  
 <220>  
 50 <221> CDS  
 <222> (1)..(1701)  
 <220>  
 <221> sig\_peptide  
 55 <222> (1)..(93)  
 <220>

ES 2 757 053 T3

<221> mat\_peptide  
 <222> (94)..(1701)

<400> 95

5 atg aaa aga acc gga tgg acg ctc aag ctg tta ttg gcg gtg ctg ctc  
 48  
 Met Lys Arg Thr Gly Trp Thr Leu Lys Leu Leu Leu Ala Val Leu Leu  
 -30 -25 -20

10 ctg ttg ccg gca acg cag gga ctc cat cat ggc gcg gcc gat gca tgg  
 96  
 Leu Leu Pro Ala Thr Gln Gly Leu His His Gly Ala Ala Asp Ala Trp  
 -15 -10 -5 -1 1

15 tcg ggc atg ccg atg tcc aag ctt cac gtc agc ggc aac caa ctg gta  
 144  
 Ser Gly Met Pro Met Ser Lys Leu His Val Ser Gly Asn Gln Leu Val  
 5 10 15

20 aac agc gag ggg cag ccc gtt gtc ctg agc gga tgg cac cag ccc ggt  
 192  
 Asn Ser Glu Gly Gln Pro Val Val Leu Ser Gly Trp His Gln Pro Gly  
 20 25 30

25 ggc tcg tac tgg act tat cag gga agc aat tac tac ctg aac cgg aat  
 240  
 Gly Ser Tyr Trp Thr Tyr Gln Gly Ser Asn Tyr Tyr Leu Asn Arg Asn  
 35 40 45

30 ggg ggg aat cgt cat gct gcc att ttg gag tat tta aag gat att acc  
 288  
 Gly Gly Asn Arg His Ala Ala Ile Leu Glu Tyr Leu Lys Asp Ile Thr  
 50 55 60 65

35 gac aca ttc tcc gat ccc tct ccg aag tac ggc aac aat cac ggc tgg  
 336  
 Asp Thr Phe Ser Asp Pro Ser Pro Lys Tyr Gly Asn Asn His Gly Trp  
 70 75 80

40 tat atg aac cag gtt agg ctc ttt atc gac cgc gaa gac atg ggc gac  
 384  
 Tyr Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met Gly Asp  
 85 90 95

45 gtg gcg gcc gga acg tat aat ttt gcg ggc ttg cag tcc ttt acg aag  
 432  
 Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Gln Ser Phe Thr Lys  
 100 105 110

50 aat gtc gta gtg cct tat atc cag tat gcc aag acc aaa gga atc tac  
 480  
 Asn Val Val Val Pro Tyr Ile Gln Tyr Ala Lys Thr Lys Gly Ile Tyr  
 115 120 125

55 gtt acg cta ggc ctc gac ttc aca ctc cag gat aat cgg gcc acg acg  
 528  
 Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Gln Asp Asn Arg Ala Thr Thr



ES 2 757 053 T3

ttt acg gca gcc gga aac gtc agc atc gcg gtc cac atg aac ggt ttt  
 1104  
 Phe Thr Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Val His Met Asn Gly Phe  
 325 330 335  
 5  
 ctc ctt cag ccg ggg gca aga agc acg ttt gcc gat ccg acg gca ggg  
 1152  
 Leu Leu Gln Pro Gly Ala Arg Ser Thr Phe Ala Asp Pro Thr Ala Gly  
 340 345 350  
 10  
 ctg ctc tac gac ggc gat ccg gca cgg gac ggc atg gcc cgc ttt atc  
 1200  
 Leu Leu Tyr Asp Gly Asp Pro Ala Arg Asp Gly Met Ala Arg Phe Ile  
 355 360 365  
 15  
 ttc gaa tgg tac tat gaa cgt gcg cag ctt cat ccg tgg aac ggg atg  
 1248  
 Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Leu His Pro Trp Asn Gly Met  
 370 375 380 385  
 20  
 tgg aac ggg att acg tcg ggg gaa acc tat aaa atc gtg aat cgc gcc  
 1296  
 Trp Asn Gly Ile Thr Ser Gly Glu Thr Tyr Lys Ile Val Asn Arg Ala  
 390 395 400  
 25  
 tcg ggc aag gtg atc gac gtc ccc ggc ggt caa aac agt aat tca ctg  
 1344  
 Ser Gly Lys Val Ile Asp Val Pro Gly Gly Gln Asn Ser Asn Ser Leu  
 405 410 415  
 30  
 cag ctg cag caa tgg cca gac aat aac gct acg gcg cag cga tgg att  
 1392  
 Gln Leu Gln Gln Trp Pro Asp Asn Asn Ala Thr Ala Gln Arg Trp Ile  
 420 425 430  
 35  
 gcc gat gat atg gga gca tac aac aat ctg tac ccg ctt cgc agc gtc  
 1440  
 Ala Asp Asp Met Gly Ala Tyr Asn Asn Leu Tyr Arg Leu Arg Ser Val  
 435 440 445  
 40  
 agc tcg agc gac ggc aag gtg atg gat gtt aga aac ggt tcg aaa aac  
 1488  
 Ser Ser Ser Asp Gly Lys Val Met Asp Val Arg Asn Gly Ser Lys Asn  
 450 455 460 465  
 45  
 aac ggg gaa gcg ata cag ctc atg gag gat tac gga aat tcg gcg cag  
 1536  
 Asn Gly Glu Ala Ile Gln Leu Met Glu Asp Tyr Gly Asn Ser Ala Gln  
 470 475 480  
 50  
 cga ttc cgc ctg atc aag ctc agc aac gga tat tgg agc atc ctt aac  
 1584  
 Arg Phe Arg Leu Ile Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Leu Asn  
 485 490 495  
 55  
 gcg aac agc aat aaa gcc gtc gaa gtg gcg ggg ggg tcg tcc gcc gac  
 1632

ES 2 757 053 T3

Ala Asn Ser Asn Lys Ala Val Glu Val Ala Gly Gly Ser Ser Ala Asp  
500 505 510

5 ggg gcg aag ctc cag cag aac cct tat cgc ggg gat ttg cat cag caa  
1680  
Gly Ala Lys Leu Gln Gln Asn Pro Tyr Arg Gly Asp Leu His Gln Gln  
515 520 525

10 tgg cag ttg atc ctt gtg aat tga  
1704  
Trp Gln Leu Ile Leu Val Asn  
530 535

15 <210> 96  
<211> 567  
<212> PRT  
<213> Paenibacillus sp-19179

20 <400> 96

Met Lys Arg Thr Gly Trp Thr Leu Lys Leu Leu Leu Ala Val Leu Leu  
-30 -25 -20

25 Leu Leu Pro Ala Thr Gln Gly Leu His His Gly Ala Ala Asp Ala Trp  
-15 -10 -5 -1 1

30 Ser Gly Met Pro Met Ser Lys Leu His Val Ser Gly Asn Gln Leu Val  
5 10 15

35 Asn Ser Glu Gly Gln Pro Val Val Leu Ser Gly Trp His Gln Pro Gly  
20 25 30

40 Gly Ser Tyr Trp Thr Tyr Gln Gly Ser Asn Tyr Tyr Leu Asn Arg Asn  
35 40 45

Gly Gly Asn Arg His Ala Ala Ile Leu Glu Tyr Leu Lys Asp Ile Thr  
50 55 60 65

45 Asp Thr Phe Ser Asp Pro Ser Pro Lys Tyr Gly Asn Asn His Gly Trp  
70 75 80

50 Tyr Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met Gly Asp  
85 90 95

55 Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Gln Ser Phe Thr Lys  
100 105 110



ES 2 757 053 T3

Asn Val Val Val Pro Tyr Ile Gln Tyr Ala Lys Thr Lys Gly Ile Tyr  
 115 120 125

5 Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Gln Asp Asn Arg Ala Thr Thr  
 130 135 140 145

10 Gln Ala Asn Leu Glu Lys Phe Asn Gln Ile Trp Gly Tyr Leu Ala Ser  
 150 155 160

15 Gln Pro Ala Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val Met Phe Glu Ile Ile Asn  
 165 170 175

20 Glu Pro Val Leu Ser Tyr Ala Asn Gly Arg Trp Gly Gly Asn Pro Ser  
 180 185 190

25 Asp Pro Asp Phe Pro Ala Phe Trp Asp Ser Leu Arg His Phe Gln Asn  
 195 200 205

30 Ala Ala Gly Leu Gly Trp Asp Gln Tyr Tyr Gln Leu Cys Ala Thr Arg  
 210 215 220 225

35 Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Ile Gly Tyr Ala Val His Trp Tyr  
 230 235 240 245 250 255

40 Pro Gly Tyr Gly Ala Lys Asp Asn Ala Ser Ile Leu Gln Gln Gln Trp  
 260 265 270

45 Asp Thr Ser Ile Lys Pro Cys Ala Asp Asn Tyr Pro Ile Asn Ile Thr  
 275 280 285

50 Glu Thr Thr Trp Phe Lys Arg Leu Pro Gly Asp Ser Glu Tyr Trp Glu  
 290 295 300 305

55 Leu Phe Asn Gly Ser Ser Glu Gly Phe Gly Lys Asn Thr Lys Ala Ile  
 310 315 320

Phe Thr Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Val His Met Asn Gly Phe  
 325 330 335

Leu Leu Gln Pro Gly Ala Arg Ser Thr Phe Ala Asp Pro Thr Ala Gly

ES 2 757 053 T3

	340		345		350														
5	Leu	Leu	Tyr	Asp	Gly	Asp	Pro	Ala	Arg	Asp	Gly	Met	Ala	Arg	Phe	Ile			
	355						360					365							
10	Phe	Glu	Trp	Tyr	Tyr	Glu	Arg	Ala	Gln	Leu	His	Pro	Trp	Asn	Gly	Met			
	370					375					380					385			
15	Trp	Asn	Gly	Ile	Thr	Ser	Gly	Glu	Thr	Tyr	Lys	Ile	Val	Asn	Arg	Ala			
					390					395					400				
20	Ser	Gly	Lys	Val	Ile	Asp	Val	Pro	Gly	Gly	Gln	Asn	Ser	Asn	Ser	Leu			
				405					410					415					
25	Gln	Leu	Gln	Gln	Trp	Pro	Asp	Asn	Asn	Ala	Thr	Ala	Gln	Arg	Trp	Ile			
			420					425					430						
30	Ala	Asp	Asp	Met	Gly	Ala	Tyr	Asn	Asn	Leu	Tyr	Arg	Leu	Arg	Ser	Val			
	435						440					445							
35	Ser	Ser	Ser	Asp	Gly	Lys	Val	Met	Asp	Val	Arg	Asn	Gly	Ser	Lys	Asn			
	450					455					460					465			
40	Asn	Gly	Glu	Ala	Ile	Gln	Leu	Met	Glu	Asp	Tyr	Gly	Asn	Ser	Ala	Gln			
					470					475					480				
45	Arg	Phe	Arg	Leu	Ile	Lys	Leu	Ser	Asn	Gly	Tyr	Trp	Ser	Ile	Leu	Asn			
				485					490					495					
50	Ala	Asn	Ser	Asn	Lys	Ala	Val	Glu	Val	Ala	Gly	Gly	Ser	Ser	Ala	Asp			
			500					505					510						
55	Gly	Ala	Lys	Leu	Gln	Gln	Asn	Pro	Tyr	Arg	Gly	Asp	Leu	His	Gln	Gln			
	515						520					525							
	Trp	Gln	Leu	Ile	Leu	Val	Asn												
	530					535													
	<210>	97																	
	<211>	536																	
	<212>	PRT																	
55	<213>	Paenibacillus	sp-19179																

ES 2 757 053 T3

<220>  
 <221> mat\_peptide  
 <222> (1)..(536)

5 <400> 97

Trp Ser Gly Met Pro Met Ser Lys Leu His Val Ser Gly Asn Gln Leu  
 1 5 10 15

10 Val Asn Ser Glu Gly Gln Pro Val Val Leu Ser Gly Trp His Gln Pro  
 20 25 30

15 Gly Gly Ser Tyr Trp Thr Tyr Gln Gly Ser Asn Tyr Tyr Leu Asn Arg  
 35 40 45

20 Asn Gly Gly Asn Arg His Ala Ala Ile Leu Glu Tyr Leu Lys Asp Ile  
 50 55 60

25 Thr Asp Thr Phe Ser Asp Pro Ser Pro Lys Tyr Gly Asn Asn His Gly  
 65 70 75 80

Trp Tyr Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met Gly  
 85 90 95

30 Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Gln Ser Phe Thr  
 100 105 110

35 Lys Asn Val Val Val Pro Tyr Ile Gln Tyr Ala Lys Thr Lys Gly Ile  
 115 120 125

40 Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Gln Asp Asn Arg Ala Thr  
 130 135 140

45 Thr Gln Ala Asn Leu Glu Lys Phe Asn Gln Ile Trp Gly Tyr Leu Ala  
 145 150 155 160

Ser Gln Pro Ala Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val Met Phe Glu Ile Ile  
 165 170 175

50 Asn Glu Pro Val Leu Ser Tyr Ala Asn Gly Arg Trp Gly Gly Asn Pro  
 180 185 190

55 Ser Asp Pro Asp Phe Pro Ala Phe Trp Asp Ser Leu Arg His Phe Gln  
 195 200 205

ES 2 757 053 T3

Asn Ser Ile Ile Ser Thr Ile Arg Ser Gln Gly Ala Asp Asn Val Ile  
 210 215 220

5

Trp Ala Ala Gly Leu Gly Trp Asp Gln Tyr Tyr Gln Leu Cys Ala Thr  
 225 230 235 240

10

Arg Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Ile Gly Tyr Ala Val His Trp  
 245 250 255

15

Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala Lys Asp Asn Ala Ser Ile Leu Gln Gln Gln  
 260 265 270

20

Trp Asp Thr Ser Ile Lys Pro Cys Ala Asp Asn Tyr Pro Ile Asn Ile  
 275 280 285

25

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

30

Glu Leu Phe Asn Gly Ser Ser Glu Gly Phe Gly Lys Asn Thr Lys Ala  
 305 310 315 320

35

Ile Phe Thr Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Val His Met Asn Gly  
 325 330 335

40

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

45

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

50

Ile Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Leu His Pro Trp Asn Gly  
 370 375 380

55

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

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

Leu Gln Leu Gln Gln Trp Pro Asp Asn Asn Ala Thr Ala Gln Arg Trp  
 420 425 430

ES 2 757 053 T3

Ile Ala Asp Asp Met Gly Ala Tyr Asn Asn Leu Tyr Arg Leu Arg Ser  
 435 440 445

5 Val Ser Ser Ser Asp Gly Lys Val Met Asp Val Arg Asn Gly Ser Lys  
 450 455 460

10 Asn Asn Gly Glu Ala Ile Gln Leu Met Glu Asp Tyr Gly Asn Ser Ala  
 465 470 475 480

15 Gln Arg Phe Arg Leu Ile Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Leu  
 485 490 495

20 Asn Ala Asn Ser Asn Lys Ala Val Glu Val Ala Gly Gly Ser Ser Ala  
 500 505 510

25 Asp Gly Ala Lys Leu Gln Gln Asn Pro Tyr Arg Gly Asp Leu His Gln  
 515 520 525

30 <210> 98  
 <211> 1716  
 <212> ADN  
 <213> Secuencia artificial

35 <220>  
 <223> Construcción de expresión

40 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1713)

45 <220>  
 <221> sig\_peptide  
 <222> (1)..(81)

50 <220>  
 <221> mat\_peptide  
 <222> (82)..(1713)

55 <400> 98  
 atg aag aaa ccg ttg ggg aaa att gtc gca agc acc gca cta ctc att  
 48  
 Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile  
 -25 -20 -15

ES 2 757 053 T3

tct gtt gct ttt agt tca tcg ata gca tca gca cat cat cat cac cat  
 96  
 Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His His His His His  
 -10 -5 -1 1 5  
 5  
 cat cct agg tgg tcg ggc atg ccg atg tcc aag ctt cac gtc agc ggc  
 144  
 His Pro Arg Trp Ser Gly Met Pro Met Ser Lys Leu His Val Ser Gly  
 10 10 15 20  
 10  
 aac caa ctg gta aac agc gag ggg cag ccc gtt gtc ctg agc gga tgg  
 192  
 Asn Gln Leu Val Asn Ser Glu Gly Gln Pro Val Val Leu Ser Gly Trp  
 15 25 30 35  
 15  
 cac cag ccc ggt ggc tcg tac tgg act tat cag gga agc aat tac tac  
 240  
 His Gln Pro Gly Gly Ser Tyr Trp Thr Tyr Gln Gly Ser Asn Tyr Tyr  
 20 40 45 50  
 20  
 ctg aac cgg aat ggg ggg aat cgt cat gct gcc att ttg gag tat tta  
 288  
 Leu Asn Arg Asn Gly Gly Asn Arg His Ala Ala Ile Leu Glu Tyr Leu  
 25 55 60 65  
 25  
 aag gat att acc gac aca ttc tcc gat ccc tct ccg aag tac ggc aac  
 336  
 Lys Asp Ile Thr Asp Thr Phe Ser Asp Pro Ser Pro Lys Tyr Gly Asn  
 30 70 75 80 85  
 30  
 aat cac ggc tgg tat atg aac cag gtt agg ctc ttt atc gac cgc gaa  
 384  
 Asn His Gly Trp Tyr Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu  
 35 90 95 100  
 35  
 gac atg ggc gac gtg gcg gcc gga acg tat aat ttt gcg ggc ttg cag  
 432  
 Asp Met Gly Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Gln  
 40 105 110 115  
 40  
 tcc ttt acg aag aat gtc gta gtg cct tat atc cag tat gcc aag acc  
 480  
 Ser Phe Thr Lys Asn Val Val Val Pro Tyr Ile Gln Tyr Ala Lys Thr  
 45 120 125 130  
 45  
 aaa gga atc tac gtt acg cta ggc ctc gac ttc aca ctc cag gat aat  
 528  
 Lys Gly Ile Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Gln Asp Asn  
 50 135 140 145  
 50  
 cgg gcc acg acg cag gcc aat ctc gag aaa ttc aat caa atc tgg gga  
 576  
 Arg Ala Thr Thr Gln Ala Asn Leu Glu Lys Phe Asn Gln Ile Trp Gly  
 55 150 155 160 165  
 55  
 tat ctt gcc tcg caa ccg gcg atc aaa agc gcg gac aac gtt atg ttc  
 624

ES 2 757 053 T3

Tyr Leu Ala Ser Gln Pro Ala Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val Met Phe  
 170 175 180  
 gag atc att aat gaa ccg gtt ctg tcc tat gcg aac gga cgt tgg gga  
 5 672  
 Glu Ile Ile Asn Glu Pro Val Leu Ser Tyr Ala Asn Gly Arg Trp Gly  
 185 190 195  
 ggc aac cct tcc gat cct gat ttc ccg gcg ttt tgg gac tcg ctg cgc  
 10 720  
 Gly Asn Pro Ser Asp Pro Asp Phe Pro Ala Phe Trp Asp Ser Leu Arg  
 200 205 210  
 cat ttt caa aat tcc atc att tcc acg atc cgc agt caa ggg gcg gat  
 15 768  
 His Phe Gln Asn Ser Ile Ile Ser Thr Ile Arg Ser Gln Gly Ala Asp  
 215 220 225  
 aac gtg ata tgg gcc gcc ggc cta gga tgg gat caa tat tat cag cta  
 20 816  
 Asn Val Ile Trp Ala Ala Gly Leu Gly Trp Asp Gln Tyr Tyr Gln Leu  
 230 235 240 245  
 tgc gcc acc cgt ccg tta acc gat ccg ctg aac aac atc gga tac gct  
 25 864  
 Cys Ala Thr Arg Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Ile Gly Tyr Ala  
 250 255 260  
 gtc cat tgg tac ccg ggc tac gga gca aag gat aac gct tcg ata ctt  
 30 912  
 Val His Trp Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala Lys Asp Asn Ala Ser Ile Leu  
 265 270 275  
 cag cag caa tgg gat acc agc atc aag cct tgc gca gac aac tat ccg  
 35 960  
 Gln Gln Gln Trp Asp Thr Ser Ile Lys Pro Cys Ala Asp Asn Tyr Pro  
 280 285 290  
 atc aat att acg gaa acg acc tgg ttt aaa ccg ctg ccg ggt gac tcg  
 40 1008  
 Ile Asn Ile Thr Glu Thr Thr Trp Phe Lys Arg Leu Pro Gly Asp Ser  
 295 300 305  
 gag tac tgg gaa ctg ttc aac gga tcg agc gaa ggt ttc ggc aaa aac  
 45 1056  
 Glu Tyr Trp Glu Leu Phe Asn Gly Ser Ser Glu Gly Phe Gly Lys Asn  
 310 315 320 325  
 acc aaa gcc ata ttt acg gca gcc gga aac gtc agc atc gcg gtc cac  
 50 1104  
 Thr Lys Ala Ile Phe Thr Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Val His  
 330 335 340  
 atg aac ggt ttt ctc ctt cag ccg ggg gca aga agc acg ttt gcc gat  
 55 1152  
 Met Asn Gly Phe Leu Leu Gln Pro Gly Ala Arg Ser Thr Phe Ala Asp  
 345 350 355

ES 2 757 053 T3

ccg acg gca ggg ctg ctc tac gac ggc gat ccg gca cgg gac ggc atg  
 1200  
 5 Pro Thr Ala Gly Leu Leu Tyr Asp Gly Asp Pro Ala Arg Asp Gly Met  
 360 365 370

gcc cgc ttt atc ttc gaa tgg tac tat gaa cgt gcg cag ctt cat ccg  
 1248  
 10 Ala Arg Phe Ile Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Leu His Pro  
 375 380 385

tgg aac ggg atg tgg aac ggg att acg tcg ggg gaa acc tat aaa atc  
 1296  
 15 Trp Asn Gly Met Trp Asn Gly Ile Thr Ser Gly Glu Thr Tyr Lys Ile  
 390 395 400 405

gtg aat cgc gcc tcg ggc aag gtg atc gac gtc ccc ggc ggt caa aac  
 1344  
 20 Val Asn Arg Ala Ser Gly Lys Val Ile Asp Val Pro Gly Gly Gln Asn  
 410 415 420

agt aat tca ctg cag ctg cag caa tgg cca gac aat aac gct acg gcg  
 1392  
 25 Ser Asn Ser Leu Gln Leu Gln Gln Trp Pro Asp Asn Asn Ala Thr Ala  
 425 430 435

cag cga tgg att gcc gat gat atg gga gca tac aac aat ctg tac ccg  
 1440  
 30 Gln Arg Trp Ile Ala Asp Asp Met Gly Ala Tyr Asn Asn Leu Tyr Arg  
 440 445 450

ctt cgc agc gtc agc tcg agc gac ggc aag gtg atg gat gtt aga aac  
 1488  
 35 Leu Arg Ser Val Ser Ser Ser Asp Gly Lys Val Met Asp Val Arg Asn  
 455 460 465

ggt tcg aaa aac aac ggg gaa gcg ata cag ctc atg gag gat tac gga  
 1536  
 40 Gly Ser Lys Asn Asn Gly Glu Ala Ile Gln Leu Met Glu Asp Tyr Gly  
 470 475 480 485

aat tcg gcg cag cga ttc cgc ctg atc aag ctc agc aac gga tat tgg  
 1584  
 45 Asn Ser Ala Gln Arg Phe Arg Leu Ile Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Trp  
 490 495 500

agc atc ctt aac gcg aac agc aat aaa gcc gtc gaa gtg gcg ggg ggg  
 1632  
 50 Ser Ile Leu Asn Ala Asn Ser Asn Lys Ala Val Glu Val Ala Gly Gly  
 505 510 515

tcg tcc gcc gac ggg gcg aag ctc cag cag aac cct tat cgc ggg gat  
 1680  
 55 Ser Ser Ala Asp Gly Ala Lys Leu Gln Gln Asn Pro Tyr Arg Gly Asp  
 520 525 530



ES 2 757 053 T3

ttg cat cag caa tgg cag ttg atc ctt gtg aat tga  
1716

Leu His Gln Gln Trp Gln Leu Ile Leu Val Asn  
535 540

5

<210> 99

<211> 571

<212> PRT

10 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Construcción sintética

15 <400> 99

Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile  
-25 -20 -15

20

Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His His His His His  
-10 -5 -1 1 5

25

His Pro Arg Trp Ser Gly Met Pro Met Ser Lys Leu His Val Ser Gly  
10 15 20

30

Asn Gln Leu Val Asn Ser Glu Gly Gln Pro Val Val Leu Ser Gly Trp  
25 30 35

35

His Gln Pro Gly Gly Ser Tyr Trp Thr Tyr Gln Gly Ser Asn Tyr Tyr  
40 45 50

40

Leu Asn Arg Asn Gly Gly Asn Arg His Ala Ala Ile Leu Glu Tyr Leu  
55 60 65

45

Lys Asp Ile Thr Asp Thr Phe Ser Asp Pro Ser Pro Lys Tyr Gly Asn  
70 75 80 85

50

Asn His Gly Trp Tyr Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu  
90 95 100

55

Asp Met Gly Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Gln  
105 110 115

Ser Phe Thr Lys Asn Val Val Val Pro Tyr Ile Gln Tyr Ala Lys Thr  
120 125 130

Lys Gly Ile Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Gln Asp Asn

ES 2 757 053 T3

	135		140		145												
5	Arg 150	Ala	Thr	Thr	Gln	Ala 155	Asn	Leu	Glu	Lys	Phe 160	Asn	Gln	Ile	Trp	Gly 165	
10	Tyr	Leu	Ala	Ser	Gln 170	Pro	Ala	Ile	Lys	Ser 175	Ala	Asp	Asn	Val	Met	Phe 180	
15	Glu	Ile	Ile	Asn 185	Glu	Pro	Val	Leu	Ser 190	Tyr	Ala	Asn	Gly	Arg 195	Trp	Gly	
20	Gly	Asn	Pro 200	Ser	Asp	Pro	Asp	Phe 205	Pro	Ala	Phe	Trp	Asp 210	Ser	Leu	Arg	
25	His	Phe 215	Gln	Asn	Ser	Ile	Ile 220	Ser	Thr	Ile	Arg	Ser 225	Gln	Gly	Ala	Asp	
30	Asn 230	Val	Ile	Trp	Ala	Ala 235	Gly	Leu	Gly	Trp	Asp 240	Gln	Tyr	Tyr	Gln	Leu 245	
35	Cys	Ala	Thr	Arg	Pro 250	Leu	Thr	Asp	Pro	Leu 255	Asn	Asn	Ile	Gly	Tyr	Ala 260	
40	Val	His	Trp	Tyr 265	Pro	Gly	Tyr	Gly	Ala 270	Lys	Asp	Asn	Ala	Ser	Ile	Leu 275	
45	Gln	Gln	Gln	Trp	Asp	Thr	Ser	Ile 285	Lys	Pro	Cys	Ala	Asp 290	Asn	Tyr	Pro	
50	Ile	Asn 295	Ile	Thr	Glu	Thr	Thr	Trp 300	Phe	Lys	Arg	Leu 305	Pro	Gly	Asp	Ser	
55	Glu	Tyr	Trp	Glu	Leu	Phe 315	Asn	Gly	Ser	Ser	Glu 320	Gly	Phe	Gly	Lys	Asn 325	
60	Thr	Lys	Ala	Ile	Phe 330	Thr	Ala	Ala	Gly	Asn 335	Val	Ser	Ile	Ala	Val	His 340	
65	Met	Asn	Gly	Phe 345	Leu	Leu	Gln	Pro	Gly 350	Ala	Arg	Ser	Thr	Phe 355	Ala	Asp	
70	Pro	Thr	Ala 360	Gly	Leu	Leu	Tyr	Asp 365	Gly	Asp	Pro	Ala	Arg 370	Asp	Gly	Met	

ES 2 757 053 T3

Ala Arg Phe Ile Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Leu His Pro  
 375 380 385  
 5  
 Trp Asn Gly Met Trp Asn Gly Ile Thr Ser Gly Glu Thr Tyr Lys Ile  
 390 395 400 405  
 10  
 Val Asn Arg Ala Ser Gly Lys Val Ile Asp Val Pro Gly Gly Gln Asn  
 410 415 420  
 15  
 Ser Asn Ser Leu Gln Leu Gln Gln Trp Pro Asp Asn Asn Ala Thr Ala  
 425 430 435  
 20  
 Gln Arg Trp Ile Ala Asp Asp Met Gly Ala Tyr Asn Asn Leu Tyr Arg  
 440 445 450  
 25  
 Leu Arg Ser Val Ser Ser Ser Asp Gly Lys Val Met Asp Val Arg Asn  
 455 460 465  
 30  
 Gly Ser Lys Asn Asn Gly Glu Ala Ile Gln Leu Met Glu Asp Tyr Gly  
 470 475 480 485  
 35  
 Asn Ser Ala Gln Arg Phe Arg Leu Ile Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Trp  
 490 495 500  
 40  
 Ser Ile Leu Asn Ala Asn Ser Asn Lys Ala Val Glu Val Ala Gly Gly  
 505 510 515  
 45  
 Ser Ser Ala Asp Gly Ala Lys Leu Gln Gln Asn Pro Tyr Arg Gly Asp  
 520 525 530  
 50  
 Leu His Gln Gln Trp Gln Leu Ile Leu Val Asn  
 535 540  
 <210> 100  
 <211> 544  
 <212> PRT  
 <213> Secuencia artificial  
 <220>  
 <223> Secuencia madura con etiqueta de polihistidina  
 55  
 <220>  
 <221> mat\_peptide

ES 2 757 053 T3

<222> (1)..(544)

<400> 100

5 His His His His His His Pro Arg Trp Ser Gly Met Pro Met Ser Lys  
 1 5 10 15

10 Leu His Val Ser Gly Asn Gln Leu Val Asn Ser Glu Gly Gln Pro Val  
 20 25 30

15 Val Leu Ser Gly Trp His Gln Pro Gly Gly Ser Tyr Trp Thr Tyr Gln  
 35 40 45

20 Gly Ser Asn Tyr Tyr Leu Asn Arg Asn Gly Gly Asn Arg His Ala Ala  
 50 55 60

Ile Leu Glu Tyr Leu Lys Asp Ile Thr Asp Thr Phe Ser Asp Pro Ser  
 65 70 75 80

25 Pro Lys Tyr Gly Asn Asn His Gly Trp Tyr Met Asn Gln Val Arg Leu  
 85 90 95

30 Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met Gly Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn  
 100 105 110

35 Phe Ala Gly Leu Gln Ser Phe Thr Lys Asn Val Val Val Pro Tyr Ile  
 115 120 125

Gln Tyr Ala Lys Thr Lys Gly Ile Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe  
 130 135 140

40 Thr Leu Gln Asp Asn Arg Ala Thr Thr Gln Ala Asn Leu Glu Lys Phe  
 145 150 155 160

45 Asn Gln Ile Trp Gly Tyr Leu Ala Ser Gln Pro Ala Ile Lys Ser Ala  
 165 170 175

50 Asp Asn Val Met Phe Glu Ile Ile Asn Glu Pro Val Leu Ser Tyr Ala  
 180 185 190

55 Asn Gly Arg Trp Gly Gly Asn Pro Ser Asp Pro Asp Phe Pro Ala Phe  
 195 200 205

Trp Asp Ser Leu Arg His Phe Gln Asn Ser Ile Ile Ser Thr Ile Arg

ES 2 757 053 T3

	210		215		220												
5	Ser 225	Gln	Gly	Ala	Asp	Asn 230	Val	Ile	Trp	Ala	Ala 235	Gly	Leu	Gly	Trp	Asp 240	
10	Gln	Tyr	Tyr	Gln	Leu 245	Cys	Ala	Thr	Arg	Pro 250	Leu	Thr	Asp	Pro	Leu	Asn 255	
15	Asn	Ile	Gly	Tyr 260	Ala	Val	His	Trp	Tyr 265	Pro	Gly	Tyr	Gly	Ala	Lys	Asp 270	
20	Asn	Ala	Ser 275	Ile	Leu	Gln	Gln	Gln	Trp 280	Asp	Thr	Ser	Ile	Lys	Pro	Cys	
25	Ala	Asp 290	Asn	Tyr	Pro	Ile	Asn 295	Ile	Thr	Glu	Thr	Thr	Trp	Phe	Lys	Arg	
30	Leu 305	Pro	Gly	Asp	Ser	Glu 310	Tyr	Trp	Glu	Leu	Phe 315	Asn	Gly	Ser	Ser	Glu 320	
35	Gly	Phe	Gly	Lys	Asn 325	Thr	Lys	Ala	Ile	Phe 330	Thr	Ala	Ala	Gly	Asn	Val 335	
40	Ser	Ile	Ala	Val 340	His	Met	Asn	Gly	Phe 345	Leu	Leu	Gln	Pro	Gly	Ala	Arg 350	
45	Ser	Thr	Phe 355	Ala	Asp	Pro	Thr	Ala	Gly 360	Leu	Leu	Tyr	Asp 365	Gly	Asp	Pro	
50	Ala	Arg 370	Asp	Gly	Met	Ala	Arg 375	Phe	Ile	Phe	Glu	Trp	Tyr	Tyr	Glu	Arg	
55	Ala 385	Gln	Leu	His	Pro	Trp 390	Asn	Gly	Met	Trp	Asn 395	Gly	Ile	Thr	Ser	Gly 400	
60	Glu	Thr	Tyr	Lys	Ile 405	Val	Asn	Arg	Ala	Ser 410	Gly	Lys	Val	Ile	Asp	Val 415	
65	Pro	Gly	Gly	Gln	Asn	Ser	Asn	Ser	Leu 425	Gln	Leu	Gln	Gln	Trp	Pro	Asp 430	
70	Asn	Asn	Ala 435	Thr	Ala	Gln	Arg	Trp 440	Ile	Ala	Asp	Asp	Met 445	Gly	Ala	Tyr	

ES 2 757 053 T3

5 Asn Asn Leu Tyr Arg Leu Arg Ser Val Ser Ser Ser Asp Gly Lys Val  
 450 455 460  
 Met Asp Val Arg Asn Gly Ser Lys Asn Asn Gly Glu Ala Ile Gln Leu  
 465 470 475 480  
 10 Met Glu Asp Tyr Gly Asn Ser Ala Gln Arg Phe Arg Leu Ile Lys Leu  
 485 490 495  
 15 Ser Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Leu Asn Ala Asn Ser Asn Lys Ala Val  
 500 505 510  
 20 Glu Val Ala Gly Gly Ser Ser Ala Asp Gly Ala Lys Leu Gln Gln Asn  
 515 520 525  
 25 Pro Tyr Arg Gly Asp Leu His Gln Gln Trp Gln Leu Ile Leu Val Asn  
 530 535 540  
 30 <210> 101  
 <211> 1701  
 <212> ADN  
 <213> Paenibacillus sp-62332  
 35 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1698)  
 <220>  
 <221> sig\_peptide  
 <222> (1)..(90)  
 40 <220>  
 <221> mat\_peptide  
 <222> (91)..(1698)  
 45 <400> 101  
 atg aag aag att ggg aaa tgg gtc aag ctg cta gtg ctg ctg acg gtt  
 48  
 Met Lys Lys Ile Gly Lys Trp Val Lys Leu Leu Val Leu Leu Thr Val  
 50 -30 -25 -20 -15  
 ctg gcg gcc gcc gtg ctg ccg tcc ggc gcg ccg gcg agc gcc tgg tcg  
 96  
 Leu Ala Ala Ala Val Leu Pro Ser Gly Ala Pro Ala Ser Ala Trp Ser  
 55 -10 -5 -1 1

ES 2 757 053 T3

ggc atg ccg atg tcg aag ctt cgc gtc agc ggc aac cag ctc gtc aac  
 144  
 Gly Met Pro Met Ser Lys Leu Arg Val Ser Gly Asn Gln Leu Val Asn  
 5                   5                   10                   15  
 agc agc aat caa ccg gtc ttg tta agc ggg tgg cat cag ccc acg ggc  
 192  
 Ser Ser Asn Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp His Gln Pro Thr Gly  
 20                   25                   30  
 10 tcc tat tgg acc tat cag aac agc aac tac tat ttg aac cgg aac gga  
 240  
 Ser Tyr Trp Thr Tyr Gln Asn Ser Asn Tyr Tyr Leu Asn Arg Asn Gly  
 35                   40                   45                   50  
 15 ggg aac cga cac gca gcg att ctg gaa tat ttg aag gat att acc gat  
 288  
 Gly Asn Arg His Ala Ala Ile Leu Glu Tyr Leu Lys Asp Ile Thr Asp  
 55                   60                   65  
 20 act ttc aca agc aca tcg ccc aaa tac ggc aac aat cac ggc tgg tat  
 336  
 Thr Phe Thr Ser Thr Ser Pro Lys Tyr Gly Asn Asn His Gly Trp Tyr  
 70                   75                   80  
 25 atg aat cag gtc cgg ctc ttt atc gac cgg cag gat atg gga gac gtt  
 384  
 Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Gln Asp Met Gly Asp Val  
 85                   90                   95  
 30 gcc gcg gga acg tac aat ttt gcc ggt ttg cag agc gtt acg caa aac  
 432  
 Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Gln Ser Val Thr Gln Asn  
 100                   105                   110  
 35 gtc atc atc ccc tat atc gac tat gcc aga acg aaa ggg ctg tac gtc  
 480  
 Val Ile Ile Pro Tyr Ile Asp Tyr Ala Arg Thr Lys Gly Leu Tyr Val  
 115                   120                   125                   130  
 40 acg ctt ggc ctt gac ttc acg ctg cta aat gac gaa gcg acg acg cag  
 528  
 Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Leu Asn Asp Glu Ala Thr Thr Gln  
 135                   140                   145  
 45 tcc aat ctc gac aag ttt aat cag att tgg gga tac ctc gcg gcc cag  
 576  
 Ser Asn Leu Asp Lys Phe Asn Gln Ile Trp Gly Tyr Leu Ala Ala Gln  
 150                   155                   160  
 50 ccg ggc atc aag agt gcg gac aac gtc atg ttc gaa atc atc aac gaa  
 624  
 Pro Gly Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val Met Phe Glu Ile Ile Asn Glu  
 165                   170                   175  
 55 ccg gtg aag tca tat gcg aac ggg cga tgg gga gga cat cct tcg gat  
 672

ES 2 757 053 T3

Pro Val Lys Ser Tyr Ala Asn Gly Arg Trp Gly Gly His Pro Ser Asp  
 180 185 190  
 5 ccc gat ttc gtg gca ttc tgg aac tcg ctg aga acc ttc cag aac gcc  
 720  
 Pro Asp Phe Val Ala Phe Trp Asn Ser Leu Arg Thr Phe Gln Asn Ala  
 195 200 205 210  
 10 att att tcc acc att cgc aat cag ggt gcg gac aac gtg atc tgg gcg  
 768  
 Ile Ile Ser Thr Ile Arg Asn Gln Gly Ala Asp Asn Val Ile Trp Ala  
 215 220 225  
 15 gca gga ctt ggc tgg gac cag tat tat cag tta tgc gca tcg cac ccg  
 816  
 Ala Gly Leu Gly Trp Asp Gln Tyr Tyr Gln Leu Cys Ala Ser His Pro  
 230 235 240  
 20 ctt acg gat ccg ctg aac aat ctc ggg tat gcc gtt cac tgg tat ccg  
 864  
 Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Leu Gly Tyr Ala Val His Trp Tyr Pro  
 245 250 255  
 25 ggc tat ggg gca aac gac aac aat tcg gtt ttg cag cag cag tgg aat  
 912  
 Gly Tyr Gly Ala Asn Asp Asn Asn Ser Val Leu Gln Gln Gln Trp Asn  
 260 265 270  
 30 acg aac atc aaa cct tgc gcc gat cac ttt ccg att aac att aca gag  
 960  
 Thr Asn Ile Lys Pro Cys Ala Asp His Phe Pro Ile Asn Ile Thr Glu  
 275 280 285 290  
 35 aca acg tgg ttc aag tgg ctt ccg gga gat tct tcc tat tgg aac ttg  
 1008  
 Thr Thr Trp Phe Lys Trp Leu Pro Gly Asp Ser Ser Tyr Trp Asn Leu  
 295 300 305  
 40 ttc aac ggc tcg aac gag ggc ttc ggc aaa aac aca aaa gcg atc ttc  
 1056  
 Phe Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Lys Asn Thr Lys Ala Ile Phe  
 310 315 320  
 45 aca gcg gcg gga aat gtc agc att gcc gtg cat atg aac ggt ttc ttg  
 1104  
 Thr Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Val His Met Asn Gly Phe Leu  
 325 330 335  
 50 ctg gag ccc ggc aca aga agc tcg ttc gcg gac ccg acc gcc ggc ttg  
 1152  
 Leu Glu Pro Gly Thr Arg Ser Ser Phe Ala Asp Pro Thr Ala Gly Leu  
 340 345 350  
 55 aag ttt gac ggc aat gca gcg cgt gac ggg atg gcc cgc ttt atc ttc  
 1200  
 Lys Phe Asp Gly Asn Ala Ala Arg Asp Gly Met Ala Arg Phe Ile Phe  
 355 360 365 370



ES 2 757 053 T3

5 gaa tgg tat tac gaa cgg gcg cag atg tac ccg tgg aac ggc ata tgg  
 1248  
 Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Met Tyr Pro Trp Asn Gly Ile Trp  
 375 380 385

10 aac ggc att tca tcc ggc aca acc tac aag atc gtg aac cgg cat tcg  
 1296  
 Asn Gly Ile Ser Ser Gly Thr Thr Tyr Lys Ile Val Asn Arg His Ser  
 390 395 400

15 ggc aaa gtc atc gac gtt ccc ggc ggc cag aac aac aac gca ctg cag  
 1344  
 Gly Lys Val Ile Asp Val Pro Gly Gly Gln Asn Asn Asn Ala Leu Gln  
 405 410 415

20 ctc caa caa tgg gcc gac ctt cat act tcg gcg cag cgg tgg gtc gtt  
 1392  
 Leu Gln Gln Trp Ala Asp Leu His Thr Ser Ala Gln Arg Trp Val Val  
 420 425 430

25 gac gat atg gga agt tcc act aat gta tac cga ttg cgg agt gtg agc  
 1440  
 Asp Asp Met Gly Ser Ser Thr Asn Val Tyr Arg Leu Arg Ser Val Ser  
 435 440 445 450

30 tca tcc gac aac aaa gtg atg gat gta cga aac ggg acg ata aac aac  
 1488  
 Ser Ser Asp Asn Lys Val Met Asp Val Arg Asn Gly Thr Ile Asn Asn  
 455 460 465

35 ggg gaa gcg atc cag ctt atg cag gat ttc ggc aat acc gcc caa cgg  
 1536  
 Gly Glu Ala Ile Gln Leu Met Gln Asp Phe Gly Asn Thr Ala Gln Arg  
 470 475 480

40 ttc cga ttg atc agg ctc agc aac gga tat tgg agc atc atc aat ata  
 1584  
 Phe Arg Leu Ile Arg Leu Ser Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Ile Asn Ile  
 485 490 495

45 aac agc aac aaa gcg gtt gaa gtc tcc ggc tcc tcg aca gcg gac gga  
 1632  
 Asn Ser Asn Lys Ala Val Glu Val Ser Gly Ser Ser Thr Ala Asp Gly  
 500 505 510

50 gcg aat ctg cag caa aat cct tac cgt ggc gat cat cat cag caa tgg  
 1680  
 Ala Asn Leu Gln Gln Asn Pro Tyr Arg Gly Asp His His Gln Gln Trp  
 515 520 525 530

55 caa ttg atc gca gtg aat taa  
 1701  
 Gln Leu Ile Ala Val Asn  
 535

ES 2 757 053 T3

<210> 102  
 <211> 566  
 <212> PRT  
 <213> Paenibacillus sp-62332

5

<400> 102

Met Lys Lys Ile Gly Lys Trp Val Lys Leu Leu Val Leu Leu Thr Val  
 -30 -25 -20 -15

10

Leu Ala Ala Ala Val Leu Pro Ser Gly Ala Pro Ala Ser Ala Trp Ser  
 -10 -5 -1 1

15

Gly Met Pro Met Ser Lys Leu Arg Val Ser Gly Asn Gln Leu Val Asn  
 5 10 15

20

Ser Ser Asn Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp His Gln Pro Thr Gly  
 20 25 30

25

Ser Tyr Trp Thr Tyr Gln Asn Ser Asn Tyr Tyr Leu Asn Arg Asn Gly  
 35 40 45 50

30

Gly Asn Arg His Ala Ala Ile Leu Glu Tyr Leu Lys Asp Ile Thr Asp  
 55 60 65

35

Thr Phe Thr Ser Thr Ser Pro Lys Tyr Gly Asn Asn His Gly Trp Tyr  
 70 75 80

40

Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Gln Asp Met Gly Asp Val  
 85 90 95

45

Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Gln Ser Val Thr Gln Asn  
 100 105 110

Val Ile Ile Pro Tyr Ile Asp Tyr Ala Arg Thr Lys Gly Leu Tyr Val  
 115 120 125 130

50

Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Leu Asn Asp Glu Ala Thr Thr Gln  
 135 140 145

Ser Asn Leu Asp Lys Phe Asn Gln Ile Trp Gly Tyr Leu Ala Ala Gln  
 150 155 160

55

Pro Gly Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val Met Phe Glu Ile Ile Asn Glu  
 165 170 175

ES 2 757 053 T3

5 Pro Val Lys Ser Tyr Ala Asn Gly Arg Trp Gly Gly His Pro Ser Asp  
 180 185 190

10 Pro Asp Phe Val Ala Phe Trp Asn Ser Leu Arg Thr Phe Gln Asn Ala  
 195 200 205 210

15 Ile Ile Ser Thr Ile Arg Asn Gln Gly Ala Asp Asn Val Ile Trp Ala  
 215 220 225

20 Ala Gly Leu Gly Trp Asp Gln Tyr Tyr Gln Leu Cys Ala Ser His Pro  
 230 235 240

25 Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Leu Gly Tyr Ala Val His Trp Tyr Pro  
 245 250 255

30 Gly Tyr Gly Ala Asn Asp Asn Asn Ser Val Leu Gln Gln Gln Trp Asn  
 260 265 270

35 Thr Asn Ile Lys Pro Cys Ala Asp His Phe Pro Ile Asn Ile Thr Glu  
 275 280 285 290

40 Thr Thr Trp Phe Lys Trp Leu Pro Gly Asp Ser Ser Tyr Trp Asn Leu  
 295 300 305

45 Phe Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Lys Asn Thr Lys Ala Ile Phe  
 310 315 320

50 Thr Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Val His Met Asn Gly Phe Leu  
 325 330 335

55 Leu Glu Pro Gly Thr Arg Ser Ser Phe Ala Asp Pro Thr Ala Gly Leu  
 340 345 350

60 Lys Phe Asp Gly Asn Ala Ala Arg Asp Gly Met Ala Arg Phe Ile Phe  
 355 360 365 370

65 Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Met Tyr Pro Trp Asn Gly Ile Trp  
 375 380 385

70 Asn Gly Ile Ser Ser Gly Thr Thr Tyr Lys Ile Val Asn Arg His Ser  
 390 395 400

ES 2 757 053 T3

Gly Lys Val Ile Asp Val Pro Gly Gly Gln Asn Asn Asn Ala Leu Gln  
 405 410 415  
 5  
 Leu Gln Gln Trp Ala Asp Leu His Thr Ser Ala Gln Arg Trp Val Val  
 420 425 430  
 10  
 Asp Asp Met Gly Ser Ser Thr Asn Val Tyr Arg Leu Arg Ser Val Ser  
 435 440 445 450  
 15  
 Ser Ser Asp Asn Lys Val Met Asp Val Arg Asn Gly Thr Ile Asn Asn  
 455 460 465  
 20  
 Gly Glu Ala Ile Gln Leu Met Gln Asp Phe Gly Asn Thr Ala Gln Arg  
 470 475 480  
 Phe Arg Leu Ile Arg Leu Ser Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Ile Asn Ile  
 485 490 495  
 25  
 Asn Ser Asn Lys Ala Val Glu Val Ser Gly Ser Ser Thr Ala Asp Gly  
 500 505 510  
 30  
 Ala Asn Leu Gln Gln Asn Pro Tyr Arg Gly Asp His His Gln Gln Trp  
 515 520 525 530  
 35  
 Gln Leu Ile Ala Val Asn  
 535  
 <210> 103  
 <211> 536  
 40 <212> PRT  
 <213> Paenibacillus sp-62332  
 <220>  
 45 <221> mat\_peptide  
 <222> (1)..(536)  
 <400> 103  
 50 Trp Ser Gly Met Pro Met Ser Lys Leu Arg Val Ser Gly Asn Gln Leu  
 1 5 10 15  
 55 Val Asn Ser Ser Asn Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp His Gln Pro  
 20 25 30

ES 2 757 053 T3

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

ES 2 757 053 T3

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

ES 2 757 053 T3

Asn Ile Asn Ser Asn Lys Ala Val Glu Val Ser Gly Ser Ser Thr Ala  
 500 505 510  
 5  
 Asp Gly Ala Asn Leu Gln Gln Asn Pro Tyr Arg Gly Asp His His Gln  
 515 520 525  
 10  
 Gln Trp Gln Leu Ile Ala Val Asn  
 530 535  
 15 <210> 104  
 <211> 1716  
 <212> ADN  
 <213> Secuencia artificial  
 20 <220>  
 <223> Construcción de expresión  
 <220>  
 25 <221> CDS  
 <222> (1)..(1713)  
 <220>  
 <221> sig\_peptide  
 30 <222> (1)..(81)  
 <220>  
 <221> mat\_peptide  
 <222> (82)..(1713)  
 35 <400> 104  
 atg aag aaa ccg ttg ggg aaa att gtc gca agc acc gca cta ctc att  
 48  
 40 Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile  
 -25 -20 -15  
 tct gtt gct ttt agt tca tcg ata gca tca gca cat cat cat cac cat  
 96  
 45 Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His His His His His  
 -10 -5 -1 1 5  
 cat cct agg tgg tcg ggc atg ccg atg tcg aag ctt cgc gtc agc ggc  
 144  
 50 His Pro Arg Trp Ser Gly Met Pro Met Ser Lys Leu Arg Val Ser Gly  
 10 15 20  
 aac cag ctc gtc aac agc agc aat caa ccg gtc ttg tta agc ggg tgg  
 192  
 55 Asn Gln Leu Val Asn Ser Ser Asn Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp  
 25 30 35

ES 2 757 053 T3

cat cag ccc acg ggc tcc tat tgg acc tat cag aac agc aac tac tat  
 240  
 His Gln Pro Thr Gly Ser Tyr Trp Thr Tyr Gln Asn Ser Asn Tyr Tyr  
 40 45 50  
 5  
 ttg aac cgg aac gga ggg aac cga cac gca gcg att ctg gaa tat ttg  
 288  
 Leu Asn Arg Asn Gly Gly Asn Arg His Ala Ala Ile Leu Glu Tyr Leu  
 55 60 65  
 10  
 aag gat att acc gat act ttc aca agc aca tcg ccc aaa tac ggc aac  
 336  
 Lys Asp Ile Thr Asp Thr Phe Thr Ser Thr Ser Pro Lys Tyr Gly Asn  
 70 75 80 85  
 15  
 aat cac ggc tgg tat atg aat cag gtc cgg ctc ttt atc gac cgg cag  
 384  
 Asn His Gly Trp Tyr Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Gln  
 90 95 100  
 20  
 gat atg gga gac gtt gcc gcg gga acg tac aat ttt gcc ggt ttg cag  
 432  
 Asp Met Gly Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Gln  
 105 110 115  
 25  
 agc gtt acg caa aac gtc atc atc ccc tat atc gac tat gcc aga acg  
 480  
 Ser Val Thr Gln Asn Val Ile Ile Pro Tyr Ile Asp Tyr Ala Arg Thr  
 120 125 130  
 30  
 aaa ggg ctg tac gtc acg ctt ggc ctt gac ttc acg ctg cta aat gac  
 528  
 Lys Gly Leu Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Leu Asn Asp  
 135 140 145  
 35  
 gaa gcg acg acg cag tcc aat ctc gac aag ttt aat cag att tgg gga  
 576  
 Glu Ala Thr Thr Gln Ser Asn Leu Asp Lys Phe Asn Gln Ile Trp Gly  
 150 155 160 165  
 40  
 tac ctc gcg gcc cag ccg ggc atc aag agt gcg gac aac gtc atg ttc  
 624  
 Tyr Leu Ala Ala Gln Pro Gly Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val Met Phe  
 170 175 180  
 45  
 gaa atc atc aac gaa ccg gtg aag tca tat gcg aac ggg cga tgg gga  
 672  
 Glu Ile Ile Asn Glu Pro Val Lys Ser Tyr Ala Asn Gly Arg Trp Gly  
 185 190 195  
 50  
 gga cat cct tcg gat ccc gat ttc gtg gca ttc tgg aac tcg ctg aga  
 720  
 Gly His Pro Ser Asp Pro Asp Phe Val Ala Phe Trp Asn Ser Leu Arg  
 200 205 210  
 55  
 acc ttc cag aac gcc att att tcc acc att cgc aat cag ggt gcg gac  
 768



ES 2 757 053 T3

Thr Phe Gln Asn Ala Ile Ile Ser Thr Ile Arg Asn Gln Gly Ala Asp  
 215 220 225  
 5 aac gtg atc tgg gcg gca gga ctt ggc tgg gac cag tat tat cag tta  
 816  
 Asn Val Ile Trp Ala Ala Gly Leu Gly Trp Asp Gln Tyr Tyr Gln Leu  
 230 235 240 245  
 10 tgc gca tcg cac ccg ctt acg gat ccg ctg aac aat ctc ggg tat gcc  
 864  
 Cys Ala Ser His Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Leu Gly Tyr Ala  
 250 255 260  
 15 gtt cac tgg tat ccg ggc tat ggg gca aac gac aac aat tcg gtt ttg  
 912  
 Val His Trp Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala Asn Asp Asn Asn Ser Val Leu  
 265 270 275  
 20 cag cag cag tgg aat acg aac atc aaa cct tgc gcc gat cac ttt ccg  
 960  
 Gln Gln Gln Trp Asn Thr Asn Ile Lys Pro Cys Ala Asp His Phe Pro  
 280 285 290  
 25 att aac att aca gag aca acg tgg ttc aag tgg ctt ccg gga gat tct  
 1008  
 Ile Asn Ile Thr Glu Thr Thr Trp Phe Lys Trp Leu Pro Gly Asp Ser  
 295 300 305  
 30 tcc tat tgg aac ttg ttc aac ggc tcg aac gag ggc ttc ggc aaa aac  
 1056  
 Ser Tyr Trp Asn Leu Phe Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Lys Asn  
 310 315 320 325  
 35 aca aaa gcg atc ttc aca gcg gcg gga aat gtc agc att gcc gtg cat  
 1104  
 Thr Lys Ala Ile Phe Thr Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Val His  
 330 335 340  
 40 atg aac ggt ttc ttg ctg gag ccc ggc aca aga agc tcg ttc gcg gac  
 1152  
 Met Asn Gly Phe Leu Leu Glu Pro Gly Thr Arg Ser Ser Phe Ala Asp  
 345 350 355  
 45 ccg acc gcc ggc ttg aag ttt gac ggc aat gca gcg cgt gac ggg atg  
 1200  
 Pro Thr Ala Gly Leu Lys Phe Asp Gly Asn Ala Ala Arg Asp Gly Met  
 360 365 370  
 50 gcc cgc ttt atc ttc gaa tgg tat tac gaa cgg gcg cag atg tac ccg  
 1248  
 Ala Arg Phe Ile Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Met Tyr Pro  
 375 380 385  
 55 tgg aac ggc ata tgg aac ggc att tca tcc ggc aca acc tac aag atc  
 1296  
 Trp Asn Gly Ile Trp Asn Gly Ile Ser Ser Gly Thr Thr Tyr Lys Ile  
 390 395 400 405

ES 2 757 053 T3

gtg aac cgg cat tcg ggc aaa gtc atc gac gtt ccc ggc ggc cag aac  
1344  
Val Asn Arg His Ser Gly Lys Val Ile Asp Val Pro Gly Gly Gln Asn  
5 410 415 420

aac aac gca ctg cag ctc caa caa tgg gcc gac ctt cat act tcg gcg  
1392  
Asn Asn Ala Leu Gln Leu Gln Gln Trp Ala Asp Leu His Thr Ser Ala  
10 425 430 435

cag cgg tgg gtc gtt gac gat atg gga agt tcc act aat gta tac cga  
1440  
Gln Arg Trp Val Val Asp Asp Met Gly Ser Ser Thr Asn Val Tyr Arg  
15 440 445 450

ttg cgg agt gtg agc tca tcc gac aac aaa gtg atg gat gta cga aac  
1488  
Leu Arg Ser Val Ser Ser Ser Asp Asn Lys Val Met Asp Val Arg Asn  
20 455 460 465

ggg acg ata aac aac ggg gaa gcg atc cag ctt atg cag gat ttc ggc  
1536  
Gly Thr Ile Asn Asn Gly Glu Ala Ile Gln Leu Met Gln Asp Phe Gly  
25 470 475 480 485

aat acc gcc caa cgg ttc cga ttg atc agg ctc agc aac gga tat tgg  
1584  
Asn Thr Ala Gln Arg Phe Arg Leu Ile Arg Leu Ser Asn Gly Tyr Trp  
30 490 495 500

agc atc atc aat ata aac agc aac aaa gcg gtt gaa gtc tcc ggc tcc  
1632  
Ser Ile Ile Asn Ile Asn Ser Asn Lys Ala Val Glu Val Ser Gly Ser  
35 505 510 515

tcg aca gcg gac gga gcg aat ctg cag caa aat cct tac cgt ggc gat  
1680  
Ser Thr Ala Asp Gly Ala Asn Leu Gln Gln Asn Pro Tyr Arg Gly Asp  
40 520 525 530

cat cat cag caa tgg caa ttg atc gca gtg aat taa  
1716  
His His Gln Gln Trp Gln Leu Ile Ala Val Asn  
45 535 540

<210> 105  
<211> 571  
50 <212> PRT  
<213> Secuencia artificial

<220>  
<223> Construcción sintética  
55

<400> 105

ES 2 757 053 T3

Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile  
 -25 -20 -15

5 Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His His His His His  
 -10 -5 -1 1 5

10 His Pro Arg Trp Ser Gly Met Pro Met Ser Lys Leu Arg Val Ser Gly  
 10 15 20

15 Asn Gln Leu Val Asn Ser Ser Asn Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp  
 25 30 35

20 His Gln Pro Thr Gly Ser Tyr Trp Thr Tyr Gln Asn Ser Asn Tyr Tyr  
 40 45 50

Leu Asn Arg Asn Gly Gly Asn Arg His Ala Ala Ile Leu Glu Tyr Leu  
 55 60 65

25 Lys Asp Ile Thr Asp Thr Phe Thr Ser Thr Ser Pro Lys Tyr Gly Asn  
 70 75 80 85

30 Asn His Gly Trp Tyr Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Gln  
 90 95 100

35 Asp Met Gly Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Gln  
 105 110 115

Ser Val Thr Gln Asn Val Ile Ile Pro Tyr Ile Asp Tyr Ala Arg Thr  
 120 125 130

40 Lys Gly Leu Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Leu Asn Asp  
 135 140 145

45 Glu Ala Thr Thr Gln Ser Asn Leu Asp Lys Phe Asn Gln Ile Trp Gly  
 150 155 160 165

50 Tyr Leu Ala Ala Gln Pro Gly Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val Met Phe  
 170 175 180

55 Glu Ile Ile Asn Glu Pro Val Lys Ser Tyr Ala Asn Gly Arg Trp Gly  
 185 190 195

Gly His Pro Ser Asp Pro Asp Phe Val Ala Phe Trp Asn Ser Leu Arg

ES 2 757 053 T3

		200						205								210
5	Thr	Phe 215	Gln	Asn	Ala	Ile	Ile 220	Ser	Thr	Ile	Arg	Asn 225	Gln	Gly	Ala	Asp
10	Asn 230	Val	Ile	Trp	Ala	Ala 235	Gly	Leu	Gly	Trp	Asp 240	Gln	Tyr	Tyr	Gln	Leu 245
15	Cys	Ala	Ser	His	Pro 250	Leu	Thr	Asp	Pro	Leu 255	Asn	Asn	Leu	Gly	Tyr 260	Ala
20	Val	His	Trp	Tyr 265	Pro	Gly	Tyr	Gly	Ala 270	Asn	Asp	Asn	Asn	Ser	Val	Leu
25	Gln	Gln	Gln 280	Trp	Asn	Thr	Asn	Ile 285	Lys	Pro	Cys	Ala	Asp 290	His	Phe	Pro
30	Ile	Asn 295	Ile	Thr	Glu	Thr	Thr 300	Trp	Phe	Lys	Trp	Leu 305	Pro	Gly	Asp	Ser
35	Ser 310	Tyr	Trp	Asn	Leu	Phe 315	Asn	Gly	Ser	Asn	Glu 320	Gly	Phe	Gly	Lys	Asn 325
40	Thr	Lys	Ala	Ile	Phe 330	Thr	Ala	Ala	Gly	Asn 335	Val	Ser	Ile	Ala	Val	His 340
45	Met	Asn	Gly	Phe 345	Leu	Leu	Glu	Pro	Gly 350	Thr	Arg	Ser	Ser	Phe	Ala	Asp 355
50	Pro	Thr	Ala 360	Gly	Leu	Lys	Phe	Asp 365	Gly	Asn	Ala	Ala	Arg 370	Asp	Gly	Met
55	Ala	Arg 375	Phe	Ile	Phe	Glu	Trp 380	Tyr	Tyr	Glu	Arg	Ala 385	Gln	Met	Tyr	Pro
60	Trp 390	Asn	Gly	Ile	Trp	Asn 395	Gly	Ile	Ser	Ser	Gly 400	Thr	Thr	Tyr	Lys	Ile 405
65	Val	Asn	Arg	His	Ser 410	Gly	Lys	Val	Ile	Asp 415	Val	Pro	Gly	Gly	Gln	Asn 420
70	Asn	Asn	Ala	Leu	Gln 425	Leu	Gln	Gln	Trp 430	Ala	Asp	Leu	His	Thr 435	Ser	Ala

ES 2 757 053 T3

5 Gln Arg Trp Val Val Asp Asp Met Gly Ser Ser Thr Asn Val Tyr Arg  
 440 445 450

10 Leu Arg Ser Val Ser Ser Ser Asp Asn Lys Val Met Asp Val Arg Asn  
 455 460 465

15 Gly Thr Ile Asn Asn Gly Glu Ala Ile Gln Leu Met Gln Asp Phe Gly  
 470 475 480

20 Asn Thr Ala Gln Arg Phe Arg Leu Ile Arg Leu Ser Asn Gly Tyr Trp  
 490 495 500

25 Ser Ile Ile Asn Ile Asn Ser Asn Lys Ala Val Glu Val Ser Gly Ser  
 505 510 515

30 Ser Thr Ala Asp Gly Ala Asn Leu Gln Gln Asn Pro Tyr Arg Gly Asp  
 520 525 530

35 His His Gln Gln Trp Gln Leu Ile Ala Val Asn  
 535 540

40 <210> 106  
 <211> 544  
 <212> PRT  
 <213> Secuencia artificial

45 <220>  
 <223> Secuencia madura con etiqueta de polihistidina

50 <220>  
 <221> mat\_peptide  
 <222> (1)..(544)  
 <400> 106

55 His His His His His His Pro Arg Trp Ser Gly Met Pro Met Ser Lys  
 1 5 10 15

60 Leu Arg Val Ser Gly Asn Gln Leu Val Asn Ser Ser Asn Gln Pro Val  
 20 25 30

65 Leu Leu Ser Gly Trp His Gln Pro Thr Gly Ser Tyr Trp Thr Tyr Gln  
 35 40 45

ES 2 757 053 T3

Asn Ser Asn Tyr Tyr Leu Asn Arg Asn Gly Gly Asn Arg His Ala Ala  
 50 55 60

5 Ile Leu Glu Tyr Leu Lys Asp Ile Thr Asp Thr Phe Thr Ser Thr Ser  
 65 70 75 80

10 Pro Lys Tyr Gly Asn Asn His Gly Trp Tyr Met Asn Gln Val Arg Leu  
 85 90 95

15 Phe Ile Asp Arg Gln Asp Met Gly Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn  
 100 105 110

Phe Ala Gly Leu Gln Ser Val Thr Gln Asn Val Ile Ile Pro Tyr Ile  
 115 120 125

20 Asp Tyr Ala Arg Thr Lys Gly Leu Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe  
 130 135 140

25 Thr Leu Leu Asn Asp Glu Ala Thr Thr Gln Ser Asn Leu Asp Lys Phe  
 145 150 155 160

30 Asn Gln Ile Trp Gly Tyr Leu Ala Ala Gln Pro Gly Ile Lys Ser Ala  
 165 170 175

35 Asp Asn Val Met Phe Glu Ile Ile Asn Glu Pro Val Lys Ser Tyr Ala  
 180 185 190

Asn Gly Arg Trp Gly Gly His Pro Ser Asp Pro Asp Phe Val Ala Phe  
 195 200 205

40 Trp Asn Ser Leu Arg Thr Phe Gln Asn Ala Ile Ile Ser Thr Ile Arg  
 210 215 220

45 Asn Gln Gly Ala Asp Asn Val Ile Trp Ala Ala Gly Leu Gly Trp Asp  
 225 230 235 240

50 Gln Tyr Tyr Gln Leu Cys Ala Ser His Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn  
 245 250 255

55 Asn Leu Gly Tyr Ala Val His Trp Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala Asn Asp  
 260 265 270

Asn Asn Ser Val Leu Gln Gln Gln Trp Asn Thr Asn Ile Lys Pro Cys

ES 2 757 053 T3

	275		280		285												
5	Ala	Asp	His	Phe	Pro	Ile	Asn	Ile	Thr	Glu	Thr	Thr	Trp	Phe	Lys	Trp	
	290						295					300					
10	Leu	Pro	Gly	Asp	Ser	Ser	Tyr	Trp	Asn	Leu	Phe	Asn	Gly	Ser	Asn	Glu	
	305					310					315					320	
15	Gly	Phe	Gly	Lys	Asn	Thr	Lys	Ala	Ile	Phe	Thr	Ala	Ala	Gly	Asn	Val	
					325					330					335		
20	Ser	Ile	Ala	Val	His	Met	Asn	Gly	Phe	Leu	Leu	Glu	Pro	Gly	Thr	Arg	
				340					345					350			
25	Ser	Ser	Phe	Ala	Asp	Pro	Thr	Ala	Gly	Leu	Lys	Phe	Asp	Gly	Asn	Ala	
			355					360					365				
30	Ala	Arg	Asp	Gly	Met	Ala	Arg	Phe	Ile	Phe	Glu	Trp	Tyr	Tyr	Glu	Arg	
	370						375					380					
35	Ala	Gln	Met	Tyr	Pro	Trp	Asn	Gly	Ile	Trp	Asn	Gly	Ile	Ser	Ser	Gly	
	385					390					395					400	
40	Thr	Thr	Tyr	Lys	Ile	Val	Asn	Arg	His	Ser	Gly	Lys	Val	Ile	Asp	Val	
					405					410					415		
45	Pro	Gly	Gly	Gln	Asn	Asn	Asn	Ala	Leu	Gln	Leu	Gln	Gln	Trp	Ala	Asp	
				420					425					430			
50	Leu	His	Thr	Ser	Ala	Gln	Arg	Trp	Val	Val	Asp	Asp	Met	Gly	Ser	Ser	
			435					440					445				
55	Thr	Asn	Val	Tyr	Arg	Leu	Arg	Ser	Val	Ser	Ser	Ser	Asp	Asn	Lys	Val	
	450						455						460				
60	Met	Asp	Val	Arg	Asn	Gly	Thr	Ile	Asn	Asn	Gly	Glu	Ala	Ile	Gln	Leu	
	465					470					475					480	
65	Met	Gln	Asp	Phe	Gly	Asn	Thr	Ala	Gln	Arg	Phe	Arg	Leu	Ile	Arg	Leu	
				485						490					495		
70	Ser	Asn	Gly	Tyr	Trp	Ser	Ile	Ile	Asn	Ile	Asn	Ser	Asn	Lys	Ala	Val	
			500						505					510			

ES 2 757 053 T3

Glu Val Ser Gly Ser Ser Thr Ala Asp Gly Ala Asn Leu Gln Gln Asn  
 515 520 525  
 5

Pro Tyr Arg Gly Asp His His Gln Gln Trp Gln Leu Ile Ala Val Asn  
 530 535 540

10  
 <210> 107  
 <211> 1698  
 <212> ADN  
 <213> Paenibacillus sp-62248

15  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1695)

20  
 <220>  
 <221> sig\_peptide  
 <222> (1)..(87)

25  
 <220>  
 <221> mat\_peptide  
 <222> (88)..(1695)

<400> 107

30 atg aag agg ttt ggc atg gcg atc aag ctg ttg gtg ctc atg gtg ttg  
 48  
 Met Lys Arg Phe Gly Met Ala Ile Lys Leu Leu Val Leu Met Val Leu  
 -25 -20 -15

35 atg gca gcg ccg ctg ctt agc gcg ggt cct gcc gaa gcg tgg acg ggc  
 96  
 Met Ala Ala Pro Leu Leu Ser Ala Gly Pro Ala Glu Ala Trp Thr Gly  
 -10 -5 -1 1

40 atg ccg atg tcc aag ctg cgc gtg agc ggc aat cag ctg gtg aac ggc  
 144  
 Met Pro Met Ser Lys Leu Arg Val Ser Gly Asn Gln Leu Val Asn Gly  
 5 10 15

45 agc ggg cag ccc gtg ctg ctg agc ggc tgg cac cag ccg aca ggg gcg  
 192  
 Ser Gly Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp His Gln Pro Thr Gly Ala  
 20 25 30 35

50 tat tgg acg tat cag aac agc agc tat tat ttg aac cag caa ggc ggc  
 240  
 Tyr Trp Thr Tyr Gln Asn Ser Ser Tyr Tyr Leu Asn Gln Gln Gly Gly  
 40 45 50

55 aat cgc cat gcc gcg att ttg gcg tac ttg aag gat att acg gat acg  
 288  
 Asn Arg His Ala Ala Ile Leu Ala Tyr Leu Lys Asp Ile Thr Asp Thr



ES 2 757 053 T3

		55		60		65											
		ttc	acg	agc	acg	tcg	gcc	aag	tac	ggc	aat	aac	cac	ggc	tgg	tat	atg
		336															
5	Phe	Thr	Ser	Thr	Ser	Ala	Lys	Tyr	Gly	Asn	Asn	His	Gly	Trp	Tyr	Met	
			70					75					80				
		aat	cag	gtg	cgc	ctg	ttc	atc	gac	cgg	gaa	gac	atg	ggc	gat	gtc	gcg
		384															
10	Asn	Gln	Val	Arg	Leu	Phe	Ile	Asp	Arg	Glu	Asp	Met	Gly	Asp	Val	Ala	
		85					90					95					
		gcg	ggt	acg	tat	aat	ttc	gcg	ggc	ttg	cag	gcc	gtc	acg	cag	aac	gtg
		432															
15	Ala	Gly	Thr	Tyr	Asn	Phe	Ala	Gly	Leu	Gln	Ala	Val	Thr	Gln	Asn	Val	
		100				105					110					115	
		atc	atc	ccg	tat	atc	gcc	tat	gcc	aag	acg	aaa	ggg	ctt	tat	gtg	acg
		480															
20	Ile	Ile	Pro	Tyr	Ile	Ala	Tyr	Ala	Lys	Thr	Lys	Gly	Leu	Tyr	Val	Thr	
					120					125					130		
		ctg	ggc	ctt	gat	ttc	acc	ctg	cag	aat	aat	caa	gcg	acc	acg	aca	gcc
		528															
25	Leu	Gly	Leu	Asp	Phe	Thr	Leu	Gln	Asn	Asn	Gln	Ala	Thr	Thr	Thr	Ala	
				135					140					145			
		aat	ctg	gac	aaa	ttc	aat	cag	atc	tgg	ggc	tat	ctt	gcc	tcg	cag	ccg
		576															
30	Asn	Leu	Asp	Lys	Phe	Asn	Gln	Ile	Trp	Gly	Tyr	Leu	Ala	Ser	Gln	Pro	
			150					155					160				
		gcc	atc	aag	agc	gcg	gac	aac	gtc	atg	ttc	gag	ctc	gtc	aac	gag	ccc
		624															
35	Ala	Ile	Lys	Ser	Ala	Asp	Asn	Val	Met	Phe	Glu	Leu	Val	Asn	Glu	Pro	
		165					170					175					
		gtg	ttg	tcg	tat	gcg	aac	ggc	gga	tgg	ggc	ggt	aat	ccg	atc	gaa	tcc
		672															
40	Val	Leu	Ser	Tyr	Ala	Asn	Gly	Gly	Trp	Gly	Gly	Asn	Pro	Ile	Glu	Ser	
		180				185					190					195	
		gat	ttc	gtc	gcc	cat	tgg	aac	gcg	ctg	cgg	gat	ttc	cag	aac	tcc	atg
		720															
45	Asp	Phe	Val	Ala	His	Trp	Asn	Ala	Leu	Arg	Asp	Phe	Gln	Asn	Ser	Met	
					200					205					210		
		atc	gcc	acc	att	cgc	ggc	aaa	ggt	gcg	gat	aac	gtg	atc	tgg	gcg	gcg
		768															
50	Ile	Ala	Thr	Ile	Arg	Gly	Lys	Gly	Ala	Asp	Asn	Val	Ile	Trp	Ala	Ala	
				215					220					225			
		gga	ctt	ggc	tgg	gat	caa	tat	tat	cag	ctg	tgc	gcc	acc	aat	ccg	ctc
		816															
55	Gly	Leu	Gly	Trp	Asp	Gln	Tyr	Tyr	Gln	Leu	Cys	Ala	Thr	Asn	Pro	Leu	
			230					235					240				

ES 2 757 053 T3

acg gat ccg ctg aac aat gtc ggc tat tcg gtc cac tgg tat ccg ggc  
 864  
 Thr Asp Pro Leu Asn Asn Val Gly Tyr Ser Val His Trp Tyr Pro Gly  
 245 250 255  
 5  
 tac ggc gcg aat gac aat tat tcg gtg ctg cag cag cag tgg gac acc  
 912  
 Tyr Gly Ala Asn Asp Asn Tyr Ser Val Leu Gln Gln Gln Trp Asp Thr  
 260 265 270 275  
 10  
 aat att aaa cca tgt gcc gac gcc tac ccg atc aac att acg gag acg  
 960  
 Asn Ile Lys Pro Cys Ala Asp Ala Tyr Pro Ile Asn Ile Thr Glu Thr  
 280 285 290  
 15  
 act tgg ttt aaa tgg aag tcg ggg gat tcc gag tac tgg aaa cta ttc  
 1008  
 Thr Trp Phe Lys Trp Lys Ser Gly Asp Ser Glu Tyr Trp Lys Leu Phe  
 295 300 305  
 20  
 gac ggc acg aat gcg ggc ttt ggc aaa aac acc aaa gcc atc ttc acg  
 1056  
 Asp Gly Thr Asn Ala Gly Phe Gly Lys Asn Thr Lys Ala Ile Phe Thr  
 310 315 320  
 25  
 gcc gcg ggc aat gtc agc att gcc gtc cat atg aac gga ttc ctg ctc  
 1104  
 Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Val His Met Asn Gly Phe Leu Leu  
 325 330 335  
 30  
 aat ccc ggc acg aga agc tcg ttc gcc gat ccg acg gcc ggc ctc atg  
 1152  
 Asn Pro Gly Thr Arg Ser Ser Phe Ala Asp Pro Thr Ala Gly Leu Met  
 340 345 350 355  
 35  
 tat gac ggc gac gcg tcg cgg gac ggc atg gcc cgc ttc atc ttc gaa  
 1200  
 Tyr Asp Gly Asp Ala Ser Arg Asp Gly Met Ala Arg Phe Ile Phe Glu  
 360 365 370  
 40  
 tgg tat tat gaa cgc gcg cag ttc aac cca tgg aat ggc gta tgg aac  
 1248  
 Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Phe Asn Pro Trp Asn Gly Val Trp Asn  
 375 380 385  
 45  
 ggg att acg tcc gga tcg acc tac aag ctg atc aac cgc gct tcg ggc  
 1296  
 Gly Ile Thr Ser Gly Ser Thr Tyr Lys Leu Ile Asn Arg Ala Ser Gly  
 390 395 400  
 50  
 aaa gcc atc gat gtg cct agc ggc cag aac acc aac ggc ttg cag ctg  
 1344  
 Lys Ala Ile Asp Val Pro Ser Gly Gln Asn Thr Asn Gly Leu Gln Leu  
 405 410 415  
 55  
 cag cag tgg acg gac aac aac gca acc gcg cag cgg tgg gtc gcg gat  
 1392

ES 2 757 053 T3

Gln Gln Trp Thr Asp Asn Asn Ala Thr Ala Gln Arg Trp Val Ala Asp  
 420 425 430 435

5 gat ctg ggc acc tac aac aat gtt tac cgg ctg cgc agc gtc agc tcc  
 1440  
 Asp Leu Gly Thr Tyr Asn Asn Val Tyr Arg Leu Arg Ser Val Ser Ser  
 440 445 450

10 tcg gat aac aag gtg atg gat gtg cgc aac ggg acg aag aac aac ggg  
 1488  
 Ser Asp Asn Lys Val Met Asp Val Arg Asn Gly Thr Lys Asn Asn Gly  
 455 460 465

15 gaa gcg att cag ctc tgg tcg gat ctg aac aat acc gcg cag aaa ttc  
 1536  
 Glu Ala Ile Gln Leu Trp Ser Asp Leu Asn Asn Thr Ala Gln Lys Phe  
 470 475 480

20 agg ctg atc aag ctg agc aac ggc tat tgg agt ctg att aac gtg aac  
 1584  
 Arg Leu Ile Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Trp Ser Leu Ile Asn Val Asn  
 485 490 495

25 agc aat aag gcg gta gag gtc gcc gga tcc tct acg gcg gac gga gcg  
 1632  
 Ser Asn Lys Ala Val Glu Val Ala Gly Ser Ser Thr Ala Asp Gly Ala  
 500 505 510 515

30 aag ctc cag cag aac ctg tac cgc ggc gat ctg aac cag cag tgg cag  
 1680  
 Lys Leu Gln Gln Asn Leu Tyr Arg Gly Asp Leu Asn Gln Gln Trp Gln  
 520 525 530

35 ctc gtg aag att gaa tag  
 1698  
 Leu Val Lys Ile Glu  
 535

40 <210> 108  
 <211> 565  
 <212> PRT  
 <213> Paenibacillus sp-62248

45 <400> 108

Met Lys Arg Phe Gly Met Ala Ile Lys Leu Leu Val Leu Met Val Leu  
 -25 -20 -15

50 Met Ala Ala Pro Leu Leu Ser Ala Gly Pro Ala Glu Ala Trp Thr Gly  
 -10 -5 -1 1

55 Met Pro Met Ser Lys Leu Arg Val Ser Gly Asn Gln Leu Val Asn Gly  
 5 10 15

ES 2 757 053 T3

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

ES 2 757 053 T3

Thr Asp Pro Leu Asn Asn Val Gly Tyr Ser Val His Trp Tyr Pro Gly  
 245 250 255

5 Tyr Gly Ala Asn Asp Asn Tyr Ser Val Leu Gln Gln Gln Trp Asp Thr  
 260 265 270 275

10 Asn Ile Lys Pro Cys Ala Asp Ala Tyr Pro Ile Asn Ile Thr Glu Thr  
 280 285 290

15 Thr Trp Phe Lys Trp Lys Ser Gly Asp Ser Glu Tyr Trp Lys Leu Phe  
 295 300 305

20 Asp Gly Thr Asn Ala Gly Phe Gly Lys Asn Thr Lys Ala Ile Phe Thr  
 310 315 320

25 Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Val His Met Asn Gly Phe Leu Leu  
 325 330 335

30 Tyr Asp Gly Asp Ala Ser Arg Asp Gly Met Ala Arg Phe Ile Phe Glu  
 340 345 350 355

35 Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Phe Asn Pro Trp Asn Gly Val Trp Asn  
 375 380 385

40 Gly Ile Thr Ser Gly Ser Thr Tyr Lys Leu Ile Asn Arg Ala Ser Gly  
 390 395 400

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

50 Gln Gln Trp Thr Asp Asn Asn Ala Thr Ala Gln Arg Trp Val Ala Asp  
 420 425 430 435

55 Asp Leu Gly Thr Tyr Asn Asn Val Tyr Arg Leu Arg Ser Val Ser Ser  
 440 445 450

Ser Asp Asn Lys Val Met Asp Val Arg Asn Gly Thr Lys Asn Asn Gly  
 455 460 465

Glu Ala Ile Gln Leu Trp Ser Asp Leu Asn Asn Thr Ala Gln Lys Phe

ES 2 757 053 T3

470 475 480

5 Arg Leu Ile Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Trp Ser Leu Ile Asn Val Asn  
485 490 495

10 Ser Asn Lys Ala Val Glu Val Ala Gly Ser Ser Thr Ala Asp Gly Ala  
500 505 510 515

15 Lys Leu Gln Gln Asn Leu Tyr Arg Gly Asp Leu Asn Gln Gln Trp Gln  
520 525 530

Leu Val Lys Ile Glu  
535

20 <210> 109  
<211> 536  
<212> PRT  
<213> Paenibacillus sp-62248

25 <220>  
<221> mat\_peptide  
<222> (1)..(536)

<400> 109

30 Trp Thr Gly Met Pro Met Ser Lys Leu Arg Val Ser Gly Asn Gln Leu  
1 5 10 15

35 Val Asn Gly Ser Gly Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp His Gln Pro  
20 25 30

40 Thr Gly Ala Tyr Trp Thr Tyr Gln Asn Ser Ser Tyr Tyr Leu Asn Gln  
35 40 45

45 Gln Gly Gly Asn Arg His Ala Ala Ile Leu Ala Tyr Leu Lys Asp Ile  
50 55 60

50 Thr Asp Thr Phe Thr Ser Thr Ser Ala Lys Tyr Gly Asn Asn His Gly  
65 70 75 80

55 Trp Tyr Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met Gly  
85 90 95

Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Gln Ala Val Thr  
100 105 110

ES 2 757 053 T3

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

5  
 Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Gln Asn Asn Gln Ala Thr  
 130 135 140

10  
 Thr Thr Ala Asn Leu Asp Lys Phe Asn Gln Ile Trp Gly Tyr Leu Ala  
 145 150 155 160

15  
 Ser Gln Pro Ala Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val Met Phe Glu Leu Val  
 165 170 175

20  
 Asn Glu Pro Val Leu Ser Tyr Ala Asn Gly Gly Trp Gly Gly Asn Pro  
 180 185 190

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

25  
 Asn Ser Met Ile Ala Thr Ile Arg Gly Lys Gly Ala Asp Asn Val Ile  
 210 215 220

30  
 Trp Ala Ala Gly Leu Gly Trp Asp Gln Tyr Tyr Gln Leu Cys Ala Thr  
 225 230 235 240

35  
 Asn Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Val Gly Tyr Ser Val His Trp  
 245 250 255

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

40  
 Trp Asp Thr Asn Ile Lys Pro Cys Ala Asp Ala Tyr Pro Ile Asn Ile  
 275 280 285

45  
 Thr Glu Thr Thr Trp Phe Lys Trp Lys Ser Gly Asp Ser Glu Tyr Trp  
 290 295 300

50  
 Lys Leu Phe Asp Gly Thr Asn Ala Gly Phe Gly Lys Asn Thr Lys Ala  
 305 310 315 320

55  
 Ile Phe Thr Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Val His Met Asn Gly  
 325 330 335

ES 2 757 053 T3

Phe Leu Leu Asn Pro Gly Thr Arg Ser Ser Phe Ala Asp Pro Thr Ala  
 340 345 350  
 5 Gly Leu Met Tyr Asp Gly Asp Ala Ser Arg Asp Gly Met Ala Arg Phe  
 355 360 365  
 10 Ile Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Phe Asn Pro Trp Asn Gly  
 370 375 380  
 15 Val Trp Asn Gly Ile Thr Ser Gly Ser Thr Tyr Lys Leu Ile Asn Arg  
 385 390 395 400  
 Ala Ser Gly Lys Ala Ile Asp Val Pro Ser Gly Gln Asn Thr Asn Gly  
 405 410 415  
 20 Leu Gln Leu Gln Gln Trp Thr Asp Asn Asn Ala Thr Ala Gln Arg Trp  
 420 425 430  
 25 Val Ala Asp Asp Leu Gly Thr Tyr Asn Asn Val Tyr Arg Leu Arg Ser  
 435 440 445  
 30 Val Ser Ser Ser Asp Asn Lys Val Met Asp Val Arg Asn Gly Thr Lys  
 450 455 460  
 35 Asn Asn Gly Glu Ala Ile Gln Leu Trp Ser Asp Leu Asn Asn Thr Ala  
 465 470 475 480  
 Gln Lys Phe Arg Leu Ile Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Trp Ser Leu Ile  
 485 490 495  
 40 Asn Val Asn Ser Asn Lys Ala Val Glu Val Ala Gly Ser Ser Thr Ala  
 500 505 510  
 45 Asp Gly Ala Lys Leu Gln Gln Asn Leu Tyr Arg Gly Asp Leu Asn Gln  
 515 520 525  
 50 Gln Trp Gln Leu Val Lys Ile Glu  
 530 535  
 <210> 110  
 <211> 1716  
 55 <212> ADN  
 <213> Secuencia artificial



ES 2 757 053 T3

```

<220>
<223>  Construcción de expresión

<220>
5  <221>  CDS
   <222>  (1)..(1713)

<220>
10 <221>  sig_peptide
   <222>  (1)..(81)

<220>
15 <221>  mat_peptide
   <222>  (82)..(1713)

<400>  110
atg aag aaa ccg ttg ggg aaa att gtc gca agc acc gca cta ctc att
48
Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile
20      -25                -20                -15

tct gtt gct ttt agt tca tcg ata gca tca gca cat cat cat cac cat
96
Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His His His His His
25      -10                -5                -1  1                5

cat cct agg tgg acg ggc atg ccg atg tcc aag ctg cgc gtg agc ggc
144
His Pro Arg Trp Thr Gly Met Pro Met Ser Lys Leu Arg Val Ser Gly
30      10                15                20

aat cag ctg gtg aac ggc agc ggg cag ccc gtg ctg ctg agc ggc tgg
192
Asn Gln Leu Val Asn Gly Ser Gly Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp
35      25                30                35

cac cag ccg aca ggg gcg tat tgg acg tat cag aac agc agc tat tat
240
His Gln Pro Thr Gly Ala Tyr Trp Thr Tyr Gln Asn Ser Ser Tyr Tyr
40      40                45                50

ttg aac cag caa ggc ggg aat cgc cat gcc gcg att ttg gcg tac ttg
288
Leu Asn Gln Gln Gly Gly Asn Arg His Ala Ala Ile Leu Ala Tyr Leu
45      55                60                65

aag gat att acg gat acg ttc acg agc acg tcg gcc aag tac ggc aat
336
Lys Asp Ile Thr Asp Thr Phe Thr Ser Thr Ser Ala Lys Tyr Gly Asn
50      70                75                80                85

aac cac ggc tgg tat atg aat cag gtg cgc ctg ttc atc gac cgg gaa
384
Asn His Gly Trp Tyr Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu
55      90                95                100

```

ES 2 757 053 T3

gac atg ggc gat gtc gcg gcg ggt acg tat aat ttc gcg ggc ttg cag  
432  
Asp Met Gly Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Gln  
105 110 115

5  
gcc gtc acg cag aac gtg atc atc ccg tat atc gcc tat gcc aag acg  
480  
Ala Val Thr Gln Asn Val Ile Ile Pro Tyr Ile Ala Tyr Ala Lys Thr  
120 125 130

10  
aaa ggg ctt tat gtg acg ctg ggc ctt gat ttc acc ctg cag aat aat  
528  
Lys Gly Leu Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Gln Asn Asn  
135 140 145

15  
caa gcg acc acg aca gcc aat ctg gac aaa ttc aat cag atc tgg ggc  
576  
Gln Ala Thr Thr Thr Ala Asn Leu Asp Lys Phe Asn Gln Ile Trp Gly  
150 155 160 165

20  
tat ctt gcc tcg cag ccg gcc atc aag agc gcg gac aac gtc atg ttc  
624  
Tyr Leu Ala Ser Gln Pro Ala Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val Met Phe  
170 175 180

25  
gag ctc gtc aac gag ccc gtg ttg tcg tat gcg aac ggc gga tgg ggc  
672  
Glu Leu Val Asn Glu Pro Val Leu Ser Tyr Ala Asn Gly Gly Trp Gly  
185 190 195

30  
ggg aat ccg atc gaa tcc gat ttc gtc gcc cat tgg aac gcg ctg ccg  
720  
Gly Asn Pro Ile Glu Ser Asp Phe Val Ala His Trp Asn Ala Leu Arg  
200 205 210

35  
gat ttc cag aac tcc atg atc gcc acc att cgc ggc aaa ggt gcg gat  
768  
Asp Phe Gln Asn Ser Met Ile Ala Thr Ile Arg Gly Lys Gly Ala Asp  
215 220 225

40  
aac gtg atc tgg gcg gcg gga ctt ggc tgg gat caa tat tat cag ctg  
816  
Asn Val Ile Trp Ala Ala Gly Leu Gly Trp Asp Gln Tyr Tyr Gln Leu  
230 235 240 245

45  
tgc gcc acc aat ccg ctc acg gat ccg ctg aac aat gtc ggc tat tcg  
864  
Cys Ala Thr Asn Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Val Gly Tyr Ser  
250 255 260

50  
gtc cac tgg tat ccg ggc tac ggc gcg aat gac aat tat tcg gtg ctg  
912  
Val His Trp Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala Asn Asp Asn Tyr Ser Val Leu  
265 270 275

55  
cag cag cag tgg gac acc aat att aaa cca tgt gcc gac gcc tac ccg  
960

ES 2 757 053 T3

Gln Gln Gln Trp Asp Thr Asn Ile Lys Pro Cys Ala Asp Ala Tyr Pro  
 280 285 290  
 5 atc aac att acg gag acg act tgg ttt aaa tgg aag tcg ggg gat tcc  
 1008  
 Ile Asn Ile Thr Glu Thr Thr Trp Phe Lys Trp Lys Ser Gly Asp Ser  
 295 300 305  
 10 gag tac tgg aaa cta ttc gac ggc acg aat gcg ggc ttt ggc aaa aac  
 1056  
 Glu Tyr Trp Lys Leu Phe Asp Gly Thr Asn Ala Gly Phe Gly Lys Asn  
 310 315 320 325  
 15 acc aaa gcc atc ttc acg gcc gcg ggc aat gtc agc att gcc gtc cat  
 1104  
 Thr Lys Ala Ile Phe Thr Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Val His  
 330 335 340  
 20 atg aac gga ttc ctg ctc aat ccc ggc acg aga agc tcg ttc gcc gat  
 1152  
 Met Asn Gly Phe Leu Leu Asn Pro Gly Thr Arg Ser Ser Phe Ala Asp  
 345 350 355  
 25 ccg acg gcc ggc ctc atg tat gac ggc gac gcg tcg cgg gac ggc atg  
 1200  
 Pro Thr Ala Gly Leu Met Tyr Asp Gly Asp Ala Ser Arg Asp Gly Met  
 360 365 370  
 30 gcc cgc ttc atc ttc gaa tgg tat tat gaa cgc gcg cag ttc aac cca  
 1248  
 Ala Arg Phe Ile Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Phe Asn Pro  
 375 380 385  
 35 tgg aat ggc gta tgg aac ggg att acg tcc gga tcg acc tac aag ctg  
 1296  
 Trp Asn Gly Val Trp Asn Gly Ile Thr Ser Gly Ser Thr Tyr Lys Leu  
 390 395 400 405  
 40 atc aac cgc gct tcg ggc aaa gcc atc gat gtg cct agc ggc cag aac  
 1344  
 Ile Asn Arg Ala Ser Gly Lys Ala Ile Asp Val Pro Ser Gly Gln Asn  
 410 415 420  
 45 acc aac ggc ttg cag ctg cag cag tgg acg gac aac aac gca acc gcg  
 1392  
 Thr Asn Gly Leu Gln Leu Gln Gln Trp Thr Asp Asn Asn Ala Thr Ala  
 425 430 435  
 50 cag cgg tgg gtc gcg gat gat ctg ggc acc tac aac aat gtt tac cgg  
 1440  
 Gln Arg Trp Val Ala Asp Asp Leu Gly Thr Tyr Asn Asn Val Tyr Arg  
 440 445 450  
 55 ctg cgc agc gtc agc tcc tcg gat aac aag gtg atg gat gtg cgc aac  
 1488  
 Leu Arg Ser Val Ser Ser Ser Asp Asn Lys Val Met Asp Val Arg Asn  
 455 460 465

ES 2 757 053 T3

ggg acg aag aac aac ggg gaa gcg att cag ctc tgg tcg gat ctg aac  
 1536  
 5 Gly Thr Lys Asn Asn Gly Glu Ala Ile Gln Leu Trp Ser Asp Leu Asn  
 470 475 480 485

aat acc gcg cag aaa ttc agg ctg atc aag ctg agc aac ggc tat tgg  
 1584  
 10 Asn Thr Ala Gln Lys Phe Arg Leu Ile Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Trp  
 490 495 500

agt ctg att aac gtg aac agc aat aag gcg gta gag gtc gcc gga tcc  
 1632  
 15 Ser Leu Ile Asn Val Asn Ser Asn Lys Ala Val Glu Val Ala Gly Ser  
 505 510 515

tct acg gcg gac gga gcg aag ctc cag cag aac ctg tac cgc ggc gat  
 1680  
 20 Ser Thr Ala Asp Gly Ala Lys Leu Gln Gln Asn Leu Tyr Arg Gly Asp  
 520 525 530

ctg aac cag cag tgg cag ctc gtg aag att gaa tag  
 1716  
 25 Leu Asn Gln Gln Trp Gln Leu Val Lys Ile Glu  
 535 540

<210> 111  
 <211> 571  
 30 <212> PRT  
 <213> Secuencia artificial

<220>  
 <223> Construcción sintética  
 35 <400> 111

Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile  
 -25 -20 -15  
 40

Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His His His His His  
 -10 -5 -1 1 5  
 45

His Pro Arg Trp Thr Gly Met Pro Met Ser Lys Leu Arg Val Ser Gly  
 10 15 20  
 50

Asn Gln Leu Val Asn Gly Ser Gly Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp  
 25 30 35  
 55

His Gln Pro Thr Gly Ala Tyr Trp Thr Tyr Gln Asn Ser Ser Tyr Tyr  
 40 45 50

ES 2 757 053 T3

Leu Asn Gln Gln Gly Gly Asn Arg His Ala Ala Ile Leu Ala Tyr Leu  
 55 60 65

5 Lys Asp Ile Thr Asp Thr Phe Thr Ser Thr Ser Ala Lys Tyr Gly Asn  
 70 75 80 85

10 Asn His Gly Trp Tyr Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu  
 90 95 100

15 Asp Met Gly Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Gln  
 105 110 115

Ala Val Thr Gln Asn Val Ile Ile Pro Tyr Ile Ala Tyr Ala Lys Thr  
 120 125 130

20 Lys Gly Leu Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Gln Asn Asn  
 135 140 145

25 Gln Ala Thr Thr Thr Ala Asn Leu Asp Lys Phe Asn Gln Ile Trp Gly  
 150 155 160 165

30 Tyr Leu Ala Ser Gln Pro Ala Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val Met Phe  
 170 175 180

35 Glu Leu Val Asn Glu Pro Val Leu Ser Tyr Ala Asn Gly Gly Trp Gly  
 185 190 195

Gly Asn Pro Ile Glu Ser Asp Phe Val Ala His Trp Asn Ala Leu Arg  
 200 205 210

40 Asp Phe Gln Asn Ser Met Ile Ala Thr Ile Arg Gly Lys Gly Ala Asp  
 215 220 225

45 Asn Val Ile Trp Ala Ala Gly Leu Gly Trp Asp Gln Tyr Tyr Gln Leu  
 230 235 240 245

50 Cys Ala Thr Asn Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Val Gly Tyr Ser  
 250 255 260

55 Val His Trp Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala Asn Asp Asn Tyr Ser Val Leu  
 265 270 275

Gln Gln Gln Trp Asp Thr Asn Ile Lys Pro Cys Ala Asp Ala Tyr Pro

ES 2 757 053 T3

	280		285		290												
5	Ile	Asn	Ile	Thr	Glu	Thr	Thr	Trp	Phe	Lys	Trp	Lys	Ser	Gly	Asp	Ser	
	295						300					305					
10	Glu	Tyr	Trp	Lys	Leu	Phe	Asp	Gly	Thr	Asn	Ala	Gly	Phe	Gly	Lys	Asn	
	310					315					320					325	
15	Thr	Lys	Ala	Ile	Phe	Thr	Ala	Ala	Gly	Asn	Val	Ser	Ile	Ala	Val	His	
					330					335					340		
20	Met	Asn	Gly	Phe	Leu	Leu	Asn	Pro	Gly	Thr	Arg	Ser	Ser	Phe	Ala	Asp	
				345					350					355			
25	Pro	Thr	Ala	Gly	Leu	Met	Tyr	Asp	Gly	Asp	Ala	Ser	Arg	Asp	Gly	Met	
			360					365					370				
30	Ala	Arg	Phe	Ile	Phe	Glu	Trp	Tyr	Tyr	Glu	Arg	Ala	Gln	Phe	Asn	Pro	
	375						380					385					
35	Trp	Asn	Gly	Val	Trp	Asn	Gly	Ile	Thr	Ser	Gly	Ser	Thr	Tyr	Lys	Leu	
	390					395					400					405	
40	Ile	Asn	Arg	Ala	Ser	Gly	Lys	Ala	Ile	Asp	Val	Pro	Ser	Gly	Gln	Asn	
					410					415					420		
45	Thr	Asn	Gly	Leu	Gln	Leu	Gln	Gln	Trp	Thr	Asp	Asn	Asn	Ala	Thr	Ala	
				425					430					435			
50	Gln	Arg	Trp	Val	Ala	Asp	Asp	Leu	Gly	Thr	Tyr	Asn	Asn	Val	Tyr	Arg	
			440					445					450				
55	Leu	Arg	Ser	Val	Ser	Ser	Ser	Asp	Asn	Lys	Val	Met	Asp	Val	Arg	Asn	
	455						460					465					
60	Gly	Thr	Lys	Asn	Asn	Gly	Glu	Ala	Ile	Gln	Leu	Trp	Ser	Asp	Leu	Asn	
	470					475					480					485	
65	Asn	Thr	Ala	Gln	Lys	Phe	Arg	Leu	Ile	Lys	Leu	Ser	Asn	Gly	Tyr	Trp	
					490					495					500		
70	Ser	Leu	Ile	Asn	Val	Asn	Ser	Asn	Lys	Ala	Val	Glu	Val	Ala	Gly	Ser	
				505					510					515			

ES 2 757 053 T3

Ser Thr Ala Asp Gly Ala Lys Leu Gln Gln Asn Leu Tyr Arg Gly Asp  
 520 525 530  
 5  
 Leu Asn Gln Gln Trp Gln Leu Val Lys Ile Glu  
 535 540  
 10  
 <210> 112  
 <211> 544  
 <212> PRT  
 <213> Secuencia artificial  
 15  
 <220>  
 <223> Secuencia madura con etiqueta de polihistidina  
 <220>  
 20 <221> mat\_peptide  
 <222> (1)..(544)  
 <400> 112  
 25 His His His His His His Pro Arg Trp Thr Gly Met Pro Met Ser Lys  
 1 5 10 15  
 Leu Arg Val Ser Gly Asn Gln Leu Val Asn Gly Ser Gly Gln Pro Val  
 30 20 25 30  
 Leu Leu Ser Gly Trp His Gln Pro Thr Gly Ala Tyr Trp Thr Tyr Gln  
 35 35 40 45  
 Asn Ser Ser Tyr Tyr Leu Asn Gln Gln Gly Gly Asn Arg His Ala Ala  
 50 55 60  
 40 Ile Leu Ala Tyr Leu Lys Asp Ile Thr Asp Thr Phe Thr Ser Thr Ser  
 65 70 75 80  
 Ala Lys Tyr Gly Asn Asn His Gly Trp Tyr Met Asn Gln Val Arg Leu  
 45 85 90 95  
 Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met Gly Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn  
 50 100 105 110  
 Phe Ala Gly Leu Gln Ala Val Thr Gln Asn Val Ile Ile Pro Tyr Ile  
 55 115 120 125  
 Ala Tyr Ala Lys Thr Lys Gly Leu Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe

ES 2 757 053 T3

	130		135		140												
5	Thr 145	Leu	Gln	Asn	Asn	Gln	Ala	Thr	Thr	Thr	Ala	Asn	Leu	Asp	Lys	Phe	160
						150					155						
10	Asn	Gln	Ile	Trp	Gly	Tyr	Leu	Ala	Ser	Gln	Pro	Ala	Ile	Lys	Ser	Ala	175
					165					170							
15	Asp	Asn	Val	Met	Phe	Glu	Leu	Val	Asn	Glu	Pro	Val	Leu	Ser	Tyr	Ala	190
				180					185					190			
20	Asn	Gly	Gly	Trp	Gly	Gly	Asn	Pro	Ile	Glu	Ser	Asp	Phe	Val	Ala	His	205
			195				200						205				
25	Trp	Asn	Ala	Leu	Arg	Asp	Phe	Gln	Asn	Ser	Met	Ile	Ala	Thr	Ile	Arg	220
		210					215					220					
30	Gly	Lys	Gly	Ala	Asp	Asn	Val	Ile	Trp	Ala	Ala	Gly	Leu	Gly	Trp	Asp	240
	225					230					235						
35	Gln	Tyr	Tyr	Gln	Leu	Cys	Ala	Thr	Asn	Pro	Leu	Thr	Asp	Pro	Leu	Asn	255
				245					250								
40	Asn	Val	Gly	Tyr	Ser	Val	His	Trp	Tyr	Pro	Gly	Tyr	Gly	Ala	Asn	Asp	270
			260						265					270			
45	Asn	Tyr	Ser	Val	Leu	Gln	Gln	Gln	Trp	Asp	Thr	Asn	Ile	Lys	Pro	Cys	285
			275					280					285				
50	Ala	Asp	Ala	Tyr	Pro	Ile	Asn	Ile	Thr	Glu	Thr	Thr	Trp	Phe	Lys	Trp	300
		290					295					300					
55	Lys	Ser	Gly	Asp	Ser	Glu	Tyr	Trp	Lys	Leu	Phe	Asp	Gly	Thr	Asn	Ala	320
	305					310					315						
60	Gly	Phe	Gly	Lys	Asn	Thr	Lys	Ala	Ile	Phe	Thr	Ala	Ala	Gly	Asn	Val	335
				325						330					335		
65	Ser	Ile	Ala	Val	His	Met	Asn	Gly	Phe	Leu	Leu	Asn	Pro	Gly	Thr	Arg	350
			340						345					350			
70	Ser	Ser	Phe	Ala	Asp	Pro	Thr	Ala	Gly	Leu	Met	Tyr	Asp	Gly	Asp	Ala	365
			355					360					365				



ES 2 757 053 T3

Ser Arg Asp Gly Met Ala Arg Phe Ile Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg  
 370 375 380  
 5  
 Ala Gln Phe Asn Pro Trp Asn Gly Val Trp Asn Gly Ile Thr Ser Gly  
 385 390 395 400  
 10  
 Ser Thr Tyr Lys Leu Ile Asn Arg Ala Ser Gly Lys Ala Ile Asp Val  
 405 410 415  
 15  
 Pro Ser Gly Gln Asn Thr Asn Gly Leu Gln Leu Gln Gln Trp Thr Asp  
 420 425 430  
 20  
 Asn Asn Ala Thr Ala Gln Arg Trp Val Ala Asp Asp Leu Gly Thr Tyr  
 435 440 445  
 25  
 Asn Asn Val Tyr Arg Leu Arg Ser Val Ser Ser Ser Asp Asn Lys Val  
 450 455 460  
 30  
 Met Asp Val Arg Asn Gly Thr Lys Asn Asn Gly Glu Ala Ile Gln Leu  
 465 470 475 480  
 35  
 Trp Ser Asp Leu Asn Asn Thr Ala Gln Lys Phe Arg Leu Ile Lys Leu  
 485 490 495  
 40  
 Ser Asn Gly Tyr Trp Ser Leu Ile Asn Val Asn Ser Asn Lys Ala Val  
 500 505 510  
 45  
 Glu Val Ala Gly Ser Ser Thr Ala Asp Gly Ala Lys Leu Gln Gln Asn  
 515 520 525  
 Leu Tyr Arg Gly Asp Leu Asn Gln Gln Trp Gln Leu Val Lys Ile Glu  
 530 535 540  
 50  
 <210> 113  
 <211> 1707  
 <212> ADN  
 <213> Paenibacillus xylanexedens  
 55  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1704)  
 <220>

ES 2 757 053 T3

```

<221> sig_peptide
<222> (1)..(90)

<220>
5 <221> mat_peptide
  <222> (91)..(1704)

<400> 113

10  gtg aag aag ttc atg aca tct tgt aaa ctt gta ctc att ctg gct tta
    48
    Val Lys Lys Phe Met Thr Ser Cys Lys Leu Val Leu Ile Leu Ala Leu
    -30                               -25                -20                -15

15  ttg atc aca att gct cca tgg gga ggc agc cgt gcc gaa gca tgg gtg
    96
    Leu Ile Thr Ile Ala Pro Trp Gly Gly Ser Arg Ala Glu Ala Trp Val
                -10                -5                -1  1

20  ggc atg ccg atg ggc aag ctg cac gta aac ggc aaa aac ctg gtg aac
    144
    Gly Met Pro Met Gly Lys Leu His Val Asn Gly Lys Asn Leu Val Asn
                5                10                15

25  agc aac aac cag cct gtt cta ctg aac ggt tgg cat caa ccc tca ggt
    192
    Ser Asn Asn Gln Pro Val Leu Leu Asn Gly Trp His Gln Pro Ser Gly
        20                25                30

30  gcc tac tgg acg tat cag gac agc aat tat tac ctc aat ctg cac ggc
    240
    Ala Tyr Trp Thr Tyr Gln Asp Ser Asn Tyr Tyr Leu Asn Leu His Gly
    35                40                45                50

35  aat aac cgt cat gca gct aca ctg gct tat ctg aaa gac att acc gat
    288
    Asn Asn Arg His Ala Ala Thr Leu Ala Tyr Leu Lys Asp Ile Thr Asp
                55                60                65

40  act ttt gct gac acc agc gcg aag tac gga agc aat cat ggc tgg aat
    336
    Thr Phe Ala Asp Thr Ser Ala Lys Tyr Gly Ser Asn His Gly Trp Asn
                70                75                80

45  atg aat cag gta cgt ctg ttc atc gat cgt cag gat atg gga gat gtg
    384
    Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Gln Asp Met Gly Asp Val
        85                90                95

50  gct gct ggt aca tat aac ttt gcc ggt gtg cag acc gtt acg caa aat
    432
    Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Val Gln Thr Val Thr Gln Asn
        100                105                110

55  gta att att ccg tac att caa tat gcc aaa aca aaa ggt gtc tat gtt
    480
    Val Ile Ile Pro Tyr Ile Gln Tyr Ala Lys Thr Lys Gly Val Tyr Val

```

ES 2 757 053 T3

	115				120					125					130	
	gtc ctg gga ctg gac ttc aca ctg aag gat gat cag gca aca aca cct															
	528															
5	Val	Leu	Gly	Leu	Asp	Phe	Thr	Leu	Lys	Asp	Asp	Gln	Ala	Thr	Thr	Pro
					135					140					145	
	gcc aac ctg caa aaa ttc aac gaa atc tgg ggt tat ctc gct tca cgc															
	576															
10	Ala	Asn	Leu	Gln	Lys	Phe	Asn	Glu	Ile	Trp	Gly	Tyr	Leu	Ala	Ser	Arg
				150					155					160		
	ccg gag atc aaa agt gca gac aac gtt cac ttc gaa ctg atc aac gaa															
	624															
15	Pro	Glu	Ile	Lys	Ser	Ala	Asp	Asn	Val	His	Phe	Glu	Leu	Ile	Asn	Glu
			165					170					175			
	ccg gtg aaa tcc tat gcc aat gga cat tgg ggt gga tac aac ggg gaa															
	672															
20	Pro	Val	Lys	Ser	Tyr	Ala	Asn	Gly	His	Trp	Gly	Gly	Tyr	Asn	Gly	Glu
		180					185					190				
	aat gac ttt gtg gat cac tgg aat gac ttg cgt aat ttc caa aat tcc															
	720															
25	Asn	Asp	Phe	Val	Asp	His	Trp	Asn	Asp	Leu	Arg	Asn	Phe	Gln	Asn	Ser
						200					205					210
	atg att tca aca att cgt agc aaa ggt gcg gac aac gtc atc tgg gcg															
	768															
30	Met	Ile	Ser	Thr	Ile	Arg	Ser	Lys	Gly	Ala	Asp	Asn	Val	Ile	Trp	Ala
					215					220					225	
	gca ggt ctg gga tac aac caa ttt tac agc ttg acg gca agc cat cca															
	816															
35	Ala	Gly	Leu	Gly	Tyr	Asn	Gln	Phe	Tyr	Ser	Leu	Thr	Ala	Ser	His	Pro
				230					235					240		
	ttg act gat ccg ctc aat aac tat gga tat gcg gtt cac tgg tac cct															
	864															
40	Leu	Thr	Asp	Pro	Leu	Asn	Asn	Tyr	Gly	Tyr	Ala	Val	His	Trp	Tyr	Pro
			245					250					255			
	ggc tat ggc gca tat gac aac ttc tct atc ctg caa gac cag tgg aat															
	912															
45	Gly	Tyr	Gly	Ala	Tyr	Asp	Asn	Phe	Ser	Ile	Leu	Gln	Asp	Gln	Trp	Asn
			260				265					270				
	acc aac gtg aag gca gct gct gac aaa tat ccg att aat att acc gag															
	960															
50	Thr	Asn	Val	Lys	Ala	Ala	Ala	Asp	Lys	Tyr	Pro	Ile	Asn	Ile	Thr	Glu
					280						285					290
	gta acc tgg ttc aaa aac aaa cct ggc gat tcg gcc tat tgg aac ttg															
	1008															
55	Val	Thr	Trp	Phe	Lys	Asn	Lys	Pro	Gly	Asp	Ser	Ala	Tyr	Trp	Asn	Leu
					295					300					305	

ES 2 757 053 T3

ttt aat ggt agc aat gaa ggt ttt ggc acc aat acc aaa acg att ttc  
 1056  
 Phe Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Thr Asn Thr Lys Thr Ile Phe  
 310 315 320  
 5  
 aac gca tca ggt aat gtc agc att gca gct cat atg aac gga ttc att  
 1104  
 Asn Ala Ser Gly Asn Val Ser Ile Ala Ala His Met Asn Gly Phe Ile  
 325 330 335  
 10  
 cta agt gaa gga cca cga agc tcc ttt gcc gac cca acg gct gga ctg  
 1152  
 Leu Ser Glu Gly Pro Arg Ser Ser Phe Ala Asp Pro Thr Ala Gly Leu  
 340 345 350  
 15  
 aaa tgg gat gga gat gct tca cgg agt gcc atg gga cga ttc ctg ttc  
 1200  
 Lys Trp Asp Gly Asp Ala Ser Arg Ser Ala Met Gly Arg Phe Leu Phe  
 355 360 365 370  
 20  
 aac tgg tac cat gaa cgt gct cag act tac ccg ggc agt gga caa ggc  
 1248  
 Asn Trp Tyr His Glu Arg Ala Gln Thr Tyr Pro Gly Ser Gly Gln Gly  
 375 380 385  
 25  
 ggc gga ccg aca acg ggt ctt gta tcc ggt gca act tat aaa atc gta  
 1296  
 Gly Gly Pro Thr Thr Gly Leu Val Ser Gly Ala Thr Tyr Lys Ile Val  
 390 395 400  
 30  
 gcc cgg cat tcc aac aaa gtt gtt gat gtt cct ggt ggt caa aat gaa  
 1344  
 Ala Arg His Ser Asn Lys Val Val Asp Val Pro Gly Gly Gln Asn Glu  
 405 410 415  
 35  
 aat aat ctt cag ctc cag cag tgg agt gat ctg ggc ggt aac cct cag  
 1392  
 Asn Asn Leu Gln Leu Gln Gln Trp Ser Asp Leu Gly Gly Asn Pro Gln  
 420 425 430  
 40  
 aag tgg gtt ctg acc tcg atc ggc agc ggc aac tat aca ctg aca agt  
 1440  
 Lys Trp Val Leu Thr Ser Ile Gly Ser Gly Asn Tyr Thr Leu Thr Ser  
 435 440 445 450  
 45  
 gtg aac tcg ccg gac aaa gtc atc gac att cgc aac ggt acc ctc acc  
 1488  
 Val Asn Ser Pro Asp Lys Val Ile Asp Ile Arg Asn Gly Thr Leu Thr  
 455 460 465  
 50  
 aat ggg gaa gcg gtt caa ctc atg agc aat ctg aac aca acc gct cag  
 1536  
 Asn Gly Glu Ala Val Gln Leu Met Ser Asn Leu Asn Thr Thr Ala Gln  
 470 475 480  
 55  
 cat ttt aag gtc aac gat ctt ggt aac ggg tac tgg agt atc atc aac  
 1584

ES 2 757 053 T3

His Phe Lys Val Asn Asp Leu Gly Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Ile Asn  
 485 490 495  
 5 gtg aac agc aat aaa gcg att gaa gta gca aac gct tcc act tcg gat  
 1632  
 Val Asn Ser Asn Lys Ala Ile Glu Val Ala Asn Ala Ser Thr Ser Asp  
 500 505 510  
 10 gga gcc ttg ctg cag cag aac acc tac aca ggt gct aca aac caa caa  
 1680  
 Gly Ala Leu Leu Gln Gln Asn Thr Tyr Thr Gly Ala Thr Asn Gln Gln  
 515 520 525 530  
 15 tgg aaa ttt gtt gcc gtt agc aat taa  
 1707  
 Trp Lys Phe Val Ala Val Ser Asn  
 535  
 20 <210> 114  
 <211> 568  
 <212> PRT  
 <213> Paenibacillus xylanexedens  
 25 <400> 114  
 Val Lys Lys Phe Met Thr Ser Cys Lys Leu Val Leu Ile Leu Ala Leu  
 -30 -25 -20 -15  
 30 Leu Ile Thr Ile Ala Pro Trp Gly Gly Ser Arg Ala Glu Ala Trp Val  
 -10 -5 -1 1  
 35 Gly Met Pro Met Gly Lys Leu His Val Asn Gly Lys Asn Leu Val Asn  
 5 10 15  
 40 Ser Asn Asn Gln Pro Val Leu Leu Asn Gly Trp His Gln Pro Ser Gly  
 20 25 30  
 45 Ala Tyr Trp Thr Tyr Gln Asp Ser Asn Tyr Tyr Leu Asn Leu His Gly  
 35 40 45 50  
 50 Asn Asn Arg His Ala Ala Thr Leu Ala Tyr Leu Lys Asp Ile Thr Asp  
 55 60 65  
 55 Thr Phe Ala Asp Thr Ser Ala Lys Tyr Gly Ser Asn His Gly Trp Asn  
 70 75 80  
 60 Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Gln Asp Met Gly Asp Val  
 85 90 95

ES 2 757 053 T3

Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Val Gln Thr Val Thr Gln Asn  
 100 105 110

5  
 Val Ile Ile Pro Tyr Ile Gln Tyr Ala Lys Thr Lys Gly Val Tyr Val  
 115 120 125 130

10  
 Val Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Lys Asp Asp Gln Ala Thr Thr Pro  
 135 140 145

15  
 Ala Asn Leu Gln Lys Phe Asn Glu Ile Trp Gly Tyr Leu Ala Ser Arg  
 150 155 160

20  
 Pro Glu Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val His Phe Glu Leu Ile Asn Glu  
 165 170 175

25  
 Pro Val Lys Ser Tyr Ala Asn Gly His Trp Gly Gly Tyr Asn Gly Glu  
 180 185 190

30  
 Asn Asp Phe Val Asp His Trp Asn Asp Leu Arg Asn Phe Gln Asn Ser  
 195 200 205 210

35  
 Met Ile Ser Thr Ile Arg Ser Lys Gly Ala Asp Asn Val Ile Trp Ala  
 215 220 225

40  
 Ala Gly Leu Gly Tyr Asn Gln Phe Tyr Ser Leu Thr Ala Ser His Pro  
 230 235 240

45  
 Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Tyr Gly Tyr Ala Val His Trp Tyr Pro  
 245 250 255

50  
 Gly Tyr Gly Ala Tyr Asp Asn Phe Ser Ile Leu Gln Asp Gln Trp Asn  
 260 265 270

55  
 Thr Asn Val Lys Ala Ala Ala Asp Lys Tyr Pro Ile Asn Ile Thr Glu  
 275 280 285 290

50  
 Val Thr Trp Phe Lys Asn Lys Pro Gly Asp Ser Ala Tyr Trp Asn Leu  
 295 300 305

55  
 Phe Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Thr Asn Thr Lys Thr Ile Phe  
 310 315 320

ES 2 757 053 T3

Asn Ala Ser Gly Asn Val Ser Ile Ala Ala His Met Asn Gly Phe Ile  
 325 330 335

5 Leu Ser Glu Gly Pro Arg Ser Ser Phe Ala Asp Pro Thr Ala Gly Leu  
 340 345 350

10 Lys Trp Asp Gly Asp Ala Ser Arg Ser Ala Met Gly Arg Phe Leu Phe  
 355 360 365 370

15 Asn Trp Tyr His Glu Arg Ala Gln Thr Tyr Pro Gly Ser Gly Gln Gly  
 375 380 385

Gly Gly Pro Thr Thr Gly Leu Val Ser Gly Ala Thr Tyr Lys Ile Val  
 390 395 400

20 Ala Arg His Ser Asn Lys Val Val Asp Val Pro Gly Gly Gln Asn Glu  
 405 410 415

25 Asn Asn Leu Gln Leu Gln Gln Trp Ser Asp Leu Gly Gly Asn Pro Gln  
 420 425 430

30 Lys Trp Val Leu Thr Ser Ile Gly Ser Gly Asn Tyr Thr Leu Thr Ser  
 435 440 445 450

35 Val Asn Ser Pro Asp Lys Val Ile Asp Ile Arg Asn Gly Thr Leu Thr  
 455 460 465

Asn Gly Glu Ala Val Gln Leu Met Ser Asn Leu Asn Thr Thr Ala Gln  
 470 475 480

40 His Phe Lys Val Asn Asp Leu Gly Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Ile Asn  
 485 490 495

45 Val Asn Ser Asn Lys Ala Ile Glu Val Ala Asn Ala Ser Thr Ser Asp  
 500 505 510

50 Gly Ala Leu Leu Gln Gln Asn Thr Tyr Thr Gly Ala Thr Asn Gln Gln  
 515 520 525 530

55 Trp Lys Phe Val Ala Val Ser Asn  
 535

<210> 115

ES 2 757 053 T3

<211> 538  
 <212> PRT  
 <213> Paenibacillus xylanexedens

5

<220>  
 <221> mat\_peptide  
 <222> (1)..(538)

10 <400> 115

Trp Val Gly Met Pro Met Gly Lys Leu His Val Asn Gly Lys Asn Leu  
 1 5 10 15

15

Val Asn Ser Asn Asn Gln Pro Val Leu Leu Asn Gly Trp His Gln Pro  
 20 25 30

20

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

25

His Gly Asn Asn Arg His Ala Ala Thr Leu Ala Tyr Leu Lys Asp Ile  
 50 55 60

30

Thr Asp Thr Phe Ala Asp Thr Ser Ala Lys Tyr Gly Ser Asn His Gly  
 65 70 75 80

35

Trp Asn Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Gln Asp Met Gly  
 85 90 95

40

Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Val Gln Thr Val Thr  
 100 105 110

45

Gln Asn Val Ile Ile Pro Tyr Ile Gln Tyr Ala Lys Thr Lys Gly Val  
 115 120 125

50

Tyr Val Val Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Lys Asp Asp Gln Ala Thr  
 130 135 140

55

Thr Pro Ala Asn Leu Gln Lys Phe Asn Glu Ile Trp Gly Tyr Leu Ala  
 145 150 155 160

Ser Arg Pro Glu Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val His Phe Glu Leu Ile  
 165 170 175

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



ES 2 757 053 T3

Gly Glu Asn Asp Phe Val Asp His Trp Asn Asp Leu Arg Asn Phe Gln  
 195 200 205  
 5  
 Asn Ser Met Ile Ser Thr Ile Arg Ser Lys Gly Ala Asp Asn Val Ile  
 210 215 220  
 10  
 Trp Ala Ala Gly Leu Gly Tyr Asn Gln Phe Tyr Ser Leu Thr Ala Ser  
 225 230 235 240  
 15  
 His Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Tyr Gly Tyr Ala Val His Trp  
 245 250 255  
 20  
 Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala Tyr Asp Asn Phe Ser Ile Leu Gln Asp Gln  
 260 265 270  
 25  
 Trp Asn Thr Asn Val Lys Ala Ala Ala Asp Lys Tyr Pro Ile Asn Ile  
 275 280 285  
 30  
 Thr Glu Val Thr Trp Phe Lys Asn Lys Pro Gly Asp Ser Ala Tyr Trp  
 290 295 300  
 35  
 Asn Leu Phe Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Thr Asn Thr Lys Thr  
 305 310 315 320  
 40  
 Ile Phe Asn Ala Ser Gly Asn Val Ser Ile Ala Ala His Met Asn Gly  
 325 330 335  
 45  
 Phe Ile Leu Ser Glu Gly Pro Arg Ser Ser Phe Ala Asp Pro Thr Ala  
 340 345 350  
 Gly Leu Lys Trp Asp Gly Asp Ala Ser Arg Ser Ala Met Gly Arg Phe  
 355 360 365  
 50  
 Leu Phe Asn Trp Tyr His Glu Arg Ala Gln Thr Tyr Pro Gly Ser Gly  
 370 375 380  
 55  
 Gln Gly Gly Gly Pro Thr Thr Gly Leu Val Ser Gly Ala Thr Tyr Lys  
 385 390 395 400  
 Ile Val Ala Arg His Ser Asn Lys Val Val Asp Val Pro Gly Gly Gln  
 405 410 415

ES 2 757 053 T3

Asn Glu Asn Asn Leu Gln Leu Gln Gln Trp Ser Asp Leu Gly Gly Asn  
420 425 430

5  
Pro Gln Lys Trp Val Leu Thr Ser Ile Gly Ser Gly Asn Tyr Thr Leu  
435 440 445

10  
Thr Ser Val Asn Ser Pro Asp Lys Val Ile Asp Ile Arg Asn Gly Thr  
450 455 460

15  
Leu Thr Asn Gly Glu Ala Val Gln Leu Met Ser Asn Leu Asn Thr Thr  
465 470 475 480

20  
Ala Gln His Phe Lys Val Asn Asp Leu Gly Asn Gly Tyr Trp Ser Ile  
485 490 495

Ile Asn Val Asn Ser Asn Lys Ala Ile Glu Val Ala Asn Ala Ser Thr  
500 505 510

25  
Ser Asp Gly Ala Leu Leu Gln Gln Asn Thr Tyr Thr Gly Ala Thr Asn  
515 520 525

30  
Gln Gln Trp Lys Phe Val Ala Val Ser Asn  
530 535

35  
<210> 116  
<211> 1722  
<212> ADN  
<213> Secuencia artificial

40  
<220>  
<223> Construcción de expresión

45  
<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(1719)

50  
<220>  
<221> sig\_peptide  
<222> (1)..(81)

55  
<220>  
<221> mat\_peptide  
<222> (82)..(1719)

<400> 116



ES 2 757 053 T3

Gln Ala Thr Thr Pro Ala Asn Leu Gln Lys Phe Asn Glu Ile Trp Gly  
 150 155 160 165  
 5  
 tat ctc gct tca cgc ccg gag atc aaa agt gca gac aac gtt cac ttc  
 624  
 Tyr Leu Ala Ser Arg Pro Glu Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val His Phe  
 170 175 180  
 10  
 gaa ctg atc aac gaa ccg gtg aaa tcc tat gcc aat gga cat tgg ggt  
 672  
 Glu Leu Ile Asn Glu Pro Val Lys Ser Tyr Ala Asn Gly His Trp Gly  
 185 190 195  
 15  
 gga tac aac ggg gaa aat gac ttt gtg gat cac tgg aat gac ttg cgt  
 720  
 Gly Tyr Asn Gly Glu Asn Asp Phe Val Asp His Trp Asn Asp Leu Arg  
 200 205 210  
 20  
 aat ttc caa aat tcc atg att tca aca att cgt agc aaa ggt gcg gac  
 768  
 Asn Phe Gln Asn Ser Met Ile Ser Thr Ile Arg Ser Lys Gly Ala Asp  
 215 220 225  
 25  
 aac gtc atc tgg gcg gca ggt ctg gga tac aac caa ttt tac agc ttg  
 816  
 Asn Val Ile Trp Ala Ala Gly Leu Gly Tyr Asn Gln Phe Tyr Ser Leu  
 230 235 240 245  
 30  
 acg gca agc cat cca ttg act gat ccg ctc aat aac tat gga tat gcg  
 864  
 Thr Ala Ser His Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Tyr Gly Tyr Ala  
 250 255 260  
 35  
 gtt cac tgg tac cct ggt tat ggc gca tat gac aac ttc tct atc ctg  
 912  
 Val His Trp Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala Tyr Asp Asn Phe Ser Ile Leu  
 265 270 275  
 40  
 caa gac cag tgg aat acc aac gtg aag gca gct gct gac aaa tat ccg  
 960  
 Gln Asp Gln Trp Asn Thr Asn Val Lys Ala Ala Ala Asp Lys Tyr Pro  
 280 285 290  
 45  
 att aat att acc gag gta acc tgg ttc aaa aac aaa cct ggc gat tcg  
 1008  
 Ile Asn Ile Thr Glu Val Thr Trp Phe Lys Asn Lys Pro Gly Asp Ser  
 295 300 305  
 50  
 gcc tat tgg aac ttg ttt aat ggt agc aat gaa ggt ttt ggc acc aat  
 1056  
 Ala Tyr Trp Asn Leu Phe Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Thr Asn  
 310 315 320 325  
 55  
 acc aaa acg att ttc aac gca tca ggt aat gtc agc att gca gct cat  
 1104  
 Thr Lys Thr Ile Phe Asn Ala Ser Gly Asn Val Ser Ile Ala Ala His  
 330 335 340

ES 2 757 053 T3

atg aac gga ttc att cta agt gaa gga cca cga agc tcc ttt gcc gac  
 1152  
 5 Met Asn Gly Phe Ile Leu Ser Glu Gly Pro Arg Ser Ser Phe Ala Asp  
 345 350 355  
  
 cca acg gct gga ctg aaa tgg gat gga gat gct tca cgg agt gcc atg  
 1200  
 10 Pro Thr Ala Gly Leu Lys Trp Asp Gly Asp Ala Ser Arg Ser Ala Met  
 360 365 370  
  
 gga cga ttc ctg ttc aac tgg tac cat gaa cgt gct cag act tac ccg  
 1248  
 15 Gly Arg Phe Leu Phe Asn Trp Tyr His Glu Arg Ala Gln Thr Tyr Pro  
 375 380 385  
  
 ggc agt gga caa ggc ggc gga ccg aca acg ggt ctt gta tcc ggt gca  
 1296  
 20 Gly Ser Gly Gln Gly Gly Gly Pro Thr Thr Gly Leu Val Ser Gly Ala  
 390 395 400 405  
  
 act tat aaa atc gta gcc cgg cat tcc aac aaa gtt gtt gat gtt cct  
 1344  
 25 Thr Tyr Lys Ile Val Ala Arg His Ser Asn Lys Val Val Asp Val Pro  
 410 415 420  
  
 ggt ggt caa aat gaa aat aat ctt cag ctc cag cag tgg agt gat ctg  
 1392  
 30 Gly Gly Gln Asn Glu Asn Asn Leu Gln Leu Gln Gln Trp Ser Asp Leu  
 425 430 435  
  
 ggc ggt aac cct cag aag tgg gtt ctg acc tcg atc ggc agc ggc aac  
 1440  
 35 Gly Gly Asn Pro Gln Lys Trp Val Leu Thr Ser Ile Gly Ser Gly Asn  
 440 445 450  
  
 tat aca ctg aca agt gtg aac tcg ccg gac aaa gtc atc gac att cgc  
 1488  
 40 Tyr Thr Leu Thr Ser Val Asn Ser Pro Asp Lys Val Ile Asp Ile Arg  
 455 460 465  
  
 aac ggt acc ctc acc aat ggg gaa gcg gtt caa ctc atg agc aat ctg  
 1536  
 45 Asn Gly Thr Leu Thr Asn Gly Glu Ala Val Gln Leu Met Ser Asn Leu  
 470 475 480 485  
  
 aac aca acc gct cag cat ttt aag gtc aac gat ctt ggt aac ggg tac  
 1584  
 50 Asn Thr Thr Ala Gln His Phe Lys Val Asn Asp Leu Gly Asn Gly Tyr  
 490 495 500  
  
 tgg agt atc atc aac gtg aac agc aat aaa gcg att gaa gta gca aac  
 1632  
 55 Trp Ser Ile Ile Asn Val Asn Ser Asn Lys Ala Ile Glu Val Ala Asn  
 505 510 515

# ES 2 757 053 T3

```

gct tcc act tcg gat gga gcc ttg ctg cag cag aac acc tac aca ggt
1680
Ala Ser Thr Ser Asp Gly Ala Leu Leu Gln Gln Asn Thr Tyr Thr Gly
      520                      525                      530
5
gct aca aac caa caa tgg aaa ttt gtt gcc gtt agc aat taa
1722
Ala Thr Asn Gln Gln Trp Lys Phe Val Ala Val Ser Asn
      535                      540                      545
10
<210> 117
<211> 573
<212> PRT
15 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Construcción sintética

20 <400> 117

Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile
      -25                      -20                      -15
25
Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His His His His His
      -10                      -5                      -1 1                      5
30
His Pro Arg Trp Val Gly Met Pro Met Gly Lys Leu His Val Asn Gly
      10                      15                      20
35
Lys Asn Leu Val Asn Ser Asn Asn Gln Pro Val Leu Leu Asn Gly Trp
      25                      30                      35
40
His Gln Pro Ser Gly Ala Tyr Trp Thr Tyr Gln Asp Ser Asn Tyr Tyr
      40                      45                      50
45
Leu Asn Leu His Gly Asn Asn Arg His Ala Ala Thr Leu Ala Tyr Leu
      55                      60                      65
50
Lys Asp Ile Thr Asp Thr Phe Ala Asp Thr Ser Ala Lys Tyr Gly Ser
      70                      75                      80                      85
55
Asn His Gly Trp Asn Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Gln
      90                      95                      100
60
Asp Met Gly Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Val Gln
      105                      110                      115

```

ES 2 757 053 T3

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

ES 2 757 053 T3

			345					350								355
5	Pro	Thr	Ala	Gly	Leu	Lys	Trp	Asp	Gly	Asp	Ala	Ser	Arg	Ser	Ala	Met
			360					365					370			
10	Gly	Arg	Phe	Leu	Phe	Asn	Trp	Tyr	His	Glu	Arg	Ala	Gln	Thr	Tyr	Pro
		375					380					385				
15	Gly	Ser	Gly	Gln	Gly	Gly	Gly	Pro	Thr	Thr	Gly	Leu	Val	Ser	Gly	Ala
	390					395					400					405
20	Thr	Tyr	Lys	Ile	Val	Ala	Arg	His	Ser	Asn	Lys	Val	Val	Asp	Val	Pro
				410						415					420	
25	Gly	Gly	Gln	Asn	Glu	Asn	Asn	Leu	Gln	Leu	Gln	Gln	Trp	Ser	Asp	Leu
				425					430					435		
30	Gly	Gly	Asn	Pro	Gln	Lys	Trp	Val	Leu	Thr	Ser	Ile	Gly	Ser	Gly	Asn
			440					445					450			
35	Tyr	Thr	Leu	Thr	Ser	Val	Asn	Ser	Pro	Asp	Lys	Val	Ile	Asp	Ile	Arg
		455					460					465				
40	Asn	Gly	Thr	Leu	Thr	Asn	Gly	Glu	Ala	Val	Gln	Leu	Met	Ser	Asn	Leu
	470					475					480					485
45	Asn	Thr	Thr	Ala	Gln	His	Phe	Lys	Val	Asn	Asp	Leu	Gly	Asn	Gly	Tyr
				490						495					500	
50	Trp	Ser	Ile	Ile	Asn	Val	Asn	Ser	Asn	Lys	Ala	Ile	Glu	Val	Ala	Asn
			505						510					515		
55	Ala	Ser	Thr	Ser	Asp	Gly	Ala	Leu	Leu	Gln	Gln	Asn	Thr	Tyr	Thr	Gly
			520					525					530			
60	Ala	Thr	Asn	Gln	Gln	Trp	Lys	Phe	Val	Ala	Val	Ser	Asn			
	535						540					545				
65	<210>	118														
	<211>	546														
	<212>	PRT														
70	<213>	Secuencia artificial														
	<220>															



ES 2 757 053 T3

<223> Secuencia madura con etiqueta de polihistidina

<220>

<221> mat\_peptide

5 <222> (1)..(546)

<400> 118

10 His His His His His His Pro Arg Trp Val Gly Met Pro Met Gly Lys  
 1 5 10 15

15 Leu His Val Asn Gly Lys Asn Leu Val Asn Ser Asn Asn Gln Pro Val  
 20 25 30

20 Leu Leu Asn Gly Trp His Gln Pro Ser Gly Ala Tyr Trp Thr Tyr Gln  
 35 40 45

25 Asp Ser Asn Tyr Tyr Leu Asn Leu His Gly Asn Asn Arg His Ala Ala  
 50 55 60

30 Thr Leu Ala Tyr Leu Lys Asp Ile Thr Asp Thr Phe Ala Asp Thr Ser  
 65 70 75 80

35 Ala Lys Tyr Gly Ser Asn His Gly Trp Asn Met Asn Gln Val Arg Leu  
 85 90 95

40 Phe Ile Asp Arg Gln Asp Met Gly Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn  
 100 105 110

45 Phe Ala Gly Val Gln Thr Val Thr Gln Asn Val Ile Ile Pro Tyr Ile  
 115 120 125

50 Gln Tyr Ala Lys Thr Lys Gly Val Tyr Val Val Leu Gly Leu Asp Phe  
 130 135 140

55 Thr Leu Lys Asp Asp Gln Ala Thr Thr Pro Ala Asn Leu Gln Lys Phe  
 145 150 155 160

60 Asn Glu Ile Trp Gly Tyr Leu Ala Ser Arg Pro Glu Ile Lys Ser Ala  
 165 170 175

65 Asp Asn Val His Phe Glu Leu Ile Asn Glu Pro Val Lys Ser Tyr Ala  
 180 185 190

70 Asn Gly His Trp Gly Gly Tyr Asn Gly Glu Asn Asp Phe Val Asp His

ES 2 757 053 T3

	195		200		205												
5	Trp 210	Asn 210	Asp	Leu	Arg	Asn	Phe 215	Gln	Asn	Ser	Met	Ile 220	Ser	Thr	Ile	Arg	
10	Ser 225	Lys	Gly	Ala	Asp	Asn 230	Val	Ile	Trp	Ala	Ala 235	Gly	Leu	Gly	Tyr	Asn 240	
15	Gln	Phe	Tyr	Ser	Leu 245	Thr	Ala	Ser	His	Pro 250	Leu	Thr	Asp	Pro	Leu	Asn 255	
20	Asn	Tyr	Gly	Tyr 260	Ala	Val	His	Trp	Tyr 265	Pro	Gly	Tyr	Gly	Ala	Tyr	Asp	
25	Ala	Asp 290	Lys	Tyr	Pro	Ile	Asn 295	Ile	Thr	Glu	Val	Thr 300	Trp	Phe	Lys	Asn	
30	Lys 305	Pro	Gly	Asp	Ser	Ala 310	Tyr	Trp	Asn	Leu	Phe 315	Asn	Gly	Ser	Asn	Glu 320	
35	Gly	Phe	Gly	Thr	Asn 325	Thr	Lys	Thr	Ile	Phe 330	Asn	Ala	Ser	Gly	Asn 335	Val	
40	Ser	Ile	Ala	Ala 340	His	Met	Asn	Gly	Phe 345	Ile	Leu	Ser	Glu	Gly 350	Pro	Arg	
45	Ser	Ser	Phe 355	Ala	Asp	Pro	Thr	Ala 360	Gly	Leu	Lys	Trp	Asp 365	Gly	Asp	Ala	
50	Ser	Arg 370	Ser	Ala	Met	Gly	Arg 375	Phe	Leu	Phe	Asn	Trp 380	Tyr	His	Glu	Arg	
55	Ala 385	Gln	Thr	Tyr	Pro	Gly 390	Ser	Gly	Gln	Gly	Gly 395	Gly	Pro	Thr	Thr	Gly 400	
60	Leu	Val	Ser	Gly	Ala 405	Thr	Tyr	Lys	Ile	Val 410	Ala	Arg	His	Ser	Asn 415	Lys	
65	Val	Val	Asp	Val 420	Pro	Gly	Gly	Gln	Asn 425	Glu	Asn	Asn	Leu	Gln 430	Leu	Gln	

ES 2 757 053 T3

5 Gln Trp Ser Asp Leu Gly Gly Asn Pro Gln Lys Trp Val Leu Thr Ser  
 435 440 445  
 Ile Gly Ser Gly Asn Tyr Thr Leu Thr Ser Val Asn Ser Pro Asp Lys  
 450 455 460  
 10 Val Ile Asp Ile Arg Asn Gly Thr Leu Thr Asn Gly Glu Ala Val Gln  
 465 470 475 480  
 15 Leu Met Ser Asn Leu Asn Thr Thr Ala Gln His Phe Lys Val Asn Asp  
 485 490 495  
 20 Leu Gly Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Ile Asn Val Asn Ser Asn Lys Ala  
 500 505 510  
 25 Ile Glu Val Ala Asn Ala Ser Thr Ser Asp Gly Ala Leu Leu Gln Gln  
 515 520 525  
 30 Asn Thr Tyr Thr Gly Ala Thr Asn Gln Gln Trp Lys Phe Val Ala Val  
 530 535 540  
 Ser Asn  
 545  
 35 <210> 119  
 <211> 1704  
 <212> ADN  
 <213> Paenibacillus chitinolyticus  
 40 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1701)  
 <220>  
 45 <221> sig\_peptide  
 <222> (1)..(90)  
 <220>  
 <221> mat\_peptide  
 50 <222> (91)..(1701)  
 <400> 119  
 55 gtg aag aag att ttg aca tct ttc aaa ctt tta atc att ctt gct tta  
 48  
 Val Lys Lys Ile Leu Thr Ser Phe Lys Leu Leu Ile Ile Leu Ala Leu  
 -30 -25 -20 -15



ES 2 757 053 T3

ccg gag atc aaa agt gca gac aac gtt cac ttc gaa ctg atc aac gaa  
 624  
 Pro Glu Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val His Phe Glu Leu Ile Asn Glu  
 165 170 175  
 5  
 ccg gtg aaa tcc tat gcc aat gga cat tgg ggt gga tac aac ggg gaa  
 672  
 Pro Val Lys Ser Tyr Ala Asn Gly His Trp Gly Gly Tyr Asn Gly Glu  
 180 185 190  
 10  
 aat gac ttt gtg gat cac tgg aat gac ctg cgt aat ttc caa aat tcc  
 720  
 Asn Asp Phe Val Asp His Trp Asn Asp Leu Arg Asn Phe Gln Asn Ser  
 195 200 205 210  
 15  
 atg att tca aca att cgc agc aaa ggt gcg gac aat gtc atc tgg gcg  
 768  
 Met Ile Ser Thr Ile Arg Ser Lys Gly Ala Asp Asn Val Ile Trp Ala  
 215 220 225  
 20  
 gca ggt ttg gga tac aac caa ttt tac agc tta acg gca agt cat cca  
 816  
 Ala Gly Leu Gly Tyr Asn Gln Phe Tyr Ser Leu Thr Ala Ser His Pro  
 230 235 240  
 25  
 ttg act gac ccg ctc aat aac tat gga tat gcg gtt cac tgg tac cct  
 864  
 Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Tyr Gly Tyr Ala Val His Trp Tyr Pro  
 245 250 255  
 30  
 ggt tat ggt gca tat gac aat ttc tct atc ctg caa gac cag tgg aat  
 912  
 Gly Tyr Gly Ala Tyr Asp Asn Phe Ser Ile Leu Gln Asp Gln Trp Asn  
 260 265 270  
 35  
 acc aac gtg aag gca gcc gct gac aaa tat cca att aac att acc gag  
 960  
 Thr Asn Val Lys Ala Ala Ala Asp Lys Tyr Pro Ile Asn Ile Thr Glu  
 275 280 285 290  
 40  
 gta acc tgg ttc aaa aac aaa cct ggc gat tcg gcc tat tgg aac ttg  
 1008  
 Val Thr Trp Phe Lys Asn Lys Pro Gly Asp Ser Ala Tyr Trp Asn Leu  
 295 300 305  
 45  
 ttt aat ggc agc aat gaa ggt ttc ggt acc aat acc aaa acg att ttc  
 1056  
 Phe Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Thr Asn Thr Lys Thr Ile Phe  
 310 315 320  
 50  
 aac gca gca ggc aac gtc agc att gca gca cat atg aac ggt ttt att  
 1104  
 Asn Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Ala His Met Asn Gly Phe Ile  
 325 330 335  
 55  
 cta agt gaa gga cca aga agc tcc ttt gcc gat cct acg gca ggc ctg  
 1152

ES 2 757 053 T3

Leu Ser Glu Gly Pro Arg Ser Ser Phe Ala Asp Pro Thr Ala Gly Leu  
 340 345 350  
 5 aaa tgg gac ggg gat gct tca cgg agc gcg atg gga cgt ttc ctg ttt  
 1200  
 Lys Trp Asp Gly Asp Ala Ser Arg Ser Ala Met Gly Arg Phe Leu Phe  
 355 360 365 370  
 10 aac tgg tac cat gaa cgt gct cag act tac ccg ggc ggt ggg caa ggt  
 1248  
 Asn Trp Tyr His Glu Arg Ala Gln Thr Tyr Pro Gly Gly Gly Gln Gly  
 375 380 385  
 15 gga cca aca acg ggt ctg gta tcc ggt gca acc tat aaa att gta gct  
 1296  
 Gly Pro Thr Thr Gly Leu Val Ser Gly Ala Thr Tyr Lys Ile Val Ala  
 390 395 400  
 20 cgg cat tcc aac aag gtt att gat gtc cca ggt ggt caa aat gaa aac  
 1344  
 Arg His Ser Asn Lys Val Ile Asp Val Pro Gly Gly Gln Asn Glu Asn  
 405 410 415  
 25 aat ctt caa ctc cag cag tgg agc gat ctg ggc ggc aac cct cag aag  
 1392  
 Asn Leu Gln Leu Gln Gln Trp Ser Asp Leu Gly Gly Asn Pro Gln Lys  
 420 425 430  
 30 tgg gtt cta act tcg att ggc agc ggc aac tac acg ctg aca agt gtg  
 1440  
 Trp Val Leu Thr Ser Ile Gly Ser Gly Asn Tyr Thr Leu Thr Ser Val  
 435 440 445 450  
 35 aac tca ccg gac aaa gtc atc gac att cgc aac ggt act ctc acc aat  
 1488  
 Asn Ser Pro Asp Lys Val Ile Asp Ile Arg Asn Gly Thr Leu Thr Asn  
 455 460 465  
 40 ggg gaa gcg gtc caa ctc atg agc aat ctg aac aca acc gct cag cat  
 1536  
 Gly Glu Ala Val Gln Leu Met Ser Asn Leu Asn Thr Thr Ala Gln His  
 470 475 480  
 45 ttc aaa gtg aat gac ctt ggt aac ggg tac tgg agt atc atc aac gtg  
 1584  
 Phe Lys Val Asn Asp Leu Gly Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Ile Asn Val  
 485 490 495  
 50 aac agc aac aaa gcg att gaa gtc gca aac gct tcc acg tcg gat ggt  
 1632  
 Asn Ser Asn Lys Ala Ile Glu Val Ala Asn Ala Ser Thr Ser Asp Gly  
 500 505 510  
 55 gcc aaa ttg cag cag aac acc tac acg ggt gca aca aat caa caa tgg  
 1680  
 Ala Lys Leu Gln Gln Asn Thr Tyr Thr Gly Ala Thr Asn Gln Gln Trp  
 515 520 525 530

ES 2 757 053 T3

aaa ttt gtt gcc gtc agc aat taa  
 1704  
 Lys Phe Val Ala Val Ser Asn  
 5 535

<210> 120  
 <211> 567  
 10 <212> PRT  
 <213> Paenibacillus chitinolyticus

<400> 120

15 Val Lys Lys Ile Leu Thr Ser Phe Lys Leu Leu Ile Ile Leu Ala Leu  
 -30 -25 -20 -15

20 Leu Ile Thr Ile Val Pro Trp Gly Gly Asn Arg Ala Glu Ala Trp Val  
 -10 -5 -1 1

25 Gly Met Pro Met Gly Lys Leu His Val Asn Gly Lys Asn Leu Val Asn  
 5 10 15

Ser Asn Asn Gln Pro Val Leu Leu Asn Gly Trp His Gln Pro Ser Gly  
 20 25 30

30 Ala Tyr Trp Thr Tyr Gln Asp Ser Asn Tyr Tyr Leu Asn Leu His Gly  
 35 40 45 50

35 Asn Asn Arg His Ala Ala Thr Leu Ala Tyr Leu Lys Asp Ile Thr Asp  
 55 60 65

40 Thr Phe Ala Asp Thr Ser Pro Lys Tyr Gly Ser Asn His Gly Trp Asn  
 70 75 80

45 Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Gln Asp Met Gly Asp Val  
 85 90 95

Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Val Gln Thr Val Thr Gln Asn  
 100 105 110

50 Val Ile Ile Pro Tyr Ile Gln Tyr Ala Lys Ser Lys Gly Val Tyr Val  
 115 120 125 130

55 Val Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Lys Asp Asp Gln Ala Thr Thr Pro  
 135 140 145

ES 2 757 053 T3

Ala Asn Leu Gln Lys Phe Asn Glu Ile Trp Gly Tyr Leu Ala Ser Arg  
 150 155 160

5  
 Pro Glu Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val His Phe Glu Leu Ile Asn Glu  
 165 170 175

10  
 Pro Val Lys Ser Tyr Ala Asn Gly His Trp Gly Gly Tyr Asn Gly Glu  
 180 185 190

15  
 Asn Asp Phe Val Asp His Trp Asn Asp Leu Arg Asn Phe Gln Asn Ser  
 195 200 205 210

20  
 Met Ile Ser Thr Ile Arg Ser Lys Gly Ala Asp Asn Val Ile Trp Ala  
 215 220 225

25  
 Ala Gly Leu Gly Tyr Asn Gln Phe Tyr Ser Leu Thr Ala Ser His Pro  
 230 235 240

30  
 Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Tyr Gly Tyr Ala Val His Trp Tyr Pro  
 245 250 255

35  
 Gly Tyr Gly Ala Tyr Asp Asn Phe Ser Ile Leu Gln Asp Gln Trp Asn  
 260 265 270

40  
 Thr Asn Val Lys Ala Ala Ala Asp Lys Tyr Pro Ile Asn Ile Thr Glu  
 275 280 285 290

45  
 Val Thr Trp Phe Lys Asn Lys Pro Gly Asp Ser Ala Tyr Trp Asn Leu  
 295 300 305

50  
 Phe Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Thr Asn Thr Lys Thr Ile Phe  
 310 315 320

55  
 Asn Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Ala His Met Asn Gly Phe Ile  
 325 330 335

60  
 Leu Ser Glu Gly Pro Arg Ser Ser Phe Ala Asp Pro Thr Ala Gly Leu  
 340 345 350

65  
 Lys Trp Asp Gly Asp Ala Ser Arg Ser Ala Met Gly Arg Phe Leu Phe  
 355 360 365 370



ES 2 757 053 T3

Asn Trp Tyr His Glu Arg Ala Gln Thr Tyr Pro Gly Gly Gly Gln Gly  
 375 380 385

5 Gly Pro Thr Thr Gly Leu Val Ser Gly Ala Thr Tyr Lys Ile Val Ala  
 390 395 400

10 Arg His Ser Asn Lys Val Ile Asp Val Pro Gly Gly Gln Asn Glu Asn  
 405 410 415

15 Asn Leu Gln Leu Gln Gln Trp Ser Asp Leu Gly Gly Asn Pro Gln Lys  
 420 425 430

20 Trp Val Leu Thr Ser Ile Gly Ser Gly Asn Tyr Thr Leu Thr Ser Val  
 435 440 445 450

25 Asn Ser Pro Asp Lys Val Ile Asp Ile Arg Asn Gly Thr Leu Thr Asn  
 455 460 465

30 Gly Glu Ala Val Gln Leu Met Ser Asn Leu Asn Thr Thr Ala Gln His  
 470 475 480

35 Phe Lys Val Asn Asp Leu Gly Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Ile Asn Val  
 485 490 495

40 Asn Ser Asn Lys Ala Ile Glu Val Ala Asn Ala Ser Thr Ser Asp Gly  
 500 505 510

45 Ala Lys Leu Gln Gln Asn Thr Tyr Thr Gly Ala Thr Asn Gln Gln Trp  
 515 520 525 530

40 Lys Phe Val Ala Val Ser Asn  
 535

45 <210> 121  
 <211> 537  
 <212> PRT  
 <213> Paenibacillus chitinolyticus

50 <220>  
 <221> mat\_peptide  
 <222> (1)..(537)

55 <400> 121

Trp Val Gly Met Pro Met Gly Lys Leu His Val Asn Gly Lys Asn Leu  
 1 5 10 15

ES 2 757 053 T3

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

ES 2 757 053 T3

His Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Tyr Gly Tyr Ala Val His Trp  
 245 250 255  
 5  
 Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala Tyr Asp Asn Phe Ser Ile Leu Gln Asp Gln  
 260 265 270  
 10  
 Trp Asn Thr Asn Val Lys Ala Ala Ala Asp Lys Tyr Pro Ile Asn Ile  
 275 280 285  
 15  
 Thr Glu Val Thr Trp Phe Lys Asn Lys Pro Gly Asp Ser Ala Tyr Trp  
 290 295 300  
 20  
 Asn Leu Phe Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Thr Asn Thr Lys Thr  
 305 310 315 320  
 25  
 Ile Phe Asn Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Ala His Met Asn Gly  
 325 330 335  
 30  
 Phe Ile Leu Ser Glu Gly Pro Arg Ser Ser Phe Ala Asp Pro Thr Ala  
 340 345 350  
 35  
 Gly Leu Lys Trp Asp Gly Asp Ala Ser Arg Ser Ala Met Gly Arg Phe  
 355 360 365  
 40  
 Leu Phe Asn Trp Tyr His Glu Arg Ala Gln Thr Tyr Pro Gly Gly Gly  
 370 375 380  
 45  
 Gln Gly Gly Pro Thr Thr Gly Leu Val Ser Gly Ala Thr Tyr Lys Ile  
 385 390 395 400  
 50  
 Val Ala Arg His Ser Asn Lys Val Ile Asp Val Pro Gly Gly Gln Asn  
 405 410 415  
 55  
 Glu Asn Asn Leu Gln Leu Gln Gln Trp Ser Asp Leu Gly Gly Asn Pro  
 420 425 430  
 60  
 Gln Lys Trp Val Leu Thr Ser Ile Gly Ser Gly Asn Tyr Thr Leu Thr  
 435 440 445  
 65  
 Ser Val Asn Ser Pro Asp Lys Val Ile Asp Ile Arg Asn Gly Thr Leu  
 450 455 460

ES 2 757 053 T3

Thr Asn Gly Glu Ala Val Gln Leu Met Ser Asn Leu Asn Thr Thr Ala  
 465 470 475 480

5 Gln His Phe Lys Val Asn Asp Leu Gly Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Ile  
 485 490 495

10 Asn Val Asn Ser Asn Lys Ala Ile Glu Val Ala Asn Ala Ser Thr Ser  
 500 505 510

15 Asp Gly Ala Lys Leu Gln Gln Asn Thr Tyr Thr Gly Ala Thr Asn Gln  
 515 520 525

Gln Trp Lys Phe Val Ala Val Ser Asn  
 530 535

20  
 <210> 122  
 <211> 1719  
 <212> ADN  
 <213> Secuencia artificial

25  
 <220>  
 <223> Construcción de expresión

30  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1716)

35  
 <220>  
 <221> sig\_peptide  
 <222> (1)..(81)

40  
 <220>  
 <221> mat\_peptide  
 <222> (82)..(1716)

<400> 122

atg aag aaa ccg ttg ggg aaa att gtc gca agc acc gca cta ctc att  
 48

45 Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile  
 -25 -20 -15

tct gtt gct ttt agt tca tcg ata gca tca gca cat cat cat cac cat  
 96

50 Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His His His His His  
 -10 -5 -1 1 5

cat cct agg tgg gtt ggc atg ccg atg ggc aaa ctg cat gtt aat ggc  
 144

55 His Pro Arg Trp Val Gly Met Pro Met Gly Lys Leu His Val Asn Gly  
 10 15 20

ES 2 757 053 T3

aaa aat ctg gtc aac agc aat aat caa ccg gtt ctg ctg aat ggc tgg  
 192  
 Lys Asn Leu Val Asn Ser Asn Asn Gln Pro Val Leu Leu Asn Gly Trp  
 25 30 35  
 5  
 cat caa ccg tca ggc gca tat tgg aca tat caa gat tca aac tat tat  
 240  
 His Gln Pro Ser Gly Ala Tyr Trp Thr Tyr Gln Asp Ser Asn Tyr Tyr  
 40 45 50  
 10  
 ctg aac ctg cat ggc aat aat aga cat gca gca aca ctg gca tat ctg  
 288  
 Leu Asn Leu His Gly Asn Asn Arg His Ala Ala Thr Leu Ala Tyr Leu  
 55 60 65  
 15  
 aaa gat atc aca gat aca ttt gca gac acg tca ccg aaa tat ggc tca  
 336  
 Lys Asp Ile Thr Asp Thr Phe Ala Asp Thr Ser Pro Lys Tyr Gly Ser  
 70 75 80 85  
 20  
 aat cat ggc tgg aat atg aat cag gtc cgc ctg ttt att gat aga caa  
 384  
 Asn His Gly Trp Asn Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Gln  
 90 95 100  
 25  
 gat atg gga gat gtt gca gca ggc aca tat aac ttt gca ggc gtt caa  
 432  
 Asp Met Gly Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Val Gln  
 105 110 115  
 30  
 aca gtt aca cag aat gtc att att ccg tat atc cag tat gcg aaa agc  
 480  
 Thr Val Thr Gln Asn Val Ile Ile Pro Tyr Ile Gln Tyr Ala Lys Ser  
 120 125 130  
 35  
 aaa ggc gtt tat gtt gtt ctg ggc ctg gat ttt aca ctg aaa gat gac  
 528  
 Lys Gly Val Tyr Val Val Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Lys Asp Asp  
 135 140 145  
 40  
 caa gca aca aca ccg gca aat ctg cag aaa ttt aac gaa att tgg ggc  
 576  
 Gln Ala Thr Thr Pro Ala Asn Leu Gln Lys Phe Asn Glu Ile Trp Gly  
 150 155 160 165  
 45  
 tat ctt gca agc aga ccg gaa atc aaa tca gca gat aat gtc cac ttt  
 624  
 Tyr Leu Ala Ser Arg Pro Glu Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val His Phe  
 170 175 180  
 50  
 gaa ctg att aac gaa ccg gtt aaa agc tat gca aat gga cat tgg gga  
 672  
 Glu Leu Ile Asn Glu Pro Val Lys Ser Tyr Ala Asn Gly His Trp Gly  
 185 190 195  
 55  
 ggc tat aat ggc gaa aat gat ttt gtc gat cat tgg aat gat ctg cgc  
 720

ES 2 757 053 T3

Gly Tyr Asn Gly Glu Asn Asp Phe Val Asp His Trp Asn Asp Leu Arg  
200 205 210

5 aat ttt cag aac agc atg att agc aca att cgc tca aaa ggc gct gat  
768

Asn Phe Gln Asn Ser Met Ile Ser Thr Ile Arg Ser Lys Gly Ala Asp  
215 220 225

10 aat gtt att tgg gca gca ggc ctg ggc tat aat cag ttt tat tca ctg  
816

Asn Val Ile Trp Ala Ala Gly Leu Gly Tyr Asn Gln Phe Tyr Ser Leu  
230 235 240 245

15 aca gca tca cat ccg ctg aca gat ccg ctg aat aac tat ggc tat gca  
864

Thr Ala Ser His Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Tyr Gly Tyr Ala  
250 255 260

20 gtt cat tgg tat ccg gga tat ggc gca tat gat aac ttt agc att ctg  
912

Val His Trp Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala Tyr Asp Asn Phe Ser Ile Leu  
265 270 275

25 cag gat cag tgg aac aca aat gtt aaa gca gca gcg gat aaa tac ccg  
960

Gln Asp Gln Trp Asn Thr Asn Val Lys Ala Ala Ala Asp Lys Tyr Pro  
280 285 290

30 att aac att acg gaa gtc acg tgg ttt aaa aac aaa cct ggc gat tca  
1008

Ile Asn Ile Thr Glu Val Thr Trp Phe Lys Asn Lys Pro Gly Asp Ser  
295 300 305

35 gcg tat tgg aat ctt ttt aat ggc agc aat gaa ggc ttt ggc aca aac  
1056

Ala Tyr Trp Asn Leu Phe Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Thr Asn  
310 315 320 325

40 aca aaa acg atc ttt aat gcg gca ggc aat gtt tca att gcg gca cat  
1104

Thr Lys Thr Ile Phe Asn Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Ala His  
330 335 340

45 atg aat ggc ttt att ctg tca gaa gga ccg aga tca agc ttt gca gat  
1152

Met Asn Gly Phe Ile Leu Ser Glu Gly Pro Arg Ser Ser Phe Ala Asp  
345 350 355

50 ccg aca gca gga ctg aaa tgg gat ggc gac gca tca aga tca gca atg  
1200

Pro Thr Ala Gly Leu Lys Trp Asp Gly Asp Ala Ser Arg Ser Ala Met  
360 365 370

55 ggc aga ttt ctg ttt aac tgg tat cat gaa aga gcg caa aca tat cct  
1248

Gly Arg Phe Leu Phe Asn Trp Tyr His Glu Arg Ala Gln Thr Tyr Pro  
375 380 385

ES 2 757 053 T3

ggc gga ggc caa ggc gga ccg aca aca ggc ctg gtt tca ggc gca aca  
 1296  
 5 Gly Gly Gly Gln Gly Gly Pro Thr Thr Gly Leu Val Ser Gly Ala Thr  
 390 395 400 405  
  
 tac aaa att gtt gca cgc cat agc aac aaa gtc att gat gtc cct ggc  
 1344  
 10 Tyr Lys Ile Val Ala Arg His Ser Asn Lys Val Ile Asp Val Pro Gly  
 410 415 420  
  
 gga cag aat gaa aac aat ctg caa ctg caa caa tgg tca gat ctg gga  
 1392  
 15 Gly Gln Asn Glu Asn Asn Leu Gln Leu Gln Gln Trp Ser Asp Leu Gly  
 425 430 435  
  
 ggc aat ccg caa aaa tgg gtt ctg aca tca att ggc tca ggc aat tat  
 1440  
 20 Gly Asn Pro Gln Lys Trp Val Leu Thr Ser Ile Gly Ser Gly Asn Tyr  
 440 445 450  
  
 aca ctg aca tca gtt aat tca ccg gat aaa gtc atc gat att cgc aat  
 1488  
 25 Thr Leu Thr Ser Val Asn Ser Pro Asp Lys Val Ile Asp Ile Arg Asn  
 455 460 465  
  
 ggc aca ctg aca aat ggc gaa gca gtt caa ctt atg agc aat ctg aat  
 1536  
 30 Gly Thr Leu Thr Asn Gly Glu Ala Val Gln Leu Met Ser Asn Leu Asn  
 470 475 480 485  
  
 aca aca gcg cag cat ttt aaa gtc aat gat ctg gga aat ggc tat tgg  
 1584  
 35 Thr Thr Ala Gln His Phe Lys Val Asn Asp Leu Gly Asn Gly Tyr Trp  
 490 495 500  
  
 agc att att aac gtg aac tcc aac aaa gca att gaa gtt gca aat gcg  
 1632  
 40 Ser Ile Ile Asn Val Asn Ser Asn Lys Ala Ile Glu Val Ala Asn Ala  
 505 510 515  
  
 tca aca tca gat ggc gca aaa ctt caa cag aat aca tat aca ggc gct  
 1680  
 45 Ser Thr Ser Asp Gly Ala Lys Leu Gln Gln Asn Thr Tyr Thr Gly Ala  
 520 525 530  
  
 aca aac cag caa tgg aaa ttt gtt gcg gtc agc aac taa  
 1719  
 50 Thr Asn Gln Gln Trp Lys Phe Val Ala Val Ser Asn  
 535 540 545  
  
 <210> 123  
 <211> 572  
 55 <212> PRT  
 <213> Secuencia artificial

ES 2 757 053 T3

<220>

<223> Construcción sintética

<400> 123

5

Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile  
-25 -20 -15

10

Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His His His His His  
-10 -5 -1 1 5

15

His Pro Arg Trp Val Gly Met Pro Met Gly Lys Leu His Val Asn Gly  
10 15 20

20

Lys Asn Leu Val Asn Ser Asn Asn Gln Pro Val Leu Leu Asn Gly Trp  
25 30 35

His Gln Pro Ser Gly Ala Tyr Trp Thr Tyr Gln Asp Ser Asn Tyr Tyr  
40 45 50

25

Leu Asn Leu His Gly Asn Asn Arg His Ala Ala Thr Leu Ala Tyr Leu  
55 60 65

30

Lys Asp Ile Thr Asp Thr Phe Ala Asp Thr Ser Pro Lys Tyr Gly Ser  
70 75 80 85

35

Asn His Gly Trp Asn Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Gln  
90 95 100

40

Asp Met Gly Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Val Gln  
105 110 115

Thr Val Thr Gln Asn Val Ile Ile Pro Tyr Ile Gln Tyr Ala Lys Ser  
120 125 130

45

Lys Gly Val Tyr Val Val Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Lys Asp Asp  
135 140 145

50

Gln Ala Thr Thr Pro Ala Asn Leu Gln Lys Phe Asn Glu Ile Trp Gly  
150 155 160 165

55

Tyr Leu Ala Ser Arg Pro Glu Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val His Phe  
170 175 180



ES 2 757 053 T3

Glu Leu Ile Asn Glu Pro Val Lys Ser Tyr Ala Asn Gly His Trp Gly  
 185 190 195

5 Gly Tyr Asn Gly Glu Asn Asp Phe Val Asp His Trp Asn Asp Leu Arg  
 200 205 210

10 Asn Phe Gln Asn Ser Met Ile Ser Thr Ile Arg Ser Lys Gly Ala Asp  
 215 220 225

15 Asn Val Ile Trp Ala Ala Gly Leu Gly Tyr Asn Gln Phe Tyr Ser Leu  
 230 235 240 245

20 Thr Ala Ser His Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Tyr Gly Tyr Ala  
 250 255 260

25 Val His Trp Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala Tyr Asp Asn Phe Ser Ile Leu  
 265 270 275

30 Gln Asp Gln Trp Asn Thr Asn Val Lys Ala Ala Ala Asp Lys Tyr Pro  
 280 285 290

35 Ile Asn Ile Thr Glu Val Thr Trp Phe Lys Asn Lys Pro Gly Asp Ser  
 295 300 305

40 Ala Tyr Trp Asn Leu Phe Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Thr Asn  
 310 315 320 325

45 Thr Lys Thr Ile Phe Asn Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Ala His  
 330 335 340

50 Met Asn Gly Phe Ile Leu Ser Glu Gly Pro Arg Ser Ser Phe Ala Asp  
 345 350 355

55 Pro Thr Ala Gly Leu Lys Trp Asp Gly Asp Ala Ser Arg Ser Ala Met  
 360 365 370

Gly Arg Phe Leu Phe Asn Trp Tyr His Glu Arg Ala Gln Thr Tyr Pro  
 375 380 385

Gly Gly Gly Gln Gly Gly Pro Thr Thr Gly Leu Val Ser Gly Ala Thr  
 390 395 400 405

Tyr Lys Ile Val Ala Arg His Ser Asn Lys Val Ile Asp Val Pro Gly

ES 2 757 053 T3

				410					415					420			
5	Gly	Gln	Asn	Glu	Asn	Asn	Leu	Gln	Leu	Gln	Gln	Trp	Ser	Asp	Leu	Gly	
				425					430					435			
10	Gly	Asn	Pro	Gln	Lys	Trp	Val	Leu	Thr	Ser	Ile	Gly	Ser	Gly	Asn	Tyr	
			440					445					450				
15	Thr	Leu	Thr	Ser	Val	Asn	Ser	Pro	Asp	Lys	Val	Ile	Asp	Ile	Arg	Asn	
		455					460					465					
20	Gly	Thr	Leu	Thr	Asn	Gly	Glu	Ala	Val	Gln	Leu	Met	Ser	Asn	Leu	Asn	
	470					475					480					485	
25	Thr	Thr	Ala	Gln	His	Phe	Lys	Val	Asn	Asp	Leu	Gly	Asn	Gly	Tyr	Trp	
					490					495					500		
30	Ser	Ile	Ile	Asn	Val	Asn	Ser	Asn	Lys	Ala	Ile	Glu	Val	Ala	Asn	Ala	
				505					510					515			
35	Ser	Thr	Ser	Asp	Gly	Ala	Lys	Leu	Gln	Gln	Asn	Thr	Tyr	Thr	Gly	Ala	
			520					525					530				
40	Thr	Asn	Gln	Gln	Trp	Lys	Phe	Val	Ala	Val	Ser	Asn					
		535					540					545					
45	<210>	124															
	<211>	545															
	<212>	PRT															
	<213>	Secuencia artificial															
50	<220>																
	<223>	Secuencia madura con etiqueta de polihistidina															
55	<220>																
	<221>	mat_peptide															
	<222>	(1)..(545)															
	<400>	124															
50	His	His	His	His	His	His	Pro	Arg	Trp	Val	Gly	Met	Pro	Met	Gly	Lys	
	1				5					10					15		
55	Leu	His	Val	Asn	Gly	Lys	Asn	Leu	Val	Asn	Ser	Asn	Asn	Gln	Pro	Val	
				20					25					30			

ES 2 757 053 T3

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



ES 2 757 053 T3

Gly Asn Gly Tyr Trp Ser Ile Ile Asn Val Asn Ser Asn Lys Ala Ile  
 500 505 510  
 5

Glu Val Ala Asn Ala Ser Thr Ser Asp Gly Ala Lys Leu Gln Gln Asn  
 515 520 525

10  
 Thr Tyr Thr Gly Ala Thr Asn Gln Gln Trp Lys Phe Val Ala Val Ser  
 530 535 540

15 Asn  
 545

20 <210> 125  
 <211> 1698  
 <212> ADN  
 <213> metagenoma de compost

25 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1695)

30 <220>  
 <221> sig\_peptide  
 <222> (1)..(87)

35 <220>  
 <221> mat\_peptide  
 <222> (88)..(1695)

<400> 125

atg aaa gca agt tgg tcc atc aag ctg ttg ctg ctg atg gcg tta atc  
 48

40 Met Lys Ala Ser Trp Ser Ile Lys Leu Leu Leu Leu Met Ala Leu Ile  
 -25 -20 -15

atg acg ccg att ctg gtg aat ggg aag tcg gcc gat gct tgg tca ggc  
 96

45 Met Thr Pro Ile Leu Val Asn Gly Lys Ser Ala Asp Ala Trp Ser Gly  
 -10 -5 -1 1

atg ccg atg tcc aag ctg cac gtc agc ggc aaa cag ctc gtg aac agc  
 144

50 Met Pro Met Ser Lys Leu His Val Ser Gly Lys Gln Leu Val Asn Ser  
 5 10 15

agc ggg cag cct gtt ctg ctc agc ggc tgg cat cag cca tca ggg cct  
 192

55 Ser Gly Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp His Gln Pro Ser Gly Pro  
 20 25 30 35

ES 2 757 053 T3

tat tgg acg tat cag aac agc aat tat tac ctg agt cag aat ggc aac  
 240  
 Tyr Trp Thr Tyr Gln Asn Ser Asn Tyr Tyr Leu Ser Gln Asn Gly Asn  
 40 45 50  
 5  
 aat cgg cat gcg gca att ctc gca tat ttg aaa gac atc act gac acc  
 288  
 Asn Arg His Ala Ala Ile Leu Ala Tyr Leu Lys Asp Ile Thr Asp Thr  
 55 60 65  
 10  
 ttc acg gac act tca gcg aag tat ggc agt acg cac ggc tgg tat atg  
 336  
 Phe Thr Asp Thr Ser Ala Lys Tyr Gly Ser Thr His Gly Trp Tyr Met  
 70 75 80  
 15  
 aac cag gta cgt cta ttc atc gac cgg gaa gac atg ggc gac gta gcg  
 384  
 Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met Gly Asp Val Ala  
 85 90 95  
 20  
 gcg gga acg tac aat ttc gca ggc ttg aag agc gtg acg cag aat gtg  
 432  
 Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Lys Ser Val Thr Gln Asn Val  
 100 105 110 115  
 25  
 att att ccg tac att aat tat gcc aaa acc aag ggc ttg tat gtt acg  
 480  
 Ile Ile Pro Tyr Ile Asn Tyr Ala Lys Thr Lys Gly Leu Tyr Val Thr  
 120 125 130  
 30  
 ctc ggc ctt gac ttc act ctc cag gac aat aaa gcg acg acg tca tcg  
 528  
 Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Gln Asp Asn Lys Ala Thr Thr Ser Ser  
 135 140 145  
 35  
 aat ctg gcc aag ttt aat gaa att tgg ggc tac ctc gct tcg cag acg  
 576  
 Asn Leu Ala Lys Phe Asn Glu Ile Trp Gly Tyr Leu Ala Ser Gln Thr  
 150 155 160  
 40  
 ggt atc aag agt gca gat aat gtg atg ttc gag ctc atc aat gag ccg  
 624  
 Gly Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val Met Phe Glu Leu Ile Asn Glu Pro  
 165 170 175  
 45  
 gtg ctc tcc gat gtg aac ggc gta tgg ggc ggc aat ccg tcg caa tcc  
 672  
 Val Leu Ser Asp Val Asn Gly Val Trp Gly Gly Asn Pro Ser Gln Ser  
 180 185 190 195  
 50  
 aat ttc gtc gac tac tgg aat tcg ttg agg aat ttc cag aat tcg atc  
 720  
 Asn Phe Val Asp Tyr Trp Asn Ser Leu Arg Asn Phe Gln Asn Ser Ile  
 200 205 210  
 55  
 atc tcg acg att cgg agc aaa ggg gcg gat aat gtc atc tgg gcg gca  
 768

ES 2 757 053 T3

Ile Ser Thr Ile Arg Ser Lys Gly Ala Asp Asn Val Ile Trp Ala Ala  
 215 220 225

5 gga ctt gga tgg gac caa tac tat cag ctg tgc gca tcc cat ccg ctg  
 816  
 Gly Leu Gly Trp Asp Gln Tyr Tyr Gln Leu Cys Ala Ser His Pro Leu  
 230 235 240

10 acg gat ccg ctg aac aat ctc ggt tat tcg gtt cac tgg tat ccg ggt  
 864  
 Thr Asp Pro Leu Asn Asn Leu Gly Tyr Ser Val His Trp Tyr Pro Gly  
 245 250 255

15 tat ggt gcg aat gac aat ttc tca acg ctg cag caa att tgg aat aca  
 912  
 Tyr Gly Ala Asn Asp Asn Phe Ser Thr Leu Gln Gln Ile Trp Asn Thr  
 260 265 270 275

20 aca atc aag cct tgt gcg gat aac tac ccg atc aac att aca gag aca  
 960  
 Thr Ile Lys Pro Cys Ala Asp Asn Tyr Pro Ile Asn Ile Thr Glu Thr  
 280 285 290

25 act tgg ttt aag cgg aag gct ggc gat tct gat tat tgg aac ctg ttc  
 1008  
 Thr Trp Phe Lys Arg Lys Ala Gly Asp Ser Asp Tyr Trp Asn Leu Phe  
 295 300 305

30 aac ggc tcg aac gag ggc ttc ggc aag aat acg aaa gca atc ttc acg  
 1056  
 Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Lys Asn Thr Lys Ala Ile Phe Thr  
 310 315 320

35 gct gca ggc aac gtc agc att gca gcg cat atg aat ggc ttc att ctc  
 1104  
 Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Ala His Met Asn Gly Phe Ile Leu  
 325 330 335

40 aac cct ggt acg cga agc tcg ttc gct gat ccg aca gca ggc ttg cag  
 1152  
 Asn Pro Gly Thr Arg Ser Ser Phe Ala Asp Pro Thr Ala Gly Leu Gln  
 340 345 350 355

45 tac gat ggc gat gcg aca cgc gac ggc atg gcg cgt ttc ctc ttc gaa  
 1200  
 Tyr Asp Gly Asp Ala Thr Arg Asp Gly Met Ala Arg Phe Leu Phe Glu  
 360 365 370

50 tgg tac tat gag cgc gct cag ttc aat cct tgg aac ggc gtt tgg aat  
 1248  
 Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Phe Asn Pro Trp Asn Gly Val Trp Asn  
 375 380 385

55 gga ctc acg aac ggc gga aca tac aaa ttg gtc aat cgt gct tcg ggc  
 1296  
 Gly Leu Thr Asn Gly Gly Thr Tyr Lys Leu Val Asn Arg Ala Ser Gly  
 390 395 400

ES 2 757 053 T3

aag gtg atc gat gtg cct ggc ggc cag aat acg aat gcg ctg cag ctg  
 1344  
 5 Lys Val Ile Asp Val Pro Gly Gly Gln Asn Thr Asn Ala Leu Gln Leu  
 405 410 415  
  
 cag cag tat gcg gat aat ggt gca acg gcg cag caa tgg gta att acg  
 1392  
 10 Gln Gln Tyr Ala Asp Asn Gly Ala Thr Ala Gln Gln Trp Val Ile Thr  
 420 425 430 435  
  
 gac caa ggc acg tac aat aat ttc tac aaa ttg acc agc gta agc tcg  
 1440  
 15 Asp Gln Gly Thr Tyr Asn Asn Phe Tyr Lys Leu Thr Ser Val Ser Ser  
 440 445 450  
  
 tcc gat ggc aaa gtg atg gat gtg cgc aat gga acc tcc aat aat gga  
 1488  
 20 Ser Asp Gly Lys Val Met Asp Val Arg Asn Gly Thr Ser Asn Asn Gly  
 455 460 465  
  
 gaa gcg att cag ctg atg cag agc ttt aac aat acg gct caa cag ttc  
 1536  
 25 Glu Ala Ile Gln Leu Met Gln Ser Phe Asn Asn Thr Ala Gln Gln Phe  
 470 475 480  
  
 cga ttg atc aag ctg agt aat ggg tac tat tgc gtt ctc aat gtt aac  
 1584  
 30 Arg Leu Ile Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Tyr Cys Val Leu Asn Val Asn  
 485 490 495  
  
 agc aac aag gct gta gag gtt gcg aac gcc tca acc tcg aat ggc gcg  
 1632  
 35 Ser Asn Lys Ala Val Glu Val Ala Asn Ala Ser Thr Ser Asn Gly Ala  
 500 505 510 515  
  
 ctg att caa cag aac tgg tat cgg ggc gac ctc aat caa caa tgg cag  
 1680  
 40 Leu Ile Gln Gln Asn Trp Tyr Arg Gly Asp Leu Asn Gln Gln Trp Gln  
 520 525 530  
  
 ctg gtt aaa atc aat taa  
 1698  
 45 Leu Val Lys Ile Asn  
 535  
  
 <210> 126  
 <211> 565  
 50 <212> PRT  
 <213> metagenoma de compost  
  
 <400> 126  
  
 55 Met Lys Ala Ser Trp Ser Ile Lys Leu Leu Leu Leu Met Ala Leu Ile  
 -25 -20 -15



ES 2 757 053 T3

Met Thr Pro Ile Leu Val Asn Gly Lys Ser Ala Asp Ala Trp Ser Gly  
 -10 -5 -1 1

5 Met Pro Met Ser Lys Leu His Val Ser Gly Lys Gln Leu Val Asn Ser  
 5 10 15

10 Ser Gly Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp His Gln Pro Ser Gly Pro  
 20 25 30 35

15 Tyr Trp Thr Tyr Gln Asn Ser Asn Tyr Tyr Leu Ser Gln Asn Gly Asn  
 40 45 50

20 Asn Arg His Ala Ala Ile Leu Ala Tyr Leu Lys Asp Ile Thr Asp Thr  
 55 60 65

Phe Thr Asp Thr Ser Ala Lys Tyr Gly Ser Thr His Gly Trp Tyr Met  
 70 75 80

25 Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met Gly Asp Val Ala  
 85 90 95

30 Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Lys Ser Val Thr Gln Asn Val  
 100 105 110 115

35 Ile Ile Pro Tyr Ile Asn Tyr Ala Lys Thr Lys Gly Leu Tyr Val Thr  
 120 125 130

40 Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Gln Asp Asn Lys Ala Thr Thr Ser Ser  
 135 140 145

45 Asn Leu Ala Lys Phe Asn Glu Ile Trp Gly Tyr Leu Ala Ser Gln Thr  
 150 155 160

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

50 Val Leu Ser Asp Val Asn Gly Val Trp Gly Gly Asn Pro Ser Gln Ser  
 180 185 190 195

55 Asn Phe Val Asp Tyr Trp Asn Ser Leu Arg Asn Phe Gln Asn Ser Ile  
 200 205 210

ES 2 757 053 T3

Ile Ser Thr Ile Arg Ser Lys Gly Ala Asp Asn Val Ile Trp Ala Ala  
 215 220 225

5 Gly Leu Gly Trp Asp Gln Tyr Tyr Gln Leu Cys Ala Ser His Pro Leu  
 230 235 240

10 Thr Asp Pro Leu Asn Asn Leu Gly Tyr Ser Val His Trp Tyr Pro Gly  
 245 250 255

15 Tyr Gly Ala Asn Asp Asn Phe Ser Thr Leu Gln Gln Ile Trp Asn Thr  
 260 265 270 275

20 Thr Ile Lys Pro Cys Ala Asp Asn Tyr Pro Ile Asn Ile Thr Glu Thr  
 280 285 290

25 Thr Trp Phe Lys Arg Lys Ala Gly Asp Ser Asp Tyr Trp Asn Leu Phe  
 295 300 305

30 Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Lys Asn Thr Lys Ala Ile Phe Thr  
 310 315 320

35 Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Ala His Met Asn Gly Phe Ile Leu  
 325 330 335

40 Asn Pro Gly Thr Arg Ser Ser Phe Ala Asp Pro Thr Ala Gly Leu Gln  
 340 345 350 355

45 Tyr Asp Gly Asp Ala Thr Arg Asp Gly Met Ala Arg Phe Leu Phe Glu  
 360 365 370

50 Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Phe Asn Pro Trp Asn Gly Val Trp Asn  
 375 380 385

55 Gly Leu Thr Asn Gly Gly Thr Tyr Lys Leu Val Asn Arg Ala Ser Gly  
 390 395 400

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

Gln Gln Tyr Ala Asp Asn Gly Ala Thr Ala Gln Gln Trp Val Ile Thr  
 420 425 430 435

Asp Gln Gly Thr Tyr Asn Asn Phe Tyr Lys Leu Thr Ser Val Ser Ser

ES 2 757 053 T3

440 445 450  
 5 Ser Asp Gly Lys Val Met Asp Val Arg Asn Gly Thr Ser Asn Asn Gly  
 455 460 465  
 10 Glu Ala Ile Gln Leu Met Gln Ser Phe Asn Asn Thr Ala Gln Gln Phe  
 470 475 480  
 15 Arg Leu Ile Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Tyr Cys Val Leu Asn Val Asn  
 485 490 495  
 20 Ser Asn Lys Ala Val Glu Val Ala Asn Ala Ser Thr Ser Asn Gly Ala  
 500 505 510 515  
 25 Leu Ile Gln Gln Asn Trp Tyr Arg Gly Asp Leu Asn Gln Gln Trp Gln  
 520 525 530  
 30 Leu Val Lys Ile Asn  
 535  
 <210> 127  
 <211> 536  
 <212> PRT  
 <213> metagenoma de compost  
 <220>  
 <221> mat\_peptide  
 <222> (1)..(536)  
 <400> 127  
 40 Trp Ser Gly Met Pro Met Ser Lys Leu His Val Ser Gly Lys Gln Leu  
 1 5 10 15  
 45 Val Asn Ser Ser Gly Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp His Gln Pro  
 20 25 30  
 50 Ser Gly Pro Tyr Trp Thr Tyr Gln Asn Ser Asn Tyr Tyr Leu Ser Gln  
 35 40 45  
 55 Asn Gly Asn Asn Arg His Ala Ala Ile Leu Ala Tyr Leu Lys Asp Ile  
 50 55 60  
 65 Thr Asp Thr Phe Thr Asp Thr Ser Ala Lys Tyr Gly Ser Thr His Gly  
 65 70 75 80

ES 2 757 053 T3

Trp Tyr Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met Gly  
85 90 95

5  
Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Lys Ser Val Thr  
100 105 110

10  
Gln Asn Val Ile Ile Pro Tyr Ile Asn Tyr Ala Lys Thr Lys Gly Leu  
115 120 125

15  
Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Gln Asp Asn Lys Ala Thr  
130 135 140

20  
Thr Ser Ser Asn Leu Ala Lys Phe Asn Glu Ile Trp Gly Tyr Leu Ala  
145 150 155 160

25  
Ser Gln Thr Gly Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val Met Phe Glu Leu Ile  
165 170 175

30  
Asn Glu Pro Val Leu Ser Asp Val Asn Gly Val Trp Gly Gly Asn Pro  
180 185 190

35  
Ser Gln Ser Asn Phe Val Asp Tyr Trp Asn Ser Leu Arg Asn Phe Gln  
195 200 205

40  
Asn Ser Ile Ile Ser Thr Ile Arg Ser Lys Gly Ala Asp Asn Val Ile  
210 215 220

45  
Trp Ala Ala Gly Leu Gly Trp Asp Gln Tyr Tyr Gln Leu Cys Ala Ser  
225 230 235 240

50  
His Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Leu Gly Tyr Ser Val His Trp  
245 250 255

55  
Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala Asn Asp Asn Phe Ser Thr Leu Gln Gln Ile  
260 265 270

60  
Trp Asn Thr Thr Ile Lys Pro Cys Ala Asp Asn Tyr Pro Ile Asn Ile  
275 280 285

65  
Thr Glu Thr Thr Trp Phe Lys Arg Lys Ala Gly Asp Ser Asp Tyr Trp  
290 295 300

ES 2 757 053 T3

Asn Leu Phe Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Lys Asn Thr Lys Ala  
 305 310 315 320  
 5 Ile Phe Thr Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Ala His Met Asn Gly  
 325 330 335  
 10 Phe Ile Leu Asn Pro Gly Thr Arg Ser Ser Phe Ala Asp Pro Thr Ala  
 340 345 350  
 15 Gly Leu Gln Tyr Asp Gly Asp Ala Thr Arg Asp Gly Met Ala Arg Phe  
 355 360 365  
 20 Leu Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Phe Asn Pro Trp Asn Gly  
 370 375 380  
 25 Val Trp Asn Gly Leu Thr Asn Gly Gly Thr Tyr Lys Leu Val Asn Arg  
 385 390 395 400  
 30 Ala Ser Gly Lys Val Ile Asp Val Pro Gly Gly Gln Asn Thr Asn Ala  
 405 410 415  
 35 Leu Gln Leu Gln Gln Tyr Ala Asp Asn Gly Ala Thr Ala Gln Gln Trp  
 420 425 430  
 40 Val Ile Thr Asp Gln Gly Thr Tyr Asn Asn Phe Tyr Lys Leu Thr Ser  
 435 440 445  
 45 Val Ser Ser Ser Asp Gly Lys Val Met Asp Val Arg Asn Gly Thr Ser  
 450 455 460  
 50 Asn Asn Gly Glu Ala Ile Gln Leu Met Gln Ser Phe Asn Asn Thr Ala  
 465 470 475 480  
 55 Gln Gln Phe Arg Leu Ile Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Tyr Cys Val Leu  
 485 490 495  
 60 Asn Val Asn Ser Asn Lys Ala Val Glu Val Ala Asn Ala Ser Thr Ser  
 500 505 510  
 65 Asn Gly Ala Leu Ile Gln Gln Asn Trp Tyr Arg Gly Asp Leu Asn Gln  
 515 520 525  
 70 Gln Trp Gln Leu Val Lys Ile Asn

ES 2 757 053 T3

530

535

5 <210> 128  
 <211> 1716  
 <212> ADN  
 <213> Secuencia artificial  
  
 <220>  
 10 <223> Construcción de expresión  
  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1713)  
 15 <220>  
 <221> sig\_peptide  
 <222> (1)..(81)  
  
 20 <220>  
 <221> mat\_peptide  
 <222> (82)..(1713)  
  
 <400> 128  
 25  
 atg aag aaa ccg ttg ggg aaa att gtc gca agc acc gca cta ctc att  
 48  
 Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile  
 -25 -20 -15  
 30  
 tct gtt gct ttt agt tca tcg ata gca tca gca cat cat cat cac cat  
 96  
 Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His His His His His  
 -10 -5 -1 1 5  
 35  
 cat cct agg tgg tct ggc atg cca atg agc aag ctt cat gtt tca ggc  
 144  
 His Pro Arg Trp Ser Gly Met Pro Met Ser Lys Leu His Val Ser Gly  
 10 15 20  
 40  
 aag caa ctt gtt aac tct tct ggc caa cct gtt ctt ctt tct ggc tgg  
 192  
 Lys Gln Leu Val Asn Ser Ser Gly Gln Pro Val Leu Leu Ser Gly Trp  
 25 30 35  
 45  
 cat caa cct tct ggc cct tac tgg act tac caa aac tct aac tac tac  
 240  
 His Gln Pro Ser Gly Pro Tyr Trp Thr Tyr Gln Asn Ser Asn Tyr Tyr  
 40 45 50  
 50  
 ctt tct caa aac ggc aac aac cgc cac gct gct atc ctt gct tat ctt  
 288  
 Leu Ser Gln Asn Gly Asn Asn Arg His Ala Ala Ile Leu Ala Tyr Leu  
 55 60 65  
 55  
 aag gac atc act gac act ttc aca gac act tct gca aag tac ggc tct  
 336

ES 2 757 053 T3

Lys Asp Ile Thr Asp Thr Phe Thr Asp Thr Ser Ala Lys Tyr Gly Ser  
 70 75 80 85  
 5 aca cat ggc tgg tac atg aac caa gtt cgc ctt ttc atc gac cgc gag  
 384  
 Thr His Gly Trp Tyr Met Asn Gln Val Arg Leu Phe Ile Asp Arg Glu  
 90 95 100  
 10 gac atg ggc gac gta gca gca ggc act tac aac ttc gca ggc ctt aag  
 432  
 Asp Met Gly Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn Phe Ala Gly Leu Lys  
 105 110 115  
 15 agc gtt acg caa aac gta atc atc cct tac atc aac tac gct aag act  
 480  
 Ser Val Thr Gln Asn Val Ile Ile Pro Tyr Ile Asn Tyr Ala Lys Thr  
 120 125 130  
 20 aag ggc ctt tac gta act ctt ggc ctt gac ttc act ctt caa gac aac  
 528  
 Lys Gly Leu Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe Thr Leu Gln Asp Asn  
 135 140 145  
 25 aag gct act aca tct tct aac ctt gca aag ttc aac gag atc tgg ggc  
 576  
 Lys Ala Thr Thr Ser Ser Asn Leu Ala Lys Phe Asn Glu Ile Trp Gly  
 150 155 160 165  
 30 tac ctt gcg tct cag aca ggc atc aag tct gct gac aac gta atg ttc  
 624  
 Tyr Leu Ala Ser Gln Thr Gly Ile Lys Ser Ala Asp Asn Val Met Phe  
 170 175 180  
 35 gag ctt atc aac gag cca gtt ctt agc gac gtt aac ggc gtt tgg ggt  
 672  
 Glu Leu Ile Asn Glu Pro Val Leu Ser Asp Val Asn Gly Val Trp Gly  
 185 190 195  
 40 ggc aac cca tca caa agc aac ttc gtt gac tac tgg aac tct ctt cgc  
 720  
 Gly Asn Pro Ser Gln Ser Asn Phe Val Asp Tyr Trp Asn Ser Leu Arg  
 200 205 210  
 45 aac ttc caa aac tct atc atc tct act atc cgc tca aaa ggt gcg gac  
 768  
 Asn Phe Gln Asn Ser Ile Ile Ser Thr Ile Arg Ser Lys Gly Ala Asp  
 215 220 225  
 50 aac gtt atc tgg gca gct ggc ctt ggc tgg gac cag tat tac caa ctt  
 816  
 Asn Val Ile Trp Ala Ala Gly Leu Gly Trp Asp Gln Tyr Tyr Gln Leu  
 230 235 240 245  
 55 tgt gca tct cac cct ctt aca gac cct ctt aac aac ctt ggc tac tca  
 864  
 Cys Ala Ser His Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Leu Gly Tyr Ser  
 250 255 260

ES 2 757 053 T3

gta cac tgg tat cct ggc tat ggc gct aac gac aac ttc tca act ctt  
912  
5 Val His Trp Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala Asn Asp Asn Phe Ser Thr Leu  
265 270 275

caa caa atc tgg aac act act atc aag cct tgt gcg gac aac tac cct  
960  
10 Gln Gln Ile Trp Asn Thr Thr Ile Lys Pro Cys Ala Asp Asn Tyr Pro  
280 285 290

atc aac atc acg gag aca act tgg ttc aag cgc aag gct ggc gac agc  
1008  
15 Ile Asn Ile Thr Glu Thr Thr Trp Phe Lys Arg Lys Ala Gly Asp Ser  
295 300 305

gac tac tgg aac ctt ttc aac ggc agc aac gag ggc ttc ggc aag aac  
1056  
20 Asp Tyr Trp Asn Leu Phe Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Lys Asn  
310 315 320 325

aca aag gct atc ttc act gct gct ggc aac gtt tct atc gct gct cat  
1104  
25 Thr Lys Ala Ile Phe Thr Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Ala His  
330 335 340

atg aac ggc ttc atc ctt aac cca ggc acg cgc tct tct ttc gct gac  
1152  
30 Met Asn Gly Phe Ile Leu Asn Pro Gly Thr Arg Ser Ser Phe Ala Asp  
345 350 355

cca act gct ggc ctt caa tac gac ggc gac gca act cgc gac ggc atg  
1200  
35 Pro Thr Ala Gly Leu Gln Tyr Asp Gly Asp Ala Thr Arg Asp Gly Met  
360 365 370

gca cgc ttc ctt ttc gag tgg tac tat gaa cgt gcg caa ttc aac cca  
1248  
40 Ala Arg Phe Leu Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Phe Asn Pro  
375 380 385

tgg aac ggc gtt tgg aac ggc ctt act aat ggt ggc acg tat aag ctt  
1296  
45 Trp Asn Gly Val Trp Asn Gly Leu Thr Asn Gly Gly Thr Tyr Lys Leu  
390 395 400 405

gtt aat cgc gca agc ggc aag gtt atc gac gtt cct ggt ggc caa aac  
1344  
50 Val Asn Arg Ala Ser Gly Lys Val Ile Asp Val Pro Gly Gly Gln Asn  
410 415 420

aca aac gca ctt caa ctt caa cag tac gct gac aat ggc gca aca gcg  
1392  
55 Thr Asn Ala Leu Gln Leu Gln Gln Tyr Ala Asp Asn Gly Ala Thr Ala  
425 430 435



ES 2 757 053 T3

caa caa tgg gtt atc acg gac caa ggc act tac aac aac ttc tat aag  
 1440  
 Gln Gln Trp Val Ile Thr Asp Gln Gly Thr Tyr Asn Asn Phe Tyr Lys  
 440 445 450  
 5  
 ctt aca tct gta tct tct tct gac ggc aag gta atg gac gta cgc aac  
 1488  
 Leu Thr Ser Val Ser Ser Ser Asp Gly Lys Val Met Asp Val Arg Asn  
 455 460 465  
 10  
 ggc act tca aac aac ggc gag gca atc caa ctt atg caa agc ttc aac  
 1536  
 Gly Thr Ser Asn Asn Gly Glu Ala Ile Gln Leu Met Gln Ser Phe Asn  
 470 475 480 485  
 15  
 aac act gct caa caa ttc cgc ctt atc aag ctt tct aac ggc tac tac  
 1584  
 Asn Thr Ala Gln Gln Phe Arg Leu Ile Lys Leu Ser Asn Gly Tyr Tyr  
 490 495 500  
 20  
 tgc gta ctt aac gtt aac agc aac aag gca gta gag gtt gca aac gct  
 1632  
 Cys Val Leu Asn Val Asn Ser Asn Lys Ala Val Glu Val Ala Asn Ala  
 505 510 515  
 25  
 tca act agc aat ggt gcg ctt atc caa caa aac tgg tat cgt ggc gac  
 1680  
 Ser Thr Ser Asn Gly Ala Leu Ile Gln Gln Asn Trp Tyr Arg Gly Asp  
 520 525 530  
 30  
 ctt aac cag caa tgg cag ctt gta aag atc aac taa  
 1716  
 Leu Asn Gln Gln Trp Gln Leu Val Lys Ile Asn  
 535 540  
 35  
 <210> 129  
 <211> 571  
 <212> PRT  
 40 <213> Secuencia artificial  
 <220>  
 <223> Construcción sintética  
 45 <400> 129  
 Met Lys Lys Pro Leu Gly Lys Ile Val Ala Ser Thr Ala Leu Leu Ile  
 -25 -20 -15  
 50  
 Ser Val Ala Phe Ser Ser Ser Ile Ala Ser Ala His His His His His  
 -10 -5 -1 1 5  
 55 His Pro Arg Trp Ser Gly Met Pro Met Ser Lys Leu His Val Ser Gly  
 10 15 20

ES 2 757 053 T3

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

ES 2 757 053 T3

Cys Ala Ser His Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn Asn Leu Gly Tyr Ser  
 250 255 260

5 Val His Trp Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala Asn Asp Asn Phe Ser Thr Leu  
 265 270 275

10 Gln Gln Ile Trp Asn Thr Thr Ile Lys Pro Cys Ala Asp Asn Tyr Pro  
 280 285 290

15 Ile Asn Ile Thr Glu Thr Thr Trp Phe Lys Arg Lys Ala Gly Asp Ser  
 295 300 305

20 Asp Tyr Trp Asn Leu Phe Asn Gly Ser Asn Glu Gly Phe Gly Lys Asn  
 310 315 320 325

Thr Lys Ala Ile Phe Thr Ala Ala Gly Asn Val Ser Ile Ala Ala His  
 330 335 340

25 Met Asn Gly Phe Ile Leu Asn Pro Gly Thr Arg Ser Ser Phe Ala Asp  
 345 350 355

30 Pro Thr Ala Gly Leu Gln Tyr Asp Gly Asp Ala Thr Arg Asp Gly Met  
 360 365 370

35 Ala Arg Phe Leu Phe Glu Trp Tyr Tyr Glu Arg Ala Gln Phe Asn Pro  
 375 380 385

40 Trp Asn Gly Val Trp Asn Gly Leu Thr Asn Gly Gly Thr Tyr Lys Leu  
 390 395 400 405

Val Asn Arg Ala Ser Gly Lys Val Ile Asp Val Pro Gly Gly Gln Asn  
 410 415 420

45 Thr Asn Ala Leu Gln Leu Gln Gln Tyr Ala Asp Asn Gly Ala Thr Ala  
 425 430 435

50 Gln Gln Trp Val Ile Thr Asp Gln Gly Thr Tyr Asn Asn Phe Tyr Lys  
 440 445 450

55 Leu Thr Ser Val Ser Ser Ser Asp Gly Lys Val Met Asp Val Arg Asn  
 455 460 465

Gly Thr Ser Asn Asn Gly Glu Ala Ile Gln Leu Met Gln Ser Phe Asn



ES 2 757 053 T3

Phe Ile Asp Arg Glu Asp Met Gly Asp Val Ala Ala Gly Thr Tyr Asn  
100 105 110

5 Phe Ala Gly Leu Lys Ser Val Thr Gln Asn Val Ile Ile Pro Tyr Ile  
115 120 125

10 Asn Tyr Ala Lys Thr Lys Gly Leu Tyr Val Thr Leu Gly Leu Asp Phe  
130 135 140

15 Thr Leu Gln Asp Asn Lys Ala Thr Thr Ser Ser Asn Leu Ala Lys Phe  
145 150 155 160

Asn Glu Ile Trp Gly Tyr Leu Ala Ser Gln Thr Gly Ile Lys Ser Ala  
165 170 175

20 Asp Asn Val Met Phe Glu Leu Ile Asn Glu Pro Val Leu Ser Asp Val  
180 185 190

25 Asn Gly Val Trp Gly Gly Asn Pro Ser Gln Ser Asn Phe Val Asp Tyr  
195 200 205

30 Trp Asn Ser Leu Arg Asn Phe Gln Asn Ser Ile Ile Ser Thr Ile Arg  
210 215 220

35 Ser Lys Gly Ala Asp Asn Val Ile Trp Ala Ala Gly Leu Gly Trp Asp  
225 230 235 240

Gln Tyr Tyr Gln Leu Cys Ala Ser His Pro Leu Thr Asp Pro Leu Asn  
245 250 255

40 Asn Leu Gly Tyr Ser Val His Trp Tyr Pro Gly Tyr Gly Ala Asn Asp  
260 265 270

45 Asn Phe Ser Thr Leu Gln Gln Ile Trp Asn Thr Thr Ile Lys Pro Cys  
275 280 285

50 Ala Asp Asn Tyr Pro Ile Asn Ile Thr Glu Thr Thr Trp Phe Lys Arg  
290 295 300

55 Lys Ala Gly Asp Ser Asp Tyr Trp Asn Leu Phe Asn Gly Ser Asn Glu  
305 310 315 320

Gly Phe Gly Lys Asn Thr Lys Ala Ile Phe Thr Ala Ala Gly Asn Val

ES 2 757 053 T3

				325						330						335
5	Ser	Ile	Ala	Ala	His	Met	Asn	Gly	Phe	Ile	Leu	Asn	Pro	Gly	Thr	Arg
				340					345					350		
10	Ser	Ser	Phe	Ala	Asp	Pro	Thr	Ala	Gly	Leu	Gln	Tyr	Asp	Gly	Asp	Ala
			355					360					365			
15	Thr	Arg	Asp	Gly	Met	Ala	Arg	Phe	Leu	Phe	Glu	Trp	Tyr	Tyr	Glu	Arg
		370					375					380				
20	Ala	Gln	Phe	Asn	Pro	Trp	Asn	Gly	Val	Trp	Asn	Gly	Leu	Thr	Asn	Gly
	385					390					395					400
25	Gly	Thr	Tyr	Lys	Leu	Val	Asn	Arg	Ala	Ser	Gly	Lys	Val	Ile	Asp	Val
				405						410					415	
30	Pro	Gly	Gly	Gln	Asn	Thr	Asn	Ala	Leu	Gln	Leu	Gln	Gln	Tyr	Ala	Asp
				420					425					430		
35	Asn	Gly	Ala	Thr	Ala	Gln	Gln	Trp	Val	Ile	Thr	Asp	Gln	Gly	Thr	Tyr
			435					440					445			
40	Asn	Asn	Phe	Tyr	Lys	Leu	Thr	Ser	Val	Ser	Ser	Ser	Asp	Gly	Lys	Val
		450					455					460				
45	Met	Asp	Val	Arg	Asn	Gly	Thr	Ser	Asn	Asn	Gly	Glu	Ala	Ile	Gln	Leu
	465					470					475					480
50	Met	Gln	Ser	Phe	Asn	Asn	Thr	Ala	Gln	Gln	Phe	Arg	Leu	Ile	Lys	Leu
				485					490						495	
55	Ser	Asn	Gly	Tyr	Tyr	Cys	Val	Leu	Asn	Val	Asn	Ser	Asn	Lys	Ala	Val
			500						505					510		
60	Glu	Val	Ala	Asn	Ala	Ser	Thr	Ser	Asn	Gly	Ala	Leu	Ile	Gln	Gln	Asn
			515					520					525			
65	Trp	Tyr	Arg	Gly	Asp	Leu	Asn	Gln	Gln	Trp	Gln	Leu	Val	Lys	Ile	Asn
	530						535					540				

## REIVINDICACIONES

1. Método de liberación de xilosa a partir de material vegetal, que comprende el tratamiento de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con una composición que comprende un agente de formulación y un polipéptido GH5 con actividad de xilanasa, donde el polipéptido GH5 con actividad de xilanasa:

5 (A) comprende uno o más de los siguientes motivos:

- (a) motivo I: G[F/Y][A/S][V/G/A/I]HXY[P/V] (SEQ ID NO: 19),
- (b) motivo II: [I/L/V][H/I/L/M/V][F/I/Y][D/E][I/L/V]XNEP (SEQ ID NO: 20),
- (c) motivo III: [D/G][A/T/W]XX[N/T]X[FILV]R[A/L/M][A/F/H][I/L/M] (SEQ ID NO: 21);

o

10 (B) comprende un polipéptido seleccionado del grupo que consiste en:

- (a) un polipéptido con al menos el 99,3% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 3;
- (b) un polipéptido con al menos el 83% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 9;
- 15 (c) un polipéptido con al menos el 80% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 15;
- (d) un polipéptido con al menos el 95% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 27;
- (e) un polipéptido con al menos el 80% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 39;
- 20 (f) un polipéptido con al menos el 80% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 45;
- (g) un polipéptido con al menos el 97,5% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 67;
- 25 (h) un polipéptido con al menos el 98,8% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 73;
- (i) un polipéptido con al menos el 83% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 79;
- (j) un polipéptido con al menos el 90% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 85;
- 30 (k) un polipéptido con al menos el 80% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 91;
- (l) un polipéptido con al menos el 96% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 97;
- 35 (m) un polipéptido con al menos el 85% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 103;
- (n) un polipéptido con al menos el 82% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 109;
- (o) un polipéptido con al menos el 96% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 115;
- 40 (p) un polipéptido con al menos el 96% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 121;
- (q) un polipéptido con al menos el 80% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 127;
- 45 (s) un polipéptido que comprende el polipéptido de (a), (b), (c), (d), (e), (f), (g), (h), (i), (j), (k), (l), (m), (n), (o), (p) o (q) y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal; o

(C) comprende el polipéptido de (B) donde el polipéptido de (B) comprende uno o más motivos de (A).

2. Método según la reivindicación 1 donde el polipéptido comprende o consiste en la SEQ ID NO: 3, la SEQ ID NO: 6, la SEQ ID NO: 9, la SEQ ID NO: 12, la SEQ ID NO: 15 o la SEQ ID NO: 18, la SEQ ID NO: 27, la SEQ ID NO: 30, la SEQ ID NO: 39, la SEQ ID NO: 42, la SEQ ID NO: 45, la SEQ ID NO: 48, la SEQ ID NO: 67, la SEQ ID NO: 70, la SEQ ID NO: 73, la SEQ ID NO: 76, la SEQ ID NO: 79, la SEQ ID NO: 82, la SEQ ID NO: 85, la SEQ ID NO: 88, la SEQ ID NO: 91, la SEQ ID NO: 94, la SEQ ID NO: 97, la SEQ ID NO: 100, la SEQ ID NO: 103, la SEQ ID NO: 106, la SEQ ID NO: 109, la SEQ ID NO: 112, la SEQ ID NO: 115, la SEQ ID NO: 118, la SEQ ID NO: 121, la SEQ ID NO: 124, la SEQ ID NO: 127, la SEQ ID NO: 130.

3. Método según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 2 donde el porcentaje de xilosa solubilizada es de al menos un 3% cuando el método se realiza bajo las condiciones de reacción de 10 mg de polipéptido GH5 por kg de maíz desalmidonado desgrasado (DFDSM) y una incubación a 40 °C y a pH 5 durante 4 horas.

4. Polipéptido aislado con actividad de xilanasa, seleccionado del grupo que consiste en:

- 5 (a) un polipéptido con al menos el 99,3% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 3;  
 (b) un polipéptido con al menos el 83% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 9;  
 (c) un polipéptido con al menos el 80% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 15;  
 (d) un polipéptido con al menos el 95% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 27;  
 (e) un polipéptido con al menos el 80% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 39;
- 10 (f) un polipéptido con al menos el 80% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 45;  
 (g) un polipéptido con al menos el 97,5% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 67;  
 (h) un polipéptido con al menos el 98,8% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 73;  
 (i) un polipéptido con al menos el 83% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 79;  
 (j) un polipéptido con al menos el 90% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 85;
- 15 (k) un polipéptido con al menos el 80% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 91;  
 (l) un polipéptido con al menos el 96% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 97;  
 (m) un polipéptido con al menos el 85% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 103;  
 (n) un polipéptido con al menos el 82% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 109;  
 (o) un polipéptido con al menos el 96% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 115;
- 20 (p) un polipéptido con al menos el 96% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 121;  
 (q) un polipéptido con al menos el 80% de identidad de secuencia con el polipéptido de la SEQ ID NO: 127; y  
 (x) un polipéptido que comprende el polipéptido de (a), (b), (c), (d), (e), (f), (g), (h), (i), (j), (k), (l), (m), (n), (o),  
 (p) o (q), y una etiqueta de polihistidina y/o etiqueta HQ N-terminal y/o C-terminal.

5. Polipéptido según la reivindicación 4, donde el polipéptido comprende o consiste en la SEQ ID NO: 3, la SEQ ID NO: 6, la SEQ ID NO: 9, la SEQ ID NO: 12, la SEQ ID NO: 15 o la SEQ ID NO: 18, la SEQ ID NO: 27, la SEQ ID NO: 30, la SEQ ID NO: 39, la SEQ ID NO: 42, la SEQ ID NO: 45, la SEQ ID NO: 48, la SEQ ID NO: 67, la SEQ ID NO: 70, la SEQ ID NO: 73, la SEQ ID NO: 76, la SEQ ID NO: 79, la SEQ ID NO: 82, la SEQ ID NO: 85, la SEQ ID NO: 88, la SEQ ID NO: 91, la SEQ ID NO: 94, la SEQ ID NO: 97, la SEQ ID NO: 100, la SEQ ID NO: 103, la SEQ ID NO: 106, la SEQ ID NO: 109, la SEQ ID NO: 112, la SEQ ID NO: 115, la SEQ ID NO: 118, la SEQ ID NO: 121, la SEQ ID NO: 124, la SEQ ID NO: 127 o la SEQ ID NO: 130.

6. Composición que comprende el polipéptido según cualquiera de las reivindicaciones 4 a 5 y un agente de formulación.

7. Composición según la reivindicación 6 que comprende además una o más enzimas adicionales.

8. Composición según cualquiera de las reivindicaciones 6 a 7 que comprende además uno o más microbios.

35 9. Composición según cualquiera de las reivindicaciones 6 a 8 que comprende además material vegetal de la subfamilia *Panicoideae*.

10. Aditivo de pienso para animales que comprende el polipéptido según cualquiera de las reivindicaciones 4 a 5 o la composición según cualquiera de las reivindicaciones 6 a 9 y uno o más componentes seleccionados de la lista consistente en:

- 40 una o más vitaminas;  
 uno o más minerales;  
 uno o más aminoácidos; y  
 uno o más de otros ingredientes de pienso.

45 11. Pienso para animales que comprende el polipéptido según cualquiera de las reivindicaciones 4 a 5 o la composición según cualquiera de las reivindicaciones 6 a 9 o el aditivo de pienso para animales según la reivindicación 10 y material vegetal de la subfamilia *Panicoideae*.

50 12. Método de mejora del rendimiento de un animal que comprende administrar al animal material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* junto con el polipéptido según cualquiera de las reivindicaciones 4 a 5 o la composición según cualquiera de las reivindicaciones 6 a 9 o el aditivo de pienso para animales según la reivindicación 10, de modo que el material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* se añada de manera conjunta o por separado con el polipéptido GH5 con actividad de xilanasa.



13. Método de preparación de un pienso para animales que comprende mezclar el polipéptido según cualquiera de las reivindicaciones 4 a 5 o la composición según cualquiera de las reivindicaciones 6 a 9 o el aditivo de pienso para animales según la reivindicación 10 con material vegetal de la subfamilia *Panicoideae*.
- 5 14. Método para mejorar el valor nutricional de un pienso para animales, que comprende tratar el pienso para animales que comprende material vegetal de la subfamilia *Panicoideae* con el polipéptido según cualquiera de las reivindicaciones 6 a 9, la composición según cualquiera de las reivindicaciones 10 a 15 o el aditivo de pienso para animales según la reivindicación 19.
15. Polinucleótido que codifica el polipéptido según cualquiera de las reivindicaciones 4 a 5.
- 10 16. Construcción de ácido nucleico o vector de expresión que comprende el polinucleótido según la reivindicación 15 operativamente unido a una o más secuencias de control que dirigen la producción del polipéptido en un huésped de expresión.
17. Célula huésped recombinante que comprende el polinucleótido según la reivindicación 15 operativamente unido a una o más secuencias de control que dirigen la producción del polipéptido.
18. Método de producción del polipéptido según cualquiera de las reivindicaciones 4 a 5, que comprende:
- 15 (a) el cultivo de una célula, que en su forma de tipo salvaje produce el polipéptido, bajo condiciones propicias para la producción del polipéptido; y  
(b) la recuperación del polipéptido.
19. Método de producción del polipéptido según cualquiera de las reivindicaciones 4 a 5, que comprende:
- 20 (a) el cultivo de una célula huésped según la reivindicación 17 bajo condiciones propicias para la producción del polipéptido; y  
(b) la recuperación del polipéptido.
20. Planta transgénica, parte de planta o célula vegetal transformada con un polinucleótido que codifica el polipéptido según cualquiera de las reivindicaciones 4 a 5.
- 25 21. Formulación de caldo completo o composición de cultivo celular que comprende un polipéptido según cualquiera de las reivindicaciones 4 a 5.
22. Uso de un polipéptido según cualquiera de las reivindicaciones 4 a 5 o la composición según cualquiera de las reivindicaciones 6 a 9 o el aditivo de pienso para animales según la reivindicación 10:
- 30 en pienso para animales;  
en aditivos de pienso para animales;  
en la preparación de una composición para usar en pienso para animales;  
para mejorar el valor nutricional de un pienso para animales;  
para aumentar la digestibilidad del pienso para animales;  
para mejorar uno o más parámetros de rendimiento en un animal;  
35 para liberar xilosa a partir de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae*; y/o  
para liberar almidón a partir de material vegetal de la subfamilia *Panicoideae*.