

19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 541 492**

51 Int. Cl.:

C12P 1/02

(2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **02.11.2011** **E 11781955 (7)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **15.04.2015** **EP 2635689**

54 Título: **Métodos para pretratar material celulósico con polipéptido GH61**

30 Prioridad:

02.11.2010 US 409469 P

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

21.07.2015

73 Titular/es:

NOVOZYMES, INC. (100.0%)
1445 Drew Avenue
Davis, CA 95618, US

72 Inventor/es:

QUINLAN, JASON y
XU, FENG

74 Agente/Representante:

TOMAS GIL, Tesifonte Enrique

ES 2 541 492 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

Métodos para pretratar material celulósico con polipéptido GH61

5 Investigación y desarrollo patrocinados con fondos federales

[0001] Esta invención se hizo con el apoyo del gobierno bajo el Acuerdo Cooperativo DE-FC36-08GO18080 otorgado por el Departamento de Energía. El gobierno tiene ciertos derechos en esta invención.

10 Referencia a un listado de secuencias

[0002] Este documento contiene un listado de secuencias.

Antecedentes de la invención

15

Campo de la invención

[0003] La presente invención se refiere a métodos para degradar o convertir un material celulósico por pretratamiento con un polipéptido GH61.

20

Descripción de las técnicas relacionadas

[0004] La celulosa es un polímero de glucosa de azúcar simple enlazado de manera covalente por beta-1,4-enlaces. Muchos microorganismos producen enzimas que hidrolizan glucanos beta-enlazados. Estas enzimas incluyen endoglucanasas, celobiohidrolasas y beta-glucosidasas. Las endoglucanasas asimilan el polímero de celulosa en ubicaciones al azar, abriendo éstas para el ataque por celobiohidrolasas. Las celobiohidrolasas liberan secuencialmente moléculas de celobiosa a partir de los extremos del polímero de celulosa. La celobiosa es un dímero de glucosa beta-1,4-enlazado hidrosoluble. Las beta-glucosidasas hidrolizan celobiosa en glucosa.

25

[0005] La conversión de materias primas lignocelulósicas en etanol tiene las ventajas de la disponibilidad inmediata de grandes cantidades de materia prima, la conveniencia de evitar el quemado o enterrado de los materiales y la limpieza del combustible de etanol. Madera, residuos agrícolas, plantas de cultivo herbáceas y desperdicios sólidos municipales se han considerado materias primas para la producción de etanol. Estos materiales principalmente consisten en celulosa, hemicelulosa y lignina. Una vez que la lignocelulosa se convierte en azúcares fermentables, por ejemplo, glucosa, los azúcares fermentables son fácilmente fermentados por levadura en los productos de fermentación, por ejemplo, etanol.

30

35

[0006] La WO 2005/074647, WO 2008/148131 y WO 2011/035027 divulgan polipéptidos GH61 aislados que tienen actividad de aumento celulolítico y sus polinucleótidos de *Thielavia terrestris*. La WO 2005/074656 y la WO 2010/065830 divulgan polipéptidos GH61 aislados que tienen actividad de aumento celulolítico y sus polinucleótidos de *Thermoascus aurantiacus*. La WO 2007/089290 divulga un polipéptido GH61 aislado que tiene actividad de aumento celulolítico y su polinucleótido de *Trichoderma reesei*. La WO 2009/085935, WO 2009/085859, WO 2009/085864 y WO 2009/085868 divulgan polipéptidos GH61 aislados que tienen actividad de aumento celulolítico y sus polinucleótidos de *Myceliophthora thermophila*. La WO 2010/138754 divulga polipéptidos GH61 aislados que tienen actividad de aumento celulolítico y sus polinucleótidos de *Aspergillus fumigatus*. La WO 2011/005867 divulga polipéptidos GH61 aislados que tienen actividad de aumento celulolítico y sus polinucleótidos de *Penicillium pinophilum*. La WO 2011/039319 divulga polipéptidos GH61 aislados que tienen actividad de aumento celulolítico y sus polinucleótidos de *Thermoascus sp.* La WO 2011/041397 divulga polipéptidos GH61 aislados que tienen actividad de aumento celulolítico y sus polinucleótidos de *Penicillium sp.* La WO 2011/041504 divulga polipéptidos GH61 aislados que tienen actividad de aumento celulolítico y sus polinucleótidos de *Thermoascus crustaceus*. La WO 2008/151043 divulga métodos para aumentar la actividad de un polipéptido GH61 que tienen actividad potenciadora celulolítica añadiendo un catión metálico bivalente de activación soluble a una composición que comprende el polipéptido.

40

45

50

[0007] Harris *et al.* Biochemistry, 2010, vol. 49, pp. 3305-3316, se refiere a la estimulación de la hidrólisis de biomasa lignocelulósica por proteínas de la familia 61 de glicósido hidrolasa.

55

[0008] Quinlan *et al.*, PNAS, September 2011, vol. 108, no. 37, pp. 15079-15084 se refiere a la degradación oxidativa de celulosa por una metaloenzima de cobre.

[0009] Sería una ventaja en la técnica poder mejorar el pretratamiento de un material celulósico para la producción de etanol.

60

Resumen de la invención

[0010] La presente invención se refiere a métodos para la degradación de un material celulósico, que comprenden:

65

(a) pretratamiento del material celulósico con una composición que comprende uno o más (por ejemplo, varios) polipéptidos GH61; y

(b) sacarificación del material celulósico pretratado con polipéptido GH61 con una composición enzimática.

[0011] La presente invención también se refiere a métodos de producción de un producto de fermentación, que comprenden:

(a) pretratamiento de un material celulósico con una composición que comprende uno o más (por ejemplo, varios) polipéptidos GH61;

(b) sacarificación del material celulósico pretratado con polipéptido GH61 con una composición enzimática;

(c) fermentación del material celulósico sacarificado con uno o más (por ejemplo, varios) microorganismos fermentativos para producir el producto de fermentación; y

(d) recuperación del producto de fermentación a partir de la fermentación.

Breve descripción de las figuras

[0012]

La figura 1 muestra la hidrólisis fraccional de (A) PCS (rastros de maíz pretratados) molidos pretratados con enzima, lavados con agua caliente por una composición de celulosa de *T. reesei* en presencia de la indicada concentración de polipéptido GH61E de *T. terrestris*; los PCS lavados con agua caliente fueron pretratados por las enzimas indicadas durante 1 día; y (B) PCS molidos pretratados con enzima, lavados con agua caliente por una composición de celulosa de *T. reesei* en presencia de la indicada concentración de polipéptido GH61 de *T. terrestris*; los PCS lavados con agua caliente fueron pretratados por las enzimas indicadas durante 3 días.

La figura 2 muestra una comparación de la hidrólisis fraccional de 1 y 3 días de PCS molido pretratado con polipéptido GH61E de *T. terrestris*, lavado con agua caliente por una composición de celulosa de *T. reesei* en presencia de la indicada concentración de polipéptido GH61 de *T. terrestris*.

Definiciones

[0013] Acetilxilano esterasa: el término "acetilxilano esterasa" se refiere a una carboxilesterasa (EC 3.1.1.72) que cataliza la hidrólisis de grupos de acetilo a partir de xilano polimérico, xilosa acetilada, glucosa acetilada, alfa-naptil acetato y p-nitrofenil acetato. La actividad de la acetilxilano esterasa se determina usando 0,5 mM de p-nitrofenilacetato como sustrato en 50 mM de acetato sódico pH 5,0 que contiene 0,01% de TWEEN™ 20 (monolaurato de polioxietileno sorbitán). Una unidad de acetilxilano esterasa se define como la cantidad de enzima capaz de liberar 1 µmol de anión de p-nitrofenolato por minuto a pH 5, 25°C.

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

[0015] Alfa-L-arabinofuranosidasa: el término "alfa-L-arabinofuranosidasa" se refiere a una arabinofuranohidrolasa de alfa-L-arabinofuranosida (EC 3.2.1.55) que cataliza la hidrólisis de residuos de alfa-L-arabinofuranosida terminales no reductores en alfa-L-arabinósidos. La enzima actúa en alfa-L-arabinofuranósidos, alfa-L-arabinanos que contiene (1,3)-y/o (1,5)-enlaces, arabinoxilanas y arabinogalactanos. Alfa-L-arabinofuranosidasa es también conocida como arabinosidasa, alfa-arabinosidasa, alfa-L-arabinosidasa, alfa-arabinofuranosidasa, polisacárido alfa-L-arabinofuranosidasa, alfa-L-arabinofuranosida hidrolasa, L-arabinosidasa o alfa-L-arabinanasa. La actividad de alfa-L-arabinofuranosidasa se determina usando 5 mg de arabinoxilano de trigo de viscosidad media (Megazyme International Ireland, Ltd., Bray, Co. Wicklow, Irlanda) por ml de 100 mM de acetato sódico pH 5 en un volumen total de 200 µl durante 30 minutos a 40°C seguido de análisis de arabinosa por cromatografía en columna AMINEX® HPX-87H (Bio-Rad Laboratories, Inc., Hercules, CA, EE.UU.).

[0016] Alfa-glucuronidasa: el término "alfa-glucuronidasa" se refiere a una alfa-D-glucosiduronato glucuronohidrolasa (EC 3.2.1.139) que cataliza la hidrólisis de un alfa-D-glucuronosida en D-glucuronato y un alcohol. La actividad de alfa-glucuronidasa se determina según de Vries, 1998, J. Bacteriol. 180: 243-249. Una unidad de alfa-glucuronidasa iguala la cantidad de enzima capaz de liberar 1 µmol de ácido glucurónico o 4-O-metilglucurónico por minuto a pH 5,40°C.

[0017] Beta-glucosidasa: el término "beta-glucosidasa" se refiere a una beta-D-glucósido glucohidrolasa (E.C. 3.2.1.21) que cataliza la hidrólisis de residuos de beta-D-glucosa no-reductores terminales con la liberación de beta-D-glucosa. La

- actividad de beta-glucosidasa se determina usando el p-nitrofenil-beta-D-glucopiranosido como sustrato según el procedimiento de Venturi *et al.*, 2002, Extracellular beta-D-glucosidase from *Chaetomium thermophilum* var. *coprophilum*: production, purification and some biochemical properties, J. Basic Microbiol. 42: 55-66. Una unidad de beta-glucosidasa se define como 1,0 μ mol de anión de p-nitrofenolato producido por minuto a 25°C, pH 4,8 a partir de 1 mM de p-nitrofenil-beta-D-glucopiranosido como sustrato en 50 mM de citrato sódico que contiene 0,01% de TWEEN® 20.
- [0018] Beta-xilosidasa: el término "beta-xilosidasa" se refiere a una beta-D-xilósido xilohidrolasa (E.C. 3.2.1.37) que cataliza la exohidrólisis de beta(1→4)-xilooligosacáridos cortos para eliminar residuos de D-xilosa sucesivos a partir de terminales no reductores. Una unidad de beta-xilosidasa se define como 1,0 μ mol de anión de p-nitrofenolato producido por minuto a 40°C, pH 5 a partir de 1 mM de p-nitrofenilo-beta-D-xilósido como sustrato en 100 mM de citrato sódico que contiene 0,01% de TWEEN® 20.
- [0019] ADNc: el término "ADNc" se refiere a una molécula de ADN que se puede preparar por transcripción inversa de una molécula de ARNm madura, empalmada, obtenida a partir de una célula eucariótica o procariótica. Al ADNc le faltan secuencias de intrones que pueden estar presentes en el ADN genómico correspondiente. El transcrito de ARN primario inicial es un precursor de ARNm que es procesado a través de una serie de pasos, incluyendo empalme, antes de aparecer como ARNm empalmado maduro.
- [0020] Celobiohidrolasa: el término "celobiohidrolasa" se refiere a una 1,4-beta-D-glucano celobiohidrolasa (E.C. 3.2.1.91) que cataliza la hidrólisis de enlaces 1,4-beta-D-glucosídicos en la celulosa, celooligosacáridos o cualquier glucosa beta-1,4-enlazada que contenga, celobiosa liberadora de polímero a partir de los extremos reductores o no reductores de la cadena (Teeri, 1997, Crystalline cellulose degradation: New insight into the function of cellobiohydrolases, Trends in Biotechnology 15: 160-167; Teeri *et al.*, 1998, *Trichoderma reesei* cellobiohydrolases: why so efficient on crystalline cellulose?, Biochem. Soc. Trans. 26: 173-178). Para actividad de celobiohidrolasa se determina según los procedimientos descritos por Lever *et al.*, 1972, Anal. Biochem. 47: 273-279; van Tilbeurgh *et al.*, 1982, FEBS Letters, 149: 152-156; van Tilbeurgh y Claeyssens, 1985, FEBS Letters, 187: 283-288; y Tomme *et al.*, 1988, Eur. J. Biochem. 170: 575-581. El método de Lever *et al.* se puede emplear para valorar la hidrólisis de celulosa en rastrojos de maíz, mientras los métodos de van Tilbeurgh *et al.* y Tomme *et al.* se pueden utilizar para determinar la actividad de celobiohidrolasa en un derivado de disacárido fluorescente, 4-metilumbelliferil- β -D-lactósido.
- [0021] Enzima celulolítica o celulasa: el término "enzima celulolítica" o "celulasa" se refiere a una o más (por ejemplo, varias) enzimas que hidrolizan un material celulósico. Tales enzimas incluyen endoglucanasa(s), celobiohidrolasa(s), beta-glucosidasa(s) o combinaciones de las mismas. Los dos métodos básicos para medir la actividad celulolítica incluyen: (1) medición de la actividad celulolítica total y (2) medición de las actividades celulolíticas individuales (endoglucanasas, celobiohidrolasas y beta-glucosidasas) como se reseña en Zhang *et al.*, Outlook for cellulase improvement: Screening and selection strategies, 2006, Biotechnology Advances 24: 452-481. La actividad celulolítica total se mide normalmente utilizando sustratos insolubles, incluyendo papel de filtro Whatman N° 1, celulosa microcristalina, celulosa bacteriana, celulosa algal, algodón, lignocelulosa pretratada, etc. El ensayo de actividad celulolítica total más común es el ensayo de papel de filtro que utiliza papel de filtro Whatman N° 1 como sustrato. El ensayo fue establecido por la International Union of Pure and Applied Chemistry (IUPAC) (Ghose, 1987, Measurement of cellulase activities, Pure Appl. Chem. 59: 257-68).
- [0022] La actividad enzimática celulolítica se determina por medición del aumento en la hidrólisis de un material celulósico por enzima(s) celulolítica(s) bajo las siguientes condiciones: 1-50 mg de proteína de enzima celulolítica/g de celulosa en PCS (u otro material celulósico pretratado) durante 3-7 días a una temperatura adecuada, por ejemplo, 50°C, 55°C o 60°C, en comparación con una hidrólisis de control sin adición de proteína enzimática celulolítica. Condiciones típicas son 1 ml de reacciones, PCS lavados o sin lavar, 5% de sólidos insolubles, 50 mM de acetato sódico pH 5, 1 mM de MnSO₄, 50°C, 55°C o 60°C, 72 horas, análisis de azúcar por columna AMINEX® HPX-87H (Bio-Rad Laboratories, Inc., Hercules, CA, USA).
- [0023] Material celulósico: el término "material celulósico" se refiere a cualquier material que contenga celulosa. El polisacárido predominante en la pared celular primaria de biomasa es celulosa, el segundo más abundante es hemicelulosa y el tercero es pectina. La pared celular secundaria, producida después de que la célula haya parado de crecer, también contiene polisacáridos y está reforzada por lignina polimérica reticulada de manera covalente en hemicelulosa. La celulosa es un homopolímero de anhidrocelobiosa y así un beta-(1-4)-D-glucano lineal, mientras que las hemicelulosas incluyen una variedad de compuestos, tales como xilanos, xiloglucanos, arabinoxilanos y mananos en estructuras complejas ramificadas con un espectro de sustituyentes. Aunque generalmente polimorfa, la celulosa se encuentra en tejido vegetal principalmente como una matriz cristalina insoluble de cadenas de glucano paralelas. Las hemicelulosas normalmente enlazan por hidrógeno a celulosa, al igual que a otras hemicelulosas, que ayudan a estabilizar la matriz de la pared celular.
- [0024] La celulosa se encuentra generalmente, por ejemplo, en los tallos, hojas, cascotes, cáscaras y mazorcas de plantas u hojas, ramas y madera de los árboles. El material celulósico puede ser, pero no está limitado a, residuos agrícolas, material herbáceo (incluyendo cultivos energéticos), residuos sólidos municipales, residuo de pulpa y de papel, papel de desecho y madera (incluyendo residuos de silvicultura) (véase, por ejemplo, Wiseloge *et al.*, 1995, in

- Handbook on Bioethanol (Charles E. Wyman, editor), pp.105-118, Taylor & Francis, Washington D.C.; Wyman, 1994, Bioresource Technology 50: 3-16; Lynd, 1990, Applied Biochemistry and Biotechnology 24/25: 695-719; Mosier *et al.*, 1999, Recent Progress in Bioconversion of Lignocellulosics, in Advances in Biochemical Engineering/Biotechnology, T. Scheper, managing editor, Volume 65, pp.23-40, Springer-Verlag, Nueva York). Aquí se entiende que la celulosa puede estar en forma de lignocelulosa, un material de pared celular vegetal que contiene lignina, celulosa y hemicelulosa en una matriz mezclada. En un aspecto preferido, el material celulósico es cualquier material de biomasa. En otro aspecto preferido, el material celulósico es lignocelulosa, que comprende celulosa, hemicelulosas y lignina.
- [0025] En un aspecto, el material celulósico es residuo agrícola. En otro aspecto, el material celulósico es material herbáceo (incluyendo cultivos energéticos). En otro aspecto, el material celulósico es residuo municipal sólido. En otro aspecto, el material celulósico es residuo de pulpa y papel. En otro aspecto, el material celulósico es papel de desecho. En otro aspecto, el material celulósico es madera (incluyendo residuo de silvicultura).
- [0026] En otro aspecto, el material celulósico es arundo. En otro aspecto, el material celulósico es bagazo. En otro aspecto, el material celulósico es bambú. En otro aspecto, el material celulósico es mazorca de maíz. En otro aspecto, el material celulósico es fibra de maíz. En otro aspecto, el material celulósico es rastrojo de maíz. En otro aspecto, el material celulósico es miscanthus. En otro aspecto, el material celulósico es cáscara de naranja. En otro aspecto, el material celulósico es paja de arroz. En otro aspecto, el material celulósico es pasto varilla. En otro aspecto, el material celulósico es paja de trigo.
- [0027] En otro aspecto, el material celulósico es álamo temblón. En otro aspecto, el material celulósico es eucalipto. En otro aspecto, el material celulósico es abeto. En otro aspecto, el material celulósico es pino. En otro aspecto, el material celulósico es álamo. En otro aspecto, el material celulósico es picea. En otro aspecto, el material celulósico es sauce.
- [0028] En otro aspecto, el material celulósico es celulosa algal. En otro aspecto, el material celulósico es celulosa bacteriana. En otro aspecto, el material celulósico es linter de algodón. En otro aspecto, el material celulósico es papel de filtro. En otro aspecto, el material celulósico es celulosa microcristalina. En otro aspecto, el material celulósico es celulosa tratada con ácido fosfórico.
- [0029] En otro aspecto, el material celulósico es una biomasa acuática. Como se utiliza en este caso, el término "biomasa acuática" se refiere a la biomasa producida en un entorno acuático por un proceso de fotosíntesis. La biomasa acuática puede ser algas, plantas emergentes, plantas de hoja flotante o plantas sumergidas.
- [0030] El material celulósico se puede utilizar como es o se puede someter a pretratamiento, usando métodos convencionales conocidos en la técnica, como se describe en este caso. En un aspecto preferido, el material celulósico es pretratado.
- [0031] Secuencias de control: el término "secuencias de control" se refiere a secuencias de ácido nucleico necesarias para la expresión de un polinucleótido que codifica un polipéptido maduro. Cada secuencia de control puede ser nativa (es decir, del mismo gen) o foránea (es decir, de un gen diferente) al polinucleótido que codifica el polipéptido o nativa o foránea 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 transcripción. Como mínimo, las secuencias de control incluyen un promotor y señales de parada transcripcional y traslacional. Las secuencias de control se pueden proporcionar con enlaces para introducir sitios de restricción específicos que facilitan el ligamiento de las secuencias de control con la región de codificación del polinucleótido que codifica un polipéptido.
- [0032] Endoglucanasa: el término "endoglucanasa" se refiere a una endo-1,4-(1,3;1,4)-beta-D-glucano4-glucanohidrolasa (E.C. 3.2.1.4) que cataliza la endohidrólisis de enlaces 1,4-beta-D-glicosídicos en la celulosa, derivados de la celulosa (tales como carboximetilcelulosa e hidroxietilcelulosa), liquenina, enlaces beta-1,4 en beta-1,3 glucanos mezclados tales como beta-D-glucanos de cereal o xiloglucanos, y otro material vegetal que contenga componentes celulósicos. La actividad de endoglucanasa puede estar determinada por medición de la reducción en la viscosidad de sustrato o aumento en los extremos reductores determinado por un ensayo de azúcar reductor (Zhang *et al.*, 2006, Biotechnology Advances 24: 452-481). La actividad de endoglucanasa se determina usando el carboximetil celulosa (CMC) como sustrato según el procedimiento de Ghose, 1987, Pure and Appl. Chem. 59: 257-268, a pH 5, 40°C.
- [0033] Expresión: el término "expresión" incluye cualquier paso implicado en la producción de un polipéptido incluyendo, pero no limitado a, transcripción, modificación postranscripcional, traducción, modificación postraduccional y secreción.
- [0034] Vector de expresión: el término "vector de expresión" se refiere a una molécula de ADN lineal o circular que comprende un polinucleótido que codifica un polipéptido y está operativamente enlazado a secuencias de control que proporcionan su expresión.
- [0035] Glicósido hidrolasa de la familia 61: el término "glicósido hidrolasa de la familia 61" o "familia 61" o "GH61" se refiere a un polipéptido que desemboca en la familia 61 de glicósido hidrolasa según Henrissat B., 1991, A classification

of glycosyl hydrolases based on amino-acid sequence similarities, *Biochem. J.* 280: 309-316, y Henrissat B., y Bairoch A., 1996, Updating the sequence-based classification of glycosyl hydrolases, *Biochem. J.* 316: 695-696. Las enzimas de esta familia se clasificaron originalmente como una familia de glicósido hidrolasa basada en medición de actividad muy débil de endo-1,4-beta-D-glucanasa en un miembro de la familia. La estructura y el modo de acción de estas enzimas son no canónicos y no se pueden considerar como glicosidasas genuinas. No obstante, se mantienen en la clasificación CAZy basándose en su capacidad para mejorar la descomposición de lignocelulosa cuando se usan conjuntamente con una celulasa o una mezcla de celulasas.

[0036] Feruloil esterasa: el término "feruloil esterasa" se refiere a una 4-hidroxi-3-metoxicinamoil-azúcar hidrolasa (EC 3.1.1.73) que cataliza la hidrólisis de grupos 4-hidroxi-3-metoxicinamoilo (feruloilo) a partir de azúcar esterificado, que es normalmente arabinosa en sustratos "naturales", para producir ferulato (4-hidroxi-3-metoxicinamato). La feruloil esterasa también se conoce como esterasa de ácido ferúlico, hidroxicinamoil esterasa, FAE-III, cinamoil éster hidrolasa, FAEA, cinnAE, FAE-I o FAE-II. La actividad de feruloil esterasa se determina usando 0,5 mM de p-nitrofenilferulate como sustrato en 50 mM de acetato sódico pH 5,0. Una unidad de feruloil esterasa iguala la cantidad de enzima capaz de liberar 1 µmol de anión de p-nitrofenolato por minuto a pH 5, 25°C.

[0037] Fragmento: el término "fragmento" se refiere a un polipéptido que tiene uno o más (por ejemplo, varios) aminoácidos ausente del amino y/o carboxilo terminal de un polipéptido maduro; donde el fragmento tiene actividad biológica, por ejemplo, actividad enzimática.

[0038] Enzima hemicelulolítica o hemicelulasa: el término "enzima hemicelulolítica" o "hemicelulasa" se refiere a una o más (por ejemplo, varias) enzimas que hidrolizan un material hemicelulósico. Véase, por ejemplo, Shallom, D. y Shoham, Y. *Microbial hemicellulases. Current Opinion In Microbiology*, 2003, 6(3): 219-228). Las hemicelulasas son componentes clave en la degradación de biomasa vegetal. Ejemplos de hemicelulasas incluyen, pero de forma no limitativa, una acetilmanano esterasa, una acetilxilano esterasa, una arabinanasa, una arabinofuranosidasa, una ácido cumárico esterasa, una feruloil esterasa, una galactosidasa, una glucuronidasa, una glucuronoilo esterasa, una mananasa, una manosidasa, una xilanasa y una xilosidasa. Los sustratos de estas enzimas, las hemicelulasas, son un grupo heterogéneo de polisacáridos ramificados y lineales que están enlazados a través de enlaces de hidrógeno a las microfibrillas de celulosa en la pared celular vegetal, reticulándolos en una red robusta. Las hemicelulasas están también fijadas de manera covalente a lignina, formando junto con celulosa una estructura altamente compleja. La estructura variable y la organización de hemicelulasas requiere la acción convenida de muchas enzimas para su degradación completa. Los módulos catalíticos de hemicelulasas son bien glicósido hidrolasas (GHs) que hidrolizan enlaces glicosídicos, o carbohidrato esterases (CEs), que hidrolizan enlaces de éster de acetato o grupos laterales de ácido ferúlico. Estos módulos catalíticos, basados en la homología de su secuencia primaria, se puede asignar en las familias GH y CE. Algunas familias, con un pliegue similar total, se pueden agrupar además en clanes, marcados alfabéticamente (por ejemplo, GH-A). Una clasificación más informativa y actualizada de estas y otras enzimas activas de carbohidrato está disponible en las base de datos de Enzimas Activas de Carbohidratos (CAZy, por sus siglas en inglés). Las actividades enzimáticas hemicelulolíticas se pueden medir según Ghose y Bisaria, 1987, *Pure & Appl. Chem.* 59: 1739-1752, a una temperatura adecuada, por ejemplo, 50°C, 55°C o 60°C, y pH, por ejemplo, 5,0 o 5,5.

[0039] Condiciones de astringencia altas: el término "condiciones de astringencia altas" se refiere a sondas de al menos 100 nucleótidos de longitud, prehibridación e hibridación a 42°C en 5X SSPE, 0,3% SDS, 200 microgramos/ml ADN de esperma de salmón cortado y desnaturalizado y 50% formamida, siguiendo los procedimientos de transferencia de Southern estándar durante 12 a 24 horas. El material portador se lava finalmente tres veces cada uno durante 15 minutos usando 2X SSC, 0,2% SDS a 65°C.

[0040] Célula huésped: el término "célula huésped" se refiere a cualquier tipo de célula que sea susceptible de transformación, transfección, transducción o similar con un constructo de ácidos nucleicos o vector de expresión que comprenda un polinucleótido. El término "célula huésped" abarca cualquier descendiente de una célula original que no sea idéntico a la célula original debido a mutaciones que se produzcan durante la replicación.

[0041] Aislado: el término "aislado" se refiere a una sustancia en una forma o entorno que no se produzca en la naturaleza. Ejemplos no limitativos de sustancias aisladas incluyen (1) cualquier sustancia que no se produzca de forma natural, (2) cualquier sustancia incluyendo, pero no limitado a, cualquier enzima, variante, ácido nucleico, proteína, péptido o cofactor, que es retirado al menos parcialmente de uno o varios o todos los constituyentes de origen natural con los que está asociado en la naturaleza; (3) cualquier sustancia modificada por el hombre con respecto a la sustancia encontrada en la naturaleza; o (4) cualquier sustancia modificada mediante el aumento de la cantidad de la sustancia con respecto a otros componentes con los que está asociado naturalmente (por ejemplo, copias múltiples de un gen que codifica la sustancia; uso de un promotor más fuerte que el promotor naturalmente asociado al gen que codifica la sustancia). El polipéptido se puede utilizar en aplicaciones industriales en forma de un producto de caldo de fermentación, es decir, el polipéptido es un componente de un caldo de fermentación usado como un producto en aplicaciones industriales (por ejemplo, producción de etanol). El producto de caldo de fermentación comprenderá, además del polipéptido, ingredientes adicionales usados en el proceso de fermentación, tal como, por ejemplo, células (incluyendo, las células huésped que contienen el gen que codifica el polipéptido, que se usan para producir el polipéptido de interés), detrito celular, biomasa, medios de fermentación y/o productos de fermentación. El caldo de fermentación se puede someter opcionalmente a uno o más pasos de purificación (incluyendo filtración) para eliminar o

reducir uno o más componentes de un proceso de fermentación. Por consiguiente, una sustancia aislada puede estar presente en tal producto de caldo de fermentación.

- 5 [0042] Condiciones de astringencia bajas: el término "condiciones de astringencia bajas" se refiere a sondas de al menos 100 nucleótidos de longitud, prehibridación e hibridación a 42°C en 5X SSPE, 0,3% SDS, 200 microgramos/ml de ADN de esperma de salmón cortado y desnaturalizado y 25% formamida, siguiendo procedimientos de transferencia de Southern de estándar durante 12 a 24 horas. El material portador se lava finalmente tres veces cada uno durante 15 minutos usando 2X SSC, 0,2% SDS a 50°C.
- 10 [0043] Polipéptido maduro: el término "polipéptido maduro" se refiere a un polipéptido en su forma final después de la traducción y cualquier modificación postraduccion, tal como tratamiento N-terminal, truncamiento C-terminal, glicosilación, fosforilación, etc. 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) expresado por el mismo polinucleótido. El polipéptido maduro se puede predecir utilizando el programa SignalP (Nielsen *et al.*, 1997, Protein Engineering 10: 1-6). También se conoce en la técnica que células huésped diferentes procesan polipéptidos
- 15 diferentes, 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 exprese el mismo polinucleótido.
- 20 [0044] Secuencia codificante de polipéptido maduro: el término "secuencia codificante de polipéptido maduro" se define aquí como una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido maduro que tiene actividad biológica, por ejemplo, actividad enzimática. La secuencia codificante de polipéptido maduro se puede predecir utilizando el programa Signal (Nielsen *et al.*, 1997, *supra*). 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) expresado por el mismo polinucleótido. Es también conocido en la técnica que células huésped diferentes procesan polipéptidos
- 25 diferentes, 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 exprese el mismo polinucleótido.
- 30 [0045] Condiciones de astringencia media: el término "condiciones de astringencia media" se refiere a sondas de al menos 100 nucleótidos de longitud, prehibridación e hibridación a 42°C en 5X SSPE, 0,3% SDS, 200 microgramos/ml de ADN de esperma de salmón cortado y desnaturalizado y 35% formamida, siguiendo procedimientos de transferencia de Southern estándar durante 12 a 24 horas. El material portador es finalmente lavado tres veces cada uno durante 15 minutos usando 2X SSC, 0,2% SDS a 55°C.
- 35 [0046] Condiciones de astringencia medias-altas: el término "condiciones de astringencia medias-altas" se refiere a sondas de al menos 100 nucleótidos de longitud, prehibridación e hibridación a 42°C en 5X SSPE, 0,3% SDS, 200 microgramos/ml ADN de esperma de salmón cortado y desnaturalizado y 35% formamida, siguiendo procedimientos de transferencia de Southern estándar durante 12 a 24 horas. El material portador es finalmente lavado tres veces cada uno durante 15 minutos usando 2X SSC, 0,2% SDS a 60°C.
- 40 [0047] Constructo de ácidos nucleicos: el término "constructo de ácidos nucleicos" se refiere a una molécula de ácido nucleico, bien uni- o bicatenaria, que se aísla a partir de un gen de origen natural o se modifica para contener segmentos de ácidos nucleicos de modo que no existirían de lo contrario en la naturaleza o que es sintético, que comprende una o más secuencias de control.
- 45 [0048] Operativamente enlazado: el término "operativamente enlazado" se refiere a una configuración en la que una secuencia de control se coloca en una posición apropiada con respecto a la secuencia codificante de un polinucleótido de modo que la secuencia de control dirija la expresión de la secuencia codificante.
- 50 [0049] Polipéptido que tiene actividad de aumento celulolítico: el término "polipéptido que tiene actividad de aumento celulolítico" se refiere a un polipéptido GH61 que cataliza el aumento de la hidrólisis de un material celulósico por enzima que tiene actividad celulolítica.
- 55 [0050] La actividad de aumento celulolítico se determina por medición del aumento en azúcares reductores o el aumento del total de celobiosa y glucosa a partir de la hidrólisis de un material celulósico por enzima celulolítica bajo las siguientes condiciones: 1-50 mg de proteína total/g de celulosa en PCS, donde la proteína total está compuesta por 50-99,5% p/p de proteína enzimática celulolítica y 0,5-50% p/p de proteína de un polipéptido GH61 que tiene actividad de aumento celulolítico durante 1-7 días a una temperatura adecuada, por ejemplo, 50°C, 55°C o 60°C, y pH, por ejemplo, 5,0 o 5,5, en comparación con una hidrólisis de control con igual carga de proteína total sin actividad de aumento celulolítico (1-50 mg de proteína celulolítica/g de celulosa en PCS). En un aspecto preferido, una mezcla de CELLULAST® 1,5L (Novozymes A/S, Bagsvaerd, Dinamarca) en presencia de 2-3% de beta-glucosidasa de *Aspergillus oryzae* de peso de proteína total (producida de forma recombinante en el *Aspergillus oryzae* según la WO 02/095014) o 2-3% de beta-glucosidasa de *Aspergillus fumigatus* del peso de proteína total (producido de forma recombinante en *Aspergillus oryzae* como se describe en la WO 2002/095014) de carga de proteína de celulosa se usa
- 60 como la fuente de la actividad celulolítica.
- 65

- [0051] Los polipéptidos GH61 que tienen actividad de aumento celulolítico mejoran la hidrólisis de un material celulósico catalizado por enzima que tiene actividad celulolítica mediante la reducción de la cantidad de enzima celulolítica requerida para alcanzar el mismo grado de hidrólisis preferiblemente al menos 1,01 veces, por ejemplo, al menos 1,05 veces, al menos 1,10 veces, al menos 1,25 veces, al menos 1,5 veces, al menos 2 veces, al menos 3 veces, al menos 4 veces, al menos 5 veces, al menos 10 veces o al menos 20 veces.
- [0052] Rastrojos de maíz pretratados: el término "PCS" o "rastrojos de maíz pretratados" se refiere a un material celulósico derivado de forraje de maíz por tratamiento con calor y ácido sulfúrico diluido, pretratamiento alcalino o pretratamiento neutro.
- [0053] Identidad de secuencia: la relación entre dos secuencias de aminoácidos o entre dos secuencias de nucleótidos se describe por el parámetro "identidad de secuencia".
- [0054] La identidad de secuencia entre dos secuencias de aminoácidos se determina utilizando el algoritmo de Needleman-Wunsch (Needleman y Wunsch, 1970, J. Mol. Biol. 48: 443-453) como implementado en el programa de Needle del paquete EMBOSS (EMBOSS: The European Molecular Biology Open Software Suite, Rice *et al.*, 2000, Trends Genet. 16: 276-277), preferiblemente versión 3.0.0, 5.0.0 o superior. Los parámetros usados son penalización por apertura de espacio de 10, penalización por extensión de espacio de 0,5 y la matriz de sustitución EBLOSUM62 (versión EMBOSS de BLOSUM62). El resultado de Needle etiquetado "identidad más larga" (obtenido utilizando la opción -nobrief) se usa como la identidad en porcentaje y se calcula de la siguiente manera:
- $$(\text{Residuos idénticos} \times 100) / (\text{Longitud de alineamiento} - \text{Número total de espacios en alineamiento})$$
- [0055] La identidad de secuencia entre dos secuencias de desoxirribonucleótidos se determina utilizando el algoritmo de Needleman-Wunsch (Needleman y Wunsch, 1970, *supra*) como implementado en el programa Needle del paquete EMBOSS (EMBOSS: The European Molecular Biology Open Software Suite, Rice *et al.*, 2000, *supra*), preferiblemente versión 3.0.0, 5.0.0 o superior. Los parámetros usados son penalización por apertura de espacio de 10, 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 "identidad más larga" (obtenido utilizando la opción -nobrief) se usa como la identidad en porcentaje y se calcula de la siguiente manera:
- $$(\text{Desoxirribonucleótidos idénticos} \times 100) / (\text{Longitud de alineamiento} - \text{Número total de espacios en alineamiento})$$
- [0056] Subsecuencia: el término "subsecuencia" se refiere a un polinucleótido que tiene uno o más (por ejemplo, varios) nucleótidos ausente del extremo 5' y/o 3' de una secuencia codificante de polipéptido maduro, donde la subsecuencia codifica un fragmento que tiene actividad biológica, por ejemplo, actividad enzimática.
- [0057] Variante: el término "variante" se refiere a un polipéptido que tiene actividad enzimática que incluye una alteración, es decir, una sustitución, inserción y/o eliminación, en una o más (por ejemplo, varias) posiciones. Una sustitución se refiere al reemplazo del aminoácido que ocupa una posición con un aminoácido diferente; una delección se refiere a la eliminación del aminoácido que ocupa una posición; y una inserción se refiere a añadir un aminoácido adyacente e inmediatamente después del aminoácido que ocupa una posición.
- [0058] Condiciones de astringencia altísimas: el término "condiciones de astringencia altísimas" se refiere a sondas de al menos 100 nucleótidos de longitud, prehibridación e hibridación a 42°C en 5X SSPE, 0,3% SDS, 200 microgramos/ml ADN de esperma de salmón cortado y desnaturalizado y 50% formamida, siguiendo procedimientos de transferencia de Southern estándar durante 12 a 24 horas. El material portador se lava finalmente tres veces cada uno durante 15 minutos usando 2X SSC, 0,2% SDS a 70°C.
- [0059] Condiciones de astringencia muy bajas: el término "condiciones de astringencia muy bajas" se refiere a sondas de al menos 100 nucleótidos de longitud, prehibridación e hibridación a 42°C en 5X SSPE, 0,3% SDS, 200 microgramos/ml ADN de esperma de salmón cortado y desnaturalizado y 25% formamida, siguiendo procedimientos de transferencia de Southern estándar durante 12 a 24 horas. El material portador se lava finalmente tres veces cada uno durante 15 minutos usando 2X SSC, 0,2% SDS a 45°C.
- [0060] Material que contiene xilano: el término "material que contiene xilano" se refiere a cualquier material que comprenda un polisacárido de pared celular vegetal que contenga una estructura de residuos de xilosa beta-(1-4)-enlazados. Los xilanos de plantas terrestres son heteropolímeros que poseen una estructura de beta-(1-4)-D-xilopiranososa, que es ramificada por cadenas de carbohidrato cortas. Comprenden ácido D-glucurónico o su 4-O-metil éter, L-arabinosa y/o oligosacáridos varios, compuestos por D-xilosa, L-arabinosa, D- o L-galactosa y D-glucosa. Polisacáridos de tipo xilano se pueden dividir en homoxilanos y heteroxilanos, que incluyen glucuronoxilanos, (arabino)glucuronoxilanos, (glucurono)arabinoxilanos, arabinoxilanos y heteroxilanos complejos. Véase, por ejemplo, Ebringerova *et al.*, 2005, Adv. Polym. Sci. 186: 1-67.

[0061] En los métodos de la presente invención, cualquier material que contenga xilano se puede utilizar. En un aspecto preferido, el material que contiene xilano es lignocelulosa.

[0062] Actividad de degradación de xilano o actividad xilanolítica: el término "actividad de degradación de xilano" o "actividad xilanolítica" se refiere a una actividad biológica que hidroliza material que contiene xilano. Los dos métodos básicos para medir la actividad xilanolítica incluyen: (1) medición de la actividad xilanolítica total y (2) medición de las actividades xilanolíticas individuales (por ejemplo, endoxilasas, beta-xilosidasas, arabinofuranosidasas, alfa-glucuronidasas, acetilxilano esterasas, feruloilo esterasas y alfa-glucuronilo esterasas). El progreso reciente en ensayos de enzimas xilanolíticas se resumió en diferentes publicaciones incluyendo Biely y Puchard, Recent progress in the assays of xylanolytic enzymes, 2006, Journal of the Science of Food and Agriculture 86(11): 1636-1647; Spanikova y Biely, 2006, Glucuronoyl esterase - Novel carbohydrate esterase produced by Schizophyllum commune, FEBS Letters 580(19): 4597-4601; Herrmann, Vrsanska, Jurickova, Hirsch, Biely, and Kubicek, 1997, The beta-D-xylosidase of *Trichoderma reesei* is a multifunctional beta-D-xylan xylohydrolase, Biochemical Journal 321: 375-381.

[0063] La actividad de degradación de xilano total se puede medir determinando los azúcares reductores formados a partir de varios tipos de xilano, incluyendo, por ejemplo, xilanos de avena espelta, madera de haya y madera de alerce, o por determinación fotométrica de fragmentos de xilano teñido liberados a partir de varios xilanos teñidos de manera covalente. El ensayo de actividad xilanolítica total más común se basa en la producción de azúcares reductores a partir de 4-O-metil glucuronoxilano polimérico como se describe en la Bailey, Biely, Poutanen, 1992, Interlaboratory testing of methods for assay of xylanase activity, Journal of Biotechnology 23(3): 257- 270. La actividad de xilanasa se puede determinar también con 0,2% de AZCL-arabinoxilano como sustrato en 0,01% de TRITON® X-100 (4-(1,1,3,3-tetrametilbutil)fenil-polietilenglicol) y 200 mM de tampón 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, pH 6 a partir de 0,2% de AZCL-arabinoxilano como sustrato en 200 mM de tampón de fosfato sódico pH 6.

[0064] La actividad de degradación de xilano se determina por medición del aumento en la hidrólisis de xilano de madera de abedul (Sigma Chemical Co., Inc., St. Louis, MO, EE.UU.) por enzima(s) de degradación de xilano bajo las siguientes condiciones típicas: 1 ml de reacciones, 5 mg/ml de sustrato (sólidos totales), 5 mg de proteína xilanolítica/g de sustrato, 50 mM de acetato sódico pH 5, 50°C, 24 horas, análisis de azúcar utilizando ensayo hidrácida de ácido p-hidroxibenzoico (PHBAH) como se describe por Lever, 1972, A new reaction for colorimetric determination of carbohydrates, Anal. Biochem 47: 273-279.

[0065] Xilanasa: el término "xilanasa" se refiere a una 1,4-beta-D-xilano-xilohidrolasa (E.C. 3.2.1.8) que cataliza la endohidrólisis de enlaces 1,4-beta-D-xilosídicos en xilanos. Para fines de la presente invención, la actividad de xilanasa se determina con 0,2% de AZCL-arabinoxilano como sustrato en 0,01% de TRITON® X-100 y 200 mM de tampón 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, pH 6 a partir de 0,2% de AZCL- arabinoxilano como sustrato en 200 mM de tampón de fosfato sódico pH 6.

Descripción detallada de la invención

[0066] La presente invención se refiere a métodos de degradación de un material celulósico, que comprenden:

(a) pretratamiento del material celulósico con una composición que comprende uno o más (por ejemplo, varios) polipéptidos GH61; y

(b) sacarificación del material celulósico pretratado con polipéptido GH61 con una composición enzimática.

[0067] En un aspecto, los métodos anteriores comprenden además la recuperación del material celulósico degradado o convertido. Productos solubles de degradación o conversión del material celulósico se pueden separar del material celulósico insoluble utilizando tecnología bien conocida en la técnica tal como, por ejemplo, centrifugado, filtración y sedimentación por gravedad.

[0068] La presente invención también se refiere a métodos para producir un producto de fermentación, que comprenden:

(a) pretratamiento de un material celulósico con una composición que comprende uno o más (por ejemplo, varios) polipéptidos GH61;

(b) sacarificación del material celulósico pretratado GH61 con una composición enzimática;

(c) fermentación del material celulósico sacarificado con uno o más (por ejemplo, varios) microorganismos fermentativos para producir el producto de fermentación; y

(d) recuperación del producto de fermentación de la fermentación.

[0069] Una ventaja de pretratar el material celulósico con un polipéptido GH61 es que el tratamiento realiza la digestibilidad del material celulósico por una composición enzimática que comprende enzima celulolítica y/o enzima hemicelulolítica, es decir, reduce la recalcitrancia del material celulósico a hidrólisis enzimática.

[0070] En otro aspecto, cada uno de los métodos anteriores puede comprender además tratamiento del material celulósico con un pretratamiento químico, un pretratamiento físico o un pretratamiento químico y un pretratamiento físico. En una forma de realización, cada uno de los métodos anteriores comprende además tratamiento del material celulósico con un pretratamiento químico. En otra forma de realización, cada uno de los métodos anteriores comprende además tratamiento del material celulósico con un pretratamiento físico. En otra forma de realización, cada uno de los métodos anteriores comprende además tratamiento del material celulósico con un pretratamiento químico y un pretratamiento físico.

[0071] En otro aspecto, el pretratamiento con uno o más (por ejemplo, varios) polipéptidos GH61 se realiza antes, durante o después del pretratamiento químico, el pretratamiento físico o el pretratamiento químico y el pretratamiento físico. En una forma de realización, el pretratamiento con uno o más (por ejemplo, varios) polipéptidos GH61 se realiza antes del pretratamiento químico, el pretratamiento físico o el pretratamiento químico y el pretratamiento físico. En otra forma de realización, el pretratamiento con uno o más (por ejemplo, varios) polipéptidos GH61 se realiza durante el pretratamiento químico, el pretratamiento físico o el pretratamiento químico y el pretratamiento físico. En otra forma de realización, el pretratamiento con uno o más (por ejemplo, varios) polipéptidos GH61 se realiza después del pretratamiento químico, el pretratamiento físico o el pretratamiento químico y el pretratamiento físico.

[0072] El pretratamiento con uno o más (por ejemplo, varios) polipéptidos GH61 se realiza antes de la sacarificación. En otro aspecto, el tratamiento adicional del material celulósico con un pretratamiento químico, un pretratamiento físico o un pretratamiento químico y un pretratamiento físico se realiza antes de la sacarificación. En otro aspecto, el pretratamiento con uno o más (por ejemplo, varios) polipéptidos GH61 y el tratamiento adicional del material celulósico con un pretratamiento químico, un pretratamiento físico o un pretratamiento químico y un pretratamiento físico se realizan antes de la sacarificación.

[0073] En otro aspecto, uno o más (por ejemplo, varios) polipéptidos GH61 son inactivados tras el pretratamiento del material celulósico. Uno o más (por ejemplo, varios) polipéptidos GH61 se pueden inactivar por incubación a una temperatura elevada, por encima de las temperaturas de fusión de los polipéptidos GH61 respectivos usados, por ejemplo, 90°C, durante un periodo de tiempo suficiente, por ejemplo, al menos 30-45 minutos.

[0074] El procesamiento del material celulósico según la presente invención lo se puede realizar usando métodos convencionales en la técnica. Además, los métodos de la presente invención se pueden implementar utilizando cualquier equipo de tratamiento de biomasa convencional configurado para operar conforme a la invención.

[0075] Hidrólisis (sacarificación) y fermentación, separadas o simultáneas, incluyen, pero de forma no limitativa, hidrólisis y fermentación separadas (SHF); sacarificación y fermentación simultáneas (SSF); sacarificación y co-fermentación simultáneas (SSCF); hidrólisis y fermentación híbridas (HHF); hidrólisis y co-fermentación separadas (SHCF); hidrólisis y co-fermentación híbridas (HHCF); y conversión microbiana directa (DMC), también llamada a veces biotratamiento consolidado (CBP). La SHF usa pasos de proceso separados para hidrolizar enzimáticamente primero el material celulósico en azúcares fermentables, por ejemplo, monómeros de glucosa, celobiosa y pentosa, y luego fermentar los azúcares fermentables en etanol. En la SSF, la hidrólisis enzimática del material celulósico y la fermentación de azúcares en etanol se combinan en un paso (Philippidis, G. P., 1996, Cellulose bioconversion technology, in Handbook on Bioethanol: Production and Utilization, Wyman, C. E., ed., Taylor & Francis, Washington, DC, 179-212). La SSCF implica la co-fermentación de azúcares múltiples (Sheehan, J., and Himmel, M., 1999, Enzymes, energy and the environment: A strategic perspective on the U.S. Department of Energy's research and development activities for bioethanol, Biotechnol. Prog. 15: 817-827). La HHF implica un paso de hidrólisis separada, y además una sacarificación simultánea, y un paso de hidrólisis, que puede efectuarse en el mismo reactor. Los pasos en un proceso de HHF puede llevarse a cabo a temperaturas diferentes, es decir, sacarificación enzimática de alta temperatura seguida de SSF a una temperatura inferior que la cepa de fermentación puede tolerar. La DMC combina todos tres procesos (producción enzimática, hidrólisis y fermentación) en uno o más (por ejemplo, varios) pasos donde el mismo organismo se usa para producir las enzimas para conversión del material celulósico en azúcares fermentables y para convertir los azúcares fermentables en un producto final (Lynd, L. R., Weimer, P. J., van Zyl, W. H., and Pretorius, I. S., 2002, Microbial cellulose utilization: Fundamentals and biotechnology, Microbiol. Mol. Biol. Reviews 66: 506-577). Se entiende aquí que cualquier método conocido en la técnica que comprenda pretratamiento, hidrólisis enzimática (sacarificación), fermentación o una combinación de los mismos, se puede usar para practicar los métodos de la presente invención.

[0076] Un aparato convencional puede incluir un reactor agitado lote alimentado, un reactor agitado de lote, un reactor agitado de flujo continuo con ultrafiltración, y/o un reactor de columna de flujo de pistón continuo (Fernanda de Castilhos Corazza, Flávio Faria de Moraes, Gisella Maria Zanin e Ivo Neitzel, 2003, Optimal control in fed-batch reactor for the cellobiose hydrolysis, Acta Scientiarum. Technology 25: 33-38; Gusakov, A. V., y Sinityn, A. P., 1985, Kinetics of the enzymatic hydrolysis of cellulose: 1, A mathematical model for a batch reactor process, Enz. Microb. Technol. 7: 346-

- 352), un reactor de fricción (Ryu, S. K., and Lee, J. M., 1983, Bioconversion of waste cellulose by using an attrition bioreactor, *Biotechnol. Bioeng.* 25: 53-65) o un reactor con intensivo agitación inducida por un campo electromagnético (Gusakov, A. V., Sinitsyn, A. P., Davydkin, I. Y., Davydkin, V. Y., Protas, O. V., 1996, Enhancement of enzymatic cellulose hydrolysis using a novel type of bioreactor with intensive stirring induced by electromagnetic field, *Appl. Biochem. Biotechnol.* 56: 141-153). Otros tipos de reactor incluyen lecho fluidificado, mantas de flujo ascendente, inmovilizado y reactores de tipo extrusor para hidrólisis y/o fermentación.
- [0077] Pretratamiento de polipéptido GH61, El pretratamiento de un material celulósico con una composición que comprende uno o más (por ejemplo, diferentes) polipéptidos GH61 se pueden realizar a un pH en la gama de 4 a 10, por ejemplo, 4,0, 4,5, 5,0, 5,5, 6,0, 6,5, 7,0, 7,5, 8,0, 8,5, 9,0, 9,5 o 10, (o entremedias) y a una temperatura en la gama de 5°C a 70°C, por ejemplo, 5, 10, 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45, 50, 55, 60, 65 o 70°C (o entremedias). No obstante, cualquier pH y temperatura se pueden utilizar.
- [0078] En un aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 4,5 y 5°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 4,5 y 10°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 4,5 y 15°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 4,5 y 20°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 4,5 y 25°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 4,5 y 30°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 4,5 y 35°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 4,5 y 40°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 4,5 y 45°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 4,5 y 50°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 4,5 y 55°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 4,5 y 60°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 4,5 y 65°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 4,5 y 70°C.
- [0079] En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 5,0 y 5°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 5,0 y 10°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 5,0 y 15°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 5,0 y 20°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 5,0 y 25°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 5,0 y 30°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 5,0 y 35°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 5,0 y 40°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 5,0 y 45°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 5,0 y 50°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 5,0 y 55°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 5,0 y 60°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 5,0 y 65°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 5,0 y 70°C.
- [0080] En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 5,5 y 5°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 5,5 y 10°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 5,5 y 15°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 5,5 y 20°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 5,5 y 25°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 5,5 y 30°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 5,5 y 35°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 5,5 y 40°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 5,5 y 45°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 5,5 y 50°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 5,5 y 55°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 5,5 y 60°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 5,5 y 65°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 5,5 y 70°C.
- [0081] En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 6,0 y 5°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 6,0 y 10°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 6,0 y 15°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 6,0 y 20°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 6,0 y 25°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 6,0 y 30°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 6,0 y 35°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 6,0 y 40°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 6,0 y 45°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 6,0 y 50°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 6,0 y 55°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 6,0 y 60°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 6,0 y 65°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 6,0 y 70°C.
- [0082] En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 6,5 y 5°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 6,5 y 10°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 6,5 y 15°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 6,5 y 20°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 6,5 y 25°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 6,5 y 30°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 6,5 y 35°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 6,5 y 40°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 6,5 y 45°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 6,5 y 50°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 6,5 y 55°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 6,5 y 60°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 6,5 y 65°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 6,5 y 70°C.
- [0083] En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 7,0 y 5°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 7,0 y 10°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 7,0 y 15°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 7,0 y 20°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 7,0 y 25°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 7,0 y 30°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 7,0 y 35°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 7,0 y 40°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 7,0 y 45°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 7,0 y 50°C. En otro aspecto, el pretratamiento se realiza a pH 7,0 y 55°C. En otro

- [0091] El pretratamiento con uno o más (por ejemplo, varios) polipéptidos GH61 que tienen actividad de aumento celulolítico se puede realizar durante un tiempo de minutos a horas, a días, a semanas dependiendo de la cantidad de un polipéptido GH61 que tiene actividad de aumento celulolítico para material celulósico usado, la temperatura y el pH. En un aspecto, el tiempo es de 30 minutos a 60 minutos. En otro aspecto, el tiempo es de 1 hora a 24 horas. En otro aspecto, el tiempo es de 1 día a 7 días. En otro aspecto, el tiempo es de 1 semana a 4 semanas. Por ejemplo, en 1 mg de polipéptido GH61 por g material celulósico a 50°C y pH 5,0, el pretratamiento sería 3 días. No obstante, cualquier tiempo adecuado para obtener la digestibilidad del material celulósico por pretratamiento con un polipéptido GH61 se puede usar y es fácilmente determinado por un experto en la técnica.
- [0092] En otro aspecto, el pretratamiento con uno o más (por ejemplo, varios) polipéptidos GH61 que tienen actividad de aumento celulolítico se realiza en presencia de un catión metálico bivalente de activación soluble (WO 2008/151043), por ejemplo, manganeso o cobre.
- [0093] En otro aspecto, el pretratamiento con uno o más (por ejemplo, varios) polipéptidos GH61 que tienen actividad de aumento celulolítico se realiza en presencia de un compuesto de dioxi, un compuesto bicíclico, un compuesto heterocíclico, un compuesto que contiene nitrógeno, compuesto de quinona, un compuesto que contiene sulfuro o una solución obtenida a partir de un material celulósico pretratado tal como rastrojos de maíz pretratados (PCS).
- [0094] El compuesto de dioxi puede incluir cualquier compuesto adecuado que contenga dos o más átomos de oxígeno. En algunos aspectos, los compuestos de dioxi contienen una fracción de arilo sustituido como se describe en este caso. Los compuestos de dioxi pueden comprender uno o más (por ejemplo, varios) hidroxilos y/o derivados de hidroxilo, pero también incluyen fracciones de arilo sustituido que carece de hidroxilo y derivados de hidroxilo. Ejemplos no limitativos de compuestos de dioxi incluyen pirocatecol o catecol; ácido cafeico; ácido 3,4-dihidroxibenzoico; 4-tert-butil-5-metoxi-1,2-bencenodiol; pirogalol; ácido gálico; metil-3,4,5- trihidroxibenzoato; 2,3,4-trihidroxibenzofenona; 2,6-dimetoxifenol; ácido sinapínico; ácido 3,5-dihidroxibenzoico; 4-cloro-1,2-bencenediol; 4-nitro-1,2-bencenediol; ácido tánico; galato de etilo; glicolato de metilo; ácido dihidroxifumárico; 2-butina-1,4-diol; (ácido crocónico; 1,3-propanodiol; ácido tartárico; 2,4-pentanodiol; 3-etioxi-1,2-propanodiol; 2,4,4'-trihidroxibenzofenona; cis-2-buteno-1,4-diol; 3,4-dihidroxi-3-ciclobuteno-1,2-diona; dihidroxiacetona; acetal acroleína; metil-4- hidroxibenzoato; ácido 4-hidroxibenzoico; y metil-3,5-dimetoxi-4-hidroxibenzoato; o una sal o solvato de los mismos.
- [0095] El compuesto bicíclico puede incluir cualquier sistema anular fusionado sustituido adecuado como se describe en este caso. Los compuestos pueden comprender uno o más (por ejemplo, varios) anillos adicionales, y no se limitan a un número específico de anillos a menos que se especifique lo contrario. En un aspecto, el compuesto bicíclico es un flavonoide. En otro aspecto, el compuesto bicíclico es un isoflavonoide opcionalmente sustituido. En otro aspecto, el compuesto bicíclico es un ión de flavilio opcionalmente sustituido, tal como una antocianidina opcionalmente sustituida o antocianina opcionalmente sustituida, o derivado. Ejemplos no limitativos de compuestos bicíclicos incluyen epicatequina, quercetina, miricetina, taxifolin, kaempferol, morina, acetina, naringenina, isorhamnetina, apigenina, cianidina, cianina, curomanina, queracianina o una sal o solvato de los mismos.
- [0096] El compuesto heterocíclico puede ser cualquier compuesto adecuado, tal como un anillo aromático opcionalmente sustituido o no aromático que comprenda un heteroátomo, como se describe en este caso. En un aspecto, el heterocíclico es un compuesto que incluye una fracción de heterocicloalquilo opcionalmente sustituida o una fracción de heteroarilo opcionalmente sustituida. En otro aspecto, la fracción de heterocicloalquilo opcionalmente sustituida o la fracción de heteroarilo opcionalmente sustituida es un heterocicloalquilo opcionalmente sustituido dividido en 5 miembros o una fracción opcionalmente sustituida de heteroarilo dividido en 5 miembros. En otro aspecto, el heterocicloalquilo opcionalmente sustituido o fracción de heteroarilo opcionalmente sustituida es una fracción opcionalmente sustituida seleccionada de pirazolilo, furanilo, imidazolilo, isoxazolilo, oxadiazolilo, oxazolilo, pirrolilo, piridilo, pirimidilo, piridacínilo, tiazolilo, triazolilo, tienilo, dihidrotieno pirazolilo, tianaftenilo, carbazolilo, bencimidazolilo, benztienilo, benzofuranilo, indolilo, quinoleinilo, benzotiazolilo, benzotiazolilo, benzooxazolilo, bencimidazolilo, isoquinoleinilo, isoindolilo, acridinilo, benzoisazolilo, dimetilhidantoina, piracinilo, tetrahidrofurano, pirrolinilo, pirrolidinilo, morfinilo, indolilo, diazepinilo, acepinilo, tiepinilo, piperidinil y oxepinilo. En otro aspecto, la fracción de heterocicloalquilo opcionalmente sustituida o fracción de heteroarilo opcionalmente sustituida es un furanilo opcionalmente sustituido. Ejemplos no limitativos de compuestos heterocíclicos incluyen (1,2-dihidroxietil) 3,4-dihidroxifuran-2(5H)-ona; 4-hidroxi-5-metil-3-furanona; 5-hidroxi-2(5H)-furanona; [1,2-dihidroxietil]furano-2,3,4(5H)-triona; α -hidroxi-i-butirolactona; γ -lactona ribónica; γ -lactone de ácido aldohexuronaldohexurónico; δ -lactone de ácido glucónico; 4-hidroxycumarina; dihidrobenzofurano; 5-(hidroximetil)furfural; furonil; 2(5H)-furanona; 5,6-dihidro-2H-piran-2-ona; y 5,6-dihidro-4-hidroxi-6-metil-2H-piran-2-ona; o una sal o solvato de los mismos.
- [0097] El compuesto que contiene nitrógeno puede ser cualquier compuesto adecuado con uno o varios átomos de nitrógeno. En un aspecto, el compuesto que contiene nitrógeno comprende una fracción de amina, imina, hidroxilamina o nitróxido. Ejemplos no limitativos de compuestos que contienen nitrógeno incluyen oxima de acetona; ácido violúrico; piridina-2-aldoxima; 2-aminofenol; 1,2-bencenediamina; 2,2,6,6- tetrametil-1-piperidinilo; 5,6,7,8-tetrahidropterina; 6,7-dimetil-5,6,7,8-tetrahidropterina; y ácido maleámico; o una sal o solvato de los mismos.

[0098] El compuesto de quinona puede ser cualquier compuesto adecuado que comprenda una fracción de quinona tal y como se describe en este caso. Ejemplos no limitativos de compuestos de quinona incluyen 1,4-benzoquinona, 1,4-naftoquinona; 2-hidroxi-1,4-naftoquinona; 2,3-dimetoxi-5-metil-1,4-benzoquinona o coenzima Q₀, 2,3,5,6-tetrametil-1,4-benzoquinona o duroquinona; 1,4-dihidroxiantraquinona; 3- hidroxi-1-metil-5,6-indolinediona o adrenocromo; 4-tert-butil-5-metoxi-1,2-benzoquinona; pirroloquinolina quinona; o una sal o solvato de los mismos.

[0099] El compuesto que contiene sulfuro puede ser cualquier compuesto adecuado que comprenda uno o varios átomos de azufre. En un aspecto, el compuesto que contiene sulfuro comprende una fracción seleccionada de tionilo, tioéter, sulfinilo, sulfonyl, sulfamida, sulfonamida, ácido sulfónico y éster sulfónico. Ejemplos no limitativos de compuestos que contienen sulfuro incluyen etanotiol; 2-propanotiol; 2-propeno-1-tiol; 2- ácido mercaptoetanosulfónico; bencenotiol; benceno-1,2-ditio; cisteína; metionina; glutatona; cistina; o una sal o solvato de los mismos.

[0100] En un aspecto, una cantidad eficaz de tal compuesto anteriormente descrito para material celulósico como una proporción molar para unidades glucosídicas de celulosa es de aproximadamente 10^{-6} a aproximadamente 10, por ejemplo, de aproximadamente 10^{-6} a aproximadamente 7,5, de aproximadamente 10^{-6} a aproximadamente 5, de aproximadamente 10^{-6} a aproximadamente 2,5, de aproximadamente 10^{-6} a aproximadamente 1, de aproximadamente 10^{-5} a aproximadamente 1, de aproximadamente 10^{-5} a aproximadamente 10^{-1} , de aproximadamente 10^{-4} a aproximadamente 10^{-1} , de aproximadamente 10^{-3} a aproximadamente 10^{-1} , y de aproximadamente 10^{-3} a aproximadamente 10^{-2} . En otro aspecto, una cantidad eficaz de tal compuesto anteriormente descrito es de aproximadamente 0,1 μ M a aproximadamente 1 M, por ejemplo, de aproximadamente 0,5 μ M a aproximadamente 0,75 M, de aproximadamente 0,75 μ M a aproximadamente 0,5 M, de aproximadamente 1 μ M a aproximadamente 0,25 M, de aproximadamente 1 μ M a aproximadamente 0,1 M, de aproximadamente 5 μ M a aproximadamente 50 mM, de aproximadamente 10 μ M a aproximadamente 25 mM, de aproximadamente 50 μ M a aproximadamente 25 mM, de aproximadamente 10 μ M a aproximadamente 10 mM, de aproximadamente 5 μ M a aproximadamente 5 mM, y de aproximadamente 0,1 mM a aproximadamente 1 mM.

[0101] El término "solución" se refiere a la fase soluble, bien acuosa orgánica o una combinación de las mismas que surge a partir del tratamiento de un material de lignocelulosa y/o hemicelulosa en un lodo, o monosacáridos de los mismos, por ejemplo, xilosa, arabinosa, manosa, etc., bajo condiciones tal y como se describen en este caso, y los contenidos solubles de los mismos. Una solución para aumento celulolítico de un polipéptido GH61 se puede producir por tratando de un material (o materia prima) de lignocelulosa o hemicelulosa aplicando calor y/o presión, opcionalmente en presencia de un catalizador, por ejemplo, ácido, opcionalmente en presencia de un solvente orgánico, y opcionalmente en combinación con la interrupción física del material, y luego separando la solución de los sólidos residuales. Tales condiciones determinan el grado de aumento celulolítico obtenible a través de la combinación de solución y un polipéptido GH61 durante la hidrólisis de un sustrato celulósico por una preparación con celulasa. La solución se puede separar del material tratado usando métodos estándar en la técnica, tal como filtración, sedimentación o centrifugado.

[0102] En un aspecto, una cantidad eficaz de tal solución para celulosa es de aproximadamente 10^{-6} a aproximadamente 10 g por g de celulosa, por ejemplo, de aproximadamente 10^{-6} a aproximadamente 7,5 g, de aproximadamente 10^{-6} a aproximadamente 5, de aproximadamente 10^{-6} a aproximadamente 2,5 g, de aproximadamente 10^{-6} a aproximadamente 1 g, de aproximadamente 10^{-5} a aproximadamente 1 g, de aproximadamente 10^{-5} a aproximadamente 10^{-1} g, de aproximadamente 10^{-4} a aproximadamente 10^{-1} g, de aproximadamente 10^{-3} a aproximadamente 10^{-1} g, y de aproximadamente 10^{-3} a aproximadamente 10^{-2} g por g de celulosa.

[0103] El pretratamiento con uno o más (por ejemplo, varios) polipéptidos GH61 se puede realizar *in situ* antes del pretratamiento químico/físico, durante el pretratamiento químico/físico, o después pretratamiento químico/físico, o en un equipo de sacarificación dedicada antes de la sacarificación. Ejemplos de pretratamientos químicos y físicos se describen aquí.

[0104] En los métodos de la presente invención, cualquier polipéptido GH61 que tenga actividad de aumento celulolítico se puede usar.

[0105] En un primer aspecto, el polipéptido GH61 que tiene actividad de aumento celulolítico usado en un método de la invención puede comprender las siguientes unidades:

[ILMV]-P-X(4,5)-G-X-Y-[ILMV]-X-R-X-[EQ]-X(4)-[HNQ] (SEC ID n°: 157 o SEC ID n°: 158) y [FW]-[TF]-K-[AIV],

donde X es cualquier aminoácido, X(4,5) es cualquier aminoácido en 4 o 5 posiciones contiguas, y X(4) es cualquier aminoácido en 4 posiciones contiguas.

[0106] El polipéptido GH61 que comprende los motivos mencionados anteriormente puede comprender además:

H-X(1,2)-G-P-X(3)-[YW]-[AILMV](SEC ID n°: 159 o SEC ID n°: 160),

[EQ]-X-Y-X(2)-C-X-[EHQN]-[FILV]-X-[ILV] (SEC ID n°: 161), o

H-X(1,2)-G-P-X(3)-[YW]-[AILMV] (SEC ID nº: 162 o SEC ID nº: 163) y [EQ]-X-Y-X(2)-C-X-[EHQN]-[FILV]-X-[ILV] (SEC ID nº: 164),

5 donde X es cualquier aminoácido, X(1,2) es cualquier aminoácido en 1 posición o 2 posiciones contiguas, X(3) es cualquier aminoácido en 3 posiciones contiguas, y X(2) es cualquier aminoácido en 2 posiciones contiguas. En las unidades anteriores, se emplea la abreviatura de aminoácido de una sola letra IUPAC aceptada.

10 [0107] El polipéptido GH61 que tiene actividad de aumento celulolítico puede comprender además H-X(1,2)-G-P-X(3)-[YW]-[AILMV] (SEC ID nº: 165 o SEC ID nº: 166). El polipéptido GH61 que tiene actividad de aumento celulolítico puede comprender además [EQ]-X-Y-X(2)-C-X-[EHQN]-[FILV]-X-[ILV] (SEC ID nº: 167). El polipéptido GH61 que tiene actividad de aumento celulolítico puede comprender además H-X(1,2)-G-P-X(3)-[YW]-[AILMV] (SEC ID nº: 168 o SEC ID nº: 169) y [EQ]-X-Y-X(2)-C-X-[EHQN]-[FILV]-X-[ILV] (SEC ID nº: 170).

15 [0108] En un segundo aspecto, el polipéptido GH61 que tiene actividad de aumento celulolítico comprende la siguiente unidad:

[ILMV]-P-X(4,5)-G-X-Y-[ILMV]-X-R-X-[EQ]-X(3)-A-[HNQ] (SEC ID nº: 171 o SEC ID nº: 172),

20 donde X es cualquier aminoácido, X(4,5) es cualquier aminoácido en 4 o 5 posiciones contiguas, y X(3) es cualquier aminoácido en 3 posiciones contiguas. En la unidad anterior, se emplea la abreviatura de aminoácidos de una sola letra IUPAC aceptada.

25 [0109] El polipéptido GH61 que tiene actividad de aumento celulolítico comprende una secuencia de aminoácidos que tiene una identidad de secuencia al polipéptido maduro de SEC ID nº: 2, SEC ID nº: 4, SEC ID nº: 6, SEC ID nº: 8, SEC ID nº: 10, SEC ID nº: 12, SEC ID nº: 14, SEC ID nº: 16, SEC ID nº: 18, SEC ID nº: 20, SEC ID nº: 22, SEC ID nº: 24, SEC ID nº: 26, SEC ID nº: 28, SEC ID nº: 30, SEC ID nº: 32, SEC ID nº: 34, SEC ID nº: 36, SEC ID nº: 38, SEC ID nº: 40, SEC ID nº: 42, SEC ID nº: 44, SEC ID nº: 46, SEC ID nº: 48, SEC ID nº: 50, SEC ID nº: 52, SEC ID nº: 54, SEC ID nº: 56, SEC ID nº: 58, SEC ID nº: 60, SEC ID nº: 62, SEC ID nº: 64, SEC ID nº: 134, SEC ID nº: 136, SEC ID nº: 138, SEC ID nº: 140, SEC ID nº: 142, SEC ID nº: 144, SEC ID nº: 146, SEC ID nº: 148, SEC ID nº: 150, SEC ID nº: 152, SEC ID nº: 154, o SEC ID nº: 156 de al menos 60%, al menos 65%, al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90%, al menos 91%, al menos 92%, al menos 93%, al menos 94%, o al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98%, al menos 99% o al menos 100%.

35 [0110] El polipéptido maduro puede ser de los aminoácidos 20 a 326 de SEC ID nº: 2, de los aminoácidos 18 a 239 de SEC ID nº: 4, de los aminoácidos 20 a 258 de SEC ID nº: 6, de los aminoácidos 19 a 226 de SEC ID nº: 8, de los aminoácidos 20 a 304 de SEC ID nº: 10, de los aminoácidos 16 a 317 de SEC ID nº: 12, de los aminoácidos 23 a 250 de SEC ID nº: 14, de los aminoácidos 20 a 249 de SEC ID nº: 16, de los aminoácidos 18 a 232 de SEC ID nº: 18, de los aminoácidos 16 a 235 de SEC ID nº: 20, de los aminoácidos 19 a 323 de SEC ID nº: 22, de los aminoácidos 16 a 310 de SEC ID nº: 24, de los aminoácidos 20 a 246 de SEC ID nº: 26, de los aminoácidos 22 a 354 de SEC ID nº: 28, de los aminoácidos 22 a 250 de SEC ID nº: 30 o de los aminoácidos 22 a 322 de SEC ID nº: 32, de los aminoácidos 24 a 444 de SEC ID nº: 34, de los aminoácidos 26 a 253 de SEC ID nº: 36, de los aminoácidos 20 a 223 de SEC ID nº: 38, de los aminoácidos 18 a 246 de SEC ID nº: 40, de los aminoácidos 20 a 334 de SEC ID nº: 42, de los aminoácidos 18 a 227 de SEC ID nº: 44, de los aminoácidos 22 a 368 de SEC ID nº: 46, de los aminoácidos 25 a 330 de SEC ID nº: 48, de los aminoácidos 17 a 236 de SEC ID nº: 50, de los aminoácidos 19 a 250 de SEC ID nº: 52, de los aminoácidos 23 a 478 de SEC ID nº: 54, de los aminoácidos 17 a 230 de SEC ID nº: 56, de los aminoácidos 20 a 257 de SEC ID nº: 58, de los aminoácidos 23 a 251 de SEC ID nº: 60, de los aminoácidos 19 a 349 de SEC ID nº: 62, de los aminoácidos 24 a 436 de SEC ID nº: 64, de los aminoácidos 21 a 344 de SEC ID nº: 134, 21 a 389 de SEC ID nº: 136, de los aminoácidos 22 a 406 de SEC ID nº: 138, de los aminoácidos 20 a 427 de SEC ID nº: 140, de los aminoácidos 18 a 267 de SEC ID nº: 142, de los aminoácidos 21 a 273 de SEC ID nº: 144, de los aminoácidos 21 a 322 de SEC ID nº: 146, de los aminoácidos 18 a 234 de SEC ID nº: 148, de los aminoácidos 24 a 233 de SEC ID nº: 150, de los aminoácidos 17 a 237 de SEC ID nº: 152, de los aminoácidos 20 a 484 de SEC ID nº: 154, o de los aminoácidos 22 a 320 de SEC ID nº: 156.

55 [0111] En un cuarto aspecto, el polipéptido GH61 que tiene actividad de aumento celulolítico es codificado por un polinucleótido que hibridiza bajo al menos condiciones de astringencia muy bajas, al menos condiciones de astringencia bajas, al menos condiciones de astringencia medias, al menos condiciones de astringencia medias-altas, al menos condiciones de astringencia altas o al menos condiciones de astringencia altísimas con (i) la secuencia codificante de polipéptido maduro de SEC ID nº: 1, SEC ID nº: 3, SEC ID nº: 5, SEC ID nº: 7, SEC ID nº: 9, SEC ID nº: 11, SEC ID nº: 13, SEC ID nº: 15, SEC ID nº: 17, SEC ID nº: 19, SEC ID nº: 21, SEC ID nº: 23, SEC ID nº: 25, SEC ID nº: 27, SEC ID nº: 29, SEC ID nº: 31, SEC ID nº: 33, SEC ID nº: 35, SEC ID nº: 37, SEC ID nº: 39, SEC ID nº: 41, SEC ID nº: 43, SEC ID nº: 45, SEC ID nº: 47, SEC ID nº: 49, SEC ID nº: 51, SEC ID nº: 53, SEC ID nº: 55, SEC ID nº: 57, SEC ID nº: 59, SEC ID nº: 61, SEC ID nº: 63, SEC ID nº: 133, SEC ID nº: 135, SEC ID nº: 137, SEC ID nº: 139, SEC ID nº: 141, SEC ID nº: 143, SEC ID nº: 145, SEC ID nº: 147, SEC ID nº: 149, SEC ID nº: 151, SEC ID nº: 153, o SEC ID nº: 155, (ii) la secuencia de ADN genómico de la secuencia codificante del polipéptido maduro de SEC ID nº: 7, SEC ID nº: 9, SEC ID nº: 11, SEC ID nº: 15, SEC ID nº: 145, SEC ID nº: 147 o SEC ID nº: 149, o la secuencia de ADNc de la secuencia codificante del polipéptido maduro de SEC ID nº: 1, SEC ID nº: 3, SEC ID nº: 5, SEC ID nº: 13, SEC ID nº: 17, SEC ID

nº: 19, SEC ID nº: 21, SEC ID nº: 23, SEC ID nº: 25, SEC ID nº: 27, SEC ID nº: 29, SEC ID nº: 31, SEC ID nº: 33, SEC ID nº: 35, SEC ID nº: 37, SEC ID nº: 39, SEC ID nº: 41, SEC ID nº: 43, SEC ID nº: 45, SEC ID nº: 47, SEC ID nº: 49, SEC ID nº: 51, SEC ID nº: 53, SEC ID nº: 55, SEC ID nº: 57, SEC ID nº: 59, SEC ID nº: 61, SEC ID nº: 63, SEC ID nº: 133, SEC ID nº: 135, SEC ID nº: 137, SEC ID nº: 139, SEC ID nº: 141, SEC ID nº: 143, SEC ID nº: 151, SEC ID nº: 153 o SEC ID nº: 155, (iii) una subsecuencia de (i) o (ii), o (iv) un complemento en toda su longitud de (i), (ii), o (iii) (Sambrook *et al.*, 1989, Molecular Cloning, A Laboratory Manual, 2d edition, Cold Spring Harbor, Nueva York). Una subsecuencia de la secuencia codificante del polipéptido maduro de SEC ID nº: 1, SEC ID nº: 3, SEC ID nº: 5, SEC ID nº: 7, SEC ID nº: 9, SEC ID nº: 11, SEC ID nº: 13, SEC ID nº: 15, SEC ID nº: 17, SEC ID nº: 19, SEC ID nº: 21, SEC ID nº: 23, SEC ID nº: 25, SEC ID nº: 27, SEC ID nº: 29, SEC ID nº: 31, SEC ID nº: 33, SEC ID nº: 35, SEC ID nº: 37, SEC ID nº: 39, SEC ID nº: 41, SEC ID nº: 43, SEC ID nº: 45, SEC ID nº: 47, SEC ID nº: 49, SEC ID nº: 51, SEC ID nº: 53, SEC ID nº: 55, SEC ID nº: 57, SEC ID nº: 59, SEC ID nº: 61, SEC ID nº: 63, SEC ID nº: 133, SEC ID nº: 135, SEC ID nº: 137, SEC ID nº: 139, SEC ID nº: 141, SEC ID nº: 143, SEC ID nº: 145, SEC ID nº: 147, SEC ID nº: 149, SEC ID nº: 151, SEC ID nº: 153 o SEC ID nº: 155 contiene al menos 100 nucleótidos contiguos o preferiblemente al menos 200 nucleótidos contiguos. Además, la subsecuencia puede codificar un fragmento de polipéptido que tenga actividad de aumento celulolítico.

[0112] La secuencia codificante del polipéptido maduro puede ser de los nucleótidos 388 a 1332 de SEC ID nº: 1, de los nucleótidos 98 a 821 de SEC ID nº: 3, de los nucleótidos 126 a 978 de SEC ID nº: 5, de los nucleótidos 55 a 678 de SEC ID nº: 7, de los nucleótidos 58 a 912 de SEC ID nº: 9, de los nucleótidos 46 a 951 de SEC ID nº: 11, de los nucleótidos 67 a 796 de SEC ID nº: 13, de los nucleótidos 77 a 766 de SEC ID nº: 15, de los nucleótidos 52 a 921 de SEC ID nº: 17, de los nucleótidos 46 a 851 de SEC ID nº: 19, de los nucleótidos 55 a 1239 de SEC ID nº: 21, de los nucleótidos 46 a 1250 de SEC ID nº: 23, de los nucleótidos 58 a 811 de SEC ID nº: 25, de los nucleótidos 64 a 1112 de SEC ID nº: 27, de los nucleótidos 64 a 859 de SEC ID nº: 29, de los nucleótidos 64 a 1018 de SEC ID nº: 31, de los nucleótidos 70 a 1483 de SEC ID nº: 33, de los nucleótidos 76 a 832 de SEC ID nº: 35, de los nucleótidos 58 a 974 de SEC ID nº: 37, de los nucleótidos 52 a 875 de SEC ID nº: 39, de los nucleótidos 58 a 1250 de SEC ID nº: 41, de los nucleótidos 52 a 795 de SEC ID nº: 43, de los nucleótidos 64 a 1104 de SEC ID nº: 45, de los nucleótidos 73 a 990 de SEC ID nº: 47, de los nucleótidos 49 a 1218 de SEC ID nº: 49, de los nucleótidos 55 a 930 de SEC ID nº: 51, de los nucleótidos 67 a 1581 de SEC ID nº: 53, de los nucleótidos 49 a 865 de SEC ID nº: 55, de los nucleótidos 58 a 1065 de SEC ID nº: 57, de los nucleótidos 67 a 868 de SEC ID nº: 59, de los nucleótidos 55 a 1099 de SEC ID nº: 61, de los nucleótidos 70 a 1483 de SEC ID nº: 63, de los nucleótidos 61 a 1032 de SEC ID nº: 133, de los nucleótidos 61 a 1167 de SEC ID nº: 135, de los nucleótidos 64 a 1218 de SEC ID nº: 137, de los nucleótidos 58 a 1281 de SEC ID nº: 139, de los nucleótidos 52 a 801 de SEC ID nº: 141, de los nucleótidos 61 a 819 de SEC ID nº: 143, de los nucleótidos 61 a 966 de SEC ID nº: 145, de los nucleótidos 52 a 702 de SEC ID nº: 147, de los nucleótidos 70 a 699 de SEC ID nº: 149, de los nucleótidos 49 a 711 de SEC ID nº: 151, de los nucleótidos 76 a 1452 de SEC ID nº: 153 o de los nucleótidos 64 a 1018 de SEC ID nº: 155.

[0113] En un quinto aspecto, el polipéptido GH61 que tiene actividad de aumento celulolítico es codificado por un polinucleótido que comprende o consiste en una secuencia de nucleótidos que tiene una identidad de secuencia para la secuencia codificante del polipéptido maduro de SEC ID nº: 1, SEC ID nº: 3, SEC ID nº: 5, SEC ID nº: 7, SEC ID nº: 9, SEC ID nº: 11, SEC ID nº: 13, SEC ID nº: 15, SEC ID nº: 17, SEC ID nº: 19, SEC ID nº: 21, SEC ID nº: 23, SEC ID nº: 25, SEC ID nº: 27, SEC ID nº: 29, SEC ID nº: 31, SEC ID nº: 33, SEC ID nº: 35, SEC ID nº: 37, SEC ID nº: 39, SEC ID nº: 41, SEC ID nº: 43, SEC ID nº: 45, SEC ID nº: 47, SEC ID nº: 49, SEC ID nº: 51, SEC ID nº: 53, SEC ID nº: 55, SEC ID nº: 57, SEC ID nº: 59, SEC ID nº: 61, SEC ID nº: 63, SEC ID nº: 133, SEC ID nº: 135, SEC ID nº: 137, SEC ID nº: 139, SEC ID nº: 141, SEC ID nº: 143, SEC ID nº: 145, SEC ID nº: 147, SEC ID nº: 149, SEC ID nº: 151, SEC ID nº: 153 o SEC ID nº: 155 de al menos 60%, al menos 65%, al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90%, al menos 91%, al menos 92%, al menos 93%, al menos 94%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98%, al menos 99% o al menos 100%.

[0114] En un sexto aspecto, el polipéptido GH61 que tiene actividad de aumento celulolítico es una variante artificial que comprende una sustitución, eliminación y/o inserción en una o más (por ejemplo, varias) posiciones del polipéptido maduro de SEC ID nº: 2, SEC ID nº: 4, SEC ID nº: 6, SEC ID nº: 8, SEC ID nº: 10, SEC ID nº: 12, o SEC ID nº: 14, SEC ID nº: 16, SEC ID nº: 18, SEC ID nº: 20, SEC ID nº: 22, SEC ID nº: 24, SEC ID nº: 26, SEC ID nº: 28, SEC ID nº: 30, SEC ID nº: 32, SEC ID nº: 34, SEC ID nº: 36, SEC ID nº: 38, SEC ID nº: 40, SEC ID nº: 42, SEC ID nº: 44, SEC ID nº: 46, SEC ID nº: 48, SEC ID nº: 50, SEC ID nº: 52, SEC ID nº: 54, SEC ID nº: 56, SEC ID nº: 58, SEC ID nº: 60, SEC ID nº: 62, SEC ID nº: 64, SEC ID nº: 134, SEC ID nº: 136, SEC ID nº: 138, SEC ID nº: 140, SEC ID nº: 142, SEC ID nº: 144, SEC ID nº: 146, SEC ID nº: 148, SEC ID nº: 150, SEC ID nº: 152, SEC ID nº: 154, o SEC ID nº: 156; o una secuencia homóloga del mismo.

[0115] Los cambios en los aminoácidos pueden ser de naturaleza menor, es decir sustituciones de aminoácidos conservadoras o inserciones que significativamente no afectan al plegado y/o la actividad de la proteína; delecciones pequeñas, típicamente de 1-30 aminoácidos; pequeñas extensiones amino- o carboxi-terminales, tales como un residuo de metionina aminoterminal; un péptido enlazador pequeño de hasta 20-25 residuos; o una extensión pequeña que facilite la purificación por el cambio de la carga neta u otra función, tal como un tracto de polihistidina, un epítipo antigénico o un dominio de unión.

- [0116] Ejemplos de sustituciones conservadoras están en 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 generalmente no alteran la actividad específica se conocen en la técnica y son descritas, por ejemplo, por H. Neurath y Hill, 1979, In, 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.
- [0117] Alternativamente, los cambios en aminoácidos son de tal naturaleza que las propiedades físico químicas de los polipéptidos son alteradas. Por ejemplo, los cambios en los aminoácidos pueden mejorar la termoestabilidad del polipéptido, alterar la especificidad de sustrato, cambiar el pH óptimo, y similares.
- [0118] Los aminoácidos esenciales de un polipéptido se pueden identificar según procedimientos conocidos en la técnica, tales como mutagénesis dirigida al sitio o mutagénesis de escaneado de alanina (Cunningham y Wells, 1989, Science 244: 1081-1085). En la última técnica, se introducen mutaciones de alanina únicas en cada residuo de la molécula, y las moléculas mutantes resultantes se evalúan para actividad de aumento celulolítico para identificar residuos de aminoácidos que sean 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 se puede determinar también por análisis físico de estructura, como se determina por técnicas tales como resonancia magnética nuclear, cristalografía, difracción electrónica o marcaje por fotoafinidad, conjuntamente con la mutación de aminoácidos de 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.
- [0119] Sustituciones de aminoácidos únicas o múltiples, delecciones y/o inserciones se pueden hacer y evaluar usando métodos conocidos de mutagénesis, recombinación y/o redistribución, seguido de un procedimiento de selección pertinente, tal como los descritos por Reidhaar-Olson y Sauer, 1988, Science 241: 53-57; Bowie and Sauer, 1989, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 86: 2152-2156; WO 95/17413; o WO 95/22625. Otros métodos que se pueden usar incluyen PCR con tendencia al error, presentación en fagos (por ejemplo, Lowman *et al.*, 1991, Biochemistry 30: 10832-10837; Patente de EE.UU. n° 5,223,409; WO 92/06204), y mutagénesis dirigida a la región (Derbyshire *et al.*, 1986, Gene 46: 145; Ner *et al.*, 1988, DNA 7: 127).
- [0120] Los métodos de mutagénesis/redistribución se pueden combinar con alto rendimiento, métodos de selección automatizados para detectar actividad de polipéptidos mutagenizados clonados expresados por células huésped (Ness *et al.*, 1999, Nature Biotechnology 17: 893-896). Moléculas de ADN mutagenizadas que codifican polipéptidos activos se pueden recuperar de las células huésped y secuenciar rápidamente utilizando métodos estándar de la técnica. Estos métodos permiten la determinación rápida de la importancia de los residuos de aminoácidos individuales en un polipéptido.
- [0121] El número total de delecciones, inserciones y/o sustituciones de aminoácidos del polipéptido maduro de SEC ID n°: 2, SEC ID n°: 4, SEC ID n°: 6, SEC ID n°: 8, SEC ID n°: 10, SEC ID n°: 12, o SEC ID n°: 14, SEC ID n°: 16, SEC ID n°: 18, SEC ID n°: 20, SEC ID n°: 22, SEC ID n°: 24, SEC ID n°: 26, SEC ID n°: 28, SEC ID n°: 30, SEC ID n°: 32, SEC ID n°: 34, SEC ID n°: 36, SEC ID n°: 38, SEC ID n°: 40, SEC ID n°: 42, SEC ID n°: 44, SEC ID n°: 46, SEC ID n°: 48, SEC ID n°: 50, SEC ID n°: 52, SEC ID n°: 54, SEC ID n°: 56, SEC ID n°: 58, SEC ID n°: 60, SEC ID n°: 62, SEC ID n°: 64, SEC ID n°: 134, SEC ID n°: 136, SEC ID n°: 138, SEC ID n°: 140, SEC ID n°: 142, SEC ID n°: 144, SEC ID n°: 146, SEC ID n°: 148, SEC ID n°: 150, SEC ID n°: 152, SEC ID n°: 154, o SEC ID n°: 156, es hasta 10, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10.
- [0122] Otros pretratamientos. Al poner en práctica los métodos de la presente invención, cualquier proceso de pretratamiento conocido en la técnica puede utilizarse para interrumpir componentes de la pared celular vegetal del material celulósico (Chandra *et al.*, 2007, Substrate pretreatment: The key to effective enzymatic hydrolysis of lignocellulosics? Adv. Biochem. Engin./Biotechnol. 108: 67-93; Galbe and Zacchi, 2007, Pretreatment of lignocellulosic materials for efficient bioethanol production, Adv. Biochem. Engin. / Biotechnol. 108: 41-65; Hendriks y Zeeman, 2009, Pretreatments to enhance the digestibility of lignocellulosic biomass, Bioresource Technol. 100: 10-18; Mosier *et al.*, 2005, Features of promising technologies for pretreatment of lignocellulosic biomass, Bioresource Technol. 96: 673-686; Taherzadeh y Karimi, 2008, Pretreatment of lignocellulosic wastes to improve ethanol and biogas production: A review, Int. J. of Mol. Sci. 9: 1621-1651; Yang y Wyman, 2008, Pretreatment: the key to unlocking low-cost cellulosic ethanol, Biofuels Bioproducts and Biorefining-Biofrp. 2: 26-40).
- [0123] Pretratamientos convencionales incluyen, pero de forma no limitativa, pretratamiento de vapor (con o sin explosión), pretratamiento de ácido diluido, pretratamiento de agua caliente, pretratamiento alcalino, pretratamiento de cal, oxidación en húmedo, explosión en húmedo, explosión de fibra de amoníaco, pretratamiento de organosolv y pretratamiento biológico. Pretratamientos adicionales incluyen filtración de amoníaco, ultrasonido, electroporación, microondas, CO₂ supercrítico, H₂O supercrítico, ozono, líquido iónico y pretratamientos de irradiación gamma.
- [0124] El material celulósico se puede pretratar antes de la hidrólisis y/o la fermentación. El pretratamiento se realiza preferiblemente antes de la hidrólisis.

Alternativamente, el pretratamiento puede llevarse a cabo simultáneamente con la hidrólisis enzimática para liberar azúcares fermentables, tales como glucosa, xilosa y/o celobiosa.

En la mayoría de los casos el paso de pretratamiento en sí produce alguna conversión de biomasa en azúcares fermentables (incluso en ausencia de enzimas).

5

[0125] Pretratamiento de vapor. En el pretratamiento de vapor, el material celulósico se calienta para interrumpir los componentes de la pared celular vegetal, incluyendo lignina, hemicelulosa y celulosa para hacer que la celulosa y otras fracciones, por ejemplo, hemicelulosa, sean accesibles para las enzimas. El material celulósico se pasa a o a través de un recipiente de reacción donde se inyecta vapor para aumentar la temperatura a la temperatura y presión requeridas y se retiene ahí durante el tiempo de reacción deseado. El pretratamiento de vapor se realiza preferiblemente a 140-250°C, por ejemplo, 160-200°C o 170-190°C, donde la gama de temperatura óptima depende de la adición de un catalizador químico. El periodo de permanencia para el pretratamiento de vapor es preferiblemente 1-60 minutos, por ejemplo, 1-30 minutos, 1-20 minutos, 3-12 minutos, o 4-10 minutos, donde el periodo de permanencia óptimo depende de la gama de temperatura y adición de un catalizador químico. El pretratamiento de vapor permite cargas de sólidos relativamente altas, de modo que el material celulósico está generalmente solo húmedo durante el pretratamiento. El pretratamiento de vapor se combina frecuentemente con una descarga explosiva del material después del pretratamiento, que se conoce como explosión de vapor, es decir, es flash rápido a presión atmosférica y flujo turbulento del material para aumentar el área de superficie accesible por fragmentación (Duff y Murray, 1996, Bioresource Technology 85: 1-33; Galbe and Zacchi, 2002, Appl. Microbiol. Biotechnol. 59: 618-628; U.S. Patent Application No. 20020164730). Durante el pretratamiento de vapor, grupos de acetil hemicelulosa se dividen y el ácido resultante autocataliza la hidrólisis parcial de la hemicelulosa en monosacáridos y oligosacáridos. La lignina se retira sólo de forma limitada.

25

[0126] Pretratamiento químico: el término "tratamiento químico" se refiere a cualquier pretratamiento químico que promueva la separación y/o liberación de celulosa, hemicelulosa y/o lignina. Tal pretratamiento puede convertir celulosa cristalina en celulosa amorfa. Ejemplos de procesos de pretratamiento químico adecuados incluyen, por ejemplo, pretratamiento de ácido diluido, pretratamiento de cal, oxidación en húmedo, explosión por congelación de la fibra con amoníaco (AFEX), filtración de amoníaco (apr), líquido iónico y pretratamientos organosolv.

30

[0127] Un catalizador tal como H₂SO₄ o SO₂ (típicamente 0,3 a 5% p/p) se añade frecuentemente antes del pretratamiento con vapor, que reduce el tiempo y la temperatura, aumenta la recuperación y mejora la hidrólisis enzimática (Ballesteros *et al.*, 2006, Appl. Biochem. Biotechnol. 129-132: 496- 508; Varga *et al.*, 2004, Appl. Biochem. Biotechnol. 113-116: 509-523; Sassner *et al.*, 2006, Enzyme Microb. Technol. 39: 756-762). En el pretratamiento de ácido diluido, el material celulósico se mezcla con ácido diluido, típicamente H₂SO₄ y agua para formar un lodo, calentado por vapor a la temperatura deseada, y después de un periodo de permanencia paso rápido a presión atmosférica. El pretratamiento de ácido diluido se puede realizar con diferentes diseños de reactor, por ejemplo, reactores de flujo de pistón, reactores de contracorriente o reactores de lecho de encogimiento de contracorriente continua (Duff and Murray, 1996, *supra*; Schell *et al.*, 2004, Bioresource Technol. 91: 179-188; Lee *et al.*, 1999, Adv. Biochem. Eng. Biotechnol. 65: 93-115).

40

[0128] Diferentes métodos de pretratamiento bajo condiciones alcalinas también pueden usarse. Estos pretratamientos alcalinos incluyen, pero de forma no limitativa, hidróxido sódico, cal, oxidación en húmedo, filtración de amoníaco (APR) y explosión por congelación de la fibra de amoníaco (AFEX).

45

[0129] El pretratamiento de cal se realiza con óxido de calcio o hidróxido cálcico a temperaturas de 85-150°C y tiempos de estancia de 1 hora a varios días (Wyman *et al.*, 2005, Bioresource Technol. 96: 1959-1966; Mosier *et al.*, 2005, Bioresource Technol. 96: 673-686). La WO 2006/110891, WO 2006/110899, WO 2006/110900 y WO 2006/110901 revelan métodos de pretratamiento que usan amoníaco.

50

[0130] La oxidación en húmedo es un pretratamiento térmico realizado típicamente a 180-200°C durante 5-15 minutos con adición de un agente oxidante tal como peróxido de hidrógeno o sobrepresión de oxígeno (Schmidt y Thomsen, 1998, Bioresource Technol. 64: 139-151; Palonen *et al.*, 2004, Appl. Biochem. Biotechnol. 117: 1-17; Varga *et al.*, 2004, Biotechnol. Bioeng. 88: 567-574; Martin *et al.*, 2006, J. Chem. Technol. Biotechnol. 81: 1669-1677). El pretratamiento se realiza preferiblemente a 1-40% de sustancia seca, por ejemplo, 2-30% de sustancia seca o 5-20% de sustancia seca, y frecuentemente el pH inicial se aumenta por la adición de álcali tal como carbonato de sodio.

55

[0131] Una modificación del método de pretratamiento de oxidación en húmedo, conocido como explosión en húmedo (combinación de oxidación en húmedo y explosión de vapor) puede manejar sustancia seca hasta 30%. En la explosión en húmedo, el agente oxidante se introduce durante el pretratamiento después de un determinado tiempo de estancia. El pretratamiento se cesa luego por paso rápido a presión atmosférica (WO 2006/032282).

60

[0132] La explosión de fibra de amoníaco (AFEX) implica tratamiento del material celulósico con amoníaco líquido o gaseoso a temperaturas moderadas tal como 90-150°C y alta presión tal como 17-20 bares durante 5-10 minutos, donde el contenido de sustancia en seco puede ser tan alto como 60% (Gollapalli *et al.*, 2002, Appl. Biochem. Biotechnol. 98: 23-35; Chundawat *et al.*, 2007, Biotechnol. Bioeng. 96: 219-231; Alizadeh *et al.*, 2005, Appl. Biochem. Biotechnol. 121: 1133-1141; Teymouri *et al.*, 2005, Bioresource Technol. 96: 2014-2018). Durante el pretratamiento

65

AFEX la celulosa y las hemicelulosas permanecen relativamente intactas. Los complejos de lignina-carbohidrato se dividen.

[0133] Pretratamiento organosolv delignifica el material celulósico por extracción utilizando etanol acuoso (40-60% etanol) a 160-200°C durante 30-60 minutos (Pan *et al.*, 2005, *Biotechnol. Bioeng.* 90: 473-481; Pan *et al.*, 2006, *Biotechnol. Bioeng.* 94: 851-861; Kurabi *et al.*, 2005, *Appl. Biochem. Biotechnol.* 121: 219-230). Se añade normalmente ácido sulfúrico como un catalizador. En el pretratamiento organosolv, la mayoría de la hemicelulosa y la lignina se retira.

[0134] Otros ejemplos de métodos de pretratamiento adecuados son descritos por Schell *et al.*, 2003, *Appl. Biochem. and Biotechnol.* Vol. 105-108, p. 69-85, y Mosier *et al.*, 2005, *Bioresource Technology* 96: 673-686 y la solicitud publicada de EE.UU. 2002/0164730.

[0135] En un aspecto, el pretratamiento químico se realiza preferiblemente como un tratamiento de ácido diluido, y de forma más preferible como un tratamiento de ácido diluido continuo. El ácido es típicamente ácido sulfúrico, pero otros ácidos también pueden usarse, tal como ácido acético, ácido cítrico, ácido nítrico, ácido fosfórico, ácido tartárico, ácido succínico, cloruro de hidrógeno o mezclas derivadas. El tratamiento de ácido moderado se realiza en el rango de pH de preferiblemente 1-5, por ejemplo, 1-4 o 1-2,5. En un aspecto, la concentración ácida está en la gama de preferiblemente 0,01 a 10% en peso de ácido, por ejemplo, 0,05 a 5% en peso de ácido o 0,1 a 2% en peso de ácido. El ácido es contactado con el material celulósico y mantenido a una temperatura en la gama de preferiblemente 140- 200°C, por ejemplo, 165-190°C, durante periodos que varían de 1 a 60 minutos.

[0136] En otro aspecto, el pretratamiento tiene lugar en un lodo acuoso. En aspectos preferidos, el material celulósico está presente durante el pretratamiento en cantidades preferiblemente entre 10-80 % en peso, e.g. 20-70 % en peso o 30-60 % en peso, tal como alrededor de 40 % en peso. El material celulósico pretratado puede ser sin lavar o lavado utilizando cualquier método conocido en la técnica, por ejemplo, lavado con agua.

[0137] Pretratamiento mecánico o pretratamiento físico: el término "pretratamiento mecánico" o "pretratamiento físico" se refiere a cualquier pretratamiento que promueva la reducción del tamaño de partículas. Por ejemplo, tal pretratamiento puede implicar varios tipos de trituración o molienda (por ejemplo, molienda en seco, molienda en húmedo o molienda con bola vibratoria) para disgregar y/o reducir el tamaño de partícula de componentes de la pared celular vegetal del material celulósico.

[0138] El material celulósico se puede pretratar tanto física (mecánica) como químicamente. El pretratamiento mecánico o físico se puede acoplar con explosión de vaporización/vapor, hidrotermólisis, tratamiento de ácido diluido o moderado, alta temperatura, tratamiento de alta presión, irradiación (por ejemplo, irradiación de microondas) o combinaciones de los mismos. En un aspecto, alta presión se refiere a presión en la gama de preferiblemente aproximadamente 100 a aproximadamente 400 psi, por ejemplo, de aproximadamente 150 a aproximadamente 250 psi. En otro aspecto, alta temperatura se refiere a temperatura en la gama de aproximadamente 100 a aproximadamente 300°C, por ejemplo, de aproximadamente 140 a aproximadamente 200°C. En un aspecto preferido, el pretratamiento mecánico o físico se realiza en un proceso de lote utilizando un sistema hidrolizador de pistola de vapor que usa alta presión y alta temperatura tal como se ha definido anteriormente, por ejemplo, un hidrolizador Sunds disponible de Sunds Defibrator AB, Suecia. Los pretratamientos físicos y químicos pueden llevarse a cabo consecutiva o simultáneamente, como se desee.

[0139] Por consiguiente, en un aspecto preferido, el material celulósico está sujeto a pretratamiento físico (mecánico) o químico, o cualquier combinación de los mismos, para promover la separación y/o liberar celulosa, hemicelulosa y/o lignina.

[0140] Pretratamiento biológico: el término "pretratamiento biológico" se refiere a cualquier pretratamiento biológico que promueva la separación y/o la liberación de celulosa, hemicelulosa y/o lignina del material celulósico. Técnicas de pretratamiento biológico pueden implicar aplicación de enzimas y/o microorganismos de solubilización de lignina (véase, por ejemplo, Hsu, T.-A., 1996, Pretreatment of biomass, in *Handbook on Bioethanol: Production and Utilization*, Wyman, C. E., ed., Taylor & Francis, Washington, DC, 179-212; Ghosh y Singh, 1993, Physicochemical and biological treatments for enzymatic/microbial conversion of cellulosic biomass, *Adv. Appl. Microbiol.* 39: 295-333; McMillan, J. D., 1994, Pretreating lignocellulosic biomass: a review, in *Enzymatic Conversion of Biomass for Fuels Production*, Himmel, M. E., Baker, J. O., y Overend, R. P., eds., ACS Symposium Series 566, American Chemical Society, Washington, DC, chapter 15; Gong, C. S., Cao, N. J., Du, J., y Tsao, G. T., 1999, Ethanol production from renewable resources, in *Advances in Biochemical Engineering/Biotechnology*, Scheper, T., ed., Springer-Verlag Berlin Heidelberg, Germany, 65: 207- 241; Olsson y Hahn-Hagerdal, 1996, Fermentation of lignocellulosic hydrolysates for ethanol production, *Enz. Microb. Tech.* 18: 312-331; y Vallander y Eriksson, 1990, Production of ethanol from lignocellulosic materials: State of the art, *Adv. Biochem. Eng./Biotechnol.* 42: 63-95).

[0141] Sacarificación. En el paso de hidrólisis, también conocido como sacarificación, el material celulósico pretratado se hidroliza para descomponer celulosa y/o hemicelulosa en azúcares fermentables, tal como glucosa, celobiosa, xilosa, xilulosa, arabinosa, manosa, galactosa y/o oligosacáridos solubles. La hidrólisis se realiza enzimáticamente por una

composición enzimática. La enzima y los componentes de proteína de las composiciones se pueden adicionar simultáneamente o consecutivamente.

5 [0142] La hidrólisis enzimática se realiza preferiblemente en un entorno acuoso adecuado bajo condiciones que pueden ser fácilmente determinadas por un experto en la técnica. En un aspecto, la hidrólisis se realiza bajo condiciones adecuadas para la actividad de la(s) enzima(s), es decir, óptimo para la(s) enzima(s). La hidrólisis puede llevarse a cabo como un proceso continuo o lote alimentado donde el material celulósico pretratado se alimenta gradualmente a, por ejemplo, una solución de hidrólisis que contiene enzima.

10 [0143] La sacarificación se realiza generalmente en los reactores de tanque agitado o fermentadores bajo pH, temperatura y condiciones de mezcla controlados. El tiempo de proceso adecuado, la temperatura y las condiciones de pH pueden ser rápidamente determinadas por un experto en la técnica. Por ejemplo, la sacarificación puede durar hasta 200 horas, pero se realiza típicamente durante preferiblemente de aproximadamente 12 a aproximadamente 120 horas, por ejemplo, de aproximadamente 16 a aproximadamente 72 horas o de aproximadamente 24 a aproximadamente 48
15 horas. La temperatura está en la gama de preferiblemente aproximadamente 25°C a aproximadamente 70°C, por ejemplo, de aproximadamente 30°C a aproximadamente 65°C, de aproximadamente 40°C a aproximadamente 60°C o de aproximadamente 50°C a aproximadamente 55°C. El pH está en la gama de preferiblemente aproximadamente 3 a aproximadamente 8, por ejemplo, de aproximadamente 3,5 a aproximadamente 7, de aproximadamente 4 a aproximadamente 6 o de aproximadamente 5,0 a aproximadamente 5,5. El contenido en sustancias secas está en la
20 gama de preferiblemente aproximadamente 5 a aproximadamente 50 % en peso, por ejemplo, de aproximadamente 10 a aproximadamente 40 % en peso o de aproximadamente 20 a aproximadamente 30 % en peso.

[0144] Las cantidades óptimas de las enzimas dependen de diferentes factores incluyendo, pero no limitado a, la mezcla de enzimas celulolíticas de componente y/o enzimas hemicelulolíticas, el material celulósico, la concentración de
25 material celulósico, el(los) pretratamiento(s) del material celulósico, temperatura, tiempo, pH e inclusión de organismo fermentador (por ejemplo, levadura para sacarificación y fermentación simultánea).

[0145] En un aspecto, una cantidad eficaz de enzima celulolítica o hemicelulolítica para el material celulósico es aproximadamente 0,5 a aproximadamente 50 mg, por ejemplo, de aproximadamente 0,5 a aproximadamente 40 mg, de
30 aproximadamente 0,5 a aproximadamente 25 mg, de aproximadamente 0,75 a aproximadamente 20 mg, de aproximadamente 0,75 a aproximadamente 15 mg, de aproximadamente 0,5 a aproximadamente 10 mg o de aproximadamente 2,5 a aproximadamente 10 mg por g del material celulósico.

[0146] En otro aspecto, una cantidad eficaz de un polipéptido GH61 que tiene actividad de aumento celulolítico para el material celulósico es de aproximadamente 0,01 a aproximadamente 50,0 mg, por ejemplo, de aproximadamente 0,01 a
35 aproximadamente 40 mg, de aproximadamente 0,01 a aproximadamente 30 mg, de aproximadamente 0,01 a aproximadamente 20 mg, de aproximadamente 0,01 a aproximadamente 10 mg, de aproximadamente 0,01 a aproximadamente 5 mg, de aproximadamente 0,025 a aproximadamente 1,5 mg, de aproximadamente 0,05 a aproximadamente 1,25 mg, de aproximadamente 0,075 a aproximadamente 1,25 mg, de aproximadamente 0,1 a
40 aproximadamente 1,25 mg, de aproximadamente 0,15 a aproximadamente 1,25 mg o de aproximadamente 0,25 a aproximadamente 1,0 mg por g del material celulósico.

[0147] En otro aspecto, una cantidad eficaz de un polipéptido GH61 que tiene actividad de aumento celulolítico para enzima celulolítica o hemicelulolítica es de aproximadamente 0,005 a aproximadamente 1,0 g, por ejemplo, de
45 aproximadamente 0,01 a aproximadamente 1,0 g, de aproximadamente 0,15 a aproximadamente 0,75 g, de aproximadamente 0,15 a aproximadamente 0,5 g, de aproximadamente 0,1 a aproximadamente 0,5 g, de aproximadamente 0,1 a aproximadamente 0,25 g o de aproximadamente 0,05 a aproximadamente 0,2 g por g de enzima celulolítica o hemicelulolítica.

50 [0148] Fermentación. Los azúcares fermentables obtenidos a partir del material celulósico hidrolizado pueden ser fermentados por uno o más (por ejemplo, varios) microorganismos fermentativos capaces de fermentar los azúcares directa o indirectamente en un producto de fermentación deseado. "Fermentación" o "proceso de fermentación" se refiere a cualquier proceso de fermentación o cualquier proceso que comprenda un paso de fermentación. Los procesos de fermentación también incluyen procesos de fermentación usados en la industria del alcohol consumible (por ejemplo, cerveza y vino), la industria lechera (por ejemplo, productos lácteos fermentados), la industria del cuero y la industria de
55 tabaco. Las condiciones de fermentación dependen del producto de fermentación deseado y organismo fermentador y pueden fácilmente ser determinadas por un experto en la técnica.

[0149] En el paso de fermentación, los azúcares, liberados del material celulósico como resultado de los pasos de pretratamiento e hidrólisis enzimática, son fermentados en un producto, por ejemplo, etanol, por un organismo fermentador, tal como levadura. La hidrólisis (sacarificación) y la fermentación pueden ser separadas o simultáneas, como se describe en este caso.

60 [0150] Cualquier material celulósico hidrolizado adecuado se puede usar en el paso de fermentación al poner en práctica la presente invención. El material se selecciona generalmente basado en el producto de fermentación deseada,
65

es decir, la sustancia que se va a obtener de la fermentación, y el proceso empleado, como bien se conoce en la técnica.

[0151] El término "medio de fermentación" se entiende aquí que se refiere a un medio antes de que el(los) microorganismo(s) de fermentación se añada(n), tal como, un medio procedente de un proceso de sacarificación, al igual que un medio usado en un proceso de sacarificación y fermentación simultánea (SSF).

[0152] "Microorganismo fermentador" se refiere a cualquier microorganismo, incluyendo organismos bacterianos y fúngicos, adecuados para su uso en un proceso de fermentación deseado para producir un producto de fermentación.

El organismo fermentador puede ser organismos de fermentación de hexosa y/o pentosa o una combinación de los mismos. Tanto los organismos de fermentación de hexosa como de pentosa se conocen en la técnica. Microorganismos fermentadores adecuados son capaces de fermentar, es decir, convertir, azúcares, tal como glucosa, xilosa, xilulosa, arabinosa, maltosa, manosa, galactosa y/o oligosacáridos, directa o indirectamente en el producto de fermentación deseado. Ejemplos de organismos de fermentación bacterianos y fúngicos que producen etanol son descritos por Lin *et al.*, 2006, Appl. Microbiol. Biotechnol. 69: 627-642.

[0153] Ejemplos de microorganismos de fermentación que pueden fermentar azúcares de hexosa incluyen organismos bacterianos y fúngicos, tal como levadura. La levadura preferida incluye las cepas de *Candida*, *Kluyveromyces* y *Saccharomyces*, por ejemplo, *Candida sonorensis*, *Kluyveromyces marxianus* y *Saccharomyces cerevisiae*.

[0154] Ejemplos de organismos de fermentación que pueden fermentar azúcares de pentosa en su estado nativo incluyen organismos bacterianos y fúngicos, tal como alguna levadura. La levadura de fermentación de xilosa preferida incluye las cepas de *Candida*, preferiblemente *C. sheafae* o *C. sonorensis*; y las cepas de *Pichia*, preferiblemente *P. stipitis*, tal como *P. stipitis* CBS 5773. La levadura de fermentación de pentosa preferida incluye las cepas de *Pachysolen*, preferiblemente *P. tannophilus*. Organismos que no pueden fermentar azúcares de pentosa, tal como xilosa y arabinosa, se pueden modificar genéticamente para hacerlo por métodos conocidos en la técnica.

[0155] Ejemplos de bacterias que pueden fermentar de forma eficaz hexosa y pentosa en etanol incluyen, por ejemplo, *Bacillus coagulans*, *Clostridium acetobutylicum*, *Clostridium thermocellum*, *Clostridium phytofermentans*, *Geobacillus sp.*, *Thermoanaerobacter saccharolyticum* y *Zymomonas mobilis* (Philippidis, 1996, *supra*).

[0156] Otros organismos de fermentación incluyen cepas de *Bacillus*, tal como *Bacillus coagulans*; *Candida*, tal como *C. sonorensis*, *C. methanosorbosa*, *C. diddensiae*, *C. parapsilosis*, *C. naedodendra*, *C. blankii*, *C. entomophila*, *C. brassicae*, *C. pseudotropicalis*, *C. boidinii*, *C. utilis* y *C. scheidtiae*; *Clostridium*, tal como *C. acetobutylicum*, *C. thermocellum* y *C. phytofermentans*; *E. coli*, especialmente las cepas de *E. coli* que han sido genéticamente modificadas para mejorar el rendimiento de etanol; *Geobacillus sp.*; *Hansenula*, tal como *Hansenula anomala*; *Klebsiella*, tal como *K. oxytoca*; *Kluyveromyces*, tal como *K. marxianus*, *K. lactis*, *K. thermotolerans* y *K. fragilis*; *Schizosaccharomyces*, tal como *S. pombe*; *Thermoanaerobacter*, tal como *Thermoanaerobacter saccharolyticum*; y *Zymomonas*, tal como *Zymomonas mobilis*.

[0157] En un aspecto preferido, la levadura es un *Bretannomyces*. En un aspecto más preferido, la levadura es *Bretannomyces clausenii*. En otro aspecto preferido, la levadura es una *Candida*. En otro aspecto más preferido, la levadura es *Candida sonorensis*. En otro aspecto más preferido, la levadura es *Candida boidinii*. En otro aspecto más preferido, la levadura es *Candida blankii*. En otro aspecto más preferido, la levadura es *Candida brassicae*. En otro aspecto más preferido, la levadura es *Candida diddensii*. En otro aspecto más preferido, la levadura es *Candida entomophila*. En otro aspecto más preferido, la levadura es *Candida pseudotropicalis*. En otro aspecto más preferido, la levadura es *Candida scheidtiae*. En otro aspecto más preferido, la levadura es *Candida utilis*. En otro aspecto preferido, la levadura es una *Clavispora*. En otro aspecto más preferido, la levadura es *Clavispora lusitanae*. En otro aspecto más preferido, la levadura es *Clavispora opuntiae*. En otro aspecto preferido, la levadura es un *Kluyveromyces*. En otro aspecto más preferido, la levadura es *Kluyveromyces fragilis*. En otro aspecto más preferido, la levadura es *Kluyveromyces marxianus*. En otro aspecto más preferido, la levadura es *Kluyveromyces thermotolerans*. En otro aspecto preferido, la levadura es un *Pachysolen*. En otro aspecto más preferido, la levadura es *Pachysolen tannophilus*. En otro aspecto preferido, la levadura es un *Pichia*. En otro aspecto más preferido, la levadura es un *Pichia stipitis*. En otro aspecto preferido, la levadura es un *Saccharomyces spp.* En otro aspecto más preferido, la levadura es *Saccharomyces cerevisiae*. En otro aspecto más preferido, la levadura es *Saccharomyces distaticus*. En otro aspecto más preferido, la levadura es *Saccharomyces uvarum*.

[0158] En un aspecto preferido, la bacteria es un *Bacillus*. En un aspecto más preferido, la bacteria es *Bacillus coagulans*. En otro aspecto preferido, la bacteria es un *Clostridium*. En otro aspecto más preferido, la bacteria es *Clostridium acetobutylicum*. En otro aspecto más preferido, la bacteria es *Clostridium phytofermentans*. En otro aspecto más preferido, la bacteria es *Clostridium thermocellum*. En otro aspecto más preferido, la bacteria es *Geobacillus sp.* En otro aspecto más preferido, la bacteria es un *Thermoanaerobacter*. En otro aspecto más preferido, la bacteria es *Thermoanaerobacter saccharolyticum*. En otro aspecto preferido, la bacteria es un *Zymomonas*. En otro aspecto más preferido, la bacteria es *Zymomonas mobilis*.

[0159] Levadura disponible comercialmente adecuada para la producción de etanol incluye, por ejemplo, BIOFERM™ AFT y XR (NABC - North American Bioproducts Corporation, GA, EE.UU.), Levadura ETHANOL RED™ (Fermentis/Lesaffre; EE.UU.), FALI™ (Fleischmann's Yeast, USA), FERMIOL™ (DSM Specialties), GERT STRAND™ (Gert Strand AB, Suecia) y levadura fresca SUPERSTART™ y THERMOSACC™ (Ethanol Technology, WI, EE.UU.).

[0160] En un aspecto preferido, el microorganismo fermentador se ha modificado genéticamente para proporcionar la capacidad para fermentar azúcares de pentosa, tales como microorganismos de utilización de xilosa, de utilización de arabinosa, de co-utilización de xilosa y de arabinosa.

[0161] La clonación de genes heterólogos en varios microorganismos de fermentación ha llevado a la construcción de organismos capaces de convertir hexosas y pentosas en etanol (co-fermentación) (Chen y Ho, 1993, Cloning and improving the expression of *Pichia stipitis* xylose reductase gene in *Saccharomyces cerevisiae*, Appl. Biochem. Biotechnol. 39-40: 135-147; Ho *et al.*, 1998, Genetically engineered *Saccharomyces* yeast capable of effectively cofermenting glucose and xylose, Appl. Environ. Microbiol. 64: 1852-1859; Kotter y Ciriacy, 1993, Xylose fermentation by *Saccharomyces cerevisiae*, Appl. Microbiol. Biotechnol. 38: 776-783; Walfridsson *et al.*, 1995, Xylose-metabolizing *Saccharomyces cerevisiae* strains overexpressing the TKL1 and TAL1 genes encoding the pentose phosphate pathway enzymes transketolase and transaldolase, Appl. Environ. Microbiol. 61: 4184-4190; Kuyper *et al.*, 2004, Minimal metabolic engineering of *Saccharomyces cerevisiae* for efficient anaerobic xylose fermentation: a proof of principle, FEMS Yeast Research 4: 655-664; Beall *et al.*, 1991, Parametric studies of ethanol production from xylose and other sugars by recombinant *Escherichia coli*, Biotech. Bioeng. 38: 296-303; Ingram *et al.*, 1998, Metabolic engineering of bacteria for ethanol production, Biotechnol. Bioeng. 58: 204-214; Zhang *et al.*, 1995, Metabolic engineering of a pentose metabolism pathway in ethanologenic *Zymomonas mobilis*, Science 267: 240-243; Deanda *et al.*, 1996, Development of an arabinose-fermenting *Zymomonas mobilis* strain by metabolic pathway engineering, Appl. Environ. Microbiol. 62: 4465-4470; WO 2003/062430, xilosa isomerasa).

[0162] En un aspecto preferido, el microorganismo fermentador genéticamente modificado es *Candida sonorensis*. En otro aspecto preferido, el microorganismo fermentador genéticamente modificado es *Escherichia coli*. En otro aspecto preferido, el microorganismo fermentador genéticamente modificado es *Klebsiella oxytoca*. En otro aspecto preferido, el microorganismo fermentador genéticamente modificado es *Kluyveromyces marxianus*. En otro aspecto preferido, el microorganismo fermentador genéticamente modificado es *Saccharomyces cerevisiae*. En otro aspecto preferido, el microorganismo fermentador genéticamente modificado es *Zymomonas mobilis*.

[0163] Es bien conocido en la técnica que los organismos anteriormente descritos también pueden usarse para producir otras sustancias, como se describe en este caso.

[0164] El microorganismo fermentador se añade típicamente al material celulósico degradado o hidrolizado y la fermentación se realiza durante aproximadamente 8 a aproximadamente 96 horas, por ejemplo, de aproximadamente 24 a aproximadamente 60 horas. La temperatura es típicamente entre aproximadamente 26°C a aproximadamente 60°C, por ejemplo, de aproximadamente 32°C o 50°C, y de aproximadamente pH 3 a aproximadamente pH 8, por ejemplo, pH 4-5, 6 o 7.

[0165] En un aspecto, la levadura y/o otro microorganismo se aplican al material celulósico degradado y la fermentación se realiza durante aproximadamente 12 a aproximadamente 96 horas, tal como típicamente 24-60 horas. En otro aspecto, la temperatura está preferiblemente entre aproximadamente 20°C a aproximadamente 60°C, por ejemplo, de aproximadamente 25°C a aproximadamente 50°C, de aproximadamente 32°C a aproximadamente 50°C o de aproximadamente 32°C a aproximadamente 50°C, y el pH está generalmente de aproximadamente pH 3 a aproximadamente pH 7, por ejemplo, de aproximadamente pH 4 a aproximadamente pH 7. No obstante, algunos organismos de fermentación, por ejemplo, bacterias, tienen temperatura de fermentación óptima más alta. La levadura u otro microorganismo se aplica preferiblemente en cantidades de aproximadamente 10^5 a 10^{12} , preferiblemente de aproximadamente 10^7 a 10^{10} , especialmente aproximadamente 2×10^8 de concentración de células viables por ml de caldo de fermentación. Más orientación con respecto al uso de la levadura para la fermentación se puede encontrar en, por ejemplo, "The Alcohol Textbook" (Editors K. Jacques, T.P. Lyons and D.R. Kelsall, Nottingham University Press, United Kingdom 1999).

[0166] Un estimulador de fermentación se puede usar en combinación con cualquiera de los procesos descritos aquí para mejorar más el proceso de fermentación, y en particular, el rendimiento del microorganismo fermentador, tal como, realce de índice y rendimiento de etanol. Un "estimulador de fermentación" se refiere a estimuladores para el crecimiento de los microorganismos de fermentación, en particular, levadura. Estimuladores de fermentación preferidos para el crecimiento incluyen vitaminas y minerales. Ejemplos de vitaminas incluyen multivitaminas, biotina, pantotenato, ácido nicotínico, meso-inositol, tiamina, piridoxina, ácido para-aminobenzoico, ácido fólico, riboflavina y vitaminas A, B, C, D y E. Véase, por ejemplo, Alfénore *et al.*, Improving ethanol production and viability of *Saccharomyces cerevisiae* by a vitamin feeding strategy during fed-batch process, Springer-Verlag (2002). Ejemplos de minerales incluyen minerales y sales minerales que pueden suministrar nutrientes que comprenden P, K, Mg, S, Ca, Fe, Zn, Mn y Cu.

[0167] Productos de fermentación: un producto de fermentación puede ser cualquier sustancia derivada de la fermentación. El producto de fermentación puede ser, sin limitación, un alcohol (por ejemplo, arabinol, n-butanol,

isobutanol, etanol, glicerol, metanol, etilenglicol, 1,3-propanodiol [propilenglicol], butanodiol, glicerina, sorbitol y xilitol); un alcano (por ejemplo, pentano, hexano, heptano, octano, nonano, decano, undecano y dodecano), un cicloalcano (por ejemplo, ciclopentano, ciclohexano, cicloheptano y ciclooctano), un alqueno (por ejemplo, penteno, hexeno, hepteno y octeno); un aminoácido (por ejemplo, ácido aspártico, ácido glutámico, glicina, lisina, serina y treonina); un gas (por ejemplo, metano, hidrógeno (H₂), dióxido de carbono (CO₂) y monóxido de carbono (CO); isopreno; una cetona (por ejemplo, acetona); un ácido orgánico (por ejemplo, ácido acético, ácido acetónico, ácido adípico, ácido ascórbico, ácido cítrico, ácido 2,5-diqueto-D-glucónico, ácido fórmico, ácido fumárico, ácido glucárico, ácido glucónico, ácido glucurónico, ácido glutárico, ácido 3-hidroxipropiónico, ácido itacónico, ácido láctico, ácido málico, ácido malónico, ácido oxálico, ácido oxaloacético, ácido propiónico, ácido succínico y ácido xilónico); y policétido. El producto de fermentación puede también ser proteína como un producto de valor alto.

[0168] En un aspecto preferido, el producto de fermentación es un alcohol. Se entiende que el término "alcohol" abarca una sustancia que contiene una o más fracciones de hidróxilo. En un aspecto más preferido, el alcohol es n-butanol. En otro aspecto más preferido, el alcohol es isobutanol. En otro aspecto más preferido, el alcohol es etanol. En otro aspecto más preferido, el alcohol es metanol. En otro aspecto más preferido, el alcohol es arabinitol. En otro aspecto más preferido, el alcohol es butanodiol. En otro aspecto más preferido, el alcohol es etilenglicol. En otro aspecto más preferido, el alcohol es glicerina. En otro aspecto más preferido, el alcohol es glicerol. En otro aspecto más preferido, el alcohol es 1,3-propanodiol. En otro aspecto más preferido, el alcohol es sorbitol. En otro aspecto más preferido, el alcohol es xilitol. Véase, por ejemplo, Gong, C. S., Cao, N. J., Du, J., y Tsao, G. T., 1999, Ethanol production from renewable resources, en *Advances in Biochemical Engineering/Biotechnology*, Scheper, T., ed., Springer-Verlag Berlin Heidelberg, Germany, 65: 207-241; Silveira, M. M., y Jonas, R., 2002, The biotechnological production of sorbitol, *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 59: 400-408; Nigam, P., y Singh, D., 1995, Processes for fermentative production of xylitol - a sugar substitute, *Process Biochemistry* 30 (2): 117-124; Ezeji, T. C., Qureshi, N. y Blaschek, H. P., 2003, Production of acetone, butanol and ethanol by *Clostridium beijerinckii* BA101 and in situ recovery by gas stripping, *World Journal of Microbiology and Biotechnology* 19 (6): 595-603.

[0169] En otro aspecto preferido, el producto de fermentación es un alcano. El alcano puede ser un alcano de no ramificado o ramificado. En otro aspecto más preferido, el alcano es pentano. En otro aspecto más preferido, el alcano es hexano. En otro aspecto más preferido, el alcano es heptano. En otro aspecto más preferido, el alcano es octano. En otro aspecto más preferido, el alcano es nonano. En otro aspecto más preferido, el alcano es decano. En otro aspecto más preferido, el alcano es undecano. En otro aspecto más preferido, el alcano es dodecano.

[0170] En otro aspecto preferido, el producto de fermentación es un cicloalcano. En otro aspecto más preferido, el cicloalcano es ciclopentano. En otro aspecto más preferido, el cicloalcano es ciclohexano. En otro aspecto más preferido, el cicloalcano es cicloheptano. En otro aspecto más preferido, el cicloalcano es ciclooctano.

[0171] En otro aspecto preferido, el producto de fermentación es un alqueno. El alqueno puede ser un alqueno no ramificado o ramificado. En otro aspecto más preferido, el alqueno es penteno. En otro aspecto más preferido, el alqueno es hexeno. En otro aspecto más preferido, el alqueno es hepteno. En otro aspecto más preferido, el alqueno es octeno.

[0172] En otro aspecto preferido, el producto de fermentación es un aminoácido. En otro aspecto más preferido, el ácido orgánico es ácido aspártico. En otro aspecto más preferido, el aminoácido es ácido glutámico. En otro aspecto más preferido, el aminoácido es glicina. En otro aspecto más preferido, el aminoácido es lisina. En otro aspecto más preferido, el aminoácido es serina. En otro aspecto más preferido, el aminoácido es treonina. Véase, por ejemplo, Richard, A., y Margaritis, A., 2004, Empirical modeling of batch fermentation kinetics for poly(glutamic acid) production and other microbial biopolymers, *Biotechnology and Bioengineering* 87 (4): 501-515.

[0173] En otro aspecto preferido, el producto de fermentación es un gas. En otro aspecto más preferido, el gas es metano. En otro aspecto más preferido, el gas es H₂. En otro aspecto más preferido, el gas es CO₂. En otro aspecto más preferido, el gas es CO. Véase, por ejemplo, Kataoka, N., A. Miya, y K. Kiriya, 1997, Studies on hydrogen production by continuous culture system of hydrogen-producing anaerobic bacteria, *Water Science and Technology* 36 (6-7): 41-47; y Gunaseelan V.N. in *Biomass and Bioenergy*, Vol. 13 (1-2), pp. 83-114, 1997, Anaerobic digestion of biomass for methane production: A review.

[0174] En otro aspecto preferido, el producto de fermentación es isopreno.

[0175] En otro aspecto preferido, el producto de fermentación es una cetona. Se entiende que el término "cetona" abarca una sustancia que contiene una o más fracciones de cetona. En otro aspecto más preferido, la cetona es acetona. Véase, por ejemplo, Qureshi y Blaschek, 2003, *supra*.

[0176] En otro aspecto preferido, el producto de fermentación es un ácido orgánico. En otro aspecto más preferido, el ácido orgánico es ácido acético. En otro aspecto más preferido, el ácido orgánico es ácido acetónico. En otro aspecto más preferido, el ácido orgánico es ácido adípico. En otro aspecto más preferido, el ácido orgánico es ácido ascórbico. En otro aspecto más preferido, el ácido orgánico es ácido cítrico. En otro aspecto más preferido, el ácido orgánico es ácido 2,5-diqueto-D-glucónico. En otro aspecto más preferido, el ácido orgánico es ácido fórmico. En otro aspecto más

preferido, el ácido orgánico es ácido fumárico. En otro aspecto más preferido, el ácido orgánico es ácido glucárico. En otro aspecto más preferido, el ácido orgánico es ácido glucónico. En otro aspecto más preferido, el ácido orgánico es ácido glucurónico. En otro aspecto más preferido, el ácido orgánico es ácido glutárico. En otro aspecto preferido, el ácido orgánico es ácido 3-hidroxipropiónico. En otro aspecto más preferido, el ácido orgánico es ácido itacónico. En otro aspecto más preferido, el ácido orgánico es ácido láctico. En otro aspecto más preferido, el ácido orgánico es ácido málico. En otro aspecto más preferido, el ácido orgánico es ácido malónico. En otro aspecto más preferido, el ácido orgánico es ácido oxálico. En otro aspecto más preferido, el ácido orgánico es ácido propiónico. En otro aspecto más preferido, el ácido orgánico es ácido succínico. En otro aspecto más preferido, el ácido orgánico es ácido xilónico. Véase, por ejemplo, Chen, R., y Lee, Y. Y., 1997, Membrane-mediated extractive fermentation for lactic acid production from cellulosic biomass, Appl. Biochem. Biotechnol. 63-65: 435-448.

[0177] En otro aspecto preferido, el producto de fermentación es policétido.

[0178] Recuperación. El producto(s) de fermentación se puede recuperar opcionalmente del medio de fermentación utilizando cualquier método conocido en la técnica incluyendo, pero no limitado a, cromatografía, procedimientos electroforéticos, solubilidad diferencial, destilación o extracción. Por ejemplo, el alcohol se separa del material celulósico fermentado y purificado por métodos convencionales de destilación. Etanol con una pureza de hasta aproximadamente 96% de vol. se puede obtener, que se puede usar como, por ejemplo, etanol de combustible, etanol potable, es decir, licores neutros potables, o etanol industrial.

Composiciones enzimáticas

[0179] Las composiciones enzimáticas usadas en un método de la invención pueden comprender cualquier proteína que sea útil para degradar o convertir material celulósico. Las composiciones pueden comprender una enzima como componente enzimático principal, por ejemplo, una composición monocomponente, o enzimas múltiples. Las composiciones se pueden preparar conforme a métodos conocidos en la técnica y pueden ser en forma de líquido o una composición seca. Las composiciones se pueden estabilizar conforme a métodos conocidos en la técnica.

[0180] Las composiciones pueden ser una formulación de caldo de fermentación o una composición celular, como se describe en este caso. La composición puede ser un caldo entero de células matadas que contiene ácido(s) orgánico(s), detrito celular y/o células matadas y medio de cultivo.

[0181] El término "caldo de fermentación" como se utiliza en este caso se refiere a una preparación producida por fermentación celular que sufre ninguna o mínima recuperación y/o purificación. Por ejemplo, los caldos de fermentación se producen cuando cultivos microbianos se cultivan por saturación, incubados bajo condiciones de limitación de carbono para permitir la síntesis de proteína (por ejemplo, expresión de enzimas por células huésped) y secreción en el medio de cultivo celular. El caldo de fermentación puede contener contenidos no-fraccionados o fraccionados de los materiales de fermentación derivados al final de la fermentación. Típicamente, el caldo de fermentación no está fraccionado y comprende el medio de cultivo consumido y el detrito celular presente después de que las células microbianas (por ejemplo, células fúngicas filamentosas) se hayan retirado, por ejemplo, por centrifugado. El caldo de fermentación puede contener medio de cultivo celular consumido, enzimas extracelulares y células microbianas viables y/o no viables.

[0182] La formulación del caldo de fermentación y composiciones celulares pueden comprender un primer componente de ácido orgánico que comprenda al menos un ácido orgánico de 1-5 carbonos y/o un derivado de sal y un segundo componente de ácido orgánico que comprenda al menos un ácido orgánico de 6 o más carbonos y/o un derivado de sal. El primer componente de ácido orgánico puede ser ácido acético, ácido fórmico, ácido propiónico, un derivado de sal, 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, un derivado de sal, o una mezcla de dos o más de los anteriormente mencionados.

[0183] En un aspecto, la composición contiene un ácido(s) orgánico(s), y opcionalmente además contiene células matadas y/o detrito celular. Las células matadas y/o detrito celular se retiran de un caldo completo de células matadas para proporcionar una composición que esté libre de estos componentes.

[0184] Las formulaciones de caldo de fermentación o las composiciones de células pueden comprender además un agente conservante y/o anti-microbiano (por ejemplo, bacteriostático), incluyendo, pero no limitado a, sorbitol, cloruro sódico, sorbato de potasio y otros conocidos en la técnica.

[0185] El caldo completo inactivado por célula o composición puede contener los contenidos no fraccionados de los materiales de fermentación derivados en final de la fermentación. Típicamente, el caldo completo inactivado por célula o composición contiene el medio de cultivo consumido y el detrito celular presente después de que las células microbianas (por ejemplo, células fúngicas filamentosas) hayan crecido por saturación, incubadas bajo condiciones de limitación de carbono para permitir la síntesis de proteína (por ejemplo, expresión de enzima(s) de celulasa y/o glucosidasa). El caldo completo inactivado por célula o composición puede contener el medio de cultivo celular consumido, enzimas extracelulares y células fúngicas filamentosas inactivadas. Las células microbianas presentes en el

caldo completo inactivado por célula o composición se pueden permeabilizar y/o lisar utilizando métodos conocidos en la técnica.

[0186] Un caldo completo o composición celular como se describe en este caso es típicamente un líquido, pero puede contener componentes insolubles, tales como células inactivadas, detrito celular, componentes de medios de cultivo, y/o enzima(s) insoluble(s). Componentes insolubles se pueden retirar para proporcionar una composición líquida clarificada.

[0187] Las formulaciones de caldo completo y composiciones celulares se pueden producir por un método descrito en la WO 90/15861 o la WO 2010/096673.

[0188] En un aspecto, la composición enzimática comprende o comprende además una o más (por ejemplo, varias) proteínas seleccionadas del grupo que consiste en una celulasa, un polipéptido GH61 que tiene actividad de aumento celulolítico, una hemicelulasa, una esterasa, una expansina, una lacasa, una enzima ligninolítica, una pectinasa, una peroxidasa, una proteasa y una swollenina. En otro aspecto, la celulasa es preferiblemente una o más (por ejemplo, varias) enzimas seleccionadas del grupo que consiste en una endoglucanasa, una celobiohidrolasa y una beta-glucosidasa. En otro aspecto, la hemicelulasa es preferiblemente una o más (por ejemplo, varias) enzimas seleccionadas del grupo que consiste en una acetilmanano esterasa, una acetilxilano esterasa, una arabinanasa, una arabinofuranosidasa, una esterasa de ácido cumárico, una feruloil esterasa, una galactosidasa, una glucuronidasa, una glucuronol esterasa, una mananasa, una manosidasa, una xilanasa y una xilosidasa.

[0189] En otro aspecto, la composición enzimática comprende una o más (por ejemplo, varias) enzimas celulolíticas. En otro aspecto, la composición enzimática comprende o comprende además una o más (por ejemplo, varias) enzimas hemicelulolíticas. En otro aspecto, la composición enzimática comprende una o más (por ejemplo, varias) enzimas celulolíticas y una o más (por ejemplo, varias) enzimas hemicelulolíticas. En otro aspecto, la composición enzimática comprende una o más (por ejemplo, varias) enzimas seleccionadas del grupo de enzimas celulolíticas y enzimas hemicelulolíticas. En otro aspecto, la composición enzimática comprende una endoglucanasa. En otro aspecto, la composición enzimática comprende una celobiohidrolasa. En otro aspecto, la composición enzimática comprende una beta-glucosidasa. En otro aspecto, la composición enzimática comprende un polipéptido que tiene actividad de aumento celulolítico. En otro aspecto, la composición enzimática comprende una endoglucanasa y un polipéptido que tiene actividad de aumento celulolítico. En otro aspecto, la composición enzimática comprende una celobiohidrolasa y un polipéptido con actividad de aumento celulolítico. En otro aspecto, la composición enzimática comprende una beta-glucosidasa y un polipéptido que tiene actividad de aumento celulolítico. En otro aspecto, la composición enzimática comprende una endoglucanasa y una celobiohidrolasa. En otro aspecto, la composición enzimática comprende una endoglucanasa y una beta-glucosidasa. En otro aspecto, la composición enzimática comprende una celobiohidrolasa y una beta-glucosidasa. En otro aspecto, la composición enzimática comprende una endoglucanasa, una celobiohidrolasa y un polipéptido que tiene actividad de aumento celulolítico. En otro aspecto, la composición enzimática comprende una endoglucanasa, una beta-glucosidasa y un polipéptido que tiene actividad de aumento celulolítico. En otro aspecto, la composición enzimática comprende una celobiohidrolasa, una beta-glucosidasa y un polipéptido que tiene actividad de aumento celulolítico. En otro aspecto, la composición enzimática comprende una endoglucanasa, una celobiohidrolasa y una beta-glucosidasa. En otro aspecto, la composición enzimática comprende una endoglucanasa, una celobiohidrolasa, una beta-glucosidasa y un polipéptido que tiene actividad de aumento celulolítico.

[0190] En otro aspecto, la composición enzimática comprende una esterasa de acetilmanano. En otro aspecto, la composición enzimática comprende una acetilxilano esterasa. En otro aspecto, la composición enzimática comprende una arabinanasa (por ejemplo, alfa-L-arabinanasa). En otro aspecto, la composición enzimática comprende una arabinofuranosidasa (por ejemplo, alfa-L-arabinofuranosidasa). En otro aspecto, la composición enzimática comprende una esterasa de ácido cumárico. En otro aspecto, la composición enzimática comprende una feruloil esterasa. En otro aspecto, la composición enzimática comprende una galactosidasa (por ejemplo, alfa-galactosidasa y/o beta-galactosidasa). En otro aspecto, la composición enzimática comprende una glucuronidasa (por ejemplo, alfa-D-glucuronidasa). En otro aspecto, la composición enzimática comprende una glucuronol esterasa. En otro aspecto, la composición enzimática comprende una mananasa. En otro aspecto, la composición enzimática comprende una manosidasa (por ejemplo, beta-manosidasa). En otro aspecto, la composición enzimática comprende una xilanasa. En un aspecto preferido, la xilanasa es una xilanasa de la familia 10. En otro aspecto, la composición enzimática comprende una xilosidasa (por ejemplo, beta-xilosidasa).

[0191] En otro aspecto, la composición enzimática comprende una esterasa. En otro aspecto, la composición enzimática comprende una expansina. En otro aspecto, la composición enzimática comprende una lacasa. En otro aspecto, la composición enzimática comprende una enzima ligninolítica. En un aspecto preferido, la enzima ligninolítica es un manganeso peroxidasa. En otro aspecto preferido, la enzima ligninolítica es una lignina peroxidasa. En otro aspecto preferido, la enzima ligninolítica es un enzima productora de H₂O₂. En otro aspecto, la composición enzimática comprende una pectinasa. En otro aspecto, la composición enzimática comprende una peroxidasa. En otro aspecto, la composición enzimática comprende una proteasa. En otro aspecto, la composición enzimática comprende una swollenina.

[0192] En los métodos de la presente invención, la(s) enzima(s) se puede(n) añadir antes o durante la sacarificación, la sacarificación y la fermentación o la fermentación.

- [0193] Uno o más (por ejemplo, varios) componentes de la composición enzimática pueden ser proteínas de tipo salvaje, proteínas recombinantes, o una combinación de proteínas de tipo salvaje y proteínas recombinantes. Por ejemplo, uno o más (por ejemplo, varios) componentes pueden ser proteínas nativas de una célula, que se usa como célula huésped para expresar de forma recombinante uno o más (por ejemplo, varios) componentes más de la composición enzimática. Uno o más (por ejemplo, varios) componentes de la composición enzimática se pueden producir como monocomponentes, que luego se combinan para formar la composición enzimática. La composición enzimática puede ser una combinación de preparaciones de proteína multicomponente y monocomponente.
- [0194] Las enzimas usadas en los métodos de la presente invención pueden ser de cualquier forma adecuada para su uso, tal como, por ejemplo, una formulación de caldo de fermentación o una composición celular, un lisado celular con o sin detrito celular, una preparación enzimática semipurificada o purificada, o una célula huésped como una fuente de las enzimas. La composición enzimática puede ser un polvo seco o granulado, un granulado no polvoriento, un líquido, un líquido estabilizado o una enzima protegida estabilizada. Preparaciones enzimáticas líquidas se pueden, por ejemplo, estabilizar añadiendo estabilizadores tales como un azúcar, un alcohol de azúcar u otro poliol, y/o ácido láctico u otro ácido orgánico según procesos establecidos.
- [0195] Las enzimas (colectivamente de ahora en adelante "polipéptidos que tienen actividad enzimática") se pueden derivar u obtener de cualquier origen adecuado, incluyendo bacteriano, fúngico, levadura, vegetal u origen mamífero. El término "obtenido" se refiere también aquí a que la enzima se puede haber producido de forma recombinante en un organismo huésped empleando métodos descritos aquí, donde la enzima producida de forma recombinante es bien nativa o foránea del organismo huésped o tiene una secuencia de aminoácidos modificada, por ejemplo, tiene uno o más (por ejemplo, varios) aminoácidos que están eliminados, insertados y/o sustituidos, es decir, una enzima producida de forma recombinante que es un mutante y/o un fragmento de una secuencia de aminoácidos nativa o una enzima producida por procesos de redistribución de ácidos nucleicos conocida en la técnica. Dentro del significado de una enzima nativa están las variantes naturales y en el significado de una enzima foránea están las variantes obtenidas de forma recombinante, tal como por mutagénesis dirigida al sitio o redistribución.
- [0196] Un polipéptido que tiene actividad enzimática puede ser un polipéptido bacteriano. Por ejemplo, el polipéptido puede ser un polipéptido bacteriano gram positivo tal como un polipéptido de *Bacillus*, *Streptococcus*, *Streptomyces*, *Staphylococcus*, *Enterococcus*, *LactoBacillus*, *Lactococcus*, *Clostridium*, *GeoBacillus*, *Caldicellulosiruptor*, *Acidothermus*, *Thermobifidia* o *OceanoBacillus* que tiene actividad enzimática, o un polipéptido bacteriano Gram negativo tal como un polipéptido de *E. coli*, *Pseudomonas*, *Salmonella*, *Campylobacter*, *helicobacteria*, *Flavobacterium*, *Fusobacterium*, *Ilyobacter*, *Neisseria* o *Ureaplasma* que tiene actividad enzimática.
- [0197] En un aspecto, el polipéptido es un polipéptido 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* o *Bacillus thuringiensis* que tiene actividad enzimática.
- [0198] En otro aspecto, el polipéptido es un polipéptido de *Streptococcus equisimilis*, *Streptococcus pyogenes*, *Streptococcus uberis* o *Streptococcus equi subsp. Zooepidemicus* que tiene actividad enzimática.
- [0199] En otro aspecto, el polipéptido es un polipéptido de *Streptomyces achromogenes*, *Streptomyces avermitilis*, *Streptomyces coelicolor*, *Streptomyces griseus* o *Streptomyces lividans* que tiene actividad enzimática.
- [0200] El polipéptido que tiene actividad enzimática también puede ser un polipéptido fúngico, y de forma más preferible un polipéptido de levadura tal como un polipéptido de *Candida*, *Kluyveromyces*, *Pichia*, *Saccharomyces*, *Schizosaccharomyces* o *Yarrowia* que tiene actividad enzimática; o de forma más preferible un polipéptido fúngico filamentoso tal como un polipéptido de *Acremonium*, *Agaricus*, *Alternaria*, *Aspergillus*, *Aureobasidium*, *Botryosphaeria*, *Ceriporiopsis*, *Chaetomidium*, *Chrysosporium*, *Claviceps*, *Cochliobolus*, *Coprinopsis*, *Coptotermes*, *Corynascus*, *Cryphonectria*, *Cryptococcus*, *Diplodia*, *Exidia*, *Filibasidium*, *Fusarium*, *Gibberella*, *Holomastigotoides*, *Humicola*, *Irpex*, *Lentinula*, *Leptosphaeria*, *Magnaporthe*, *Melanocarpus*, *Meripilus*, *Mucor*, *Myceliophthora*, *Neocallimastix*, *Neurospora*, *Paecilomyces*, *Penicillium*, *Phanerochaete*, *Piromyces*, *Poitrasia*, *Pseudoplectania*, *Pseudotriconympha*, *Rhizomucor*, *Schizophyllum*, *Scytalidium*, *Talaromyces*, *Thermoascus*, *Thielavia*, *Tolypocladium*, *Trichoderma*, *Trichophaea*, *Verticillium*, *Volvariella* o *Xylaria* que tiene actividad enzimática.
- [0201] En un aspecto, el polipéptido es un polipéptido de *Saccharomyces carlsbergensis*, *Saccharomyces cerevisiae*, *Saccharomyces diastaticus*, *Saccharomyces douglasii*, *Saccharomyces kluyveri*, *Saccharomyces norbensis* o *Saccharomyces oviformis* que tiene actividad enzimática.
- [0202] En otro aspecto, el polipéptido es un polipéptido de *Acremonium cellulolyticus*, *Aspergillus aculeatus*, *Aspergillus awamori*, *Aspergillus fumigatus*, *Aspergillus foetidus*, *Aspergillus japonicus*, *Aspergillus nidulans*, *Aspergillus niger*, *Aspergillus oryzae*, *Chrysosporium keratinophilum*, *Chrysosporium lucknowense*, *Chrysosporium tropicum*, *Chrysosporium merdarium*, *Chrysosporium inops*, *Chrysosporium pannicola*, *Chrysosporium queenslandicum*, *Chrysosporium zonatum*, *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 sarcochroum*, *Fusarium sporotrichioides*, *Fusarium sulphureum*, *Fusarium torulosum*, *Fusarium trichothecioides*, *Fusarium venenatum*, *Humicola grisea*, *Humicola insolens*, *Humicola lanuginosa*, *Irpex lacteus*, *Mucor miehei*, *Myceliophthora thermophila*, *Neurospora crassa*, *Penicillium funiculosum*, *Penicillium purpurogenum*, *Phanerochaete chrysosporium*, *Thielavia achromatica*, *Thielavia albomyces*, *Thielavia albopilosa*, *Thielavia australeinsis*, *Thielavia fimefi*, *Thielavia microspora*, *Thielavia ovispora*, *Thielavia peruviana*, *Thielavia spededonium*, *Thielavia setosa*, *Thielavia subthermophila*, *Thielavia terrestris*, *Trichoderma harzianum*, *Trichoderma koningii*, *Trichoderma longibrachiatum*, *Trichoderma reesei*, *Trichoderma viride* o *Trichophaea saccata* que tiene actividad enzimática.

[0203] Mutantes químicamente modificados o creados genéticamente de proteína de polipéptidos que tienen actividad enzimática también se pueden usar.

[0204] Uno o más (por ejemplo, varios) componentes de la composición enzimática pueden ser un componente recombinante, es decir, producido por clonación de una secuencia de ADN que codifica el componente único y la posterior célula transformada con la secuencia de ADN y expresada en un huésped (véase, por ejemplo, WO 91/17243 y WO 91/17244). El huésped es preferiblemente un huésped heterólogo (la enzima es foránea del huésped), pero el huésped puede, bajo ciertas condiciones, ser también un huésped homólogo (la enzima es nativa del huésped). Proteínas celulolíticas monocomponente también se pueden preparar por purificación de tal proteína a partir de un caldo de fermentación.

[0205] En un aspecto, una o más (por ejemplo, varias) enzimas celulolíticas comprenden una preparación enzimática celulolítica comercial. Ejemplos de preparaciones enzimáticas celulolíticas comerciales adecuadas para su uso en la presente invención incluyen, por ejemplo, CELLIC® CTec (Novozymes A/S), CELLIC® CTec2 (Novozymes A/S), CELLUCLAST™ (Novozymes A/S), NOVOZYM™ 188 (Novozymes A/S), CELLUZYME™ (Novozymes A/S), CEREFLO™ (Novozymes A/S), and ULTRAFLO™ (Novozymes A/S), ACCELERASE™ (Genencor Int.), LAMINEX™ (Genencor Int.), SPEZYME™ CP (Genencor Int.), FILTRASE® NL (DSM); METHAPLUS® S/L 100 (DSM), ROHAMENT™ 7069 W (Röhm GmbH), FIBREZYME® LDI (Dyadic International, Inc.), FIBREZYME® LBR (Dyadic International, Inc.) o VISCOSTAR® 150L (Dyadic International, Inc.). Las enzimas de celulasa se agregan en cantidades efectivas de aproximadamente 0,001 a aproximadamente 5,0 % en peso de sólidos, por ejemplo, de aproximadamente 0,025 a aproximadamente 4,0 % en peso de sólidos o de aproximadamente 0,005 a aproximadamente 2,0 % en peso de sólidos.

[0206] Ejemplos de endoglucanasas bacterianas que se pueden usar en los métodos de la presente invención, incluyen, pero de forma no limitativa, una endoglucanasa de *Acidothermus cellulolyticus* (WO 91/05039; WO 93/15186; patente de EE.UU. n° 5,275,944; WO 96/02551; patente de EE.UU. n° 5.536.655, WO 00/70031, WO 05/093050); endoglucanasa III de *Thermobifida fusca* (WO 05/093050); y endoglucanasa V de *Thermobifida fusca* (WO 05/093050).

[0207] Ejemplos de endoglucanasas fúngicas que se pueden usar en la presente invención incluyen, pero de forma no limitativa, una endoglucanasa I de *Trichoderma reesei* (Penttilä *et al.*, 1986, Gene 45: 253-263; endoglucanasa I de *Trichoderma reesei* Cel7B; número de registro del GENBANK™ M15665; SEC ID n°: 66); endoglucanasa II de *Trichoderma reesei* (Saloheimo *et al.*, 1988, Gene 63:11-22; endoglucanasa II de *Trichoderma reesei* Cel5A; número de registro del GENBANK™ M19373; SEC ID n°: 68); endoglucanasa III de *Trichoderma reesei* (Okada *et al.*, 1988, Appl. Circundar. Microbiol. 64: 555-563; número de registro del GENBANK™ AB003694; SEC ID n°: 70); endoglucanasa V de *Trichoderma reesei* (Saloheimo *et al.*, 1994, Molecular Microbiology 13: 219-228; número de registro del GENBANK™ Z33381; SEC ID n°: 72); endoglucanasa de *Aspergillus aculeatus* (Ooi *et al.*, 1990, Nucleic Acids Research 18: 5884); endoglucanasa de *Aspergillus kawachii* (Sakamoto *et al.*, 1995, Current Genetics 27: 435-439); endoglucanasa de *Erwinia carotovora* (Saarilahti *et al.*, 1990, Gene 90: 9-14); endoglucanasa de *Fusarium oxysporum* (número de registro del GENBANK™ L29381); endoglucanasa de *Humicola grisea* var. *thermoidea* (número de registro del GENBANK™ AB003107); endoglucanasa de *Melanocarpus albomyces* (número de registro del GENBANK™ MAL515703); endoglucanasa de *Neurospora crassa* (número de registro del GENBANK™ XM 324477); endoglucanasa V de *Humicola insolens* (SEC ID n°: 74); endoglucanasa de *Myceliophthora thermophila* CBS 117.65 (SEC ID n°: 76); endoglucanasa de basidiomiceto CBS 495.95 (SEC ID n°: 78); endoglucanasa de basidiomiceto CBS 494.95 (SEC ID n°: 80); endoglucanasa de *Thielavia terrestris* NRRL 8126 CEL6B (SEC ID n°: 82); endoglucanasa de *Thielavia terrestris* NRRL 8126 CEL6C (SEC ID n°: endoglucanasa de *Thielavia terrestris* NRRL 8126 CEL7C (SEC ID n°: 86); endoglucanasa de *Thielavia terrestris* NRRL 8126 CEL7E (SEC ID n°: 88); endoglucanasa de *Thielavia terrestris* NRRL 8126 CEL7F (SEC ID n°: 90); endoglucanasa de *Cladorrhinum foecundissimum* ATCC 62373 CEL7A (SEC ID n°: 92); y endoglucanasa de *Trichoderma reesei* cepa n° VTT-D-80133 (SEC ID n°: 94; número de registro del GENBANK™ M15665). Las endoglucanasas de SEC ID n°: 66, SEC ID n°: 68, SEC ID n°: 70, SEC ID n°: 72, SEC ID n°: 74, SEC ID n°: 76, SEC ID n°: 78, SEC ID n°: 80, SEC ID n°: 82, SEC ID n°: 84, SEC ID n°: 86, SEC ID n°: 88, SEC ID n°: 90, SEC ID n°: 92 y SEC ID n°: 94 anteriormente descritas se codifican por la secuencia codificante del polipéptido maduro de SEC ID n°: 65, SEC ID n°: 67, SEC ID n°: 69, SEC ID n°: 71, SEC ID n°: 73, SEC ID n°: 75, SEC ID n°: 77, SEC ID n°: 79, SEC ID n°: 81, SEC ID n°: 83, SEC ID n°: 85, SEC ID n°: 87, SEC ID n°: 89, SEC ID n°: 91 y SEC ID n°: 93, respectivamente.

[0208] Ejemplos de celobiohidrolasas útiles en la presente invención incluyen, pero de forma no limitativa, celobiohidrolasa I de *Trichoderma reesei* (SEC ID n°: 96); celobiohidrolasa II de *Trichoderma reesei* (SEC ID n°: 98);

celobiohidrolasa I de *Humicola insolens* (SEC ID nº: 100); celobiohidrolasa II de *Myceliophthora thermophila* (SEC ID nº: 102 y SEC ID nº: 104); celobiohidrolasa II de *Thielavia terrestris* (CEL6A) (SEC ID nº: 106); celobiohidrolasa I de *Chaetomium thermophilum* (SEC ID nº: 108); celobiohidrolasa II de *Chaetomium thermophilum* (SEC ID nº: 110); celobiohidrolasa I de *Aspergillus fumigatus* (SEC ID nº: 112) y celobiohidrolasa II de *Aspergillus fumigatus* (SEC ID nº: 114).

[0209] Las celobiohidrolasas de SEC ID nº: 96, SEC ID nº: 98, SEC ID nº: 100, SEC ID nº: 102, SEC ID nº: 104, SEC ID nº: 106, SEC ID nº: 108, SEC ID nº: 110, SEC ID nº: 112, y SEC ID nº: 114 anteriormente descritas son codificadas por la secuencia codificante de polipéptido maduro de SEC ID nº: 97, SEC ID nº: 99, SEC ID nº: 101, SEC ID nº: 103, SEC ID nº: 105, SEC ID nº: 107, SEC ID nº: 109, SEC ID nº: 111, y SEC ID nº: 113, respectivamente.

[0210] Ejemplos de beta-glucosidasas útiles en la presente invención incluyen, pero de forma no limitativa, beta-glucosidasa de *Aspergillus oryzae* (SEC ID nº: 116); beta-glucosidasa de *Aspergillus fumigatus* (SEC ID nº: 118); beta-glucosidasa de *Penicillium brasilianum* IBT 20888 (SEC ID nº: 120); beta-glucosidasa de *Aspergillus niger* (SEC ID nº: 122); y beta-glucosidasa de *Aspergillus aculeatus* (SEC ID nº: 124). Las beta-glucosidasas de SEC ID nº: 116, SEC ID nº: 118, SEC ID nº: 120, SEC ID nº: 122 y SEC ID nº: 124 anteriormente descritas son codificadas por la secuencia codificante del polipéptido maduro de SEC ID nº: 115, SEC ID nº: 117 y SEC ID nº: 119, SEC ID nº: 121 y SEC ID nº: 123, respectivamente.

[0211] Ejemplos de otras beta-glucosidasas útiles en la presente invención incluyen una proteína de fusión de variante de beta-glucosidasa de *Aspergillus oryzae* de SEC ID nº: 126 o la proteína de fusión de beta-glucosidasa de *Aspergillus oryzae* de SEC ID nº: 128. Las proteínas de fusión de beta-glucosidasa de SEC ID nº: 126 y SEC ID nº: 128 son codificadas por SEC ID nº: 125 y SEC ID nº: 127, respectivamente.

[0212] La beta-glucosidasa de *Aspergillus oryzae* se puede obtener según la WO 2002/095014. La beta-glucosidasa de *Aspergillus fumigatus* se puede obtener según la WO 2005/047499. La beta-glucosidasa de *Penicillium brasilianum* se puede obtener según la WO 2007/019442. La beta-glucosidasa de *Aspergillus niger* se puede obtener según Dan *et al.*, 2000, J. Biol. Chem. 275: 4973-4980. La beta-glucosidasa de *Aspergillus aculeatus* se puede obtener según Kawaguchi *et al.*, 1996, Gene 173: 287-288.

[0213] Otras endoglucanasas útiles, celobiohidrolasas y beta-glucosidasas se describen en numerosas familias de glicosil hidrolasa utilizando la clasificación según Henrissat B., 1991, A classification of glycosyl hydrolases based on amino-acid sequence similarities, Biochem. J. 280: 309-316, y Henrissat B., and Bairoch A., 1996, Updating the sequence-based classification of glycosyl hydrolases, Biochem. J. 316: 695-696.

[0214] Otras enzimas celulolíticas que se pueden usar en la presente invención se describen en la WO 98/13465, WO 98/015619, WO 98/015633, WO 99/06574, WO 99/10481, WO 99/025847, WO 99/031255, WO 2002/101078, WO 2003/027306, WO 2003/052054, WO 2003/052055, WO 2003/052056, WO 2003/052057, WO 2003/052118, WO 2004/016760, WO 2004/043980, WO 2004/048592, WO 2005/001065, WO 2005/028636, WO 2005/093050, WO 2005/093073, WO 2006/074005, WO 2006/117432, WO 2007/071818, WO 2007/071820, WO 2008/008070, WO 2008/008793, patente de EE.UU. nº 5.457.046, patente de EE.UU. nº 5.648.263 y patente de EE.UU. nº 5.686.593.

[0215] En un aspecto, una o más (por ejemplo, varias) enzimas hemicelulolíticas comprenden una preparación enzimática hemicelulolítica comercial. Ejemplos de preparaciones enzimáticas hemicelulolíticas comerciales adecuadas para su uso en la presente invención incluyen, por ejemplo, SHEARZYME™ (Novozymes A/S), CELLIC® HTec (Novozymes A/S), CELLIC® HTec2 (Novozymes A/S), VISCOZYME® (Novozymes A/S), ULTRAFLO® (Novozymes A/S), PULPZYME® HC (Novozymes A/S), MULTIFECT® Xylanase (Genencor), ACCELLERASE®XY (Genencor), ACCELLERASE® XC (Genencor), ECOPULP® TX-200A (AB Enzymes), HSP 6000 Xylanase (DSM), DEPOL™ 333P (Biocatalysts Limit, Wales, UK), DEPOL™ 740L (Biocatalysts Limit, Wales, UK) y DEPOL™ 762P (Biocatalysts Limit, Wales, UK).

[0216] Ejemplos de xilanasas útiles en los métodos de la presente invención incluyen, pero de forma no limitativa, xilanasas de *Aspergillus aculeatus* (GeneSeqP:AAR63790; WO 94/21785); xilanasas de *Aspergillus fumigatus* (WO 2006/078256; xyl 3 SEC ID nº: 129 [secuencia de ADN] y SEC ID nº: 130 [secuencia de aminoácido deducido]); *Penicillium pinophilum* (WO 2011/041405); *Penicillium* sp. (WO 2010/126772); *Thielavia terrestris* NRRL 8126 (WO 2009/079210); y *Trichophaea saccata* GH10 (WO 2011/057083).

[0217] Ejemplos de beta-xilosidasas útiles en los métodos de la presente invención incluyen, pero de forma no limitativa, beta-xilosidasa de *Trichoderma reesei* (UniProtKB/TrEMBL número de registro Q92458; SEC ID nº: 131 [secuencia de ADN] y SEC ID nº: 132 [secuencia de aminoácido deducido]) *Talaromyces emersonii* (número de registro de SwissProt Q8X212); y *Neurospora crassa* (número de registro de SwissProt Q7SOW4).

[0218] Ejemplos de acetilxilano esterasas útiles en los métodos de la presente invención incluyen, pero de forma no limitativa, acetilxilano esterasas de *Aspergillus aculeatus* (WO 2010/108918); *Chaetomium globosum* (número de registro de Uniprot Q2GWX4); *Chaetomium gracile* (número de registro de GeneSeqP AAB82124); *Humicola insolens* DSM 1800 (WO 2009/073709); *Hypocrea jecorina* (WO 2005/001036); *Myceliophthora thermophila* (WO 2010/014880);

Neurospora crassa (número de registro de UniProt q7s259); *Phaeosphaeria nodorum* (número de registro de Uniprot QOUHJ1); y *Thielavia terrestris* NRRL 8126 (WO 2009/042846).

5 [0219] Ejemplos de ferulol esterasas (esterasas de ácido ferúlico) útiles en los métodos de la presente invención incluyen, pero de forma no limitativa, ferulol esterasas de *Humicola insolens* DSM 1800 (WO 2009/076122); *Neosartorya fischeri* (número de registro de UniProt A1D9T4); *Neurospora crassa* (número de registro de UniProt Q9HGR3); *Penicillium aurantiogriseum* (WO 2009/127729); y *Tielavia terrestris* (WO 2010/053838 y WO 2010/065448).

10 [0220] Ejemplos de arabinofuranosidasas útiles en los métodos de la presente invención incluyen, pero de forma no limitativa, arabinofuranosidasas de *Aspergillus niger* (número de registro de GeneSeqP AAR94170); *Humicola insolens* DSM 1800 (WO 2006/114094 y WO 2009/073383); y *M. giganteus* (WO 2006/114094).

15 [0221] Ejemplos de alfa-glucuronidasas útiles en los métodos de la presente invención incluyen, pero de forma no limitativa, alfa-glucuronidasas de *Aspergillus clavatus* (número de registro de UniProt alcc12); *Aspergillus fumigatus* (número de registro de SwissProt Q4WW45); *Aspergillus niger* (número de registro de Uniprot Q96WX9); *Aspergillus terreus* (número de registro de SwissProt QOCJP9); *Humicola insolens* (WO 2010/014706); *Penicillium aurantiogriseum* (WO 2009/068565); *Talaromyces emersonii* (número de registro de UniProt Q8X211); y *Trichoderma reesei* (número de registro de UniProt Q99024).

20 [0222] Los polipéptidos que tienen actividad enzimática usados en los métodos de la presente invención se pueden producir por fermentación de las cepas microbianas mencionadas anteriormente en un medio nutritivo que contiene fuentes de nitrógeno y carbono adecuadas y sales inorgánicas, utilizando procedimientos conocidos en la técnica (véase, por ejemplo, Bennett, J.W. y LaSure, L. (eds.), More Gene Manipulations in Fungi, Academic Press, CA, 1991). Medios adecuados están disponibles de proveedores comerciales o se pueden preparar según composiciones publicadas (por ejemplo, en catálogos de la American Type Culture Collection). Rangos de temperatura y otras condiciones adecuadas para el crecimiento y la producción enzimática se conocen en la técnica (véase, por ejemplo, Bailey, J.E., y Ollis, D.F., Biochemical Engineering Fundamentals, McGraw-Hill Book Company, NY, 1986).

30 [0223] La fermentación puede ser cualquier método de cultivo de una célula que de como resultado la expresión o el aislamiento de una enzima o proteína. La fermentación se puede entender, por lo tanto, como que comprende el cultivo en matraz de agitación, o fermentación a pequeña o gran escala (incluyendo, fermentaciones de lote continuo, lote alimentado o estado sólido) fermentadores en laboratorio o industriales realizadas en un medio adecuado y bajo condiciones que permitan a la enzima ser expresada o aislada. Las enzimas resultantes producidas por los métodos anteriormente descritos se pueden recuperar del medio de fermentación y purificar por procedimientos convencionales.

35 Constructos de ácidos nucleicos

40 [0224] Un polinucleótido aislado que codifica un polipéptido, por ejemplo, un polipéptido GH61 que tiene actividad de aumento celulolítico, una enzima celulolítica, una enzima hemicelulolítica, etc., se pueden manipular en una variedad de formas para proporcionar expresión del polipéptido por construcción de un constructo de ácidos nucleicos que incluyen un polinucleótido aislado que codifica el polipéptido operativamente enlazado a una o más (por ejemplo, varias) secuencias de control que dirigen la expresión de la secuencia codificante en una célula huésped adecuada bajo condiciones compatibles con las secuencias de control. La manipulación de la secuencia del polinucleótido antes de su inserción en un vector puede ser deseable o necesaria dependiendo del vector de expresión. Las técnicas para modificar secuencias polinucleótidas utilizando métodos de ADN recombinante se conocen bien en la técnica.

50 [0225] 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. El promotor contiene secuencias de control transcripcionales que median la expresión del polipéptido. El promotor puede ser cualquier polinucleótido que muestre actividad transcripcional en la célula huésped incluyendo promotores mutantes, truncados e híbridos, y se pueden obtener a partir de genes que codifican polipéptidos extracelulares o intracelulares bien homólogos o heterólogos de la célula huésped.

55 [0226] Ejemplos de promotores adecuados para dirigir la transcripción de los constructos de ácidos nucleicos en una célula huésped bacteriana son los promotores obtenidos a partir del gen de alfa-amilasa de *Bacillus amyloliquefaciens* (*amyQ*), gen de alfa-amilasa de *Bacillus licheniformis* (*amyL*), gen de penicilinas de *Bacillus licheniformis* (*penP*), gen de amilasa maltogénica de *Bacillus stearothermophilus* (*amyM*), gen de levansucrasa de *Bacillus subtilis* (*sacB*), genes *xyIA* y *xyIB* de *Bacillus subtilis*, gen *crIIIA* de *Bacillus thuringiensis* (Agaisse y Lereclus, 1994, Molecular Microbiology 13: 97-107), operón *lac* de *E. coli*, promotor *trc* de *E. coli* (Egon *et al.*, 1988, Gene 69: 301-315), gen de agarasa de *Streptomyces coelicolor* (*dagA*) y el gen de beta-lactamasa procariótica (Villa-Kamaroff *et al.*, 1978, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 75: 3727-3731), al igual que el promotor *tac* (DeBoer *et al.*, 1983, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 80: 21-25). Otros promotores se describen en "Useful proteins from recombinant bacteria" en Gilbert *et al.*, 1980, Scientific American 242: 74-94; y en Sambrook *et al.*, 1989, *supra*. Ejemplos de promotores en serie se describen en la WO 99/43835.

65 [0227] Ejemplos de promotores adecuados para dirigir la transcripción de los constructos de ácidos nucleicos en una célula huésped fúngica filamentosa son promotores obtenidos a partir de los genes para acetamidasa de *Aspergillus*

5 nidulans, alfa-amilasa neutra de *Aspergillus niger*, amilasa alfa ácida estable de *Aspergillus niger*, glucoamilasa de *Aspergillus niger* o *Aspergillus awamori* (glaA), TAKA amilasa de *Aspergillus oryzae*, proteasa alcalina de *Aspergillus oryzae*, triosa fosfato isomerasa de *Aspergillus oryzae*, proteasa de tipo tripsina de *Fusarium oxysporum* (WO 96/00787), amiloglucosidasa de *Fusarium venenatum* (WO 00/56900), *Fusarium venenatum* Daria (WO 00/56900),
 10 *Fusarium venenatum* Quinn (WO 00/56900), lipasa de *Rhizomucor miehei*, proteinasa aspártica de *Rhizomucor miehei*, beta-glucosidasa de *Trichoderma reesei*, celobiohidrolasa I de *Trichoderma reesei*, celobiohidrolasa II de *Trichoderma reesei*, endoglucanasa I de *Trichoderma reesei*, endoglucanasa II de *Trichoderma reesei*, endoglucanasa III de *Trichoderma reesei*, endoglucanasa V de *Trichoderma reesei*, xilanasa I de *Trichoderma reesei*, xilanasa II de *Trichoderma reesei*, xilanasa III de *Trichoderma reesei*, beta-xilosidasa de *Trichoderma reesei*, y factor de alargamiento
 15 de traducción de *Trichoderma reesei*, al igual que el promotor *tpi* de NA2 (un promotor modificado de un gen de alfa-amilasa neutra de *Aspergillus* donde el líder no traducido ha sido sustituido por un líder no traducido de un gen de triosa fosfato isomerasa de *Aspergillus*; ejemplos no limitativos incluyen promotores modificados de un gen de alfa-amilasa neutra de *Aspergillus niger* donde el líder no traducido ha sido sustituido por un líder no traducido de un gen de 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° 6.011.147.

20 [0228] En un huésped de levadura, promotores útiles se obtienen a partir de los genes para enolasa de *Saccharomyces cerevisiae* (ENO-1), galactocinasa de *Saccharomyces cerevisiae* (GAL1), alcohol deshidrogenasa/glicer aldehído-3-fosfato dehidrogenasa de *Saccharomyces cerevisiae* (ADH1, ADH2/GAP), triosa fosfato isomerasa de *Saccharomyces cerevisiae* (TPI), metalotioneína de *Saccharomyces cerevisiae* (CUP1) y 3-fosfoglicerato quinasa de *Saccharomyces cerevisiae*. Otros promotores útiles para células huésped de levadura son descritos por Romanos *et al.*, 1992, Yeast 8: 423-488.

25 [0229] La secuencia de control también puede ser un terminador de transcripción, que es reconocido por una célula huésped para terminar la transcripción. El terminador está operativamente enlazado al terminal de 3' del polinucleótido que codifica el polipéptido. Cualquier terminador que sea funcional en la célula huésped se puede utilizar en la presente invención.

30 [0230] Terminadores preferidos para células huésped bacterianas se obtienen de los genes para proteasa alcalina *Bacillus clausii* (*aprH*), alfa-amilasa de *Bacillus licheniformis* (*amyL*) y ARN ribosómico de *Escherichia coli* (*rrnB*).

35 [0231] Terminadores preferidos para células huésped fúngicas filamentosas se obtienen a partir de los genes para acetamidasa de *Aspergillus nidulans*, antranilato sintasa de *Aspergillus nidulans*, glucoamilasa de *Aspergillus niger*, alfa-glucosidasa de *Aspergillus niger*, TAKA amilasa de *Aspergillus oryzae*, proteasa de tipo tripsina de *Fusarium oxysporum*, beta-glucosidasa de *Trichoderma reesei*, celobiohidrolasa I de *Trichoderma reesei*, celobiohidrolasa II de *Trichoderma reesei*, endoglucanasa I de *Trichoderma reesei*, endoglucanasa II de *Trichoderma reesei*, endoglucanasa III de *Trichoderma reesei*, endoglucanasa V de *Trichoderma reesei*, xilanasa I de *Trichoderma reesei*, xilanasa II de *Trichoderma reesei*, xilanasa III de *Trichoderma reesei*, beta-xilosidasa de *Trichoderma reesei*, y factor de alargamiento
 40 de traducción de *Trichoderma reesei*.

45 [0232] Terminadores preferidos para células huésped de levadura se obtienen de los genes para enolasa de *Saccharomyces cerevisiae*, citocromo C de *Saccharomyces cerevisiae* (CYC1), y glicer aldehído-3-fosfato-deshidrogenasa de *Saccharomyces cerevisiae*. Otros terminadores útiles para células huésped de levadura son descritos por Romanos *et al.*, 1992, *supra*.

[0233] La secuencia de control también puede ser una región estabilizadora de ARNm abajo de un promotor y arriba de la secuencia codificante de un gen que aumenta la expresión del gen.

50 [0234] Ejemplos de regiones estabilizadoras de ARNm adecuadas se obtienen de un gen *crIIIa* de *Bacillus thuringiensis* (WO 94/25612) y un gen *SP82* de *Bacillus subtilis* (Hue *et al.*, 1995, Journal of Bacteriology 177: 3465-3471).

[0235] La secuencia de control también puede ser un líder, una región no traducida de un ARNm que sea importante para la traducción por la célula huésped. El líder está operativamente enlazado al 5'-terminal del polinucleótido que codifica el polipéptido. Cualquier líder que sea funcional en la célula huésped puede ser utilizado.

55 [0236] Líderes preferidos para células huésped fúngicas filamentosas se obtienen a partir de los genes para TAKA amilasa de *Aspergillus oryzae* y triosa fosfato isomerasa de *Aspergillus nidulans*.

60 [0237] Líderes adecuados para células huésped de levadura son obtenidas de los genes para enolasa de *Saccharomyces cerevisiae* (ENO-1), 3-fosfoglicerato quinasa de *Saccharomyces cerevisiae*, alfa-factor de *Saccharomyces cerevisiae*, y alcohol deshidrogenasa/glicer aldehído-3-fosfato dehidrogenasa de *Saccharomyces cerevisiae* (ADH2/GAP).

65 [0238] La secuencia de control también puede ser una secuencia de poliadenilación, una secuencia operativamente enlazada al 3' terminal del polinucleótido y, cuando se transcribe, es reconocida por la célula huésped como una señal

para añadir residuos de poliadenosina al ARNm transcrito. Cualquier secuencia de poliadenilación que sea funcional en la célula huésped puede ser utilizada.

[0239] Secuencias de poliadenilación preferidas para células huésped fúngicas filamentosas se obtienen a partir de los genes para antranilato sintasa de *Aspergillus nidulans*, glucoamilasa de *Aspergillus niger*, alfa-glucosidasa de *Aspergillus niger*, TAKA amilasa de *Aspergillus oryzae*, y proteasa de tipo tripsina de *Fusarium oxysporum*.

[0240] Secuencias de poliadenilación útiles para células huésped de levadura son descritas por Guo y Sherman, 1995, Mol. Cellular Biol. 15: 5983-5990.

[0241] La secuencia de control también puede ser una región codificante del péptido señal que codifique un péptido señal enlazado al N-terminal de un polipéptido y dirija el polipéptido en la vía secretora de la célula. El 5'-final de la secuencia codificante del polinucleótido puede intrínsecamente contener una secuencia codificante del péptido señal naturalmente enlazada en el marco de lectura de traducción con el segmento de la secuencia codificante que codifica el polipéptido. Alternativamente, el 5'-final de la secuencia codificante puede contener una secuencia codificante del péptido señal que sea foránea de la secuencia codificante. Una secuencia codificante de péptido señal foránea puede ser necesaria donde la secuencia codificante no contiene naturalmente una secuencia codificante del péptido señal. Alternativamente, una secuencia codificante de péptido señal foránea puede simplemente reemplazar la secuencia codificante del péptido señal natural para mejorar la secreción del polipéptido. No obstante, cualquier secuencia codificante del péptido señal que dirija el polipéptido expresado en la vía secretora de una célula huésped puede ser utilizada.

[0242] Secuencias de codificación de péptido señal eficaces para células huésped bacterianas son las secuencias de codificación de péptido señal obtenidas a partir de los genes para amilasa maltogénica de *Bacillus* NCIB 11837, subtilisina de *Bacillus licheniformis*, beta-lactamasa de *Bacillus licheniformis*, alfa-amilasa de *Bacillus stearothermophilus*, proteasas neutras de *Bacillus stearothermophilus* (*nprT*, *nprS*, *nprM*) y *Bacillus subtilis prsA*. Otros péptidos señal son descritos por Simonen y Palva, 1993, Microbiological Reviews 57: 109-137.

[0243] Secuencias de codificación del péptido señal eficaces para células huésped fúngicas filamentosas son las secuencias de codificación de péptido señal obtenidas a partir de los genes para amilasa neutra de *Aspergillus niger*, glucoamilasa de *Aspergillus niger*, TAKA amilasa de *Aspergillus oryzae*, celulasa de *Humicola insolens*, endoglucanasa V de *Humicola insolens*, lipasa de *Humicola lanuginosa* y proteinasa aspártica de *Rhizomucor miehei*.

[0244] Péptidos señal útiles para células huésped de levadura se obtienen a partir de los genes para alfa-factor de *Saccharomyces cerevisiae* e invertasa de *Saccharomyces cerevisiae*. Otras secuencias de codificación del péptido señal útiles son descritas por Romanos *et al.*, 1992, *supra*.

[0245] La secuencia de control también puede ser una secuencia codificante de propéptido que codifique un propéptido situado en el N-término 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 en un polipéptido activo por escisión catalítica o autocatalítica del propéptido del propolipéptido. La secuencia codificante del propéptido se puede obtener de los genes para proteasa alcalina de *Bacillus subtilis* (*aprE*), proteasa neutra de *Bacillus subtilis* (*nprT*), lacasa de *Myceliophthora thermophila* (WO 95/33836), proteinasa aspártica de *Rhizomucor miehei* y alfa-factor de *Saccharomyces cerevisiae*.

[0246] Donde tanto el péptido señal como las secuencias de propéptido están presentes, la secuencia de propéptido está situada junto al N-término de un polipéptido y la secuencia de péptido señal está situada junto al N-término de la secuencia de propéptido.

[0247] También puede ser deseable añadir secuencias reguladoras que regulen la expresión del polipéptido con respecto al crecimiento de la célula huésped. Ejemplos de secuencias reguladoras son aquellas que provocan la expresión del gen que se va a poner en ON u OFF en respuesta a una sustancia química o estímulo físico, incluyendo la presencia de un compuesto regulador. Secuencias reguladoras en sistemas procarióticos incluyen los sistemas operadores *lac*, *tac* y *trp*. En la levadura, el sistema ADH2 o sistema GAL1 puede ser utilizado. En hongos filamentosos, el promotor de glucoamilasa de *Aspergillus niger*, el promotor de TAKA alfa-amilasa de *Aspergillus oryzae*, y el promotor de glucoamilasa de *Aspergillus oryzae*, el promotor de celobiohidrolasa I de *Trichoderma reesei* y el promotor de celobiohidrolasa II de *Trichoderma reesei* pueden ser utilizados. Otros ejemplos de secuencias reguladoras son aquellas que permiten la amplificación génica. En sistemas eucarióticos, estas secuencias reguladoras incluyen el gen de dihidrofolato reductasa que es amplificado en presencia de metotrexato, y los genes de metalotioneína que se amplifican con metales pesados. En estos casos, el polinucleótido que codifica el polipéptido estaría operativamente enlazado a la secuencia reguladora.

Vectores de expresión

[0248] Los diferentes nucleótido y secuencias de control anteriormente descritos se pueden unir para producir un vector de expresión recombinante que pueda incluir uno o más (por ejemplo, varios) sitios de restricción convenientes para

permitir la inserción o sustitución de un polinucleótido que codifica un polipéptido, por ejemplo, un polipéptido GH61 que tiene actividad de aumento celulolítico, una enzima celulolítica, una enzima hemicelulolítica, etc., en tales sitios. Alternativamente, el polinucleótido se puede expresar por inserción del polinucleótido o un constructo de ácidos nucleicos que comprenda la secuencia en un vector apropiado para la expresión. Al crear el vector de expresión, la secuencia codificante se localiza en el vector de modo que la secuencia codificante esté operativamente enlazada con las secuencias de control apropiadas para la expresión.

[0249] El vector de expresión recombinante puede ser cualquier vector (por ejemplo, un plásmido o virus) que puede ser convenientemente sometido a procedimientos de ADN recombinante y puede provocar la expresión del polinucleótido. La elección del vector típicamente dependerá de la compatibilidad del vector con la célula huésped en la que el vector debe ser introducido. El vector puede ser un plásmido lineal o cerrado circular.

[0250] El vector puede ser un vector de replicación autónoma, es decir, un vector que exista como una entidad extracromosómica, cuya replicación sea 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 introduzca en la célula huésped, se integre en el genoma y replique con el cromosoma(s) en el que se ha integrado. Además, 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, puede ser utilizado.

[0251] El vector contiene preferiblemente uno o más (por ejemplo, varios) marcadores seleccionables que permiten la selección fácil de células transformadas, modificadas, transducidas o similares. Una etiqueta seleccionable es un gen cuyo producto proporciona resistencia biocida o vírica, resistencia a los metales pesados, prototrofia para los auxótrofos y similares.

[0252] Ejemplos de marcadores seleccionables bacterianos son los genes *dal* de *Bacillus licheniformis* o *Bacillus subtilis*, o marcadores que confieren resistencia antibiótica tales como resistencia a la ampicilina, cloranfenicol, canamicina, neomicina, espectinomycinina o a la tetraciclina. Marcadores adecuados para células huésped de levadura incluyen, pero de forma no limitativa, ADE2, HIS3, LEU2, LYS2, MET3, TRP1 y URA3. Marcadores seleccionables para su uso en una célula huésped fúngica filamentosa incluyen, pero de forma no limitativa, *adeA* (fosforibosilaminoimidazola-succinocarboxamida sintasa), *adeB* (fosforibosil-aminoimidazola sintasa), *amdS* (acetamidasa), *argB* (ornitina-carbamoyltransferasa), *bar* (fosfonitrina acetiltransferasa), *hph* (higromicina fosfotransferasa), *niaD* (nitrato-reductasa), *pyrG* (orotidina-5'-fosfato-descarboxilasa), *sC* (sulfato adeniltransferasa) y *trpC* (antranilato sintasa), al igual que equivalentes de los mismos. Se prefieren para su uso en una célula de *Aspergillus* los genes *amdS* y *pyrG* de *Aspergillus nidulans* o *Aspergillus oryzae* y un gen *bar* de *Streptomyces hygroscopicus*. Se prefiere para su uso en una célula de *Trichoderma* los genes *adeA*, *adeB*, *amdS*, *hph* y *pirG*.

[0253] El marcador seleccionable puede ser un sistema de marcador seleccionable doble como se describe en la WO 2010/039889. En un aspecto, el marcador seleccionable doble es un sistema de marcador seleccionable dual *hph-tk*.

[0254] El vector contiene preferiblemente un(os) elemento(s) que permite(n) la integración del vector en el genoma de la célula huésped o replicación autónoma del vector en la célula independiente del genoma.

[0255] Para la integración en el genoma de la célula huésped, el vector puede depender de la secuencia del polinucleótido que codifica el polipéptido o cualquier otro elemento del vector para 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(es) precisa del cromosoma(a). Para aumentar la probabilidad de integración en una ubicación precisa, los elementos integracionales deberían contener un número suficiente de ácidos nucleicos, tal como de 100 a 10.000 pares de bases, de 400 a 10.000 pares de bases y de 800 a 10.000 pares de bases, que tienen un alto grado de identidad de secuencia con la secuencia objetivo correspondiente para mejorar la probabilidad de recombinación homóloga. Los elementos integracionales pueden ser cualquier secuencia que sea homóloga de la secuencia objetivo en el genoma de la célula huésped. Además, los elementos integracionales 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.

[0256] Para replicación autónoma, el vector puede comprender además un origen de replicación que permita al vector replicar de manera autónoma en la célula huésped en cuestión. El origen de replicación puede ser cualquier replicador plásmido que medie la replicación autónoma que funcione en una célula. El término "origen de replicación" o "replicador plásmido" se refiere a un polinucleótido que permite que un plásmido o vector replique *in vivo*.

[0257] Ejemplos de orígenes bacterianos de replicación son los orígenes de replicación de los plásmidos pBR322, pUC19, pACYC177 y pACYC184 que permiten la replicación en *E. coli*, y pUB110, pE194, pTA1060 y pAM β 1 que permiten la replicación en *Bacillus*.

[0258] Ejemplos de orígenes de replicación para su uso 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.

[0259] 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 la WO 00/24883.

[0260] Más de una copia de un polinucleótido se puede insertar en una célula huésped para aumentar la producción de un polipéptido. Un aumento en el número de copias del polinucleótido se puede obtener 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 las células que contienen copias amplificadas del gen marcador seleccionable y por lo tanto copias adicionales del polinucleótido, se pueden seleccionar por cultivo de las células en presencia del agente seleccionable apropiado.

[0261] Los procedimientos usados para enlazar los elementos anteriormente descritos para construir los vectores de expresión recombinantes son conocidos por un experto en la materia (véase, por ejemplo, Sambrook *et al.*, 1989, *supra*).

Células huésped

[0262] Células huésped recombinantes que comprenden un polinucleótido que codifica un polipéptido, por ejemplo, un polipéptido GH61 que tiene actividad de aumento celulolítico, una enzima celulolítica, una enzima hemicelulolítica, etc., se pueden usar ventajosamente en la producción recombinante del polipéptido. Un constructo o vector que comprende tal polinucleótido se introduce en una célula huésped de modo que el se mantenga como un integrante cromosómico o como un vector extracromosómico autorreplicante como se ha descrito anteriormente. El término "célula huésped" abarca cualquier descendiente de una célula madre que no se idéntico a la célula madre debido a mutaciones que se produzcan durante la replicación. La elección de una célula huésped dependerá en gran parte dependen del gen que codifica el polipéptido y su fuente.

[0263] La célula huésped puede ser cualquier célula útil en la producción recombinante de un polipéptido, por ejemplo, una procariota o una eucariota.

[0264] La célula huésped procariótica puede ser cualquier bacteria gram-positiva o gram-negativa. Bacterias gram-positivas incluyen, pero de forma no limitativa, *Bacillus*, *Clostridium*, *Enterococcus*, *GeoBacillus*, *LactoBacillus*, *Lactococcus*, *OceanoBacillus*, *Staphylococcus*, *Streptococcus* y *Streptomyces*. Bacterias gram-negativas incluyen, pero de forma no limitativa, *Campylobacter*, *E. coli*, *Flavobacterium*, *Fusobacterium*, *Helicobacter*, *Ilyobacter*, *Neisseria*, *Pseudomonas*, *Salmonella* y *Ureaplasma*.

[0265] La célula huésped bacteriana puede ser cualquier célula de *Bacillus* incluyendo, pero no limitado a, 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*.

[0266] La célula huésped bacteriana también puede ser cualquier célula de *Streptococcus* incluyendo, pero no limitado a, células de *Streptococcus equisimilis*, *Streptococcus pyogenes*, *Streptococcus uberis* y *Streptococcus equi subsp. Zooepidemicus*.

[0267] La célula huésped bacteriana también puede ser cualquier célula de *Streptomyces* incluyendo, pero no limitado a, células de *Streptomyces achromogenes*, *Streptomyces avermitilis*, *Streptomyces coelicolor*, *Streptomyces griseus* y *Streptomyces lividans*.

[0268] La introducción de ADN en una célula de *Bacillus* se puede efectuar por transformación de protoplasto (véase, por ejemplo, Chang y Cohen, 1979, Mol. Gen. Ganet. 168: 111-115), transformación de la célula competente (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 protoplasto (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 protoplasto, 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 protoplasto (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). No obstante, cualquier método conocido en la técnica para introducción de ADN en una célula huésped se puede utilizar.

[0269] La célula huésped también puede ser una célula eucariota, tal como una célula de mamífero, insecto, planta u fúngica.

[0270] La célula huésped puede ser una célula fúngica. "Hongo", como se utiliza en este caso, incluye el filo *Ascomycota*, *Basidiomycota*, *Chytridiomycota* y *Zygomycota* al igual que el *Oomycota* y todos los hongos mitospóricos (como se define por Hawkswort *et al.*, en Ainsworth and Bisby's Dictionary of The Fungi, 8th edition, 1995, CAB International, University Press, Cambridge, UK).

[0271] La célula huésped fúngica puede ser una célula de levadura. "Levadura", como se utiliza en este caso incluye levadura ascosporógena (*Endomycetales*), levadura basidioesporogénea y levadura de los *Fungi Imperfecti* (*Blastomycetes*). Dado que la clasificación de levadura puede cambiar en el futuro, para los fines de esta invención, la levadura se debe definir como se describe en Biology and Activities of Yeast (Skinner, Passmore, and Davenport, editors, Soc. App. Bacterial Symposium Series No. 9, 1980).

[0272] 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*.

[0273] La célula huésped fúngica puede ser una célula fúngica filamentosa. "Hongos filamentosos" incluyen todas las formas filamentosas de la subdivisión *Eumycota* y *Oomycota* (como se define por Hawkswort *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 alargamiento hifal y el catabolismo de carbono es estrictamente aeróbico. En cambio, el crecimiento vegetativo por levaduras tales como *Saccharomyces cerevisiae* es por injerto de un talo unicelular y el catabolismo de carbono puede ser fermentativo.

[0274] 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*.

[0275] 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 sarcochroum*, *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*.

[0276] Las células fúngicas se pueden transformar por un proceso que implica la formación de protoplasto, la transformación de los protoplastos y la regeneración de la pared celular de modo conocido de por sí. Procedimientos adecuados para la transformación de células huésped de *Aspergillus* y *Trichoderma* son descritas 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. Métodos adecuados para transformar especies de *Fusarium* son descritas por Malardier *et al.*, 1989, Gene 78: 147-156 y la WO 96/00787. La levadura se puede transformar utilizando los procedimientos descritos por Becker y Guarente, en Abelson, J.N. y Simon, M.I., editors, Guide to Yeast Genetics and Molecular Biology, Methods in Enzymology, Volume 194, pp 182-187, Academic Press, Inc., New York; Ito *et al.*, 1983, J. Bacteriol. 153: 163; y Hinnen *et al.*, 1978, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 75: 1920.

Métodos de producción

[0277] Métodos para producir un polipéptido, por ejemplo, un polipéptido GH61 que tiene actividad de aumento celulolítico, una enzima celulolítica, una enzima hemicelulolítica, etc., comprenden (a) cultivo de una célula, que en su forma de tipo salvaje es capaz de producir el polipéptido, bajo condiciones propicias para la producción del polipéptido; y (b) recuperación del polipéptido. En un aspecto preferido, la célula es del género *Aspergillus*. En un aspecto más preferido, la célula es *Aspergillus fumigatus*.

[0278] Alternativamente, métodos para producir un polipéptido, por ejemplo, un polipéptido GH61 que tiene actividad de aumento celulolítico, una enzima celulolítica, una enzima hemicelulolítica, etc., que comprenden (a) cultivo de una célula huésped recombinante bajo condiciones propicias para la producción del polipéptido; y (b) recuperación del polipéptido.

5 [0279] Las células se cultivan en un medio nutritivo adecuado para la producción del polipéptido utilizando métodos conocidos en la técnica. Por ejemplo, las células se pueden cultivar por cultivo en matraz de agitación, o fermentación a pequeña escala o a gran escala (incluyendo, fermentaciones de lote continuo, lote alimentado o estado sólido) fermentadores en laboratorio o industriales en un medio adecuado y bajo condiciones que permitan que el polipéptido se exprese y/o aísle. El cultivo tiene lugar en un medio nutritivo adecuado que comprende fuentes de nitrógeno y carbono y sales inorgánicas, utilizando procedimientos conocidos en la técnica. 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 es segregado en el medio nutritivo, el polipéptido se puede recuperar directamente del medio. Si el polipéptido no es segregado, se puede recuperar de lisatos de célula.

10 [0280] El polipéptido se puede detectar usando métodos conocidos en la técnica que sean 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, un ensayo enzimático se puede utilizar para determinar la actividad del polipéptido. Los polipéptidos que tienen actividad de aumento celulolítico se detectan utilizando los métodos descritos aquí.

20 [0281] El caldo resultante se puede utilizar como está o el polipéptido se puede recuperar utilizando métodos conocidos en la técnica. Por ejemplo, el polipéptido se puede recuperar del medio nutritivo por procedimientos convencionales incluyendo, pero no limitado a, recogida, centrifugado, filtración, extracción, secado por pulverización, evaporación o precipitación.

25 [0282] El polipéptido se puede purificar por una variedad de procedimientos conocidos en la técnica incluyendo, pero no limitado a, cromatografía (por ejemplo, intercambio iónico, afinidad, hidrofóbico, cromatografía de exclusión por tamaño), procedimientos electroforéticos (por ejemplo, isoelectroenfoque preparativo), solubilidad diferencial (por ejemplo, precipitación de sulfato amónico), SDS-PAGE o extracción (véase, por ejemplo, Protein Purification, Janson and Ryden, editors, VCH Publishers, New York, 1989) para obtener polipéptidos sustancialmente puros.

30 [0283] En un aspecto alternativo, el polipéptido no se recupera, sino que una célula huésped que expresa un polipéptido se usa como fuente del polipéptido.

35 Ejemplos

Ejemplo 1: pretratamiento de rastrojos de maíz

40 [0284] Rastrojos de maíz se pretrataron en el Department of Energy National Renewable Energy Laboratory (NREL) de EE.UU. usando 1,4% (p/v) de ácido sulfúrico durante 8 minutos a 165°C y 107 psi ($7,38 \times 10^5$ Pa). Los sólidos insolubles en agua de los rastrojos de maíz pretratados contenían 57,5% de celulosa, 4,6% de hemicelulosas y 28,4% de lignina. Celulosa y hemicelulosa fueron determinadas por una hidrólisis de ácido sulfúrico de dos etapas con análisis posterior de azúcares por cromatografía líquida de alto rendimiento utilizando el procedimiento analítico estándar #002 del NREL. Lignina fue determinada gravimétricamente después de hidrolizar la celulosa y fracciones de hemicelulosa con ácido sulfúrico usando el procedimiento analítico estándar #003 del NREL.

50 [0285] Los rastrojos de maíz pretratados fueron ajustados a pH 5,0 por adición repetida de 10 N NaOH en partes alícuotas de unos mililitros, seguido de mezcla profunda e incubación a temperatura ambiente durante aproximadamente 1 hora. El pH fue confirmado después de la incubación durante toda la noche a 4°C, y los rastrojos de maíz ajustados al pH fueron sometidos a autoclave durante 20 minutos a aproximadamente 120°C, y luego almacenados a 4°C para minimizar el riesgo de contaminación microbiana. El peso en seco de los rastrojos de maíz pretratados fue del 33% de los TS (sólidos totales), que fue confirmado antes de cada uso.

55 [0286] Los rastrojos de maíz pretratados fueron molidos antes del uso. Los rastrojos de maíz pretratados molidos (peso en seco inicial 32,35% de TS) fueron preparados por molido en un molinillo multiutilidad en húmedo Cosmos ICMG 40 (EssEmm Corporation, Tamil Nadu, India). Los rastrojos de maíz pretratados molidos fueron también, en algunos casos, posteriormente lavados con agua desionizada por dilución repetida seguida de decantación fuera de la fracción sobrenadante. El peso en seco de los rastrojos de maíz pretratados molidos lavados con agua fue de 7,11 % de TS.

60 [0287] Alternativamente, los rastrojos de maíz pretratados molidos lavados con agua fueron lavados extensivamente con agua a 50°C. Aproximadamente 600 ml de los rastrojos de maíz pretratados lavados con agua fueron diluidos con aproximadamente 500 ml de agua desionizada destilada e incubados a 50°C con agitación durante 7 días. De tres a cuatro veces al día, los rastrojos de maíz pretratados diluidos se dejaron asentar, y el agua sobrenadante fue decantada y sustituida con 500 ml de agua desionizada fresca. El peso en seco de rastrojos de maíz pretratados molidos lavados con agua caliente fue de 6,74% de TS.

Ejemplo 2: preparación de polipéptido GH61E de *Thielavia terrestris* que tiene actividad de aumento celulolítico

[0288] Polipéptido GH61E de *Thielavia terrestris* que tiene actividad de aumento celulolítico se produjo de forma recombinante en *Aspergillus oryzae* JaL250 como se describe en la patente EEUU nº 7.361.495.

Ejemplo 3: evaluación de sacarificación del material celulósico

[0289] Rastrojos de maíz pretratados molidos lavados con agua caliente se prepararon como se describe en el ejemplo 1 y se usaron como fuente del material celulósico.

[0290] Una preparación con celulasa de *Trichoderma reesei* (CELLUCLAST® suplementado con beta-glucosidasa de *Aspergillus oryzae*, disponible de Novozymes A/S, Bagsvaerd, Dinamarca) se usó en las reacciones de hidrólisis y se designará aquí en los ejemplos como "composición de celulasa de *Trichoderma reesei*".

[0291] La hidrólisis de PCS lavados con agua caliente molidos se llevó a cabo usando 2,0 ml de placas de 96 pocillos profundos (Axygen, Union City, CA, EE.UU.) en un volumen de reacción total de 1,0 ml. Cada hidrólisis fue realizada con 50 mg de PCS (29,5 mg de celulosa) por ml de 50 mM de tampón de acetato sódico pH 5,0 que contenía 1 mM de sulfato de manganeso y la composición de celulasa de *T. reesei* en 4 mg de proteína por gramo de celulosa con y sin polipéptido GH61 que tiene actividad de aumento celulolítico en varias concentraciones entre 0 y 1 mg por g de celulosa (a menos que se especifique lo contrario). La placa se selló luego utilizando un ALPS-300™ (Abgene, Epsom, Reino Unido), mezclado exhaustivamente e incubado a 50°C durante 7 días con agitación a 150 r.p.m. en un agitador de incubación Innova 4080 (New Brunswick Scientific, Edison, NJ, EE.UU.). Todos los experimentos fueron realizados por triplicado.

[0292] En varios momentos entre las 24 y las 168 horas de incubación, 100 µl de partes alícuotas fueron retirados y se evaluó el grado de hidrólisis por cromatografía en fase líquida de alta eficacia (HPLC) utilizando el protocolo descrito abajo.

[0293] Para análisis de HPLC, se filtraron muestras utilizando una placa de filtración de 96 pocillos de 0,45 µm MULTISCREEN® (Millipore, Bedford, MA, EE.UU.) y los filtrados fueron analizados para contenido de azúcar como se describe abajo. Las concentraciones de azúcar de las muestras diluidas en 0,005 M H₂SO₄ fueron medidas utilizando un 4,6 x 250 mm columna AMINEX® HPX-87H (Bio-Rad Laboratories, Inc., Hercules, CA, EE.UU.) por elución con 0,5% p/p ácido benzoico-5 mM H₂SO₄ a una velocidad de flujo de 0,6 ml por minuto a 65°C durante 11 minutos, y cuantificación por integración de glucosa y señales de celobiosa de detección de índice de refracción (CHEMSTATION®, AGILENT® 1100 HPLC, Agilent Technologies, Santa Clara, CA, EE.UU.) calibrado por muestras de azúcar puro. Los equivalentes resultantes fueron usados para calcular el porcentaje de conversión de celulosa para cada reacción. La extensión de cada hidrólisis fue determinada como la fracción de celulosa total convertida en celobiosa + glucosa, y no se corrigió para azúcares solubles presentes en solución de rastrojos de maíz pretratados, o se corrigió para azúcares solubles presentes en la solución como se indica.

[0294] Todo el procesamiento de los datos de HPLC se realizó utilizando el programa KALEIDAGRAPH® (Synergy software, Reading, PA, EE.UU.) o MICROSOFT EXCEL® (Microsoft, Seattle, WA, EE.UU.). Las concentraciones de azúcar medidas fueron ajustadas para el factor de dilución apropiado. La glucosa y la celobiosa se separaron e integraron cromatográficamente y sus concentraciones respectivas se determinaron independientemente. Para calcular la conversión total, los valores de glucosa y de celobiosa fueron combinados. La hidrólisis fraccional se reporta como la proporción de las concentraciones corregidas de masa de glucosa y celobiosa para la concentración inicial de celulosa según la ecuación 1. Los puntos de datos triplicados fueron promediados y la desviación típica fue calculada.

[0295] La dependencia de concentración de la mejora dependiente del polipéptido GH61 de la hidrólisis de celulosa por la composición de celulasa de *T. reesei* fue determinada por titulación del polipéptido GH61 entre 0 y 24% (p/p) de proteína total añadida a una concentración constante de celulasa de *T. reesei* de 4 mg por g de celulosa, trazando la hidrólisis fraccional contra la concentración de polipéptido GH61.

Ejemplo 4: efecto del tratamiento de rastrojos de maíz pretratados lavados con agua caliente molidos con el polipéptido GH61E de *Thielavia terrestris* o el polipéptido GH61E de *Thielavia terrestris* con la composición de celulasa de *Trichoderma reesei*

[0296] PCS lavados con agua caliente molidos se generaron como se describe en el ejemplo 1. Cincuenta ml de PCS lavados con agua caliente molidos se incubaron en 5% de sólidos totales en 50 mM de acetato sódico, 1 mM de MnSO₄ pH 5,0 a 50°C durante 1 o 3 días con 1 mg del polipéptido GH61E de *T. terrestris* por gramo de celulosa, 4 mg de la composición de celulasa de *Trichoderma reesei* por gramo de celulosa, o 4 mg de la composición de celulasa de *T. reesei* por gramo de celulosa con 1 mg del polipéptido GH61E de *Thielavia terrestris* por gramo de celulosa. Tras la incubación, la actividad enzimática fue inactivada por incubación a 90°C durante más de 30 minutos. La inactivación completa de la actividad enzimática (sacarificación) fue confirmada por más incubación de partes alícuotas de estas muestras a 50°C durante 5 días y ensayo para hidrólisis como se describe en el ejemplo 3.

[0297] El tratamiento con el polipéptido GH61E de *T. terrestris* solo produjo hidrólisis fraccional de 0,0 después de 1 y 3 días. El tratamiento durante 1 o 3 días con la composición de celulasa de *T. reesei* produjo hidrólisis fraccionales de 0,37 o 0,47, respectivamente. El tratamiento durante 1 o 3 días con la composición de celulasa de *T. reesei* y el polipéptido GH61E de *T. terrestris* produjo hidrólisis fraccionales de 0,36 o 0,46, respectivamente.

[0298] El peso en seco del PCS residuales fue determinado utilizando un analizador de humedad IR120 (Denver Instrument, Bohemia, NY, EE.UU.) y luego ajustado a 5% por adición de agua desionizada. Los diferentes PCS tratados fueron luego hidrolizados en un 1 ml de escala como se describe en el ejemplo 3 usando 4 mg de la composición de celulasa de *T. reesei* por gramo de celulosa con varias concentraciones de polipéptido GH61E de *T. terrestris* entre 0 y 1 mg por gramo de celulosa. La extensión de hidrólisis fue determinada a 1 y 5 días de la hidrólisis como se describe en el ejemplo 3.

[0299] La figura 1 muestra la hidrólisis fraccional del PCS molidos lavados en caliente pretratados con enzima. Los PCS fueron pretratados con el polipéptido GH61E de *T. terrestris* solo, la composición de celulasa de *T. reesei*, o la composición de celulasa de *T. reesei* con el polipéptido GH61E de *T. terrestris* como se indicó durante 1 día (figura 1A) o 3 días (figura 1 B). La figura 2 muestra una comparación de la hidrólisis fraccional de PCS pretratados lavados en caliente molidos con el polipéptido GH61E de *T. terrestris* durante 1 o 3 días.

[0300] PCS pretratados durante 3 días mostraron digestibilidad muy superior cuando el polipéptido GH61 fue incluido en el pretratamiento (figura 1B). PCS pretratados con polipéptido GH61 solo durante 3 días fueron hidrolizados casi de forma equivalente a los PCS pretratados con la composición de celulasa de *T. reesei*. Esto indicó que el pretratamiento de PCS con polipéptido GH61 aumentó la digestibilidad de la celulosa. A los 5 días de la sacarificación, la conversión total para PCS pretratados con la composición de celulasa de *T. reesei* o la composición de celulasa de *T. reesei* y el polipéptido GH61 fue casi equivalente en cada concentración de polipéptido GH61. Aunque las hidrólisis que se produjeron durante los pretratamientos con la composición de celulasa de *T. reesei* o la composición de celulasa de *T. reesei* más el polipéptido GH61 fueron equivalentes, el primer día de sacarificación adicional con concentraciones en aumento de polipéptido GH61 mostró conversión más alta en todas las concentraciones de polipéptido GH61. Este resultado se produjo a pesar de los 3 días adicionales de tiempo de sacarificación para el PCS que se había pretratado con celulasa. Adicionalmente, la hidrólisis fraccional en 1 día para PCS pretratados con polipéptido GH61 3 días fue sustancialmente mejor que el PCS no pretratado o el PCS pretratado con polipéptido GH61 1 día, $0,350 \pm 0,00159$ en comparación con $0,315 \pm 0,00267$ o $0,306 \pm 0,00105$ en ausencia de polipéptido GH61.

Listado de secuencias

[0301]

<110> Novozymes, Inc. Quinlan, Jason Xu, Feng

<120> Métodos para pretratar material celulósico con un polipéptido de la familia 61

<130> 12035-WO-PCT

<150> US 61/409,469

<151> 2010-11-02

<160> 172

<170> Versión de patentIn 3.5

<210> 1

<211> 1846

<212> ADN

<213> *Thielavia terrestris*

<400> 1

aattgaagga gggagtgggc gaggggccac caagtcaggc ggctgtcaac taaccaagga 60
tgggaacagt tgggtctgac ttggccgagg gcagcggtcc ctgatgggga cgaaccatgg 120
gactgggggtc agctgctgta taaaagttaa aatcgatgat ctctcagatg gggtgctgg 180
gggtgtttotgo gctttttccat cctogcaaac tgggtatocca ctagtccagc gttoggcacc 240
atgaagtgtt tcaccatttg cgccttggca ggcctatggg cccaggaggc agccgcacc 300
gggaccttcc aggaacctctg gattgatgga gtcgactacg gctcgcaatg tgtccgctc 360
ooggcgctca aotccccgt caccaatgtt ggcctcagac atctcagatg caatgtcggc 420
acctcgaggc ccccgctcac gtgcgggtc aaggccgggt ccccggtcac gatcgagatg 480
caccagggtc gcaagcctct ctgcgtaggc ccccagcta ctatctggca ctacaagac 540
ctccagcaac ctggcgaccg gctctgggca aagaggcta tggggggga ccaactaggc 600
cccgtaatgg tgtacatgtc caaggctgat gacggcggtga cagccgacgg ttcctcgggc 660
tgggttaagg tgttcacgga cagctgggca aagaacccgt cgggttcgac gggcgacgac 720
gactactggg gcaccaagga cctcaactcg tggctgggca agatgaacgt caagatccc 780
gaagacatcg agccggggca ctacctgctc cgcgcgagg ttatcgctgt gcacgtggc 840
ggcagctcgg gggcggggca gttctacatg tctgctacc agctgacgt gacgggctcc 900
ggcagcgcca cccctcagc cgtgaatttc cggggcgctt actcggccag cgaaccgggc 960
atcttgatca aatcccaagc ggcctatgtg aactaagctg tccgggggca gacgtgtac 1020
gggggggggt cgaaccaagt ggctggcagc tctgctccg gctgagaggc gacctgcaag 1080
gttgggttcg gcccagcgca gacactgacg cagccacact ccaacgggac cgcgacctcc 1140
gcccctggcg gggcggggtc cggctgcaag ggggccaagt cccagcagtg cggcgggacc 1200
gggtacactg ggtgaacaa ctgagctgta agttccctcg tgatatgac cgaacacacg 1260
tctgggactgt tttgctaac cgcgtcgtag tccgggtcta cctgagggc cgtctcggct 1320
ccgtactact cgcagtgctt ctaagccggg agcgtctgct cagcgggctg ctgtgaagga 1380
gtcccatgtc cccatgcggc catggccgga gtaacggggt gaggcccaaa ttcttgtata 1440
tagttgagtt tcccaataa tgaatacata tgcctctgca tggactgttg cgtcgtcagt 1500
ctacatccct tgcctcaact aactgtgaga ccccatgtca tccggacat tcatcgggtg 1560
ctcgtcttac catctcgggt gatgggtctg ggcctgagag tcaactggac gtcctcggcg 1620
gtactgaaat gtggaggaaa gtgtgagctg tctgagccac tggcgctga tgagacgttg 1680
agcggggccc aactgggtgt tctgtgagcc agcacacaaa agaatactcc aggatggccc 1740
atagcggcaa atatacagta tcaaggatgc aaaaagtga aaagttaagg gctcaatcgg 1800
ggatcgaacc cgaagacctg cacatgactt atttcaagtc aggggt 1846

<210> 2
<211> 326
<212> PRT
<213> Thielavia terrestris

<400> 2

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

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

<210> 3
 <211> 880
 <212> ADN
 <213> Thielavia terrestris
 <400> 3

5

accccggggat cactgccccct aggaaccagc acaccctgggt ccaatcatgc ggttcgaagc	60
cctctccgcc ctcgtctcttg cgcggtttgt ggctggccac ggogcogtga ccagctacat	120
catcgggggg aaaaactatc cgggctaaga gggctttctcg cctgcctcga gcccgccgac	180
gatccagtac cagtggaacg aotaaacac gaccctgagc gtgaccgacc cgaagatgag	240
ctgcacaggc ggcaacctcg cagagctcag cgggcccgtc caggccggcg agaagtgac	300
ggcogtctgg aagcagtggc cccaccagca agggcccgtc atggtctgga tgttaagtg	360
cccggggagc ttctcgtcgt gccacggcga cggcaaggga tggttcaaga togaccagct	420
gggctctggt ggcacacac ccaactcga caactggggc accgcgctcg tctacagac	480
cctccagtgg agcaacccga tccccagaa cctcggcgcc ggcaactacc tcatccgca	540
cagactgctc gccctgcacc aggcacacac ggogcagtto tacgccgagt gcgccagct	600
ggtcgtctcc ggcagcgggt ccgcctctgc cccgtccgac tacctctaca gcctcccgt	660
ctacggcgcc cagaacgacc ccggcatcac cgtgagtggg attcogttcc gggcgagct	720
ctgtggaaat cttgctgacg atgggctagg ttgacatcta caacgggggg attacctcct	780
acaccccgcc cggggggccc gtctggtctg gottcaggtt ttagggcat tgagtcgggg	840
gctacgaggg gaaggcatct gttcgcatga gctgggtac	860

<210> 4

5 <211> 239

<212> PRT

<213> Thielavia terrestris

<400> 4

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

<210> 5
 <211> 1000
 <212> ADN
 <213> Thielavia terrestris

<400> 5

```

ctcctgttcc tgggcccacg cttgttgcct gaactattgg tagagttagt ctattgctag      60
agttggccat gtttctcaca taagtctctg gctcggctgc cctgcttgcg agcggcgctg      120
cggcaccacg cggcgtgacc agctacatca tggcggcaca gaattaccgg cgggtgggtag      180
ctgattattg agggcgccatt caaggttcat accggtgtgc atggtgaca accggtggc      240
agatacacaag gcttttctcc tgcgaactcg ccgaacgtca tcaaatggca atggoatgac      300
tacacccccc tcttgtcgtg cagcgactcg aagcttctgt gcaacggcgg cactcgggc      360
ccctggaacg caacggcggc accgggggac ,accatcaccg caatctgggc gaagtggacg      420
cacagccagg gcccctcctt ggtgtggatg tacaagtgcg cgggtctctt cagctcctgt      480
gaaggctcgg gcgctggctg gttcaagatc gacgaggccg gcttccacgg cgaacggctc      540
aaggtcttcc tcgacaccca gaacccgtcc ggtcgggaca tggccaagt cgtcggcggc      600
aaccaagcagt ggagcagcaa ggtccccgag ggctcggccc cgggcaacta cctcgtccgc      660
cacgagttga tggcctgca caagggcaac aaccggcagt tctacccgga gtgcgcccag      720
gtcgtcctca cgggtccggg caccggcgag cgggatgctt catacaaggc ggtctctccc      780
ggctactgca ccacgaattg cccgaacatc aaggtgagat ccaggcgtaa tgcagtctac      840
tgctggaaaag aaagtggctc aagctaaacc gcgctccagg tgccctcaa cgaaccctcc      900
atccctcaga cctacaagat tcccgggcct ccgtcttca agggcaccgc cagcaagaag      960
gcccgggact tcaacgcctg aagttgttga atcgatggag      1000

```

<210> 6

<211> 258

<212> PRT

<213> Thielavia terrestris

<400> 6

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

Thr Ala

<210> 7
<211> 681
<212> ADN

$\langle 400 \rangle$ 8

Met Leu Ala Asn Gly Ala Ile Val Phe Leu Ala Ala Ala Leu Gly Val
 1 5 10 15

Ser Gly His Tyr Thr Trp Pro Arg Val Asn Asp Gly Ala Asp Trp Gln
 20 25 30

Gln Val Arg Lys Ala Asp Asn Trp Gln Asp Asn Gly Tyr Val Gly Asp
 35 40 45

Val Thr Ser Pro Gln Ile Arg Cys Phe Gln Ala Thr Pro Ser Pro Ala
 50 55 60

Pro Ser Val Leu Asn Thr Thr Ala Gly Ser Thr Val Thr Tyr Trp Ala
 65 70 75 80
 Asn Pro Asp Val Tyr His Pro Gly Pro Val Gln Phe Tyr Met Ala Arg
 85 90 95

Val Pro Asp Gly Glu Asp Ile Asn Ser Trp Asn Gly Asp Gly Ala Val
 100 105 110

Trp Phe Lys Val Tyr Glu Asp His Pro Thr Phe Gly Ala Gln Leu Thr
 115 120 125

Trp Pro Ser Thr Gly Lys Ser Ser Phe Ala Val Pro Ile Pro Pro Cys
 130 135 140

Ile Lys Ser Gly Tyr Tyr Leu Leu Arg Ala Glu Gln Ile Gly Leu His
 145 150 155 160

Val Ala Gln Ser Val Gly Gly Ala Gln Phe Tyr Ile Ser Cys Ala Gln
 165 170 175

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

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

Tyr Tyr Pro Val Pro Thr Ser Tyr Gln Asn Pro Gly Pro Ala Val Phe
 210 215 220

Ser Cys
 225

<210> 9
 <211> 960
 <212> ADN
 <213> Thielavia terrestris
 <400> 9

```

atgaaggagac ttttcagtgc agdaggccctc tccctgggagc tgggocaggc ttcggcccat      60
tacatcttcc agcactctc catcaacggg aacagtttc cgggtgtacca atatattcgc      120
aagaacacca attatmacag tcccggttac gatctcaagt ccgaagatct tgggtgcaat      180
gtcggcgccc aggggtgctgg gacagacacc gtcaaggtga aggocggoga ccagttcacc      240
ttcaccttgy acaacccctgt ttacccacag gggcccatct ccatctacat gtccaaggcc      300
ccgggcgggg cgtcagacta ccatggcagc gggcgctcgt tcaagatcaa ggaactggggc      360
ccgaatttca accgcgacgg caccggccacc tgggacatgg ccggctcata cccctacaa      420
atcccgacot gatttccaga cggcgactat ctgctccgca tccagtctgt ggcactccac      480
aacccctggc cggcgggcct ccgcagttc tacatctctt gggccagat caccgtgac      540
ggcggcgga accgcaacc tggcccgacg gccctcatcc ccggcgctt caaggacacc      600
gacccggggt acaaggtgaa catctacacg aacttccaca actaacaggt tcccgcccg      660
gaggtattca gctgcaacgg cgggggctcg aaccggccc cggcggtgag tagcagcag      720
cccgcgacca cgaagctggt caagtccagc cgcacacagt cctccacgtc ctccgctcg      780
accgcggcct agacggggg ctgacacgtc gccaagtggg gccagtgcgg cggcaacggg      840
tacacgggct gcacgacctg cgggggggg tccacctgca gcaagcagaa cgactactac      900
tcgaagtgct tgtaaaggag gccgcacagc atgaggtgtt tgaagaggag gagaagggtc      960

```

- 5
- <210> 10
 - <211> 304
 - <212> PRT
 - <213> Thielavia terrestris
 - <400> 10

Met Lys Gly Leu Phe Ser Ala Ala Ala Leu Ser Leu Ala Val Gly Gln
1 5 10 15

Ala Ser Ala His Tyr Ile Phe Gln Gln Leu Ser Ile Asn Gly Asn Gln
20 25 30

Phe Pro Val Tyr Gln Tyr Ile Arg Lys Asn Thr Asn Tyr Asn Ser Pro
35 40 45

Val Thr Asp Leu Thr Ser Asp Asp Leu Arg Cys Asn Val Gly Ala Gln
50 55 60

Gly Ala Gly Thr Asp Thr Val Thr Val Lys Ala Gly Asp Gln Phe Thr
65 70 75 80

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

Met Ser Lys Ala Pro Gly Ala Ala Ser Asp Tyr Asp Gly Ser Gly Gly
100 105 110

Trp Phe Lys Ile Lys Asp Trp Gly Pro Thr Phe Asn Ala Asp Gly Thr
115 120 125

Ala Thr Trp Asp Met Ala Gly Ser Tyr Thr Tyr Asn Ile Pro Thr Cys
130 135 140

Ile Pro Asp Gly Asp Tyr Leu Leu Arg Ile Gln Ser Leu Ala Ile His
145 150 155 160

Asn Pro Trp Pro Ala Gly Ile Pro Gln Phe Tyr Ile Ser Cys Ala Gln
165 170 175

Ile Thr Val Thr Gly Gly Gly Asn Gly Asn Pro Gly Pro Thr Ala Leu
180 185 190

Ile Pro Gly Ala Phe Lys Asp Thr Asp Pro Gly Tyr Thr Val Asn Ile
195 200 205

Tyr Thr Asn Phe His Asn Tyr Thr Val Pro Gly Pro Glu Val Phe Ser
210 215 220

Cys Asn Gly Gly Gly Ser Asn Pro Pro Pro Pro Val Ser Ser Ser Thr
225 230 235 240

Pro Ala Thr Thr Thr Leu Val Thr Ser Thr Arg Thr Thr Ser Ser Thr
245 250 255

Ser Ser Ala Ser Thr Pro Ala Ser Thr Gly Gly Cys Thr Val Ala Lys
260 265 270

Trp Gly Gln Cys Gly Gly Asn Gly Tyr Thr Gly Cys Thr Thr Cys Ala
275 280 285

Ala Gly Ser Thr Cys Ser Lys Gln Asn Asp Tyr Tyr Ser Gln Cys Leu
290 295 300

<210> 11

<211> 954

<212> ADN

<213> Thielavia terrestris

<400> 11

5

```

atgaaggggcc tcagcctect cgcctctgag tgggcagaga ctgctcatao catcttctg 60
cagctcaggt caggggggaac gaootatcgg gtatcctacg gcctccggga cctagctac 120
gacgggtccca tcacccgaagt cactccgac tcactggctt gcaatgggcc cccgaccccc 180
adgaagcaggt ccccgctacat catcaacgtc aadgcaggga oadaggtcga ggogatatgg 240
aggcacaaccc tcacatccgg dcdccagcat gtcatgggag oadagcaca ggggcagacc 300
ctggcctacc tcaggaggt ccatgatgac ttgacggaca cgggtatcgg cggcggtctg 360
ttcaagatcc aggagggcgg ttacgacat ggcaattggg ctaccagcac ggtgatcacc 420
aaggtgggt tcacatctat tgacatcccc gctgcattd caaacgggca gtatctgctc 480
cgcgcagaga tgatcggctt oadagcagcc agoaagcagg gtggtgccc gctctacatg 540
gagtgggggc agatcaacgt ggtggggggc tcgggcagcg ccagcccgca gacgtacagc 600
atdcdgggga totacagggc aacggacccg ggctgctga tcaacatcta ctccatgacg 660
cgtccagcc agtacaccat tcdgggtcgg cccctggtca' cctgcagcgg dagcggcaac 720
aacggggggc gcagcaaccc gtccgggggg cagacccagc cggcgagcc caccagcagc 780
acggcgggcg cagccaccc ctcggccggt cctacacagc gccagggggg cagcagcgt 840
tgaacaggtt oadagtgga gaagtgggt ggcattctgt tcacccgctg caacacctgc 900
ggggcggggt acacctgcam gtatctgaac gactattact cgcattgcca gtaa 954

```

5

<210> 12
 <211> 317
 <212> PRT
 <213> Thielavia terrestris

 <400> 12

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

Asp Pro Gly Leu Leu Ile Asn Ile Tyr Ser Met Thr Pro Ser Ser Gln
 210 215 220

Tyr Thr Ile Pro Gly Pro Pro Leu Phe Thr Cys Ser Gly Ser Gly Asn
 225 230 235 240

Asn Gly Gly Gly Ser Asn Pro Ser Gly Gly Gln Thr Thr Thr Ala Lys
 245 250 255

Pro Thr Thr Thr Thr Ala Ala Thr Thr Thr Ser Ser Ala Ala Pro Thr
 260 265 270

Ser Ser Gln Gly Gly Ser Ser Gly Cys Thr Val Pro Gln Trp Gln Gln
 275 280 285

Cys Gly Gly Ile Ser Phe Thr Gly Cys Thr Thr Cys Ala Ala Gly Tyr
 290 295 300

Thr Cys Lys Tyr Leu Asn Asp Tyr Tyr Ser Gln Cys Gln
 305 310 315

<210> 13

<211> 799

<212> ADN

<213> Thermoascus aurantiacus

<400> 13

atgtcctttt ccaagataat tgcactgac gggtttcttg cctctgcttc tctagtggct 60

ggcactggct tctttoagaa catgttgatt gatggtaaaa agtatgtcat tgoaagaogo 120

acataagcgg caacagctga caatcgacag ttatggcggg tatctagtga accagtatcc 180

atacatgttc aatctctcag aggtcatogo ctggtctact adggoaactg atcttggtat 240

tgtggacggt actggatacc aaaccccaga tatcatctgc catagggggc ccaagcctgg 300

agccctgaat gctccagtct ctccaggagg aactgttgag ctccaatgga ctccatggcc 360

tgattctcac catggcccag ttatcaacta ctttgcctcg tgcactgggtg attgttccac 420

tgtggataag acccatttag aattcttcaa aattgcgcag agcggctctca tcaatgatga 480

caatcctcct gggatctggg cttsagacaa totgatagca gcaaacacaa gotggaotgt 540

caccattcca accacaattg cactcggaac ctatgttctg aggcattgaga ttattgctct 600

tcaatcagct cagaaccagg atggtgcccc gaactatccc cagtgcatoa atctgcaggt 660

cactggaggt ggttctgata accctgctgg aactcttggg adggcactct acccagatcc 720

cgatcctgga attctgatac aatctatata gaaactttcc agotatatca tccctggctc 780

tctctgtat actggttaa 799

<210> 14

<211> 249

<212> PRT

<213> Thermoascus aurantiacus

<400> 14

```

Met Ser Phe Ser Lys Ile Ile Ala Thr Ala Gly Val Leu Ala Ser Ala
1          5          10          15

Ser Leu Val Ala Gly His Gly Phe Val Gln Asn Ile Val Ile Asp Gly
20          25          30

Lys Tyr Tyr Gly Gly Tyr Leu Val Asn Gln Tyr Pro Tyr Met Ser Asn
35          40          45

Pro Pro Glu Val Ile Ala Trp Ser Thr Thr Ala Thr Asp Leu Gly Phe
50          55          60

Val Asp Gly Thr Gly Tyr Gln Thr Pro Asp Ile Ile Cys His Arg Gly
65          70          75          80

Ala Lys Pro Gly Ala Leu Thr Ala Pro Val Ser Pro Gly Gly Thr Val
85          90          95

Glu Leu Gln Trp Thr Pro Trp Pro Asp Ser His His Gly Pro Val Ile
100         105         110

Asn Tyr Leu Ala Pro Cys Asn Gly Asp Cys Ser Thr Val Asp Lys Thr
115         120         125

Gln Leu Glu Phe Phe Lys Ile Ala Glu Ser Gly Leu Ile Asn Asp Asp
130         135         140

Asn Pro Pro Gly Ile Trp Ala Ser Asp Asn Leu Ile Ala Ala Asn Asn
145         150         155         160

Ser Trp Thr Val Thr Ile Pro Thr Thr Ile Ala Pro Gly Asn Tyr Val
165         170         175

Leu Arg His Glu Ile Ile Ala Leu His Ser Ala Gln Asn Gln Asp Gly
180         185         190

Ala Gln Asn Tyr Pro Gln Cys Ile Asn Leu Gln Val Thr Gly Gly Gly
195         200         205

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

Asp Pro Gly Ile Leu Ile Asn Ile Tyr Gln Lys Leu Ser Ser Tyr Ile
225         230         235         240
Ile Pro Gly Pro Pro Leu Tyr Thr Gly
245

```

5

<210> 15
 <211> 1172
 <212> ADN

<213> Trichoderma reesei

<400> 15

```

ggatctaagg cccatogata tgaagtcctg cggcattctt gcagcccttg gctgtcttgc      60
cgggagcggt ctoggocatg gacaagtcga aaacttcacg atcaatggac aatcacatca      120
gggttttoatt ctogattact actatcagaa gcagaaatct ggtoacttcc ccaacgttgc      180
tgggtggtao gccgaggacc tagaactggg ettcattctcc cctgaccaat acaccaaagg      240
cgaoattgtc tgtcacaaga acggggcccc aggtgccatt tctgccactg caggggcccg      300
oagcaaatc gtcttccaat ggggcccctg cgtctggcct caoocctaog gtcccatagt      360
tacctacgtg gctgagtgca ggggatcgtg cagcaccgtg aacaagaaca acctggcgtg      420
ggtcaagatt caggaggccg gcataaata taacacccaa gtctggggcg agcaggatct      480
gatcaaccag ggaacaagt ggactgtgaa gatcccgctg agcctcagga ccggaaacta      540
tgtcttccgc catgaacttc ttgtgtccca tgggtgcctct agtgggaacg gcctgcagaa      600
ctatcctcag tgcgtgaaca tggcogtoac aggtccgggc acgaaagcgc tccctgcagg      660
aactcctgca actcagctct acaagccca cgaacccctg atcttgttca acccttacac      720
aacaatcacg agctacacca tccctggccc agocctgttg caaggctaga tccaggggta      780
cgggtgttgg cttcgtgaag tggagctgt tgacaaggat atctgatgat gaacggagag      840
gaatgatggg cgtgactgag tgtatatatt ttgtatganc aaattgtata cgaaatccga      900
acgaatgggt atcattgttt atccctgtag tatattgtct ccaggctgtt aagagcccaa      960
cgggtgtatt aoggaacaa agtcaggcat ttgggtggca atgaacgcag gtctccatga     1020
atgtatatgt gaagaggcat cggctggcat gggcattacc agatatagga cctgtgaaac     1080
atatagtact tgaacgtgt actggaaagg atcataagca agtcacaaac atgtgaaaaa     1140
5  acactacatg taaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa                                     1172

```

<210> 16

<211> 249

<212> PRT

10 <213> Trichoderma reesei

<400> 16

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

<210> 17

<211> 924

<212> ADN

<213> Myceliophthora thermophila

<400> 17


```

atgaagttaa ccttgtccct cgtgtgtctg gagggtgagg gggccaggc toactgttag    60
tcgacccctcg aacccaacac cccctccccc cctttttctc tccatctcct cggcctcact    120

tagtagccgc tgacaaacgac tagtatcctt ccttaggggc ggcactggcg gctcgtcttc    180

tggcgagtgg gaggtgggtc gcatgacaga gaacccattac tggcaggggc aggtccacga    240

tgtcaccagc ccgagagatga cctgctatca gtccggcggt gagggtgggc cccagaccgt    300

ccaggtcagg ggggtgtccc aattcacctt cagggtggat cccctgatat gccaccccgg    360

ccctctccag ttctacatgg ctaagggtgc gtccggccag aaggccgcca cctttgacgg    420

cacgggagac gtgtgtgttc agatctacaa agacggcccg aaaggccctc gcaccgacag    480

cattacctgg ccagagcgcg gttcgtgact tctcccccac tgggtttttt tttttttttt    540

tttttttttt ttttttttgg aactcaagaa tttttctctc tctctccagt atttggcctt    600

gaacaacact aaaaactctt cttactgtat taattaggca aaaccgaggt ctgggtcacc    660

atcccccagct gcatcgatga tggcgagtaa ctgctccggg tcgagccaat cgggtctccg    720

agcgccagca ggtgtggcggt cgtcagttc tacattgctt gggccagct ctccgtcacc    780

ggcggtctcg gcaaccccaa caccggctcg ctgctctccc tggccggcgc ctacaaggcc    840

accgacccgg gcatctcttt ccagctctac tggccctacc cgaacgagta catcaacccc    900

ggcccgggcc cgtctctttg ctac . . . . .924

```

- 5 <210> 18
- <211> 232
- <212> PRT
- <213> Myceliophthora thermophila

- 10 <400> 18

Met Lys Phe Thr Ser Ser Leu Ala Val Leu Ala Ala Ala Gly Ala Gln
1 5 10 15

Ala His Tyr Thr Phe Pro Arg Ala Gly Thr Gly Gly Ser Leu Ser Gly
20 25 30

Glu Trp Glu Val Val Arg Met Thr Glu Asn His Tyr Ser His Gly Pro
35 40 45

Val Thr Asp Val Thr Ser Pro Glu Met Thr Cys Tyr Gln Ser Gly Val
50 55 60

Gln Gly Ala Pro Gln Thr Val Gln Val Lys Ala Gly Ser Gln Phe Thr
65 70 75 80

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

Met Ala Lys Val Pro Ser Gly Gln Thr Ala Ala Thr Phe Asp Gly Thr
100 105 110
Gly Ala Val Trp Phe Lys Ile Tyr Gln Asp Gly Pro Asn Gly Leu Gly
115 120 125

Thr Asp Ser Ile Thr Trp Pro Ser Ala Gly Lys Thr Glu Val Ser Val
130 135 140

Thr Ile Pro Ser Cys Ile Asp Asp Gly Glu Tyr Leu Leu Arg Val Glu
145 150 155 160

His Ile Ala Leu His Ser Ala Ser Ser Val Gly Gly Ala Gln Phe Tyr
165 170 175

Ile Ala Cys Ala Gln Leu Ser Val Thr Gly Gly Ser Gly Thr Leu Asn
180 185 190

Thr Gly Ser Leu Val Ser Leu Pro Gly Ala Tyr Lys Ala Thr Asp Pro
195 200 205

Gly Ile Leu Phe Gln Leu Tyr Trp Pro Ile Pro Thr Glu Tyr Ile Asn
210 215 220

Pro Gly Pro Ala Pro Val Ser Cys
225 230

<210> 19

<211> 854

<212> ADN

<213> Myceliophthora thermophila

<400> 19

```

atgaaggccc tctctctcct tggggctgcc tgggcagttt ctggcgatac catotttgtc      60
cagctcgaag cagacggcac gaggtacccg gtctcgtacg ggatccggga cccaagctac      120
gacggcgcda tcaccgacgt cacatccaac gacgttgctt gcaacggcgg gccgaaccgg      180
acgacccccct ccagcgacgt catcaccgtc aacggcgga ccaacggtcaa ggcaatctgg      240
aggaacacccc tccatccgg ccgggacgat gtcttggaag ccagccacaa gggcccgacc      300
ctggccctacc tcaagaaggc cggcgatgcc aaccaaggat cggcggttcg oggtggctgg      360
ttcaagattc aggaggaagg ctacaacaa cggcagtgga gccccaggac cgttatctcc      420
aacggcgagg agcactacat gtgagccatt cctccgagag agaaccaaga ctcttgacga      480
tctcgtctga ccgttgcaaa agtgadatcc cggcctgcac ccccgagggt cagtacctcc      540
tcggcgccga gatgatgcc ctccacggcg cggggtccac cggcggtgcc cagctctacc      600
taagcctctg cccctccccc ctctctcttg atcgatcgg actgccacc cccctttctg      660
actccgacta acacggttgc cagatgggat gtgccdagat caacatcgtc ggcggctccg      720
gctcgggtgc cagctcgacc gtcagcttcc cggcgcgcta cagccccaac gacccgggtc      780
tctctatcaa catctattcc atgtcgccct cgagctcgta caccatcccg ggcgcgcgg      840
tcttcaagtg ctag                                     954

```

<210> 20
 <211> 235
 <212> PRT
 <213> Myceliophthora thermophila

 <400> 20

Met Lys Ala Leu Ser Leu Leu Ala Ala Ala Ser Ala Val Ser Ala His
1 5 10 13

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

Tyr Gly Ile Arg Asp Pro Ser Tyr Asp Gly Pro Ile Thr Asp Val Thr
35 40 45

Ser Asn Asp Val Ala Cys Asn Gly Gly Pro Asn Pro Thr Thr Pro Ser
50 55 60

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

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

Lys Gly Pro Thr Leu Ala Tyr Leu Lys Lys Val Gly Asp Ala Thr Lys
100 105 110

Asp Ser Gly Val Gly Gly Gly Trp Phe Lys Ile Gln Glu Asp Gly Tyr
115 120 125

Asn Asn Gly Gln Trp Gly Thr Ser Thr Val Ile Ser Asn Gly Gly Glu
130 135 140

His Tyr Ile Asp Ile Pro Ala Cys Ile Pro Glu Gly Gln Tyr Leu Leu
145 150 155 160

Arg Ala Glu Met Ile Ala Leu His Ala Ala Gly Ser Pro Gly Gly Ala
165 170 175

Gln Leu Tyr Met Glu Cys Ala Gln Ile Asn Ile Val Gly Gly Ser Gly
180 185 190

Ser Val Pro Ser Ser Thr Val Ser Phe Pro Gly Ala Tyr Ser Pro Asn
195 200 205
Asp Pro Gly Leu Leu Ile Asn Ile Tyr Ser Met Ser Pro Ser Ser Ser
210 215 220

Tyr Thr Ile Pro Gly Pro Pro Val Phe Lys Cys
225 230 235

<210> 21

<211> 1242

<212> ADN

<213> Myceliophthora thermophila

<400> 21

```

atgaagtcct tggccctcnc cactctggcc gccctggccg gaaagccgca cgtcacgca 60
accttcacag cctctctgggt ogaaggcgtc gactacggcg cgcagtgtgc cgtcttgccc 120
gggtccaaat ccccggtcac cgacgtgacc tcccaagcga tccgtctgca cgcdaaaccc 180
tggcccgctc ggggcaagtg cccggtcaag gcccggctga cgtttadggt cgagatgcat 240
caggtacgtt ggtatgaatga aaggggaaaag gaagcagagg cagaagggga aggcgaagg 300
aaagaaaaag aaaaagaaat ggaaagaaa aagaantgga aaagaaaaag aaaaatgaaa 360
aagaaagtgg aaacccgtcag actaatggg gctcctccc cccaccctc ctttgatata 420
agcaaacccg tgaacggctg tcagcagcag aggcggtcgg cggggcgcac tccggccccc 480
tcagtgtgta oatgtccaag gtgtcggacc cggcgtcggc ggaacggctg tccgggtggt 540
tcaaggtgtt cgaaggacggc tgggccaaa aaccgtccgg cgggtcgggc gaagacgact 600
actggggcac caaggacctg aactcgtgct gcgggaagat gaacgtcaag atccccggcg 660
acctgccctc gggcgactac ctgctcgggg ccgaggccct cgcgtgcac accggcgga 720
ggcccgggcg cgcacagtta taccatgact gctaccagct caccgtgacg ggtccggca 780
gggcacagcc gcccaacctc tecttcocgg ggcctacaa ggcacccgac cggggcatcc 840
tcgtcaaat oaaagccccc ctgtccgggt aaccctgccc cggcccgccc gtctactccc 900
ggggctccac caagaaaggc ggcaagccct gcaacggctg cgaatccaac tgcgccgtcg 960
gtcccgggcc caacgcaaac gtctccagct cgcacgggtc caacgcaaac tccgcccccg 1020
ggggcgggcg cggctgcaac gtccagaaat accagcagtg cggcgggcag ggctacaccc 1080
gtcgaacaaa ctgcggcgta cgtttttcaa ccccgtttt ttttttcctt ccttaootta 1140
tttggttacc taattaakta ctttcagggt gctgaatttt tgccttagtc cggctctacc 1200
tgacgcgcgc tctcgcgcgc ctactactcg cagtgcgtct aa 1242

```

<210> 22

<211> 323

<212> PRT

<213> Myceliophthora thermophila

<400> 22

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

1	5	10	15
Ala Ala His	Ala Thr Phe	Gln Ala Leu Trp	Val Asp Gly Val Asp Tyr
	20	25	30
Gly Ala Gln Cys	Ala Arg Leu Pro	Ala Ser Asn Ser	Pro Val Thr Asp
	35	40	45
Val Thr Ser Asn	Ala Ile Arg Cys	Asn Ala Asn Pro	Ser Pro Ala Arg
	50	55	60
Gly Lys Cys Pro	Val Lys Ala Gly	Ser Thr Val Thr	Val Glu Met His
	65	70	75
Gln Gln Pro Gly	Asp Arg Ser Cys	Ser Ser Glu Ala	Ile Gly Gly Ala
	85	90	95
His Tyr Gly Pro	Val Met Val Tyr	Met Ser Lys Val	Ser Asp Ala Ala
	100	105	110
Ser Ala Asp Gly	Ser Ser Gly Trp	Phe Lys Val Phe	Glu Asp Gly Trp
	115	120	125
Ala Lys Asn Pro	Ser Gly Gly Ser	Gly Asp Asp Asp	Tyr Trp Gly Thr
	130	135	140
Lys Asp Leu Asn	Ser Cys Cys Gly	Lys Met Asn Val	Lys Ile Pro Ala
	145	150	155
Asp Leu Pro Ser	Gly Asp Tyr Leu	Leu Arg Ala Glu	Ala Leu Ala Leu
	165	170	175
His Thr Ala Gly	Ser Ala Gly Gly	Ala Gln Phe Tyr	Met Thr Cys Tyr
	180	185	190
Gln Leu Thr Val	Thr Gly Ser Gly	Ser Ala Ser Pro	Pro Thr Val Ser
	195	200	205
Phe Pro Gly Ala	Tyr Lys Ala Thr	Asp Pro Gly Ile	Leu Val Asn Ile
	210	215	220
His Ala Pro Leu	Ser Gly Tyr Thr	Val Pro Gly Pro	Ala Val Tyr Ser
	225	230	235
Gly Gly Ser Thr	Lys Lys Ala Gly	Ser Ala Cys Thr	Gly Cys Glu Ser
	245	250	255
Thr Cys Ala Val	Gly Ser Gly Pro	Thr Ala Thr Val	Ser Gln Ser Pro
	260	265	270

Gly Ser Thr Ala Thr Ser Ala Pro Gly Gly Gly Gly Gly Cys Thr Val
275 280 285

Gln Lys Tyr Gln Gln Cys Gly Gly Glu Gly Tyr Thr Gly Cys Thr Asn
290 295 300

Cys Ala Ser Gly Ser Thr Cys Ser Ala Val Ser Pro Pro Tyr Tyr Ser
305 310 315 320

Gln Cys Val

<210> 23
<211> 1253
<212> ADN
<213> Myceliophthora thermophila

<400> 23
atgaagcctt ttagectegt cgcctctggc aacgacgtga ggggcatgc catcttcag 60
gggtgttgg toaacggga ggaacagggc cagctcaagg ggggtcgggc gccgtcagc 120
aactccccga tccagAACgt caacgatgc aacatggcct gdaaagcaaa dattgtgtac 180
caccagacga ccatcatcaa ggtgacccgc ggagacccgc toggcgggtg gtggcagcac 240
gtcatcgggc ggcgggaagg cgcacacgac cgggacacac cgtacgggc ctcacacag 300
ggcatgatga tcatgatgc ctctctcttc ccccgctctt gatggacagg cgtatggctc 360
caggacacag cgtgactgac caccgactcc aggcacacac caggtctaac tggcacaagt 420
ggacacacgc ggcacggcgt cgcctctggc cctcaggtgg ttcaaggtgg cggagcgggc 480
cctgaacaa cgggtgttgg cgtcagatga gctcatcgcc aacacggcgt ggcactactt 540
cgaactgacg tctgtgttgg ccccgggcga gtacctgat cgggtcagag tctctgcct 600
gcacagcgc tcaagccccc ggggacccca gttctacatg ggttgcgcac agatogaagg 660
tgctcagatc ttgtctctcc ttcctgtctc tctctgacac tttctctctt cttctctctt 720
cttttactcc ctttctctcc atcttoggag aagcaacgaa ggggggaaag gatagaaag 780
aggaatgaga gaagagaaa gagaggattg gggaaagaca agacagggaa aaaaagaca 840
gaaaaaa aaaaaaa aacagagtga gctaacaaaga acaatcagtc actggctccg 900
gcacaaactc ggggtcagac tttgtctctg tcccgggcgc ctactcggcc aacgatccgg 960
gcctcttctt aagcatctac gacagctcgg gaaagccac caaagggggg cgtctgtacc 1020
cgatccccgg ccccgccccc atctctctgt cgggacgggc cgaaggggc aacacgggc 1080
ggggcggcga cgaacacaa aataacaaag gttgttggaa caaagggcgc ggggggggcg 1140
gcagcgtccc cctgtacggg cagtgggggc gcctcggcta caggggccc accactgtg 1200
cccagggaac ttgcaagggt tgaacgaat actacagcaa gtgctctccc tag 1253

<210> 24
<211> 310

<212> PRT

<213> Myceliophthora thermophila

<400> 24

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

Lys Pro Thr Asn Gly Gly Arg Ser Tyr Pro Ile Pro Gly Pro Arg Pro
225 230 235 240

Ile Ser Cys Ser Gly Ser Gly Asp Gly Gly Asn Asn Gly Gly Gly Gly
245 250 255

Asp Asp Asn Asn Asn Asn Asn Gly Gly Gly Asn Asn Gly Gly Gly Gly
260 265 270

Gly Gly Ser Val Pro Leu Tyr Gly Gln Cys Gly Gly Ile Gly Tyr Thr
275 280 285

Gly Pro Thr Thr Cys Ala Gln Gly Thr Cys Lys Val Ser Asn Glu Tyr
290 295 300

Tyr Ser Gln Cys Leu Pro
305 310

<210> 25

<211> 814

<212> ADN

<213> Myceliophthora thermophila

<400> 25

```
atgaagctct cctctctctc cgtctctggcc actgacctca cagtcgaggg goactgcoato 60
ttccagaagg tctcagtcac cggagcggac cagggctccc tcaccggcct ccgcgctccc 120
aaccaacaca accccgtgca ggatgtcaac agccaggaca tgatctgcgg ccagtcggga 180
tcgacgtcga aaactatcat agaggtcaag gcggcgata ggatcgggtc ctggtatcag 240
catgtcatcg gcggtgcaca gttccccaad gacccagaca aoccgattgc oagtcgcac 300
aagggccccc tcatggcta cctcgccaag gttgacaatg ccgcacccgc cagcaagacg 360
ggcctgaagt ggtatgtatt cccgcggccc gagggaatc cgggtgggca agtcgagact 420
gacggagctc gcttctcagt ataggttcaa gatttgggag gataccttta atcccgcac 480
caagacotgg ggtgtcgaca acctcatcaa taacacgggc tgggtgtact tcaactccc 540
gcagtgcato gcgacgggca actacctct cccgctcgag gtcctcgctc tgcactcggc 600
ctaactctag ggocaggcto agttctacca gtcctgcgcc cagatcaacg tatccggcgg 660
cggctccttc acaccgcct cgaactgtac ctcccccggg gcctacagcg ccagcgaccc 720
cggtatcctg atcaacatct acggcgccac cggccagccc gacaaacacg gccagccgta 780
cactgcccct gggcccgagg ccattctctg ctga 814
```

<210> 26

<211> 246

<212> PRT

<213> Myceliophthora thermophila

<400> 26

Met Lys Leu Ser Leu Phe Ser Val Leu Ala Thr Ala Leu Thr Val Glu
1 5 10 15

Gly His Ala Ile Phe Gln Lys Val Ser Val Asn Gly Ala Asp Gln Gly
20 25 30

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

Val Asn Ser Gln Asp Met Ile Cys Gly Gln Ser Gly Ser Thr Ser Asn
50 55 60

Thr Ile Ile Glu Val Lys Ala Gly Asp Arg Ile Gly Ala Trp Tyr Gln
65 70 75 80

His Val Ile Gly Gly Ala Gln Phe Pro Asn Asp Pro Asp Asn Pro Ile
85 90 95

Ala Lys Ser His Lys Gly Pro Val Met Ala Tyr Leu Ala Lys Val Asp
100 105 110

Asn Ala Ala Thr Ala Ser Lys Thr Gly Leu Lys Trp Phe Lys Ile Trp
115 120 125

Glu Asp Thr Phe Asn Pro Ser Thr Lys Thr Trp Gly Val Asp Asn Leu
130 135 140

Ile Asn Asn Asn Gly Trp Val Tyr Phe Asn Leu Pro Gln Cys Ile Ala
145 150 155 160

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

Tyr Ser Gln Gly Gln Ala Gln Phe Tyr Gln Ser Cys Ala Gln Ile Asn
180 185 190

Val Ser Gly Gly Gly Ser Phe Thr Pro Pro Ser Thr Val Ser Phe Pro
195 200 205

Gly Ala Tyr Ser Ala Ser Asp Pro Gly Ile Leu Ile Asn Ile Tyr Gly
210 215 220

Ala Thr Gly Gln Pro Asp Asn Asn Gly Gln Pro Tyr Thr Ala Pro Gly
225 230 235 240

Pro Ala Pro Ile Ser Cys
245

<210> 27

<211> 1115

<212> ADN

<213> Thermoascus aurantiacus

<400> 27

atgtcgttct cgaagattgc tgcgatoaac ggggdoatta ootatgogto tctggocgoc	60
gctcaccggtt atgttacagg aatogtagcc gatggcacct agtatgtaac gctcatgcc	120
agatcogcat tgotgtacta acaattagca gctacggggg ctatatcgtg acccaatacc	180
ootacatgtc gacacggcgg gatgtcatcg cctggctctac caaagcaact gatottggtt	240
tctgtgated cagttagctat gottogtctg atattatctg ccacaagggt gctgagcctg	300
gtgcotgag cggcaagggt gctgotggag ggaacgtcga gctgcagtg acggattggc	360
ctgagagtc aaggggcccg gtcattgact acctgcgcgc ctgtaacggg gactgctcga	420
ctgtogacaa gaccaaacta gagtctctca agattgatga gagtggccta attgacggca	480
gcagcgcccc aggcacatgg gctcttgaca acctgattgc caataacaa agotggacgc	540
toaccatccc gagcacgatt gctcccgcca acctatgtct gagacatga atcattgcc	600
tccactocgo cggaaataca aatggtgctc agaactacc ccagtgtctc accottgagg	660
tcacaggcag tggcaccgac acctctgccc gcaacotcgg aaoggagott tataaggcaa	720
cggaccctgg cattctggtc accatctacc agaccctgac cagctacgat attcogggoc	780
ctgctctgta caccgggtgg agctctggta gctctggctc ctccaacacc gccaaaggcca	840
ccacttcgac ggtctctaga totatcgtga ccccgacgcc tgttaacaa ccaaccgtta	900
ctcagactgc cgttgttgat gtcacccaga ctgtttccca gaatgotgcc gtcggcacca	960
cgactccggc ctocactgaa gttgctacag ctgtcccaac gggaaaccac tttagctttg	1020
attogatgac ctgggatgaa ttctgcagcc tgatggctgc gaccgtgaat tgggtgcttt	1080
ctaaccaaga gcatgcacgg gatctttctt actaa	1115

5 <210> 28
 <211> 354
 <212> PRT
 <213> Thermoascus aurantiacus

10 <400> 28

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

Ser Leu Ala Ala Ala His Gly Tyr Val Thr Gly Ile Val Ala Asp Gly
20 25 30

Thr Tyr Tyr Gly Gly Tyr Ile Val Thr Gln Tyr Pro Tyr Met Ser Thr
35 40 45

Pro Pro Asp Val Ile Ala Trp Ser Thr Lys Ala Thr Asp Leu Gly Phe

50	55	60
Val Asp Pro Ser Ser Tyr Ala Ser Ser Asp Ile Ile Cys His Lys Gly 65 70 75 80		
Ala Glu Pro Gly Ala Leu Ser Ala Lys Val Ala Ala Gly Gly Thr Val 85 90 95		
Glu Leu Gln Trp Thr Asp Trp Pro Glu Ser His Lys Gly Pro Val Ile 100 105 110		
Asp Tyr Leu Ala Ala Cys Asn Gly Asp Cys Ser Thr Val Asp Lys Thr 115 120 125		
Lys Leu Glu Phe Phe Lys Ile Asp Glu Ser Gly Leu Ile Asp Gly Ser 130 135 140		
Ser Ala Pro Gly Thr Trp Ala Ser Asp Asn Leu Ile Ala Asn Asn Asn 145 150 155 160		
Ser Trp Thr Val Thr Ile Pro Ser Thr Ile Ala Pro Gly Asn Tyr Val 165 170 175		
Leu Arg His Glu Ile Ile Ala Leu His Ser Ala Gly Asn Thr Asn Gly 180 185 190		
Ala Gln Asn Tyr Pro Gln Cys Ile Asn Leu Glu Val Thr Gly Ser Gly 195 200 205		
Thr Asp Thr Pro Ala Gly Thr Leu Gly Thr Glu Leu Tyr Lys Ala Thr 210 215 220		
Asp Pro Gly Ile Leu Val Asn Ile Tyr Gln Thr Leu Thr Ser Tyr Asp 225 230 235 240		
Ile Pro Gly Pro Ala Leu Tyr Thr Gly Gly Ser Ser Gly Ser Ser Gly 245 250 255		
Ser Ser Asn Thr Ala Lys Ala Thr Thr Ser Thr Ala Ser Ser Ser Ile 260 265 270		
Val Thr Pro Thr Pro Val Asn Asn Pro Thr Val Thr Gln Thr Ala Val 275 280 285		
Val Asp Val Thr Gln Thr Val Ser Gln Asn Ala Ala Val Ala Thr Thr 290 295 300		
Thr Pro Ala Ser Thr Ala Val Ala Thr Ala Val Pro Thr Gly Thr Thr 305 310 315 320		

Phe Ser Phe Asp Ser Met Thr Ser Asp Glu Phe Val Ser Leu Met Arg
325 330 335

Ala Thr Val Asn Trp Leu Leu Ser Asn Lys Lys His Ala Arg Asp Leu
340 345 350

Ser Tyr

<210> 29

<211> 862

<212> ADN

<213> Aspergillus fumigatus

<400> 29

```

atgactttgt cccagatcac ttccattgct ggccttcttg cctcagcgtc tctcgtggt 60
ggccacgggt ttgtttcttg oattgttgc gatgggaat agtatgtgt tgaaccacac 120
aatgacagc tgcacacgct aactttctat ccagttacgg agggtaacct gttaaccaat 180
acccctacat gagcaaccc cccgacacca ttgcctggtc caccacggcc accgacctcg 240
gttttctgga cggcacgggc taccagtctc cggatattat ctgccacaga gacgcaaga 300
atggcaagtt gaccgcaacc gttgcagccg gttcacagat cgaattccag tggacgacgt 360
ggcagagtc tcaccatgga ccggtacgac gccgaagaga agagaacata ttgtgacac 420
ataggctaac atagcatagt tgattactta cctcgtctca tgcacggcg actgtgccac 480
cgtggacaag aacacccctga agtttgcac gatcgccgt caaggcttga tcgacggctc 540
caacccacct ggtgtttggg ctgatgatga aatgatcgc aacacacaca cggccacagt 600
gacacattct gctcctatg cccccggaaa ctacgtcctt cggcagaga tcctgcacct 660
tcaactctgc ggtaacctga aaggcgcgca gaactacccc cagtgtttca acatcccaat 720
caccgggtgc ggcagtctc agggatctgg caccgctggc acgtccctgt acacgaatac 780
tgatcctggc atcagtttg acatctactc gcatctgaga ggtggatada ctattcctgg 840
tcctgcactg ttccacgctt aa 862

```

<210> 30

<211> 250

<212> PRT

<213> Aspergillus fumigatus

<400> 30

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

<210> 31

<211> 1021

<212> ADN

<213> Penicillium pinophilum

<400> 31

atgccttcta	ctaaagtcgc	tgccctttct	gctgtttctag	ctttggcctc	caaggttgt	60
ggccatggtt	ttgtgcaaaa	catcgtttatc	gacggttaast	cgtaagcagt	gatgcaccca	120
ttattaaaat	agaaatgctt	adaaaaaat	cagttactct	ggataccttg	tgaatcagtt	180
ccoctacgag	tccaacccao	cagctgttat	tgggtgggca	acaactgcac	ccgacctggg	240
atcgttcgct	cccagtgagt	acaccaatgc	agacattatc	tgcccaaga	acgcaacacc	300
tggcgcgctt	totgctcaag	ttgctgaagg	gggcaotgtc	gagctccagt	ggactacatg	360
gcccgatagt	catcacggtc	ctgtcatcag	ctacctcgcc	actgcacatg	gcaattgttc	420
tacogtggat	aagactaagc	tagactttgt	caagattgac	caaggtgggt	tgtcgcacga	480
tactaccccc	ccgggtacat	gggttcgga	caactttatc	gctgcacaca	acagctggac	540
tgtactatc	ccctccacca	tgcgcctgg	aaactaagtt	ttgcgcacag	aaatcattgc	600
totcactctc	gctgggaaag	cagacggtgc	ccaaaactac	ctcactgca	tcaacttggc	660
gatcacccgc	agcggaacgc	ccgtccctc	tggtaaccgt	ggcgaaaagc	tctacacctc	720
tactgacccc	ggtatcttgg	tcaatctctc	ccactccttg	tgcacctacg	ttattccggg	780
accaactctg	tggagcggtg	ctgcacatgg	cgtgtttgac	actggttctg	ctactgcggt	840
tgtacagact	gcaactgctt	ctgggaacgc	tactcctaac	aaacttgcta	cctctgtcgc	900
tccagcttca	tctacctttg	ccactgctgt	tgtgaccact	gtcgtcctcg	cagtactgca	960
tgtcgtgact	gtacacgatg	tagttacogt	gacacacgto	atoaacacta	ctgtcctttg	1020
5	a					1021

<210> 32

<211> 322

<212> PRT

10 <213> Penicillium pinophilum

<400> 32

Met	Pro	Ser	Thr	Lys	Val	Ala	Ala	Leu	Ser	Ala	Val	Leu	Ala	Leu	Ala
1				5				10					15		
Ser	Thr	Val	Ala	Gly	His	Gly	Phe	Val	Gln	Asn	Ile	Val	Ile	Asp	Gly
		20					25					30			
Lys	Ser	Tyr	Ser	Gly	Tyr	Leu	Val	Asn	Gln	Phe	Pro	Tyr	Glu	Ser	Asn
	35					40						45			
Pro	Pro	Ala	Val	Ile	Gly	Trp	Ala	Thr	Thr	Ala	Thr	Asp	Leu	Gly	Phe
	50					55					60				
Val	Ala	Pro	Ser	Glu	Tyr	Thr	Asn	Ala	Asp	Ile	Ile	Cys	His	Lys	Asn
65					70					75					80
Ala	Thr	Pro	Gly	Ala	Leu	Ser	Ala	Pro	Val	Ala	Ala	Gly	Gly	Thr	Val
			85					90						95	

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

Val Leu

<210> 33
 <211> 1486
 <212> ADN
 <213> Thermoascus sp.

<400> 33

```

atgtttgttgt tggcttttgtt caagtcagot gtgtgtgaoga coottctact tcttggtacc 60
gctoaggctc acacttttgat gaccacccctg tttgtggatg gcttcmatca gggagatggt 120
gtctgtatctt gcatgaacaa caacggtagt actgccacca cctatatoca gcttctoadg 180
agcaaggata ttgctgtcgg taagtacagt accggtccag atactctact ctatttcmat 240
ccgacacacag tcagagctgg agagcaatgc taacatccc caggcatcca aggcgaatt 300
ggcgccgctc gagtctgtcc agcacaaggct toatccaccc toagttcca attccgagag 360
cagccatcca acccgattc cgtctctctc gctccctcgc caaaggcccc cgttgcgggtg 420
taoctgaaaa aggtagaactt ogocatcgog agcaacaacg ccgctggaga cggctgggtc 480
aagatctggg agtccgtcta cgaagagtc accgggcaatt ggggtacgac caagatgmc 540
gagaacacag ggcacatctc tgtcaaggto ccgaacgata tcgagggtgg gtattatctc 600
gogcgtacgg agcttctggc gctgcacgcg gcgaacgag gggatccga gttctacgtt 660
ggctgcccgc agctgttcat cgttccgcg gggacagoga aacccgctac tgtctctatt 720
ggagagggga cctacgattt gaggatgoot gcoatgaagt acaatatcta ccagactccg 780
ttggctctac oataccogat gtatgggct cctgtctaca cactggctc tggctcgggt 840
tctggctctg gttccgggtt agottctgca aogagatctt ctgctattcc tactgccacc 900
gctgttacgg actgttcttc cgaagagggc agggagagct cagtcatggg aacccgtgtt 960
cccgttgcaa gaagcacact cagaacctgg gttgacagac tgtcatggca tggtaaggcc 1020
cgtgagaaag tgaacccaga cgcagagaga agcgccttg toagaccga gggctctgag 1080
ccggaaggct gcatctctgt caacggcaac tgggtcgggt tcgaggctcc cgttaccac 1140
gatgaggaaa gctgctgggc tgtacgttcc cgtctaatc cttaaaacga aataaaagct 1200
aacagtaott ttctttttct aatcccggc ctccgacac tgotggaaac agtccgaact 1260
gtgctgggac cagacccagc cccccggct caacacatgc cagatctggc aagaccagaa 1320
atgcaagccc atccaggact cgtgtagcca atccaaaccc actggaccgc cgaacaagg 1380
caaggatata actccaaagt ggcgcgccct ggagggtctg atgaagact tcacccagcg 1440
caatgtcagt taccgtgatt ggattatgaa aaggaaagga gcatna 1486

```

<210> 34

<211> 444

<212> PRT

<213> Thermoascus sp.

<400> 34

Met Leu Ser Phe Ala Ser Ala Lys Ser Ala Val Leu Thr Thr Leu Leu
 1 5 10 15

Leu Leu Gly Ser Ala Gln Ala His Thr Leu Met Thr Thr Leu Phe Val

20					25					30									
Asp	Gly	Val	Asn	Gln	Gly	Asp	Gly	Val	Cys	Ile	Arg	Met	Asn	Asn	Asn				
35					40					45									
Gly	Ser	Thr	Ala	Asn	Thr	Tyr	Ile	Gln	Pro	Val	Thr	Ser	Lys	Asp	Ile				
50					55					60									
Ala	Cys	Gly	Ile	Gln	Gly	Glu	Ile	Gly	Ala	Ala	Arg	Val	Cys	Pro	Ala				
65					70					75					80				
Lys	Ala	Ser	Ser	Thr	Leu	Thr	Phe	Gln	Phe	Arg	Glu	Gln	Pro	Ser	Asn				
85					90					95									
Pro	Asn	Ser	Ala	Pro	Leu	Asp	Pro	Ser	His	Lys	Gly	Pro	Ala	Ala	Val				
100					105					110									
Tyr	Leu	Lys	Lys	Val	Asp	Ser	Ala	Ile	Ala	Ser	Asn	Asn	Ala	Ala	Gly				
115					120					125									
Asp	Gly	Trp	Phe	Lys	Ile	Trp	Glu	Ser	Val	Tyr	Asp	Glu	Ser	Thr	Gly				
130					135					140									
Lys	Trp	Gly	Thr	Thr	Lys	Met	Ile	Glu	Asn	Asn	Gly	His	Ile	Ser	Val				
145					150					155					160				
Lys	Val	Pro	Asp	Asp	Ile	Glu	Gly	Gly	Tyr	Tyr	Leu	Ala	Arg	Thr	Glu				
165					170					175									
Leu	Leu	Ala	Leu	His	Ala	Ala	Asn	Glu	Gly	Asp	Pro	Gln	Phe	Tyr	Val				
180					185					190									
Gly	Cys	Ala	Gln	Leu	Phe	Ile	Asp	Ser	Ala	Gly	Thr	Ala	Lys	Pro	Pro				
195					200					205									
Thr	Val	Ser	Ile	Gly	Glu	Gly	Thr	Tyr	Asp	Leu	Ser	Met	Pro	Ala	Met				
210					215					220									
Thr	Tyr	Asn	Ile	Tyr	Gln	Thr	Pro	Leu	Ala	Leu	Pro	Tyr	Pro	Met	Tyr				
225					230					235					240				
Gly	Pro	Pro	Val	Tyr	Thr	Pro	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly				
245					250					255									
Ser	Gly	Ser	Ala	Ser	Ala	Thr	Arg	Ser	Ser	Ala	Ile	Pro	Thr	Ala	Thr				
260					265					270									
Ala	Val	Thr	Asp	Cys	Ser	Ser	Glu	Glu	Asp	Arg	Glu	Asp	Ser	Val	Met				
275					280					285									

Ala Thr Gly Val Pro Val Ala Arg Ser Thr Leu Arg Thr Trp Val Asp
290 295 300

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

Arg Arg Ser Ala Leu Val Gln Thr Glu Gly Leu Lys Pro Glu Gly Cys
325 330 335

Ile Phe Val Asn Gly Asn Trp Cys Gly Phe Glu Val Pro Asp Tyr Asn
340 345 350

Asp Ala Glu Ser Cys Trp Ala Ala Ser Asp Asn Cys Trp Lys Gln Ser
355 360 365

Asp Ser Cys Trp Asn Gln Thr Gln Pro Thr Gly Tyr Asn Asn Cys Gln
370 375 380

Ile Trp Gln Asp Gln Lys Cys Lys Pro Ile Gln Asp Ser Cys Ser Gln
385 390 395 400

Ser Asn Pro Thr Gly Pro Pro Asn Lys Gly Lys Asp Ile Thr Pro Thr
405 410 415

Trp Pro Pro Leu Glu Gly Ser Met Lys Thr Phe Thr Lys Arg Thr Val
420 425 430

Ser Tyr Arg Asp Trp Ile Met Lys Arg Lys Gly Ala
435 440

<210> 35

<211> 835

<212> ADN

<213> Penicillium sp.

<400> 35


```

atgctgttctt cgaagactcg caccctcgcc tttaaggcc ttgggggact tatgtacgt 60
ccctctgtca agggccatgg ctttgtccag ggcattgtca tgggtgacca attgtaagtc 120
cctctcttgc agttctgtcg attaatgtgt ggaattgttg attgactccc tgcagactcc 180
caacagctac agcgggtaca tcgtcaactc gttcccttac gaatccacc caccctccgt 240
cctcggttgg gccaagaccc ccacagaccc ggggttctgc gacggcacag gataccagg 300
cccgagctac atctgcccac ggagtgcgac gcccgcgcgc ctgacagccc ccgtggccgc 360
gggggggacc gtctgagctgc agtggacgac gttggcggac agccacacag gaccctcat 420
cacttaactg gggcgtgca acggcaactg ctgacccgc gacaagagca cgtcggagt 480
cttcaagatc gaccagcagg gctgcatoga cgaacagagc ccggcgggca cctgggctgc 540
ggacaacctc atcgccacc acaatagctg gacggtcac attcccaaca gctcggccc 600
cggcmaactac gtcctgcgcc acgagatcat cgcctgcac tcggccacca caagggagg 660
cgccacagac taccctccgt gcatcaactc cgaagtcacg gggggcggct ccgacgcgcc 720
tgagggtact ctgggcgagg atctctacca tgacacagac cggggcattc tggtagaat 780
ttacgagccc attgagacgt ataccattcc ggggcgcct gagccgacgt tatag 835

```

<210> 36

<211> 253

<212> PRT

<213> Penicillium sp.

<400> 36

5

Met Leu Ser Ser Thr Thr Arg Thr Leu Ala Phe Thr Gly Leu Ala Gly
1 5 10 15

Leu Leu Ser Ala Pro Leu Val Lys Ala His Gly Phe Val Gln Gly Ile
20 25 30

Val Ile Gly Asp Gln Phe Tyr Ser Gly Tyr Ile Val Asn Ser Phe Pro
35 40 45

Tyr Glu Ser Asn Pro Pro Pro Val Ile Gly Trp Ala Thr Thr Ala Thr
50 55 60

Asp Leu Gly Phe Val Asp Gly Thr Gly Tyr Gln Gly Pro Asp Ile Ile
65 70 75 80

Cys His Arg Asn Ala Thr Pro Ala Pro Leu Thr Ala Pro Val Ala Ala
85 90 95

Gly Gly Thr Val Glu Leu Gln Trp Thr Pro Trp Pro Asp Ser His His
100 105 110

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

Val Asp Lys Thr Thr Leu Glu Phe Phe Lys Ile Asp Gln Gln Gly Leu
130 135 140

Ile Asp Asp Thr Ser Pro Pro Gly Thr Trp Ala Ser Asp Asn Leu Ile
145 150 155 160

Ala Asn Asn Asn Ser Trp Thr Val Thr Ile Pro Asn Ser Val Ala Pro
165 170 175

Gly Asn Tyr Val Leu Arg His Glu Ile Ile Ala Leu His Ser Ala Asn
180 185 190

Asn Lys Asp Gly Ala Gln Asn Tyr Pro Gln Cys Ile Asn Ile Glu Val
195 200 205

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

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

Ala Thr Tyr Thr Ile Pro Gly Pro Pro Glu Pro Thr Phe
245 250

<210> 37
<211> 977
<212> ADN
<213> Thielavia terrestris

<400> 37

```

atgaagctgt catcccagct cgcgcgcctc aagctggcgc cggcctccgt gtcaggccac      60
tacatcttgc agcagattgc caatggcggc accaagttcc cacttacga gtacatccga      120
agaaacacga actataacag cctgtccacc agtctctcgt cgaacgacgt ggcaggaac      180
gtaggcggcg agacggctgg caacaagacg gtcctcgacg tgaaggcggg cgactccttc      240
aacttctact cggacgtggc cgtgtaccac caggggcaca tctcactgtg cgtgcccggg      300
gccaaactttg atcagtcaca agcggactgt ccgctccgct ggataaccac aattgactga      360
cagcccggaac agctacatgt ccaaggctcc cggctccgtc gtggactacg accgctcggg      420
cgactcgttc aagatccacg actggggccc gaccttcagc aacggccagg cctcgtggcc      480
gctcgggggt gcgtcccttc ccttccctc ccccttcctc ccccttcctc ccccttcctc      540
cccccttttc tgtctggctg caagcctcgc tgaagtcacc gtagacact accagtaaca      600
catcccgacg tgcctccgga acggcgagta cctgctgcgc atccagtcgc tggcgatcca      660
caacccgggc gccacgcgcg agttctacat cagctgcgcg caggctccgg tctcgggggg      720
cggcagcgcc tccccctccc caacggccaa gatcccggcg gcgttcgaag cgaacgatcc      780
cgggtatacc ggcactgtga gtgccttatg ttccttcgca tccttcttcc ttgctccttg      840
ctcggcgctg ttgaacgcta cgggctgtgg agggagggat gcatggatga ataggatgct      900
gactgatggt ggcacacacg atttacaata acttccactc gtatacggtg cggggtccgg      960
cggtctttca gtgctag                                     977

```

<210> 38
 <211> 223
 <212> PRT
 <213> Thielavia terrestris

<400> 38

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

<210> 39

<211> 878

<212> ADN

<213> Thielavia terrestris

<400> 39

```

atgaagttot cactgggtgtc tetggtgggt tacgggctct cggtegagge gcaatccatc      60

ttccaggttc gtctcgcaaa tcaagctcaa ctgggctcgt ggcgttaagg caaggattaa      120
cacggccggg agagagttct ggtcaacggg caagaccag gctgctcac cggcctccgc      180
gtcccaagca acaacaaccc agtgaagat gtcacagcc agaactgat ttggggccag      240
tggggctcaa agtcgcagac cgttatcaac gtcaggcccg gcgacaggat cggctcgtc      300
tggcagcatg tctcggcgg cgcacagttt tggggtgac cggacaaccc gatgcccaac      360
tcgcacaggg gcccctgat ggcgtacott gtaaggtcg acaatgccc gtccgcgagc      420
caaacgggtc tgaagtggta agtaggggc gacgctcagg ggacggggat cgggggctg      480
ctccatccga gactaacacc gtggacaggt toaagatctg gcaggacggg ttcgatacca      540
gcagcaagac atggggcgtc gacaacctga taagaccaa cggctgggtg taattcaac      600
tgcgcagtg cctcgtccg ggcagttat tctgcccgt cgaagttctg gcgctgcaat      660
cggcgtacca gcaggccag gcccagttot aacagtctg cggccagatc aacgtctcc      720
gtccgggtc cttcagccc tccagacgg taagcatccc gggcgtctac agcgcaccc      780
accogagcat cctcatcaac atctacggc gacggggca gcccgacac ggccggcagg      840
cttacaaccc cctgggccc gcccgatct cotgctga      878

```

5

<210> 40
 <211> 246
 <212> PRT
 <213> Thielavia terrestris

 <400> 40

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

Ala His Ser Ile Phe Gln Arg Val Ser Val Asn Gly Gln Asp Gln Gly
20 25 30

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

Val Asn Ser Gln Asn Met Ile Cys Gly Gln Ser Gly Ser Lys Ser Gln
50 55 60

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

His Val Ile Gly Gly Ala Gln Phe Ser Gly Asp Pro Asp Asn Pro Ile
85 90 95

Ala His Ser His Lys Gly Pro Val Met Ala Tyr Leu Ala Lys Val Asp
100 105 110

Asn Ala Ala Ser Ala Ser Gln Thr Gly Leu Lys Trp Phe Lys Ile Trp
115 120 125

Gln Asp Gly Phe Asp Thr Ser Ser Lys Thr Trp Gly Val Asp Asn Leu
130 135 140

Ile Lys Asn Asn Gly Trp Val Tyr Phe His Leu Pro Gln Cys Leu Ala
145 150 155 160

Pro Gly Gln Tyr Leu Leu Arg Val Glu Val Leu Ala Leu His Ser Ala
165 170 175

Tyr Gln Gln Gly Gln Ala Gln Phe Tyr Gln Ser Cys Ala Gln Ile Asn
180 185 190

Val Ser Gly Ser Gly Ser Phe Ser Pro Ser Gln Thr Val Ser Ile Pro
195 200 205

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

Ser Thr Gly Gln Pro Asp Asn Gly Gly Lys Ala Tyr Asn Pro Pro Gly
225 230 235 240

Pro Ala Pro Ile Ser Cys
245

<210> 41
<211> 1253
<212> ADN

<213> Thielavia terrestris

<400> 41

atgaggacga	oattcgcgcgc	ogogttggga	goottcgctg	cgaggaagt	ggcaggccat	60
gcctatcttc	aacagctctg	ggtggacggc	accgactata	tacgtgctcc	ccttttcctt	120
ttgtgtttgc	ccatcctcga	ttgatacccc	gaggccatcc	aatgctgact	ottacagcac	180
ggctccctct	gcgtccgcct	gcgctgtctg	aatctgcctg	tcacgaacgt	cggcagcagg	240
gacatgatct	gcaacgcggg	cacgcgcgcc	gtcagcggga	agtgcctcgt	caaggccggc	300
ggcaccgtga	cggttcagat	gcacccaggtg	ggctgatttc	ctgagcgtcc	tattcctccc	360
ggaagccctt	ttccctctct	ttgcctctgg	taaccctccc	gcccctcccc	gcaaccgggg	420
gatcggctgt	gtaacaaaga	agccatcggc	ggcgcccaact	ggggaccggg	gcagggtgtc	480
ctcagcaagg	tggagggacc	gagcaccggc	gacgggtoga	ogggctgggt	caagatcttc	540
ggggacacgt	ggtccaaaga	ggcgggcaga	tcggtggggg	acgaagacaa	ctggggcaag	600
cgcgacctca	adcgctgctg	cgcgaagatg	caggtcaaga	tcctcgccga	cattccctctg	660
ggcgactacc	tgcctcgggg	ggaggcgctg	gcgctgcaca	cggcgggcca	ggtggggggc	720
gcgcagttct	acatgagctg	ctacccagatc	accgtgtctg	gcggcgggcg	cggcagcccg	780
gccaaccgtc	agttcccccg	cgcctcagag	gcacaaagac	cgggcatcca	cataaacatc	840
cacgcgggcc	tgctccacta	cgtcgcgcgc	ggcccgcccg	tctattccgg	cggcacgacc	900
aaggctggcc	ggtccgggtg	ccaaggctgc	gagaaacagt	gcaaggctgg	ctcgtcgcgc	960
acggcgagcg	gcgcgtcggg	caagagcggc	gggggttcgg	acggcgccgc	tgggaacgac	1020
ggcggtctct	cgtcttcgag	cccccgaacc	ggcagcgctg	gcagcgtgca	ggcctacggg	1080
oagtgccggc	ggaaagggtc	ctcgggttgc	acccagtgcc	cggtaagttc	ggggctcgtc	1140
gtctttttgt	ggaacatccg	agaggcttgg	ctgacgaggg	gttgttgtag	cccggtatata	1200
attgcaaggc	ggtctctccg	cgtactattt	cgaagtggcg	cccttctctc	tag	1253

<210> 42

<211> 334

<212> PRT

10 <213> Thielavia terrestris

<400> 42

Met Arg Thr Thr Phe Ala Ala Ala Leu Ala Ala Phe Ala Ala Gln Glu
1 5 10 15

Val Ala Gly His Ala Ile Phe Gln Gln Leu Trp His Gly Ser Ser Cys
20 25 30

Val Arg Met Pro Leu Ser Asn Ser Pro Val Thr Asn Val Gly Ser Arg
35 40 45

Asp Met Ile Cys Asn Ala Gly Thr Arg Pro Val Ser Gly Lys Cys Pro
50 55 60

Val Lys Ala Gly Gly Thr Val Thr Val Glu Met His Gln Gln Pro Gly
65 70 75 80

Asp Arg Ser Cys Asn Asn Glu Ala Ile Gly Gly Ala His Trp Gly Pro
85 90 95

Val Gln Val Tyr Leu Ser Lys Val Glu Asp Ala Ser Thr Ala Asp Gly
100 105 110

Ser Thr Gly Trp Phe Lys Ile Phe Ala Asp Thr Trp Ser Lys Lys Ala
115 120 125

Gly Ser Ser Val Gly Asp Asp Asp Asn Trp Gly Thr Arg Asp Leu Asn
130 135 140

Ala Cys Cys Gly Lys Met Gln Val Lys Ile Pro Ala Asp Ile Pro Ser
145 150 155 160

Gly Asp Tyr Leu Leu Arg Ala Glu Ala Leu Ala Leu His Thr Ala Gly
165 170 175

Gln Val Gly Gly Ala Gln Phe Tyr Met Ser Cys Tyr Gln Ile Thr Val
180 185 190

Ser Gly Gly Gly Ser Ala Ser Pro Ala Thr Val Lys Phe Pro Gly Ala
195 200 205

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

Ser Asn Tyr Val Ala Pro Gly Pro Ala Val Tyr Ser Gly Gly Thr Thr
225 230 235 240

Lys Val Ala Gly Ser Gly Cys Gln Gly Cys Glu Asn Thr Cys Lys Val
245 250 255

Gly Ser Ser Pro Thr Ala Thr Ala Pro Ser Gly Lys Ser Gly Ala Gly
260 265 270

Ser Asp Gly Gly Ala Gly Thr Asp Gly Gly Ser Ser Ser Ser Ser Pro
275 280 285

Asp Thr Gly Ser Ala Cys Ser Val Gln Ala Tyr Gly Gln Cys Gly Gly
290 295 300

Asn Gly Tyr Ser Gly Cys Thr Gln Cys Ala Pro Gly Tyr Thr Cys Lys
305 310 315 320

Ala Val Ser Pro Pro Tyr Tyr Ser Gln Cys Ala Pro Ser Ser
325 330

<210> 43

<211> 798

5 <212> ADN

<213> Thielavia terrestris

<400> 43

atgaagotga gcggttgcac cgcctgtctg gcgctggctc ttgdcgagga tcaactgtgag	60
tgcctcgtct cactccagct actgcgaaga ttgotgacga tggteccctag acactctccc	120
cagcatcgga aacacdcgtg actggcagta tgtgoggatt acaacgaact accagagcaa	180
cgggccggtg acgagcgtca cctcggatca atttcggtgc tacgaacgga acccaggcac	240
gggagcgcag ggcataatac aggtcacdgc cggccagacc atcaactaca acgcgaaggc	300
gtccatctcc caccgggggc ccatgtcctt ctacattgtt aaggttcccg ccggccaaac	360
cgctgcgacc tgggaaggta agggggctgt gtggaccag atctaccagg acatgccca	420
gttcggcagc agcctgacct gggccacctt gggtaagaat tctcaacctg gaaatgaacg	480
cacatcttga cagatctaac atggcctaca gggcgcaagt ctgtccctgt caccatcct	540
cgttgcctcc agaacggcga ttacctcttg cagagccgag acatcgtctt acacaggcgg	600
agcagcgtcg gtggcgcccc gttctacctc tegtgcgccc agcttactgt cagcggcggc	660
agtggcactt ggaaccccaa gaacggggtc tccctccccc ggccttaca ggcaaccgac	720
ccgggcacct tgatcacat ctactacccc gtgcgcaaca gtaactggc gcccgggccc	780
ccggctgaga cgtgctaa	798

<210> 44

<211> 227

<212> PRT

<213> Thielavia terrestris

<400> 44

5

Met Lys Leu Ser Val Ala Ile Ala Val Leu Ala Ser Ala Leu Ala Glu
1 5 10 15

Ala His Tyr Thr Phe Pro Ser Ile Gly Asn Thr Ala Asp Trp Gln Tyr
20 25 30

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

Thr Ser Asp Gln Ile Arg Cys Tyr Glu Arg Asn Pro Gly Thr Gly Ala
50 55 60

Gln Gly Ile Tyr Asn Val Thr Ala Gly Gln Thr Ile Asn Tyr Asn Ala
65 70 75 80

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

Val Pro Ala Gly Gln Thr Ala Ala Thr Trp Asp Gly Lys Gly Ala Val
100 105 110

Trp Thr Lys Ile Tyr Gln Asp Met Pro Lys Phe Gly Ser Ser Leu Thr
115 120 125

Trp Pro Thr Met Gly Ala Lys Ser Val Pro Val Thr Ile Pro Arg Cys
130 135 140

Leu Gln Asn Gly Asp Tyr Leu Leu Arg Ala Glu His Ile Ala Leu His
145 150 155 160

Ser Ala Ser Ser Val Gly Gly Ala Gln Phe Tyr Leu Ser Cys Ala Gln
165 170 175

Leu Thr Val Ser Gly Gly Ser Gly Thr Trp Asn Pro Lys Asn Arg Val
180 185 190

Ser Phe Pro Gly Ala Tyr Lys Ala Thr Asp Pro Gly Ile Leu Ile Asn
195 200 205

Ile Tyr Tyr Pro Val Pro Thr Ser Tyr Ser Pro Pro Gly Pro Pro Ala
210 215 220

Glu Thr Cys
225

<210> 45
<211> 1107
<212> ADN
<213> Thielavia terrestris
<400> 45

```

atgccttctt tgcctccaa gactctctt tcaacctgg cgggtgcgc atcgtggc 60
gccacgggc adgtgtgaa catogtcat aacgggtct cgtaccagg ttacgatcc 120
acctctctt ottacatgca gaaccggcc atcgtggtc gctggactgc dggcgacacg 180
gacaaagggt ttgttgccc ggatgcctt gccagtggc atatcatct ccaacgac 240
gcaacaaag dcaagggcaa cgcgtggtc gcggggggg acaagatct catcaagtg 300
aacacatggc ccgagtccca ccacggccc gtcattgact aactogogag ctgoggcagc 360
gcgtctgag agacgtcga caagacaaag ctgagttot toaagatoga cgggtcggc 420
ctggtcgaag gdagctaggc gccgggtgt tgggggtccg accagtcct cgcacacac 480
aactcgtggc tcgtcagat cccggccca atcgcgagg gcaactaagt cctgagcaca 540
gagatcatcg cgtgcacag cgcggaaaac gccagggcg cccagaacta cccgcagtgc 600
ttcaacctgc agatcacgg caccggcac gccacccct cggcgctcc cggcacctcg 660
ctctacccc cgaaccgccc ggggattctc gtaaatct atagcgccc gatcacctac 720
accgtccgg gggggggct catctccgc gccgtcaga tggccagtc ctctccgca 780
atcacggct cgggcaaggc octgacggc tctgccacc caccggccc cgcgctgct 840
accacaaatt caaacacaa cgcgggggt gctgtacct ctgctgctgc tgcctgctg 900
aattocacaa caaccaccg cgcgggggc gtggtccaga cctctctct ctctctctc 960
gcccgtctt ctgcccgcg cgcggccac caaacgggg ctgcaaggcg cggcgggac 1020
ggctgctct ctggcgctc cagggaagag cggcgccgc acgcgggga tatggtggt 1080
gcggagggg ctgaggagg aaactga 1107

```

<210> 46

<211> 368

5 <212> PRT

<213> Thielavia terrestris

<400> 46

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

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

<210> 47
 <211> 993
 <212> ADN
 <213> Thielavia terrestris
 <400> 47

```

atgcgcgcgcgc cactccctca actcctaac accgtcctga ccgcctcac cctcgggttc 60
accgcctctg ccactcaca cctcgcgtac attatcgtta accgcaagct ctaccagggc 120
ttcgaccctg gcccgcccca ggcacaactac ccttcctcggg tcgggtgggc caccggcgcc 180
gtcgaccgacg gcttcgtcac gcgcgcacaa taactcacc ccgacatcat ttgcacatc 240
gccggcacca gcccgccggg ccacgcgcgc gtgcgcgcgc ggcacgcgc ccacgtccag 300
tggaaagggt ggcgggtcgg ccacatcggg ccgcgtcgtg cgtacctcgc ccgcgtcgag 360
tcggacacgg gctgcacggg ccagaaacaag accgcgcgtg ggtggacca gatcgacgac 420
tcacgcctga ccacgcagaa cgtcgcgcgc gccggcacc agggcgaggg caccctcggc 480
aagcgcctgg ccacgcgcgt gctgatcgc gccacacaa gctggcaggc ccgcgtgcgc 540
gccgggtctg ccacgcgcgc gtaogtgcgc ccacacgaga tcctcgcgc gcactacgcg 600
gcgagggaag accggcgcca gacctatccg ctctgcctga acctgtgggt ggacgcagc 660
ggtgataata gtagtgcgcg tgcacgcgc ggcgcgcgc gcgcgcgcgc totgcagatg 720
gatgcgtatg accgcgcgcg gttctacaa gagaacgac ccgcgcgcgc ggtcaatgta 780
accgcgcgcg tgcgcgcgc tgcgcgcgc gccgcgcgc tgcgcgcgc ccgcgcgcgc 840
gtgcgcgcgc ccacgcgcgc ccgcgcgcgc tcgcgcgcgc ccgcgcgcgc cgtcgcgcgc 900
acacgggact gccgcgcgc gcgcgcgc gcgcgcgcgc ccgcgcgcgc tgcgcgcgc 960
atgaaggagg gccgcgcgc tcgcgcgcgc tag 993

```

<210> 48

<211> 330

<212> PRT

<213> Thielavia terrestris

<400> 48

5

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

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

Ser Val Ala Ala Thr Thr Ala Ala Val Thr Ala Gly Gly Leu Gln Met
225 230 235 240

Asp Ala Tyr Asp Ala Arg Gly Phe Tyr Lys Glu Asn Asp Pro Gly Val
245 250 255

Leu Val Asn Val Thr Ala Ala Leu Ser Ser Tyr Val Val Pro Gly Pro
260 265 270

Thr Val Ala Ala Gly Ala Thr Pro Val Pro Tyr Ala Gln Gln Ser Pro
275 280 285

Ser Val Ser Thr Ala Ala Gly Thr Pro Val Val Val Thr Arg Thr Ser
290 295 300

Glu Thr Ala Pro Tyr Thr Gly Ala Met Thr Pro Thr Val Ala Ala Arg
305 310 315 320

Met Lys Gly Arg Gly Tyr Asp Arg Arg Gly
325 330

<210> 49

<211> 1221

<212> ADN

<213> Thielavia terrestris

<400> 49

5

```

atgaagacat tcacggccot cctggccgca gcgggcctcg tcgcccggca tggatatgtc      60
gacaaagcda ocatggggg caggttttat caggtactct accgcttcac ccaagggtccg      120
ctggccacaa ctctataggt gtccttaatt aaccaagcac cgtcccgcaq ttctatcagg      180
tgtgtctcgt accgacccatg tgggtcccgta taagcaagoo aotcacacgc ccctgatccc      240
ctagcccttac gtcgacccgt atttagcaac cttgggaagt agtatttatt gtcccaata      300
ttgagctgaa ctgcacccct ctagaatccc gcggtgctaa cttcttttca gcccgacagg      360
gtctctcgat ocatcccggg caacggcccg gtcacggacg tcaotctcat cgcctgcaq      420
tgcaacggca attccacccc ggccaagctc caagcgaagt ccgctgcggg ctgggacgtg      480
attctccgct ggacgctctg gcctgagtcg caggttggcc ccgtcttcac ctacatggcc      540
cgtctccccc acacgggctg ccaggactgg atgcggggca cttcgtagga gcccatcttg      600
caccatatac atttcacccg gccacacgca ctgaacataa tgtctgtcta cccctgaagt      660
gagggtctgt toaagatcaa ggaggggcgg ccgacgggca cttccaacac ctggggcggac      720
gtacgtgtac cccgtcccaq agagccaaag cccccccttc aaaaaagcaa acatctcaat      780
agcccgagac taccgactaa cccctctcct tcccctctga aaaacacgac cccgctgatg      840
aaggcgccca cctcgtacac gtacacgata cctctctgac tgaagaaggg ctactaactg      900
gtccgcccac agatcactcg gctgcacgcc gcctacaccc aacccggggc gaagtctctac      960
ccgggctgac accagctcaa cgtcacgggc ggccgggtca cgtacccgta gaggggctg      1020
gtggcctttc ccggggcgta caagggcagt gaccccgga ttaagtacga tgggtataaa      1080
gggtgggttg ctgggtggcc aaggtcttg tcatgggga atgtggtgat gaggtttatt      1140
atttgggata ccgtggctaa cgtacccctg ggtgtagcga aaagtacaa gattcctggg      1200
ccggcggtct ttacttgctg ■      1221

```

- 5
- <210> 50
 - <211> 236
 - <212> PRT
 - <213> Thielavia terrestris
 - <400> 50

Met Lys Thr Phe Thr Ala Leu Leu Ala Ala Ala Gly Leu Val Ala Gly
1 5 10 15

His Gly Tyr Val Asp Asn Ala Thr Ile Gly Gly Gln Phe Tyr Gln Asn
20 25 30

Pro Ala Val Leu Thr Phe Phe Gln Pro Asp Arg Val Ser Arg Ser Ile
35 40 45

Pro Gly Asn Gly Pro Val Thr Asp Val Thr Leu Ile Asp Leu Gln Cys
50 55 60

Asn Ala Asn Ser Thr Pro Ala Lys Leu His Ala Thr Ala Ala Ala Gly
65 70 75 80

Ser Asp Val Ile Leu Arg Trp Thr Leu Trp Pro Glu Ser His Val Gly
85 90 95

Pro Val Ile Thr Tyr Met Ala Arg Cys Pro Asp Thr Gly Cys Gln Asp
100 105 110

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

Arg Asp Gly Thr Ser Asn Thr Trp Ala Asp Thr Pro Leu Met Thr Ala
130 135 140

Pro Thr Ser Tyr Thr Tyr Thr Ile Pro Ser Cys Leu Lys Lys Gly Tyr
145 150 155 160

Tyr Leu Val Arg His Glu Ile Ile Ala Leu His Ala Ala Tyr Thr Tyr
165 170 175

Pro Gly Ala Gln Phe Tyr Pro Gly Cys His Gln Leu Asn Val Thr Gly
180 185 190

Gly Gly Ser Thr Val Pro Ser Ser Gly Leu Val Ala Phe Pro Gly Ala
195 200 205

Tyr Lys Gly Ser Asp Pro Gly Ile Thr Tyr Asp Ala Tyr Lys Ala Gln
210 215 220

Thr Tyr Gln Ile Pro Gly Pro Ala Val Phe Thr Cys
225 230 235

<210> 51

<211> 933

<212> ADN

<213> Thielavia terrestris

<400> 51

atggccttgo tgcctttggc aggccttggc attctggcgg ggccgggtca tgcctacggc	80
ggcctcgcca actacacagt gggcaacccc tggatatagg ggtgctgaag gggggcaccg	120
acacgccttg cttagtactt ccccttttcc gaggcgggta aacccggggc cagctacgac	180
cccttcacgc cggcggccga ccagatcggc cagccttgga tgatccaaag ccgctgggac	240
tcgctcgacc ccatcttcag cgtcaacgac aaggcgcctg cctgcaaacd cccggccacc	300
gcgcagaccc cttaacattcc cctccggcgc ggcgagaaac tcacggccgt gtactggtac	360
tggctgcaac ccgtggggcc catgacgggc tggctgggcg ggtgcgacgg cgaactgcgc	420
gacgcggacg tcacagaggg ccgctgggtc aagatctggg aggcgggctt gctcagcggg	480
ccgaaccttg ccgaggggac gtggtacacg aaggcgttcc agaatggga cggcagcccg	540
gacctgtggc ccgtcacgat cccggccggg ctgaagagcg gcctgtacat gatccggcac	600
gagatcttgt ccatccacgt cgaaggataaa ccgcaatctt atcccgagtg tgcccatctg	660
aatgtgaccc ggggtgggga cctgctgccg cctgatgagt ttttggtaga gttcccgggc	720
gcttacaaag aagatagtga gtgaaaacgc aagcttcggg agccattggg ttgctgtgat	780
ggaggttaga ccgctcgatc aagatcaata tctactcgga ccagtcagcc aatacaacgg	840
tgagtgtaac aggtcgagca aacccaaaca gatgcggatg actgatgac tcagaattac	900
acaattcccg gagggcgat atgggatggg tga	933

<210> 52

<211> 250

<212> PRT

<213> Thielavia terrestris

<400> 52

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

<210> 53
 <211> 1584

<212> ADN

<213> Thielavia terrestris

<400> 53

```

atgatgcggt cctttgttcc cttctcaatg ggtotggcga ccgccttcgc ctgctgtcc      60
acagcacata ccgtcttcaa caagotttto atcaacggcg tcgaccaaagg ggacgggacc      120
tgcattccga tggccaagaa gggcagcggt tgcacccata ccattgctgg tggcctcgao      180
agccacagaca tggcttgtgg tatgcccctt gogtttccoo tggagagagct ttccctcgagc      240
taacccaatg ccgcgttggc caggccgaga ccgacaacaa gcgctggcat tcacctgcc      300
agccccggcg ggtcccaagt tgagottoga gttccgcctg tgggcccagc cctctcagcc      360
cggctctatc gaacccatcc acctcggctc gacggcaatc taddtcaaac aagtctocaa      420
catcagctcc gactcggctg ccggccctgg ctggttcaag atctacgocg agggctacga      480
cacagccgdc aagaagtggg ccacagagaa gctcatcgac macggccgdc tgotgagcat      540
cgagcttccg cccactctgc cggcgggata ctactctgcc ccgacgcaga tgcctcccat      600
ccagaadgtc aaccaacgac ccgtcgaccc gcagttctac gttggctggg caaagctctt      660
cgtccagggg cctccgaccc ccccccacgt cccgcacagc agactcgtct ccatcccggg      720
cccagtcctt gctcccgacc cgggctgac cttcaacatc tggcgcgacg acccctccaa      780
gacggootac accgtcgtcg gcccgccccc cttctccccc aocgocgccc ccaccccac      840
ctccaccac acccaacggc agcaacacaa acacacagcaa caggcgataa agcagacgga      900
cggcgtgato ccgcgcgact gccagctcaa gacgcacaa tggctggggc ccgaggtgoc      960
cgcgtacgcc gacgagggcg gctgctgggc gtogtoggcc gactgcttcg cccagctgga      1020
cgcctgctac acgtcggcgc cggccacggg cagcdggcgc tgcoggtgtt gggaggactg      1080
gtgcaccggc attcagcagg gctgocgogc gggggggttg cggggggcgc cgcctttca      1140
tggggagggg gcagcagcgg aggtgtgaac ggttcgggga cgggtggcgg tgggtggtgt      1200
ggtggtggtg gactggctc ttcttcggct tctgcccga cggagacgac ctctgctgga      1260
cgggggggcg cagcctagc tgcgtggcc ggtgogggag gcgggacagg agactggtt      1320
gaagagggtt tctctttta ttgggacgct tgcagcggct ggcgacggag ccgtggtggt      1380
ggttogatte ttgcgaggct tctcttctat gctctcttcc cacttttgag accgaggcga      1440
gccctcagag tccatttact tctcttccac ctgtacctca acttctgtta tccaggaccc      1500
agtggtttct ataatcgctt gacattaaa ctaggcatat ggcacagcaa aatgtcgct      1560
gatgtagcgc attacgtgaa ataa      1584

```

5

<210> 54

<211> 478

<212> PRT

10 <213> Thielavia terrestris

<400> 54

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

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

<210> 55

<211> 868

<212> ADN

<213> Thielavia terrestris

<400> 55


```

atgcagatcc tcgtgggctt gctgcttgca gccgtggctg ctccagccca ttgtattttt      60

acctcttttc gctgctctcc cagctctcaag gcaagaagac gcacgcagca gctaacggac      120
cctatcagac acatttcoca gaactogtgg aaatgggcag cccgaggaca aggaactggc      180
ggttacgggc atgaccaaga acgcgcagag caggcaggga gtccaggacc cgaaccgtcc      240
cgacatttgc tgctacacgt cgcagacggc gctaacgtg gctacggctc ctgocggagc      300
caccgtccct tacatataga ctacgagat caaccacccg ggcccgacgc agtaactcct      360
cgccaaagga ccggcggggg cgtcggccaa gacgtgggac gggtoagggg cgtcttggtt      420
caagatctcg accaccatgc cttaacttga caccacaaag cagotttgtt ggccgaatca      480
gagtaggaac aattcccgct ccaatcttcg atttggtctt gagctacggc cgaattgcctg      540
ggagagagcc ttgactgacg gggcaccoca acottcacta gadaagtaaa cgaaggctca      600
cacgaccatc ccgcgcgata cgcacagtg ggaattcctc ctccgggtcg agcagatcgc      660
gctgcacctg gctctgcaga ccaacggggc tcmgttctac ctggcctgct cgcagatcca      720
gattacgggc ggcggcaacg gcaagcccg ccgcctagtc gcttgccgg gggcgtacaa      780
gagcaacgac cggggcattt tggtoaaat ctactctatg cagccgggag attacaggc      840
gcacggggcg cgggtgtgga gtggctga      868

```

5

<210> 56
 <211> 230
 <212> PRT
 <213> Thielavia terrestris

 <400> 56

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

5

<210> 57

<211> 1068

<212> ADN

<213> Thielavia terrestris

<400> 57

```

atgaagotgt aootggoggo othttctagge gcegtcgcca ccccgaggagc gttcgctcat 60
cgtagggttc cgtctctctt ccttaggggt agcaaoacga ctaatttctc gtcgtccccc 120
tgtagaatc oacgggatto tacttctcaa cggcacccga acccgggat ggaatacgt 180
cggtaatat otaootttgt ctccttcttc cacaaccagc ctacacatc atcagtgcg 240
tggcctggga gggcgctac gacccggaaa aataccccaa caocgagtto ttttagacgo 300
cccgcmagc ggaatdaad aacccgaaac taactctggg caggaaogcg ttcgactcgg 360
ccagcmagc tgagacggcc gacatactgg cgggtctaga ggtcggcttc cgcgtctcgt 420
gggacggcaa cggcaagtac ggcgtgttct ggcataccgg gcgggggag atctactct 480
ctcgtgctcc gacgacgac ctggaggact acccgggcga cggagactgg ttcaagatcg 540
caaccggcgc cgcgtctcc aataccgagt ggcgtctgtg gaacaagcat gaogtgagcc 600
ccaacattcc tcgcacaac gatcccaac ctggtcacca tggcgggctc cgggatgcaa 660
agagactaac tccagaggaa cctacctagt tcaacttcac catcccaag acgacggcgc 720
cgggcaagta cctgatggc atcgagcagt tcatgcctc caoggtogaa tacagodagt 780
ggtagctcaa ctgcgcccac gtcaacatca tcggcccccg cggaggcag ccgacgggct 840
ttgcacaggt tcccggcaac taactgttg acgatcccg taagccggac ctaccggaca 900
oagaggcctc gggatagctt gctaaccttg tttgctctct ctctttttct ctcccgacta 960
ggcatcaagg tgccgttgaa ccagatcgtc aacagcggag agttgcgcga ggaccaactg 1020
aggctgctog agtaoaagcc cccgggcccc gcgctgtgga ctggttga 1068

```

- 5
- <210> 58
 - <211> 257
 - <212> PRT
 - <213> Thielavia terrestris
 - <400> 58

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

<210> 59
 <211> 871
 <212> ADN
 <213> Thermoascus crustaceus

5

```
<400> 59
atgggcctttt cocagataat ggctttttacc ggcggtttttt ttgcctctgc ttccctgggtg      60
gctgggccttg gcttttggtta gaatatcgtg attgatggta aaaggtaacct acctacctac      120
cttactatctt gatgtcattt acaagaaaag gcacagacac aagcggcaca aaaaagaaaag      180
aaagaaagaa agaaaagaaag ctgacaaaaa ttcaacaaat tatggcgggt acctcgtga      240
cccatatctt tacatgtcag atoctccgga ggtcgtcggc tggctctaca ccgaaccca      300
ctcgggatto gtggacggta ccggatacca aggaacctgat atcatctgca acagggggcg      360
daagcctgca gccctgactg cccaagtggc cgcgggagga aagctcaaga tggaatggac      420
tccatggcct gattctcacc acggcccggt gatcaactac cttgctcctt gcaacgggtga      480
ctgttcacac gtggacaaga ccaaatgaa attcttcag atcgccagg ccggtctcat      540
cgatgacaaa agtctcctg gtatctgggc ctoagacaat ctgatacgcg caaacacacg      600
ctggadtgtc acaatcccaa ccacaaactgc acctggaaac tatgttctaa ggcctgagat      660
cattgctctc caatcagctg ggaacaagga tggctcgcmg acctatccc agtgdatcaa      720
cctgaagggtc actggaatg gttctggcaa tctcctctgt ggtgctcttg gaacggcaact      780
ctacaaggat acagatccgg gaattctgat caatatctac cagaaacttt ccagctatgt      840
tattcctggt cctgctttgt acaactggtta g      871
```

<210> 60
 <211> 251
 <212> PRT
 <213> Thermoascus crustaceus

10

<400> 60

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

<210> 61

<211> 1102

<212> ADN

<213> Thermoascus crustaceus

<400> 61

```

atgtcattct cgaagatact tgctatcgct ggggocatta cctacgcato ttcagctgcc      60
gtctcatggtt atgtccaggg aattgttgtc gatggcagct agtatgtcac tctggatgga      120
accttcagca cgtactgtac taacaaacag cagctacggg ggatatatgg tgacccaata      180
tcctacaccc gctcaacotc cggaaactcat cgcctggctc actaaagcaa ccgattcttg      240
gtttgtggac ggcagtggtt atacttotoo tgatatcaco tgcataaagg gtgctgagcc      300
tggtgcccag agcgcacaaag tggdagctgg agggaccgtt gagctgcagt ggcaggcatg      360
gcccgagtct cacaaggggc cagttattga ctactcgcc gcctggcagc gggactgctc      420
atctgttgat aagactgcac taagtctct taagattgac gagagtggtc tgattgacgg      480
caaoggtgtc ggaacatggg cctctgatac gttgatcaaa atatcaaca gctggactgt      540
caocatccca agcaaatgtg ottooggaaa ctacgtacta agacacgaaa taattgcgct      600
caattctgcc ggaacaaaag atggtgtctc gaactatccc cagtgtatca acctcgaggt      660
cactggtagt ggcacogaaa accctgctgg cactctcgga acagcgcttt acacagacac      720
tgatcctggc ottctggctc acatctacaa gggctctgtc aactattcaa tccctggctc      780
tgctctgtat agcggcaaca gtgataadgc tggttccctc aacctacca ccacgccgtc      840
aatcagaat gctgtgtctg ctccctccac ttcacagca totgttgtca ctgattotto      900
gtcagocac cagactgcta gtgtcgccgc cagcactcca gcctccactt cggctgttac      960
agcctacaaa gctcccgata ctggaagcga cgtacccaaa tatctggatt cgtgagctc      1020
ggatgaggtc ctcaacctgg tgcgcgggac cctgtcttgg ctggtttcta adaagaaada      1080
tgcgggggat ctttotoact ga                                         1102

```

<210> 62

<211> 349

5 <212> PRT

<213> Thermoascus crustaceus

<400> 62

Met Ser Phe Ser Lys Ile Leu Ala Ile Ala Gly Ala Ile Thr Tyr Ala
1 5 10 15

Ser Ser Ala Ala Ala His Gly Tyr Val Gln Gly Ile Val Val Asp Gly
20 25 30

Ser Tyr Tyr Gly Gly Tyr Met Val Thr Gln Tyr Pro Tyr Thr Ala Gln
35 40 45

Pro Pro Glu Leu Ile Ala Trp Ser Thr Lys Ala Thr Asp Leu Gly Phe
50 55 60

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

325

330

335

Leu Val Ser Asn Lys Lys His Ala Arg Asp Leu Ser His
340 345

<210> 63

<211> 1493

<212> ADN

<213> Thermoascus crustaceus

<400> 63

```

atgttgttat tcaattccac caagtoagot ggcgtgacga ctcttctact tottggaaca      60
ggtcatgttc acactttgat gaccaccatg tttgtggacg gcgtcaacca gggagatggg      120
gtctgcattc gcatgaacaa tgaaggcggg actgccaata cctatatcaa gcttatccag      180
agcaaggata tggcctgggg taagtaocaa gatgtcatca tactctgcaa taacatccgt      240
catatctact agaactcggg caatgttaag tatttcacgg catccaaggg gaaatcggcg      300
cctcccgagt ctgcccgatc aaggcatctt ccacctaac ctcccatte cgcgagccac      360
ccaacaaacc aaactcctcc cctctcgatc catcgacaaa aggcoccgcc gcggtgtacc      420
tgaaaaagggt cgaactccgc atdgcgagca acaacgccgc cggagacagc tgggttoaaga      480
totgggagtc cgtctacgac gagtccacgg gcaaatgggg cagacccaag atgatcgaga      540
aocacgggga catctccgtc aaggtagccg atgatataga gggtaggttac tatcttgccc      600
ggacggagot gctggcgcta cattctggcg atcaggggga tcgcagttc tatgttggct      660
gtgcgcagot gtttatcgat tgggatggga cggcgaaacc gcccaactgtt tctattggag      720
aggggacgta cgatctgagc atgcttgcca tgadgtataa tatctgggag acacccgttg      780
ctctgcogta tccgatgtat gggcctcctg tctatacgcc tggctctggt tctggatcag      840
tccgtgcgac gagctctctt gctgtcccta ctgcacccga atcctctttt gttagaggaan      900
gagcaaaccc cgtcacggca aacagtgttt attctgcaag gggcaaatte aaacotgga      960
ttgataaaot gtcattggcg ggggaaggctc gtagaagcgt cagacaagcc gggggaagaa     1020
gaagcactct cgtccagact gtgggtctaa agccaaaagg ctgcctcttc gtcattgga      1080
actggtggcg ctctcaggtt ccgaactaaa agatggcgga gagctgctgg gctgtatgtt     1140
ccctctctta gcctcttaca tccctaagta ctacatttga aaacaacaaa aagaaatgta     1200
tatactaatc aqgtacgctc tactctaggg ctccgacaa cgttggaac agtccgacgc     1260
ctgctggaac aagacccaac ccacgggcta caataactgc cagatctggc aggacaaaga     1320
atgcaaggto atccaggatt cctgtagcgg mcccccccg catggaccac cgaataaggg     1380
caaggatttg actccggagt ggcgcgaact gaagggtctg atggatcgt tctccagcg      1440
tactatcggg taocgcgatt ggttcgttag aaggagagggt goatgagggg gta      1493

```

<210> 64

<211> 436

<212> PRT

<213> Thermoascus crustaceus

<400> 64

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

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

<210> 65
 <211> 1377
 <212> ADN
 <213> Trichoderma reesei
 <400> 65

atggcgccgct cagttacaat ggcgttgacc accgcatcc tggccattgc ccggtctgtc 60
gcccgcacgc aacggggtac cagcaccccc gaggtccatc ccaagttgac aacctacaa 120
tgtacaaagt ccgggggggtg cgtggcccag gaaacctcgg tggtocttga otggaactao 180
cgctggatgc acgacgcaaa ctacaactcg tgcacggtca accggcggggt caacaccacg 240
ctctgccctg acgagggcgc ctgtggcaag aactgcttca tcgagggggt cgactacgac 300
gcctcggggg tccagacctc gggcagcagc ctccaccatga accagtacat gccacgcagc 360
tctggcggtt acagcagcgt ctctcctcgg ctgtatctcc tggactotga cgggtgagtac 420
gtgatgtga agctcaacgg ccaggagctg agcttcgacg tcgacctctc tgcctctgcg 480
tgtggagaga accgctcgtt ctacctgtct cagatggacg agaacggggg cgcacacacg 540
tataaacagg ccggtgcaca ctacgggagc ggcctactgc atgctcagtg ccccgctcag 600
acatggagga accgcaacct caaacactag caccaggggt totgctgcaa cgagatggat 660
atcctggagg gcaactcagc ggcgaatgcc ttgacccctc actcttgac gccacacggc 720
tggaactotg ccggttgccg ottcaacccc tatggcagcg gctacaaaag ctactacgga 780
cccgagata ccggtgcacc ctccaagacc ttcaacctca tcaaccagtt caacacggac 840
aacggctcgc cctcgggcaa ccttctgagc atcacccgca agtaccagca aaacggcgtc 900
gacatccccg gcccccagcc cggcggcgac accctctcgt cctgcccgtc cgcctcagcc 960
tacggcgggc tcgccacctt gggcaaggcc ctgagcagcg gcctgggtgt cgtgttcagc 1020
atctggaaag acaacagcaa gtacatgaac tggctcagca ggggcaacgc cggccctctg 1080
agcagcaccg agggcaaccc atccaacatc ctggccaaca acccccaaac gcacgtctgt 1140
ttctccaaac tcgctcgggg agacattggg tctactaaga aotcagctgc gcccccgc 1200
ccgctcgtt ccagcagcgc gttttcagct acacggagga gctcagcagc ttcgagcagc 1260
ccgagctgca cgcagactca ctggggggcag tgcgggtggc ttgggtacag cgggtgcaag 1320
acgtgcacgt cgggcactac gtgcagtat agcaacgact actactcga atgctt 1377

<210> 66
<211> 459
<212> PRT
<213> Trichoderma reesei
<400> 6

Met Ala Pro Ser Val Thr Leu Pro Leu Thr Thr Ala Ile Leu Ala Ile
1 5 10 15

Ala Arg Leu Val Ala Ala Gln Gln Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Val
20 25 30

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

Ala Gln Asp Thr Ser Val Val Leu Asp Trp Asn Tyr Arg Trp Met His
50 55 60

6 Asp Ala Asn Tyr Asn Ser Cys Thr Val Asn Gly Gly Val Asn Thr Thr

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

Leu Val Phe Ser Ile Trp Asn Asp Asn Ser Gln Tyr Met Asn Trp Leu
340 345 350

Asp Ser Gly Asn Ala Gly Pro Cys Ser Ser Thr Glu Gly Asn Pro Ser
355 360 365

Asn Ile Leu Ala Asn Asn Pro Asn Thr His Val Val Phe Ser Asn Ile
370 375 380

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

Pro Pro Ala Ser Ser Thr Thr Phe Ser Thr Thr Arg Arg Ser Ser Thr
405 410 415

Thr Ser Ser Ser Pro Ser Cys Thr Gln Thr His Trp Gly Gln Cys Gly
420 425 430

Gly Ile Gly Tyr Ser Gly Cys Lys Thr Cys Thr Ser Gly Thr Thr Cys
435 440 445

Gln Tyr Ser Asn Asp Tyr Tyr Ser Gln Cys Leu
450 455

<210> 67

<211> 1254

<212> ADN

<213> Trichoderma reesei

<400> 67

```

atgaacaagt cegtggctcc attgctgctt gdagogtcca tactatatgg oggogooqto      60
gcacagcaqa ctgtctgggg ooagtgtgga ggtattggtt ggagcggacc tacgaattgt      120
gctoctggct cagcttgctt gacctccat ccttattatg cggatgtat tccgggagcc      180
actactatca ccacttgcac cgggcaacca tccggtocaa ccaacacac cagggtacc      240
tcaacaagct catcactcc acccagaga tctggggctc gatttgccg cgttaacata      300
gcggtttttg actttggctg taccacagat ggcacttgcg ttaoctogaa ggtttatoot      360
ccgttgaaga acttcacccg ctcaaacac taccctgatg gcctcggcca gatgcagcc      420
ttcgtccacg aggcgggat gactattttc cgttaoctg tggatggca gtaoctogto      480
aanaacaaat tggggcgcaa tottgattcc acgagcattt ccaagtatga tcagcttgtt      540
oaggggtgoc tgtctctggg ogaatactgc atcgtcgaca tccacaatta tgcctgatgg      600
aacggtggga tcattggtca gggcgccct actaatgctc attcacgag cctttggtcg      660
oagtggcct ccaagtacgc atctcagtc agggctgtgt tgggcatcat gaatgagcc      720
cacgacgtga acatcaaac ctgggtgccc acggtccag aggttgtaac cgcattccgc      780
aacgtggtg ctaogtcga attcctctct ttgootggaa atgattggca atctgctggg      840
gctttcatat cagatggcag tgcagccgc ctgtctcaag tccgcaacc ggatgggtca      900
acaacgaata tgatttttg cgtgcacaaa tacttgact cagacaactc cgttactcac      960
gcgaatgta ctacaaataa oattgacggc gcctttctc cgttgccac ttggctcga      1020
cagaacaaat gccaggctat octgacagaa accggtggtg gcaacgttc gtctgcta      1080
caagacatgt gccagcaat ccaatatctc aadcgaaat oagatgtota tottggtat      1140
gttggttggg gtgcgggato atttgatgc ccgtatgtcc tgacggaaa accgactagc      1200
agtggtaat oatggacgga cacatccttg gtcagctcgt gtctcgcaag aaag      1254

```

<210> 68

<211> 418

<212> PRT

<213> Trichoderma reesei

<400> 68

5

Met Asn Lys Ser Val Ala Pro Leu Leu Leu Ala Ala Ser Ile Leu Tyr
1 5 10 15

Gly Gly Ala Val Ala Gln Gln Thr Val Trp Gly Gln Cys Gly Gly Ile
20 25 30

Gly Trp Ser Gly Pro Thr Asn Cys Ala Pro Gly Ser Ala Cys Ser Thr
35 40 45

Leu Asn Pro Tyr Tyr Ala Gln Cys Ile Pro Gly Ala Thr Thr Ile Thr
50 55 60

Thr Ser Thr Arg Pro Pro Ser Gly Pro Thr Thr Thr Thr Arg Ala Thr
65 70 75 80

Ser Thr Ser Ser Ser Thr Pro Pro Thr Ser Ser Gly Val Arg Phe Ala
85 90 95

Gly Val Asn Ile Ala Gly Phe Asp Phe Gly Cys Thr Thr Asp Gly Thr
100 105 110

Cys Val Thr Ser Lys Val Tyr Pro Pro Leu Lys Asn Phe Thr Gly Ser
115 120 125

Asn Asn Tyr Pro Asp Gly Ile Gly Gln Met Gln His Phe Val Asn Glu
130 135 140

Asp Gly Met Thr Ile Phe Arg Leu Pro Val Gly Trp Gln Tyr Leu Val
145 150 155 160

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

Asp Gln Leu Val Gln Gly Cys Leu Ser Leu Gly Ala Tyr Cys Ile Val
180 185 190

Asp Ile His Asn Tyr Ala Arg Trp Asn Gly Gly Ile Ile Gly Gln Gly
195 200 205

Gly Pro Thr Asn Ala Gln Phe Thr Ser Leu Trp Ser Gln Leu Ala Ser
210 215 220

Lys Tyr Ala Ser Gln Ser Arg Val Trp Phe Gly Ile Met Asn Glu Pro
225 230 235 240

His Asp Val Asn Ile Asn Thr Trp Ala Ala Thr Val Gln Glu Val Val
245 250 255

Thr Ala Ile Arg Asn Ala Gly Ala Thr Ser Gln Phe Ile Ser Leu Pro
260 265 270

Gly Asn Asp Trp Gln Ser Ala Gly Ala Phe Ile Ser Asp Gly Ser Ala
275 280 285

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

Ile Phe Asp Val His Lys Tyr Leu Asp Ser Asp Asn Ser Gly Thr His
305 310 315 320

Ala Glu Cys Thr Thr Asn Asn Ile Asp Gly Ala Phe Ser Pro Leu Ala
325 330 335

Thr Trp Leu Arg Gln Asn Asn Arg Gln Ala Ile Leu Thr Glu Thr Gly
340 345 350

Gly Gly Asn Val Gln Ser Cys Ile Gln Asp Met Cys Gln Gln Ile Gln
355 360 365

Tyr Leu Asn Gln Asn Ser Asp Val Tyr Leu Gly Tyr Val Gly Trp Gly
370 375 380

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

Ser Gly Asn Ser Trp Thr Asp Thr Ser Leu Val Ser Ser Cys Leu Ala
405 410 415

Arg Lys

<211> 702
 <212> ADN
 <213> Trichoderma reesei

5 <400> 69
 atgaagttcc ttcaagtcct cccctgcctc ataccggccg cccctggccc aaccagctgt 60
 gaccagtggg caacattcac tggcaacggc tacacagtcg gcaacaacct ttggggagca 120
 ccagccgggt ctggatttgg ctgctgacg gcggtatcgc tccgaggcgg cgcctcctgg 180
 caccagagct ggcagtggtc cggcggccag aacaacgtca agtcgtacca gaactctcag 240
 attgccattc cccagagag gaccgtcaac agcatcagca gcattgccac cactgccagc 300
 tggagctaca gggggagcaa catcggcgt aatgttgcgt atgacttggt caccgcagcc 360
 aacccgaato atgtcaagta ctggggagac taccagctca tgatctggct tggcaaatad 420
 ggcgatattg ggcgattgg gtctccacag ggaacagtcg aagtcggctg ccagagctgg 480
 accgtctact atggtacaa cggagccatg caagtctatt cctttgtggc ccagaccac 540
 actacaaact acagcggaga tgtcaagaac ttcttcaatt atctccgaga caataaagga 600
 tacaacgctg caggccaata tgttcttagc taccatttg gtaccgagcc cttaacgggc 660
 agtggaaetc tgaacgtcgc atcctggacc gaattatca ac 702

<210> 70
 <211> 234
 <212> PRT
 <213> Trichoderma reesei

<400> 70

Met Lys Phe Leu Gln Val Leu Pro Ala Leu Ile Pro Ala Ala Leu Ala
1 5 10 15

Gln Thr Ser Cys Asp Gln Trp Ala Thr Phe Thr Gly Asn Gly Tyr Thr
20 25 30

Val Ser Asn Asn Leu Trp Gly Ala Ser Ala Gly Ser Gly Phe Gly Cys
35 40 45

Val Thr Ala Val Ser Leu Ser Gly Gly Ala Ser Trp His Ala Asp Trp
50 55 60

Gln Trp Ser Gly Gly Gln Asn Asn Val Lys Ser Tyr Gln Asn Ser Gln
65 70 75 80

Ile Ala Ile Pro Gln Lys Arg Thr Val Asn Ser Ile Ser Ser Met Pro
85 90 95
Thr Thr Ala Ser Trp Ser Tyr Ser Gly Ser Asn Ile Arg Ala Asn Val
100 105 110

Ala Tyr Asp Leu Phe Thr Ala Ala Asn Pro Asn His Val Thr Tyr Ser
115 120 125

Gly Asp Tyr Glu Leu Met Ile Trp Leu Gly Lys Tyr Gly Asp Ile Gly
130 135 140

Pro Ile Gly Ser Ser Gln Gly Thr Val Asn Val Gly Gly Gln Ser Trp
145 150 155 160

Thr Leu Tyr Tyr Gly Tyr Asn Gly Ala Met Gln Val Tyr Ser Phe Val
165 170 175

Ala Gln Thr Asn Thr Thr Asn Tyr Ser Gly Asp Val Lys Asn Phe Phe
180 185 190

Asn Tyr Leu Arg Asp Asn Lys Gly Tyr Asn Ala Ala Gly Gln Tyr Val
195 200 205

Leu Ser Tyr Gln Phe Gly Thr Glu Pro Phe Thr Gly Ser Gly Thr Leu
210 215 220

Asn Val Ala Ser Trp Thr Ala Ser Ile Asn
225 230

<210> 71

<211> 726

<212> ADN

<213> Trichoderma reesei

<400> 71

atgaaggcaaa ctctggttctt cggctccctc attgtaggcg cggtttccgc gtaaaaggcc	60
accaccacgc gctactacga tgggcaggag ggtgtttgcg gatgcggctc gagctccggc	120
gcattcccggt ggcagctcgg catcggaac ggaagtctac cggctgcggc ctcccaggct	180
ctcttcgaca cgggcgggag ttcattggtgc ggcgcggctt gcggttaattg ctaccagctc	240
acctcgacgg ggcaggcgcc ctgctccagc tggcgcaagg gcggtgctgc tggccagagc	300
atcatcgtaa tgggtgaccaa cctgtgcggc aaactatgga aagcgagtg gtgcgggtg	360
gtcggcgga ccaaccaata cggctacagc taactttcg acatcatggc gcagaacgag	420
ctctttggag acaatgttgt cgtcgacttt gagccattg cttgcccgg gcaggctgcc	480
tctgactggg ggcgctgct ctgctggga agcaagaga cggatccac gccgctctc	540
ggcaacgaca cgggctcac tctcccggg agctcgccg cagcgacatc gtgagtcgg	600
cgtctggcg ggggcacga gacgcttat ggcagtggt gaggtgcgg ctggacggga	660
cctacgagct gccaggcccc agggacctgc aaggttcaga accagtggtc ctcccagtg	720
cttcat	726

- 5
- <210> 72
 - <211> 242
 - <212> PRT
 - <213> Trichoderma reesei
 - <400> 72

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

Ala Tyr Lys Ala Thr Thr Thr Arg Tyr Tyr Asp Gly Gln Glu Gly Ala
20 25 30

Cys Gly Cys Gly Ser Ser Ser Gly Ala Phe Pro Trp Gln Leu Gly Ile
35 40 45

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

Ala Gly Ala Ser Trp Cys Gly Ala Gly Cys Gly Lys Cys Tyr Gln Leu
65 70 75 80

Thr Ser Thr Gly Gln Ala Pro Cys Ser Ser Cys Gly Thr Gly Gly Ala
85 90 95

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

Gly Asn Ala Gln Trp Cys Pro Val Val Gly Gly Thr Asn Gln Tyr Gly
115 120 125

Tyr Ser Tyr His Phe Asp Ile Met Ala Gln Asn Glu Ile Phe Gly Asp
130 135 140

Asn Val Val Val Asp Phe Glu Pro Ile Ala Cys Pro Gly Gln Ala Ala
145 150 155 160

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

Thr Pro Val Leu Gly Asn Asp Thr Gly Ser Thr Pro Pro Gly Ser Ser
180 185 190

Pro Pro Ala Thr Ser Ser Ser Pro Pro Ser Gly Gly Gly Gln Gln Thr
195 200 205

Leu Tyr Gly Gln Cys Gly Gly Ala Gly Trp Thr Gly Pro Thr Thr Cys
210 215 220

Gln Ala Pro Gly Thr Cys Lys Val Gln Asn Gln Trp Tyr Ser Gln Cys
225 230 235 240

Leu Pro

<210> 73
<211> 923
<212> ADN
<213> Humicola insolens
<400> 73

atgagttcct oooooctcct oagotocgcc gttgtggccg cctgacggg gttggccctt	60
gcogetgatg gcaggteccac ccgetactgg gactgctgca agccttcgtg cggctgggca	120
aagaaggctc cgtgaacca gcctgtcttt tctgcaacg ccaacttcca gctatcacg	180
gacttcgacg ccaagtcagg ctgogagccg ggggggtgtg cctactdgtg cgcagacag	240
accccatggg ctgtgaacga cgaacttcgg ctgggttttg ctgcaacctc tattgacggc	300
agcaatgagg cgggctgggt ctgcgcctgc taagagctca ccttcadate cggctcctgtt	360
gctggcaaga agatggtoqt ccagtcacac agcactggcg gtgatcttgg cagcaacac	420
ttcagatoca adatocccgg oggogggcto ggcattctcg acggatgcac tcccagttc	480
ggoggtotgc ccggccagcg ctacggcggc atctcgtccc gcaacgagtg cgtacggttc	540
cccgacgccc tcaagcccggt ctgctactgg cgttcgabt ggttcacaga cgcgcacat	600
ccgagcttca gcttcagta ggtccagtgc ccagccgagc tggtagctcg caacggatgc	660
cgcgcacacg acgacggcaa ctccctgcc gtccagatcc cctccagcag caccagctct	720
ccggtcaacd agcotadoag oadagocac aogtccacot ccaccacctc gagcccgcca	780
gtccagocca cgaactccag cggctgcact gctgagaggt gggctcagtg cggcggcaat	840
ggctggagcg gctgcaccaa ctgogtggot ggcagcaott gcacgaagat taatgactgg	900
taccatcagt gcctgtagaa ttc	923

<210> 74

<211> 305

<212> PRT

<213> Humicola insolens

<400> 74

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

Val Leu Ala Leu Ala Ala Asp Gly Arg Ser Thr Arg Tyr Trp Asp Cys
 20 25 30

Cys Lys Pro Ser Cys Gly Trp Ala Lys Lys Ala Pro Val Asn Gln Pro

Leu
305

<211> 1188
 <212> ADN
 <213> Myceliophthora thermophila

5 <400> 75
 cgacttgaaa cgcgccaaat gaagtactac atcctcgaca ggttcttcgc caccggcgcc 60
 gtggtacaaa gtggtccgtg gcagcaatgt ggtggcatcg gatggcaagg atcgaccgac 120
 tgtgtgtcgg gctaccactg cgtctaccag aacgattggt acagccagtg cgtgdotggc 180
 ggggcttggc caacgctgca gacatcgacc agtccagggc ccacggccac cagdaacggc 240
 cctccgtcgt ccacacacct gcctagcaag ggcaggctga agtggctcgg cagcaacgag 300
 tcgggcgccg agttcgggga gggcaattac cccggcctct ggggcaaggc attaatcttc 360
 ccgtcgactt cggcgattca gaagctcctc aatgatggat acaacatctt cgggatcgac 420
 ttctogatgg aggtctgtgt gcccaaacag ttgacgtcgt ccttcgacca gggttacctc 480
 cgcacacctg ccgaggtggt caacttcgtg acgacggcgg gcaagtacgc cgtcctggac 540
 ccgcacaaat aaggcgggta ctacggcaac atcatcacgg acacgaaagg gttccggacc 600
 ttctggacaa acctggccaa gcagttcgcc tccaactcgc tcgtcatctt cgaacccaac 660
 aacgagtaca acacgatgga ccagaccctg gtgtacaaac tcaaacaggc cgcacatcac 720
 ggcattccggg ccgcggcgcc gacctcgacg tacatcttcg tcgagggcaa cgcgtggagc 780
 ggggcttggc gctggaacac gacaaacacc aacatggcgg cctgacgga ccgcagaac 840
 aagatcgtgt acgagatgca ccagtacctc gactcggaca gctcggggca ccacgcggag 900
 tcgctcagaa gcacacatcg cgcacagcgc gtcgtcggag ccacccagtg gctccggccc 960
 aacggcaagc tcggcgctct cggcgagttc gccggcggcg ccacggcctg ctgdcagcag 1020
 gccgtcacgg gcctcctcga ccacctccag gacaaagcgg aagttctggc ggggtgdoctc 1080
 tgggtggccg ccggtccctg gtggggcgac taatgtact cgttcgagcc tccttcgggc 1140
 accggctatg tcaactacaa ctcatcttg aagaagtact tgccgtaa 1188

<210> 76
 <211> 389
 <212> PRT
 <213> Myceliophthora thermophila

<400> 76

Met Lys Ser Ser Ile Leu Ala Ser Val Phe Ala Thr Gly Ala Val Ala
 1 5 10 15

Gln Ser Gly Pro Trp Gln Gln Cys Gly Gly Ile Gly Trp Gln Gly Ser

20	25	30
Thr Asp Cys Val Ser Gly Tyr His Cys Val Tyr Gln Asn Asp Trp Tyr		
33	40	45
Ser Gln Cys Val Pro Gly Ala Ala Ser Thr Thr Leu Gln Thr Ser Thr		
50	55	60
Thr Ser Arg Pro Thr Ala Thr Ser Thr Ala Pro Pro Ser Ser Thr Thr		
65	70	75
Ser Pro Ser Lys Gly Lys Leu Lys Trp Leu Gly Ser Asn Glu Ser Gly		
85	90	95
Ala Glu Phe Gly Glu Gly Asn Tyr Pro Gly Leu Trp Gly Lys His Phe		
100	105	110
Ile Phe Pro Ser Thr Ser Ala Ile Gln Thr Leu Ile Asn Asp Gly Tyr		
115	120	125
Asn Ile Phe Arg Ile Asp Phe Ser Met Glu Arg Leu Val Pro Asn Gln		
130	135	140
Leu Thr Ser Ser Phe Asp Gln Gly Tyr Leu Arg Asn Leu Thr Glu Val		
145	150	155
Val Asn Phe Val Thr Asn Ala Gly Lys Tyr Ala Val Leu Asp Pro His		
165	170	175
Asn Tyr Gly Arg Tyr Tyr Gly Asn Ile Ile Thr Asp Thr Asn Ala Phe		
180	185	190
Arg Thr Phe Trp Thr Asn Leu Ala Lys Gln Phe Ala Ser Asn Ser Leu		
195	200	205
Val Ile Phe Asp Thr Asn Asn Glu Tyr Asn Thr Met Asp Gln Thr Leu		
210	215	220
Val Leu Asn Leu Asn Gln Ala Ala Ile Asp Gly Ile Arg Ala Ala Gly		
225	230	235
Ala Thr Ser Gln Tyr Ile Phe Val Glu Gly Asn Ala Trp Ser Gly Ala		
245	250	255
Trp Ser Trp Asn Thr Thr Asn Thr Asn Met Ala Ala Leu Thr Asp Pro		
260	265	270
Gln Asn Lys Ile Val Tyr Glu Met His Gln Tyr Leu Asp Ser Asp Ser		
275	280	285

Ser Gly Thr His Ala Glu Cys Val Ser Ser Thr Ile Gly Ala Gln Arg
290 295 300

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

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

Thr Gly Leu Leu Asp His Leu Gln Asp Asn Ser Asp Val Trp Leu Gly
340 345 350

Ala Leu Trp Trp Ala Ala Gly Pro Trp Trp Gly Asp Tyr Met Tyr Ser
355 360 365

Phe Glu Pro Pro Ser Gly Thr Gly Tyr Val Asn Tyr Asn Ser Ile Leu
370 375 380

Lys Lys Tyr Leu Pro
385

<210> 77

<211> 1232

<212> ADN

<213> BASIDIOMYCETE CBS 495.95

<400> 77

```

ggatccaaatt agtaacggg gacagtggtg tggaaagcat gaagtctctt ttctgtcac.      60
ttgtagcgac cgtcgcgctc agctcggcag tattctctgt cgcagtctgg gggcaatgg      120
ggggcatttg cttcagggga agcaccgtct gtgatgcagg ogcgggctgt gtgaagctca      180
acgactatta ctctcaatgc caaccgggct ctcccactgc tacatccgct gggccaagta      240
gdaaagdaaa gtccgggaat tggacgggct cggccccctc ctccagcctt tgcctctggc      300
gcgcgacgac gttccagttc ttgggtgtca acgaatccgg cggggagttc ggcaacctga      360
acatccccgg tgttctgggc accgaactca cctgggcctc gccatccagc attgaattct      420
tcattgggca ggggaatgat accttccgta ttccgttccct catggagcgt cttgtcccc      480
ctggccactg catcacagga cctctcgacc agaatgaatt gggcggcctg cagaagattg      540
tcaactacat caccggcaca ggcggctttg ctctcattga cccgcacaa cttatgatct      600
adantggcaa gaagatctcc agtaacagcg acttccagaa gttctggcag aaactcgacg      660
gagtggttaa atcgacagct caggtcatct tcatgtttat gaacgagcct cagcatattc      720
ccgccagac cgtgttccaa ctgaaccaag ccgctgtcaa tggcatcctg gcgagcggtg      780
cgacgtcgca gctcattctg gtgaggggca caagctggac tggagcctgg acctggacga      840
cctctggcaa cagcgatgca ttccgtgcaa ttaaggatcc caacaaacac gtcccgatcc      900
agatgcacaa gtacctggat agcgatggct ctggcaactc gaagaactgc gtgtctccca      960
ccatcggctc agagcgggtg caggctgaga ctcaattggt gaagcagaa aacctcaagg      1020
gttctctggg cagatctggc gacggctcta actccgcttg catcagcgt gtgcagggtg      1080
cgttgtgttc gatgcagaaa tctggtgtgt ggtcggcgcc tctctggtgg gctgccccgc      1140
cgtggtgggg cgaataotac cagtccatcg agcggccctc tggcccgggg gtgtccggga      1200
tctctccgga ggcctgctg ccgttcgagt aa                                     1232

```

<210> 78

<211> 397

<212> PRT

<213> BASIDIOMYCETE CBS 495.95

<400> 78

5

Met Lys Ser Leu Phe Leu Ser Leu Val Ala Thr Val Ala Leu Ser Ser
1 5 10 15

Pro Val Phe Ser Val Ala Val Trp Gly Gln Cys Gly Gly Ile Gly Phe
20 25 30

Ser Gly Ser Thr Val Cys Asp Ala Gly Ala Gly Cys Val Lys Leu Asn
35 40 45

Asp Tyr Tyr Ser Gln Cys Gln Pro Gly Ala Pro Thr Ala Thr Ser Ala
50 55 60

Ala Pro Ser Ser Asn Ala Pro Ser Gly Thr Ser Thr Ala Ser Ala Pro
65 70 75 80

Ser Ser Ser Leu Cys Ser Gly Ser Arg Thr Pro Phe Gln Phe Phe Gly
85 90 95

Val Asn Glu Ser Gly Ala Glu Phe Gly Asn Leu Asn Ile Pro Gly Val
100 105 110

Leu Gly Thr Asp Tyr Thr Trp Pro Ser Pro Ser Ser Ile Asp Phe Phe
115 120 125

Met Gly Lys Gly Met Asn Thr Phe Arg Ile Pro Phe Leu Met Glu Arg
130 135 140

Leu Val Pro Pro Ala Thr Gly Ile Thr Gly Pro Leu Asp Gln Thr Tyr
145 150 155 160

Leu Gly Gly Leu Gln Thr Ile Val Asn Tyr Ile Thr Gly Lys Gly Gly
165 170 175

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

<210> 79
 <211> 1303
 <212> ADN
 <213> BASIDIOMYCETE CBS 495.95
 <400> 79

```

ggaaagcgtc agtatggtga aatttgugct tgtggcaact gtggggcga tttgagcgc 60
ttctgaggcc aatgcggctt ctatctacca gcaatgtgga ggcattggat ggtctgggtc 120
cactgtttgc gaogucggto tggottgggt tatectcaat gcgtactact ttcagtgtct 180
gacgcccgcg gggggccaga caacgacggg ctggggcgca cgggctcaa cacaacctc 240
tcactcaacg gtcactacgg ggagctcaca ctcaacaadd gggadgacgg cgacgamaac 300
aactaccact ccgtcgacca ccacgacccct aadcgcaatc totgtgtotg gtgggtctct 360
ctctggctcc aggaaggaat tcagttctt cgggtgtgaat gaaagcggcg ccgaattcgg 420
gaacactgct tggccagggg agctcgggaa agantatata tggccttoga ctagnagcgt 480
ggactacttc atgggggctg gattcaatac attccgtatc accttcttga tggagcgtat 540
gagccctcgg gctaccggac tcaactggcc attcaaacag aagtaactgt cgggcctcac 600
caacattgtc gactacatca cgaacaaagg aggatagct ctatttgacc cccacaactt 660
catgcgttac acaacgggca taatcagcag caatctgac ttggcgactt ggtggagcaa 720
tttgggcaat gtattoaaat ccacgaaga cgcctcttc gacatccaga acgagccgta 780
cggcaatgat ggcagacccg tatacgaact gaatcaagct gccatcaatt cgatccgcgc 840
cgttggcgtc acgtcacagt tgattctggt tgaaggaaag tcaataactg gagcttggac 900
gtgggtctcg tccggaaacg gagctgtttt cggggcgggt aaggatcctt acaacaacac 960
ggcaattgaa atgcaccaat acctcgacag cgacgggtct gggacaaacg aagactgtgt 1020
ctctccacc attgggtcgc aacgtctcca agctgcacat ggttggctgc aacaaacagg 1080
actcaaggga ttctcgggag agacgggtgc tgggtcgcat tccagtgca tcgaagcgt 1140
gttcgatgaa ctttgctata tgcaacagca aggcggctcc tggatcggtg cactctggtg 1200
ggctgagggt ccctggtggg gcaagtacat ttactcgatt gaaactccga ggggtgdcgc 1260
tatccacaga gtccctcctc aggtgtctcg tccattcctc tag 1303

```

<210> 80

<211> 429

<212> PRT

<213> BASIDIOMYCETE CBS 495.95

<400> 80

Met Val Lys Phe Ala Leu Val Ala Thr Val Gly Ala Ile Leu Ser Ala
1 5 10 15

Ser Ala Ala Asn Ala Ala Ser Ile Tyr Gln Gln Cys Gly Gly Ile Gly
20 25 30

Trp Ser Gly Ser Thr Val Cys Asp Ala Gly Leu Ala Cys Val Ile Leu
35 40 45

Asn Ala Tyr Tyr Phe Gln Cys Leu Thr Pro Ala Ala Gly Gln Thr Thr
50 55 60

Thr Gly Ser Gly Ala Pro Ala Ser Thr Ser Thr Ser His Ser Thr Val
65 70 75 80

Thr Thr Gly Ser Ser His Ser Thr Thr Gly Thr Thr Ala Thr Lys Thr
85 90 95

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

Gly Arg Val Cys Ser Gly Ser Arg Thr Lys Phe Lys Phe Phe Gly Val
115 120 125

Asn Glu Ser Gly Ala Glu Phe Gly Asn Thr Ala Trp Pro Gly Gln Leu
130 135 140

Gly Lys Asp Tyr Thr Trp Pro Ser Pro Ser Ser Val Asp Tyr Phe Met
145 150 155 160

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

Ser Pro Pro Ala Thr Gly Leu Thr Gly Pro Phe Asn Gln Thr Tyr Leu
180 185 190

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

Ala Leu Ile Asp Pro His Asn Phe Met Arg Tyr Asn Asn Gly Ile Ile
210 215 220

Ser Ser Thr Ser Asp Phe Ala Thr Trp Trp Ser Asn Leu Ala Thr Val
225 230 235 240

Phe Lys Ser Thr Lys Asn Ala Ile Phe Asp Ile Gln Asn Glu Pro Tyr
245 250 255

Gly Ile Asp Ala Gln Thr Val Tyr Glu Leu Asn Gln Ala Ala Ile Asn
260 265 270

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

Thr Ser Tyr Thr Gly Ala Trp Thr Trp Val Ser Ser Gly Asn Gly Ala
290 295 300

Ala Phe Ala Ala Val Thr Asp Pro Tyr Asn Asn Thr Ala Ile Glu Met
305 310 315 320

His Gln Tyr Leu Asp Ser Asp Gly Ser Gly Thr Asn Glu Asp Cys Val

	325		330		335
Ser Ser Thr Ile Gly Ser Gln Arg Leu Gln Ala Ala Thr Ala Trp Leu	340		345		350
Gln Gln Thr Gly Leu Lys Gly Phe Leu Gly Glu Thr Gly Ala Gly Ser	355		360		365
Asn Ser Gln Cys Ile Asp Ala Val Phe Asp Glu Leu Cys Tyr Met Gln	370		375		380
Gln Gln Gly Gly Ser Trp Ile Gly Ala Leu Trp Trp Ala Ala Gly Pro	385		390		395
Trp Trp Gly Thr Tyr Ile Tyr Ser Ile Glu Pro Pro Ser Gly Ala Ala	405		410		415
Ile Pro Glu Val Leu Pro Gln Gly Leu Ala Pro Phe Leu	420		425		

<210> 81
 <211> 1580
 <212> ADN
 <213> Thielavia terrestris

 <400> 81

agccccccgt tcaggcacac ttggcatcag atcagcttag cagccctgc acagcatgan 60
 gctcttcgag tcggccgcgc tcggcggcact caccgagacg gggctcgcgc cccctcgcgc 120
 caccagcgcgc caggcgcgcgc ggcaggcttc agccggctgc tggctcgcgc toagcgcgc 180
 cggcagcacc aacgtttgga agaagtacac gctgcacccc aacagctact accgcaaggc 240
 ggttgagggc ggggtggcgc agatctcgcg ccgggacctc gcccgcaggc ocaagaaggt 300
 ggcgcagctc ggcacotttc tgggtgcgcgc ctgagcgcgc aacatcgcgc agctggagcc 360
 ggcgacccag gacgtgcctt ggcagacac cctgggcctg gtcactctacg acctgcgcgc 420
 ccgcgactgc ggcgcacagg cgtccacagg cagagctcag gtcggcgcgc tcgacgcgc 480
 caggacgcgc tacctcgcgc gtcagctgcgc ccccccgggt tcgagagagc cgtgggcgcgc 540
 agggagaggc ttgactgact gacacggcgc actgcagaga tgggtgcgc cctcagggcgc 600
 caccccaaca cggcgcttcgc gctggctcgc ggcgcgact cgtgcgcgc cctggctgcgc 660
 aacagcact tcgacacgtc ctcgagcgc gcgtcgggtt accgcgagc cgtggcttc 720
 ggcctcagga aactcagctt ggcacacgtc atcagtaac tcgacgcgc gcacgggcgc 780
 tggctcggct ggcagccca cctgcagccc ggcgcgcgc agctagcaca ggcgtacag 840
 aacgcgggtt cgcacagca gctcgcgcgc ttctcgcaca agctggcgcgc ctggacactc 900
 tgggtgagctt ttttcacatc cttttctctt tctctctctt tcttcgctc cactctgcgc 960
 cccccccttc cccaagcacc aactggcgtt ccggcttgcg gactcggctt ccttttccc 1020
 ggcacccagc gatcaatgc cgggcgaatt ctcccaggcg tcgcagcgc agtacacac 1080
 gtgcagacac gagaagatct acgtcagcac cttcggcttc gcgctcagc cggccggcct 1140
 gcccacccac gccatcgtcg acacgggcgc caccggcgtc accggcctgc gcaaggagtc 1200
 ggggtgactgc tgcaacgtca accgtgcagc ttctgtctct tcttttctct ctttttctt 1260
 tgcacgtcgt ggtccttttc aagcagcgtt gtttggcttg ggcagatgga ctccggctga 1320
 tgttctgctt cctctctagc cttcggcgtc ggcgcgcgc gcaaacaggc cctcagcgtc 1380
 ggcgacagct tctgttgggt caagccggc ggcgagtcgc accgcaacag gcaagctcgc 1440
 tgcgcgcgtt acgacagctt ctgcggcagc gacgagcct toaagccctc gcccgagcgc 1500
 ggcacactga acgagccta cttcagatc ctgctcagca acccgtgcgc gtcgttctaa 1560
 gacggtcag catcctcgc

<210> 82
 <211> 396
 <212> PRT
 <213> Thielavia terrestris
 <400> 82

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

Glu Tyr Ile Asp Lys Ile Val Ser Ile Leu Lys Ala His Pro Asn Thr
145 150 155 160

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

Asn Ser Asn Leu Asp Thr Cys Ser Ser Ser Ala Ser Gly Tyr Arg Glu
180 185 190

Gly Val Ala Tyr Ala Leu Lys Asn Leu Asn Leu Pro Asn Val Ile Met
195 200 205

Tyr Leu Asp Ala Gly His Gly Gly Trp Leu Gly Trp Asp Ala Asn Leu
210 215 220

Gln Pro Gly Ala Gln Glu Leu Ala Lys Ala Tyr Lys Asn Ala Gly Ser
225 230 235 240

Pro Lys Gln Leu Arg Gly Phe Ser Thr Asn Val Ala Gly Trp Asn Ser
245 250 255

Trp Asp Gln Ser Pro Gly Glu Phe Ser Gln Ala Ser Asp Ala Lys Tyr
260 265 270

Asn Lys Cys Gln Asn Glu Lys Ile Tyr Val Ser Thr Phe Gly Ser Ala
275 280 285

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

Asn Gly Val Thr Gly Leu Arg Lys Glu Trp Gly Asp Trp Cys Asn Val
305 310 315 320

Asn Gly Ala Gly Phe Gly Val Arg Pro Thr Ser Asn Thr Gly Leu Glu
325 330 335

Leu Ala Asp Ala Phe Val Trp Val Lys Pro Gly Gly Glu Ser Asp Gly
340 345 350

Thr Ser Asp Ser Ser Ser Pro Arg Tyr Asp Ser Phe Cys Gly Lys Asp
355 360 365

Asp Ala Phe Lys Pro Ser Pro Glu Ala Gly Thr Trp Asn Glu Ala Tyr
370 375 380

Phe Glu Met Leu Leu Lys Asn Ala Val Pro Ser Phe
385 390 395

<210> 83
<211> 1203
<212> ADN

<213> Thielavia terrestris

<400> 83

```

atgaagtacc tcaacctcct cgaagototc ctgcgcgtcg ctctctctctc cctcgtctga 60
cccagcatcg aggcagaca gtgcacgtc aacctatca tgggcaagag cccgctcgtt 120
attaggtcgt agcccaaaa gcttgaggag accgtcagga ccttcacaga adgtggcgac 180
cagctcaacg ctgcgaggac accgacggtg cagaacgttg cgactttcgc ctggatctcg 240
gataccaatg gtattggagc cattcgacct ctctccaaag atgctctcgc ccagcaggct 300
cgcactggac agaaggtcat cgtccaaatc gtctctatca acctccacga tcgcgactgc 360
tctgccaaag cctcgactgg agagttcacc gtaggaaacg aggtctctca ccgatacaag 420
aactttgtca acacctcgc ccgcgagctc tcgactgctg acgctgacaa gctccacttt 480
gccctctctc tcgaacctga cgaacttgcg aacctogtca ccaacgogaa tgcctccagg 540
tgccgcatcg cgcctccgc ttacaaggag ggtatcgctt acacctctgc cactttgtcc 600
aagcccaacg togacgtcta catcgagcc gccaaagggtg gctggctcgg ctggaaacga 660
aacctccgcc ccttcgcaga actcttcaag gaagtctacg aactcgcccg ccgcatcaac 720
cccaacgcca aggtccgcgg cgtccccgtc aaagtctcaa actacaacca gtacogogct 780
gaagtcgcgg agcccttca cgaagtggaa gacgcctggg agagagccg ctacgtcaac 840
gtctctaccc cgaacctcaa agcgtcggc ttctccgcgc acttcactgt tgaccaggga 900
cgcggtggca agggoggtat caggacggag tggggccagt ggtgcaacgt taggaaogct 960
gggttcggta tcaggctac tgcggatcag ggcgtgctcc agaaccgaa tgtggatgog 1020
attgtgtggg ttaagccggg tggagagtcg gatggcaga gtgatttgaa ctcgaaacgg 1080
tatgatocta cgtgcaggag tccggtggcg catgttcccg ctctgaggc tggccagtgg 1140
ttonacgagt atgttgttaa cctcgttttg aacgctaacc cccctcttga gcctacctgg 1200
taa 1203

```

5

<210> 84

<211> 400

<212> PRT

<213> Thielavia terrestris

10

<400> 84

Met Lys Tyr Leu Asn Leu Leu Ala Ala Leu Leu Ala Val Ala Pro Leu
1 5 10 15

Ser Leu Ala Ala Pro Ser Ile Glu Ala Arg Gln Ser Asn Val Asn Pro
20 25 30

Tyr Ile Gly Lys Ser Pro Leu Val Ile Arg Ser Tyr Ala Gln Lys Leu

35	40	45																	
Glu	Glu	Thr	Val	Arg	Thr	Phe	Gln	Gln	Arg	Gly	Asp	Gln	Leu	Asn	Ala				
50						55					60								
Ala	Arg	Thr	Arg	Thr	Val	Gln	Asn	Val	Ala	Thr	Phe	Ala	Trp	Ile	Ser				
65					70					75					80				
Asp	Thr	Asn	Gly	Ile	Gly	Ala	Ile	Arg	Pro	Leu	Ile	Gln	Asp	Ala	Leu				
				85					90						95				
Ala	Gln	Gln	Ala	Arg	Thr	Gly	Gln	Lys	Val	Ile	Val	Gln	Ile	Val	Val				
			100					105						110					
Tyr	Asn	Leu	Pro	Asp	Arg	Asp	Cys	Ser	Ala	Asn	Ala	Ser	Thr	Gly	Glu				
	115						120					125							
Phe	Thr	Val	Gly	Asn	Asp	Gly	Leu	Asn	Arg	Tyr	Lys	Asn	Phe	Val	Asn				
	130					135					140								
Thr	Ile	Ala	Arg	Glu	Leu	Ser	Thr	Ala	Asp	Ala	Asp	Lys	Leu	His	Phe				
145					150					155					160				
Ala	Leu	Leu	Leu	Glu	Pro	Asp	Ala	Leu	Ala	Asn	Leu	Val	Thr	Asn	Ala				
				165				170						175					
Asn	Ala	Pro	Arg	Cys	Arg	Ile	Ala	Ala	Pro	Ala	Tyr	Lys	Glu	Gly	Ile				
			180					185					190						
Ala	Tyr	Thr	Leu	Ala	Thr	Leu	Ser	Lys	Pro	Asn	Val	Asp	Val	Tyr	Ile				
	195						200					205							
Asp	Ala	Ala	Asn	Gly	Gly	Trp	Leu	Gly	Trp	Asn	Asp	Asn	Leu	Arg	Pro				
210					215					220									
Phe	Ala	Glu	Leu	Phe	Lys	Glu	Val	Tyr	Asp	Leu	Ala	Arg	Arg	Ile	Asn				
225					230					235					240				
Pro	Asn	Ala	Lys	Val	Arg	Gly	Val	Pro	Val	Asn	Val	Ser	Asn	Tyr	Asn				
			245					250						255					
Gln	Tyr	Arg	Ala	Glu	Val	Arg	Glu	Pro	Phe	Thr	Glu	Trp	Lys	Asp	Ala				
		260					265						270						
Trp	Asp	Glu	Ser	Arg	Tyr	Val	Asn	Val	Leu	Thr	Pro	His	Leu	Asn	Ala				
	275						280					285							
Val	Gly	Phe	Ser	Ala	His	Phe	Ile	Val	Asp	Gln	Gly	Arg	Gly	Gly	Lys				
290					295					300									

Gly Gly Ile Arg Thr Glu Trp Gly Gln Trp Cys Asn Val Arg Asn Ala
305 310 315 320

Gly Phe Gly Ile Arg Pro Thr Ala Asp Gln Gly Val Leu Gln Asn Pro
325 330 335

Asn Val Asp Ala Ile Val Trp Val Lys Pro Gly Gly Glu Ser Asp Gly
340 345 350

Thr Ser Asp Leu Asn Ser Asn Arg Tyr Asp Pro Thr Cys Arg Ser Pro
355 360 365

Val Ala His Val Pro Ala Pro Glu Ala Gly Gln Trp Phe Asn Glu Tyr
370 375 380

Val Val Asn Leu Val Leu Asn Ala Asn Pro Pro Leu Glu Pro Thr Trp
385 390 395 400

<210> 85

<211> 1501

<212> ADN

<213> Thielavia terrestris

<400> 85

gccgttgctc agatggggcc gaagacgctg caacgattcg ccgcaacggc tttggccgtt 60
 ctccccccttg tgaaggctca gcagcccgcc aacttcacgc cggaggctgc,cccgcaactg 120
 ccaacgtgga agtgcaacgc cggccggcgcc tgggttcagc aggaacattc ggtgggtgctc 180
 gactggaaat accgttgcat ccacaatgcc gacggcaccg cctcgtgcac gacgtccagc 240
 ggggtcgacc acacgctgtg tccagatgag gcgaactgag cgaagaaatg cttcgtggaa 300
 ggcgtcaact acacgagcag cgggtgtcac aatccggccg gttcgtgcac gatgaggcag 360
 tttttcaagg ggagcaacgg gcagacaaac agcgtttcgc ctcgtctcta cctgctcgcc 420
 tgggatggaa actaactaat gctcaagctg ctccggccagg agctgagctt cgatgtcgat 480
 ctctccacgc tcccctgccc cgaagacggc ggcgtgtacc tgtccgagat ggaacgggac 540
 ggtggcaggc accagtaaca caccggcggt gccaaactac gctcgggcta ctgtgaagcc 600
 cagtgctccc tgcagacgtg gatgaacggc acgctgaaca ccaacgggga gggctactgc 660
 tgcacacgag tggacatcct agaggccaac tcccgcccca acgcatgac acctacccc 720
 tggcccaacg gcaagctgga aaagagcggg tggggaacta acccctacgc cgaaggctac 780
 aagagctact acggacccgg cctcacgggt gacacgtcga agcccttcac catcattacc 840
 cgttcctaca ccgacgacgg ccacgacacg ggcaccccta accagatcca gcgcatctat 900
 gtgcagaatg gcaagacggc cggctcggct gctcgggag ggcacatcat caacgcatcc 960
 ggctgcacct cggcccaagg gttcggcggg ctggccaaac tgggcgcggc gcttggacgg 1020
 ggcattggtg tgaccttcag catctgggac gacgctgggg gctacatgaa ctggctcgac 1080
 agcggcaaca acggcccgct gaggagcaac cgtccaaact cctggccaac 1140
 taccgggaca cccacgtggt cttctccaac atccgctggg gagacatcgg ctcgacggtc 1200
 caggtctcgg gaggcggaac cggcggtcgc acaacaaaca cgtcgacac cagctgagg 1260
 acctcgacca cgaacacac cccggccccc acggccaatg ccacgcaatg gggacaatgc 1320
 ggcggaaatc gggtaactca accgcctcct gcattctgtt gaggaagtta actaacgtgg 1380
 cctacgcagt ggactggacc gacgctctgc gaatcgccgt acgcatgcaa ggaactgaac 1440
 cctgggtact accagtgcc ctcaagtatt gcagtgaagc catactccgt gctcggcatg 1500
 g 1501

- 5 <210> 86
 <211> 464
 <212> PRT
 <213> Thielavia terrestris
 <400> 86

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

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

Thr Ser Thr Thr Thr Thr Thr Thr Ala Pro Thr Ala Thr Ala Thr His
420 425 430

Trp Gly Gln Cys Gly Gly Ile Gly Trp Thr Gly Pro Thr Val Cys Glu
435 440 445

Ser Pro Tyr Ala Cys Lys Glu Leu Asn Pro Trp Tyr Tyr Gln Cys Leu
450 455 460

<210> 87

<211> 1368

<212> ADN

<213> Thielavia terrestris

<400> 87

```

accgatccgc tcgaagatgg cgcaccaagtc tacagttctg gccgcctggc tgcctctctc 60
gctggcccgcg gccacgcaga tcggcaaaagc cgtgcccagag gtccaccccaa aactgacaaac 120
gcagaagtgc actctcccgcg gcgggtgcac gccctgtccgc acctcggctcg tgcctcgaactc 180
gtccgcgcgcgc tcgctgcaca aggtcggggga ccccaacacc agctgcagcgc tcggcgggcga 240
cctgtgctcgc gacgcgaagt cgtcggggcaa gaactgcgcgc ctccagggcg tcgactacgc 300
ggcccccgcgc gtgcgcgaccc agggcgacgc cctcacgctg caccagtggc tcaagggggc 360
cgacggccccc taacggacccg totgcgcgcg cgtatacctc ctggggcgagg acggcgaggaa 420
ctacggaggac ttcaagctgc tcaaacgcga gctcagcttc gacgtcgacg tgtcccagct 480
cgtctgcggc atgaacggcg ccctgtactt ctccgagatg gagatggacg gcggccgcag 540
cccgtcgaa cccgagggcg ccacgtacgg caccggctac tgcgacgcgc agtgcaccaa 600
gttggacttt atcaacggcg aggtattctt totctctctt gtttttcttt tccatcgtt 660
tttctgaccg gaatccgcgc tcttagctca acaccaacca cactacggg gcgtgctgca 720
acgagatgga catctgggag gccaaacgcgc tggcgacagg gctcacgcgc caccctgca 780
aagcgacgcgc ggtgtacaa gtcgcacacgc cggacagatg cgggcagccg gtggggtgt 840
gacacgaatg ggggtgctcg tacaacccgt ccaacttcgg ggtcaaggac tactacgggc 900
gcaacctgac ggtggacacg aaccgcagg tcaacgtgac gacgcagttc gtgacgtcca 960
acgggcgggc ggaacggcgag ctgacgcgag tccggcggtc gtmcgtgacg gacggcggtg 1020
tgatccagaa ccacgcggtc acggcgggcg gggcgacgta cgmccgcctc acggacggct 1080
totgcaacgc gacggccacc tggacgcgac agcggggctg cctcgcgcgc atggcgagag 1140
ccatcgggcg cggcatggtg ctcatcttca gctgtgggt tgcacacggc ggttccatga 1200
actggtctga cagcgccaa cccgggccc ccaacgccac cagggcgac cggccctga 1260
tcctgcagca gcacccggac gccagcgtca ccttctccaa catccgatg ggcgagatcg 1320
gcagcaagta caagagcgag tgcagccact agagtagagc ttgtactt 1368

```

<210> 88

<211> 423

<212> PRT

<213> Thielavia terrestris

<400> 88

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

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

<210> 89

<211> 1011

<212> ADN

<213> Thielavia terrestris

<400> 89

atgacacacac ggcacacacac catcacacacac ctgacacacac tggacacacac cgcacacacac 60
gtcacacacac cgcacacacac cccacacacac cgcacacacac aatgacacac acacacacac 120
tgacacacac agacacacac cgcacacacac ggcacacacac cgcacacacac cgcacacacac 180
ggcagacacac ggacacacac ggacacacac ggcacacacac tgcacacacac ggacacacac 240
gtgacacacac accacacacac caacacacac ggcacacacac tgcacacacac ggcacacacac 300
tacacacacac ggcacacacac caacacacac attacacacac tgcacacacac ggcacacacac 360
gtgacacacac attacacacac ggcacacacac ggcacacacac ggcacacacac cgcacacacac 420
atgacacacac agacacacac cgcacacacac ggcacacacac ggcacacacac cgcacacacac 480
cgcacacacac ggcacacacac ggcacacacac cgcacacacac attacacacac ggcacacacac 540
agacacacac cgcacacacac caacacacac ggcacacacac ggcacacacac ggcacacacac 600
ggcagacacac agacacacac attacacacac ggcacacacac ggcacacacac ggcacacacac 660
accacacacac cgcacacacac cgcacacacac ggcacacacac cgcacacacac cgcacacacac 720
atcagacacac ggcacacacac ggcacacacac ggcacacacac ggcacacacac ggcacacacac 780
tgacacacac ggcacacacac cgcacacacac ggcacacacac ggcacacacac ggcacacacac 840
agacacacac cgcacacacac cgcacacacac ggcacacacac ggcacacacac ggcacacacac 900
tgacacacac ggcacacacac cgcacacacac attacacacac ggcacacacac ggcacacacac 960
gtcacacacac accacacacac ggcacacacac ggcacacacac ggcacacacac ggcacacacac 1011

- 5
<210> 90
<211> 336
<212> PRT
<213> Thielavia terrestris

<400> 90

Met	Thr	Leu	Arg	Leu	Pro	Val	Ile	Ser	Leu	Leu	Ala	Ser	Leu	Ala	Ala	1	5	10	15
Gly	Ala	Val	Val	Val	Pro	Arg	Ala	Glu	Phe	His	Pro	Pro	Leu	Pro	Thr	20	25	30	
Trp	Lys	Cys	Thr	Thr	Ser	Gly	Gly	Cys	Val	Gln	Gln	Asn	Thr	Ser	Val	35	40	45	
Val	Leu	Asp	Arg	Asp	Ser	Lys	Tyr	Ala	Ala	His	Ser	Ala	Gly	Ser	Arg	50	55	60	
Thr	Glu	Ser	Asp	Tyr	Ala	Ala	Met	Gly	Val	Ser	Thr	Ser	Gly	Asn	Ala	65	70	75	80
Val	Thr	Leu	Tyr	His	Tyr	Val	Lys	Thr	Asn	Gly	Thr	Leu	Val	Pro	Ala	85	90	95	
Ser	Pro	Arg	Ile	Tyr	Leu	Leu	Gly	Ala	Asp	Gly	Lys	Tyr	Val	Leu	Met	100	105	110	
Asp	Leu	Leu	Asn	Gln	Glu	Leu	Ser	Val	Asp	Val	Asp	Phe	Ser	Ala	Leu	115	120	125	

Pro Cys Gly Glu Asn Gly Ala Phe Tyr Leu Ser Glu Met Ala Ala Asp
130 135 140

Gly Arg Gly Asp Ala Gly Ala Gly Asp Gly Tyr Cys Asp Ala Gln Cys
145 150 155 160

Gln Gly Tyr Cys Cys Asn Glu Met Asp Ile Leu Glu Ala Asn Ser Met
165 170 175

Ala Thr Ala Met Thr Pro His Pro Cys Lys Gly Asn Asn Cys Asp Arg
180 185 190

Ser Gly Cys Gly Tyr Asn Pro Tyr Ala Ser Gly Gln Arg Gly Phe Tyr
195 200 205

Gly Pro Gly Lys Thr Val Asp Thr Ser Lys Pro Phe Thr Val Val Thr
210 215 220

Gln Phe Ala Ala Ser Gly Gly Lys Leu Thr Gln Ile Thr Arg Lys Tyr
225 230 235 240

Ile Gln Asn Gly Arg Glu Ile Gly Gly Gly Gly Thr Ile Ser Ser Cys
245 250 255

Gly Ser Glu Ser Ser Thr Gly Gly Leu Thr Gly Met Gly Glu Ala Leu
260 265 270

Gly Arg Gly Met Val Leu Ala Met Ser Ile Trp Asn Asp Ala Ala Gln
275 280 285

Glu Met Ala Trp Leu Asp Ala Gly Asn Asn Gly Pro Cys Ala Ser Gly
290 295 300

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

Val Phe Ser Asn Ile Arg Trp Gly Asp Ile Gly Ser Thr Thr Lys Asn
325 330 335

<210> 91

<211> 1480

<212> ADN

<213> Cladorrhinum foecundissimum

<400> 91

gacacgaatt cotoctotog ttcttttagtc acagaccaga catctgccca ccatgggttca	60
caagttagoc ctctcaccg gctctgcgc ctccctcgca tctgccagc agatcgccac	120
cgtcgtccc gagtctcacc ccaagcttcc caccgaaggg tgaactctcg cgggtggctg	180
ccagaccgtc gacacctcca tctctatcga cgccttccag cgtccctcc accagatcgg	240
cgaacattcc actccttgcc tctcggcgg cctctctctc cccgaagcca agtcttgcc	300
tgagaaactgc gcgtctgagg gtgtcgacta tgcctctctg ggcatacaga ccgagggcga	360
cgccttaact ctcaaccagt ggatgccga cccggcgac cctggccagt acaagacgac	420
taactccctgt aactaacttg ttgttgagg cggcaagaac taagaggatg tgaagctcct	480
ggctaaggag atctcgtttg atgacgatgt cagcaacctt cctgcccga tgaacggctg	540
ttctctacttg tctgagatgt tgatggatgg tggacgtggc gacctcacc ctgctggctg	600
caggtatggg accggttact gtgatggcga gtgcttcaag ttggatttca tcaacggcga	660
ggcaaacatc gacaaaaagc aaggcgcttg ctgcaaacga atggcaattt tgaatccaa	720
ctcgcgcgc aagacattcg tccccacccc ctgcaaacat aagcaggtct acaagtggga	780
aggcgaagac gagtgcggcc agcccgctcg cgtgtgcgac aagtgggggt ggggtctcaa	840
caggtacaaa tggggcgctg agtcttctca cggccggggc tgcagttctg ccatcgactc	900
ctccaaagag ttccacgtca ccccgagtt cctgaccgac aacggcaagg aggaaggcgt	960
cctcgtcagc atccgcgcgt tctggcaccg ggtgggaag ctgatcaaga acaacgctat	1020
ccaggttgag gagaactaca gcacggactc ggtgagcacc gatttctgcy agaagactgc	1080
ttctttcacc atgcagcgcg gtggtctcaa ggcgatgggc gaggctatcg gtctgggtat	1140
ggtgctggtt ttcagcatct gggcggtatg ttccgggttt atgaactggt tggatgcgga	1200
gggtaatggc ccttgccagc cgaatgaggg ccatccgaag gagattgtca agaataagcc	1260
ggatgctagg gttacgttct caaacattag gattggtgag gttggtagca cgtatgctcc	1320
gggtgggaag tgcgggtgta agagcagggg tgcctagggg cttaactgctt cttaaggggg	1380
gtgtgaagag aggagggagg gttgttgggg gttggagatg ataattgggc gagatggtgt	1440
agagcgggtt ggttggtatg gaatacgttg aattggatgt	1480

<210> 92

<211> 440

<212> PRT

<213> Cladorrhinum foecundissimum

<400> 92

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

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

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

Ser Ile Val Ile Asp Ala Phe Gln Arg Pro Leu His Lys Ile Gly Asp

50		55		60	
Pro Ser Thr Pro Cys Val Val Gly Gly Pro Leu Cys Pro Asp Ala Lys					
65		70		75	80
Ser Cys Ala Glu Asn Cys Ala Leu Glu Gly Val Asp Tyr Ala Ser Trp					
	85		90		95
Gly Ile Lys Thr Glu Gly Asp Ala Leu Thr Leu Asn Gln Trp Met Pro					
	100		105		110
Asp Pro Ala Asn Pro Gly Gln Tyr Lys Thr Thr Thr Pro Arg Thr Tyr					
	115		120		125
Leu Val Ala Glu Asp Gly Lys Asn Tyr Glu Asp Val Lys Leu Leu Ala					
	130		135		140
Lys Glu Ile Ser Phe Asp Ala Asp Val Ser Asn Leu Pro Cys Gly Met					
	145		150		155
Asn Gly Ala Phe Tyr Leu Ser Glu Met Leu Met Asp Gly Gly Arg Gly					
	165		170		175
Asp Leu Asn Pro Ala Gly Ala Glu Tyr Gly Thr Gly Tyr Cys Asp Ala					
	180		185		190
Gln Cys Phe Lys Leu Asp Phe Ile Asn Gly Glu Ala Asn Ile Asp Gln					
	195		200		205
Lys His Gly Ala Cys Cys Asn Glu Met Asp Ile Phe Glu Ser Asn Ser					
	210		215		220
Arg Ala Lys Thr Phe Val Pro His Pro Cys Asn Ile Thr Gln Val Tyr					
	225		230		235
Lys Cys Glu Gly Glu Asp Glu Cys Gly Gln Pro Val Gly Val Cys Asp					
	245		250		255
Lys Trp Gly Cys Gly Phe Asn Glu Tyr Lys Trp Gly Val Glu Ser Phe					
	260		265		270
Tyr Gly Arg Gly Ser Gln Phe Ala Ile Asp Ser Ser Lys Lys Phe Thr					
	275		280		285
Val Thr Thr Gln Phe Leu Thr Asp Asn Gly Lys Glu Asp Gly Val Leu					
	290		295		300
Val Glu Ile Arg Arg Leu Trp His Gln Asp Gly Lys Leu Ile Lys Asn					
	305		310		315
					320

Thr Ala Ile Gln Val Glu Glu Asn Tyr Ser Thr Asp Ser Val Ser Thr
325 330 335

Glu Phe Cys Glu Lys Thr Ala Ser Phe Thr Met Gln Arg Gly Gly Leu
340 345 350

Lys Ala Met Gly Glu Ala Ile Gly Arg Gly Met Val Leu Val Phe Ser
355 360 365

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

Asn Gly Pro Cys Ser Ala Thr Glu Gly Asp Pro Lys Glu Ile Val Lys
385 390 395 400

Asn Lys Pro Asp Ala Arg Val Thr Phe Ser Asn Ile Arg Ile Gly Glu
405 410 415

Val Gly Ser Thr Tyr Ala Pro Gly Gly Lys Cys Gly Val Lys Ser Arg
420 425 430

Val Ala Arg Gly Leu Thr Ala Ser
435 440

<210> 93

<211> 1380

<212> ADN

<213> Trichoderma reesei

<400> 93

5

atggcgccctt	caattacact	gocgttgacc	acggccatcc	tgccatttgc	ccggtctgtc	60
gcgcgcacag	aacggggtac	caacacccc	gaggtccatc	ccagttgac	aacctacaag	120
tgtacaaaat	ccgggggggt	cgtggcccag	gacacctcgg	tggtccttga	ctggaaactac	180
cgctggatgc	acgacgcaca	ctacaaatcg	tgcaacgtca	acgggggggt	caaacacacg	240
ctctgccctg	acgagggcag	ctgtggcag	aactgcttca	tcgagggcgt	cgactacgcc	300
gcctcggggc	tcacgaacct	gggcagcagc	ctaaccaatg	accagtacat	gcacagcagc	360
tctggcgggt	acagcagcgt	ctctcctcgg	ctgtatctcc	tggaactctga	cggtgagtac	420
gtgatgctga	agctcaacgg	ccaggagctg	agcttcgacg	tcgacctctc	tgctctgcag	480
tgtggagaga	acgggtctgt	ctacatgtct	cagatggacg	agaaacgggg	cgccaaaccg	540
tataacacgg	ccggtgcaca	ctacgggagc	ggctactgag	atgctcagtg	ccccgtccag	600
acatggaggc	acgggcacct	caacactagc	ccccaggcgt	tctgctgcaa	cgagatggat	660
ctctgggagg	gcaactcagc	ggcgaatgca	ctgacccctc	actcttgcac	gcacacggcc	720
tgcgactctg	ccggttgccg	cttcaacccc	tatggcagcg	gctacaaag	ctactacggc	780
ccgggagata	ccgttgacac	ctccaaagac	ttcaccatca	tcacccagtt	caacacggac	840
aacggctcgc	ctctggggca	ccttgtgagc	ctcaccggca	agtaccagca	aaacggcgtc	900
gacatcccca	gcgcacacgc	cggcggcgac	accatctcgt	cctgcacgtc	cgctcagcc	960
tacggcgggc	tcgccacacat	gggcacggcc	ctgagcagcg	gcctggtgct	cgtgttcagc	1020
atttggaaac	acaacagcca	gtacatgaa	tggtctgaca	gcggcaacgc	cgccacctgc	1080
agcagcaccg	agggcacccc	ctccacacac	ctggcccaac	accccaaac	gcacgtcgtc	1140
ttctccaaac	tcggtcgggg	agacattggg	tctactaaga	actcgactgc	gcccccgccc	1200
ccgctcgtgt	ccagcagcag	gttttcgact	acacggaggc	gctcgacgac	ttcgagcagc	1260
ccgagctgca	cgcaagactc	ctggggggcg	tgcggtggca	ttgggtacag	cggtgcaag	1320
acgtgcaagt	ggggcaactc	gtgcacgtat	agcaacgact	actactcgca	atgcctttag	1380

<210> 94

<211> 459

<212> PRT

<213> Trichoderma reesei

<400> 94

Met Ala Pro Ser Val Thr Leu Pro Leu Thr Thr Ala Ile Leu Ala Ile
 1 5 10 15

Ala Arg Leu Val Ala Ala Gln Gln Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Val
 20 25 30

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

Ala Gln Asp Thr Ser Val Val Leu Asp Trp Asn Tyr Arg Trp Met His
 50 55 60

Asp Ala Asn Tyr Asn Ser Cys Thr Val Asn Gly Gly Val Asn Thr Thr
 65 70 75 80

Leu Cys Pro Asp Glu Ala Thr Cys Gly Lys Asn Cys Phe Ile Glu Gly
 85 90 95

Val Asp Tyr Ala Ala Ser Gly Val Thr Thr Ser Gly Ser Ser Leu Thr
 100 105 110

Met Asn Gln Tyr Met Pro Ser Ser Ser Gly Gly Tyr Ser Ser Val Ser
 115 120 125

Pro Arg Leu Tyr Leu Leu Asp Ser Asp Gly Glu Tyr Val Met Leu Lys
 130 135 140

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

Cys Gly Glu Asn Gly Ser Leu Tyr Leu Ser Gln Met Asp Glu Asn Gly
165 170 175

Gly Ala Asn Gln Tyr Asn Thr Ala Gly Ala Asn Tyr Gly Ser Gly Tyr
180 185 190

Cys Asp Ala Gln Cys Pro Val Gln Thr Trp Arg Asn Gly Thr Leu Asn
195 200 205

Thr Ser His Gln Gly Phe Cys Cys Asn Glu Met Asp Ile Leu Glu Gly
210 215 220

Asn Ser Arg Ala Asn Ala Leu Thr Pro His Ser Cys Thr Ala Thr Ala
225 230 235 240

Cys Asp Ser Ala Gly Cys Gly Phe Asn Pro Tyr Gly Ser Gly Tyr Lys
245 250 255

Ser Tyr Tyr Gly Pro Gly Asp Thr Val Asp Thr Ser Lys Thr Phe Thr
260 265 270

Ile Ile Thr Gln Phe Asn Thr Asp Asn Gly Ser Pro Ser Gly Asn Leu
275 280 285

Val Ser Ile Thr Arg Lys Tyr Gln Gln Asn Gly Val Asp Ile Pro Ser
290 295 300

Ala Gln Pro Gly Gly Asp Thr Ile Ser Ser Cys Pro Ser Ala Ser Ala
305 310 315 320

Tyr Gly Gly Leu Ala Thr Met Gly Lys Ala Leu Ser Ser Gly Met Val
325 330 335

Leu Val Phe Ser Ile Trp Asn Asp Asn Ser Gln Tyr Met Asn Trp Leu
340 345 350

Asp Ser Gly Asn Ala Gly Pro Cys Ser Ser Thr Glu Gly Asn Pro Ser
355 360 365

Asn Ile Leu Ala Asn Asn Pro Asn Thr His Val Val Phe Ser Asn Ile
370 375 380

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

Pro Pro Ala Ser Ser Thr Thr Phe Ser Thr Thr Arg Arg Ser Ser Thr

405

410

415

Thr Ser Ser Ser Pro Ser Cys Thr Gln Thr His Trp Gly Gln Cys Gly
420 425 430

Gly Ile Gly Tyr Ser Gly Cys Lys Thr Cys Thr Ser Gly Thr Thr Cys
435 440 445

Gln Tyr Ser Asn Asp Tyr Tyr Ser Gln Cys Leu
450 455

<210> 95

<211> 1545

<212> ADN

<213> Trichoderma reesei

<400> 95

5

```

atgtatcggg agttggccgt catctcggcc ttcttggcca cagctcgtgc tcagtcggcc 60
tgcactctcc aatcgggagac tccccgcct ctgacatggc agaatgctc gtctggtggc 120
acgtgcactc aacagacagg ctccgtggtc atcgacgcca actggcgctg gactcacgct 180
acgaacagca gcacgaactg ctacgatggc aacacttggc gctcgacct atgtcctgac 240
aacgagacot gcgcgaagaa ctgctgtotg gaagggtgoc octacgctc cactacgga 300
gttaaccadga gcggttaacag cctctcdatt ggotttgtca cccagtctgc gcagaagaa 360
gttggcgctc gcctttacct tatggcgagc gacacgacct accaggatt caccctgctt 420
ggcaacgagt tctctttcga tgttgatgtt tgcagctgc cgtgcggctt gaacggagct 480
ctctacttgc tgtccatgga cgcggatggt ggcgtagca agtatccac caacacogct 540
ggcgccaagt acggcacggg gtactgtgac agccagtgtc ccccgctct gaagtccatc 600
aatggocagg ccaacgttga gggctgggag cgtcatcca acaacggaa caogggcatt 660
ggaggacacg gaagctgctc ctctgagatg gatctctggg aggccacctc catctccgag 720
gctcttaded cccacddttg cagcactgtc ggcaaggaga tctgagaggg tgatgggtgc 780
ggcggaactt actccgataa cagatatggc ggcaacttgc atcccgatgg ctgcgactgg 840
aacccataac gcctgggcaa caccagcttc tacggccctg gctcaagctt taccctcgat 900
accacaaaga aattgaacct tgtcaacca ttcgagacgt cgggtgcct caaccgatac 960
tatgtccaga atggcgctac ttccagcag cccacgcgc agcttggtag ttactctggc 1020
aacgagctca acgatgatta ctgcacgct gaggaggcag atttcggcgg atctctttc 1080
tcagacaagg ggggctgao tcagttoaa aaggctacot ctggcgccat ggttctggtc 1140
atgagtctgt ggatgatta ctacgccaac atgctgtggc tggactccac ctaccgaca 1200
aacgagacot octccacaco cggtgccgtg cggggaagct gctccacag ctccggtgtc 1260
cctgtcagg tcgaatctca gtctcccaac gccaaggctc cttctccaa catcagttc 1320
ggaccccttg gcagcacccg caaccctagc ggcgccacc ctcccgccg aaaccgcct 1380
ggcaccacca ccccccgcg ccagccact accactggaa gctctcccg acctaccag 1440
tctcactacg gccagtgcgg cgggtattggc tacagcgcc ccaaggctc cgcacgggc 1500
acaaacttgc aggtcctgaa ccttactac tctcagtcg tgtaa 1545

```

<210> 96
 <211> 514
 <212> PRT
 <213> Trichoderma reesei
 <400> 96

5

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

195	200	205
Trp Glu Pro Ser Ser Asn Asn Ala Asn Thr Gly Ile Gly Gly His Gly 210 215 220		
Ser Cys Cys Ser Glu Met Asp Ile Trp Glu Ala Asn Ser Ile Ser Glu 225 230 235 240		
Ala Leu Thr Pro His Pro Cys Thr Thr Val Gly Gln Glu Ile Cys Glu 245 250 255		
Gly Asp Gly Cys Gly Gly Thr Tyr Ser Asp Asn Arg Tyr Gly Gly Thr 260 265 270		
Cys Asp Pro Asp Gly Cys Asp Trp Asn Pro Tyr Arg Leu Gly Asn Thr 275 280 285		
Ser Phe Tyr Gly Pro Gly Ser Ser Phe Thr Leu Asp Thr Thr Lys Lys 290 295 300		
Leu Thr Val Val Thr Gln Phe Glu Thr Ser Gly Ala Ile Asn Arg Tyr 305 310 315 320		
Tyr Val Gln Asn Gly Val Thr Phe Gln Gln Pro Asn Ala Glu Leu Gly 325 330 335		
Ser Tyr Ser Gly Asn Glu Leu Asn Asp Asp Tyr Cys Thr Ala Glu Glu 340 345 350		
Ala Glu Phe Gly Gly Ser Ser Phe Ser Asp Lys Gly Gly Leu Thr Gln 355 360 365		
Phe Lys Lys Ala Thr Ser Gly Gly Met Val Leu Val Met Ser Leu Trp 370 375 380		
Asp Asp Tyr Tyr Ala Asn Met Leu Trp Leu Asp Ser Thr Tyr Pro Thr 385 390 395 400		
Asn Glu Thr Ser Ser Thr Pro Gly Ala Val Arg Gly Ser Cys Ser Thr 405 410 415		
Ser Ser Gly Val Pro Ala Gln Val Glu Ser Gln Ser Pro Asn Ala Lys 420 425 430		
Val Thr Phe Ser Asn Ile Lys Phe Gly Pro Ile Gly Ser Thr Gly Asn 435 440 445		
Pro Ser Gly Gly Asn Pro Pro Gly Gly Asn Pro Pro Gly Thr Thr Thr 450 455 460		

Thr Arg Arg Pro Ala Thr Thr Thr Gly Ser Ser Pro Gly Pro Thr Gln
465 470 475 480

Ser His Tyr Gly Gln Cys Gly Gly Ile Gly Tyr Ser Gly Pro Thr Val
485 490 495

Cys Ala Ser Gly Thr Thr Cys Gln Val Leu Asn Pro Tyr Tyr Ser Gln
500 505 510

Cys Leu

<210> 97

<211> 1611

<212> ADN

<213> Trichoderma reesei

<400> 97

atgattgtcg gaattotcac aacgctgggt aagctgggaa aactcgacag tagtgtgctt 60
 cttagaggagc ggcaagcttg ctcaagcgtc tggtaattat gtgaaccctc tcaagagacc 120
 caaataactga gatattgtcaa gggggccaatg tgggtggccag aattgggtcgg gtccgacttg 180
 ctgtgcttcc ggaagcacat gcgctctactc aacgactat taotocagt gtottocagg 240
 cgtcgcaagc tcaagctcgt ccacggcggc cggctcgacg acttctcgag tatcccccac 300
 aacatccagg tegagctcgg agagcctcdo aactgggtot actaotacca gactacctcc 360
 agtcggatcg ggaaccgcta cgtattcagg caacocctttt gttggggtoa ctocctgggo 420
 caatgcatac taagcctctg aagttagcag cctcgctatt cctagcttga ctggagccat 480
 ggcaactgtc gaagcagctg tcgcaagggt tccctctttt atgtggctgt aggtccctcc 540
 ggaaccgaag caatctgtta ctgaaggctc atcattcact gcagagatac tcttgacaa 600
 aacocctcda tggagcaaac cttggccgac atccgcaccg ccaacaaaga tggcggtaac 660
 tatgcgggac agtttctggt gtatgacttg cggatcgcg attgagctgc cttgcctcog 720
 aatggcgaaat actctattgc cgatgggtgc gtgcgcaaat ataagaacta tatcgacacc 780
 attcgtcaaa ttgtctgtga atattcogat atcgggaocd tootgggtat tggatatgag 840
 ttaaacacat gctcccccac ccccttccct tcccttcccg cgggcatctt gtcgttctgc 900
 taactattgt tccctcttcc agagcctgac tctcttgcca acctggtgac caacctcgg 960
 actccaaagt gtgccaatgc tcagtcagcc taacttgagt gactcaacta cgcogtoaca 1020
 cagctgaacg ttcacaaatg tgcgatgtat ttggaogctg goaatgcagg atggcttggg 1080
 tggcgggcaa acaagaccc ggccgctcag ctatttgcaa atgtttaca gaatgcctcg 1140
 tctccgagag ctcttcgagg attggcaacc aatgtcgcca actacacagg gtggaaactt 1200
 accagccccc catcgtaacc gcaaggcaac gctgtctaca acgagaagct gtaactccac 1260
 gctattggac gtcttcttgc caatcacggc tggtcacacg ccttcttcat cactgatcaa 1320
 ggtcgatcgg gaagcagacc tcccgacacg caacagtggg gagaactggtg caatgtgate 1380
 ggcaccggat ttggtattcg cccctccgca aacactgggg actcgttgcg ggattcgttt 1440
 gtctgggtca agcagggcgg cgaagtgtgac ggcacacagc acagcagtgq gcaacgattt 1500
 gactcccaat gtgcgctccc agatgccttg caacggggc ctcaagctgg tgccttgctc 1560
 caagcctact ttgtgcagct totocaaaa goaaccccat cgttccctga a 1611

<210> 98
 <211> 471
 <212> PRT
 <213> Trichoderma reesei

 <400> 98

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

Arg Thr Ala Asn Lys Asn Gly Gly Asn Tyr Ala Gly Gln Phe Val Val
 180 185 190

Tyr Asp Leu Pro Asp Arg Asp Cys Ala Ala Leu Ala Ser Asn Gly Glu
 195 200 205

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

Thr Ile Arg Gln Ile Val Val Glu Tyr Ser Asp Ile Arg Thr Leu Leu
 225 230 235 240

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

Pro Lys Cys Ala Asn Ala Gln Ser Ala Tyr Leu Glu Cys Ile Asn Tyr
 260 265 270

Ala Val Thr Gln Leu Asn Leu Pro Asn Val Ala Met Tyr Leu Asp Ala
 275 280 285

Gly His Ala Gly Trp Leu Gly Trp Pro Ala Asn Gln Asp Pro Ala Ala
 290 295 300

Gln Leu Phe Ala Asn Val Tyr Lys Asn Ala Ser Ser Pro Arg Ala Leu
 305 310 315 320

Arg Gly Leu Ala Thr Asn Val Ala Asn Tyr Asn Gly Trp Asn Ile Thr
 325 330 335

Ser Pro Pro Ser Tyr Thr Gln Gly Asn Ala Val Tyr Asn Glu Lys Leu
 340 345 350

Tyr Ile His Ala Ile Gly Arg Leu Leu Ala Asn His Gly Trp Ser Asn
 355 360 365

Ala Phe Phe Ile Thr Asp Gln Gly Arg Ser Gly Lys Gln Pro Thr Gly
 370 375 380

Gln Gln Gln Trp Gly Asp Trp Cys Asn Val Ile Gly Thr Gly Phe Gly
 385 390 395 400

Ile Arg Pro Ser Ala Asn Thr Gly Asp Ser Leu Leu Asp Ser Phe Val
 405 410 415

Trp Val Lys Pro Gly Gly Glu Cys Asp Gly Thr Ser Asp Ser Ser Ala
 420 425 430

Pro Arg Phe Asp Ser His Cys Ala Leu Pro Asp Ala Leu Gln Pro Ala

435

440

445

Pro Gln Ala Gly Ala Trp Phe Gln Ala Tyr Phe Val Gln Leu Leu Thr
450 455 460

Asn Ala Asn Pro Ser Phe Leu
465 470

<210> 99

<211> 2046

<212> ADN

<213> Humicola insolens

<400> 99

5

gcggtgacct tgcgcgcttt ggggtggcgggt ggcgagtcgt ggacgggtgct tgcctggtcgc	60
cggccttccc ggcgatccgc gtgatgagag ggcacacacac ggccgggatga tgcctcatgg	120
ggaaattccc oatggagaag agagagaaac ttgcgggagcc gtgatctggg gaaagatgct	180
ccgtgtctcg totatataac togagtctcc ccgagccctc aacaccacca gctctgatct	240
caccatcccc atogacaato acgcaaacac agcagttgtc gggccattcc ttcagacaca	300
tcagtcaccc tctttcaaaa tgcgtacgc caagtctgcc accctcgccg cctttgtggc	360
ctcggccgcc gcccgagagg cgtgcagtc caaccacgag aggcacccct cctctctctg	420
gaacaagtgc accgcggggg gdcagtgcga gaacgtccag gottccatca ctctcgactc	480
caactggcgc tggactcacc aggtgtctgg ctccacccac tgcctacagg gcaacaagtg	540
ggatactagc atctgcactg atgcacagtc gtgcgctcag aactgctgag tcgatggctg	600
cgaactacac agcaactatg gaataccacac caacggtgat tccctgagcc tcaagttcgt	660
caccaagggc cagcactcga ccaacgtcgg ctgcgctacc taccctgatg agggcgagga	720
caagtatcag agtacgttct atcttcagcc ttctcgccgc ttgaatcctg gctaacgttt	780
acacttcaca gcttcgagc tctcggcaca agagtccacc ttgatgtcg atgtctccaa	840
catcggtgc ggtctcaacg ggcgcctgta ctctgtctcc atggagccg atggtggtct	900
cagccgtat cctggcaaca aggtcgtgc caagtacgtt accggctact gcgatgctca	960
gtgccccgt gacatcaagt tcatcaacgg cgaaggccac attgagggct ggaccggctc	1020
caccaaagac ccaaacgacg ggcggggcgc ctatggtacc tgcctgctcg agatggatat	1080
ctgggaagcc aacaacatgg ctactgcctt cactcctcac ccttgcaaca tcattggcca	1140
gagccgtgc gagggcgact cgtgcgggtg caactacagc aacgagcgtt ccgcggcgt	1200
ctgcgacccc gatggctgcg acttcacatc gtacggccag ggcaacaaga ccttctacgg	1260
caagggcgat adogtcgaca caacacaaga gatcaatgto gtcaacacgt tctcaagga	1320
tgcacacggc gatctcggcg agatcaagcg ctctacgtc caggatggca agatcatccc	1380
caactccgag tccaccatcc ccggcgtcga gggcaattcc atcaacacag actggtgcga	1440

ccgocagaag gttgcctttg ggcacattga cgacttcacc cgcaggggcg gcatgagca	1500
gatgggcaag gccctcgcgc gccccatggc cctggtcctg tccatctggg atgacccgc	1560
ctcccaacatg ctctggcttcg actcgaacgt cctctctgat gcgcctggca agcccggcgc	1620
cgaagcgggt gctcgcgcga ccacctcggg tgtccctggt gaggttgagg ccgaggccgc	1680
caacagcaac gtcgtcttct ccaacatccg cttcggccgc atcggctcga ccgttgctgg	1740
tctccccggc gcgggcaacg gcggcaacaa cggcggaac ccccgccgc ccaccaccac	1800
caactcctcg gctccggcga ccacccacc cgcacagcgt ggccccaagg ctggcgcgtg	1860
gcagcagtg cggggcactg gcttcactgg ccgacccag tgcgaggagc cctacatttg	1920
caccaagctc aacgactggc actctcactg cctgtaatt ctgagtcgt gactcgacga	1980
tcacggcggg tttttgcctg aaaggcaaca aacgacggcg ataaaaatgg agggtaatga	2040
gatgtc	2046

<210> 100

<211> 525

<212> PRT

<213> Humicola insolens

<400> 100

5

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

Glu Phe Thr Phe Asp Val Asp Val Ser Asn Ile Gly Cys Gly Leu Asn
145 150 155 160

Gly Ala Leu Tyr Phe Val Ser Met Asp Ala Asp Gly Gly Leu Ser Arg
165 170 175

Tyr Pro Gly Asn Lys Ala Gly Ala Lys Tyr Gly Thr Gly Tyr Cys Asp
180 185 190

Ala Gln Cys Pro Arg Asp Ile Lys Phe Ile Asn Gly Glu Ala Asn Ile
195 200 205

Glu Gly Trp Thr Gly Ser Thr Asn Asp Pro Asn Ala Gly Ala Gly Arg
210 215 220

Tyr Gly Thr Cys Cys Ser Glu Met Asp Ile Trp Glu Ala Asn Asn Met
225 230 235 240

Ala Thr Ala Phe Thr Pro His Pro Cys Thr Ile Ile Gly Gln Ser Arg
245 250 255

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

Gly Val Cys Asp Pro Asp Gly Cys Asp Phe Asn Ser Tyr Arg Gln Gly
275 280 285

Asn Lys Thr Phe Tyr Gly Lys Gly Met Thr Val Asp Thr Thr Lys Lys
290 295 300

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

Glu Ile Lys Arg Phe Tyr Val Gln Asp Gly Lys Ile Ile Pro Asn Ser
325 330 335

Glu Ser Thr Ile Pro Gly Val Glu Gly Asn Ser Ile Thr Gln Asp Trp
340 345 350

Cys Asp Arg Gln Lys Val Ala Phe Gly Asp Ile Asp Asp Phe Asn Arg
355 360 365

Lys Gly Gly Met Lys Gln Met Gly Lys Ala Leu Ala Gly Pro Met Val
370 375 380

Leu Val Met Ser Ile Trp Asp Asp His Ala Ser Asn Met Leu Trp Leu
385 390 395 400

Asp Ser Thr Phe Pro Val Asp Ala Ala Gly Lys Pro Gly Ala Glu Arg
405 410 415

Gly Ala Cys Pro Thr Thr Ser Gly Val Pro Ala Glu Val Glu Ala Glu
420 425 430

Ala Pro Asn Ser Asn Val Val Phe Ser Asn Ile Arg Phe Gly Pro Ile
435 440 445

Gly Ser Thr Val Ala Gly Leu Pro Gly Ala Gly Asn Gly Gly Asn Asn
450 455 460

Gly Gly Asn Pro Pro Pro Pro Thr Thr Thr Thr Ser Ser Ala Pro Ala
465 470 475 480

Thr Thr Thr Thr Ala Ser Ala Gly Pro Lys Ala Gly Arg Trp Gln Gln
485 490 495

Cys Gly Gly Ile Gly Phe Thr Gly Pro Thr Gln Cys Glu Glu Pro Tyr
500 505 510

Ile Cys Thr Lys Leu Asn Asp Trp Tyr Ser Gln Cys Leu
515 520 525

<210> 101

<211> 1812

<212> ADN

<213> Myceliophthora thermophila

<400> 101

```

atggccaaga agcttttcat caccgcgcgc atttgaggctg cagtgttggc ggcgcccgtc      60
attgaggago ggcagaactg cgggagctgtg ttgtaagaaa ggcgggtctg agtttcccat      120
gaattttctca tggagtaatg gcataaggcc caccctcttg aatgactgtg agaatcgatc      180
aaatccaggga ctcaatgagg cgggaacggg tggcagggtc ccacatgctg cgcctcgggc      240
tcgaactgag ttgagcagaa cgaagtgtac tctcagtgcg tgcaccaaaa tcaggtgacg      300
agttccaaca ctccgtcgtc gaattccacc tcgcagcgca gcagcagcac ctccagcagc      360
agcaccaggga ggggagctc ctctctctcc accaccacgc cccctccgt ctccagcccc      420
gtgactagca ttcccgggcg tgcagaccac agggcgagct actctggcaa ccccttctcg      480
ggcgtccggc tcttcgccaa cgaactactc aggtccgagg tccacatct cgcatttct      540
agcatgacgg gtactctggc ggccaaggct tcgcgcgtcg ccgaagtccc tagattccag      600
tggctcagac ggaacgtcac catcgacacc ctgatgttcc agactctgtc ccagatccgg      660
gctgcacaata atgcgcgtgc caatctctcc tatgctgttg agttacatgg cggcgacttg      720
ccctctctgt ccccaacttt attgacggga tgggttacct gacctggagg caaaacaaa      780
ccagcccaac ttgtcgtcta cgaactcccc gacggtgact ggcgcgcgc tgcgtccmac      840
ggcaggtttt cgattgcaaa cggcgcgccg gcaaatcaca ggagctaat cgaactatc      900
cgcaagcaca tcattgagta ctggacatc cggatcatcc tggttatcga gcccgactcg      960
atggccaaoa tggtgacca catgacgtg gccaggtgca gcaacgcgc gtgcaggtac      1020
caagagttga cgtgtacgc gctcaagcag ctgaacttgc caaagttgc catgtatctc      1080
gaagccgggc acgcgggtg gctcggttgg ccgcaccaaa tccagccgc cgcgacctg      1140
tttgccggca tctacatga cgcggcgaag ccggtgtccg tccgcggcct ggccactaac      1200
gtcgcccaact accacgcctg gagtatcgct tcggcccggt cgtacacgtc cctaacctc      1260
aaatacgaag agaagcacta catcgaggcc ttcagccgcg tctgaaagc ggcgggttto      1320
cccgaaagct taattgtcga cactggcgc aacggcaaac aacctaacgg tatggttttt      1380
tttttttttt ttctctgttc cctctccctc tcccttcag ttgggttcaa caaggtctct      1440
tagtcttctt tctctctgga ocaactctcc cccaccccca aaacgcacgg cccacacccg      1500
ttcgactcta tactcttggg aatggggcgc gaaactgacc gttcgacagg ccaacacacg      1560
tgggggtgaat ggtgcaatgt caagggcact ggttttggcg tgcgcgcgac ggcaaacacg      1620
ggccacgacc tggtcgatgc etttgtctgg gtoaaagccc ggcgcgagtc cgaaggcaca      1680
agcgacacca ggcgcgcgcg ctacgactac cactgaggcc tgtccgatgc cctgcagcct      1740
gctccggagg ctgacagtg gttccaggcc tacttcgagc agctgctcac caacgcacaa      1800
ccgcctttct aa

```

<210> 102

<211> 482

<212> PRT

<213> Myceliophthora thermophila

<400> 102

Met	Ala	Lys	Lys	Leu	Phe	Ile	Thr	Ala	Ala	Leu	Ala	Ala	Ala	Val	Leu
1				5					10					15	
Ala	Ala	Pro	Val	Ile	Glu	Glu	Arg	Gln	Asn	Cys	Gly	Ala	Val	Trp	Thr
			20					25					30		
Gln	Cys	Gly	Gly	Asn	Gly	Trp	Gln	Gly	Pro	Thr	Cys	Cys	Ala	Ser	Gly
		35					40					45			
Ser	Thr	Cys	Val	Ala	Gln	Asn	Glu	Trp	Tyr	Ser	Gln	Cys	Leu	Pro	Asn
	50					55					60				
Asn	Gln	Val	Thr	Ser	Ser	Asn	Thr	Pro	Ser	Ser	Thr	Ser	Thr	Ser	Gln
65						70				75					80
Arg	Ser	Ser	Ser	Thr	Ser	Ser	Ser	Ser	Thr	Arg	Ser	Gly	Ser	Ser	Ser
				85					90					95	

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

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

Ala Phe Ser Pro Leu Leu Asn Ala Ala Gly Phe Pro Ala Arg Phe Ile
370 375 380

Val Asp Thr Gly Arg Asn Gly Lys Gln Pro Thr Gly Gln Gln Gln Trp
385 390 395 400

Gly Asp Trp Cys Asn Val Lys Gly Thr Gly Phe Gly Val Arg Pro Thr
405 410 415

Ala Asn Thr Gly His Asp Leu Val Asp Ala Phe Val Trp Val Lys Pro
420 425 430

Gly Gly Glu Ser Asp Gly Thr Ser Asp Thr Ser Ala Ala Arg Tyr Asp
435 440 445

Tyr His Cys Gly Leu Ser Asp Ala Leu Gln Pro Ala Pro Glu Ala Gly
450 455 460

Gln Trp Phe Gln Ala Tyr Phe Glu Gln Leu Leu Thr Asn Ala Asn Pro
465 470 475 480

Pro Phe

<210> 103

<211> 1802

<212> ADN

<213> Myceliophthora thermophila

<400> 103

```

atggccaaga agcttttcat caccgcccgc cttgcggctg ccgtgttggc ggcccccgtc      60
attgaggagc gccagaactg cggcgctgtg tggtaagaaa gcccggtccg agtctcccat      120
gattttctcg tcgagtaatg gcataaggcg oaccccttcc aotgacogtg agaactcgatc      180
aaatccaggc ctcaatgcgg cggtaacggg tggcaaggto ccacatgctg cgcctcgggc      240
tcgaactgcg ttgcgcagaa cgagtggtaa tctcagtgcc tgcscacag ccaggtgacg      300
agttccacca ctccgtcgtc gacttccacc tcgcagcgca gcaccagcac ctccagcagc      360
accaccaggc ggggcagctc ctctctctcc tccaccacgc ccccgcccgct ctccagcccc      420
gtgaccagca ttcccgggcg tgcgaactcc accgagagct actctggcaa ccccttctcg      480
ggcgtccggc tottgcgcaa cgactactac aggtccgagg tccacaaatc cgcctatcct      540
agcatgactg gtactctggc ggccaaggct tcggccgtcg ccgaagtcac tagcttcacg      600

tggctcgacc ggaacgtcac catcgacacc ctgatggtaa agactctgtc ccaggtccgg      660
gctctcaata aggcgggtgc caatcctccc tatgctggtg agttacatgg cgacttgct      720

tctcgtcccc taactttctt gacgggatcg gttacctgac ctggaggcaa aaccaacaca      780
gcccaactcg tcgtctacga cctcccccgc cgtgactgtg ccgcggctgc gtccaacggc      840
gagttttcga ttgcacacgg cggcgccgac caactacagg gctacatcga cgtatccgc      900
aagcaacatc ttgagtaact cgaacatccg atcctcctgg ttatcgagcc cgaactcgatg      960
gccacacatg tgaccacatc gaacgtggcc agtgcagca acccgcgctc gacgtaccac      1020
gagttgaccc tgtacgcgct caagcagctg aaactgccca ccgtcgccat gtatctcgac      1080
gdcggcaccg ccggtctggt cggctggccc gccaacatcc agcccgccgc cgaactggtt      1140
gcgggcacat acaatgatgc cggcaagccg gctgcogtcc ggggocctgg caataaogtc      1200
gccaactaca acccctggag catcgcttcc gcccctcgtt aacgtcgcc taacccatac      1260
tacgacgaga agcactacat cgaagccttc agcccgctct tgaactcggc cggcttcccc      1320
gcacgcttca ttgtcgacac tggccgcac ccgaacacac ctacccgtat gttttttttt      1380
cttttgtctc tgtcccccct tttctctccc ctccagttgg cgtccacaag gtctcttagt      1440
cctgcttcat ctgtgaccaa cctcccccct cccggcaccg cccacacccg tttgactota      1500
tactcttggg aatggcgcc gaaactgacc gttccacagg ccaacaacag tggggtgact      1560
ggtgcacatg caaggccacc ggccttggcg tgcgcocgac ggccaacacg ggccacgagc      1620
tggctcgatgc ctttgtctgg gtcaagccc gggcgagtc cgaaggcaca agcgacacca      1680
gcgcgcgccg ctacgaatac cactgcggcc tctccgatgc cctggaagct gcccgcgagg      1740
ctggacagtg gttccaggcc taactcgagc agctgctcac caacgcacac cgcctctctc      1800
aa                                                                                   1802

```

5
<210> 104
<211> 481
<212> PRT
<213> Myceliophthora thermophila
<400> 104

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

Ala Ala Pro Val Ile Glu Glu Arg Gln Asn Cys Gly Ala Val Trp Thr
20 25 30

Gln Cys Gly Gly Asn Gly Trp Gln Gly Pro Thr Cys Cys Ala Ser Gly
35 40 45

Ser Thr Cys Val Ala Gln Asn Glu Trp Tyr Ser Gln Cys Leu Pro Asn
50 55 60

Ser Gln Val Thr Ser Ser Thr Thr Pro Ser Ser Thr Ser Thr Ser Gln

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

Ala Thr Asn Val Ala Asn Tyr Asn Ala Trp Ser Ile Ala Ser Ala Pro
 340 345 350

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

Ala Phe Ser Pro Leu Leu Asn Ser Ala Gly Phe Pro Ala Arg Phe Ile
 370 375 380

Val Asp Thr Gly Arg Asn Gly Lys Gln Pro Thr Gly Gln Gln Gln Trp
 385 390 395 400

Gly Asp Trp Cys Asn Val Lys Gly Thr Gly Phe Gly Val Arg Pro Thr
 405 410 415

Ala Asn Thr Gly His Glu Leu Val Asp Ala Phe Val Trp Val Lys Pro
 420 425 430

Gly Gly Glu Ser Asp Gly Thr Ser Asp Thr Ser Ala Ala Arg Tyr Asp
 435 440 445

Tyr His Cys Gly Leu Ser Asp Ala Leu Gln Pro Ala Pro Glu Ala Gly
 450 455 460

Gln Trp Phe Gln Ala Tyr Phe Glu Gln Leu Leu Thr Asn Ala Asn Pro
 465 470 475 480

Pro

<210> 105
 <211> 1446
 <212> ADN
 <213> Thielavia terrestris
 <400> 105

```

atggctcaga agtcctttct cgcgcgcgc cttgggggca gggccctcgc tgcctccgtc      60
gtcagaggagc gcaagaactc cgggttcgto tggagcgaat ggggcggcat tggctggtaa      120
ggcggcgacct gctgcgcttc ggggaataac tgcgttgagc tgaaccgcta ctactcgcag      180
tgcctgcaca acagccaggt gactacctcg accagcaaga ccacctccac caccaccagg      240
agcagcaaca ccagccacag cagcggtccc accagcacga gacccaccac caccagcagt      300
cccgctggta ctaccccgcc gactacctcc atcccccggc gtgcctcgtc xacggccagc      360
tggctccggca acccgttctc gggcgctgcag atgtgggcca acgactacta cgcctccgag      420
gtctcgtcgc tggccatccc cagcatgacg ggcgcgatgg ccaccaagga ggcggaggta      480
gccaaaggctc ccagcttcca gtggcttgac cgcgaacgta ccctcgacac gctgttcgac      540
cacacgctgt cgcagatccc cgcggccaac cagaaaggcg ccaacccgcc ctacgcgggc      600
atcttcgtgg tctacgaact tccgggaacg gactggcccg cgcgcgcgta caacggcgag      660
ttctccatcg cgaacaacgg ggcggccaac tacaagacgt acctcgacgc gatccggagc      720
ctcgtcctcc agtaactcaga catccgcata ctcttcgtca tcgagccaga ctgcctggcc      780
aacatgggtga ccaacctgaa cgtggccaaq tgcgcgaacg ccgagtcgac ctacaaggag      840
ttgaccgtct acgcgctgca gcagctgaac ctgcaccaac tggccatgta cctggagccc      900
ggccacgcgc gctggctcgg ctggcccgcc aaatccagc cggccgcgaa cctcttcgcc      960
gagatctaca cagcgccggc caagccggcc gcgctgcgcg gcctcgccac caacgtggcc      1020
aactacaaag gctggagcct ggcacgcgcg ccctcgtaca cccaggggca ccccaactac      1080
gacgagagcc actacgtcca ggcctcgcgc ccgctgctca ccgccaacgg ctcccccgcc      1140
caattcatca ccgacacggc cgcgaacggc aagcagccga ccggacaacg gcaatgggga      1200
gactgggtga acgttatogg aactggcttc ggcgtgcgcg cgacgaaaaa caccggcctc      1260
gacatcgagg acgccttcgt ctgggtcaag cccggcgggc agtgcgagcg caccagcaac      1320
acgaactctc cccgctacga ctadcaatgc ggcctgtcgg accgctgda gctgctccg      1380
gaggccggca cttggttcca ggcctacttc gagcagctcc tgaccaacgc caaccgcgcc      1440
ttttaa                                             1446

```

- 5
- <210> 106
 - <211> 481
 - <212> PRT
 - <213> Thielavia terrestris
 - <400> 106

Met Ala Gln Lys Leu Leu Leu Ala Ala Ala Leu Ala Ala Ser Ala Leu
1 5 10 15

Ala Ala Pro Val Val Glu Glu Arg Gln Asn Cys Gly Ser Val Trp Ser
20 25 30

Gln Cys Gly Gly Ile Gly Trp Ser Gly Ala Thr Cys Cys Ala Ser Gly
35 40 45

Asn Thr Cys Val Glu Leu Asn Pro Tyr Tyr Ser Gln Cys Leu Pro Asn
50 55 60

Ser Gln Val Thr Thr Ser Thr Ser Lys Thr Thr Ser Thr Thr Thr Arg
65 70 75 80

Ser Ser Thr Thr Ser His Ser Ser Gly Pro Thr Ser Thr Ser Thr Thr
85 90 95

Thr Thr Ser Ser Pro Val Val Thr Thr Pro Pro Ser Thr Ser Ile Pro
100 105 110

Gly Gly Ala Ser Ser Thr Ala Ser Trp Ser Gly Asn Pro Phe Ser Gly
115 120 125

Val Gln Met Trp Ala Asn Asp Tyr Tyr Ala Ser Glu Val Ser Ser Leu
130 135 140

Ala Ile Pro Ser Met Thr Gly Ala Met Ala Thr Lys Ala Ala Glu Val
145 150 155 160

Ala Lys Val Pro Ser Phe Gln Trp Leu Asp Arg Asn Val Thr Ile Asp
165 170 175

Thr Leu Phe Ala His Thr Leu Ser Gln Ile Arg Ala Ala Asn Gln Lys
180 185 190

Gly Ala Asn Pro Pro Tyr Ala Gly Ile Phe Val Val Tyr Asp Leu Pro
195 200 205

Asp Arg Asp Cys Ala Ala Ala Ala Ser Asn Gly Glu Phe Ser Ile Ala
210 215 220

Asn Asn Gly Ala Ala Asn Tyr Lys Thr Tyr Ile Asp Ala Ile Arg Ser
225 230 235 240

Leu Val Ile Gln Tyr Ser Asp Ile Arg Ile Ile Phe Val Ile Glu Pro
245 250 255

Asp Ser Leu Ala Asn Met Val Thr Asn Leu Asn Val Ala Lys Cys Ala
260 265 270

Asn Ala Glu Ser Thr Tyr Lys Glu Leu Thr Val Tyr Ala Leu Gln Gln
275 280 285

Leu Asn Leu Pro Asn Val Ala Met Tyr Leu Asp Ala Gly His Ala Gly
290 295 300

Trp Leu Gly Trp Pro Ala Asn Ile Gln Pro Ala Ala Asn Leu Phe Ala
305 310 315 320

Glu Ile Tyr Thr Ser Ala Gly Lys Pro Ala Ala Val Arg Gly Leu Ala
325 330 335

Thr Asn Val Ala Asn Tyr Asn Gly Trp Ser Leu Ala Thr Pro Pro Ser
340 345 350

Tyr Thr Gln Gly Asp Pro Asn Tyr Asp Glu Ser His Tyr Val Gln Ala

355		360		365
Leu Ala Pro Leu Leu Thr Ala Asn Gly Phe Pro Ala His Phe Ile Thr				
370		375		380
Asp Thr Gly Arg Asn Gly Lys Gln Pro Thr Gly Gln Arg Gln Trp Gly				
385		390		395
Asp Trp Cys Asn Val Ile Gly Thr Gly Phe Gly Val Arg Pro Thr Thr				
	405		410	415
Asn Thr Gly Leu Asp Ile Glu Asp Ala Phe Val Trp Val Lys Pro Gly				
	420		425	430
Gly Glu Cys Asp Gly Thr Ser Asn Thr Thr Ser Pro Arg Tyr Asp Tyr				
	435		440	445
His Cys Gly Leu Ser Asp Ala Leu Gln Pro Ala Pro Glu Ala Gly Thr				
	450		455	460
Trp Phe Gln Ala Tyr Phe Glu Gln Leu Leu Thr Asn Ala Asn Pro Pro				
465		470		475
				480

Phe

<210> 107

<211> 1593

<212> ADN

<213> Chaetomium thermophilum

<400> 107

atgatgtaca agaagttcgc cgtctctcgc gccctcgtgg ctggcgccgc cgcaccagcag	60
gcttgctccc tcccactga gacccacccc agactcaatt ggaagcgcctg caactctggc	120
ggcaactgct cgaacgtgaa cggcgccgtc accatcgatg caaactggcg ctggactcac	180
actgtttcog gctcgadcaa ctgctacacc ggcaacgagt gggataacct catctgctct	240
gatggcaaga gctgcgcaca gacctgctgc gtgcacggcg ctgaactact ttgcacctat	300
ggctatcaaa caagcgggtga ctccctgaac ctcaagttcg tcaccaagca ccagcacggc	360
accaatgtcg gctctcgtgt ctacctgatg gagaacgaca caagtacca gatgttcgag	420
ctctcggca aagagttcac ctccgatgtc gatgtctcta acctgggctg cggctctaac	480
ggcgccctct acttcgtctc catggacgct gatgggtgta tgagcaagta ctctggcaac	540
aaggctggcg caaagtacgg tacggctac tgcatgctc agtgcgcgcg cgaccttaag	600
ttcatcaacg ggcaggccaa cattgagaa tggaacctt cgacaaatga tgcaaacgac	660
ggtttcggcc gctatggcag ctgctgctct gagatggata tctgggatgc caacacatg	720
gctaactgct tcaactctca ccttgcacac attatcgcc agagccgctg cggggcaca	780
agctgcgggtg gcaactacag ctctgagcgc tatgtgggtg tttgcgctcc tgatggctgc	840
gaattcaacg cctaacgcaa gggcgacaa accttctacg gcaagggcac gacgtcgac	900
acacccaaga agatgacctg cgtcacccag ttccacaaga actcgggttg ogtootcaga	960
gagatcaagc gcttctactg tcaggacggc aagatcattg caaacgcgca gtccaaagtc	1020
ccoggcacac ccggcaactc catcacccag gagtgggtcg atgcacagaa ggtcgccttc	1080
ggtgacatcg atgacttcaa ccgcaaggcg ggtatggctc agatgagcaa ggcctcgag	1140
ggccctatgg tccgtgctat gtcggtctgg gatgacct actccaacat gctctggctc	1200
gactcgacct acccattga caaggccggc acccccgggc ccgagcgcgg tgcttgcccg	1260
acacactcgg gtgtccctgc agagattgag gccacggctc caaacagcaa cgttatcttc	1320
tcacacatcc gcttcggccc catcggtcgc accgtccctg gctcggacgg cagcaccccc	1380
agcaaacaga ccgccacctg tgctcctccc acttctacca caacacagcgt gagaagcagc	1440
actactcaga ttccacccc gactagccag ccggcgcggt gaacacacaa gaagtggggc	1500
cagtgcgggtg gtatcggtca caacggctgc actaacggcg ttgctggcac taactgcact	1560
gagctcaacc cctggtacag ccagtgcctg taa	1593

<210> 108

<211> 530

<212> PRT

<213> Chaetomium thermophilum

<400> 108

Met	Met	Tyr	Lys	Lys	Phe	Ala	Ala	Leu	Ala	Ala	Leu	Val	Ala	Gly	Ala	
1				5					10					15		
Ala	Ala	Gln	Gln	Ala	Cys	Ser	Leu	Thr	Thr	Glu	Thr	His	Pro	Arg	Leu	
		20						25					30			
Thr	Trp	Lys	Arg	Cys	Thr	Ser	Gly	Gly	Asn	Cys	Ser	Thr	Val	Asn	Gly	
		35					40					45				
Ala	Val	Thr	Ile	Asp	Ala	Asn	Trp	Arg	Trp	Thr	His	Thr	Val	Ser	Gly	
	50					55					60					
Ser	Thr	Asn	Cys	Tyr	Thr	Gly	Asn	Glu	Trp	Asp	Thr	Ser	Ile	Cys	Ser	
65					70				75					80		
Asp	Gly	Lys	Ser	Cys	Ala	Gln	Thr	Cys	Cys	Val	Asp	Gly	Ala	Asp	Tyr	
				85					90					95		
Ser	Ser	Thr	Tyr	Gly	Ile	Thr	Thr	Ser	Gly	Asp	Ser	Leu	Asn	Leu	Lys	
			100					105					110			

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

Lys Gly Gly Met Ala Gln Met Ser Lys Ala Leu Glu Gly Pro Met Val
370 375 380

Leu Val Met Ser Val Trp Asp Asp His Tyr Ala Asn Met Leu Trp Leu
385 390 395 400

Asp Ser Thr Tyr Pro Ile Asp Lys Ala Gly Thr Pro Gly Ala Glu Arg
405 410 415

Gly Ala Cys Pro Thr Thr Ser Gly Val Pro Ala Glu Ile Glu Ala Gln
420 425 430

Val Pro Asn Ser Asn Val Ile Phe Ser Asn Ile Arg Phe Gly Pro Ile
435 440 445

Gly Ser Thr Val Pro Gly Leu Asp Gly Ser Thr Pro Ser Asn Pro Thr
450 455 460

Ala Thr Val Ala Pro Pro Thr Ser Thr Thr Thr Ser Val Arg Ser Ser
465 470 475 480

Thr Thr Gln Ile Ser Thr Pro Thr Ser Gln Pro Gly Gly Cys Thr Thr
485 490 495

Gln Lys Trp Gly Gln Cys Gly Gly Ile Gly Tyr Thr Gly Cys Thr Asn
500 505 510

Cys Val Ala Gly Thr Thr Cys Thr Glu Leu Asn Pro Trp Tyr Ser Gln
515 520 525

Cys Leu
530

<210> 109

<211> 1434

<212> ADN

<213> Chaetomium thermophilum

<400> 109

```

atggctaagc agctgctgct caatgocgct ottgcggcca cttecgctggo tgcdoctctc 60
cttgaggagc gccagagctg ctctctcgtc tggggctcaat ggggtggcat caattacac 120
ggcccgacct gctgcaagtc cggcagtggt tgcacttacc tgaatgactg gtacagccag 180
tgcattcccg gtcaggctca gcccgggcag actagcacca cggctcggac cadoagocac 240
agcaccacca gcacttcgtc ggtcggcccg accacotoga ataccctgt gacgactgct 300
cccccagcga ccaadnatccc gggcgggcgcc tcgagcagcg ccagctacaa cggcaacccg 360
ttttcgggtg ttcaactttg ggccacaccc tactactcgt ccgaggtgca caotttggcc 420
atccdcagct tgtctctga gctggctgoc aaggocgcca aggtcgctga ggttccocagc 480
ttooagtggo tcgacccgaa tgtgactgtt gacactctct tctccggcnc tcttgcggaa 540
atcccgcccg ccaaccagcg cgggtcccaac cggccttatg ccggcatttt cgtgggttat 600
gacttaccag accgtgattg cggcgctgct gcttogaacg gcgagtggto tatcgocaa 660
atgggtgcca acaactacaa ggcctacato gaccggatcc gtgagctcct tatocagtao 720
tccgatatac gcactattct ggtcattgaa cctgattccc tggccacat ggtcaccac 780
atgaagctcc agaagtgctc gaagctgoc tccacttaca aggagcttac tgtctatgoc 840
ctocaaacagc toaatcttcc tcaggttgcc atgtacatgg atgctggcca cgtggctgg 900
cttggctggc ccgccacat ccagcctgtt gctgagctct ttgctcaamt ctaccccgac 960
gctggcaggg ccgctgctgt ccggggtctt ggcacocacg ttgcocacta caatgcttgg 1020
tcgatacgca gccctccgtc ctacactctt cctaacccga actacgacga gaagcactat 1080
attgaggcct ttgctcctct tctccgcaac cagggtctog aogcaaaqtt catogtogac 1140
accggccgta accgcaagca gcccaactgg cagottgaat ggggtcaotg gtcocaatgtc 1200
aagggaaact gcttcgggtg gggccctact gctaacactg ggcctgaact tgttgatgct 1260
ttcgtgtggg tcaagcccg tggcgagtc gaagggocaa gtggggacac cagcgtgct 1320
cgttatgact atcactgccc cctttccgac gcactgactc cggcgcctga ggctggccaa 1380
tggttccagg cttatttcga accgtgctc atcaatgoc aocotcogct ctga 1434

```

<210> 110

<211> 477

<212> PRT

<213> Chaetomium thermophilum

<400> 110

5

Met Ala Lys Gln Leu Leu Leu Thr Ala Ala Leu Ala Ala Thr Ser Leu
1 5 10 15

Ala Ala Pro Leu Leu Glu Glu Arg Gln Ser Cys Ser Ser Val Trp Gly
20 25 30

Gln Cys Gly Gly Ile Asn Tyr Asn Gly Pro Thr Cys Cys Gln Ser Gly
35 40 45

Ser Val Cys Thr Tyr Leu Asn Asp Trp Tyr Ser Gln Cys Ile Pro Gly
50 55 60

Gln Ala Gln Pro Gly Thr Thr Ser Thr Thr Ala Arg Thr Thr Ser Thr
65 70 75 80

Ser Thr Thr Ser Thr Ser Ser Val Arg Pro Thr Thr Ser Asn Thr Pro
85 90 95

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

Thr Ala Ser Tyr Asn Gly Asn Pro Phe Ser Gly Val Gln Leu Trp Ala
 113 120 125

Asn Thr Tyr Tyr Ser Ser Glu Val His Thr Leu Ala Ile Pro Ser Leu
 130 135 140

Ser Pro Glu Leu Ala Ala Lys Ala Ala Lys Val Ala Glu Val Pro Ser
 145 150 155 160

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

Thr Leu Ala Glu Ile Arg Ala Ala Asn Gln Arg Gly Ala Asn Pro Pro
 180 185 190

Tyr Ala Gly Ile Phe Val Val Tyr Asp Leu Pro Asp Arg Asp Cys Ala
 195 200 205

Ala Ala Ala Ser Asn Gly Glu Trp Ser Ile Ala Asn Asn Gly Ala Asn
 210 215 220

Asn Tyr Lys Arg Tyr Ile Asp Arg Ile Arg Glu Leu Leu Ile Gln Tyr
 225 230 235 240

Ser Asp Ile Arg Thr Ile Leu Val Ile Glu Pro Asp Ser Leu Ala Asn
 245 250 255

Met Val Thr Asn Met Asn Val Gln Lys Cys Ser Asn Ala Ala Ser Thr
 260 265 270

Tyr Lys Glu Leu Thr Val Tyr Ala Leu Lys Gln Leu Asn Leu Pro His
 275 280 285

Val Ala Met Tyr Met Asp Ala Gly His Ala Gly Trp Leu Gly Trp Pro
 290 295 300

Ala Asn Ile Gln Pro Ala Ala Glu Leu Phe Ala Gln Ile Tyr Arg Asp
 305 310 315 320

Ala Gly Arg Pro Ala Ala Val Arg Gly Leu Ala Thr Asn Val Ala Asn
 325 330 335

Tyr Asn Ala Trp Ser Ile Ala Ser Pro Pro Ser Tyr Thr Ser Pro Asn
 340 345 350

Pro Asn Tyr Asp Glu Lys His Tyr Ile Glu Ala Phe Ala Pro Leu Leu

355	360	365
Arg Asn Gln Gly Phe Asp Ala Lys Phe Ile Val Asp Thr Gly Arg Asn 370 375 380		
Gly Lys Gln Pro Thr Gly Gln Leu Glu Trp Gly His Trp Cys Asn Val 385 390 395 400		
Lys Gly Thr Gly Phe Gly Val Arg Pro Thr Ala Asn Thr Gly His Glu 405 410 415		
Leu Val Asp Ala Phe Val Trp Val Lys Pro Gly Gly Glu Ser Asp Gly 420 425 430		
Thr Ser Ala Asp Thr Ser Ala Ala Arg Tyr Asp Tyr His Cys Gly Leu 435 440 445		
Ser Asp Ala Leu Thr Pro Ala Pro Glu Ala Gly Gln Trp Phe Gln Ala 450 455 460		
Tyr Phe Glu Gln Leu Leu Ile Asn Ala Asn Pro Pro Leu 465 470 475		

<210> 111

<211> 1599

<212> ADN

<213> Aspergillus fumigatus

<400> 111

```

atgtctggcct ccaccttctc ctacccgatg tadaagacog agtcctactt ggcggccctt      60
ctgggctctg gccaggctca gcaggctcgg acttcccagg cgggaagtga tccgtccatg      120
acctggcaga gctgcaaggc tgggggcagg tgcaccacca acacgggcaa ggtggctatc      160
gacgcgaact ggggttgggt gcacaaagt ggcgactaca ccaactgcta caccggcaac      240
acctgggaca cgaatatctg ootgaogt ggcacctgg catccactg cggccttgag      300
ggtgccaaat adgaatocac ctatggtgtg accgccagg gcatttccct ccgcctcac      360
ttcgtcacca ccagccagca gaagaacatt ggctcggctc tgtacatgat gaaggacgac      420
tcgaotacog agatgtttta gctgctgaac caggagttca ccttcgatgt cgtgtctcc      480
aacctccoct ggggtctcaa cgggtctctg tactttgtcg ccatggacgc cgaoggtggg      540
atgtccaaat acccaaacaa aaaggccggg gccaaagtac gtactggata ctgtgactcg      600
cagtgccttc ggcacctcaa gttcatcaac ggtcaggcca accgtcgaag gtggcagccc      660
tcctccaacg atgccaatgc gggtaacggc aacdaoggg ootgctgogc ggagatggat      720
atctggggagg ccaacagcat ctccacggcc ttcaacccccc atccgttoga caogcccggc      780
cagggtgatgt gcaocgggtg tggctcgggt ggcacctaca gctccgaccg ctacggcggg      840
acctgcgacc ccgacgggat tgatttcacc tccttcggcc agggcaacaa gaccttctac      900
ggcctctggc tgacctcga caccagagc aggtttaccg tcgtcaccac gttcatcac      960
gacgacggca cctccagcgg oacootcaag gagatcaagc gcttctaatg gcagaacggc      1020
aagggtgacc ccaactcggg gtcgacctgg accggcgtca ggggcaatc oatcaccac      1080
gagtactgca ccgccagaa gagcctgttc caggaccaga accgtcttca aaagcaggg      1140
ggcctcagag gcatgggtgc tgccctcgcc oagggtatgg ttctcgtcat gtccctgtgg      1200
gatgatcaat oggocaaacat gctctggctc gacagcaat acccgacac tgctcttcc      1260
accactcccg gctcgcgccg tggtaoctgc gacatctct cgggcgtccc tgccgatgtc      1320
gaggcgaaac acccgcagc ctacgtctc tactccaca taaaggtcgg ccccatcggc      1380
tcgaccttca aaagggtgg ctcgacccc ggtggcgga ccaacagac aactaccac      1440
cagcctaota ccccccagc cagggtgga aacctggcg gcaacggagt cgaacagac      1500
tatggccagt gtggtggat ccgatggac ggaccacaa cctgtgocag cccttatcc      1560
tgccagagc tgatgatta ttactctcag tgcctgtag      1599

```

- 5
- <210> 112
 - <211> 532
 - <212> PRT
 - <213> *Aspergillus fumigatus*
 - <400> 112

Met	Leu	Ala	Ser	Thr	Phe	Ser	Tyr	Arg	Met	Tyr	Lys	Thr	Ala	Leu	Ile
1			5					10						15	
Leu	Ala	Ala	Leu	Leu	Gly	Ser	Gly	Gln	Ala	Gln	Gln	Val	Gly	Thr	Ser
			20				25						30		
Gln	Ala	Glu	Val	His	Pro	Ser	Met	Thr	Trp	Gln	Ser	Cys	Thr	Ala	Gly
		35					40					45			
Gly	Ser	Cys	Thr	Thr	Asn	Asn	Gly	Lys	Val	Val	Ile	Asp	Ala	Asn	Trp
	50					55					60				
Arg	Trp	Val	His	Lys	Val	Gly	Asp	Tyr	Thr	Asn	Cys	Tyr	Thr	Gly	Asn
65					70					75					80
Thr	Trp	Asp	Thr	Thr	Ile	Cys	Pro	Asp	Asp	Ala	Thr	Cys	Ala	Ser	Asn
				85					90						95
Cys	Ala	Leu	Glu	Gly	Ala	Asn	Tyr	Glu	Ser	Thr	Tyr	Gly	Val	Thr	Ala
			100					105					110		
Ser	Gly	Asn	Ser	Leu	Arg	Leu	Asn	Phe	Val	Thr	Thr	Ser	Gln	Gln	Lys
		115					120					125			

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

Met Gly Ala Ala Leu Ala Gln Gly Met Val Leu Val Met Ser Leu Trp
385 390 395 400

Asp Asp His Ser Ala Asn Met Leu Trp Leu Asp Ser Asn Tyr Pro Thr
405 410 415

Thr Ala Ser Ser Thr Thr Pro Gly Val Ala Arg Gly Thr Cys Asp Ile
420 425 430

Ser Ser Gly Val Pro Ala Asp Val Glu Ala Asn His Pro Asp Ala Tyr
435 440 445

Val Val Tyr Ser Asn Ile Lys Val Gly Pro Ile Gly Ser Thr Phe Asn
450 455 460

Ser Gly Gly Ser Asn Pro Gly Gly Gly Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr
465 470 475 480

Gln Pro Thr Thr Thr Thr Thr Thr Ala Gly Asn Pro Gly Gly Thr Gly
485 490 495

Val Ala Gln His Tyr Gly Gln Cys Gly Gly Ile Gly Trp Thr Gly Pro
500 505 510

Thr Thr Cys Ala Ser Pro Tyr Thr Cys Gln Lys Leu Asn Asp Tyr Tyr
515 520 525

Ser Gln Cys Leu
530

<210> 113

<211> 1713

<212> ADN

<213> Aspergillus fumigatus

<400> 113

atgaagcaac ttgcattctt catcgattt actctctgt tgcctgcctt gcaggcccaq 60
cagaacgtat ggggccaatg tatgttcttg ctgtcacttg nataagactg tatcaactgc 120
tgatatgctt otaggtggcg gccaaaggtg gtctggcccg aagagctgtg ttgcggcgcg 160
agcctgtagc acaactgaac cctgtatgtt agatatectc ctgagtggag acttatactg 240
acttccttag actacgtca gtgtatcccg ggagccaccg cgaagtcacac caccctcacg 300
acgaagagcg ogcggaagac gacatcccg accaccacca aacotacac gactggtcca 360
actacatccg caccacccgt gaccgcatcc ggtaacctt tcagcggcta ccagctgtat 420
gccaaacctt actactcctc agaggtcaat actctggcca tgccttctct gcccaagctcg 480
ctgcagacca aggtatgttg tgttgtgaa gtgcctctat ttgtttggct gtaagtggcc 540
ttatcccaat actgagacca actctctgac agtcgttagcg acgttgccgc caaggtgcac 600
actatgggaa cctaacctggc agaattoag gccaaagaca aggcggcgcg caacctcct 660
atcgttggtt tcttcgttgt ctacgacttg ccggaccgtg actgcgcgcg totggccagt 720
aatggcgagt actcaattgc caacaacgtt gtggccaact acaaggcgta cattgacgcc 780
atcctgtctc agctggtgaa gtaactctgac gttcacacca tctcgtctat cggtaggcgg 840
tacacctccg ttgcgcgcgc cctttctctg acatcttgca gaacccgaca gcttggccaa 900
cctggtgacc aacctcaccg tcgccaatg cggcaatgcg cagagcgctt acctggagtg 960
tgtcgactat gctctgaagc agctcaacot gcacaaagtc gccatgtaac toqacgoagg 1020
tatgcctcac ttcccgcatc ctgtatccct tccagacact aactcatcag gccatgcggg 1080
ctggtctcga tggcccgcca acttggggcc cgcagcaaca ctcttcgcga agtctacac 1140
cgaagcgggt tcccccgcgg ctgttcgttg cctggccaac aacgtcgcca actacaacgc 1200
ctggtcgtct agtaacctgc ccttcctcac ccaggagagc ccgaactgag acgagaagaa 1260
gtacatcaac gccatggcg ctctctcaca ggaagccggc ttcgatgcac acttcctcat 1320
ggataacotgt aagtgttat tccaatcgcc gatgtgtgcc gactaatcaa tgtttcagcc 1380
cggaatggcg tcccgccacg gaagcaaaa gcctgggggtg actggtgcaa cgtcatcgcc 1440
accggtctcg gtgttcgccc ctcgactaac accggcgatc cgtccaggga tgcctttgtg 1500
tgatcaagc ccggtggaga gagtgtggc acgtccaaact cgacttcccc ccggtatgac 1560
ggcactgcg gatatagtga tgcctgcag cctgtcctcg aggtggtac ttggttccag 1620
gtatgtcatc cattagccag atgagggata agtgactgac ggacotaggc ctactttgag 1680
cagcttctga ccaacgataa cccgtccttt taa 1713

<210> 114

<211> 454

<212> PRT

<213> Aspergillus fumigatus

<400> 114

Met	Lys	His	Leu	Ala	Ser	Ser	Ile	Ala	Leu	Thr	Leu	Leu	Leu	Pro	Ala
1				5					10					15	
Val	Gln	Ala	Gln	Gln	Thr	Val	Trp	Gly	Gln	Cys	Gly	Gly	Gln	Gly	Trp
			20					25					30		
Ser	Gly	Pro	Thr	Ser	Cys	Val	Ala	Gly	Ala	Ala	Cys	Ser	Thr	Leu	Asn
		35					40					45			
Pro	Tyr	Tyr	Ala	Gln	Cys	Ile	Pro	Gly	Ala	Thr	Ala	Thr	Ser	Thr	Thr
	50					55					60				
Leu	Thr	Thr	Thr	Thr	Ala	Ala	Thr	Thr	Thr	Ser	Gln	Thr	Thr	Thr	Lys
65					70					75					80

Pro Thr Thr Thr Gly Pro Thr Thr Ser Ala Pro Thr Val Thr Ala Ser
85 90 95

Gly Asn Pro Phe Ser Gly Tyr Gln Leu Tyr Ala Asn Pro Tyr Tyr Ser
100 105 110

Ser Glu Val His Thr Leu Ala Met Pro Ser Leu Pro Ser Ser Leu Gln
115 120 125

Pro Lys Ala Ser Ala Val Ala Glu Val Pro Ser Phe Val Trp Leu Asp
130 135 140

Val Ala Ala Lys Val Pro Thr Met Gly Thr Tyr Leu Ala Asp Ile Gln
145 150 155 160

Ala Lys Asn Lys Ala Gly Ala Asn Pro Pro Ile Ala Gly Ile Phe Val
165 170 175

Val Tyr Asp Leu Pro Asp Arg Asp Cys Ala Ala Leu Ala Ser Asn Gly
180 185 190

Glu Tyr Ser Ile Ala Asn Asn Gly Val Ala Asn Tyr Lys Ala Tyr Ile
195 200 205

Asp Ala Ile Arg Ala Gln Leu Val Lys Tyr Ser Asp Val His Thr Ile
210 215 220

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

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

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

Ala Gly His Ala Gly Trp Leu Gly Trp Pro Ala Asn Leu Gly Pro Ala
275 280 285

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

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

Ser Thr Cys Pro Ser Tyr Thr Gln Gly Asp Pro Asn Cys Asp Glu Lys
325 330 335

Lys Tyr Ile Asn Ala Met Ala Pro Leu Leu Lys Glu Ala Gly Phe Asp
340 345 350

Ala His Phe Ile Met Asp Thr Ser Arg Asn Gly Val Gln Pro Thr Lys
355 360 365

Gln Asn Ala Trp Gly Asp Trp Cys Asn Val Ile Gly Thr Gly Phe Gly
370 375 380

Val Arg Pro Ser Thr Asn Thr Gly Asp Pro Leu Gln Asp Ala Phe Val
385 390 395 400

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

Pro Arg Tyr Asp Ala His Cys Gly Tyr Ser Asp Ala Leu Gln Pro Ala
420 425 430

Pro Glu Ala Gly Thr Trp Phe Gln Ala Tyr Phe Glu Gln Leu Leu Thr
435 440 445

Asn Ala Asn Pro Ser Phe
450

<210> 115

<211> 2586

<212> ADN

<213> Aspergillus oryzae

<400> 115

5

atgaagcttg gttggatcga ggtggccgca ttggcggtg cctcagtagt cagtgccaa	60
gatgatctcg cgtactccaa tcctttctac ccttcccat gggcagatgg taagggtgaa	120
tgggcggaag tatacaaacg cgctgtagac atagtttccc agatgacgtt gacagagaa	180
gtcaacttaa ogaatggaac aggatggcaa ctgagagagt gtgttgaca aactggcagt	240
gttcccagac taaacatccc cagcttgtgt ttgdaggata gtctctcttg tattcgtttc	300
tggactaaa attcagcttt cctgcgggt gttaatgtcg ctgccacctg ggacaagacg	360
ctcgctacc ttctgtgtca ggcaatgggt gaggagttca gtgataaggg tattgacgtt	420
cagctgggtc ctgctgtcg cctctcgtt gctcatccgg atggcggtag aaactgggaa	480
ggtttctcac cagatccagc cctcacgggt gtactttttg cggagacgat taagggtatt	540
caagatgctg gtgtcattgc gacagctaag cattatatca tgaacgaaca agagcatttc	600
cgcacacac cagaggctgc gggttacgga ttcaacgtaa ggcacagttt gatttccaa	660
gttgatgaca agactatgca tgaattgtac ctctggcctc tcgcggatgc agtacgogct	720
ggagtcggtg ctgtcatgtg ctcttccaac caaatcaaca aacgctacgg ttgcgagaa	780

agcgaaactc tgaacaaagct tttgaaggcg gagcttgggt tocaaggctt cgtcatgagt 840
 gattggaccg ctcatcacag cggcgtaggc gctgctttag caggtctgga tatgtcgatg 900
 cccggtgatg ttacattcga tagtggtaag tctttctggg gtgcacactt gacggtcggg 960
 gtccctaaag gtacaatccc ccaatggcgt gttgatgaca tggctgtccg tatcatggcc 1020
 gcttattaca aggttggccg cgacacccaa tacacccctc ccaacttcag ctggtggacc 1080
 agggagagaat atggtttcgc gcataaccat gtttcggaaq gtgcttaaga gagggtcaac 1140
 gaattcgttg acgtgcacag cgtcatgac gauctaatcc gtgcctatcg cgcgcagagc 1200
 actgttctgc tgaagacaa ggggtgcctt cccttgagcc gcaaggaaaa gctggtcgcc 1260
 cttctgggag aggatgoggg ttccaaactc tggggcgcta adggctgtga tgacogtggg 1320
 tgcgataacg gtaacattgc catggcctgg ggtagcggta ctgggaattt cccatacctc 1380
 gtgacccag agcaggogat tcagaaagaa gttcttcagg gcctggtga tgtcttcgac 1440
 gtgacccag gttgggcgct cgacaagatc gctgcggctg ccgcgcaggg cagcgtatct 1500
 ctgctgttcg tcaactccga ctcaaggaga ggcctatctt gtgtggatgg aaatgagggc 1560
 gatcgtacaa acatcaactc gtggaagaa ggcgacaaat tggctcagac cgcagcgaat 1620
 aactgtacaa acacgcttgt catcatccac tccgtcggac cagttttgat cgtgaaatgg 1680
 tatgaacaaa ccaatgtcac tggctattctc tgggctgggc tgccaggcca ggaatctggt 1740
 aactcaattg ccgatgtgct gtacggtcgt gtcaacccct gcgcacaagt tcccttcact 1800
 tggggcagaa cccgggaagt gtatggtctt cccttggtca aggatgcac caatggcaac 1860
 ggagcgcgccc agtctgattt caccacgggt gtttctatcg attacgcgca ttctgataag 1920
 ttcaatgaga cccctatctc cgaatttggc taccgcttga gctacaccac ctctgagctc 1980
 tccgacctcc atgttcagac cctgaacgog tccgataca ctcccaccag tggcatgact 2040
 gaagctgcaa agaaactttg tgaatttggc gatgcgtcgg agtacgtga tccggagggg 2100
 ctggaaagga tccatgagtt tatctatccc tggatcaact ctaccgacct gaaggcctcg 2160
 totgacgatt ctactacgg ctgggaagac tccaaagtata ttcccgaagg cgcacggat 2220
 gggctctgcc agcccggtt gcccgctagt ggtggtgccc gaggaaaccc cggctctgac 2280
 gaggatcttt tcccgctctc tgtgaaggto aagaacacgg gcaatgtcgc cgggtgatga 2340
 gttcctcagc tgtacgttcc cctaggcggc ccgaatgagc ccaagggtgt actgcgcaag 2400
 tttgagcgtt tcaacttggc cccttcgacg gaggccgtgt ggaacacgac ccttaccggt 2460
 cgtgaccttg caaactggga cgtttcgggt caggactgga ccgtcactcc ttaccacca 2520
 acgatctacg ttggaaactc ctacaggaaa ctgcgcctcc aggcctcgtc gctaaaggcc 2580
 cagtaa 2586

<210> 116
 <211> 861
 <212> PRT
 <213> *Aspergillus oryzae*

<400> 116

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

Gly Val Gly Ala Val Met Cys Ser Tyr Asn Gln Ile Asn Asn Ser Tyr
245 250 255

Gly Cys Glu Asn Ser Glu Thr Leu Asn Lys Leu Leu Lys Ala Glu Leu
260 265 270

Gly Phe Gln Gly Phe Val Met Ser Asp Trp Thr Ala His His Ser Gly
275 280 285

Val Gly Ala Ala Leu Ala Gly Leu Asp Met Ser Met Pro Gly Asp Val
290 295 300

Thr Phe Asp Ser Gly Thr Ser Phe Trp Gly Ala Asn Leu Thr Val Gly
305 310 315 320

Val Leu Asn Gly Thr Ile Pro Gln Trp Arg Val Asp Asp Met Ala Val
325 330 335

Arg Ile Met Ala Ala Tyr Tyr Lys Val Gly Arg Asp Thr Lys Tyr Thr
340 345 350

Pro Pro Asn Phe Ser Ser Trp Thr Arg Asp Glu Tyr Gly Phe Ala His
355 360 365

Asn His Val Ser Glu Gly Ala Tyr Glu Arg Val Asn Glu Phe Val Asp
370 375 380

Val Gln Arg Asp His Ala Asp Leu Ile Arg Arg Ile Gly Ala Gln Ser
385 390 395 400

Thr Val Leu Leu Lys Asn Lys Gly Ala Leu Pro Leu Ser Arg Lys Glu
405 410 415

Lys Leu Val Ala Leu Leu Gly Glu Asp Ala Gly Ser Asn Ser Trp Gly
420 425 430

Ala Asn Gly Cys Asp Asp Arg Gly Cys Asp Asn Gly Thr Leu Ala Met
435 440 445

Ala Trp Gly Ser Gly Thr Ala Asn Phe Pro Tyr Leu Val Thr Pro Glu
450 455 460

Gln Ala Ile Gln Asn Glu Val Leu Gln Gly Arg Gly Asn Val Phe Ala
465 470 475 480

Val Thr Asp Ser Trp Ala Leu Asp Lys Ile Ala Ala Ala Ala Arg Gln
485 490 495

Ala Ser Val Ser Leu Val Phe Val Asn Ser Asp Ser Gly Glu Gly Tyr

500	505	510
Leu Ser Val Asp Gly Asn Glu Gly Asp Arg Asn Asn Ile Thr Leu Trp 515 520 525		
Lys Asn Gly Asp Asn Val Val Lys Thr Ala Ala Asn Asn Cys Asn Asn 530 535 540		
Thr Val Val Ile Ile His Ser Val Gly Pro Val Leu Ile Asp Glu Trp 545 550 555 560		
Tyr Asp His Pro Asn Val Thr Gly Ile Leu Trp Ala Gly Leu Pro Gly 565 570 575		
Gln Glu Ser Gly Asn Ser Ile Ala Asp Val Leu Tyr Gly Arg Val Asn 580 585 590		
Pro Gly Ala Lys Ser Pro Phe Thr Trp Gly Lys Thr Arg Glu Ser Tyr 595 600 605		
Gly Ser Pro Leu Val Lys Asp Ala Asn Asn Gly Asn Gly Ala Pro Gln 610 615 620		
Ser Asp Phe Thr Gln Gly Val Phe Ile Asp Tyr Arg His Phe Asp Lys 625 630 635 640		
Phe Asn Glu Thr Pro Ile Tyr Glu Phe Gly Tyr Gly Leu Ser Tyr Thr 645 650 655		
Thr Phe Glu Leu Ser Asp Leu His Val Gln Pro Leu Asn Ala Ser Arg 660 665 670		
Tyr Thr Pro Thr Ser Gly Met Thr Glu Ala Ala Lys Asn Phe Gly Glu 675 680 685		
Ile Gly Asp Ala Ser Glu Tyr Val Tyr Pro Glu Gly Leu Glu Arg Ile 690 695 700		
His Glu Phe Ile Tyr Pro Trp Ile Asn Ser Thr Asp Leu Lys Ala Ser 705 710 715 720		
Ser Asp Asp Ser Asn Tyr Gly Trp Glu Asp Ser Lys Tyr Ile Pro Glu 725 730 735		
Gly Ala Thr Asp Gly Ser Ala Gln Pro Arg Leu Pro Ala Ser Gly Gly 740 745 750		
Ala Gly Gly Asn Pro Gly Leu Tyr Glu Asp Leu Phe Arg Val Ser Val 755 760 765		

Lys Val Lys Asn Thr Gly Asn Val Ala Gly Asp Glu Val Pro Gln Leu
770 775 780

Tyr Val Ser Leu Gly Gly Pro Asn Glu Pro Lys Val Val Leu Arg Lys
785 790 795 800

Phe Glu Arg Ile His Leu Ala Pro Ser Gln Glu Ala Val Trp Thr Thr
805 810 815

Thr Leu Thr Arg Arg Asp Leu Ala Asn Trp Asp Val Ser Ala Gln Asp
820 825 830

Trp Thr Val Thr Pro Tyr Pro Lys Thr Ile Tyr Val Gly Asn Ser Ser
835 840 845

Arg Lys Leu Pro Leu Gln Ala Ser Leu Pro Lys Ala Gln
850 855 860

<210> 117

<211> 3060

<212> ADN

<213> Aspergillus fumigatus

<400> 117

atgagattcg gttggtcga ggtggcgcct ctgaaggccg cttctgtago caatgccag	60
gtttgtgatg ctttcccgtd attgtttcgg atatagttga caatagtcat ggaaataatc	120
aggatttggc tttctctcca ccattctatc cttgcgcctg ggtgatggc caggagaggt	180
gggcagatgc ccctcgaagc gcggtcgaga tggtttctca gatgacaatg ggggagaagg	240
ttaaacttac aacgggtact gggtaggttg agactttttt gttgacagtg agctttcttc	300
actgaccatc tacacagatg ggaatggac cgatgcgtcg gtcacaacgg cagcgttccc	360
aggtaagctt gcaattctgc aacaacgtgc aagtgtagtt gctaaaacgc ggtggtgcag	420
acttggtatc aactggggtc tttgtggcca ggattccctt ttgggtatcc gtttctgtga	480
gctatacccg cggagtcttt cagtccttgt attatgtgct gatgattgtc tctgtataga	540
tgacctcac tcgccttcc ctgctggtac taatgtcgcc gcgacatggg acaagacact	600
cgcctacctt cgtggcaagg ccattgggtga ggaattcaac gacaaggcg tggacatttt	660
gctggggcct gctgctggtc ctctcggcaa ataccggac ggcggcagaa tctgggaagg	720
cttctctcct gatccggttc tcaactggtg acttttcgcc gaactatca aggttatcca	780
agacgcgggt gtgattgcta ctgccaaaga ttacattctg aatgaacagg agcatttcdg	840
acaggttggc gaggccagg gatatggtta caacatcacg gagacgata gctccaacgt	900
ggatgacaag acaatgcaag agttgtacct ttggtgagta gttgacactg caaatgagga	960
ccttgattga tttgactgac ctggamtgca ggccctttgc agatgctgtg cgggtaaga	1020

ttttcogtag aottgaooto gogacgaaga aatcogctgac gaaccatcgt agctggcgtt	1080
ggcgtctgtca tgtgttccta caatcaaatc aaacaacagot aoggttctca aaacagtcaa	1140
actctcaaca agctcctcaa ggtgagctg ggcttccaag gcttcgtcat gagtgactgg	1200
agcgctcaad acagcgggtg oggogctgoc ctcgctgggt tggatatgtc gatgcctgga	1260
gacatttctt tcgaacgaagg actctccttc tggggcaaga acctaacgtt cagtgttctt	1320
aaoggoaoo gttcagcctg gctgtctgat gacatggctg ttctgtatcat gaccgcgtac	1380
tacaagggtg gtcgtgaccg tcttcgtatt coddotaadt taagctcctg gaddcgggat	1440
gagtacgggt gggagcattc tgotgtotoc gaggagagct ggaccaagggt gaacgacttc	1500
gtcaatgtgc agcgcagtca ctctcagato atocgtgaga ttggtgcgcg tagtacagtg	1560
ctcttgaaga acaoggggtg tottcotttg aocggcaagg aggttaaagt ggggtgtctc	1620
ggtgaagacg ctggttccaa ccgctggggt gctaacggtt gcccgcaccg cggctgtgat	1680
aacggcactc ttgctatggc ctggggtagt ggtactgca aattccctta ccttctcacc	1740
cccgagcagg ctatccagcg agaggtcato agcaacggog gdaatgtott tctgtgact	1800
gataaogggg ctctcagcca gatggcagat gttgcattctc aatccaggts agtgccggct	1860
cttagaaaaa gaacgttctc tgantgaagt tttttaacca ttgcgaacag cgtgtctttg	1920
gtgtttgtca accgcgactc tggagaggggt ttcattcagtg tggacggcaa cagaggtgac	1980
cgcaaaaatc tcaactctgt gaagaaoggc gaggccgtca ttgacactgt tgtcagccac	2040
tgoaaocaaa cgattgtggt tattcacagt gttgggcccg tcttgatcga ccggtggtat	2100
gataacccca agctcactgc catcactctg gcooggottg ooggtcagga gagtggcaao	2160
tccctggctg acgtgctcta tggccgcgtc aacccacgcg ccaagacccc gttcacctgg	2220
ggcaagactc gggagtotta oggggctccc ttgctcaccg agcctaaca tggcaatggt	2280
gtcccccagg atgatttcaa caggggcgtc ttcatgact accgtcactt tgacacgcgc	2340
aatgagaccc caatttatga gtttgccat ggcttgagct acaccacctt tggttactct	2400
caccttcggg ttacggccct caatagttcg agttcggcat atgtcccgac tagcggagag	2460
adcaagcctg cgcacacctc tgggtgagtc ggtagtgcgc ccgactacct gtatcccag	2520
ggtctcaaaa gaattaccaa gtttatttac ccttggctca actogacoga ootcagggat	2580
tcttctgaag aocogaoota oggctgggag gactcggagt acattcccga aggcgctagg	2640
gatgggtctc ctcaacccct cctgaaggct ggcggcgctc ctggtggtaa ccctacccct	2700
tatcaggatc ttgttaggggt gtoggcacac ataaocaaa ctggtaacgt cgcgggttat	2760
gaagtccoto aattggtgag tgaccgcgat gttccttgcg ttgcaatttg gctaacctgc	2820
ttctagtatg tttcactggg cggacccaac gagcctcggg tcttcttgcg caagtccgac	2880
ggaatcttcc tggctcctgg ggagcaaaa gtttggacca cgactcttaa ccgtcgtgat	2940

```
ctcgccattt gggatgtgga ggtcaggac tgggtcatca caaagtaccg caagaaagtg 3000
caagtcggga gctcctggcg taagctgoot ctgagagcgc ctctgcctcg tgtctactag 3060
```

<210> 118

<211> 863

5 <212> PRT

<213> Aspergillus fumigatus

<400> 118

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

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

Val Thr Asp Asn Gly Ala Leu Ser Gln Met Ala Asp Val Ala Ser Gln
 485 490 495
 Ser Ser Val Ser Leu Val Phe Val Asn Ala Asp Ser Gly Glu Gly Phe
 500 505 510
 Ile Ser Val Asp Gly Asn Glu Gly Asp Arg Lys Asn Leu Thr Leu Trp
 515 520 525
 Lys Asn Gly Glu Ala Val Ile Asp Thr Val Val Ser His Cys Asn Asn
 530 535 540
 Thr Ile Val Val Ile His Ser Val Gly Pro Val Leu Ile Asp Arg Trp
 545 550 555 560
 Tyr Asp Asn Pro Asn Val Thr Ala Ile Ile Trp Ala Gly Leu Pro Gly
 565 570 575
 Gln Glu Ser Gly Asn Ser Leu Val Asp Val Leu Tyr Gly Arg Val Asn
 580 585 590
 Pro Ser Ala Lys Thr Pro Phe Thr Trp Gly Lys Thr Arg Glu Ser Tyr
 595 600 605
 Gly Ala Pro Leu Leu Thr Glu Pro Asn Asn Gly Asn Gly Ala Pro Gln
 610 615 620
 Asp Asp Phe Asn Glu Gly Val Phe Ile Asp Tyr Arg His Phe Asp Lys
 625 630 635 640
 Arg Asn Glu Thr Pro Ile Tyr Glu Phe Gly His Gly Leu Ser Tyr Thr
 645 650 655
 Thr Phe Gly Tyr Ser His Leu Arg Val Gln Ala Leu Asn Ser Ser Ser
 660 665 670
 Ser Ala Tyr Val Pro Thr Ser Gly Glu Thr Lys Pro Ala Pro Thr Tyr
 675 680 685
 Gly Glu Ile Gly Ser Ala Ala Asp Tyr Leu Tyr Pro Glu Gly Leu Lys
 690 695 700
 Arg Ile Thr Lys Phe Ile Tyr Pro Trp Leu Asn Ser Thr Asp Leu Glu
 705 710 715 720
 Asp Ser Ser Asp Asp Pro Asn Tyr Gly Trp Glu Asp Ser Glu Tyr Ile
 725 730 735

```

Pro Glu Gly Ala Arg Asp Gly Ser Pro Gln Pro Leu Leu Lys Ala Gly
    740                      745                      750

Gly Ala Pro Gly Gly Asn Pro Thr Leu Tyr Gln Asp Leu Val Arg Val
    755                      760                      765

Ser Ala Thr Ile Thr Asn Thr Gly Asn Val Ala Gly Tyr Glu Val Pro
    770                      775                      780

Gln Leu Tyr Val Ser Leu Gly Gly Pro Asn Glu Pro Arg Val Val Leu
    785                      790                      795                      800

Arg Lys Phe Asp Arg Ile Phe Leu Ala Pro Gly Glu Gln Lys Val Trp
    805                      810                      815

Thr Thr Thr Leu Asn Arg Arg Asp Leu Ala Asn Trp Asp Val Glu Ala
    820                      825                      830

Gln Asp Trp Val Ile Thr Lys Tyr Pro Lys Lys Val His Val Gly Ser
    835                      840                      845

Ser Ser Arg Lys Leu Pro Leu Arg Ala Pro Leu Pro Arg Val Tyr
    850                      855                      860

```

<210> 119
 <211> 2800
 <212> ADN
 <213> Penicillium brasilianum

 <400> 119

5

tgaaaatgca gggttctaca atctttctgg ctttcgcctc atgggcgagc caggttgctg	60
ccattgcgcg gcccatcacg agcacggagg ttgtttttat cttgctcatg gaegtgcctt	120
gacttgacta attgtttttac atadagcccg gattttctgc cgggccccaa gccatagaat	180
cgttctcaga acugttctac ccgtcgcctt ggatgaatcc tcacgcggag ggctgggagg	240
ccgcattatca gaagctcaca gattttgtct cgcactcac tatcttggag aaataaatac	300
tgaccacccg tgttggttaa gtctctccga ctgcttctgg gtcacgggtg gacgagccac	360
tgactttttg agctgggaa antgggcgt gtgtaggaaa caotggatca attcctcgtc	420
tggattcaa aggattttgt aaccaggatt caccacaggg tgttcgggtc gcagattatt	480
cctcgccttt cactcttagc caaatggccg ccgcacatt tgaccgctca attctttatc	540
aacgagggca agccatggca caggacaca aggctaaggg tatcacaatt caattgggcc	600
ctgttgccgg cctctcgtt cgcctcccg agggcgccg caactgggaa ggattctccc	660
ctgatcctgt attgaotggt atagccatgg ctgagacaat taagggcctg caggatactg	720
gagtgattgc ttgcgtcaa catttatatt gaaacgagca ggagcacttc cgtcaagtgg	780

gtgaagctgc	gggtcaaggga	tacactatct	cagatactat	ttcatctaat	attgacgacc	840
gtgctatgca	tgagctatac	ttgtggccat	ttgctgatgc	cgttcggcgt	ggtgtgggtt	900
ctttcatgtg	ctcatctctt	cagatcaaca	actcctacgg	atgccaaaac	agtcagaccc	960
tcaacaaact	cctcaagagc	gaattggggt	tcaaaggctt	tgtcatgagc	gattgggggt	1020
cocatcaact	tggagtgtca	tggcgcctag	ctggacttga	tatgagcatg	cggggtgata	1080
cogaatttga	ttctggcttg	agcttctggg	gctctaaact	caodattgca	attctgaacg	1140
gcacgggtcc	cgaatggcgc	ctggatgaca	tggcagatgc	aattatggct	gcatacttca	1200
aagttggcct	tactattgag	gatoaacccag	atgtcaactt	caatgcctgg	acccatgaca	1260
cctacggata	tcaatagctt	tatagaagg	aagattacga	gcaggtcac	tggcatgtcg	1320
atgttcgcag	cgaaccacat	aagctcattc	gcgagactgc	cgcgaagggt	acagttctgc	1380
tgaagaaaca	ctttcatgtt	ctcctctgca	agcagccacg	gttcgtggcc	gtcgttggtc	1440
aggatgcggg	gccaaacccc	aagggccctc	acggctgggc	agacagagga	tgcgaccaag	1500
gcactctcgc	aatgggatgg	ggctcagggg	ctaccgaatt	cccttacctg	gtcactcctg	1560
acaatgttat	tcagtcaaac	gtcctcgcat	acgggggtcg	atacgagagt	atttttgata	1620
actatgacga	caatgtcttc	ttgtcgcttg	tctcacagcc	tgatgcaccc	tgtatcgttt	1680
ttgcacatgc	cgttccgggt	gaaggctaca	tcaatgttga	caacaactgg	ggtgacccga	1740
adaatctgac	cctctggcaa	aatgccgata	aagtgttag	caatgtcaga	tgcgagatga	1800
acacacacat	cgttcttttc	caatctgttg	gaccagtgtt	gctaaatggg	atatatgagc	1860
adccgaacat	caagotatt	gtctgggcag	ggatgccagg	cgaagaattt	ggcaatgttc	1920
togtggatat	tctttggggc	aatgttaacc	ctgccggctg	cactcogttc	acctgggcca	1980
aaagtgcaga	ggactatggc	actgatataa	tgtacagagc	caacaaaggc	cagcgtgcgc	2040
ctdagaaggga	tttcaaccag	agcatctacc	tgcactaccg	cdatttcgac	aaagtgtgta	2100
tgcagccaat	ttcagagttt	ggattcggcc	tctcctatac	caocttcgaa	tactctgacc	2160
tccgtgttgt	gaagaagtat	gttcaaccat	acagtccac	gacccggccc	ggtgctcaag	2220
caocttcoat	cggacagcca	cctagccaga	acctggatac	ctacaagtcc	cctgctacat	2280
acaaatadat	caaaaacttc	atttatccct	acotgaacag	caatgtctcc	ctccgcgctg	2340
cttccaaagg	tccgaataac	ggtcgtacag	actttatccc	accccaaggc	cgtgatgggt	2400
cccctcaacc	tctcaacccc	gctggagacc	cagtggccag	tgggtgaaac	aacatgctct	2460
acgacgaact	ttacagaggt	actgcacaga	tcaaaaacac	tggcagcgtg	gccggcgacg	2520
aagtcgtcca	gctttadgta	gactctgggg	gtgacaaccc	gcctcgtcag	ttgagaaact	2580
ttgacagggt	ttatctgctg	ccgggtcaga	gctcaacatt	ccgggttaca	ttgacgggoc	2640
gtgattttgag	caactgggat	attgaggcgc	agaaactggc	agttacggaa	tgccttaaga	2700
gagtgtatgt	tggadgggtg	agtcgggatt	tgcgcgtgag	ctcacatttg	gagtaattgt	2760

catgtctacc aatagatggt gaatgtctgg tgtggatatt

2800

5

<210> 120

<211> 878

<212> PRT

<213> Penicillium brasilianum

<400> 120

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

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

Asp Thr Ala Ile Gln Ser Lys Val Leu Glu Tyr Gly Gly Arg Tyr Glu
 485 490 495

Ser Ile Phe Asp Asn Tyr Asp Asp Asn Ala Ile Leu Ser Leu Val Ser
 500 505 510

Gln Pro Asp Ala Thr Cys Ile Val Phe Ala Asn Ala Asp Ser Gly Glu
 515 520 525

Gly Tyr Ile Thr Val Asp Asn Asn Trp Gly Asp Arg Asn Asn Leu Thr
 530 535 540

Leu Trp Gln Asn Ala Asp Gln Val Ile Ser Thr Val Ser Ser Arg Cys
 545 550 555 560

Asn Asn Thr Ile Val Val Leu His Ser Val Gly Pro Val Leu Leu Asn
 565 570 575

Gly Ile Tyr Glu His Pro Asn Ile Thr Ala Ile Val Trp Ala Gly Met
 580 585 590

Pro Gly Glu Glu Ser Gly Asn Ala Leu Val Asp Ile Leu Trp Gly Asn
 595 600 605

Val Asn Pro Ala Gly Arg Thr Pro Phe Thr Trp Ala Lys Ser Arg Glu
 610 615 620

Asp Tyr Gly Thr Asp Ile Met Tyr Glu Pro Asn Asn Gly Gln Arg Ala
 625 630 635 640

Pro Gln Gln Asp Phe Thr Glu Ser Ile Tyr Leu Asp Tyr Arg His Phe
 645 650 655

Asp Lys Ala Gly Ile Glu Pro Ile Tyr Glu Phe Gly Phe Gly Leu Ser
 660 665 670

Tyr Thr Thr Phe Glu Tyr Ser Asp Leu Arg Val Val Lys Lys Tyr Val
 675 680 685

Gln Pro Tyr Ser Pro Thr Thr Gly Thr Gly Ala Gln Ala Pro Ser Ile
 690 695 700

Gly Gln Pro Pro Ser Gln Asn Leu Asp Thr Tyr Lys Phe Pro Ala Thr
 705 710 715 720

Tyr Lys Tyr Ile Lys Thr Phe Ile Tyr Pro Tyr Leu Asn Ser Thr Val
 725 730 735

```

Ser Leu Arg Ala Ala Ser Lys Asp Pro Glu Tyr Gly Arg Thr Asp Phe
    740                      745                      750

Ile Pro Pro His Ala Arg Asp Gly Ser Pro Gln Pro Leu Asn Pro Ala
    755                      760                      765

Gly Asp Pro Val Ala Ser Gly Gly Asn Asn Met Leu Tyr Asp Glu Leu
    770                      775                      780

Tyr Glu Val Thr Ala Gln Ile Lys Asn Thr Gly Asp Val Ala Gly Asp
    785                      790                      795                      800

Glu Val Val Gln Leu Tyr Val Asp Leu Gly Gly Asp Asn Pro Pro Arg
    805                      810                      815

Gln Leu Arg Asn Phe Asp Arg Phe Tyr Leu Leu Pro Gly Gln Ser Ser
    820                      825                      830

Thr Phe Arg Ala Thr Leu Thr Arg Arg Asp Leu Ser Asn Trp Asp Ile
    835                      840                      845

Glu Ala Gln Asn Trp Arg Val Thr Glu Ser Pro Lys Arg Val Tyr Val
    850                      855                      860

Gly Arg Ser Ser Arg Asp Leu Pro Leu Ser Ser Gln Leu Glu
    865                      870                      875

```

<210> 121
 <211> 2583
 <212> ADN
 <213> Aspergillus niger

 <400> 121

atgagggttaa ctttgataga ggcgggtgggc ctgactgacg totcgtctggc cagcgcctgat	60
gaattggcct actcddoada gtattaccca tcccttggg ccaatggcca gggcgactgg	120
gcgcaggcat accagcgcgc tgttgatatt gtctcgcaaa tgacattgga tgagaaggtc	180
aactctgacca cagggaactgg atgggaattg gaactatgtg ttggtcagac tggcgggtgtt	240
ccocgattgg gagtccggg aatgtgttta caggatagcc ctctgggggt togcgaatcc	300
gactacaaact ctgttttccc tgccggcatg aacgtgggtg caacctggga caagaatctg	360
gcataaottc ggggaaggc tatgggtcag gaatttagtg acnagggtgc cgatatccaa	420
ttgggtccag ctgcggggcc tctgggtaga agtcccgacg gtggtcgtaa ctgggagggc	480
ttctccccag aacctgcctt aagtgggtgtg ctctttgacg agaccatcaa gggatatccaa	540
gatgctgggtg ttgttgcgac ggctaaggac tacattgott aagagcaaga gcatttccgt	600
caggcgcctg aagcccaagg ttttggattt aatatttccg agagtgggag tgcgaacctc	660
gatgataaga ctatgcacga gctgtacctc tggcccttcg cggatgcaat ccgtgcagggt	720

gctggcgttg tgatgtgttc ctacaaaccg atcaacaaca gttatggctg ccagaacagc 780
 tadaototga acaagotgot caaggocgag ctgggcttcc agggctttgt catgagtgat 840
 tgggtgtgtc acaatgtgtg tgtgagtgtt gctttggcag gattggatat gtctatgosa 900
 ggagacgtog actacgacag tggtaagtct tactggggtc caaacttgac cattagcgtg 960
 ctcaacggaa cgggtgcccc atggcgtgtt gatgacatgg ctgtccgcat catggccgoc 1020
 tactacaagg tgggccttga cgtctgttg actcctccc acttcagctc atggaccaga 1080
 gatgaatacg gctacaagta ctactacgtg tgggagggac cgtacgagaa ggtcaaccag 1140
 taagtgaatg tgcacogcaa caacagcgaa ctgattogoo goattggagc ggacagcaog 1200
 gtgtctctca agaacgacgg cgtctgtgct ttgactggtc aggagcgctt ggtcgggttt 1260
 atcggagaag atgcgggtct caacccttat ggtgccacg gctgcagtga ccgtggatgc 1320
 gacaaatgaa cattggcgat gggctgggga agtggtactg caaacttccc ataatggtg 1380
 accccgagc aggcctcttc aaacgaggtg cttaagcaca agaattggtt attcacgoc 1440
 accgataact gggctatctc tcagattgag gcgcttgcta agacggcaag tgtctctctt 1500
 gtctttgtca accgcgactc tgggtgaggt tactatcaatg tggacggaaa cctgggtgac 1560
 cgaaggaaac tgacctgtg gaggaaacgc gataatgtga tcaaggctgc tgcagcaac 1620
 tgcacaaca caatcgttgt cattcaactc gtccgacacg tcttggttaa cagtggttac 1680
 gacaacccca atgttaacgc tatcctctgg ggtggtttgc ccggtcagga gtctggcaac 1740
 totcttgccg acgtcctcta tggccgtgtc aaccccggtg caagtcgoc ctttaacctg 1800
 ggcaagactc gtgaggtcta caaagactac ttggtcacg agcccaacaa cggcaacgga 1860
 gccctcagg aagactttgt cgagggcgtc ttcattgact accgtggatt tgacaagcgc 1920
 aacgagaccc cgtatctaga gttcggctat ggtctgagct acaccacttt caactactcg 1980
 aaccttgagg tgcaggtgtt gacgcacctt gcatacagc ctgcttcggg tgagaccgag 2040
 gcagcgcaca ccttcggaga ggttggaat gcgtcggatt aactctacc cagcggattg 2100
 cagagaatta caaagttaat ctacccctgg ctcaacggta ccgactctga ggcactctcc 2160
 ggggatgcta gctacgggca ggaactcctc gactatcttc ccgagggagc caccgatggc 2220
 tctgcgcac cgtatctgac tgcgggtggt ggtcctggcg gcaacccctc cctgtacgac 2280
 gagctcctcc gcgtgtcagt gacatcaag aacacccgca aggttgctgg tgatgaattt 2340
 ccccaactgt atgtttccct tggcggctcc aatgagccca agatcgtgct gcgtcaatto 2400
 gagcgcata cgtgcagcc gtcggaggag acgaagtgga gcaagactct gacggcgcgt 2460
 gaacttgcaa actggaatgt tgagaagcag gactgggaga ttaagtctga tcccaagatg 2520
 gtgtttgtcg gaagctctc gcggaagctg ccgctccggg cgtctctgcc tactgttac 2580
 taa 2583

<211> 860
<212> PRT
<213> Aspergillus niger

5 <400> 122

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

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

Ser Val Ser Leu Val Phe Val Asn Ala Asp Ser Gly Glu Gly Tyr Ile
 500 505 510
 Asn Val Asp Gly Asn Leu Gly Asp Arg Arg Asn Leu Thr Leu Trp Arg
 515 520 525
 Asn Gly Asp Asn Val Ile Lys Ala Ala Ala Ser Asn Cys Asn Asn Thr
 530 535 540
 Ile Val Val Ile His Ser Val Gly Pro Val Leu Val Asn Glu Trp Tyr
 545 550 555 560
 Asp Asn Pro Asn Val Thr Ala Ile Leu Trp Gly Gly Leu Pro Gly Gln
 565 570 575
 Glu Ser Gly Asn Ser Leu Ala Asp Val Leu Tyr Gly Arg Val Asn Pro
 580 585 590
 Gly Ala Lys Ser Pro Phe Thr Trp Gly Lys Thr Arg Glu Ala Tyr Gln
 595 600 605
 Asp Tyr Leu Val Thr Glu Pro Asn Asn Gly Asn Gly Ala Pro Gln Glu
 610 615 620
 Asp Phe Val Glu Gly Val Phe Ile Asp Tyr Arg Gly Phe Asp Lys Arg
 625 630 635 640
 Asn Glu Thr Pro Ile Tyr Glu Phe Gly Tyr Gly Leu Ser Tyr Thr Thr
 645 650 655
 Phe Asn Tyr Ser Asn Leu Glu Val Gln Val Leu Ser Ala Pro Ala Tyr
 660 665 670
 Glu Pro Ala Ser Gly Glu Thr Glu Ala Ala Pro Thr Phe Gly Glu Val
 675 680 685
 Gly Asn Ala Ser Asp Tyr Leu Tyr Pro Ser Gly Leu Gln Arg Ile Thr
 690 695 700
 Lys Phe Ile Tyr Pro Trp Leu Asn Gly Thr Asp Leu Glu Ala Ser Ser
 705 710 715 720
 Gly Asp Ala Ser Tyr Gly Gln Asp Ser Ser Asp Tyr Leu Pro Glu Gly
 725 730 735
 Ala Thr Asp Gly Ser Ala Gln Pro Ile Leu Pro Ala Gly Gly Gly Pro
 740 745 750

Gly Gly Asn Pro Arg Leu Tyr Asp Glu Leu Ile Arg Val Ser Val Thr
755 760 765

Ile Lys Asn Thr Gly Lys Val Ala Gly Asp Glu Val Pro Gln Leu Tyr
770 775 780

Val Ser Leu Gly Gly Pro Asn Glu Pro Lys Ile Val Leu Arg Gln Phe
785 790 795 800

Glu Arg Ile Thr Leu Gln Pro Ser Glu Glu Thr Lys Trp Ser Thr Thr
805 810 815

Leu Thr Arg Arg Asp Leu Ala Asn Trp Asn Val Glu Lys Gln Asp Trp
820 825 830

Glu Ile Thr Ser Tyr Pro Lys Met Val Phe Val Gly Ser Ser Ser Arg
835 840 845

Lys Leu Pro Leu Arg Ala Ser Leu Pro Thr Val His
850 855 860

<210> 123

<211> 2583

<212> ADN

<213> Aspergillus aculeatus

<400> 123

atgaagctca gttggttga ggcggtgcc ttgacggctg cttcagtcgt cagcgtgat	60
gaactggcgt tctctctctc tttctacccc tctccgtggg ccaatggcca gggagagtgg	120
gcggaagcct accagcgtgc agtggccatt gtatcccaqa tgactctgga tgagaaggtc	180
aacctgacaa ccggaactgg atgggagctg gagaagtgcg toggtoagaa tgggtggtgc	240
ccaagactga acatcgggtg catgtgtott caggacagtc ccttgggaat togtgatagt	300
gactacaatt cggctttccc tgctggtgc aacgttgctg cgcactggga caagaacctt	360
gcttatctac gtggtcaggc tatgggtcaa gagttaagtg acmaaggaa tgatgttcaa	420
ttgggaacgg ccgccgggtcc cctcggcagg agccctgatg gaggtcgcaa ctgggaaggc	480
ttctctccag acccggctct tactggtgtg ctctttgcgg agacgattaa gggatttcaa	540
gacgtcgtg togtggcgac agccaagcat tacattctca atgagcaaga gcatttcggc	600
caggtcgcaq aggtgcggg ctacggattc aatctctccg acacgatcag ctctaacgtt	660
gatgacaaga ccattcatga aatgtacctc tggcccttcg cggatgcctg tcgcgcgggc	720
gttggcgcca tcatgtgttc ctacaaccag atcaacaaqa gctacggttg ccagaacagt	780
tacaotctga caaagcttct gaagcccgag ctgggcttcc agggctttgt gatgtotgac	840
tgggttgctc accacagtgg tgttggtctt gctttggccg gcttggatat gtcaatgcct	900

ggagatataa ccttcgatto tgcactagt ttctggggtt ccaacctgac oattgctgtg 960
 ctcaacggta cagtcacgca gtggcgcggt gaagacatgg ctgtccgtat catggctgac 1020
 taactacaagg ttggccggga cggcctgtac caggccgcta acttcagctc ctggactcgc 1080
 gatgaataag gcttcaagta ttctctacccc cagggaaggga cctatgaga ggtomataac 1140
 ttctgcaatg tgcagcgcaa caacagcgag gttattcgca agttgggagc agacagtact 1200
 gttctactga agacacacaa tgccttgccg ctgacccgaa aggagcgcaa agttcgagat 1260
 ctgggtgag atgtcggtac caactcgtae ggtgcacatg gctgctctga cagtggctgt 1320
 gacaacggta ctcttgctat ggtttggggt agcggaatg cagaattccc atatctctgt 1380
 aacctgagag aggtattca agcagaggtg ctcaagcata agggcagcgt ctacgccatc 1440
 acggacaaat gggcgctgag caaggtggag aacctcgcta acaagcgag tgtctctctt 1500
 gtatttctca actcggagca gggagagggg tatatctccg tggacgggaa cgaaggcgac 1560
 cgaacaacac tccacctctg gaaagacggc gacaaacctc taagggtctg tgcacacac 1620
 tgcacacaca ccatcgctgt catccactcc gttggacctg ttttggttga cgaagtgtat 1680
 gaacaccccc acgttactgc catctctctg cgggggcttg ctggcagga gtctggcaac 1740
 taattggctg agtgcctca cggcggcgct aaccggggcg ccaaatctcc attcaactgg 1800
 ggcaagacga gggggcgta cggggattac ottgtcogtg agtcaacaa cggcaacgga 1860
 gctcccccag atgattctct ggaaggtgtt ttcattgact accggcgatt cgacacggcg 1920
 aatgagaccc ccatctacga gttcggacat ggtctgagct acccaacttt caactactct 1980
 ggctctcaca tccaggtct caacgcttc tccacggctc agtagcacc tgagactggc 2040
 googotccca ccttcggaca agtcggcaat gctctgact acgtgtacc tgagggttg 2100
 accagatca gcaagttcat ctatccctgg cttaattca cagaactgaa ggcctcatct 2160
 ggcgacccgt actatggagt agacacggcg gaggacgtgc cggagggtgc tactgatggc 2220
 tctcggcagc cagttctgac tgcgggtgtt ggtctgtgtg gtaacccggc cctctacgat 2280
 gagttgatcc gtgtttcggg gacagtcag aacactggtc gtgttgccgg tgatgctgtg 2340
 cctcaattgt atgtttccct tggtagacc aatgagccca aggttgtgtt gcgcaaatc 2400
 gaccgctca cctcaagcc ctccgagag acggtgtgga cgaactaact gaccggcgcc 2460
 gatctgtcta actgggaggt tgcggctcag gaotgggtca tcaattctta ccggagagag 2520
 gtccatgttg gtagctcttc ggtcagctg ccccttcacg cggcgctccc gaaggtgcaa 2580
 tga 2583

<210> 124
 <211> 860
 <212> PRT
 <213> Aspergillus aculeatus
 <400> 124

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

Cys Gln Asn Ser Tyr Thr Leu Asn Lys Leu Leu Lys Ala Glu Leu Gly
260 265 270

Phe Gln Gly Phe Val Met Ser Asp Trp Gly Ala His His Ser Gly Val
275 280 285

Gly Ser Ala Leu Ala Gly Leu Asp Met Ser Met Pro Gly Asp Ile Thr
290 295 300

Phe Asp Ser Ala Thr Ser Phe Trp Gly Thr Asn Leu Thr Ile Ala Val
305 310 315 320

Leu Asn Gly Thr Val Pro Gln Trp Arg Val Asp Asp Met Ala Val Arg
325 330 335

Ile Met Ala Ala Tyr Tyr Lys Val Gly Arg Asp Arg Leu Tyr Gln Pro
340 345 350

Pro Asn Phe Ser Ser Trp Thr Arg Asp Glu Tyr Gly Phe Lys Tyr Phe
355 360 365

Tyr Pro Gln Glu Gly Pro Tyr Glu Lys Val Asn His Phe Val Asn Val
370 375 380

Gln Arg Asn His Ser Glu Val Ile Arg Lys Leu Gly Ala Asp Ser Thr
385 390 395 400

Val Leu Leu Lys Asn Asn Asn Ala Leu Pro Leu Thr Gly Lys Glu Arg
405 410 415

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

Asn Gly Cys Ser Asp Arg Gly Cys Asp Asn Gly Thr Leu Ala Met Ala
435 440 445

Trp Gly Ser Gly Thr Ala Glu Phe Pro Tyr Leu Val Thr Pro Glu Gln
450 455 460

Ala Ile Gln Ala Glu Val Leu Lys His Lys Gly Ser Val Tyr Ala Ile
465 470 475 480

Thr Asp Asn Trp Ala Leu Ser Gln Val Glu Thr Leu Ala Lys Gln Ala
485 490 495

Ser Val Ser Leu Val Phe Val Asn Ser Asp Ala Gly Glu Gly Tyr Ile
500 505 510

Ser Val Asp Gly Asn Glu Gly Asp Arg Asn Asn Leu Thr Leu Trp Lys

515	520	525
Asn Gly Asp Asn Leu Ile Lys Ala Ala Ala Asn Asn Cys Asn Asn Thr 530 535 540		
Ile Val Val Ile His Ser Val Gly Pro Val Leu Val Asp Glu Trp Tyr 545 550 555 560		
Asp His Pro Asn Val Thr Ala Ile Leu Trp Ala Gly Leu Pro Gly Gln 565 570 575		
Glu Ser Gly Asn Ser Leu Ala Asp Val Leu Tyr Gly Arg Val Asn Pro 580 585 590		
Gly Ala Lys Ser Pro Phe Thr Trp Gly Lys Thr Arg Glu Ala Tyr Gly 595 600 605		
Asp Tyr Leu Val Arg Glu Leu Asn Asn Gly Asn Gly Ala Pro Gln Asp 610 615 620		
Asp Phe Ser Glu Gly Val Phe Ile Asp Tyr Arg Gly Phe Asp Lys Arg 625 630 635 640		
Asn Glu Thr Pro Ile Tyr Glu Phe Gly His Gly Leu Ser Tyr Thr Thr 645 650 655		
Phe Asn Tyr Ser Gly Leu His Ile Gln Val Leu Asn Ala Ser Ser Asn 660 665 670		
Ala Gln Val Ala Thr Glu Thr Gly Ala Ala Pro Thr Phe Gly Gln Val 675 680 685		
Gly Asn Ala Ser Asp Tyr Val Tyr Pro Glu Gly Leu Thr Arg Ile Ser 690 695 700		
Lys Phe Ile Tyr Pro Trp Leu Asn Ser Thr Asp Leu Lys Ala Ser Ser 705 710 715 720		
Gly Asp Pro Tyr Tyr Gly Val Asp Thr Ala Glu His Val Pro Glu Gly 725 730 735		
Ala Thr Asp Gly Ser Pro Gln Pro Val Leu Pro Ala Gly Gly Gly Ser 740 745 750		
Gly Gly Asn Pro Arg Leu Tyr Asp Glu Leu Ile Arg Val Ser Val Thr 755 760 765		
Val Lys Asn Thr Gly Arg Val Ala Gly Asp Ala Val Pro Gln Leu Tyr 770 775 780		

Val Ser Leu Gly Gly Pro Asn Glu Pro Lys Val Val Leu Arg Lys Phe
785 790 795 800

Asp Arg Leu Thr Leu Lys Pro Ser Glu Glu Thr Val Trp Thr Thr Thr
805 810 815

Leu Thr Arg Arg Asp Leu Ser Asn Trp Asp Val Ala Ala Gln Asp Trp
820 825 830

Val Ile Thr Ser Tyr Pro Lys Lys Val His Val Gly Ser Ser Ser Arg
835 840 845

Gln Leu Pro Leu His Ala Ala Leu Pro Lys Val Gln
850 855 860

- 5
<210> 125
<211> 3294
<212> ADN
<213> Aspergillus oryzae

<400> 125

atgggttccct ccccccctcc cccgtccgcc gttgtggccg cccgtccggt gttggccctt	60
gdcgtgatg gcaaggtccac ccgtactgg gactgctgca agccttcgtg cggctgggca	120
aagaaggctc ccgtgcaaca ggcgtctttt tccgtcaacg ccaacttcca gcttatcag	180
gacttcgacg ccaggtccgg ctgcgagccg ggcgggtgtg cctactcgtg cgcgcaccag	240
accccatggg ctgtgaaaga ccacttcgg ctgggttttg ctgccacctc tattgcccgc	300
agcaatgagg cgggtctgtg ctgggctgc tacgagctca ccttcacctc cggctcctgt	360
gctggcaaga agatggtcgt ccagtcacac agcactggcg gtgatcttgg cagcaaccac	420
ttcgatctca acatcccccg cggcggggtc ggcctcttcg accgatgcaa tcccagttc	480
ggtggtctgc ccggccagcg ctmcggcggc atctcgtccc gccacgagtg ccatcggttc	540
cccgacgccc tcaagccccg ctgctactgg cgttcgcact ggttcacaga cgcgcacac	600
ccgagcttca gcttcctca ggtccagtgc ccagccgagc tctcgtctcg caacggatgc	660
cgcgcacacg acgaaggcaa ctccctgccc gtccagatcc ccctggttc ctcctccctc	720
ctccgtccg ccgttgtggc cgcctgccc gttgtggccc ttgccaagga tgatctcgg	780
tactccctcc cttctaccc ttcccatgg gcagatggtc agggtgantg ggcggagta	840
tacaaacgg ctgtagacat agtttcccag atgacgttga cagagaaagt caacttaacg	900
actggaacag gatggcact agagaggtgt gttggacaaa ctggcagtgt tcccagactc	960
aacatcccca gcttgtgttt gcaggtatgt cctcttggtc ttctttctc ggaotacac	1020
tacgttttcc ctgcgggtgt taatgtcgt gccacctggg acagagcgt cgcctacctt	1080
cgtggtcagg caatgggtga ggaattcagt gataagggtc ttgacgttca gctgggtcct	1140

gctgctggcc	ctctcgggtgc	tcctccggat	ggcggtagaa	aotgggaagg	tttctcacc	1200
gatccagccc	tcaccgggtgt	actttttgcg	gagacgatta	aggggtattca	agatgctggt	1260
gtcattggca	cagctaaaga	ttatatcatg	aacgaacaa	agcattttccg	ccaaacaccc	1320
gaggctgggg	gttadggatt	caacgtaagc	gacagtttga	gttccaaagt	tgatgacaa	1380
actatgcacg	aattgtacot	ctggcccttc	gcgcatgcag	tacgogotgg	agtoggtgct	1440
gtcatgtgct	ottacaacca	aatcaacaac	agctacgggt	gcgagaatag	cgaaactctg	1500
aacaagcttt	tgaaggcgga	gcttgggttc	caaggcttcg	tcctgagtg	ttggaccgct	1560
atccacagcg	gctgagggcg	tgcttttagca	ggtctgggata	tgtogatgac	cggtgatgtt	1620
acottcgata	gtggtaagtc	tttctggggg	gcaaaccttg	cggtcgggtg	ccttaacggg	1680
acaatccccc	aatggcgtgt	tgatgacatg	gctgtccgta	tcctggccgc	ttattacaag	1740
gttggccgcg	acacccaata	caacccctccc	aaattcagct	cgtggacacg	ggacgaatat	1800
ggtttcgccc	ataaccatgt	ttcgggaagg	gcttacgaga	gggtccacga	attcgtggac	1860
gtgcaacgcg	atcatgcaga	cctaatacgt	cgcatcggcg	cgacagagac	tgtttctgtg	1920
aagaaacaagg	gtgccttgcc	cttgagccgc	aaggaaaagc	tggtcgcctc	tctgggagag	1980
gatggcgggt	ccaactcgtg	gggcgctaac	ggctgtgatg	accgtggttg	cgataacggg	2040
acccttgcca	tggcctgggg	tagcggtaac	gcgaatttcc	catacotcgt	gacacacag	2100
caggcgattc	agaacgaagt	tcttcagggc	cgtggtaatg	tcttcgcctg	gaccgacagt	2160
tggcgctcgc	acaagatcgc	tgccgctgac	cgccagggca	ggtatctctc	cgtgttctgc	2220
aaotccgact	caggagaagg	ctatcttagt	gtggatggaa	atgagggcga	tcgtaacca	2280
atcactctgt	ggaagaaagg	cgacaatgtg	gtcaagaccg	cagcgaataa	ctgtaacaa	2340
accgttctca	tcctccacac	cgtcgggaca	gttttgatcg	atgaatggtg	tgacacaccc	2400
aatgtcaact	gtattctctg	ggctggtctg	ccaggccagg	agtctggtta	ctccattgcc	2460
gatgtgctgt	acggctcgtg	caacccctgg	gcacagctct	cttccacttg	gggcaagacc	2520
cgggagtgct	atggttctcc	cttggctaac	gatgccaaca	atggcaacgg	agcgccccag	2580
tctgatttca	cccagggtgt	tttcatcgat	taccggcatt	tcgataagtt	caatgagacc	2640
cctatctacg	agtttggtca	cggcttgagc	tacaacacac	tcgagctctc	cgacctccat	2700
gttcagccccc	tgaacggctc	cggatataac	ccacacagtg	gcatgaatga	agctgcaaa	2760
aactttgggt	aaattggcga	tgctcggag	tacgtgtatc	cggaggggct	ggaaaggatc	2820
catgagttta	tctatccctg	gatcaactct	accgacctga	aggcatcgtc	tgacgattct	2880
aactacggct	gggaagactc	caagtatatt	cccgaaaggc	ccacggatgg	gtctgccacg	2940
cccggtttgc	cggctagtg	tgggtgcgga	ggaaaccccg	gtctgtacga	ggatcttttc	3000
cggctctctg	tgaaggctca	gaacacgggc	aatgtcggcg	gtgatgaagt	tcctcagctg	3060

tacgtttccc tagggggccc gaatgagccc aaggtggtaa tgggcaagtt tgaagctatt	3120
caettggccc attcgacagga ggccgtgtgg acanagaccc ttacccgtcg tgaecttga	3180
aactgggaag ttccggtcca ggactggacc gtaactcctt aocccagac gatctacgtt	3240
ggaaaactoct acggaaaact gccgctccag gcctcgtgca ctzaggccca gtaa	3294

<210> 126

<211> 1097

<212> PRT

<213> Aspergillus oryzae

<400> 126

5

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

195	200	205
Gln Cys Pro Ala Glu Leu Val 210	Ala Arg Thr Gly Cys Arg Arg Asn Asp 215	
Asp Gly Asn Phe Pro Ala Val 225	Gln Ile Pro Met Arg Ser Ser Pro Leu 230	235 240
Leu Arg Ser Ala Val Val Ala Ala Leu Pro Val Leu Ala Leu Ala Lys 245	250	255
Asp Asp Leu Ala Tyr Ser Pro Pro Phe Tyr Pro Ser Pro Trp Ala Asp 260	265	270
Gly Gln Gly Glu Trp Ala Glu Val Tyr Lys Arg Ala Val Asp Ile Val 275	280	285
Ser Gln Met Thr Leu Thr Glu Lys Val Asn Leu Thr Thr Gly Thr Gly 290	295	300
Trp Gln Leu Glu Arg Cys Val Gly Gln Thr Gly Ser Val Pro Arg Leu 305	310	315 320
Asn Ile Pro Ser Leu Cys Leu Gln Asp Ser Pro Leu Gly Ile Arg Phe 325	330	335
Ser Asp Tyr Asn Ser Ala Phe Pro Ala Gly Val Asn Val Ala Ala Thr 340	345	350
Trp Asp Lys Thr Leu Ala Tyr Leu Arg Gly Gln Ala Met Gly Glu Glu 355	360	365
Phe Ser Asp Lys Gly Ile Asp Val Gln Leu Gly Pro Ala Ala Gly Pro 370	375	380
Leu Gly Ala His Pro Asp Gly Gly Arg Asn Trp Glu Gly Phe Ser Pro 385	390	395 400
Asp Pro Ala Leu Thr Gly Val Leu Phe Ala Glu Thr Ile Lys Gly Ile 405	410	415
Gln Asp Ala Gly Val Ile Ala Thr Ala Lys His Tyr Ile Met Asn Glu 420	425	430
Gln Glu His Phe Arg Gln Gln Pro Glu Ala Ala Gly Tyr Gly Phe Asn 435	440	445
Val Ser Asp Ser Leu Ser Ser Asn Val Asp Asp Lys Thr Met His Glu 450	455	460

Leu Tyr Leu Trp Pro Phe Ala Asp Ala Val Arg Ala Gly Val Gly Ala
465 470 475 480

Val Met Cys Ser Tyr Asn Gln Ile Asn Asn Ser Tyr Gly Cys Glu Asn
485 490 495

Ser Glu Thr Leu Asn Lys Leu Leu Lys Ala Glu Leu Gly Phe Gln Gly
500 505 510

Phe Val Met Ser Asp Trp Thr Ala His His Ser Gly Val Gly Ala Ala
515 520 525

Leu Ala Gly Leu Asp Met Ser Met Pro Gly Asp Val Thr Phe Asp Ser
530 535 540

Gly Thr Ser Phe Trp Gly Ala Asn Leu Thr Val Gly Val Leu Asn Gly
545 550 555 560

Thr Ile Pro Gln Trp Arg Val Asp Asp Met Ala Val Arg Ile Met Ala
565 570 575

Ala Tyr Tyr Lys Val Gly Arg Asp Thr Lys Tyr Thr Pro Pro Asn Phe
580 585 590

Ser Ser Trp Thr Arg Asp Glu Tyr Gly Phe Ala His Asn His Val Ser
595 600 605

Glu Gly Ala Tyr Glu Arg Val Asn Glu Phe Val Asp Val Gln Arg Asp
610 615 620

His Ala Asp Leu Ile Arg Arg Ile Gly Ala Gln Ser Thr Val Leu Leu
625 630 635 640

Lys Asn Lys Gly Ala Leu Pro Leu Ser Arg Lys Glu Lys Leu Val Ala
645 650 655

Leu Leu Gly Glu Asp Ala Gly Ser Asn Ser Trp Gly Ala Asn Gly Cys
660 665 670

Asp Asp Arg Gly Cys Asp Asn Gly Thr Leu Ala Met Ala Trp Gly Ser
675 680 685

Gly Thr Ala Asn Phe Pro Tyr Leu Val Thr Pro Glu Gln Ala Ile Gln
690 695 700

Asn Glu Val Leu Gln Gly Arg Gly Asn Val Phe Ala Val Thr Asp Ser
705 710 715 720

Trp Ala Leu Asp Lys Ile Ala Ala Ala Ala Arg Gln Ala Ser Val Ser
 725 730 735
 Leu Val Phe Val Asn Ser Asp Ser Gly Glu Gly Tyr Leu Ser Val Asp
 740 745 750
 Gly Asn Glu Gly Asp Arg Asn Asn Ile Thr Leu Trp Lys Asn Gly Asp
 755 760 765
 Asn Val Val Lys Thr Ala Ala Asn Asn Cys Asn Asn Thr Val Val Ile
 770 775 780
 Ile His Ser Val Gly Pro Val Leu Ile Asp Glu Trp Tyr Asp His Pro
 785 790 795 800
 Asn Val Thr Gly Ile Leu Trp Ala Gly Leu Pro Gly Gln Glu Ser Gly
 805 810 815
 Asn Ser Ile Ala Asp Val Leu Tyr Gly Arg Val Asn Pro Gly Ala Lys
 820 825 830
 Ser Pro Phe Thr Trp Gly Lys Thr Arg Glu Ser Tyr Gly Ser Pro Leu
 835 840 845
 Val Lys Asp Ala Asn Asn Gly Asn Gly Ala Pro Gln Ser Asp Phe Thr
 850 855 860
 Gln Gly Val Phe Ile Asp Tyr Arg His Phe Asp Lys Phe Asn Glu Thr
 865 870 875 880
 Pro Ile Tyr Glu Phe Gly Tyr Gly Leu Ser Tyr Thr Thr Phe Glu Leu
 885 890 895
 Ser Asp Leu His Val Gln Pro Leu Asn Ala Ser Arg Tyr Thr Pro Thr
 900 905 910
 Ser Gly Met Thr Glu Ala Ala Lys Asn Phe Gly Glu Ile Gly Asp Ala
 915 920 925
 Ser Glu Tyr Val Tyr Pro Glu Gly Leu Glu Arg Ile His Glu Phe Ile
 930 935 940
 Tyr Pro Trp Ile Asn Ser Thr Asp Leu Lys Ala Ser Ser Asp Asp Ser
 945 950 955 960
 Asn Tyr Gly Trp Glu Asp Ser Lys Tyr Ile Pro Glu Gly Ala Thr Asp
 965 970 975

Gly Ser Ala Gln Pro Arg Leu Pro Ala Ser Gly Gly Ala Gly Gly Asn
980 985 990

Pro Gly Leu Tyr Glu Asp Leu Phe Arg Val Ser Val Lys Val Lys Asn
995 1000 1005

Thr Gly Asn Val Ala Gly Asp Glu Val Pro Gln Leu Tyr Val Ser
1010 1015 1020

Leu Gly Gly Pro Asn Glu Pro Lys Val Val Leu Arg Lys Phe Glu
1025 1030 1035

Arg Ile His Leu Ala Pro Ser Gln Glu Ala Val Trp Thr Thr Thr
1040 1045 1050

Leu Thr Arg Arg Asp Leu Ala Asn Trp Asp Val Ser Ala Gln Asp
1055 1060 1065

Trp Thr Val Thr Pro Tyr Pro Lys Thr Ile Tyr Val Gly Asn Ser
1070 1075 1080

Ser Arg Lys Leu Pro Leu Gln Ala Ser Leu Pro Lys Ala Gln
1085 1090 1095

<210> 127

<211> 3294

<212> ADN

<213> Aspergillus oryzae

<400> 127

5

atgagttteet ccccoctcct ccgctccgce gttgtggceg cctgcegggt gttggcctt	60
gcccgtgatg gcaggteccac ccgctactgg gaotgotgoa agoottcgtg. cggctgggce	120
aagaaggctc ccgtgaaaca gctgtctttt tcttgcaacg caacttcca ggtatcacg	180
gacttcgacg caagtccegg ctgcgagcgg ggagggtgtog cctactcgtg cgcgacacg	240
accccatggg ctgtgaaaga cgaattcggg ctgggttttg ctgccacctc tattgcggc	300
agcaatgagg cgggctggtg ctgggcctga taogagctoa cctcacatc cggtcctgtt	360
gctggcaaga agatggtcgt ccagtcacac agcactggcg gtgatcttgg cagcaacac	420
ttcgatctca acatccccgg cggcggcgct ggcatcttcg acggatgca tccccagttc	480
ggtggctotgc ccggccagcg ctacggcggc atctcgtccc gcaacgagtg cgatcggttc	540
cccgacgccc tcaagcccgg ctgctantgg cgttcgact ggttcagaa cgcgcacat	600
ccgagcttc gcttcgctc ggtccagtgc ccagccgagc tggtcgctcg caccggatgc	660
cgcgcgaacg acgacggcaa ctccctgac gtccagatcc caatgggttc ctcccccctc	720
ctccgctccg ccgttggtgc cgcctgacg gtgttgagcc ttgccaagga tgatctcgg	780
taotccccct cttctaccc ttcccatgg gcagatggtc aggggtgaatg ggccgaagta	840

tacaaacggc	ctgtagacat	agtttcccag	atgacgttga	cagagaaagt	caacttaacg	900
actggaacag	gatggcaact	agagaggtgt	gttggacaaa	ctggcagtg	tcccagactc	960
aacatcccca	gcttgtgttt	gcaggatagt	cctcttggta	ttcgtttctc	ggactacmat	1020
tcagctttcc	ctgcccgtgt	taatgtogot	gccacctggg	acaagaagct	cgactacott	1080
cgtggtcagg	caatgggtga	ggagttcagt	gataagggtg	ttgacgttca	gctgggtcct	1140
gctgctggcc	ctctcggtgc	tcctccggat	ggcggtagaa	actgggaaag	tttctcccca	1200
gatccagccc	tcacccgtgt	actttttggg	gagacgatta	agggatttca	agatgctggt	1260
gtcattgoga	cagctaagca	ttatatcatg	aacgacaaag	agcatttccg	ccaaacaacc	1320
gaggtctggg	gttaaggatt	caacgtaagc	gacagtttga	gttccaaagt	tgatgacaag	1380
actatgcatg	aattgtacct	ctggcccttc	ggcgatgcag	tacgcgctgg	agtcggtgct	1440
gttatgtgct	cttaccacca	catcaccaac	agctacgggt	gagagaatag	cgaactcttg	1500
aaacagcttt	tgaaggcggg	gcttgggttc	caaggcttcc	tcctgagtga	ttggacccgt	1560
caacacagcg	gagtagggcg	tgcttttaga	ggtctggata	tgtogatgoc	cggtgatgtt	1620
acccttcgata	gtggtaagtc	tttctggggg	gcaaacctga	cggtcgggtg	ccttaacggg	1680
acaatccccc	aattggcgtgt	tgatgacatg	gctgtccgta	tcctggccgc	ttattacaag	1740
gttggccggc	acaccaaata	caacccctcc	aacttcagct	cgtggaccag	ggacgaatat	1800
ggtttcgcgc	ataaccatgt	ttcggaagg	gcttaacaga	gggtcaacga	attogtgga	1860
gtgcaacggc	atcatgocga	cctaaccgt	cgcctcggcg	cgcagagcac	tgttctgctg	1920
aagaacaaag	gtgccttgcc	cttgagccgc	aaggaaagc	tggtcgcctc	tctgggagag	1980
gatgcgggtt	ccactcgttg	gggcgctaac	ggctgtgatg	accgtggttg	cgataacggg	2040
acccttgcca	tggcctgggg	tagcgtact	gcgaatttcc	catacctcgt	gacaccagag	2100
caggcagatc	agaacgaagt	tottcagggc	cgtggtaatg	tcttcgcctg	gaccgacagt	2160
tgggcgctcg	caagatcgc	tgccgctgcc	cgcacggcca	gcttatctct	cgtgttcgtc	2220
actccgact	caggagaagg	ctatcttagt	gtggatggaa	atgagggcga	tcgtaacaa	2280
atcactctgt	ggaggaacgg	cgacaaatgt	gtcaagaccg	cagcgaataa	ctgtaacaa	2340
acgcttgcca	tcctccactc	cgtcggacca	gttttgatcg	atgmatggta	tgaccacccc	2400
aatgtcactg	gtattctctg	ggctggctcg	ccaggccagg	agtctggtaa	ctccattgce	2460
gatgtgctgt	acggtcgtgt	caacccctgg	gccaaagtct	ctttcacttg	gggcaagacc	2520
cgggagtcgt	atggttctcc	cttggctcaag	gatgccacca	atggcaacgg	agcggccccc	2580
tctgatttca	cccagggtgt	tttcatcgat	tacggccatt	togataagtt	caatgagacc	2640
cctatctaac	agtctggcta	cggcttgaga	tacacccact	togagctctc	cgacctccat	2700
gttcagcccc	tgaacggctc	cagatacaat	cccaccagtg	gcatgactga	agctgcacag	2760

aactttggtg aaattggcga tgcgtcggag tacgtgtatc cggaggggct ggaaaggatc	2820
catgagttta tctatccctg gatcaactct acgacctga aggcctcgtc tgaagattct	2880
aactacggct gggaaagactc caagtatatc ccgaaaggcg ccacgggatgg gtctgcccag	2940
cccggtttgc ccgctagtgg tgggtgcggg ggaaaccccg gtctgtacga ggatcttttc	3000
cgcgtctctg tgaaggctca gacacgggc aatgtcgccg gtgatgaagt tctcagctg	3060
tacgtttccc taggcggccc gantgagccc aaggtggtae tgcgcagtt tgagcgtatt	3120
cacttgggcc cttcggcagg ggcgtgtgg acaacgaccc ttcccgctcg tgaccttgca	3180
aactgggacg ttccggctca ggactggacc gtoactcctt accccagac gatctacgtt	3240
ggaaactcct caaggaaat gccgctccag gctcgtctgc ctaggccca gtaa	3294

<210> 128

<211> 1097

5 <212> PRT

<213> Aspergillus oryzae

<400> 128

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

Gly Gly Leu Pro Gly Gln Arg Tyr Gly Gly Ile Ser Ser Arg Asn Glu
 165 170 175

Cys Asp Arg Phe Pro Asp Ala Leu Lys Pro Gly Cys Tyr Trp Arg Phe
 180 185 190

Asp Trp Phe Lys Asn Ala Asp Asn Pro Ser Phe Ser Phe Arg Gln Val
 195 200 205

Gln Cys Pro Ala Glu Leu Val Ala Arg Thr Gly Cys Arg Arg Asn Asp
 210 215 220

Asp Gly Asn Phe Pro Ala Val Gln Ile Pro Met Arg Ser Ser Pro Leu
 225 230 235 240

Leu Arg Ser Ala Val Val Ala Ala Leu Pro Val Leu Ala Leu Ala Lys
 245 250 255

Asp Asp Leu Ala Tyr Ser Pro Pro Phe Tyr Pro Ser Pro Trp Ala Asp
 260 265 270

Gly Gln Gly Glu Trp Ala Glu Val Tyr Lys Arg Ala Val Asp Ile Val
 275 280 285

Ser Gln Met Thr Leu Thr Glu Lys Val Asn Leu Thr Thr Gly Thr Gly
 290 295 300

Trp Gln Leu Glu Arg Cys Val Gly Gln Thr Gly Ser Val Pro Arg Leu
 305 310 315 320

Asn Ile Pro Ser Leu Cys Leu Gln Asp Ser Pro Leu Gly Ile Arg Phe
 325 330 335

Ser Asp Tyr Asn Ser Ala Phe Pro Ala Gly Val Asn Val Ala Ala Thr
 340 345 350

Trp Asp Lys Thr Leu Ala Tyr Leu Arg Gly Gln Ala Met Gly Glu Glu
 355 360 365

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

Leu Gly Ala His Pro Asp Gly Gly Arg Asn Trp Glu Ser Phe Ser Pro
 385 390 395 400

Asp Pro Ala Leu Thr Gly Val Leu Phe Ala Glu Thr Ile Lys Gly Ile
 405 410 415

Gln Asp Ala Gly Val Ile Ala Thr Ala Lys His Tyr Ile Met Asn Glu
420 425 430

Gln Glu His Phe Arg Gln Gln Pro Glu Ala Ala Gly Tyr Gly Phe Asn
435 440 445

Val Ser Asp Ser Leu Ser Ser Asn Val Asp Asp Lys Thr Met His Glu
450 455 460

Leu Tyr Leu Trp Pro Phe Ala Asp Ala Val Arg Ala Gly Val Gly Ala
465 470 475 480

Val Met Cys Ser Tyr Asn Gln Ile Asn Asn Ser Tyr Gly Cys Glu Asn
485 490 495

Ser Glu Thr Leu Asn Lys Leu Leu Lys Ala Glu Leu Gly Phe Gln Gly
500 505 510

Phe Val Met Ser Asp Trp Thr Ala Gln His Ser Gly Val Gly Ala Ala
515 520 525

Leu Ala Gly Leu Asp Met Ser Met Pro Gly Asp Val Thr Phe Asp Ser
530 535 540

Gly Thr Ser Phe Trp Gly Ala Asn Leu Thr Val Gly Val Leu Asn Gly
545 550 555 560

Thr Ile Pro Gln Trp Arg Val Asp Asp Met Ala Val Arg Ile Met Ala
565 570 575

Ala Tyr Tyr Lys Val Gly Arg Asp Thr Lys Tyr Thr Pro Pro Asn Phe
580 585 590

Ser Ser Trp Thr Arg Asp Glu Tyr Gly Phe Ala His Asn His Val Ser
595 600 605

Glu Gly Ala Tyr Glu Arg Val Asn Glu Phe Val Asp Val Gln Arg Asp
610 615 620

His Ala Asp Leu Ile Arg Arg Ile Gly Ala Gln Ser Thr Val Leu Leu
625 630 635 640

Lys Asn Lys Gly Ala Leu Pro Leu Ser Arg Lys Glu Lys Leu Val Ala
645 650 655

Leu Leu Gly Glu Asp Ala Gly Ser Asn Ser Trp Gly Ala Asn Gly Cys
660 665 670

Asp Asp Arg Gly Cys Asp Asn Gly Thr Leu Ala Met Ala Trp Gly Ser

675	680	685
Gly Thr Ala Asn Phe Pro Tyr Leu Val Thr Pro Glu Gln Ala Ile Gln 690 695 700		
Asn Glu Val Leu Gln Gly Arg Gly Asn Val Phe Ala Val Thr Asp Ser 705 710 715 720		
Trp Ala Leu Asp Lys Ile Ala Ala Ala Arg Gln Ala Ser Val Ser 725 730 735		
Leu Val Phe Val Asn Ser Asp Ser Gly Glu Gly Tyr Leu Ser Val Asp 740 745 750		
Gly Asn Glu Gly Asp Arg Asn Asn Ile Thr Leu Trp Lys Asn Gly Asp 755 760 765		
Asn Val Val Lys Thr Ala Ala Asn Asn Cys Asn Asn Thr Val Val Ile 770 775 780		
Ile His Ser Val Gly Pro Val Leu Ile Asp Glu Trp Tyr Asp His Pro 785 790 795 800		
Asn Val Thr Gly Ile Leu Trp Ala Gly Leu Pro Gly Gln Glu Ser Gly 805 810 815		
Asn Ser Ile Ala Asp Val Leu Tyr Gly Arg Val Asn Pro Gly Ala Lys 820 825 830		
Ser Pro Phe Thr Trp Gly Lys Thr Arg Glu Ser Tyr Gly Ser Pro Leu 835 840 845		
Val Lys Asp Ala Asn Asn Gly Asn Gly Ala Pro Gln Ser Asp Phe Thr 850 855 860		
Gln Gly Val Phe Ile Asp Tyr Arg His Phe Asp Lys Phe Asn Glu Thr 865 870 875 880		
Pro Ile Tyr Glu Phe Gly Tyr Gly Leu Ser Tyr Thr Thr Phe Glu Leu 885 890 895		
Ser Asp Leu His Val Gln Pro Leu Asn Ala Ser Arg Tyr Thr Pro Thr 900 905 910		
Ser Gly Met Thr Glu Ala Ala Lys Asn Phe Gly Glu Ile Gly Asp Ala 915 920 925		
Ser Glu Tyr Val Tyr Pro Glu Gly Leu Glu Arg Ile His Glu Phe Ile 930 935 940		

Tyr Pro Trp Ile Asn Ser Thr Asp Leu Lys Ala Ser Ser Asp Asp Ser
945 950 955 960

Asn Tyr Gly Trp Glu Asp Ser Lys Tyr Ile Pro Glu Gly Ala Thr Asp
965 970 975

Gly Ser Ala Gln Pro Arg Leu Pro Ala Ser Gly Gly Ala Gly Gly Asn
980 985 990

Pro Gly Leu Tyr Glu Asp Leu Phe Arg Val Ser Val Lys Val Lys Asn
995 1000 1005

Thr Gly Asn Val Ala Gly Asp Glu Val Pro Gln Leu Tyr Val Ser
1010 1015 1020

Leu Gly Gly Pro Asn Glu Pro Lys Val Val Leu Arg Lys Phe Glu
1025 1030 1035

Arg Ile His Leu Ala Pro Ser Gln Glu Ala Val Trp Thr Thr Thr
1040 1045 1050

Leu Thr Arg Arg Asp Leu Ala Asn Trp Asp Val Ser Ala Gln Asp
1055 1060 1065

Trp Thr Val Thr Pro Tyr Pro Lys Thr Ile Tyr Val Gly Asn Ser
1070 1075 1080

Ser Arg Lys Leu Pro Leu Gln Ala Ser Leu Pro Lys Ala Gln
1085 1090 1095

<210> 129

<211> 1415

<212> ADN

<213> Aspergillus fumigatus

<400> 129

atgggtccatc tatcttcatt ggcagcagcc ctggctgctc tgcctctgta tgtttaacca 60
ctcaagagag gaggaacagc tttgacattg ctatagtgtc tatggagctg gootgaacac 120
agcagccaaa gccaaaggac taaagtactt tggttccgcc accgacaato cagagctcac 180
ggaotctgag tatgtogcgc aactgagcaa caccgatgat tttggtdaaa tcaaacccgg 240
aaactccatg aaggtttgct taogtctgcc tccctggagc attgcttoa aagotaattg 300
gttgttttgt ttggatagtg ggatgccaac gagccttctc agaatctctt ttogttcgca 360
aatggagacg ccgtggtdca tctggcgaac aagaatggcc agctgatgog atgcaact 420
ctggtctggc acagtcaget accgaactgg ggtatgtaaa ogtottgtct attctcaat 480
actctctaac agttgacagt ctctagcggg tcatggacca atggagccct tttggcggcc 540
atgaagaatc atctcaccac tgtggttact cactacaagg ggaagtgtca cgcctgggat 600
gttgtcaatg aaggtttgtt gctccatcta tctcaatag ttcttttgaa actgacaagc 660
ctgtcaatct agoodtgaac gaggaggtta otctocgtaa ctotgtotto taocagatoa 720
tcggccacgc atacattctt attgcttctg caacgggtgc tgcgcagat ccgacgtga 780
aactctacta caaagactac aacattgaat actcaggcgc caaagcgaat gctgcgcaga 840
atctcgtcaa gatgatoaag gctadggog ogaagatoga oggogtoggc otocaggcac 900
actttatcgt cggdaggact ccgagtoaat cggatctgac gacogtcttg aagggctaca 960
ctgctctcgg cgttgaggtg gctataaccg aacttgacat ccgcatgcag ctgccctcga 1020
ccgcgcacaa gctggccacg cagtccactg acttccaaag cgtggccgca gcatgcgtta 1080
gcaccactgg ctgctggtt gtcaactctt gggactggao agacaagtao tctgggtcc 1140
ccagcgtgtt caaaggctao ggogccccat tgccttggga tgagaactat gtgaagaagc 1200
cagcgtacga tggcctgatg ggggtctctg gagcaagcgg ctccggcacc acacagacca 1260
ctactactac ttctactacg acaggaggtc cggaccctac tggagtcgct cagaactggg 1320
gacagtgtgg cggctattggc tggaccgggc caacaaactt tgtcagtggt accacttgc 1380
aaaagctgaa tgactggtac tcacagtgc tgtaa 1415

- 5
<210> 130
<211> 397
<212> PRT
<213> *Aspergillus fumigatus*
<400> 130

Met	Val	His	Leu	Ser	Ser	Leu	Ala	Ala	Ala	Leu	Ala	Ala	Leu	Pro	Leu	
1				5					10					15		
Val	Tyr	Gly	Ala	Gly	Leu	Asn	Thr	Ala	Ala	Lys	Ala	Lys	Gly	Leu	Lys	
		20						25					30			
Tyr	Phe	Gly	Ser	Ala	Thr	Asp	Asn	Pro	Glu	Leu	Thr	Asp	Ser	Ala	Tyr	
		35					40					45				
Val	Ala	Gln	Leu	Ser	Asn	Thr	Asp	Asp	Phe	Gly	Gln	Ile	Thr	Pro	Gly	
	50					55					60					
Asn	Ser	Met	Lys	Trp	Asp	Ala	Thr	Glu	Pro	Ser	Gln	Asn	Ser	Phe	Ser	
65					70					75					80	
Phe	Ala	Asn	Gly	Asp	Ala	Val	Val	Asn	Leu	Ala	Asn	Lys	Asn	Gly	Gln	
			85						90					95		
Leu	Met	Arg	Cys	His	Thr	Leu	Val	Trp	His	Ser	Gln	Leu	Pro	Asn	Trp	
			100					105						110		

Val Ser Ser Gly Ser Trp Thr Asn Ala Thr Leu Leu Ala Ala Met Lys
 115 120 125

Asn His Ile Thr Asn Val Val Thr His Tyr Lys Gly Lys Cys Tyr Ala
 130 135 140

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

Ser Val Phe Tyr Gln Ile Ile Gly Pro Ala Tyr Ile Pro Ile Ala Phe
 165 170 175

Ala Thr Ala Ala Ala Ala Asp Pro Asp Val Lys Leu Tyr Tyr Asn Asp
 180 185 190

Tyr Asn Ile Glu Tyr Ser Gly Ala Lys Ala Thr Ala Ala Gln Asn Ile
 195 200 205

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

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

Thr Val Leu Lys Gly Tyr Thr Ala Leu Gly Val Glu Val Ala Tyr Thr
 245 250 255

Glu Leu Asp Ile Arg Met Gln Leu Pro Ser Thr Ala Ala Lys Leu Ala
 260 265 270

Gln Gln Ser Thr Asp Phe Gln Gly Val Ala Ala Ala Cys Val Ser Thr
 275 280 285

Thr Gly Cys Val Gly Val Thr Ile Trp Asp Trp Thr Asp Lys Tyr Ser
 290 295 300

Trp Val Pro Ser Val Phe Gln Gly Tyr Gly Ala Pro Leu Pro Trp Asp
 305 310 315 320

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

Gly Ala Ser Gly Ser Gly Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr Ser Thr
 340 345 350

Thr Thr Gly Gly Thr Asp Pro Thr Gly Val Ala Gln Lys Trp Gly Gln
 355 360 365

Cys Gly Gly Ile Gly Trp Thr Gly Pro Thr Thr Cys Val Ser Gly Thr
370 375 380

Thr Cys Gln Lys Leu Asn Asp Trp Tyr Ser Gln Cys Leu
385 390 395

5

<210> 131
<211> 2564
<212> ADN
<213> Trichoderma reesei

<400> 131

ggacagccgg accaatggt gaataacgca gctcttctcg ccgcctgtc ggtctctctg	60
cccacggccc tggcgagaa caatcaaca taqccaaact actctgtca gggccagcct	120
gactcttacc cagagacaot tgcaagoto aaactctgt tcccgactg cgaacatggc	180
ccctcaaga acaatctctg ctgtgactca tgggcggct atgtagagcg agcccaaggc	240
ctcatctcgc tcttcaccc cagggagctc attctcaaca cgcacaaactc gggcccggc	300
gtgcctcgcc tgggtcttc gaactacca gtctggatg aggtctgtca cggcttgagc	360
cggcacaact tggccacaa gggggggcag ttgaatggg agacctgtt ccccatgcc	420
atctcacta cggcgccct caaccgcaca ttgatccacc agattggcg catcatctcg	480
acccaagctc gagcattcag caacagcggc cgttacggtc tcgacgtcta tgcgccaac	540
gtcaatggt tccgaagccc cctctggggc cgtggccagg agacggccgg cgaagacgc	600
ttttctca gctccgcta tacttacag taatcacgg gcattcaggg tgggtcgao	660
cctgagcacc tcaagggtg ccgccgggtg aagcactttg ccggtacga cctcgagaa	720
tgaacaacc agtcccgct cggtttcgac gccatcataa ctcagcagga cctctccga	780
tactacactc ccagttct cgtcgccgc cgttatgca agtcacgcag cttgatgtgc	840
gcatacaact ccgtcaagg cgtgcccgc tgtgccaca gcttcttct gcagacgctt	900
ttgcgcgaga gctggggctt ccccgaaatg ggatacgtt cgtccgattg ccatgccctc	960
tadaacgttt tcaaccctca tgactacgc agcaaccagt cgtcagccgc cgcagotca	1020
ctggagagcg gcaccgatat cgaactcgg cagacttacc cgtggcact caacgagtc	1080
tttgtggcg ggaagtoto ccgcgcgag atcgagcgt ccgtcaaccg tctgtacgc	1140
aacctcgtcc gtctcggata cttcgacaag aagaaccagt accgctcgt cggttggaag	1200
gatgtctca agactgatgc ctggaacatc tcgtacgag ctgctgttga gggcatctc	1260
ctgctcaaga acgatggac tctccctctg tccagaagg tgcgcagcat tctctgac	1320
ggacatggg ccaatggcac aacccaaatg caaggcaact actatggcc tgcacatac	1380
ctcatcagcc ctctggaagc tgctaggag gccggctatc acgtcaact tgaactcggc	1440
acagagatcg ccggcaacag caccactggc ttgtccaagg ccattgctgc cgcgaagaag	1500

tcggatgcca tcatctacct cggtagaatt gacaacacca ttgaacagga gggcgcctgac	1560
cgcaacggaca ttgottggcc cggtaatoag ctggatctca tcaagcagct cagcagggtc	1620
ggcaaacccc ttgtcgtcct gcaaatgggc ggtggteagg tagactcact otcgctoaag	1680
agcaacaaga aggtcaactc cctcgtctgg ggcggatata cgggocagtc gggagggcgtt	1740
gcacctcttcg acattctctc tggcaagcgt gctcctgccg gcgaactcgt caccoactcag	1800
tacccggctg agtatgttca ccaattcccc cagaatgaca tgaacctccg acccgatgga	1860
agtcacaacc ctggacagac ttacatctgg taacacggca aaccgctcta cgaqtttgcc	1920
agtggtctct tctacacacc cttaaggag actctcgcca gcaaccccaa gagoctoaag	1980
ttcaaacact catcgatcct ctctgctcct caccacggat acacttacag cgaqcmagtt	2040
cccgctctca ccttcgaggg caacatcaag aactcgggca agacggagtc cccatataag	2100
gccatgctgt ttgttcgcac agdaacgct ggcddagccc cgtacccgaa caagtggctc	2160
gtcggattcg adgaottgc cgacatcaag cctggctcact ctcccaagct cagcatcccc	2220
atccctgtca gtgctctcgc ccgtgttgat tctcacggaa accggattgt ataaccggc	2280
aagtatgagc tagccttgaa ccccgacgag totgtgaagc ttgagtttga gttggtggga	2340
gaagaggtaa cgattgagaa ctggcggctg gaggagcaac agatcaagga tgcacacct	2400
gacgcataag ggttttaatg atgttgttat gacaaacggg tagagtagtt catgatgga	2460
taggaagagg ccatagtttt ctgtttgcaa accatttttg ccattgcgaa aaaaaaaaaa	2520
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa	2564

<210> 132

<211> 780

<212> PRT

<213> Trichoderma reesei

<400> 132

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

Thr Ala Leu Ala Gln Asn Asn Gln Thr Tyr Ala Asn Tyr Ser Ala Gln
20 25 30

Gly Gln Pro Asp Leu Tyr Pro Glu Thr Leu Ala Thr Leu Thr Leu Ser
35 40 45

Phe Pro Asp Cys Glu His Gly Pro Leu Lys Asn Asn Leu Val Cys Asp
50 55 60

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

Thr Leu Glu Glu Leu Ile Leu Asn Thr Gln Asn Ser Gly Pro Gly Val

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

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

Met Asn Leu Arg Pro Asp Gly Lys Ser Asn Pro Gly Gln Thr Tyr Ile
610 615 620

Trp Tyr Thr Gly Lys Pro Val Tyr Glu Phe Gly Ser Gly Leu Phe Tyr
625 630 635 640

Thr Thr Phe Lys Glu Thr Leu Ala Ser His Pro Lys Ser Leu Lys Phe
645 650 655

Asn Thr Ser Ser Ile Leu Ser Ala Pro His Pro Gly Tyr Thr Tyr Ser
660 665 670

Glu Gln Ile Pro Val Phe Thr Phe Glu Ala Asn Ile Lys Asn Ser Gly
675 680 685

Lys Thr Glu Ser Pro Tyr Thr Ala Met Leu Phe Val Arg Thr Ser Asn
690 695 700

Ala Gly Pro Ala Pro Tyr Pro Asn Lys Trp Leu Val Gly Phe Asp Arg
705 710 715 720

Leu Ala Asp Ile Lys Pro Gly His Ser Ser Lys Leu Ser Ile Pro Ile
725 730 735

Pro Val Ser Ala Leu Ala Arg Val Asp Ser His Gly Asn Arg Ile Val
740 745 750

Tyr Pro Gly Lys Tyr Glu Leu Ala Leu Asn Thr Asp Glu Ser Val Lys
755 760 765

Leu Glu Phe Glu Leu Val Gly Glu Glu Val Thr Ile
770 775 780

<210> 133

<211> 1035

<212> ADN

<213> Aspergillus aculeatus

<400> 133

```

atgaagtata ttotototgt tattgcagtt gctgccggcc tggcacgtcc ggctactgcc      60
caatacatct tcagcaagct cgtgctgaac ggagaggcat ctgccgactg gcaatacatc      120
cgcgagaata otogcagcat agtctatgag ccgaccaaagt acacctctac ctccgataac      180
ctaacacccca gcgatagcga cttccgctgt aatctcggtt ccttcagcaa tgctgcgaag      240
accgaggctc ctgagggttc gccaggcgat accatcgcaa tgaagctatt ctacgacacc      300
agtattgccc atcctggccc gggacaaagt tatatgtcaa aggcacccga cggcaatgtt      360
caggcaatacc aaggagacgg ggattggttc aaaatctggg aaagacccct ttgcacacg      420
gatggtgatc tgactacaga ggctggtgc aotggggca tgcacagtt tgaatttcaa      480
atcccgctc ogaccccgcc aggagagtao otagtgcggc ccgagcatat aggcctgcac      540
ggcgctcaag cgaacgaggg cgaattcttc tacagctgtg ccgagatcam ggttacaggg      600
tggggaatc gatctccag tctcacgtat caattcctg gtctctatac ccacactatg      660
accctgttcc atgcoctcaa tctttggact gattcagccg agaaggtgca gctggatttc      720
ctggagacgc caattgggga cgaagtgtgg agcggagcag gctcggggag cccatctgct      780
gcccacdtct ogacacgggg tgcaactctt gcagctcagg gtacaaqtac ctctgcggcg      840
catgctcagg cccagaccao cattaccacc agcaccagca ccatcacgtc tctcgatca      900
gocagctcaa ccgatctcgt tgcgcagtat ggtcagtgcg gaggccttaa ctggtcoggt      960
ccaaaccgagt gtgagacacc ttatacctgt gtgcagcaga acccttacta ccatcaatgc      1020
gtgaattcgt gctga                                     ,      1035

```

- 5
- <210> 134
 - <211> 344
 - <212> PRT
 - <213> *Aspergillus aculeatus*
 - <400> 134

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

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

<210> 135

<211> 1170

<212> ADN

<213> Aspergillus aculeatus

<400> 135


```

atgaugteet ctacttttegg tatgtotogot otggcagoag oagocaaat ggtogatgoc 60
oaoaoaoocg tottoggogt otggatcaac ggcgaggacc agggctctggg caacagtggc 120
agtggctaca tccggtctcc ccccaagcaac agcccccgtca aggacgtgac ctccgaccgac 180
atcacctgca acgtcaacgg cgaccaggcg gcggctaaag cctctctcgt caaggggcggc 240
gacgtcgtca ccttcgagtg gcaccacgac agcggggaog ootccgacga catcatcgcc 300
tcctcccaaa agggccccgt oatggtctad atggcccccga ccaccgcccg cagcagcgcc 360
aagaactggg tcaagatcgc cgaggacgga taotccgacg gcacctgggc cgtcgacacc 420
ctgatagooa acagcggcaa gcacaacatc accgtccccc aggtcccccg cggcgactac 480
ctcttcggcc cggagatcat cgcctccaac gaggccggaga acgagggcgg cgcccagttc 540
tacatggagt gtgtccagtt caaggtcaac tccgaagggtg oaaacactot gcccgacggc 600
gtoagcctgc cgggcgccta ctccgccact gaccccggtc tctctctcaa catgtacggc 660
tccttcgaca gctatcccat cccgggtccc tccgtctggg atggcactag ctctggctct 720
tcctctctct cctctctctc ctcttcacgc tcttcgcgcg ccgctgacgt tgttgccacc 780
tcctctctct ctctctctgc ttccatcgag gcggtgacca ccaagggtgc cgtcgccgcc 840
gtctccaccg ccgcgcgcgt ggctctctac accaodaocg ctgccccac cacttcgcc 900
acggccgtcg cctccacca gaaggccact gctgcccga acaagacca gtctctctcc 960
gctgccaaca ccgcgcgcgc agtggccgag acaacactct ccaccgctgc cggcaccgct 1020
gctgcttct ctgctctctc agctccggc aocgocggca agtacgagcg ctgcggtggc 1080
oagggtgga ccggtgcacc cactgcgtt gatggctgga dotgaaagca gtggaacct 1140
tactactacc agtgcggtga gtctgactag 1170

```

- 5
- <210> 136
 - <211> 389
 - <212> PRT
 - <213> *Aspergillus aculeatus*
 - <400> 136

Met Lys Ser Ser Thr Phe Gly Met Leu Ala Leu Ala Ala Ala Ala Lys
1 5 10 15

Met Val Asp Ala His Thr Thr Val Phe Ala Val Trp Ile Asn Gly Glu
20 25 30

Asp Gln Gly Leu Gly Asn Ser Ala Ser Gly Tyr Ile Arg Ser Pro Pro
35 40 45

Ser Asn Ser Pro Val Lys Asp Val Thr Ser Thr Asp Ile Thr Cys Asn
50 55 60

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

Asp Val Val Thr Phe Glu Trp His His Asp Ser Arg Asp Ala Ser Asp
85 90 95

Asp Ile Ile Ala Ser Ser His Lys Gly Pro Val Met Val Tyr Met Ala
 100 105 110

Pro Thr Thr Ala Gly Ser Ser Gly Lys Asn Trp Val Lys Ile Ala Glu
 115 120 125

Asp Gly Tyr Ser Asp Gly Thr Trp Ala Val Asp Thr Leu Ile Ala Asn
 130 135 140

Ser Gly Lys His Asn Ile Thr Val Pro Asp Val Pro Ala Gly Asp Tyr
 145 150 155 160

Leu Phe Arg Pro Glu Ile Ile Ala Leu His Glu Ala Glu Asn Glu Gly
 165 170 175

Gly Ala Gln Phe Tyr Met Glu Cys Val Gln Phe Lys Val Thr Ser Asp
 180 185 190

Gly Ala Asn Thr Leu Pro Asp Gly Val Ser Leu Pro Gly Ala Tyr Ser
 195 200 205

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

Tyr Pro Ile Pro Gly Pro Ser Val Trp Asp Gly Thr Ser Ser Gly Ser
 225 230 235 240

Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ala Ala Ala Ala
 245 250 255

Val Val Ala Thr Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ala Ser Ile Glu Ala Val
 260 265 270

Thr Thr Lys Gly Ala Val Ala Ala Val Ser Thr Ala Ala Ala Val Ala
 275 280 285

Pro Thr Thr Thr Thr Ala Ala Pro Thr Thr Phe Ala Thr Ala Val Ala
 290 295 300

Ser Thr Lys Lys Ala Thr Ala Cys Arg Asn Lys Thr Lys Ser Ser Ser
 305 310 315 320

Ala Ala Thr Thr Ala Ala Ala Val Ala Glu Thr Thr Ser Ser Thr Ala
 325 330 335

Ala Ala Thr Ala Ala Ala Ser Ser Ala Ser Ser Ala Ser Gly Thr Ala
 340 345 350

Gly Lys Tyr Glu Arg Cys Gly Gly Gln Gly Trp Thr Gly Ala Thr Thr
355 360 365

Cys Val Asp Gly Trp Thr Cys Lys Gln Trp Asn Pro Tyr Tyr Tyr Gln
370 375 380

Cys Val Glu Ser Ala
385

<210> 137

<211> 1221

<212> ADN

<213> Aspergillus aculeatus

<400> 137

atgcgtcagg ctcagtcttt gtccctcttg acagctcttc tgtctgcac gccgtgtggt	60
ggacacggtc acgtcactaa cgttgctgtc aacgggtgtt actacgaggg ctccgatctc	120
aacagcttcc cctacgagtc cgtatccccc aaggtggcgg cttggacacc tctaacacct	180
ggcaacgggtt tcattttccc cagcgactac ggtaacgatg acattatttg ccaccagaat	240
gdcaccaaag cccaggacca cattgttgtt ggggtgtgtg acaagatcaa catccagtgg	300
acoggtgtgg ccgattccca ccacgggtct gtccctgact aactcgctcg ctggagcggg	360
gagtgtgaga oggttgataa gacacactct gactttttta agatogacgg cgtcggctct	420
atcagtgaac ccgaagtgc ccgtacctgg ggagatgacc agctgatcgc caacaacaac	480
agctgggttg tcgagatccc ccgaccatt gctcctggca actatgttct tcgcaacgag	540
cttatcgtct tcacacagcg cggcactgaa gatggtgtc agaacctacc ccagtgttct	600
aacctccagg tcactggctc cggtaactga gagcccgctg gtaccctcgg caccagctc	660
tacactgagg atgaggctgg tatogttgtg aacctctaca ootctctgtc ttcatatgac	720
gtccccgggc ccaccagta cagcggcgcc gtctctgtca gccaatccac ttgggccatt	780
acotccaccc gaactgctgt tctcggtagc ggcagcgtg ttgccaccta tgcgcgcgg	840
gctaccacca gcgtgtgtgc ttctcttgc gctgctgcta ccacggctgc tgcggttacc	900
agcgcgaatg ccacaccta gattgccag ccacgagca gctcttctta ctccagatc	960
gccgtgcagg tgcctctctc ctggacccc cttgtgacc tcactctctc ccgcgcgcgc	1020
gacaccaccc ctgctgcctg cctcgagcct cagaccccc ctgcagctc tggagccacc	1080
actaccagca gcagcagcgg cgcgcgcag tctctctacg gccagtggg tggatatcaac	1140
tggaccggag ctacctcttg cgttgagggc gctacttgct accagtacaa cccttactac	1200
taccagtgca tctctgcta *	1221

<210> 138

<211> 406

<212> PRT

<213> Aspergillus aculeatus

<400>

```

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

Thr Arg Val Ala Gly His Gly His Val Thr Asn Val Val Val Asn Gly
20          25          30

Val Tyr Tyr Glu Gly Phe Asp Ile Asn Ser Phe Pro Tyr Glu Ser Asp
35          40          45

Pro Pro Lys Val Ala Ala Trp Thr Thr Pro Asn Thr Gly Asn Gly Phe
50          55          60

Ile Ser Pro Ser Asp Tyr Gly Thr Asp Asp Ile Ile Cys His Gln Asn
65          70          75          80

Ala Thr Asn Ala Gln Ala His Ile Val Val Ala Ala Gly Asp Lys Ile
85          90          95

Asn Ile Gln Trp Thr Ala Trp Pro Asp Ser His His Gly Pro Val Leu
100         105         110

Asp Tyr Leu Ala Arg Cys Asp Gly Glu Cys Glu Thr Val Asp Lys Thr
115         120         125

Thr Leu Glu Phe Phe Lys Ile Asp Gly Val Gly Leu Ile Ser Asp Thr
130         135         140

Glu Val Pro Gly Thr Trp Gly Asp Asp Gln Leu Ile Ala Asn Asn Asn
145         150         155         160

Ser Trp Leu Val Glu Ile Pro Pro Thr Ile Ala Pro Gly Asn Tyr Val
165         170         175

Leu Arg His Glu Leu Ile Ala Leu His Ser Ala Gly Thr Glu Asp Gly
180         185         190

Ala Gln Asn Tyr Pro Gln Cys Phe Asn Leu Gln Val Thr Gly Ser Gly
195         200         205

Thr Asp Glu Pro Ala Gly Thr Leu Gly Thr Lys Leu Tyr Thr Glu Asp
210         215         220

Glu Ala Gly Ile Val Val Asn Ile Tyr Thr Ser Leu Ser Ser Tyr Ala
225         230         235         240

Val Pro Gly Pro Thr Gln Tyr Ser Gly Ala Val Ser Val Ser Gln Ser
245         250         255

```

138

Thr Ser Ala Ile Thr Ser Thr Gly Thr Ala Val Val Gly Ser Gly Ser
260 265 270

Ala Val Ala Thr Ser Ala Ala Ala Thr Thr Ser Ala Ala Ala Ser
275 280 285

Ser Ala Ala Ala Ala Thr Thr Ala Ala Ala Val Thr Ser Ala Asn Ala
290 295 300

Asn Thr Gln Ile Ala Gln Pro Ser Ser Ser Ser Tyr Ser Gln Ile
305 310 315 320

Ala Val Gln Val Pro Ser Ser Trp Thr Thr Leu Val Thr Val Thr Pro
325 330 335

Pro Ala Ala Ala Ala Thr Thr Pro Ala Ala Val Pro Glu Pro Gln Thr
340 345 350

Pro Ser Ala Ser Ser Gly Ala Thr Thr Thr Ser Ser Ser Ser Gly Ala
355 360 365

Ala Gln Ser Leu Tyr Gly Gln Cys Gly Gly Ile Asn Trp Thr Gly Ala
370 375 380

Thr Ser Cys Val Glu Gly Ala Thr Cys Tyr Gln Tyr Asn Pro Tyr Tyr
385 390 395 400

Tyr Gln Cys Ile Ser Ala
405

5

<210> 139
<211> 1284
<212> ADN
<213> Aspergillus aculeatus

<400> 139

```

atgtctctttt ccaagattgc cactctcttg ctgggctcgg tctcgtcgtt cgtcgtcat      60
gggtatgtct cagcctcga ggtggacggg accacctatg gagggtactt ggtcgacaat      120
tattactacg matccgaccc gcccgagtta atcgctcgtt caacaaatgc cagcgtgat      180
ggctatgtat cgcctctcga ctacgagagc gtgaacatca tctgcacaa ggggtctcgg      240
cgcggcggtt tctcgccccc tctcgccccc ggaggctggg tgcagatgac ctggacaccc      300
tgcccccacc accatcacgg cctctctatc acgttatatg comattgcna cggttcttgc      360
gcagatgtgg acaagaccac cctcgagttc ttcaagatcg atgctggcgg ottgatgat      420
gaacgggagc tgcctgggaa ttgggggacc gatgagctca ttgagatag ctatagtcgc      480
aacatcacta tccccagcga tattgcccc gggtactatg ttttgcgaca cgagatcatt      540
gctctgcaaa ggcgcgagaa cctggacgga gcccgagact acccccagtg catcaatctg      600
gaagtcaccc gcagcagagc agcaaccccc agtggcaact tgggcaactg tctgtacaag      660
gagaccgacc ccggcatcta tgttgacate tggaacacgt tgagcacgta taatattccc      720
ggcccccggc tgtacactgc tggtagcact gcgacccgag ccgctgctgc cgataccacc      780
actactcttg ctggcaccac cgtcgaggcc accacccgtg ccgcgcgcgt gagtaccacc      840
gcggacgctg ttccgaccca gtcttcagct ccttcogaga caagcgcgac taccgcgaac      900
cctgctcggc ccaactgcgg daggacata cgtttccagc ccggtcaggt caagcgtcgt      960
gcttcagtda aaactcggc taactgagat tctctcgtg agtctgcac gaagacaaa      1020
acatcagtg ccaactgcgg ttccgagcgg gattcgtcga cgaattctgg ggttttgagt      1080
ggcgctctga gccagggagg ctactggtac tgcaacgggg gcaactgcgtt ccagcgtctg      1140
gtcaacgggg matgggatgc gtcccaagat gtggctcggg gaacggtctg caacgcgggt      1200
atctcggaga ccatcaaat ttoagccgc gccacgcgc gggatgcat ggtcgtcat      1260
ctggcgctgc caagcgtca ctga      1284

```

<210> 140

<211> 427

<212> PRT

<213> *Aspergillus aculeatus*

<400> 140

5

Met	Ser	Leu	Ser	Lys	Ile	Ala	Thr	Leu	Leu	Leu	Gly	Ser	Val	Ser	Leu
1			5					10					15		
Val	Ala	Gly	His	Gly	Tyr	Val	Ser	Ser	Ile	Glu	Val	Asp	Gly	Thr	Thr
		20					25					30			
Tyr	Gly	Gly	Tyr	Leu	Val	Asp	Thr	Tyr	Tyr	Tyr	Glu	Ser	Asp	Pro	Pro
	35						40					45			
Glu	Leu	Ile	Ala	Trp	Ser	Thr	Asn	Ala	Thr	Asp	Asp	Gly	Tyr	Val	Ser
	50					55					60				
Pro	Ser	Asp	Tyr	Glu	Ser	Val	Asn	Ile	Ile	Cys	His	Lys	Gly	Ser	Ala
65					70					75					80
Pro	Gly	Ala	Leu	Ser	Ala	Pro	Val	Ala	Pro	Gly	Gly	Trp	Val	Gln	Met
			85						90					95	
Thr	Trp	Asn	Thr	Trp	Pro	Thr	Asp	His	His	Gly	Pro	Val	Ile	Thr	Tyr
		100						105					110		
Met	Ala	Asn	Cys	His	Gly	Ser	Cys	Ala	Asp	Val	Asp	Lys	Thr	Thr	Leu
		115					120					125			

Glu Phe Phe Lys Ile Asp Ala Gly Gly Leu Ile Asp Asp Thr Asp Val
130 135 140

Pro Gly Thr Trp Ala Thr Asp Glu Leu Ile Glu Asp Ser Tyr Ser Arg
145 150 155 160

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

His Glu Ile Ile Ala Leu His Ser Ala Glu Asn Leu Asp Gly Ala Gln
180 185 190

Asn Tyr Pro Gln Cys Ile Asn Leu Glu Val Thr Gly Ser Glu Thr Ala
195 200 205

Thr Pro Ser Gly Thr Leu Gly Thr Ala Leu Tyr Lys Glu Thr Asp Pro
210 215 220

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

Gly Pro Ala Leu Tyr Thr Ala Gly Ser Thr Ala Thr Ala Ala Ala Ala
245 250 255

Ala Asp Thr Thr Thr Thr Ser Ala Gly Thr Thr Ala Glu Ala Thr Thr
260 265 270

Ala Ala Ala Ala Val Ser Thr Thr Ala Asp Ala Val Pro Thr Glu Ser
275 280 285

Ser Ala Pro Ser Glu Thr Ser Ala Thr Thr Ala Asn Pro Ala Arg Pro
290 295 300

Thr Ala Gly Ser Asp Ile Arg Phe Gln Pro Gly Gln Val Lys Ala Gly
305 310 315 320

Ala Ser Val Asn Asn Ser Ala Thr Glu Thr Ser Ser Gly Glu Ser Ala
325 330 335

Thr Thr Thr Thr Thr Ser Val Ala Thr Ala Ala Ser Ser Ala Asp Ser
340 345 350

Ser Thr Thr Ser Gly Val Leu Ser Gly Ala Cys Ser Gln Glu Gly Tyr
355 360 365

Trp Tyr Cys Asn Gly Gly Thr Ala Phe Gln Arg Cys Val Asn Gly Glu
370 375 380

Trp Asp Ala Ser Gln Ser Val Ala Ala Gly Thr Val Cys Thr Ala Gly
385 390 395 400

Ile Ser Glu Thr Ile Thr Ile Ser Ala Ala Ala Thr Arg Arg Asp Ala
405 410 415

Met Arg Arg His Leu Ala Arg Pro Lys Arg His
420 425

<210> 141

<211> 804

<212> ADN

<213> Aspergillus aculeatus

<400> 141

```

atgcttggta aatcatctc tttctttca gctgctacca gctagctgc tcatggcat    60
gtgtcaaaac ttgtgatca cgggggtgac taccgaggat gggacatcaa ttggaccct    120
tacaattcca accctccgtt ggtggttgca tggcaaacac ccaacacagc taatggcttc    180
atctcccttg atgaataca cacagatgat gttatttgcc atctgagcgc taagatgcc    240
agaggccacg cagtgtgac tcttgggac aagatcagcc tccagtggac gacctggcct    300
gacagtcaco atgcccctgt catcagctac ctacccaact ggggtccag ctgcgagaca    360
gtcgataaga caaccttoga gttcttcaa atcgatgggt ttggcttggg ggatgagagc    420
aatcccccctg gtatctgggg agacgatgag ctcatctgca acaacaactc ttggctggta    480
gagattccag ctatgatcgc gccaggatac tatgtgtggt gtcacagatt gatcgctctg    540
catggagcag ggaagtgaac tggagccacg aattacatgc aatgtttcaa ccttcagggt    600
actgggactg gcacgggtca gacctccggg gtcctgggca cggagotgta caaacocaca    660
gacgttggaa ttcttgtcaa tatctaacag tggctctcaa catatgttgt tccctggccc    720
acctgatcc cccgggctgt ttcccttgtt cagtctagat caaccattac cgcctcgggc    780
acggcagtga caaccacggc ttga                                     804

```

<210> 142

<211> 267

<212> PRT

<213> Aspergillus aculeatus

<400> 142

Met Leu Val Lys Leu Ile Ser Phe Leu Ser Ala Ala Thr Ser Val Ala
1 5 10 15

Ala His Gly His Val Ser Asn Ile Val Ile Asn Gly Val Ser Tyr Arg
20 25 30

Gly Trp Asp Ile Asn Ser Asp Pro Tyr Asn Ser Asn Pro Pro Val Val
35 40 45
Val Ala Trp Gln Thr Pro Asn Thr Ala Asn Gly Phe Ile Ser Pro Asp
50 55 60

Ala Tyr Asp Thr Asp Asp Val Ile Cys His Leu Ser Ala Thr Asn Ala
65 70 75 80

Arg Gly His Ala Val Val Ala Ala Gly Asp Lys Ile Ser Leu Gln Trp
85 90 95

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

Asn Cys Gly Ser Ser Cys Glu Thr Val Asp Lys Thr Thr Leu Glu Phe
115 120 125

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

Ile Trp Gly Asp Asp Glu Leu Ile Ala Asn Asn Asn Ser Trp Leu Val
145 150 155 160

Glu Ile Pro Ala Ser Ile Ala Pro Gly Tyr Tyr Val Leu Arg His Glu
165 170 175

Leu Ile Ala Leu His Gly Ala Gly Ser Glu Asn Gly Ala Gln Asn Tyr
180 185 190

Met Gln Cys Phe Asn Leu Gln Val Thr Gly Thr Gly Thr Val Gln Pro
195 200 205

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

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

Thr Leu Ile Pro Gln Ala Val Ser Leu Val Gln Ser Ser Ser Thr Ile
245 250 255

Thr Ala Ser Gly Thr Ala Val Thr Thr Thr Ala
260 265

<211> 822
 <212> ADN
 <213> Aspergillus aculeatus

5 <400> 143

```

atgaagtatc ttgogatott cgggggaaga gaagctggac tggcccgccc gacagcagcg      60
caatcacatc tcagcaagct gattctggac ggcgaagctc ctgaggactg gcagtatatc      120

cgtaaaacaa cccgggagac atgctatctt cggaccgaat tcaccgacac cttoqacaaa      180

ttgaactcga acgaccagga tttccggtgc aatctcggct cgttcagcaa cgcgcgcaag      240

aocgaagtgg cggaggtgga agcgggtccc acgattggca tgcagctttt cgtcggtagc      300

cacatgcgtc acccgggacc tgcgcaagtc ttcattgtta aggcgccgtc cggcaacgta      360

cagagctacg aggttgacgg ctctctggtt aagatctggg agcgtacact ctgcgacaaa      420

agtggcgatc tgaactggaga tgcgtggtgt acatacggcc agaccgagat cgaatttcaa      480

atccocgagg cgaacccgac gggcgcaata ctggtccgag cggagcaccat cgggtctcac      540

cgcgcacaga gtaattcaagc cgaattctac tacagctgcg cccaggtcaa ggtcacgggc      600

aatggtacgg ggggtgcgag ccagacatat cagatccctg gcattgtaca tgaccgctcg      660

gagcttttca aagggtgaa ctctgtggtc taatcgggtg agaacgtoga ggcagccatg      720

aagaattcta tcgtgggtga tgaaatttgg aatggaagt ctgttccttc tgagtcaccat      780

gtcccggaat atagaagag tcattgcttg cgtgtttatt ga      822
    
```

10 <210> 144
 <211> 273
 <212> PRT
 <213> Aspergillus aculeatus

15 <400> 144

Met Lys Tyr Leu Ala Ile Phe Ala Ala Ala Ala Ala Gly Leu Ala Arg
 1 5 10 15
 Pro Thr Ala Ala His Tyr Ile Phe Ser Lys Leu Ile Leu Asp Gly Glu
 20 25 30
 Val Ser Glu Asp Trp Gln Tyr Ile Arg Lys Thr Thr Arg Glu Thr Cys
 35 40 45
 Tyr Leu Pro Thr Lys Phe Thr Asp Thr Phe Asp Asn Leu Thr Pro Asn
 50 55 60
 Asp Gln Asp Phe Arg Cys Asn Leu Gly Ser Phe Ser Asn Ala Ala Lys
 65 70 75 80
 Thr Glu Val Ala Glu Val Glu Ala Gly Ser Thr Ile Gly Met Gln Leu
 85 90 95
 Phe Ala Gly Ser His Met Arg His Pro Gly Pro Ala Gln Val Phe Met
 100 105 110
 Ser Lys Ala Pro Ser Gly Asn Val Gln Ser Tyr Glu Gly Asp Gly Ser
 115 120 125
 Trp Phe Lys Ile Trp Glu Arg Thr Leu Cys Asp Lys Ser Gly Asp Leu
 130 135 140
 Thr Gly Asp Ala Trp Cys Thr Tyr Gly Gln Thr Glu Ile Glu Phe Gln
 145 150 155 160
 Ile Pro Glu Ala Thr Pro Thr Gly Glu Tyr Leu Val Arg Ala Glu His
 165 170 175
 Ile Gly Leu His Arg Ala Gln Ser Asn Gln Ala Glu Phe Tyr Tyr Ser
 180 185 190
 Cys Ala Gln Val Lys Val Thr Gly Asn Gly Thr Gly Val Pro Ser Gln
 195 200 205
 Thr Tyr Gln Ile Pro Gly Met Tyr Asn Asp Arg Ser Glu Leu Phe Asn
 210 215 220
 Gly Leu Asn Leu Trp Ser Tyr Ser Val Glu Asn Val Glu Ala Ala Met
 225 230 235 240
 Lys Asn Ser Ile Val Gly Asp Glu Ile Trp Asn Gly Ser Ser Val Pro
 245 250 255
 Ser Glu Ser His Val Pro Lys Tyr Lys Lys Ser His Ala Cys Arg Val
 260 265 270
 Tyr

<210> 145

<211> 969

<212> ADN

5 <213> Aurantiporus alborubescens

<400> 145

```

atgcgagccg tgcgcacgtt tgttaacgctt gtagoatcag ttatcactgc ggtcctcgca      60
cacggagggtg tccctctccta ttccaaacggg ggaatttggc aatgggggatg gaagccttac      120
aattcacctg accgggcagac ccccatccaa cgcctcgtggg aaacatacaa tccgatcact      180
gatgcgacgg atcctaccat tgcctgcgaa aacgaacggga aatctggaga tctgcagttg      240
aatgogacag togggggggg atctgcoata acggcgctatt ggaaccaggc gtggcggcat      300
gataaagggc ccatgacgac atacctcgca caatgccccg gcagtacctg cacaggagtc      360
aaogcgaaga ctctgaatg gttcaagatc gatcacggcg ggttgctttc tggtaactgt      420
tadagtgggt cgtgggcatc aggcgaagatg attgcacaga actcgacctg gacaaactacc      480
attccagcga cgggtgccttc agggaaactat ctgatacgtt tcgagactat tgcacctgac      540
tctttgccag cgcatttttc ccttgagtcg gcacaaattc aaataacggg cggagggttc      600
cgtgtctcaa ccgctgcaga gcttggttagc ttocctggcg cgtacagcaa caatgatcct      660
ggtgtcaaca ttgacatcta ctccaatgcc gcgcagagtg caaccacata cgtaatacca      720
ggacotccat tgtacggcgg tgcctccgga tctggtccat cttccgcgcc tccatcaagt      780
accccaggta gttcgtccac ttcccacggc cccacgtccg tcagcacgtc cagcagtgct      840
gcaccatoga cgcagggaac cgtgacgcag tacggtcagt gcggtggcat tggttgggct      900
ggagctaccg gctgtatctc accattcaag tgcacgggta tcaacgatta ttactaccag      960
tgcctctgca

```

10

<210> 146

<211> 322

<212> PRT

15 <213> Aurantiporus alborubescens

<400> 146

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

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

Ile Ala Leu His Ser Leu Pro Ala Gln Phe Tyr Pro Glu Cys Ala Gln
180 185 190

Ile Gln Ile Thr Gly Gly Gly Ser Arg Ala Pro Thr Ala Ala Glu Leu
195 200 205

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

Asp Ile Tyr Ser Asn Ala Ala Gln Ser Ala Thr Thr Tyr Val Ile Pro
225 230 235 240

Gly Pro Pro Leu Tyr Gly Gly Ala Ser Gly Ser Gly Pro Ser Ser Ala
245 250 255

Pro Pro Ser Ser Thr Pro Gly Ser Ser Ser Thr Ser His Gly Pro Thr
260 265 270

Ser Val Ser Thr Ser Ser Ser Ala Ala Pro Ser Thr Thr Gly Thr Val
275 280 285

Thr Gln Tyr Gly Gln Cys Gly Gly Ile Gly Trp Ala Gly Ala Thr Gly
290 295 300

Cys Ile Ser Pro Phe Lys Cys Thr Val Ile Asn Asp Tyr Tyr Tyr Gln
305 310 315 320

Cys Leu

<210> 147

<211> 705

<212> ADN

<213> Aurantiporus alborubescens

<400> 147


```

atgaaggota tottggtat tttcteggee attgctccac ttgcgggtgc gcattatacc      60
ttccctgatt ttattgtcaa cggaaacaaa actgcccatt gggctctacat ccgagagacc      120
gggaaccact actcgaatgg tctgttaacc aadgtgaacg atocagaatt ccgatgctac      180
gagctggacc tgczaaacac ggcagcgaqt accctcaccg ccaagggtctc tgcagggtcc      240
agcgtcggtt ttaaagctaa cagcgccctt taccatctctg gttatctcga tgtgtatatg      300
toaaagcga cccagctgc taattcacc accgtctggaa cggaccaaag ctggttcaag      360
gtctatgaat ccgctccggt attcgcgaat ggggcacctaa gattcccttc ggagaacatc      420
caatctttca cgttcacuat ccggaagtc attcccaagt gcaaatatct catccgtgtg      480
gaacacatcg ctctccactc cgcagtagc tacggagggtg cacaattcta catcagctgc      540
gctcaagtea atgtcgtcaa cggcgggaa cgaacccaaq gaccgttagt caagattccc      600
ggcgtttaaa ctgggaacga gactggcacc ctcatcaaca totaaagott ccaacgggt      660
ttcagtggtt accaatcccc gggacctgct gtgtggcgtg gttga                      705

```

- 5
- <210> 148
 - <211> 234
 - <212> PRT
 - <213> Aurantiporus alborubescens
 - <400> 148

Met Lys Ala Ile Leu Ala Ile Phe Ser Ala Leu Ala Pro Leu Ala Ala
 1 5 10 15

Ala His Tyr Thr Phe Pro Asp Phe Ile Val Asn Gly Thr Thr Thr Ala
 20 25 30

Asp Trp Val Tyr Ile Arg Glu Thr Ala Asn His Tyr Ser Asn Gly Pro
 35 40 45

Val Thr Asn Val Asn Asp Pro Glu Phe Arg Cys Tyr Glu Leu Asp Leu
 50 55 60

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

Ser Val Gly Phe Lys Ala Asn Ser Ala Leu Tyr His Pro Gly Tyr Leu
 85 90 95

Asp Val Tyr Met Ser Lys Ala Thr Pro Ala Ala Asn Ser Pro Ser Ala
 100 105 110

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

Ala Asn Gly Ala Leu Ser Phe Pro Ser Glu Asn Ile Gln Ser Phe Thr
 130 135 140

Phe Thr Ile Pro Lys Ser Leu Pro Ser Gly Gln Tyr Leu Ile Arg Val
 145 150 155 160

Glu His Ile Ala Leu His Ser Ala Ser Ser Tyr Gly Gly Ala Gln Phe
 165 170 175

Tyr Ile Ser Cys Ala Gln Val Asn Val Val Asn Gly Gly Asn Gly Asn
 180 185 190

Pro Gly Pro Leu Val Lys Ile Pro Gly Val Tyr Thr Gly Asn Glu Pro
 195 200 205

Gly Ile Leu Ile Asn Ile Tyr Ser Phe Pro Pro Gly Phe Ser Gly Tyr
 210 215 220

Gln Ser Pro Gly Pro Ala Val Trp Arg Gly
 225 230

<210> 149
 <211> 702
 <212> ADN
 <213> Trichophaea saccata

<400> 149

```

atgaagggccc tgaactccg ccccttctc ctctgggtgc ttccacgac ctcagctc 60
gtgcacgggc actatcgctt ctacgaactg atcgccacg gggccccc cgttcttc 120
gaatacctcc gccaatgggt gccatctac agcaactctc cgtaacga cgtcaacgc 180
gtcaacctcc gctgaacgt caacggcact cccggggccg aggtgatca cgttgctg 240
ggtagcaccg tcggcttcgt agcagacaca acagtaacgc acccgggtgc gttcaacgc 300
taaatgggga aagcgccga agacatcacg gaatgggatg gcaacgggga ctggttcag 360
atcggggaga aggtccaa cagtataac agtagcgga taacctggga cgtcacggt 420
accgaatgga ccttcacct ccttcgcgc acaccacacg gtcaatacct atccgcttc 480
gagcacatag cgtccacgc cgcagcacc gtgggggggtg ctcaattcta catgtcgtg 540
ggcagatac aagtaacga cggcggaac gggagtcgcc ggcacacat caagtccgc 600
ggcggtata gccccacga cccgggtatc ctgatcaata tatattatc catccact 660
agttacacta ttctgggtc accggtttg accggttaag aa 702

```

<210> 150

<211> 233

<212> PRT

<213> Trichopaea saccata

<400> 150

Met Thr Pro Leu Lys Leu Arg Pro Leu Leu Leu Leu Val Leu Ser Thr
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Val His Ala His Tyr Arg Phe Tyr Glu Leu Ile Ala
20 25 30

Asn Gly Ala Thr His Ala Ser Phe Glu Tyr Ile Arg Gln Trp Val Pro
35 40 45

Ile Tyr Ser Asn Ser Pro Val Thr Asp Val Thr Ser Val Asn Leu Arg
50 55 60

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

Gly Ser Thr Val Gly Phe Val Ala Asp Thr Thr Val Thr His Pro Gly
85 90 95

Ala Phe Thr Ala Tyr Met Ala Lys Ala Pro Glu Asp Ile Thr Glu Trp
100 105 110

Asp Gly Asn Gly Asp Trp Phe Lys Ile Trp Glu Lys Gly Pro Thr Ser
115 120 125

Ile Thr Ser Ser Gly Ile Thr Trp Asp Val Thr Asp Thr Gln Trp Thr
130 135 140

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

Glu His Ile Ala Leu His Ala Ala Ser Thr Val Gly Gly Ala Gln Phe
165 170 175

Tyr Met Ser Cys Ala Gln Ile Gln Val Thr Asn Gly Gly Asn Gly Ser
180 185 190

Pro Gly Pro Thr Ile Lys Phe Pro Gly Gly Tyr Ser Ala Thr Asp Pro
195 200 205

Gly Ile Leu Ile Asn Ile Tyr Tyr Pro Ile Pro Thr Ser Tyr Thr Ile
210 215 220

Pro Gly Pro Pro Val Trp Thr Gly Lys
225 230

<210> 151
<211> 714
<212> ADN
<213> Trichophaea saccata

<400> 151

```

atgaatatgc ttctctccct cctctctgac ggcacagcgg tctccgctca cagcatcttc      60
caagaaatcg gcataaacgg ggtgatgcaa gctcgctacg actacatggc gctgcgctcc      120
tacgacggtc ccattacgga cgtaacgagc acctacatgg cgtgcacagg tggccccat      180
ccattggtcc aaatctcgaa cgcgctcgct ttcgttaaac cgggcgacag catcacgctg      240
caatgggggc aaacggttgc gacagatttc aacacggggc tgatcatoga tccatcgac      300
ttgggtccgt tgatggtcta catggcaca gtaacccctcc aacacgggtcc gatcccaac      360
agcggctggt tcacaaatcta cgmagacggc tacgacccga caacaaagac atgggcggta      420
accaagctca tcacaaacaa gggaaaagtg accgtcacca tccctcgtg tctacggga      480
ggggaactact tgcgcgcggc tgaatacatt gccttgcacg cggctagtag ctatccagga      540
gcacagtttt acatggagtg tgcgcagttg cggcttacca gtggcggcac taagatgct      600
accacgtata ccattccggg gatctattcg cccactgac cgggtgttac gttcaatctt      660
tacaatggat tcacagatta taccattcct ggcccaagga cgtttacatg ctacg      714

```

<210> 152

<211> 237

<212> PRT

<213> Trichophaea saccata

<400> 152

5

Met Lys Cys Leu Leu Ser Leu Leu Leu Ala Ala Thr Ala Val Ser Ala
1 5 10 15

His Thr Ile Phe Gln Glu Ile Gly Ile Asn Gly Val Met Gln Ala Arg
20 25 30

Tyr Asp Tyr Met Arg Leu Pro Ser Tyr Asp Gly Pro Ile Thr Asp Val
35 40 45

Thr Ser Thr Tyr Met Ala Cys Asn Gly Gly Pro Asn Pro Leu Val Gln
50 55 60

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

Gln Trp Ala Gln Thr Leu Thr Thr Asp Phe Asn Thr Gly Leu Ile Ile
85 90 95

Asp Pro Ser His Leu Gly Pro Val Met Val Tyr Met Ala Lys Val Pro
100 105 110

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

Asp Gly Tyr Asp Pro Thr Thr Lys Thr Trp Ala Val Thr Lys Leu Ile
130 135 140

Asn Asn Lys Gly Lys Val Thr Val Thr Ile Pro Ser Cys Leu Pro Ala
145 150 155 160

Gly Asp Tyr Leu Leu Arg Gly Glu Ile Ile Ala Leu His Ala Ala Ser
165 170 175

Thr Tyr Pro Gly Ala Gln Phe Tyr Met Glu Cys Ala Gln Leu Arg Leu
180 185 190
Thr Ser Gly Gly Thr Lys Met Pro Thr Thr Tyr Asn Ile Pro Gly Ile
195 200 205

Tyr Ser Pro Thr Asp Pro Gly Val Thr Phe Asn Leu Tyr Asn Gly Phe
210 215 220

Thr Ser Tyr Thr Ile Pro Gly Pro Arg Pro Phe Thr Cys
225 230 235

5

<210> 153

<211> 1455

<212> ADN

<213> Penicillium thomii

<400> 153

```

atgtctctgt ctatgatttc tggattgata ctccgatctg ctgccttggg ggctggscac      60
ggttacgtga goggaatogt ogttgaogat acctaotatg gtggataoot tgtacoodag      120
tacccttatg agagtgaagg cccagagctc attgcctggg cggagcaaga gaccgatctg      180
ggttacatcg atggctctga gtatgccaac tccacatca tctgtcaca ggaggccaaa      240
cctgggtgctt tggaaacade ngttaaggct ggtgggtccg tggagctcca gtggaccact      300
tggcctacca gccaccacgg tctgtcatt acctacatgg ccaactgtaa cggcgactgt      360
gacgaogttg acaagaactac tttgaagttc ttcaagattg aodagggtgg tttgatcagc      420
gataccaccc agcccggtac ctgggcaact gacaaacctc tggccacaa caatagccgt      480
actgtcaccg tccccagcga cattgcccgt ggaacotacg tctccctca cgagatcatt      540
gccctccact ccgcccggga gacaaacggg gccacgaact acccccaatg tatcaacttg      600
aaggtcactg gggcggttag cgtactcct tctggtaacc tgggtaccgc cctgtacaag      660
aacaccgacc ccggtatcct gatcaacatc taactctccc tcagcaccta cgatatcccc      720
ggcccaaccc tgtacactgc cggcgccgcc gctgtaccgc ctgcctccc ggctgcctct      780
tcaccdggcg ctgucgttao taotgocgao gccgtcacta ccgcgctgc ogtacodago      840
agctctgcat cctgggaagt tgtgcccaca actactccca gtcataaat cgtcagtgc      900
ttcccaacot ggagccooto ttctacccca cctctctcca actcttcaa cggatgggt      960
ccgtcattca gccgcggacc tggtygccc cgtttacat ctgctcctgc tctcagttc      1020
tccgtcctca gccgcgtcca gcagagcgag tctgcccctg ctacccccat cgtggctacc      1080
cctgtcgtga tcaccatgac cgagaccagc acctootggg tcaodgaat ggttaotctt      1140
actgacaagt ctgttgtga gaccaccagc gctgtcccag tctcgtcgc cggccaccct      1200
accottaadg agggaaagga gootgctoag aagcctccc ccagcgttgt ctccggtcc      1260
tctagctccg gctctagctc ctcatctacc accaccacct caagaccto acctggatcc      1320
gactacgtct ccagcgaact gatgtcttao ctcaagctct tgaagcgtgc tgaggtctc      1380
cagatgctgc gccagacctt ccgttggatg gtcagcaacg acaaggtgca cgtcgtgat      1440
attaccatca actag                                     1455

```

5

<210> 154
 <211> 484
 <212> PRT
 <213> *Penicillium thomii*
 <400> 154

Met Ser Leu Ser Lys Ile Ser Gly Leu Ile Leu Gly Ser Ala Ala Leu
1 5 10 15

Val Ala Gly His Gly Tyr Val Ser Gly Ile Val Val Asp Asp Thr Tyr
20 25 30

Tyr Gly Gly Tyr Leu Val Thr Gln Tyr Pro Tyr Glu Ser Asp Ala Pro
35 40 45

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

Gly Ser Glu Tyr Ala Asn Ser Asn Ile Ile Cys His Lys Glu Ala Lys
65 70 75 80

Pro Gly Ala Leu Glu Ala Pro Val Lys Ala Gly Gly Ser Val Glu Leu
85 90 95

Gln Trp Thr Thr Trp Pro Thr Ser His His Gly Pro Val Ile Thr Tyr
100 105 110

Met Ala Asn Cys Asn Gly Asp Cys Asp Asp Val Asp Lys Thr Thr Leu
115 120 125

Gln Phe Phe Lys Ile Asp Gln Gly Gly Leu Ile Ser Asp Thr Thr Glu
130 135 140

Pro Gly Thr Trp Ala Thr Asp Asn Leu Ile Ala Asn Asn Asn Ser Arg
145 150 155 160

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

His Glu Ile Ile Ala Leu His Ser Ala Gly Glu Thr Asn Gly Ala Gln
180 185 190

Asn Tyr Pro Gln Cys Ile Asn Leu Lys Val Thr Gly Gly Gly Ser Ala
195 200 205

Thr Pro Ser Gly Thr Leu Gly Thr Ala Leu Tyr Lys Asn Thr Asp Pro

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

Ile Thr Ile Asn

<210> 155
 <211> 1021
 <212> ADN
 <213> Talaromyces stipitatus

<400> 155

```

atgccttcca cttaaagttgc tgctctatct gccgtcctgg ctttggtctc caagggttgc      60
ggccatggct ttgtgcamaa tattgtcatt gcgggtaaat cgttaagtgc ttgcttttgt      120
actatagagc tagataaata cttatactaa ataattcaga tacaactggc aactcgtgaa      180
ccagtatcct taccagttca aacacacaga tgttattggg tggtaacaa otgcaaccga      240
cttgggattt gtgatggat ctggataaac caaacgggat atcatotgcc acaaaaacgc      300
caaacccggc cagctttctg ctccggttgc cgcaggagga aagggttgcg tggamtggac      360
aacatggccc gagagccatc acggcctctg catcagctat ctgcacaatt gcaatggcga      420
ttgtactaac gtggataaga cgaagctoga atttgtcaaa atcgatcaga ggggtotgat      480
cgacgacaga aatcctcccg gtacatgggc cgcgcacacg ctcatcgccg ccaacacag      540
ctggactgta actattcccg agagcatogo gootggaaac tacgtccttc gccacgaat      600
catcgtctct cactccgcga acaacgcac cggaggtcaa aactaccctc aatgcatcaa      660
cttgcaaatc actggcagcg ggaaggccaa cccatctggt acccctggcg agaaactcta      720
taococaact gaccaggtc tcttggtcaa catctaccag tcattgtcgt cttatgttat      780
tcccggtccg actttgtgga gtggtgctgc agcgacggtt gttgccactg cagccggttc      840
tgctactggg gttgattctg ccaccgctac tcagacacact cttgtgactg ccgtttcatc      900
gcctacccgt gctccttcag tgggtgactc tgaggctcct tcagttaacct cgttcgcccc      960
agtggtgact gttactgatg tcgttactgt gactaccgtc atcactacta ctatctctta     1020
g                                                                                   1021
    
```

<210> 156
 <211> 320
 <212> PRT
 <213> Talaromyces stipitatus

<400> 156

Met Pro Ser Thr Lys Val Ala Ala Leu Ser Ala Val Leu Ala Leu Ala
 1 5 10 15

Ser Thr Val Ala Gly His Gly Phe Val Gln Asn Ile Val Ile Asp Gly
 20 25 30

Lys Ser Tyr Thr Gly Tyr Leu Val Asn Gln Tyr Pro Tyr Gln Ser Asn

35					40					45					
Pro	Pro	Ala	Val	Ile	Gly	Trp	Ser	Thr	Thr	Ala	Thr	Asp	Leu	Gly	Phe
50						55						60			
Val	Asp	Gly	Ser	Gly	Tyr	Thr	Asn	Pro	Asp	Ile	Ile	Cys	His	Lys	Asn
65					70					75					80
Ala	Lys	Pro	Gly	Gln	Leu	Ser	Ala	Pro	Val	Ala	Ala	Gly	Gly	Lys	Val
				85					90					95	
Glu	Leu	Glu	Trp	Thr	Thr	Trp	Pro	Glu	Ser	His	His	Gly	Pro	Val	Ile
			100					105					110		
Ser	Tyr	Leu	Ala	Asn	Cys	Asn	Gly	Asp	Cys	Thr	Thr	Val	Asp	Lys	Thr
		115					120					125			
Lys	Leu	Glu	Phe	Val	Lys	Ile	Asp	Gln	Arg	Gly	Leu	Ile	Asp	Asp	Ser
	130					135					140				
Asn	Pro	Pro	Gly	Thr	Trp	Ala	Ala	Asp	Gln	Leu	Ile	Ala	Ala	Asn	Asn
145					150					155					160
Ser	Trp	Thr	Val	Thr	Ile	Pro	Glu	Ser	Ile	Ala	Pro	Gly	Asn	Tyr	Val
			165						170					175	
Leu	Arg	His	Glu	Ile	Ile	Ala	Leu	His	Ser	Ala	Asn	Asn	Ala	Thr	Gly
			180					185					190		
Ala	Gln	Asn	Tyr	Pro	Gln	Cys	Ile	Asn	Leu	Gln	Ile	Thr	Gly	Ser	Gly
		195					200						205		
Thr	Ala	Asn	Pro	Ser	Gly	Thr	Pro	Gly	Glu	Lys	Leu	Tyr	Thr	Pro	Thr
	210					215					220				
Asp	Pro	Gly	Ile	Leu	Val	Asn	Ile	Tyr	Gln	Ser	Leu	Ser	Ser	Tyr	Val
225					230					235					240
Ile	Pro	Gly	Pro	Thr	Leu	Trp	Ser	Gly	Ala	Ala	Ala	His	Val	Val	Ala
				245					250					255	
Thr	Ala	Ala	Gly	Ser	Ala	Thr	Gly	Val	Ala	Ser	Ala	Thr	Ala	Thr	Pro
			260					265					270		
Thr	Thr	Leu	Val	Thr	Ala	Val	Ser	Ser	Pro	Thr	Gly	Ala	Pro	Ser	Val
		275					280					285			
Val	Thr	Pro	Glu	Ala	Pro	Ser	Val	Thr	Ser	Phe	Ala	Pro	Val	Val	Thr
	290					295					300				

Val Thr Asp Val Val Thr Val Thr Thr Val Ile Thr Thr Thr Ile Ser
305 310 315 320

- 5 <210> 157
<211> 19
<212> PRT
<213> Thielavia terrestris
- 10 <220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (1)..(1)
<223> X=I,L,M, OR V
- 15 <220>
<221> misc_feature
<222> (3)..(6)
<223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural
- 20 <220>
<221> misc_feature
<222> (8)..(8)
<223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural
- 25 <220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (10).. (10)
<223> X=I,L,M, OR V
- 30 <220>
<221> misc_feature
<222> (11).. (11)
<223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural
- 35 <220>
<221> misc_feature
<222> (13)..(13)
<223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural
- 40 <220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (14)..(14)
<223> X=E OR Q
- 45 <220>
<221> misc_feature
<222> (15)..(18)
<223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural
- 50 <220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (19)..(19)
<223> X=H,N, OR Q
- <400> 157
Xaa Pro Xaa Xaa Xaa Gly Xaa Tyr Xaa Xaa Arg Xaa Xaa Xaa Xaa
1 5 10 15
- Xaa Xaa Xaa
- 55 <210> 158
<211> 20

<212> PRT
 <213> Thielavia terrestris

5 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (1)..(1)
 <223> X=I,L,M, OR V

10 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (3)..(7)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

15 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (9)..(9)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

20 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (11)..(11)
 <223> X=I,L,M, OR V

25 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (12)..(12)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

30 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (14)..(14)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

35 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (15)..(15)
 <223> X=E OR Q

40 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (16)..(19)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

45 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (20)..(20)
 <223> X=H,N, OR Q

<400> 158
 Xaa Pro Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Xaa Tyr Xaa Xaa Arg Xaa Xaa Xaa
 1 5 10 15

50 Xaa Xaa Xaa Xaa
 20

<210> 159
 <211> 9
 <212> PRT
 55 <213> Thielavia terrestris

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (2)..(2)
 60 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (5)..(7)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural
 5
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (8)..(8)
 <223> X= Y OR W
 10
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (9)..(9)
 <223> X= A,I,L,M OR V
 15
 <400> 159
His Xaa Gly Pro Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
1 5
 <210> 160
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Thielavia terrestris
 20
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (2)..(3)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural
 25
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (6)..(8)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural
 30
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (9)..(9)
 <223> X= Y OR W
 35
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (10)..(10)
 <223> X= A,I,L,M OR V
 40
 <400> 160
His Xaa Xaa Gly Pro Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 45 **1 5 10**
 <210> 161
 <211> 11
 <212> PRT
 <213> Thielavia terrestris
 50
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (1).. (1)
 55 <223> X= E OR Q
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (2)..(2)
 60 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (4)..(5)

<223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

<220>
<221> misc_feature
5 <222> (7)..(7)
<223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

<220>
<221> MISC_FEATURE
10 <222> (8)..(8)
<223> X= E,H,Q OR N

<220>
<221> MISC_FEATURE
15 <222> (9)..(9)
<223> X=F,I,L, OR V

<220>
<221> misc_feature
20 <222> (10)..(10)
<223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

<220>
<221> MISC_FEATURE
25 <222> (11)..(11)
<223> X=I,L,OR V

<400> 161
Xaa Xaa Tyr Xaa Xaa Cys Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
1 5 10

30 <210> 162
<211> 9
<212> PRT
<213> Thielavia terrestris

35 <220>
<221> misc_feature
<222> (2)..(2)
<223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

40 <220>
<221> misc_feature
<222> (5)..(7)
<223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

45 <220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (8)..(8)
<223> X= Y OR W

50 <220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (9)..(9)
<223> X= A,I,L,M OR V

55 <400> 162
His Xaa Gly Pro Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
1 5

60 <210> 163
<211> 10
<212> PRT
<213> Thielavia terrestris

<220>

<221> misc_feature
 <222> (2)..(3)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural
 5 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (6)..(8)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural
 10 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (9)..(9)
 <223> X= Y OR W
 15 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (10)..(10)
 <223> X= A,I,L,M OR V
 20 <400> 163
His Xaa Xaa Gly Pro Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
1 5 10
 <210> 164
 <211> 11
 25 <212> PRT
 <213> Thielavia terrestris
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 30 <222> (1).. (1)
 <223> X= E OR Q
 <220>
 <221> misc_feature
 35 <222> (2)..(2)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural
 <220>
 <221> misc_feature
 40 <222> (4)..(5)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural
 <220>
 <221> misc_feature
 45 <222> (7)..(7)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 50 <222> (8)..(8)
 <223> X= E,H,Q OR N
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 55 <222> (9)..(9)
 <223> X=F,I,L, OR V
 <220>
 <221> misc_feature
 60 <222> (10)..(10)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 65 <222> (11)..(11)

<223> X=I,L, OR V

<400> 164
Xaa Xaa Tyr Xaa Xaa Cys Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
1 5 10

5
 <210> 165
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Thielavia terrestris

10
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (2)..(2)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

15
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (5)..(7)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

20
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (8)..(8)
 <223> X= Y OR W

25
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (9)..(9)
 <223> X= A,I,L,M OR V

30
 <400> 165
His Xaa Gly Pro Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
1 5

35
 <210> 166
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Thielavia terrestris

40
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (2)..(3)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

45
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (6)..(8)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

50
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (9)..(9)
 <223> X= Y OR W

55
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (10)..(10)
 <223> X= A,I,L,M OR V

60
 <400> 166
His Xaa Xaa Gly Pro Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
1 5 10

<210> 167
 <211> 11

<212> PRT
 <213> Thielavia terrestris

 <220>
 5 <221> MISC_FEATURE
 <222> (1)..(1)
 <223> X= E OR Q

 <220>
 10 <221> misc_feature
 <222> (2)..(2)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

 <220>
 15 <221> misc_feature
 <222> (4)..(5)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

 <220>
 20 <221> misc_feature
 <222> (7)..(7)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

 <220>
 25 <221> MISC_FEATURE
 <222> (8)..(8)
 <223> X= E,H,Q OR N

 <220>
 30 <221> MISC_FEATURE
 <222> (9)..(9)
 <223> X=F,I,L, OR V

 <220>
 35 <221> misc_feature
 <222> (10)..(10)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

 <220>
 40 <221> MISC_FEATURE
 <222> (11)..(11)
 <223> X=I,L,OR V

 <400> 167
 45 **Xaa Xaa Tyr Xaa Xaa Cys Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa**
1 5 10

 <210> 168
 <211> 9
 <212> PRT
 50 <213> Thielavia terrestris

 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (2)..(2)
 55 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (5)..(7)
 60 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (8)..(8)
 65 <223> X= Y OR W

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (9)..(9)
 5 <223> X= A,I,L,M OR V

<400> 168
His Xaa Gly Pro Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
1 . 5

10 <210> 169
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Thielavia terrestris

15 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (2)..(3)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

20 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (6)..(8)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

25 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (9)..(9)
 <223> X= Y OR W

30 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (10)..(10)
 <223> X= A,I,L,M OR V

35 <400> 169
His Xaa Xaa Gly Pro Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
1 5 . 10

<210> 170
 <211> 11
 40 <212> PRT
 <213> Thielavia terrestris

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 45 <222> (1)..(1)
 <223> X= E OR Q

<220>
 <221> misc_feature
 50 <222> (2)..(2)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

<220>
 <221> misc_feature
 55 <222> (4)..(5)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

<220>
 <221> misc_feature
 60 <222> (7)..(7)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

<220>
 <221> MISC_FEATURE

<222> (8)..(8)
 <223> X= E,H,Q OR N

 <220>
 5 <221> MISC_FEATURE
 <222> (9)..(9)
 <223> X=F,I,L, OR V

 <220>
 10 <221> misc_feature
 <222> (10)..(10)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

 <220>
 15 <221> MISC_FEATURE
 <222> (11)..(11)
 <223> X=I,L,OR V

 <400> 170
 20 **Xaa Xaa Tyr Xaa Xaa Cys Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa**
1 5 10

 <210> 171
 <211> 19
 <212> PRT
 25 <213> Thielavia terrestris

 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (1)..(1)
 30 <223> X=I,L,M OR V

 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (3)..(6)
 35 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (8)..(8)
 40 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (10)..(10)
 45 <223> X=I,L,M OR V

 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (11)..(11)
 50 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (13)..(13)
 55 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (14)..(14)
 60 <223> X= E OR Q

 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (15)..(17)
 65 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (19)..(19)
 5 <223> X= H,N, OR Q

 <400> 171
Xaa Pro Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Xaa Tyr Xaa Xaa Arg Xaa Xaa Xaa Xaa
1 5 10 15

Xaa Ala Xaa
 10 <210> 172
 <211> 20
 <212> PRT
 <213> Thielavia terrestris
 15 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (1)..(1)
 <223> X=I,L,M OR V
 20 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (3)..(7)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural
 25 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (9)..(9)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural
 30 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (11)..(11)
 <223> X=I,L,M OR V
 35 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (12)..(12)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural
 40 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (14)..(14)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural
 45 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (15)..(15)
 <223> X=E OR Q
 50 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (16)..(18)
 <223> Xaa puede se cualquier aminoácido que se produzca de forma natural
 55 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (20)..(20)
 <223> X= H,N, OR Q
 60 <400> 172

Xaa Pro Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Xaa Tyr Xaa Xaa Arg Xaa Xaa Xaa
1 5 10 15

Xaa Xaa Ala Xaa
20

REIVINDICACIONES

1. Método de degradación de un material celulósico, que comprende:
 - (a) pretratamiento del material celulósico con una composición que comprende uno o más polipéptidos GH61; y
 - (b) sacarificación del material celulósico pretratado con polipéptido GH61 con una composición enzimática.
2. Método según la reivindicación 1, que comprende además el tratamiento del material celulósico con un pretratamiento químico, un pretratamiento físico o un pretratamiento químico y un pretratamiento físico.
3. Método según la reivindicación 2, donde el pretratamiento con uno o más polipéptidos GH61 se realiza antes, durante o después del pretratamiento químico, el pretratamiento físico o el pretratamiento químico y el pretratamiento físico.
4. Método según cualquiera de las reivindicaciones 1-3, donde el o los polipéptidos GH61 se inactivan tras el pretratamiento del material celulósico.
5. Método según cualquiera de las reivindicaciones 1-4, donde la composición enzimática comprende una o más enzimas seleccionadas del grupo que consiste en una celulasa, un polipéptido GH61 que tiene actividad de aumento celololítico, una hemicelulasa, una esterasa, una expansina, una lacasa, una enzima ligninolítica, una pectinasa, una peroxidasa, una proteasa y una swollenina.
6. Método para producir un producto de fermentación, que comprende:
 - (a) pretratamiento de un material celulósico con una composición que comprende uno o más polipéptidos GH61;
 - (b) sacarificación del material celulósico pretratado con GH61 con una composición enzimática;
 - (c) fermentación del material celulósico sacarificado con uno o más microorganismos de fermentación para producir el producto de fermentación; y
 - (d) recuperación del producto de fermentación a partir de la fermentación.
7. Método según la reivindicación 6, que comprende además el tratamiento del material celulósico con un pretratamiento químico, un pretratamiento físico o un pretratamiento químico y un pretratamiento físico.

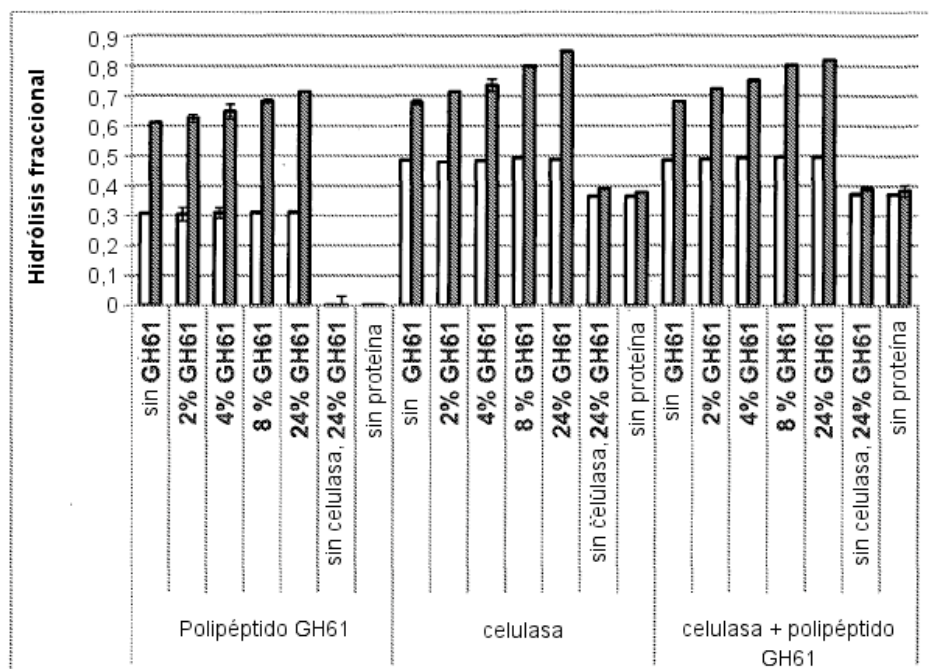


Fig 1A

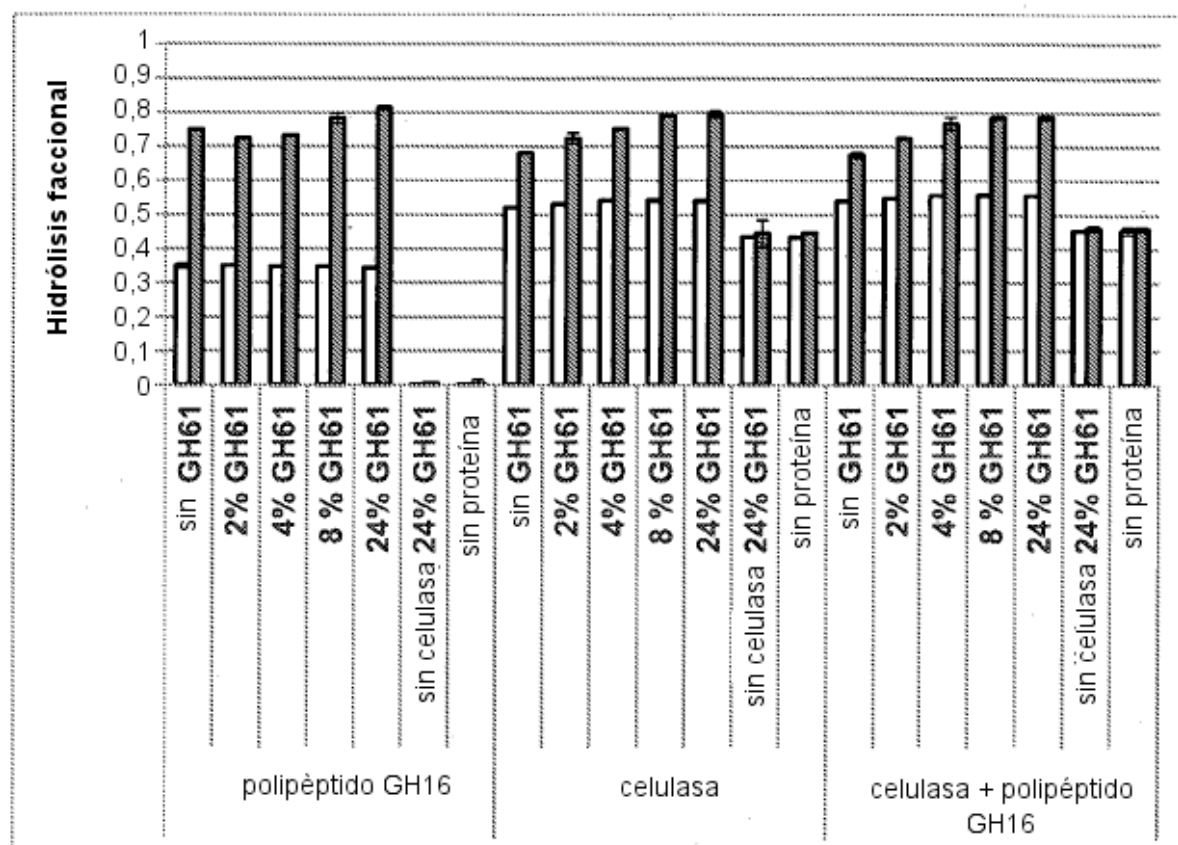


Fig 1B

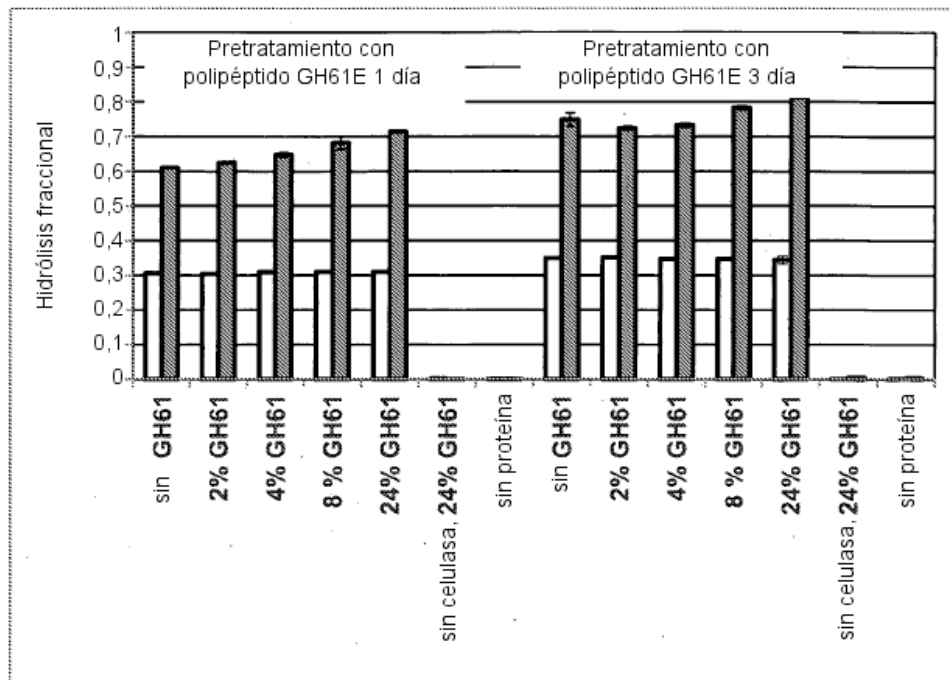


Fig 2