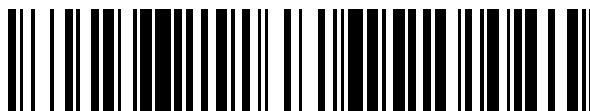


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 464 740**

51 Int. Cl.:

C12N 1/19 (2006.01)

C12N 15/81 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **01.06.2010** **E 10721095 (7)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **26.03.2014** **EP 2438156**

54 Título: **Método para generar un microbio modificado genéticamente**

30 Prioridad:

01.06.2009 US 183031 P

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

03.06.2014

73 Titular/es:

AMYRIS, INC. (100.0%)
5885 Hollis Street Suite 100
Emeryville CA 94608, US

72 Inventor/es:

UBERSAX, JEFFREY, A.

74 Agente/Representante:

VALLEJO LÓPEZ, Juan Pedro

ES 2 464 740 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

Método para generar un microbio modificado genéticamente

5 1. Campo de la invención

Los métodos y composiciones que se proporcionan en el presente documento generalmente se refieren al uso industrial de microorganismos que se han modificado para reducir significativamente el riesgo de su diseminación en la naturaleza, y en particular, la diseminación en la naturaleza de sus secuencias de ADN recombinante. También se proporcionan métodos para producir y usar tales microorganismos genéticamente modificados.

2. Antecedentes

Los avances en tecnología de ADN recombinante ha permitido la producción industrial de sustancias útiles en grandes cantidades por medio de la utilización de procariotas y eucariotas. Entre los eucariotas, las levaduras (en particular las levaduras pertenecientes al género *Saccharomyces*), se han utilizado ampliamente para la producción de productos fermentados. Generalmente, las levaduras pueden crecer rápidamente y se pueden cultivar con una alta densidad en comparación con las bacterias, y no requieren un ambiente aséptico en el centro industrial. Además, las células de levadura se pueden separar fácilmente del medio de cultivo en comparación con las bacterias, lo que simplifica mucho el proceso para la extracción del producto y su purificación. Debido a estas características, las levaduras (en particular las levaduras modificadas genéticamente que portan secuencias de ADN recombinante) se han empleado como huéspedes para la producción de productos útiles, y se ha establecido la utilidad de tales levaduras. Sin embargo, la utilización de levaduras modificadas genéticamente en la industria conlleva un riesgo medioambiental potencial, debido a que la dispersión de tales levaduras, y/o las secuencias de ADN recombinante que están contenida en tales levaduras, puede tener consecuencias impredecibles en el ecosistema. Por tanto existe una necesidad de levaduras que sean adecuadas para las aplicaciones industriales pero que posean un riesgo reducido de que se diseminen y propaguen en la naturaleza, y en particular, posean un riesgo reducido de diseminación de sus secuencias de ADN recombinante en la naturaleza.

Ramírez y col, Applied And Environmental Microbiology, vol. 74, nº 7, Abril 2008 (2008-04), páginas 2129-2134, describen la construcción de levaduras del vino *Saccharomyces cerevisiae* imel Delta-transgénicas incapaces de diseminarse en la naturaleza. Hadfield y col, Current Genetics, vol. 18, nº 4, Noviembre 1990 (1990-11), páginas 303-313, describen la resistencia a G418 como marcador dominante e indicador de la expresión génica en *Saccharomyces cerevisiae*. Mukai y col, Molecular And Cellular Biology vol. 13, nº 4, 1993, páginas 2050-2060, describen la función de la ruta Ste de transducción de señal de feromonas de emparejamiento que sostiene la transcripción de MAT-alfa-1 en *Saccharomyces cerevisiae*.

Sumario de la invención

La presente invención se refiere a métodos para generar cepas de levadura modificadas genéticamente, que están incapacitadas para la esporulación y el emparejamiento endógeno. Los métodos que se proporcionan en el presente documento comprenden la alteración funcional de uno o más genes de esporulación y uno o más genes de respuesta a feromonas en células de levadura haploides modificadas genéticamente, y la inducción de dichas células haploides genéticamente modificadas para formar diploides estables que son sexualmente estériles eficaces y constreñidas en el estado diploide de su ciclo vital debido a su falta de capacidad para emparejarse y esporular. Las cepas de levadura, genéticamente modificadas de acuerdo con los métodos proporcionados en el presente documento encuentran una utilidad en aplicaciones industriales, por ejemplo, en aplicaciones de fermentación industrial y pueden proporcionar la ventaja de poseer un riesgo significativamente reducido de que se diseminen y se propaguen en la naturaleza por medio del emparejamiento con microorganismos del tipo silvestre.

En un aspecto, se proporciona en el presente documento una célula de levadura diploide modificada genéticamente que comprende: (a) una alteración funcional de al menos un gen de esporulación; (b) una alteración funcional de al menos un gen de respuesta a feromonas, en el que el al menos un gen de respuesta a feromonas es diferente del al menos un gen de esporulación; (c) una secuencia de nucleótidos heteróloga integrada cromosómicamente que codifica una proteína de interés; en el que dicha célula de levadura haploide heterotática (*ho*) está incapacitada para la esporulación e incapacitada para el emparejamiento endógeno. En algunas realizaciones, la célula de levadura modificada genéticamente es heterotática (*ho*). En algunas realizaciones, la célula haploide modificada genéticamente comprende además un plásmido recombinante que codifica una proteína de homotalismo (HO). En algunas realizaciones, la célula haploide modificada genéticamente comprende uno o más plásmidos recombinantes que codifican el uno o más genes de respuesta a feromonas que están funcionalmente alterados en dicha célula de levadura.

En algunas realizaciones, la célula de levadura modificada genéticamente útil para la práctica de los métodos proporcionados en el presente documento es una célula de *Saccharomyces cerevisiae*.

En algunas realizaciones, el uno o más genes de esporulación alterados en la célula de levadura modificada genéticamente se seleccionan de entre el grupo que consiste en *IME1*, *IME2*, *NDT80*, *SPO11*, *SPO20*, *AMA1*, *HOP2*, y *SPO21*. En realizaciones particulares, se ha alterado el gen *IME1*. En algunas realizaciones, el uno o más genes de respuesta a feromonas alterados en la célula de levadura modificada genéticamente se seleccionan de entre el grupo que consiste en *STE5*, *STE4*, *STE18*, *STE12*, *STE7*, y *STE11*. En realizaciones particulares el gen *STE5* está alterado. En realizaciones particulares, la célula de levadura genéticamente modificada comprende una alteración funcional de los genes *STE5* e *IME1*. En algunas realizaciones, una célula haploide de la célula de levadura modificada genéticamente comprende una alteración funcional del gen *STE5* y un plásmido recombinante que codifica una proteína *STE5*.

En otro aspecto, se proporciona en el presente documento un método para generar una célula de levadura diploide modificada genéticamente que está incapacitada para la esporulación y emparejamiento endógeno. El método comprende: (a) transformar cada primera y segunda células de levadura haploides modificadas genéticamente con al menos un plásmido que codifica una proteína capaz de complementar la incapacidad de emparejamiento endógeno de dicha primera y segunda células de levadura haploides modificadas genéticamente, en que dicha primera célula de levadura haploide modificada genéticamente está incapacitada para la esporulación y el emparejamiento endógeno y comprende una secuencia de nucleótidos heteróloga integrada cromosómicamente que codifica una proteína de interés, y en que dicha segunda célula de levadura haploide modificada genéticamente está incapacitada para la esporulación y el emparejamiento endógeno, es del tipo de emparejamiento opuesto a la primera célula de levadura haploide modificada genéticamente, y comprende una secuencia de nucleótidos heteróloga integrada cromosómicamente que codifica dicha proteína de interés; (b) emparejar la primera célula de levadura haploide modificada genéticamente con la segunda célula de levadura haploide modificada genéticamente, formando de esta manera una célula de levadura diploide modificada genéticamente; y, (c) eliminar el uno o más plásmidos de la célula de levadura diploide modificada genéticamente, con lo que la célula de levadura diploide modificada genéticamente resultante esté incapacitada para la esporulación y el emparejamiento endógeno, homocigota excepto en su alelo de tipo emparejamiento, y comprende dos copias de una secuencia de nucleótidos heteróloga integrada cromosómicamente que codifica dicha proteína de interés; en que dicha primera célula de levadura haploide modificada genéticamente y la segunda célula de levadura haploide modificada genéticamente están incapacitadas para el emparejamiento endógeno debido a una alteración funcional de al menos un gen de respuesta a feromonas e incapacitadas para la esporulación debido a una alteración funcional de al menos un gen de esporulación, de forma que el al menos un gen de respuesta a las feromonas es diferente del al menos un gen de esporulación.

En algunas realizaciones, el uno o más genes de respuesta a feromonas se seleccionan de entre el grupo que consiste en *STE5*, *STE4*, *STE18*, *STE12*, *STE7*, y *STE11*. En ciertas realizaciones, la primera célula de levadura haploide modificada genéticamente y la segunda célula de levadura haploide modificada genéticamente están incapacitadas para el emparejamiento endógeno debido a una alteración funcional en el gen *STE5*.

En algunas realizaciones, la primera célula de levadura haploide modificada genéticamente y la segunda célula de levadura haploides modificadas genéticamente están incapacitadas para la esporulación debido a una alteración funcional de uno o más genes de esporulación. En algunas de tales realizaciones, el uno o más genes de esporulación se selecciona de entre el grupo que consiste en *IME1*, *IME2*, *NDT80*, *SPO11*, *SPO20*, *AMA1*, *HOP2*, y *SPO21*. En algunas realizaciones, la primera célula de levadura haploide modificada genéticamente está incapacitada para la esporulación debido a una alteración funcional del gen *IME1*. En realizaciones particulares, la primera célula de levadura haploide modificada genéticamente y la segunda célula de levadura haploide modificada genéticamente están incapacitadas para el emparejamiento debido a una alteración funcional del gen *STE5*, y están incapacitadas para la esporulación debido a una alteración funcional del gen *IME1*.

En algunas realizaciones, la segunda célula de levadura haploide modificada genéticamente se obtiene induciendo un cambio en el tipo de emparejamiento en una población de la primera célula de levadura haploide modificada genéticamente. En algunas de tales realizaciones, la primera célula de levadura haploide modificada genéticamente es heterotática (ho), y dicha población se induce a cambiar de tipo de emparejamiento transformando la célula de levadura haploide modificada genéticamente con un plásmido recombinante que codifica la proteína de homotalismo (HO), de forma que la expresión de la proteína HO induce un cambio en el tipo de emparejamiento de la célula de levadura haploide modificada genéticamente.

En otras realizaciones, la segunda célula de levadura haploide modificada genéticamente se obtiene cambiando el locus de tipo de emparejamiento en la primera célula de levadura haploide modificada genéticamente utilizando tecnologías de ADN recombinante. En algunas realizaciones la primera célula de levadura haploide modificada genéticamente está transformada con una construcción de integración que comprende como secuencia de integración una secuencia de nucleótidos que codifica un tipo de emparejamiento distinto que el tipo de emparejamiento de la primera célula de levadura haploide modificada genéticamente, flanqueada por secuencias homólogas que son homólogas a las secuencias de nucleótidos que flanquean el locus del tipo de emparejamiento en la primera célula de levadura haploide modificada genéticamente. En la integración de la secuencia integrante por medio de recombinación homóloga, el locus del tipo de emparejamiento de la primera célula de levadura haploide modificada genéticamente se sustituye por el locus del tipo de emparejamiento codificado por la secuencia de

inserción, dando como resultado la generación de una segunda célula de levadura haploide modificada genéticamente. En algunas realizaciones, la construcción de integración se utiliza para cambiar el tipo de emparejamiento de la primera célula de levadura haploide modificada genéticamente de α a α utilizando una construcción de integración codificante que codifica el tipo de emparejamiento α (MAT α). En algunas realizaciones, la construcción de integración comprende la SEC ID N° 155. En otras realizaciones, la construcción de integración se utiliza para cambiar el tipo de emparejamiento de la primera célula de levadura haploide modificada genéticamente de α a α utilizando una construcción de integración codificante que codifica el tipo de emparejamiento α (MAT α). En algunas realizaciones, la construcción de integración comprende la SEC ID N° 156.

En otro aspecto, se proporciona en el presente documento un método para generar una célula de levadura diploide heterotática (*ho*) incapacitada para la esporulación y emparejamiento endógeno, comprendiendo el método: (a) obtener una primera célula de levadura haploide heterotática modificada genéticamente, en que la primera célula de levadura haploide heterotática modificada genéticamente comprende: (i) una secuencia de nucleótidos heteróloga integrada cromosómicamente que codifica una proteína de interés; y (ii) alteraciones funcionales en el gen *STE5* y el gen *IME1*; (b) transformar una población de la primera célula de levadura haploide heterotática modificada genéticamente con un plásmido que comprende un polinucleótido que codifica una proteína de homotalismo (HO), de forma que la expresión de la proteína HO induce un cambio del tipo de emparejamiento de la primera célula de levadura haploide heterotática modificada genéticamente, de manera que se obtiene una segunda célula de levadura haploide heterotática modificada genéticamente, en que la segunda célula de levadura haploide modificada genéticamente es del tipo de emparejamiento opuesto a la primera célula de levadura haploide modificada genéticamente, y comprende (i) una secuencia de nucleótidos heteróloga integrada cromosómicamente que codifica dicha proteína de interés; y (ii) alteraciones funcionales del gen *STE5* y el gen *IME1*; (c) transformar la primera y la segunda células de levadura haploides heterotáticas con un plásmido que codifica un gen *STE5*; (d) emparejando la primera célula de levadura haploide modificada genéticamente con la segunda célula de levadura haploide modificada genéticamente, formado de esta manera una célula de levadura diploide modificada genéticamente; y (e) eliminar cualquier plásmido de la célula de levadura diploide modificada genéticamente, de forma que la célula de levadura diploide heterotática modificada genéticamente resultante está incapacitada para la esporulación y el emparejamiento endógeno.

También se proporciona en el presente documento una célula de levadura diploide heterotática (*ho*) que carece de capacidad para la esporulación y el emparejamiento endógeno que es homocigota excepto por su alelo de tipo de emparejamiento generada por los métodos presentes.

También se proporciona en el presente documento una célula de levadura diploide MAT α/a *ste5/ste5 ime1/ime1* que es homocigota excepto en su alelo de tipo de emparejamiento.

3. Breve descripción de las Figuras

La FIG.1 proporciona la estructura de la construcción de alteración Fase I y del locus diana después de la integración de la secuencia de alteración por recombinación homóloga.

La FIG. 2 proporciona la estructura de la construcción de alteración Fase II y del locus diana después de la integración de la secuencia de alteración por recombinación homóloga.

La FIG. 3 proporciona la estructura de la construcción de alteración Fase III y del locus diana después de la integración de la secuencia de alteración por recombinación homóloga.

La FIG. 4 proporciona la estructura de la construcción de reciclado del marcador Fase I y del locus diana después de la integración de la construcción por recombinación homóloga.

La FIG. 5 proporciona la estructura de la construcción de reciclado del marcador Fase II y del locus diana después de la integración de la construcción por recombinación homóloga.

La FIG. 6 proporciona la estructura de la construcción de reciclado del marcador Fase III y del locus diana después de la integración de la construcción por recombinación homóloga.

La FIG. 7 proporciona la estructura de la construcción de alteración de *STE5* y del locus diana después de la integración de la secuencia de alteración por recombinación homóloga.

La FIG. 8 proporciona la estructura de la construcción de alteración de *IME1* y del locus diana después de la integración de la secuencia de alteración por recombinación homóloga.

La FIG. 9 proporciona una comparación de la capacidad de emparejamiento de células Y1915 haploides modificadas genéticamente con incapacidad para el emparejamiento endógeno y células Y1912 modificadas genéticamente competentes para el emparejamiento endógeno.

La FIG. 10 proporciona una comparación de la capacidad de esporulación de células Y1979 diploides modificadas genéticamente incapacitadas para la esporulación y el emparejamiento endógeno y las células Y1198 no modificadas genéticamente competentes para el emparejamiento endógeno y la esporulación.

La FIG. 11 proporciona una comparación de la supervivencia en el suelo de células Y1979 diploides modificadas genéticamente incapacitadas para la esporulación y el emparejamiento endógeno y las células Y1198 no modificadas genéticamente competentes para la esporulación y el emparejamiento endógeno.

5. Descripción detallada de las realizaciones

5.1 Terminología

- 5 Como se utiliza en el presente documento, el término “heterólogo” se refiere a que no se encuentra normalmente en la naturaleza. La expresión “secuencia de nucleótidos heteróloga” se refiere a una secuencia de nucleótidos que no se encuentra normalmente en una célula determinada en la naturaleza. Como tal, una secuencia de nucleótidos heteróloga puede ser: (a) ajena a su célula huésped (es decir, es “exógena” para la célula); (b) se encuentra naturalmente en la célula huésped (es decir, “endógena”) pero se presenta en una cantidad no natural en la célula (es decir en una cantidad menor o mayor que la que se encuentra naturalmente en la célula huésped); o (c) se encuentra naturalmente en la célula huésped pero se posiciona fuera de su locus natural.

- 15 Como se utiliza en el presente documento, “funcionalmente alterado” o una “alteración funcional” de un gen diana, por ejemplo un gen de respuesta a feromonas o un gen de esporulación, significa que el gen diana está alterado de tal manera que disminuye en la célula huésped la actividad de la proteína codificada por el gen diana. En algunas realizaciones, la actividad de la proteína codificada por el gen diana se ha eliminado en la célula huésped. En otras realizaciones, la actividad de la proteína codificada por el gen diana está disminuida en la célula huésped. La alteración funcional del gen diana se puede conseguir eliminando todo o parte del gen de tal manera que se elimina o reduce la expresión génica, o de forma que la actividad del producto génico se elimina o reduce. La alteración funcional del gen diana también se puede conseguir por mutación de un elemento regulador del gen, por ejemplo, el promotor del gen, de forma que se elimina o se reduce la expresión, o por mutación de la secuencia codificante del gen de forma que la actividad del producto génico se elimina o reduce. En algunas realizaciones, la alteración funcional del gen diana da como resultado la eliminación de la fase de lectura abierta completa del gen diana.

- 25 Como se utiliza en el presente documento, “emparejamiento endógeno” y “capacidad de emparejamiento endógeno” se refiere a la capacidad de las células microbianas haploides para el emparejamiento con tipos opuestos, es decir los tipos de emparejamiento α y α , para formar una célula diploide en ausencia de expresión del gen heterólogo, por ejemplo, la expresión de una copia heteróloga de un gen de respuesta a las feromonas o de cualquier gen capaz de inducir el emparejamiento entre tales haploides.

- 30 Como se utiliza en el presente documento “incapacidad de emparejamiento endógeno” se refiere a una reducción en la capacidad de emparejamiento endógeno de una célula microbiana que es suficiente para inhibir el emparejamiento en una población de haploides de tal célula microbiana, con respecto a una población de células microbianas haploides tipo silvestre. En algunas realizaciones, la inhibición comprende una reducción de al menos el 10 %, 20 %, 30 %, 40 %, 50 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, o 95 % en la tasa de emparejamiento de una población de células microbianas haploides con respecto a la tasa de emparejamiento de una población de células microbianas haploides de tipo silvestre.

- 40 Como se utiliza en el presente documento, “esporulación incapacitada” se refiere a una reducción en la actividad de esporulación de una célula microbiana diploide suficiente para inhibir la esporulación en una población de diploides de tales células microbianas, con respecto a una población de células microbianas diploides de tipo silvestre. En algunas realizaciones, la inhibición comprende una reducción de al menos el 10 %, 20 %, 30 %, 40 %, 50 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, o 95 % de la tasa de esporulación de una población de células microbianas diploides con respecto a la tasa de esporulación de una población de células microbianas diploides tipo silvestre.

- 45 Como se utiliza en el presente documento, el término “complementación” en el contexto de un gen se refiere a un gen que tiene la habilidad para reemplazar la función de un gen alterado funcionalmente, por ejemplo, un gen de esporulación o respuesta a las feromonas alterado funcionalmente. En algunas realizaciones, el mecanismo de función del gen complementario y el gen alterado no necesita ser idéntico. En algunas realizaciones, un gen diana, por ejemplo, un gen de esporulación o un gen de respuesta a feromonas, que se ha alterado funcionalmente se puede complementar por un gen heterólogo que produce una proteína homóloga a la proteína codificada por el gen alterado o una proteína que proporciona un fenotipo que permita, por ejemplo la esporulación o el emparejamiento por medio de un mecanismo alternativo.

55 **5.2 Microbios genéticamente modificados y métodos para producir los mismos**

- Se proporcionan en el presente documento composiciones que comprenden un microbio modificado genéticamente, por ejemplo una célula de levadura modificada genéticamente (por ejemplo, una célula de *Saccharomyces cerevisiae* modificada genéticamente), que está incapacitada funcionalmente para su esporulación y/o su capacidad de emparejamiento endógeno, y métodos y materiales para generar tales composiciones. Los métodos proporcionados en el presente documento interrumpen el ciclo reproductivo sexual del microbio para minimizar la diseminación del microbio en la naturaleza y para minimizar la probabilidad de un cambio de material genético entre el microbio genéticamente modificado y el microbio de tipo silvestre que no está afectado en su capacidad para diseminarse en la naturaleza.

Muchas células fúngicas, por ejemplo, las células de levadura, se pueden reproducir tanto sexual como asexualmente. La reproducción asexual implica solo una célula parental y posibilita el rápido crecimiento de la población. Por el contrario, la reproducción sexual implica la formación y fusión de gametos, y permite la generación más rápida de diversidad genética por transferencia genética lateral entre las células. La reproducción sexual en las células fúngicas asume que hay dos estados celulares a lo largo de su ciclo vital, uno es un estado celular diploide y el otro es un estado celular haploide. Las células fúngicas diploides generalmente son muy estables, y generalmente permanecerán en la fase diploide a menos que se encuentren con uno o varios estímulos medioambientales particulares (por ejemplo, una falta de nutrientes). Cuando se encuentran con uno o más de tales estímulos, las células diploides esporulan para formar cuatro esporas haploides (llamadas tétradas). Cuando vuelven las condiciones favorables, estas esporas haploides germinan para producir cuatro células haploides (dos de tipo de emparejamiento a, y dos de tipo de emparejamiento alfa), que se pueden emparejar entonces con otras células haploides del tipo de emparejamiento opuesto para formar de nuevo una célula diploide.

La capacidad de las células fúngicas diploides para esporular y de las células fúngicas haploides para emparejarse depende de la función de productos génicos específicos. Entre estas células de levadura hay productos de los genes de esporulación, tales como los genes *IME1*, *IME2*, *NDT80*, *SPO11*, *SPO20*, *AMA1*, *HOP2*, y *SPO21*, y productos de los genes de respuesta a feromonas, tales como los genes *STE5*, *STE4*, *STE18*, *STE12*, *STE7* y *STE11*.

En un aspecto, en el presente documento se proporciona una célula fúngica haploide modificada genéticamente que está incapacitada para la esporulación y/o emparejamiento endógeno, y comprende una secuencia de nucleótido heteróloga integrada cromosómicamente que codifica una proteína de interés. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide en la que al menos un gen de esporulación y/o al menos un gen de respuesta a feromonas se ha alterado funcionalmente.

En algunas realizaciones, la célula fúngica genéticamente modificada es una célula de levadura haploide en la que uno o más de los siguientes genes de esporulación están funcionalmente alterados: *IME1*, *IME2*, *NDT80*, *SPO11*, *SPO20*, *AMA1*, *HOP2*, y *SPO21*. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide cuyo gen *IME1* está funcionalmente alterado. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide en la que el gen *IME2* está funcionalmente alterado. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide en la que el gen *NDT80* está funcionalmente alterado. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide en la que el gen *SPO11* está funcionalmente alterado. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide que tiene el gen *AMA1* funcionalmente alterado. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide que tiene el gen *HOP2* funcionalmente alterado. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide que tiene el gen *SPO21* funcionalmente alterado. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide en la que más de un gen de esporulación, seleccionados de entre el grupo que consiste en *IME1*, *IME2*, *NDT80*, *SPO11*, *SPO20*, *AMA1*, *HOP2*, y *SPO21* están alterados. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide en la que más de dos genes de esporulación seleccionados de entre el grupo que consiste en *IME1*, *IME2*, *NDT80*, *SPO11*, *SPO20*, *AMA1*, *HOP2*, y *SPO21* están alterados. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide en la que más de tres genes de esporulación seleccionados de entre el grupo que consiste en *IME1*, *IME2*, *NDT80*, *SPO11*, *SPO20*, *AMA1*, *HOP2*, y *SPO21* están alterados. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide en la que más de cuatro genes de esporulación seleccionados de entre el grupo que consiste en *IME1*, *IME2*, *NDT80*, *SPO11*, *SPO20*, *AMA1*, *HOP2*, y *SPO21* están alterados.

En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide en la que uno o más de los siguientes genes de respuesta a feromonas está funcionalmente alterado: *STE5*, *STE4*, *STE18*, *STE12*, *STE7*, y *STE11*. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide cuyo gen *STE5* está funcionalmente alterado. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide cuyo gen *STE4* está funcionalmente alterado. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide cuyo gen *STE18* está funcionalmente alterado. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide cuyo gen *STE12* está funcionalmente alterado. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide cuyo gen *STE7* está funcionalmente alterado. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide cuyo gen *STE11* está funcionalmente alterado. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide en la que más de un gen de esporulación, seleccionados de entre el grupo que consiste en *STE5*, *STE4*, *STE18*, *STE12*, *STE7*, y *STE11* está alterado. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide en la que más de dos genes de esporulación seleccionados de entre el grupo que consiste en *STE5*, *STE4*, *STE18*, *STE12*, *STE7*, y *STE11* está alterado. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide en la que más de tres genes de esporulación seleccionados de entre el grupo que consiste en *STE5*, *STE4*, *STE18*, *STE12*, *STE7*, y *STE11* está alterado. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide en la que más de cuatro genes de esporulación seleccionados de entre el grupo que consiste en

algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide cuyo gen *HOP2* y gen *STE7* están funcionalmente alterados. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide cuyo gen *SPO21* y gen *STE7* están funcionalmente alterados.

- 5 En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide cuyo gen *IME1* y gen *STE11* están funcionalmente alterados. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide cuyo gen *IME2* y gen *STE11* están funcionalmente alterados. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide cuyo gen *NDT80* y gen *STE11* están funcionalmente alterados. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide cuyo gen *SPO11* y gen *STE11* están funcionalmente alterados. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide cuyo gen *SPO20* y gen *STE11* están funcionalmente alterados. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide cuyo gen *AMA1* y gen *STE11* están funcionalmente alterados. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide cuyo gen *HOP2* y gen *STE11* están funcionalmente alterados. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide cuyo gen *SPO21* y gen *STE11* están funcionalmente alterados.

- En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide que comprende una copia cromosómica funcionalmente alterada de uno o más genes de respuesta a feromonas, y uno o más plásmidos recombinantes que comprenden una copia funcional extracromosómica de una secuencia codificante de dicho uno o más genes de respuesta a feromonas. En algunas realizaciones la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide que comprende un gen *STE5* funcionalmente alterado y un plásmido recombinante que comprende una copia extracromosómica de una secuencia codificante del gen *STE5*. En algunas realizaciones la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide que comprende un gen *STE4* funcionalmente alterado y un plásmido recombinante que comprende una copia extracromosómica de una secuencia codificante del gen *STE4*. En algunas realizaciones la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide que comprende un gen *STE18* funcionalmente alterado y un plásmido recombinante que comprende una copia extracromosómica de una secuencia codificante del gen *STE18*. En algunas realizaciones la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide que comprende un gen *STE12* funcionalmente alterado y un plásmido recombinante que comprende una copia extracromosómica de una secuencia codificante del gen *STE12*. En algunas realizaciones la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide que comprende un gen *STE7* funcionalmente alterado y un plásmido recombinante que comprende una copia extracromosómica de una secuencia codificante del gen *STE7*. En algunas realizaciones la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura haploide que comprende un gen *STE11* funcionalmente alterado y un plásmido recombinante que comprende una copia extracromosómica de una secuencia codificante del gen *STE11*.

- En otro aspecto, en el presente documento se proporciona una célula fúngica diploide modificada genéticamente que es incapaz de esporulación y/o emparejamiento endógeno y que comprende dos copias de una secuencia de nucleótidos heteróloga cromosómicamente integrada que codifica una proteína de interés. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura diploide en la que ambas copias de al menos un gen de esporulación y/o ambas copias de al menos un gen de respuesta a feromonas se han alterado funcionalmente.

- En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura diploide en la que dos copias de uno o más de los siguientes genes de esporulación están funcionalmente alterados: *IME1*, *IME2*, *NDT80*, *SPO11*, *SPO20*, *AMA1*, *HOP2*, y *SPO21*. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura diploide en la que ambas copias del gen *IME1* están funcionalmente alteradas. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura diploide en la que ambas copias de uno o más de los siguientes genes de respuesta a feromonas están funcionalmente alterados: *STE5*, *STE4*, *STE18*, *STE12*, *STE7*, y *STE11*. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura diploide en la que ambas copias del gen *STE5* están funcionalmente alteradas. En otras realizaciones más, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura diploide en la que ambas copias de al menos un gen de esporulación y ambas copias de al menos un gen de respuesta a feromonas están funcionalmente alteradas. En algunas realizaciones, la célula fúngica modificada genéticamente es una célula de levadura diploide en la que ambas copias del gen *IME1* y ambas copias del gen *STE5* están funcionalmente alteradas.

- En algunas realizaciones, la célula fúngica diploide modificada genéticamente es homocigota excepto en su alelo del tipo de emparejamiento. Por ejemplo, si la célula fúngica diploide modificada genéticamente tiene que esporular, las cuatro células fúngicas haploides resultantes deberían ser genéticamente idénticas excepto por su alelo de tipo de emparejamiento. En tal caso, dos de las células haploides serían del tipo de emparejamiento α y las otras dos células haploides serían del tipo de emparejamiento a . En algunas realizaciones, la célula fúngica diploide no incluye un gen heterólogo que confiere resistencia a un compuesto antibiótico.

La célula fúngica diploide modificada genéticamente proporcionada en la presente invención posee varias protecciones contra la propagación no deseada de las secuencias de nucleótidos heterólogas contenidas en la misma. Primero, las células fúngicas diploides generalmente son muy estables y, en su estado diploide, no se pueden emparejar con otras células fúngicas. Segundo, la célula fúngica diploide proporcionada en la presente invención tiene una capacidad reducida para esporular y por tanto, incluso en presencia del estímulo medioambiental apropiado, tiene poca o ninguna capacidad para formar esporas. Tercero, en el improbable caso de que se formen esporas, las células fúngicas haploides resultantes tienen una capacidad reducida para emparejarse. En conjunto, la naturaleza deficiente de esporulación y emparejamiento de la célula fúngica modificada genéticamente proporcionada en la presente invención reduce la posibilidad de la migración de secuencias heterólogas de nucleótidos a células fúngicas tipo silvestre.

En otro aspecto, se describe aquí un método para generar una célula fúngica haploide modificada genéticamente que se describe en el presente documento. En algunas realizaciones, el método comprende:

- (a) obtener una primera célula fúngica haploide modificada genéticamente, en que la primera célula fúngica haploide modificada genéticamente está incapacitada para la esporulación y el emparejamiento endógeno y comprende una secuencia heteróloga de nucleótidos integrada cromosómicamente que codifica una proteína de interés;
- (b) obtener una segunda célula fúngica haploide modificada genéticamente, en que la segunda célula fúngica haploide modificada genéticamente está incapacitada para la esporulación y el emparejamiento endógeno, es del tipo de emparejamiento opuesto que la primera célula fúngica haploide modificada genéticamente, y comprende una secuencia heteróloga de nucleótidos integrada cromosómicamente que codifica dicha proteína de interés; (c) transformar tanto la primera como la segunda células fúngicas haploides modificadas genéticamente con uno o más plásmidos que codifican una proteína capaz de complementar la deficiencia de emparejamiento endógeno de dicha primera y segunda células fúngicas haploides modificadas genéticamente; (d) emparejar la primera célula fúngica haploide modificada genéticamente con la segunda célula fúngica haploide modificada genéticamente, formando de esta manera una célula fúngica diploide modificada genéticamente; y (e) eliminar el uno o más plásmidos de la célula fúngica diploide modificada genéticamente, de forma que la célula fúngica diploide modificada genéticamente resultante está incapacitada para la esporulación y el emparejamiento endógeno y comprende dos copias de una secuencia heteróloga de nucleótidos integrada cromosómicamente que codifica dicha proteína de interés.

En algunas realizaciones, la primera célula fúngica haploide modificada genéticamente y la segunda célula fúngica haploide modificada genéticamente están incapacitadas para el emparejamiento endógeno debido a una alteración funcional de uno o más genes de respuesta a feromonas. En algunas realizaciones, la etapa (c) del método descrito anteriormente comprende la transformación de la primera y la segunda células fúngicas haploides modificadas genéticamente con uno o más plásmidos que codifican una copia funcional de uno o más de los genes de respuesta a las feromonas que están alterados funcionalmente en dicha primera y segunda células fúngicas haploides modificadas genéticamente. En algunas realizaciones, la primera y segunda células fúngicas modificadas genéticamente son células de levadura haploides y el uno o más genes de respuesta a las feromonas se seleccionan de entre el grupo que consiste en *STE5*, *STE4*, *STE18*, *STE12*, *STE7*, y *STE11*. En ciertas realizaciones, la primera y segunda células fúngicas haploides modificadas genéticamente son células de levadura haploides que tienen incapacidad para el emparejamiento endógeno debido a una alteración funcional del gen *STE5*.

En algunas realizaciones, la primera célula fúngica haploide modificada genéticamente y la segunda célula fúngica haploide modificada genéticamente están incapacitadas para la esporulación debido a una alteración funcional de uno o más genes de esporulación. En algunas realizaciones, la primera y segunda células fúngicas haploides modificadas genéticamente son células de levadura haploides, y el uno o más genes de esporulación se seleccionan de entre el grupo que consiste en *IME1*, *IME2*, *NDT80*, *SPO11*, *SPO20*, *AMA1*, *HOP2*, y *SPO21*. En algunas realizaciones, la primera y segunda células fúngicas haploides modificadas genéticamente son células de levadura haploides que están incapacitadas para la esporulación debido a una alteración funcional del gen *IME1*. En realizaciones particulares, la primera y segunda células fúngicas haploides modificadas genéticamente son células de levadura haploides que están incapacitadas para el emparejamiento endógeno debido a una alteración funcional del gen *STE5*, y están incapacitadas para la esporulación debido a una alteración funcional del gen *IME1*.

En algunas realizaciones, la segunda célula fúngica haploide modificada genéticamente se obtiene induciendo un cambio en el tipo de emparejamiento de la primera célula fúngica haploide modificada genéticamente. En ciertas realizaciones, la primera célula fúngica haploide modificada genéticamente es una célula haploide heterotática (ho) de *Saccharomyces cerevisiae*, y se induce un cambio en el tipo de emparejamiento de dicha población celular de *Saccharomyces cerevisiae* haploide heterotática (ho) transformando dicha célula de *Saccharomyces cerevisiae* haploide heterotática (ho) con un plásmido que codifica la proteína de homotalismo (HO), de forma que la expresión de la proteína HO induce un cambio de tipo de emparejamiento en la célula de *Saccharomyces cerevisiae* haploide para producir una segunda célula de *Saccharomyces cerevisiae* haploide modificada genéticamente. Las células de *Saccharomyces cerevisiae* haploides heterotáticas (ho) se caracterizan por la virtual falta de cambio espontáneo del tipo de emparejamiento (una frecuencia de solo 10^{-6}). Expresando transitoriamente la proteína HO, la frecuencia de cambios espontáneos del tipo de emparejamiento en una células de *Saccharomyces cerevisiae* haploide se puede

incrementar hasta una vez cada división celular, proporcionando una población de células haploide de tipos de emparejamiento opuestos que se pueden emparejar entre ellos produciendo células de *Saccharomyces cerevisiae* diploides.

- 5 En otro aspecto, en el presente documento se proporciona un método para generar una célula de levadura diploide heterotática (ho) modificada genéticamente que carece de capacidad de esporulación y emparejamiento endógeno, comprendiendo el método: (a) obtener una primera célula de levadura haploide heterotática modificada genéticamente, en que la primera célula de levadura haploide heterotática modificada genéticamente comprende: (i) una secuencia de nucleótidos heteróloga integrada cromosómicamente; y (ii) alteraciones funcionales en uno más genes de esporulación y en uno o más genes de respuesta a feromonas; (b) transformar una población de la primera célula de levadura haploide heterotática modificada genéticamente con un plásmido que codifica una proteína de homotalismo (HO) para producir una primera célula de levadura haploide modificada genéticamente, en la que la expresión de la proteína HO induce un cambio en el tipo de emparejamiento de la primera célula de levadura haploide modificada genéticamente, de tal forma que se obtiene una segunda célula de levadura haploide modificada genéticamente, en que la segunda célula de levadura haploide modificada genéticamente es del tipo de emparejamiento opuesto de la primera célula de levadura haploide modificada genéticamente y comprende: (i) una secuencia de nucleótidos heteróloga integrada cromosómicamente que codifica dicha proteína de interés; y (ii) alteraciones funcionales en uno o más genes de esporulación y uno o más genes de respuesta a feromonas; (c) transformar cada primera y segunda célula de levadura haploide modificada genéticamente con un plásmido que codifica una o más proteínas de respuesta a feromonas que están alteradas funcionalmente en dichas primera y segunda células de levadura haploides; (d) emparejar la primera célula de levadura haploide modificada genéticamente con la segunda célula de levadura haploide modificada genéticamente, de manera que se forma una célula de levadura diploide modificada genéticamente que es homocigota excepto en su alelo de tipo de emparejamiento; y (e) eliminar cualquier plásmido de la célula de levadura diploide modificada genéticamente para producir un célula de levadura diploide heterotática modificada genéticamente, en la que la célula de levadura diploide heterotática modificada genéticamente está incapacitada para la esporulación y el emparejamiento endógeno y comprende dos copias de una secuencia de nucleótidos heteróloga integrada cromosómicamente que codifica dicha proteína de interés.
- 30 Aunque las etapas de los métodos proporcionados en el presente documento y descritos en mayor detalle posteriormente están presentadas en orden secuencial, un experto en la técnica reconocerá que el orden de varias etapas se puede intercambiar, combinar o repetir sin sobrepasar el ámbito de la invención. Por tanto, en algunas realizaciones una célula de levadura heterotática (ho) modificada genéticamente que carece de capacidad para la esporulación y el emparejamiento endógeno se genera transformando primero una célula de levadura haploide heterotática modificada genéticamente con un plásmido que codifica una o más proteínas de respuesta a feromonas que está funcionalmente alterada en dicha célula de levadura haploide heterotática modificada genéticamente, y luego transformando la célula con un plásmido que codifica la proteína de homotalismo (HO). En otras realizaciones, la célula de levadura diploide heterotática (ho) genéticamente modificada que carece de capacidad para la esporulación y el emparejamiento endógeno se genera transformando simultáneamente una célula de levadura haploide heterotática modificada genéticamente con un plásmido que codifica una o más proteínas e respuesta a feromonas que están alteradas funcionalmente en dicha célula de levadura haploide heterotática modificada genéticamente, y un plásmido que codifica una proteína de homotalismo (HO).

5.2.1 Selección de microbios

- 45 Los microbios útiles en la práctica de los métodos proporcionados en el presente documento incluyen organismos eucariotas unicelulares, particularmente hongos, y más particularmente levaduras.

En algunas realizaciones, las levaduras útiles en los métodos presentes incluyen levaduras que se han depositado en depósitos de microorganismos (por ejemplo, IFO, ATCC, etc.) y pertenecen a los géneros *Aciculoconidium*, *Ambrosiozyma*, *Arthroascus*, *Arxiozyma*, *Ashbya*, *Babjevia*, *Bensingtonia*, *Botryoascus*, *Botryozyma*, *Brettanomyces*, *Bullera*, *Bulleromyces*, *Candida*, *Citeromyces*, *Clavispora*, *Cryptococcus*, *Cystofilobasidium*, *Debaryomyces*, *Dekkara*, *Dipodascopsis*, *Dipodascus*, *Eeniella*, *Endomycopsella*, *Eremascus*, *Eremothecium*, *Erythrobasidium*, *Fellomyces*, *Filobasidium*, *Galactomyces*, *Geotrichum*, *Guilliermondella*, *Hanseniaspora*, *Hansenula*, *Hasegawaea*, *Holtermannia*, *Hormoascus*, *Hyphopichia*, *Issatchenkia*, *Kloeckera*, *Kloeckeraspora*, *Kluyveromyces*, *Kondoa*, *Kuraishia*, *Kurtzmanomyces*, *Leucosporidium*, *Lipomyces*, *Lodderomyces*, *Malassezia*, *Metschnikowia*, *Mrakia*, *Myxozyma*, *Nadsonia*, *Nakazawaea*, *Nematospora*, *Ogataea*, *Oosporidium*, *Pachysolen*, *Phachytichospora*, *Phaffia*, *Pichia*, *Rhodospiridium*, *Rhodotorula*, *Saccharomyces*, *Saccharomycodes*, *Saccharomycopsis*, *Saitoella*, *Sakaguchia*, *Saturnospora*, *Schizoblastosporion*, *Schizosaccharomyces*, *Schwanniomyces*, *Sporidiobolus*, *Sporobolomyces*, *Sporopachydermia*, *Stephanoascus*, *Sterigmatomyces*, *Sterigmatosporidium*, *Symbiotaphrina*, *Sympodiomyces*, *Sympodiomycopsis*, *Torulaspora*, *Trichosporiella*, *Trichosporon*, *Trigonopsis*, *Tsuchiyaea*, *Udeniomyces*, *Waltomyces*, *Wickerhamia*, *Wickerhamiella*, *Williopsis*, *Yamadazyma*, *Yarrowia*, *Zygoascus*, *Zygosaccharomyces*, *Zygowillipsis*, y *Zygozyma*, entre otros.

- 65 En algunas realizaciones, el microbio es *Saccharomyces cerevisiae*, *Pichia pastoris*, *SchizoSaccharomyces pombe*, *Dekkera bruxellensis*, *Kluyveromyces lactis* (llamado anteriormente *Saccharomyces lactis*), *Kluveromyces*

marxianus, *Arxula adenivorans*, o *Hansenula polymorpha* (ahora conocido como *Pichia angusta*). En algunas realizaciones, el microbio es una cepa del género *Candida*, tales como *Candida lipolytica*, *Candida guilliermondii*, *Candida krusei*, *Candida pseudotropicalis*, o *Candida utilis*.

- 5 En una realización en particular, el microbio es *Saccharomyces cerevisiae*. Cepas de *Saccharomyces cerevisiae* que se utilizan en la industria incluyen la levadura de Baker, CBS 7959, CBS 7960, CBS 7961, CBS 7962, CBS 7963, CBS 7964, IZ-1904, TA, BG-1, CR-1, SA-1, M-26, Y-904, PE-2, PE-5, VR-1, BR-1, BR-2, ME-2, VR-2, MA-3, MA-4, CAT-1, CB-1, NR-1, BT- 1, y AL-1.
- 10 En algunas realizaciones, el microbio es un microbio que es adecuado para la fermentación industrial, por ejemplo la fermentación de bioetanol. En realizaciones particulares, el microbio está condicionado a subsistir bajo concentraciones altas de disolvente, alta temperatura, utilización de sustrato expandido, limitación de nutrientes, estrés osmótico debido a azúcar y sales, acidez, sulfitos y contaminación bacteriana, o combinaciones de los mismos, que son condiciones reconocidas de arco de estrés del ambiente de fermentación industrial.

15

5.2.2 Modificación genética de microbios

- Los métodos para modificar genéticamente microbios que utilizan plásmidos recombinantes o vectores de integración cromosómica se conocen bien en la técnica. Véase, por ejemplo, Sherman, F., y col., *Methods Yeast Genetics*, Cold Spring Harbor Laboratory, N.Y. (1978); Guthrie, C., y col. (Eds.) *Guide To Yeast Genetics and Molecular Biology* Vol. 194, Academic Press, San Diego (1991); Sambrook y col., 2001, *Molecular Cloning -- A Laboratory Manual*, 3ª edición, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY; and Ausubel y col., eds., *Current Edition, Current Protocols in Molecular Biology*, Greene Publishing Associates and Wiley Interscience, NY.
- 20
- 25 En algunas realizaciones, el microbio se modifica genéticamente para comprender una o más secuencias de nucleótidos heterólogas que codifican enzimas de una nueva ruta metabólica, es decir, una ruta metabólica que produce un metabolito que no produce el microbio endógenamente. En otras realizaciones, el microbio se modifica genéticamente para comprender una o más secuencias de nucleótidos heterólogas que codifican enzimas de una ruta metabólica que es endógena del microbio, es decir, una ruta metabólica que produce un metabolito que produce
- 30 el microbio endógenamente.

- En algunas realizaciones, los métodos de la presente invención necesitan el uso de plásmidos recombinantes para la expresión transitoria en el microbio de una proteína particular tal como la que codifica uno de los genes de respuesta a las feromonas u *HO*. Ejemplos ilustrativos de los plásmidos recombinantes adecuados para su uso en células de levadura incluyen CEN / ARS y plásmidos 2μ.
- 35

- En algunas realizaciones, los microbios de la presente invención no comprenden una secuencia de nucleótidos heteróloga que codifica resistencia a antibióticos. Los marcadores de resistencia a antibióticos se utilizan comúnmente en la construcción de células genéticamente modificadas. En tales realizaciones de la presente invención en la que se utilizan marcadores de resistencia a antibióticos para marcar modificaciones genéticas introducidas en el microbio, estos marcadores son posteriormente eliminados después de que se han hecho todas las modificaciones genéticas deseadas en el microbio. De manera alternativa, se pueden utilizar otras herramientas de selección en la construcción de microbios modificados genéticamente, tales como la complementación auxotrófica (por ejemplo, *HIS3*, *LEU2*, *LYS1*, *MET15*, *TRP1*, *ADE2*, *URA3*, y *LYS2*).
- 40
- 45

5.2.3. Alteración de los genes de esporulación y/o respuesta a feromonas

- Los métodos proporcionados en el presente documento comprenden una etapa de alteración funcional de uno o más genes de esporulación y/o uno o más genes de respuesta a feromonas en una célula microbiana modificada genéticamente. En algunas realizaciones, la alteración de uno o más genes de esporulación da como resultado una célula microbiana modificada genéticamente que carece de capacidad de esporulación. En particular, las células microbianas diploides modificadas genéticamente carecen de capacidad de esporulación. En algunas realizaciones, la alteración de uno o más genes de respuesta a feromonas da como resultado una célula microbiana que está incapacitada para el emparejamiento endógeno.
- 50
- 55

- En algunas realizaciones, la alteración de un gen de esporulación o de respuesta a feromonas se consigue utilizando una construcción de alteración que es capaz de alterar específicamente un gen de esporulación o de respuesta a feromonas diana al introducirse la construcción en la célula microbiana, de forma que se produce un gen alterado no funcional. En algunas realizaciones, la alteración del gen diana evita la expresión de una proteína funcional. En algunas realizaciones, la alteración del gen diana da como resultado la expresión de una proteína no funcional a partir del gen alterado. En algunas realizaciones la alteración de un gen de esporulación o de respuesta a feromonas diana se consigue por la integración de una "secuencia de alteración" en el locus del gen diana por recombinación homóloga. En tales realizaciones, la construcción de alteración comprende una secuencia de alteración flanqueada por un par de secuencias de nucleótidos que son homólogas a un par de secuencias de nucleótidos del locus del gen diana (secuencias homólogas). En la sustitución de una parte determinada del gen diana por la construcción de alteración, la secuencia de alteración evita la expresión de una proteína funcional, o
- 60
- 65

produce la expresión de una proteína no funcional, a partir del gen diana.

Las construcciones de alteración capaces de alterar uno o más genes de esporulación o de respuesta a feromonas se puede construir utilizando técnicas de referencia de biología molecular bien conocidas en la técnica. Véase, por ejemplo, Sambrook y col., 2001, *Molecular Cloning -- A Laboratory Manual*, 3ª edición, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY, y Ausubel y col., eds., *Current Edition, Current Protocols in Molecular Biology*, Greene Publishing Associates and Wiley Interscience, NY. Los parámetros de la construcción de alteración que se pueden variar en la práctica de los presentes métodos incluyen, pero sin limitarse a estos, las longitudes de las secuencias homólogas; la secuencia de nucleótidos de las secuencias homólogas; la longitud de la secuencia de alteración, la secuencia de nucleótidos de la secuencia de alteración; y la secuencia de nucleótidos del gen diana. En algunas realizaciones, un intervalo eficaz de longitud de cada secuencia homóloga es de 50 a 5.000 pares de bases. Para una exposición de la longitud de homología que se necesita para el direccionamiento génico, véase Hasty y col., *Mol Cell Biol* 11:5586-91 (1991). En algunas realizaciones, las secuencias homólogas comprenden secuencias codificantes del gen diana. En algunas realizaciones, una secuencia homóloga comprende una secuencia de nucleótidos que es homóloga a una secuencia de nucleótidos localizada en el 5' de la secuencia codificante del gen diana, y la otra secuencia homóloga comprende una secuencia de nucleótidos que es homóloga a una secuencia de nucleótidos localizada en el 3' de la secuencia codificante del gen diana. En algunas realizaciones, la secuencia de alteración comprende una secuencia de nucleótidos que codifica un marcador genético que hace posible la selección de células microbianas que comprenden la secuencia de alteración. Por tanto, en tales realizaciones, la construcción de alteración tiene una doble función, es decir, altera funcionalmente el gen diana y proporciona un marcador genético para la identificación de células en las que el gen diana está alterado funcionalmente. En algunas realizaciones, un codón de terminación se posiciona en fase con y corriente abajo de la secuencia de nucleótidos que codifica el marcador genético para evitar la lectura traduccional que puede producir una proteína de fusión que tenga algún grado de actividad de proteína tipo silvestre codificado por el gen diana. En algunas realizaciones, la longitud de la secuencia de alteración es un par de bases. La inserción de un único par de bases puede ser suficiente para alterar un gen diana porque la inserción del único par de bases en una secuencia codificante podría constituir una mutación de cambio de fase que podría evitar la expresión de una proteína funcional. En algunas realizaciones, la secuencia de la secuencia de alteración se diferencia de la secuencia de nucleótidos del gen diana localizada entre las secuencias homólogas por un único par de bases. En la sustitución de la secuencia de nucleótidos en el gen diana con la secuencia de alteración, la sustitución del único par de bases que se introduce podría dar como resultado la sustitución de un único aminoácido en un sitio crítico de la proteína y la expresión de una proteína no funcional. Se debería reconocer, sin embargo, que las alteraciones efectuadas utilizando secuencias de alteración muy cortas son susceptibles de reversión a la secuencia de tipo silvestre por medio de mutación espontánea, dando lugar a la restauración de la capacidad de emparejamiento o esporulación en la cepa huésped. En consecuencia, en realizaciones particulares, las secuencias de alteración son más largas que uno o pocos pares de bases. Por el contrario, una secuencia de alteración de longitud excesiva es improbable que confiera alguna ventaja sobre la secuencia de alteración de longitud moderada, y puede disminuir la eficacia de transfección o selección de la diana. Una longitud excesiva en este contexto es varias veces más larga que la distancia entre las secuencias homólogas escogidas en el gen diana. Por tanto, en ciertas realizaciones, la longitud de la secuencia de alteración puede ser de 2 a 2.000 pares de bases. En otras realizaciones, la longitud de la secuencia de alteración tiene una longitud equivalente aproximadamente a la distancia entre las regiones del locus del gen diana que coinciden con las secuencias homólogas de la construcción de alteración.

En algunas realizaciones, la construcción de alteración es una molécula de ADN lineal. En otras realizaciones, la construcción de alteración es una molécula de ADN circular. En algunas realizaciones, la construcción de alteración circular comprende un par de secuencias homólogas separadas por una secuencia de alteración, como se ha descrito anteriormente. En algunas realizaciones, la construcción de alteración circular comprende una secuencia homóloga única. Tales construcciones de alteración circulares, en la integración al locus del gen diana, se podrían convertir en lineales, con una porción de la secuencia homóloga posicionada en cada extremo y los segmentos remanentes de la construcción de alteración se insertan en el gen diana alterándolo sin remplazar ninguna secuencia de nucleótidos del gen diana. En realizaciones en particular, la secuencia única homóloga de una construcción de alteración circular es homóloga a una secuencia localizada en la secuencia codificante del gen diana.

Las construcciones de alteración se pueden introducir en una célula microbiana por cualquier método conocido por un experto en la técnica sin limitación. Tales métodos incluyen pero sin limitarse a estos, la toma directa de la molécula por una célula a partir de una solución, o la toma facilitada por medio de lipofección utilizando, por ejemplo, liposomas o inmunoliposomas; transfección mediada por partículas; etc. Véase por ejemplo Patente de EE. UU. 5.272.065; Goeddel y col., eds, 1990, *Methods in Enzymology*, vol. 185, Academic Press, Inc., CA; Krieger, 1990, *Gene Transfer and Expression -- A Laboratory Manual*, Stockton Press, NY; Sambrook y col., 1989, *Molecular Cloning -- A Laboratory Manual*, Cold Spring Harbor Laboratory, NY; y Ausubel y col., eds., *Current Edition, Current Protocols in Molecular Biology*, Greene Publishing Associates and Wiley Interscience, NY. Métodos particulares para la transformación de células de levadura se conocen bien en la técnica. Véase Hinnen y col., *Proc. Natl. Acad. Sci. EE. UU.* 75: 1292-3 (1978); Cregg y col., *Mol. Cell. Biol.* 5: 3376-3385 (1985). Las técnicas ejemplares incluyen pero sin limitarse a estas, esferoplastos, electroporación, transformación mediada por PEG 1000 y transformación mediada por cloruro de litio o acetato de litio.

5.2.3.1 Genes de respuesta a feromonas

En algunas realizaciones, el gen de respuesta a feromonas alterado en una célula de levadura de acuerdo con los métodos proporcionados en el presente documento es *STE5*. El gen *STE5* codifica una proteína scaffold que se requiere para dirigir la señalización por medio de la ruta de emparejamiento de levaduras a la proteína quinasa de mitógeno activado (MAPK). Véase, por ejemplo, Good y col., Cell Mar 20; 136 (6): 1085-97 (2009). Las secuencias de nucleótidos del *STE5* representativas de *Saccharomyces cerevisiae* incluyen el número de registro Genbank L23856, y las SEC ID N^{os} 17, 45, 73, 101, y 129 que se proporcionan en el presente documento. Las secuencias de proteína Ste5 representativas de *Saccharomyces cerevisiae* incluyen el número de registro Genbank AAA35115, y las SEC ID N^{os} 18, 46, 74, 102, y 130 que se proporcionan en el presente documento.

En algunas realizaciones, el gen de respuesta a las feromonas alterado en una célula de levadura de acuerdo con los métodos proporcionados en el presente documento es *STE4*. El gen *STE4* codifica una subunidad beta de la proteína G que forma un dímero con Ste18p para activar la ruta de señalización del emparejamiento. La secuencia del gen *STE4* de *Saccharomyces cerevisiae* se ha descrito previamente. Dujon y col., Nature 387 (6632 Supl):98-102 (1997). Las secuencias de nucleótidos de *STE4* representativas de *Saccharomyces cerevisiae* incluyen el número de registro Genbank NC_00114.5, y las SEC ID N^{os} 19, 47.75.103, y 131 que se proporcionan en el presente documento. Las secuencias de la proteína Ste4 representativas de *Saccharomyces cerevisiae* incluye el número de registro Genbank NP_014855, y las SEC ID N^{os} 20, 48, 76, 104, y 132 que se proporcionan en el presente documento.

En algunas realizaciones, el gen de respuesta a feromonas alterado en una célula de levadura de acuerdo con los métodos proporcionados en el presente documento es *STE18*. El gen *STE18* codifica la subunidad gamma de la proteína G que forma un dímero con Ste4p para activar la ruta de señalización de emparejamiento. La secuencia del gen *STE18* de *Saccharomyces cerevisiae* se ha descrito previamente. Véase, por ejemplo, Goffeau y col., Science 274 (5287): 546-547 (1996). Las secuencias de nucleótidos de *STE18* representativas de *Saccharomyces cerevisiae* incluyen el número de registro de Genbank NC_001147.5, y las SEC ID N^{os} 21, 49, 77, 105, y 133 que se proporcionan en el presente documento. Las secuencias de la proteína Ste18 representativas de *Saccharomyces cerevisiae* incluyen el número de registro Genbank NP_012619, y las SEC ID N^{os} 22, 50, 78, 106, y 134 que se proporcionan en el presente documento.

En algunas realizaciones, el gen de respuesta a feromonas alterado en una célula de levadura de acuerdo con los métodos proporcionados en el presente documento es *STE12*. El gen *STE12* codifica un factor de transcripción que se activa por la cascada de señalización de la MAP quinasa, y que activa genes que están implicados en las rutas de emparejamiento o crecimiento pseudohifal/ invasivo. La secuencia del gen *STE12* de *Saccharomyces cerevisiae* se ha descrito anteriormente. Véase, por ejemplo, Goffeau y col., Science 274 (5287): 546-547 (1996). Las secuencias del *STE12* representativas de *Saccharomyces cerevisiae* incluyen el número de registro Genbank NC_001140.5, y las SEC ID N^{os} 23, 51, 79, 107, y 135 que se proporcionan en el presente documento. Las secuencias de la proteína Ste12 representativas de *Saccharomyces cerevisiae* incluyen el número de registro Genbank NP_011952, y las SEC ID N^{os} 24, 52, 80, 108 y 136 que se proporcionan en el presente documento.

En algunas realizaciones, el gen de respuesta a feromonas alterado en una célula de levadura de acuerdo con los métodos proporcionados en el presente documento es *STE7*. El gen *STE7* codifica una señal de transducción de la MAP quinasa, quinasa que está implicada en la respuesta a feromonas cuando fosforila el Fus3p. La secuencia del gen *STE7* de *Saccharomyces cerevisiae* se ha descrito anteriormente. Véase por ejemplo, Teague y col., Proc Natl Acad Sci USA. 83 (19): 7371-5 (1986). Las secuencias de nucleótidos de *STE7* representativas de *Saccharomyces cerevisiae* incluyen el número de registro de Genbank Z74207, y las SEC ID N^{os} 25, 53, 81, 109, y 137 que se proporcionan en el presente documento. Las secuencias de la proteína Ste7 representativas de *Saccharomyces cerevisiae* incluye el número de registro de Genbank CAA98732, y las SEC ID N^{os} 26, 54, 82, 110, y 138 que se proporcionan en el presente documento.

En algunas realizaciones, el gen de respuesta a feromonas alterado en una célula de levadura de acuerdo con los métodos proporcionados en el presente documento es *STE11*. El gen *STE11* codifica una señal de transducción de la MEK quinasa implicada en las rutas de respuesta a feromonas y crecimiento pseudohifal/ invasivo en que fosforila a Ste7p. La secuencia del gen *STE11* de *Saccharomyces cerevisiae* se ha descrito previamente. Véase, por ejemplo, Johnston y col., Nature 387 (6632 Suppl), 87- 90 (1997). Las secuencias de nucleótidos del *STE11* representativas de *Saccharomyces cerevisiae* incluyen el número de registro Genbank NC_001144.4, y las SEC ID N^{os} 27, 55, 83, 111, y 139 que se proporcionan en el presente documento. Las secuencias de la proteína Ste11 representativas de *Saccharomyces cerevisiae* incluyen el número de registro Genbank NP_013466, y las SEC ID N^{os} 28, 56, 84, 112, y 140 que se proporcionan en el presente documento.

5.2.3.2 Genes de esporulación

En algunas realizaciones, el gen de esporulación alterado en una célula de levadura de acuerdo con los métodos proporcionados en el presente documento es *IME1*. El gen *IME1* codifica un factor de transcripción que activa la transcripción génica meiótica precoz, que se necesita para el inicio de la meiosis. La secuencia del gen *IME1* de

Saccharomyces cerevisiae se ha descrito previamente. Véase, por ejemplo, Smith, H.E., y col., Mol. Cell. Biol. 10 (12): 6103- 6113 (1990). Las secuencias de nucleótidos del *IME1* representativas de *Saccharomyces cerevisiae* incluyen el número de registro Genbank M37188, y las SEC ID N^{os} 1, 29, 57, 85, y 113 que se proporcionan en el presente documento. Las secuencias de la proteína Ime1 representativas de *Saccharomyces cerevisiae* incluyen el número de registro Genbank AAA86790, y las SEC ID N^{os} 2, 30, 58, 86, y 114 que se proporcionan en el presente documento.

En algunas realizaciones, el gen de esporulación alterado en una célula de levadura de acuerdo con los métodos proporcionados en el presente documento es *IME2*. El gen *IME2* codifica una proteína quinasa serina/ treonina implicada en la activación de la meiosis. La secuencia del gen *IME2* de *Saccharomyces cerevisiae* se ha descrito previamente. Véase, por ejemplo, EMBO J. 15 (9), 2031- 2049 (1996). Las secuencias de nucleótidos del *IME2* representativas de *Saccharomyces cerevisiae* incluye el número de registro Genbank NC_001142, y las SEC ID N^{os} 3, 31, 59, 87, y 115 que se proporcionan en el presente documento. Las secuencias de la proteína Ime2 representativas de *Saccharomyces cerevisiae* incluyen el número de registro Genbank NP_012429, y las SEC ID N^{os} 4, 32, 60, 88, y 116 que se proporcionan en el presente documento.

En algunas realizaciones, el gen de esporulación alterado en una célula de levadura de acuerdo con los métodos proporcionados en el presente documento es *NDT80*. El gen *NDT80* codifica un factor de transcripción específica de meiosis requerido para la salida de la paquitene y para la recombinación meiótica. La secuencia del gen *NDT80* de *Saccharomyces cerevisiae* se ha descrito previamente. Véase, por ejemplo, Goffeau y col., Science 274 (5287): 546- 547 (1996). Las secuencias de nucleótidos del *NDT80* representativas de *Saccharomyces cerevisiae* incluyen el número de registro Genbank NC_001140, y las SEC ID N^{os} 5, 33, 61, 89, y 117 que se proporcionan en el presente documento. Las secuencias de la proteína Ndt80 representativas de *Saccharomyces cerevisiae* incluyen el número de registro Genbank NP_011992, y las SEC ID N^{os} 6, 34, 62, 90, y 118 que se proporcionan en el presente documento.

En algunas realizaciones, el gen de esporulación alterado en una célula de levadura de acuerdo con los métodos proporcionados en el presente documento es *SPO11*. El gen *SPO11* se requiere para la recombinación meiótica. La secuencia del gen *SPO11* de *Saccharomyces cerevisiae* se ha descrito previamente. Véase, por ejemplo, Atcheson y col., Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 84 (22), 8035-8039 (1987). Las secuencias de nucleótidos del *SPO11* representativas de *Saccharomyces cerevisiae* incluyen el número de registro Genbank J02987, y las SEC ID N^{os} 7, 35, 63, 91, y 119 que se proporcionan en el presente documento. Las secuencias de la proteína Spo11 representativas de *Saccharomyces cerevisiae* incluyen el número de registro Genbank AAA65532, y las SEC ID N^{os} 8, 36, 64, 92, y 120 que se proporcionan en el presente documento.

En algunas realizaciones, el gen de esporulación alterado en una célula de levadura de acuerdo con los métodos proporcionados en el presente documento es *SPO20*. El gen *SPO20* codifica una subunidad específica de meiosis del complejo t-SNARE, necesaria la formación de la membrana proespora durante la esporulación. La secuencia del gen *SPO20* de *Saccharomyces cerevisiae* se ha descrito previamente. Véase, por ejemplo, Bowman y col., Nature 387 (6632 Supl), 90- 93 (1997). Las secuencias de nucleótidos *SPO20* representativas de *Saccharomyces cerevisiae* incluyen el número de registro Genbank AF078740, y las SEC ID N^{os} 9, 37, 65, 93, y 121 que se proporcionan en el presente documento. Las secuencias de la proteína Spo20 representativas de *Saccharomyces cerevisiae* incluyen el número de registro Genbank NP_013730, y las SEC ID N^{os} 10, 38, 66, 94, y 122 que se proporcionan en el presente documento.

En algunas realizaciones, el gen de esporulación alterado en una célula de levadura de acuerdo con los métodos proporcionados en el presente documento es *AMA1*. El gen *AMA1* codifica un activador del complejo promotor de la anafase de meiosis. La secuencia del gen *AMA1* de *Saccharomyces cerevisiae* se ha descrito previamente. Véase, por ejemplo, Tettelin y col., Nature 387 (6632 Supl): 81- 84 (1997). Las secuencias de nucleótidos del *AMA1* representativas de *Saccharomyces cerevisiae* incluyen el número de registro Genbank NC_001139.8, y las SEC ID N^{os} 11, 39, 67, 95, y 123 que se proporcionan en el presente documento. Las secuencias de la proteína Ama1 representativas de *Saccharomyces cerevisiae* incluyen el número de registro Genbank NP_011741, y las SEC ID N^{os} 12, 40, 68, 96, y 124 que se proporcionan en el presente documento.

En algunas realizaciones, el gen de esporulación alterado en una célula de levadura de acuerdo con los métodos proporcionados en el presente documento es *HOP2*. El gen *HOP2* codifica una proteína específica de meiosis que asegura la sinapsis entre cromosomas homólogos. La secuencia del gen *HOP2* de *Saccharomyces cerevisiae* se ha descrito previamente. Véase, por ejemplo, Leu y col., Cell 94 (3): 375- 386 (1998). Las secuencias de nucleótidos del *HOP2* representativas de *Saccharomyces cerevisiae* incluyen el número de registro Genbank AF_078740.1, y las SEC ID N^{os} 13, 41, 69, 97, y 125 que se proporcionan en el presente documento. Las secuencias de la proteína Hop2 representativas de *Saccharomyces cerevisiae* incluyen el número de registro Genbank AAC31823, y las SEC ID N^{os} 14, 42, 70, 98, y 126 que se proporcionan en el presente documento.

En algunas realizaciones, el gen de esporulación alterado en una célula de levadura de acuerdo con los métodos proporcionados en el presente documento es *SPO21*. El gen *SPO21* codifica un componente de la placa meiótica externa el cuerpo polar del huso, implicado en la modificación de la placa externa que se necesita antes de la

formación de la membrana proespora. La secuencia del gen *SPO21* de *Saccharomyces cerevisiae* se ha descrito previamente. Véase, por ejemplo, Dujon y col., Nature 387 (6632 Supl): 98- 102 (1997). Las secuencias de nucleótidos del *SPO21* representativas de *Saccharomyces cerevisiae* incluyen el número de registro Genbank NC_001147.5, y las SEC ID N^{os} 15, 43, 71, 99, y 127 que se proporcionan en el presente documento. Las secuencias de la proteína Spo21 representativas de *Saccharomyces cerevisiae* incluyen el número de registro Genbank NP_014550, y las SEC ID N^{os} 16, 44, 72, 100, y 128 que se proporcionan en el presente documento.

5.2.4 Preparación de diploides

Los métodos proporcionados en el presente documento comprenden una etapa de inducción del emparejamiento entre células haploides que comprende una alteración funcional en uno o más genes de esporulación y/o una alteración funcional en uno o más genes de respuesta a feromonas. Las células diploides formadas como resultado de dicho emparejamiento son células diploides estables constreñidas en la fase diploide debido a la alteración funcional de uno o más genes de esporulación en la célula.

Para formar una célula diploide a partir de células haploides que carecen de capacidad para el emparejamiento, las células haploides incapaces de emparejarse se transforman con un "plásmido complementario de emparejamiento", es decir, un plásmido recombinante que comprende un gen heterólogo que puede complementar la deficiencia de emparejamiento producida por la alteración funcional en el uno o más genes de respuesta a feromonas. La expresión transitoria del gen de respuesta a feromonas en las células haploides restaura temporalmente la función de emparejamiento en las células y capacita células haploides de tipo de emparejamiento opuesto para formar una célula diploide estable. En particular, las células diploides estables formadas de esta manera son homocigotas excepto para su alelo de tipo de emparejamiento, generándose a partir de haploides de la misma población modificada genéticamente.

Por tanto, en algunas realizaciones en las que la célula haploide comprende una alteración funcional del gen *STE5*, la célula haploide se transforma con un plásmido complementario de emparejamiento que comprende una secuencia codificante de *STE5*. En algunas realizaciones en las que la célula haploide comprende una alteración funcional del gen *STE4*, la célula haploide se transforma con un plásmido complementario de emparejamiento que comprende una secuencia codificante *STE4*. En algunas realizaciones en las que la célula haploide comprende una alteración funcional del gen *STE18*, la célula haploide se transforma con un plásmido complementario de emparejamiento que comprende una secuencia codificante *STE18*. En algunas realizaciones en las que la célula haploide comprende una alteración funcional del gen *STE12*, la célula haploide se transforma con un plásmido complementario de emparejamiento que comprende una secuencia codificante *STE12*. En algunas realizaciones en las que la célula haploide comprende una alteración funcional del gen *STE7*, la célula haploide se transforma con un plásmido complementario de emparejamiento que comprende una secuencia codificante *STE7*. En algunas realizaciones en las que la célula haploide comprende una alteración funcional del gen *STE11*, la célula haploide se transforma con un plásmido complementario de emparejamiento que comprende una secuencia codificante *STE11*.

Las técnicas para la construcción de vectores de expresión y la expresión de genes en las células que comprenden los vectores de expresión son bien conocidas en la técnica. Véase por ejemplo, Sambrook y col., 2001, Molecular Cloning -- A Laboratory Manual, 3ª edición, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY, y Ausubel y col., eds., Current Edition, Current Protocols in Molecular Biology, Greene Publishing Associates and Wiley Interscience, NY. Los plásmidos que codifican genes complementarios de emparejamiento se pueden introducir en la célula huésped por cualquier método conocido por un experto en la técnica.

Los sistemas basados en plásmidos requieren generalmente presión selectiva sobre los plásmidos para mantener el ADN ajeno en la célula. La mayoría de los plásmidos en las levaduras son relativamente inestables, de forma que una célula de levadura normalmente pierde el 10 % de los plásmidos contenidos en la célula después de la división mitótica. Por tanto, en algunas realizaciones, la selección de células diploides que se formaron por emparejamiento de células haploides que comprendían un plásmido que codificaba un gen complementario de emparejamiento pero que ya no comprenden en las mismas el plásmido, se consigue permitiendo que las células diploides se sometan a las suficientes divisiones mitóticas para que el plásmido se diluya eficazmente en la población. De manera alternativa, las células diploides se pueden seleccionar seleccionando la ausencia del plásmido, por ejemplo, seleccionando contra una respuesta de un marcador genético (tal como, por ejemplo, URA3) o colocando en placas colonias idénticas en medio tanto selectivo como no selectivo y luego seleccionando una colonia que no crece en el medio selectivo pero que crece en el medio no selectivo.

En algunas realizaciones, los métodos proporcionados en el presente documento comprenden una etapa de transformación de una célula de levadura heterotética (*ho*) haploide con un plásmido recombinante que codifica una proteína de homotalismo (HO), en la que la expresión de la proteína HO induce un cambio en el tipo de emparejamiento de la célula haploide. La secuencia del gen HO de *Saccharomyces cerevisiae* se ha descrito anteriormente. Véase, por ejemplo, Russell y col., Mol. Cell. Biol. 6 (12): 4281- 4294 (1986). Las secuencias de nucleótidos del HO representativas de *Saccharomyces cerevisiae* incluyen el número de registro en Genbank NC_001136, y la SEC ID N^o 151 que se proporciona en el presente documento. Las secuencias de la proteína HO representativas de *Saccharomyces cerevisiae* incluyen el número de registro en Genbank NP_010054, y la SEC ID

Nº 152 que se proporciona en el presente documento.

6. Ejemplos

6.1 Ejemplo 1:

Generación de células haploides modificadas genéticamente

Este ejemplo describe un método ejemplar para generar células de *S. cerevisiae* haploides modificadas genéticamente.

La construcción de alteración Fase I (Figura 1; SEC ID Nº 141) comprende como secuencia de alteración secuencias de nucleótidos que codifican un marcador genético (hygA, que confiere resistencia a la higromicina B); dos enzimas de la ruta MEV de *S. cerevisiae* (la secuencia codificante troncada HMG1, que codifica una HMG-CoA reductasa troncada, y la secuencia codificante ERG13, que codifica la HMG-CoA sintasa), y otra enzima de *S. cerevisiae* (la secuencia codificante ERG10, que codifica la acetoacetyl-CoA tiolasa) bajo el control de promotores inducibles por galactosa (promotores de los genes GAL1 y GAL 10 de *S. cerevisiae*); flanqueada por secuencias que consisten en secuencias corriente arriba y abajo del locus GAL80 de *S. cerevisiae*. Para la introducción en una célula *S. cerevisiae* huésped, la construcción de alteración Fase I puede integrarse por recombinación homóloga en el locus GAL80 del genoma de la célula *S. cerevisiae* huésped, y alterar funcionalmente el locus GAL80 sustituyendo la secuencia codificante del GAL80 con su secuencia alterante. La construcción de alteración Fase I se clonó en el vector de clonación TOPO Zero Blunt II (Invitrogen, Carlsbad, CA), produciendo el plásmido TOPO-construcción de alteración Fase I. La construcción se propagó en las células TOP10 cultivadas en agar LB que contenía 50 µg/ml de kanamicina.

La construcción de alteración Fase II (Figura 2; SEC ID Nº 142) comprende como secuencia de alteración secuencias de nucleótidos que codifican un marcador genético (natA, que confiere resistencia a la noursetricina) y varias enzimas de la ruta MEV de *S. cerevisiae* (la secuencia codificante ERG12, que codifica la mevalinato quinasa, y la secuencia codificante EGR8 que codifica la fosfomevalonato quinasa), bajo el control de promotores inducibles por galactosa (promotores de los genes GAL1 y GAL10 de *S. cerevisiae*); así como la secuencia codificante del gen GAL4 del *S. cerevisiae* bajo el control del promotor GAL4oc (promotor GAL4 que comprende una mutación que elimina el sitio de unión MIG1, haciendo así el promotor menos sensible a la represión por glucosa); flanqueada por secuencias homólogas que consisten en secuencias de nucleótidos corriente arriba y abajo del locus LEU2 de *S. cerevisiae*. Para la introducción en una célula *S. cerevisiae* huésped, la construcción de alteración Fase II puede integrarse por recombinación homóloga en el locus LEU2 del genoma de una célula *S. cerevisiae* huésped, y alterar funcionalmente el locus LEU2 sustituyendo la secuencia codificante LEU2 con su secuencia de alteración. La construcción de alteración Fase II se clonó en el vector de clonación TOPO Zero Blunt II, produciendo un plásmido TOPO-construcción de alteración Fase II. La construcción se propagó en células TOP10 (Invitrogen, Carlsbad, CA) cultivadas en agar LB que contenía 50 µg/ml de kanamicina.

La construcción de alteración Fase III (Figura 3; SEC ID Nº 143) comprende como secuencia de alteración secuencias que codifican un marcador genético (kanA, que confiere resistencia a G418); una enzima de la ruta MEV de *S. cerevisiae* (la secuencia codificante ERG19, que codifica la difosfomevalonato decarboxilasa), y dos enzimas de *S. cerevisiae* implicadas en la conversión del producto de la ruta MEV, IPP, en FPP (la secuencia codificante EWRG20 codifica la farnesil pirofosfato sintasa, y la secuencia codificante IDI 1 codifica la isopentenil pirofosfato decarboxilasa), bajo el control de promotores inducibles por galactosa (promotores de los genes GAL1, GAL 10, y GAL7 de *S. cerevisiae*); así como el promotor del gen CTR3 de *S. cerevisiae*; flanqueada por secuencias de nucleótidos corriente arriba o abajo del locus ERG9 de *S. cerevisiae*. Para la introducción en la célula *S. cerevisiae* huésped, la construcción de alteración Fase II puede integrarse por recombinación homóloga corriente arriba del locus ERG9 del genoma de la célula *S. cerevisiae* huésped, sustituyendo el promotor nativo ERG9 con el promotor CTR3 de tal manera que la expresión de ERG9 (escualen sintasa) puede modularse con cobre. La construcción de alteración Fase III se clonó en el vector de clonación TOPO Zero Blunt II, produciendo el plásmido TOPO-construcción de alteración Fase III. La construcción se propagó en células TOP 10 cultivadas en agar LB que contenía 50 µg/ml de kanamicina.

La construcción de reciclado del marcador Fase I (Figura 4; SEC ID Nº 144) comprende secuencias de nucleótidos que codifican un marcador genético (URA 3, que confiere la capacidad para crecer en un medio carente de uracilo); y una enzima de *A. annua* (la secuencia codificante FS, que codifica la farnesen sintasa), bajo el control regulador del promotor del gen GAL7 de *S. cerevisiae*; flanqueada por secuencias de nucleótidos corriente arriba del locus GAL80 de *S. cerevisiae* y las secuencias codificantes del gen HMG1 de *S. cerevisiae*. Para la introducción en la célula *S. cerevisiae* huésped, la construcción de reciclado del marcador Fase I puede integrarse por recombinación homóloga en la secuencia de alteración Fase I que ya está integrada, tal que el marcador selectivo hphA se sustituye por URA3.

La construcción de reciclado del marcador Fase II (Figura 5; SEC ID Nº 145) comprende secuencias de nucleótidos que codifican un marcador genético (URA3, que confiere la capacidad de crecer en un medio que carece de uracilo)

y una enzima de *A. annua* (la secuencia codificante FS, que codifica la farnesen sintasa), bajo el control regulador del promotor del gen GAL7 de *S. cerevisiae*; flanqueada por secuencias de nucleótidos corriente arriba del locus LEU2 de *S. cerevisiae* y secuencias codificantes del gen ERG12 de *S. cerevisiae*. Para la introducción en la célula *S. cerevisiae* huésped, la construcción de reciclado del marcador Fase II puede integrarse por recombinación homóloga en la secuencia de alteración Fase II ya integrada tal que el marcador selectivo natA se sustituye con URA 3.

La construcción de reciclado del marcador Fase III (Figura 6; SEC ID N° 146) comprende secuencias de nucleótidos que codifican un marcador genético (URA 3, que confiere la capacidad de crecer en medios carentes de uracilo) y una enzima de *A. annua* (la secuencia codificante FS, que codifica la farnesen sintasa), bajo el control regulador del promotor del gen GAL7 de *S. cerevisiae*; flanqueada por secuencias de nucleótidos corriente arriba del locus ERG9 de *S. cerevisiae* y secuencias codificantes del gen ERG19 de *S. cerevisiae*. Para la introducción en la célula *S. cerevisiae* huésped, la construcción de reciclado del marcador Fase II puede integrarse por recombinación homóloga en la secuencia de alteración Fase III ya integrada tal que el marcador selectivo kanA se sustituye con URA 3.

El plásmido de expresión pAM404 (SEC ID N° 153) codifica la β -farnesen sintasa. La secuencia de nucleótidos insertada se generó sintéticamente, utilizando como matriz la secuencia codificante del gen de la β -farnesen sintasa de *Artemisia annua* (número de registro GenBank AY835398) optimizada por codón para la expresión en *Saccharomyces cerevisiae*.

La cepa huésped iniciadora Y1198 se generó resuspendiendo la levadura PE-2 seca activa (aislada en 1994; regalo de Santelisa Vale, Sertãozinho, Brasil) en 5 ml de medio YPD que contenía 100 ug/ml de carbenicilina y 50 ug/ml de kanamicina. El cultivo se incubó una noche a 30 °C en un agitador rotatorio a 200 rpm. Se colocó en placas una alícuota de 10 ul del cultivo sobre una placa YPD y se dejó secar. Las células se sembraron en estrías seriadamente en colonias únicas, y se incubaron durante 2 días a 30 °C. Se escogieron doce colonias únicas, y se parchearon en una nueva placa de YPD, y se dejaron que crecieran durante una noche a 30 °C. Las identidades de las cepas de las colonias se verificaron analizando sus tamaños cromosómicos en un sistema Bio-Rad CHEF DR II (Bio-Rad, Hercules, CA) utilizando el kit Bio-Rad CHEF Genomic ADN Plug (Bio-Rad, Hercules, CA) según las especificaciones del fabricante. Se escogió una colonia y se almacenó como cepa Y1198.

Las cepas Y1661, Y1662, y Y1664 se generaron a partir de la cepa Y1198 preparando la cepa haploide para permitir la manipulación genética. Se cultivó la cepa Y1198 durante una noche en 5 ml de medio YPD a 30 °C en un tubo de cristal en una batería rotatoria. Se midió la DO600, y se diluyeron las células hasta una DO600 de 0,2 en 5 ml de medio YP que contenía un 2 % de acetato potásico. El cultivo se cultivó durante una noche a 30 °C en un tubo de cristal en una batería rotatoria. Se midió de nuevo la DO600, y se recolectaron 4 DO600*ml de células por centrifugación a 5.000 x g durante 2 minutos. El aglomerado celular se lavó una vez con agua estéril, y luego se resuspendieron en 3 ml de acetato potásico al 2 % conteniendo un 0,02 % de rafinosa. Las células se cultivaron durante 3 días a 30 °C en un tubo de cristal en una batería rotatoria. Se confirmó por microscopía la esporulación. Se transfirió una alícuota de 33 μ l del cultivo a un tubo de microcentrífuga de 1,5 ml y se centrifugó a 14.000 rpm durante 2 minutos. El aglomerado celular se resuspendió en 50 μ l de agua estéril que contenía 2 μ l de Zymolasa 100T a 10 mg/ml (MP Biomedicals, Solon, OH), y se incubaron las células durante 10 minutos en un baño de agua a 30 °C. El tubo se transfirió a hielo, y se añadieron 150 μ l de agua fría de deshielo. Se añadió una alícuota de 10 μ l de esta mezcla a una placa YPD de 12 ml, y se disecaron las tétradas en un microscopio de disección Singer MSM 300 (Singer, Somerset, UK). La placa YPD se incubó a 30 °C durante 3 días, tras lo cual las esporas se sembraron en una placa YPD nueva y se dejaron creciendo una noche a 30 °C. Los tipos de emparejamiento de cada espورا de 8 tétradas de cuatro esporas se analizaron por PCR de colonia. Se escogió una única tétrada de 4 esporas con 2 MATa y 2 MAT α y se almacenaron como cepas Y1661 (MATa), Y1662 (MATa), Y1663 (MAT α), y Y1664 (MAT α).

Para las transformaciones celulares de la levadura, se inocularon 25 ml de medio Extracto de Levadura Peptona Dextrosa (YPD) con una colonia única de una cepa huésped de inicio. El cultivo se dejó creciendo durante una noche a 30° C en un agitador rotatorio a 200 rpm. Se midió la DO600 del cultivo, y luego se utilizó este cultivo para inocular 50 ml de medio YPD a una DO600 de 0,15. El nuevo cultivo inoculado se dejó crecer a 30 °C en un agitador rotatorio a 200 rpm hasta una DO600 de 0,7 a 0,9, en cuyo punto las células se transformaron con 1 μ g de ADN. Se dejó que las células se recuperaran en medio YPD durante 4 horas antes de colocarse en placas sobre agar que contenían un agente selectivo para identificar las células huésped transformantes.

La cepa huésped Y1515 se generó transformando la cepa Y1664 con el plásmido TOPO-construcción de alteración Fase I por digestión completa utilizando la endonucleasa de restricción PmeI. Las células huésped transformantes se seleccionaron con medio YPD que contenía 300 ug/ml de higromicina B, y se verificaron los transformantes positivos que comprendían la secuencia de alteración Fase I integrada en el locus GAL80 por amplificación por PCR.

La cepa huésped Y1762 se generó transformando la cepa Y1515 con el plásmido TOPO- construcción de alteración Fase II digerido completamente utilizando la endonucleasa de restricción PmeI. Los transformantes se seleccionaron en medio YPD que contenía 100 ug/ml de noursetricina, y se verificaron los transformantes positivos que comprendían la secuencia de alteración Fase II integrada en el locus LEU2 por amplificación por PCR.

La cepa huésped Y1770 se generó transformando la cepa Y1762 en dos etapas con el plásmido pAM404 y el plásmido TOPO-construcción de alteración Fase III digerido completamente utilizando la endonucleasa de restricción PmeI. Las células huésped transformantes con pAM404 se seleccionaron en Medio Sintético Completo (CSM) que carecía de metionina y leucina. Las células transformantes con pAM404 y construcción de alteración Fase III se seleccionaron en medio CSM carente de metionina y leucina y que contenía 200 ug/ml de G418 (Geneticina®), y se verificaron las transformantes positivas que comprendían la secuencia de alteración Fase III integrada en el locus ERG9 por amplificación PCR.

La cepa huésped Y1793 se generó transformando la cepa Y1770 con una construcción de anulación URA3 (SEC ID N° 154). La construcción de anulación URA3 comprende secuencias corriente arriba y abajo del locus URA3 (generadas a partir del ADN genómico de la cepa *Saccharomyces cerevisiae* CEN.PK2). Las células huésped transformantes se seleccionaron en medio YPD que contenía 5-FOA.

La cepa huésped YAAA se generó transformando la cepa Y1793 con la construcción de reciclado del marcador Fase I. Se seleccionaron los transformantes en CSM carente de metionina y uracilo. El marcador URA3 se escindió cultivando las células una noche en medio YPD a 30 °C en un agitador rotatorio a 200 rpm, y luego se colocaron las células en placas en agar que contenía 5-FOA. La escisión del marcador se confirmó por PCR de colonia.

La cepa huésped YBBB se generó transformando la cepa YAAA con la construcción de reciclado del marcador Fase II. Se seleccionaron las células transformantes en medio CSM carente de metionina y uracilo. El marcador URA3 se escindió cultivando las células una noche en un medio YPD a 30 °C en un agitador rotatorio a 200 rpm, y luego colocando las células en placas agar que contenía 5-FOA. Se confirmó la escisión del marcador por PCR de colonia.

La cepa huésped Y1912 se generó transformando la cepa YBBB con la construcción de reciclado del marcador Fase III. Las células huésped transformantes se seleccionaron en CSM carente de metionina y uracilo. El marcador URA3 se escindió cultivando las células una noche en medio YPD a 30 °C en un agitador rotatorio a 200 rpm, y luego se colocaron las células en placas en agar que contenía 5-FOA. La escisión del marcador se confirmó por PCR de colonia.

6.2. Ejemplo 2: Generación de células haploides modificadas genéticamente incapacitadas para la esporulación y el emparejamiento endógeno

Este ejemplo describe un método ejemplar para la alteración de un gen de esporulación y un gen de respuesta a feromonas en una célula haploide de *S. cerevisiae* modificada genéticamente para dar lugar a una célula haploide de *S. cerevisiae* modificada genéticamente que está incapacitada para la esporulación y el emparejamiento endógeno.

La construcción de alteración STE5 (Figura 7; SEC ID N° 147) comprende como secuencia de alteración, secuencias de nucleótidos que codifican un marcador genético (URA3, que confiere la capacidad de crecer en un medio carente de uracilo); y una enzima de la ruta MEV de *S. cerevisiae* (la secuencia codificante HMG2 truncada, que codifica una HMG-CoA reductasa), bajo el control regulador del promotor del gen THD3 de *S. cerevisiae*; flanqueada por secuencias homólogas que consisten en secuencias de nucleótidos corriente arriba y abajo del locus STE5 de *S. cerevisiae*. Para la introducción en células *S. cerevisiae* huésped, la construcción de alteración STE5 se puede integrar por recombinación homóloga en el locus STE5 del genoma de la célula *S. cerevisiae* huésped, alterando funcionalmente el locus STE5 sustituyendo la secuencia codificante STE5 por su secuencia de alteración.

La construcción de alteración IME1 (Figura 8; SEC ID N° 148) comprende como secuencia de alteración, secuencias de nucleótidos que codifican un marcador genético (LEU2, que confiere la capacidad de crecer en un medio carente de leucina); y una enzima de *A. annua* (la secuencia codificante FS, que codifica una farnesil sintasa), bajo el control regulador del promotor del gen THD3 de *S. cerevisiae*; flanqueada por secuencias homólogas que consisten en secuencias de nucleótidos corriente arriba y abajo del locus IME5 de *S. cerevisiae*. Para la introducción en células *S. cerevisiae* huésped, la construcción de alteración IME1 se puede integrar por recombinación homóloga en el locus IME1 del genoma de la célula *S. cerevisiae* huésped, alterando funcionalmente el locus IME1 sustituyendo la secuencia codificante IME1 por su secuencia de alteración.

La cepa huésped Y1913 se generó a partir de la cepa Y1912 (véase el Ejemplo 1) con la construcción de alteración STE5. Las células huésped transformantes se seleccionaron en CSM carente de metionina y uracilo, y los transformantes positivos se verificaron por amplificación por PCR.

La cepa Y1915 se generó a partir de la cepa Y1913 polimerizando la cepa con pAM404 y transformando la cepa resultante con la construcción de alteración IME1. La cepa Y1913 se propagó en medio YPD no selectivo durante 3 días a 30 °C en un agitador rotatorio a 200 rpm. Se pusieron aproximadamente 100 células en placas con medio YPD sólido y se les permitió crecer durante 3 días a 30 °C. Las células polimerizadas se identificaron por su capacidad para crecer en un medio mínimo que contenía leucina y su incapacidad para crecer en un medio carente de leucina. Se escogió una única de tales colonias y se transformó con la construcción de alteración IME1. Las células huésped transformantes se seleccionaron en CSM carente de metionina y leucina.

6.3 Ejemplo 3: Generación de células diploides modificadas genéticamente incapacitadas para la esporulación y el emparejamiento endógeno

Este ejemplo describe un método ejemplar para convertir en diploide una célula haploide de *S. cerevisiae* modificada genéticamente que está incapacitada para esporulación y emparejamiento endógeno.

La cepa huésped Y1979 diploide se generó por autoemparejamiento de la cepa Y1915. Para generar células de tipos de emparejamiento opuesto y para producir una cepa Y1915 transitoriamente capaz de emparejarse, la cepa se cotransformó con el plásmido pAM1124 (SEC ID N° 149), que codifica la proteína HO y el marcador de resistencia a la noursetricina; y el plásmido pAM1758 (SEC ID N° 150), que codifica STE5 y el marcador de resistencia G418. Las células huésped transformantes se seleccionaron en CSM que contenía G418 y noursetricina. Los transformantes positivos se colocaron en placas para colonias únicas en un medio no selectivo, y se identificaron las sensibles a G418 y las sensibles a noursetricina diploides por medio de selección utilizando PCR de colonia.

6.4 Ejemplo 4:

Confirmación de la incapacidad para la esporulación y el emparejamiento endógeno

Este ejemplo describe métodos ejemplares con los que se confirman la incapacidad para la esporulación y el emparejamiento endógeno de las células de *S. cerevisiae* modificadas genéticamente.

Para confirmar la incapacidad de la cepa Y1915 para emparejarse, las células Y1915 haploides (MAT α Kan^s URA3 STE5) o las células haploides Y1912 (MAT α Kan^s URA3 STE5) se combinaron en medio YEPD sólido con células haploides Y1792 (MAT α Kan^R URA3 STE5). Los cultivos de emparejamiento se incubaron durante 16 horas a 30 °C. Luego se pusieron en placas alícuotas idénticas de cada cultivo de emparejamiento en medio CSM sólido carente de uracilo y que contenía G418, y se incubaron los cultivos durante una semana a 30 °C. Como se muestra en la Figura 9, el crecimiento de las colonias se observó solo en las placas que contenían una alícuota del cultivo de emparejamiento Y1792 x Y1912 pero no en las placas que contenían una alícuota del cultivo de emparejamiento Y1792 x Y1915.

Para confirmar la incapacidad de la cepa Y1979 para esporular, las células de la cepa Y1979 y las células de la cepa Y1198 se cultivaron durante 7 días en un medio de inducción a esporulación (medio carente de una fuente de carbono no fermentativa, por ejemplo, acetato potásico, que induce a las células de *S. cerevisiae* nativas a abandonar el ciclo mitótico celular y pasar a la meiosis y esporular). Los cultivos se dividieron entonces y se trataron durante 15 minutos con agua o dietil éter. Las suspensiones se homogenizaron por inversión, se resuspendieron en agua estéril, se diluyeron y se colocaron en placas de medio YEPD sólido, y se cultivaron durante 3 días. Como se muestra en la Figura 10, el 95 % de las células de la cepa Y1198 formaron tétradas de esporas bajo estas condiciones mientras que las células de la cepa Y1979 no lo hicieron.

6.5 Ejemplo 5: Confirmación de la incapacidad para diseminarse en la naturaleza de células incapacitadas para la esporulación y emparejamiento endógeno

Este ejemplo describe métodos ejemplares con los que se confirma la incapacidad de las células diploides de *S. cerevisiae* modificadas genéticamente incapaces para la esporulación y el emparejamiento endógeno para diseminarse en la naturaleza.

Se evaluó la supervivencia de Y1979 y su isolínea no transgénica, Y1198 (PE-2) en el suelo. Para esto, se llenaron matraces de 45 l con aproximadamente un 25 % de vermiculita y un 75 % de suelo de caña (un total de 40 l) y se plantaron con 1 *Saccharum spp.*, planta de azúcar de caña cultivar RB 86-7515 (de aproximadamente 6 meses de edad). Cada tiesto se fertilizó con una mezcla de Nitrógeno/ Fósforo/ Potasio de 5- 25- 30, y se cultivaron las plantas durante 14 días en un invernadero de contención. A cada tiesto se añadieron 600 ml de suspensión celular de la cepa Y 1979 o la cepa Y 1198. La aplicación de las células de levadura es la equivalente a alcanzar una concentración de 10⁷ células/g en la primera capa de 5 cm de suelo. Se recolectaron cinco muestras de 1,5 x 5 cm de centros de suelo en los siguientes puntos de tiempo: t = 0 (pre exposición), 0 (post exposición), 3, 7, 14, 28, 40, 60, y 90 días (el volumen total de suelo muestreado era de 44 ml, y el peso total de suelo muestreado era aproximadamente de 50 g). A partir de las muestras de compuesto, se separaron 10 gramos y se resuspendieron en 100 ml de agua destilada. Para cuantificar la supervivencia de la levadura, se colocaron en placas 100 μ l de las extracciones acuosas directamente en medio YPED (25 ml/placa), pH 5,5 ajustado con ácido sulfúrico 6 N con la adición de 0,05 g/l de rosa de bengala (Sigma n° R6877) y que contenía 0,2 g/l de ampicilina (Sigma A0166). Las muestras se colocaron en placas por duplicado, en series de diluciones de 1-10⁷, o el número de diluciones que se colocaba en las placas estaba basada en los recuentos de supervivientes obtenidas en las muestras previas para cada tratamiento. Inmediatamente después de la colocación en placas, se diseminó el líquido con una espátula Drigalski. Las placas se dejaron abiertas al flujo de aire durante 30 minutos para la evaporación total del líquido y luego se cerraron, invirtieron y se incubaron durante 48 horas a 30 °C. El número de colonias por placa se leyó utilizando un contador de colonias (CP600 Plus, Phoenix), en diluciones contables, y el resultado se expresó en

UFC/ placa. Los recuentos se consideraron solamente si el número total de colonias era entre 30 y 300 colonias. Como se muestra en la Figura 11 (cada punto de dato es una media de cinco repeticiones), las células Y 1979 eran claramente menos viables en el suelo que las células parentales no modificadas genéticamente capaces de esporulación y emparejamiento de la cepa Y 1198.

5 La presente invención se ha descrito en detalle por medio de la ilustración y los ejemplos con el fin de clarificar su comprensión, y se define por las reivindicaciones.

LISTADO DE SECUENCIAS

10 <110> Ubersax, Jeffrey A. Amyris Biotechnologies, Inc.

<120> MÉTODO PARA GENERAR UN MICROBIO MODIFICADO GENÉTICAMENTE

15 <130> 11836-0045-228

<140> desconocido

<141> en la misma fecha

20 <150> 61/183.031

<151> 01-06-2009

<160> 156

25 <170> FastSEQ para Windows Versión 4.0

<210> 1

<211> 3083

30 <212> ADN

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 1

tgcactcaaa	aaccttctta	gttacaggaa	aaggtaaaga	tacgataaga	aaagcctttg	60
aactgcccac	cctgcatcct	aacacagatc	taactcacta	ttcgggtaag	gaagtgtcat	120
gcatgtctgc	aaagggacta	gaagaaagtt	acatgattac	ataagcaaaa	aatcgggaatt	180
acagacacac	cattttttat	cctgcgggcc	catttccgtc	ttcgagggaa	aggatcaaaag	240
gcgcttagcc	caatcttgat	gattcacccg	ggaagaaagg	aattacagaa	ccccagcca	300
cgtaacacag	ccaattagtt	ttctatatcg	ggaaacgtga	ttgattgcgc	aattttggct	360
gcatcagaat	acatcgatga	gatctagagc	accctttgat	ggtttaagtc	cggtttaaaag	420
ttagtagatc	aatgatttcg	tagtgcatct	taaagggagc	gcttatccat	gggtgattgc	480
gtttacaacg	ttttgtgtgt	actcataata	gccaatctaa	aattaacaaa	caacaacaac	540
gcacaattaa	tatgtatcag	ccccaatacc	tttttctctt	actgtaattt	actactaaat	600
tggggctcga	cgtttttgat	cttggttctt	gcctgttggt	taccttgat	attacttttc	660
ctctttttatg	tatttaagggt	aaattaatta	tcttttgatc	ttaatatttt	tctcaaaatg	720
cttcccttgt	agttcgggat	ttttgcttct	tcagatattt	aaactaccgt	ataccataac	780
tgtttcgtga	agtagataca	aacatcgact	atcctattac	gatttatttt	acattatcat	840
attataaatc	gaccagtagt	attgttaaag	attaaaagca	taataacta	ctgtcattag	900
tcaactacag	agaaacaaat	tcctactggc	acccattact	ggtgaaaaag	gaaaaaaata	960
ataaaagaaa	agcttttcta	ttcctctccc	cacaaacaaa	atgcaagcgg	atatgcatgg	1020
aaaacttcac	gctgccttag	aagatgggtt	cttccctctt	ccttttgaa	agcaacaaca	1080
acctaacatt	tattatgaca	caaccacoga	tcaagaagac	cgtccttggt	tttcttttgg	1140
atctacaatt	tcccctagaa	gttggcattt	tgaagagctc	gacaaaattg	cctcatctca	1200
gctgcagaac	ttgggtcata	cacaaccaat	tcatttaatt	aatcctcaaa	tattgttcaa	1260
tgaagagttt	ctgaatttgg	aaaatattga	ttctcagcct	atttccaagg	aaacgaaaaa	1320
tacgaaggac	tgcacaatgg	caactgggtc	tgaagagga	aaaaagagct	ctgaaagtac	1380
cagatcctct	tcattatcat	ctcttttttc	taatgatgaa	tcgcacatca	cgttccactc	1440
atcattcaat	aaccatgata	actttcaaaa	gagcaacaga	aatggagatg	atacgatata	1500
tagtgacaca	ataaaatag	aaactaatac	aaatgcacaa	aaagatatca	aaatattcca	1560
agaaaatttt	gaattcaatg	aattcccata	cacacaagac	ttctacccat	ataccactaa	1620
ttatacctat	tcaaaaccac	caaataattc	tgaatcaata	aattcaaaaa	acacggattc	1680
atactcccaa	tatcaagatc	agtttccacc	acatactgat	aacatacatt	cctttaataa	1740
tcgtcactat	agcaaccata	aaagcactaa	ttgtaattac	tataataata	ccagcaataa	1800
taacaacgcc	tccgataatg	tatatgaggc	agatccattt	atagatgaac	ctcaggtgcc	1860
ctcctactat	taccatttag	aaattgcctt	cgacgttgaa	aaatcaccac	cgccatcact	1920
acaaaaatta	aattcaaaa	agttagaatt	cctaaaaaag	ttgaactcca	aactgtcaag	1980
atatgctcgc	gcttactcct	tcagcagttc	taatgatcaa	gattattatg	acaaggtcag	2040
gtttcaagaa	atatcctaca	agtttagtaa	aacctattct	taattctcga	aaagtactac	2100
aatcttcccc	cttccctcaa	aatatatcca	ttcacactca	tttctttatt	tccattgtct	2160
cactcaaatt	gctaagaatt	tgtgtatttg	catatatata	tattatatat	aggtatatat	2220
atgtattcaa	tgtctcaagc	tccatgacat	aataccgtag	cgttattagc	cttatcgtat	2280
gtcgcgatgg	gaaaggagat	tcgttttaat	cttgaaaaac	cttcgtagcg	aataatgcga	2340
cataaatctt	gagagagtac	atcaccaaat	tcactttggt	aaaccgcacc	atcgtgcttt	2400
gcattcttat	tccttttgcc	tactactaaa	ttattagcat	ttctctaaat	gagctccagt	2460
gaagacgaag	acgacaagtt	cttgtagtgt	tccgactccg	aattagcact	accttcttct	2520
aaacgatcaa	gagatgatga	agcagacgca	ggtgcgtcca	gtaatcctga	tatagttaaa	2580
aggcaaaaat	tcgactctcc	cgtggaagaa	actccagcta	ctgccagaga	tgatcgttct	2640
gatgaagata	tctactctga	ctcctcagat	gacgatagtg	attctgacct	agaggttata	2700
ataagtctgg	gtcctgaccc	tactaggtta	gatgcaaaac	tactcgattc	ttattctacc	2760
gcagcgacat	cttcaagcaa	agacgtaatt	agcgtagcta	cagatgtatc	caataccatc	2820
acaaagacat	cagatgaaag	actaatâaca	gaaggagaag	caaatcaagg	tgtaacggca	2880
acgaccgtaa	aagctacaga	gagcgatgga	aatgtaccga	aagcaatgac	tggttctata	2940
gacctggata	aagagggaa	ctttgatagt	gttggcataa	cgacaataga	tctgaagta	3000
ttaaaggaga	aaccctggag	gcaaccgggg	gccaaactaa	gtgattattt	caattacggt	3060
tttaacgaat	ttacctggat	gga				3083

<210> 2

<211> 360

5 <212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 2

Met	Gln	Ala	Asp	Met	His	Gly	Lys	Leu	His	Ala	Ala	Leu	Glu	Asp	Gly
1				5					10					15	
Phe	Phe	Leu	Phe	Pro	Phe	Glu	Gln	Gln	Gln	Gln	Pro	Asn	Ile	Tyr	Tyr
			20				25						30		
Asp	Thr	Thr	Thr	Asp	Gln	Glu	Asp	Arg	Pro	Cys	Phe	Ser	Phe	Gly	Ser
		35					40					45			
Thr	Ile	Ser	Pro	Arg	Ser	Trp	His	Phe	Glu	Lys	Ser	Asp	Lys	Ile	Ala
	50					55					60				
Ser	Ser	Gln	Leu	Gln	Asn	Leu	Val	His	Thr	Gln	Pro	Ile	His	Leu	Ile
65					70					75					80
Asn	Pro	Gln	Ile	Leu	Phe	Asn	Glu	Glu	Phe	Leu	Asn	Leu	Glu	Asn	Ile
				85					90					95	
Asp	Ser	Gln	Pro	Ile	Ser	Lys	Glu	Thr	Lys	Thr	Thr	Lys	Asp	Cys	Thr
			100					105					110		
Met	Ala	Thr	Gly	Pro	Glu	Arg	Gly	Lys	Lys	Ser	Ser	Glu	Ser	Thr	Arg
		115					120					125			
Ser	Ser	Ser	Leu	Ser	Ser	Leu	Phe	Ser	Asn	Asp	Glu	Ser	Ala	Ser	Thr
	130					135					140				
Phe	His	Ser	Ser	Phe	Asn	Asn	His	Asp	Asn	Phe	Gln	Lys	Ser	Asn	Arg
145					150					155					160
Asn	Gly	Asp	Asp	Ile	Asp	Ile	Ser	Asp	Thr	Ile	Lys	Tyr	Glu	Thr	Asn
				165					170					175	
Thr	Asn	Ala	Gln	Lys	Asp	Ile	Lys	Ile	Phe	Gln	Glu	Asn	Phe	Glu	Phe
		180						185					190		
Asn	Glu	Phe	Pro	Tyr	Thr	Gln	Asp	Phe	Tyr	Pro	Tyr	Thr	Thr	Asn	Tyr
		195					200					205			
Thr	Tyr	Ser	Lys	Pro	Thr	Asn	Ile	His	Glu	Ser	Ile	Asn	Ser	Lys	Asn
	210					215					220				
Thr	Asp	Ser	Tyr	Ser	Gln	Tyr	Gln	Asp	Gln	Phe	Pro	Pro	His	Thr	Asp
225					230					235					240
Asn	Ile	His	Ser	Phe	Asn	Asn	Arg	His	Tyr	Ser	Asn	His	Lys	Ser	Thr
				245					250					255	
Asn	Cys	Asn	Tyr	Tyr	Asn	Asn	Thr	Ser	Asn	Asn	Asn	Asn	Ala	Ser	Asp
			260					265					270		
Asn	Val	Tyr	Glu	Ala	Asp	Pro	Phe	Ile	Asp	Glu	Pro	Gln	Val	Pro	Ser
		275					280					285			
Tyr	Tyr	Tyr	Pro	Leu	Glu	Ile	Ala	Phe	Asp	Val	Glu	Lys	Ser	Pro	Pro
	290					295					300				
Pro	Ser	Leu	Gln	Lys	Leu	Asn	Ser	Lys	Glu	Leu	Glu	Phe	Leu	Lys	Lys
305					310						315				320
Leu	Asn	Ser	Lys	Leu	Ser	Arg	Tyr	Ala	Ala	Ala	Tyr	Ser	Phe	Ser	Ser
				325					330					335	
Ser	Asn	Asp	Gln	Asp	Tyr	Tyr	Asp	Lys	Val	Arg	Phe	Gln	Glu	Ile	Ser
			340					345					350		

Tyr	Lys	Phe	Ser	Lys	Thr	Tyr	Ser
		355					360

<210> 3
 <211> 3938
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*
 <400> 3

```

ccaatgcccc actttttctc gaggagttga aacaagcggg acaactgcta cgtcatagga 60
atgggagtaa caaggagggt gccataagcc gggtaaaatt tggcgtgtt ttccttaatc 120
taaaaatagt tcaacaaaaa aatttgggct ccgcccatcc agaccaaacg aatcttcggc 180
cttaacaagc caaagggaac gaaaccaga ctctaccatg catttcgaac atcttgtagc 240
taactacact ggtaacccag atacctatct tctcagtagc tgtttcacca agactccgca 300
ctcatggtaa gtagaaaaag aaaactctca caaaaatctg agtggcacag cttttctaaa 360
tacgtctattt aaacttggag aaataaagat gtattaccog ctggcgctt aaaatatcct 420
tttctccggg tgtccaataa tttatgttac ggccggtatt tgagtttttg tggaaatctc 480
tatcattaat aaatgtcagc cttgtgtctt aaatgcaatt caacagggaa aaggcgcgag 540
acttcggcgg caaaaagcca cagacaagtg ctgggtgcaa agaggtaaaag aagtaatgag 600
tgtaatcaaa tagatatatt aaggtagcaa ctccaccggtc tgtccatttt cttttcctga 660
ataacttctt ctgtcttcac acattcattt catttttatt ttccaatctc actcaacgag 720
aaagaagtta caagatctat ctttcaaaat agtttacagt tacctttact ttaccctttc 780
cctttctcag ttgttcccc ttctcctaaa agtttttatt tttgggtaaa gatataaagg 840
acactccagt cgggttaagg ggctgtctag agaataaaa cctgtattta tttaccaggc 900
ttatcagaaa agttaatcgt gttcttaaat atttattgaa aaggaacgtg atacagacgt 960
aataaaagaa gactactaag cttaacttaa taggtcattt atgggtgaaa aacgtagtag 1020
acagagttcc agtagtggct cacagttcag tgttccacct gatgtcgata acccgccact 1080
ttctatccct ttgaagactt tatcagacag atatcagctg atcgaaaaac taggtgcagg 1140
atcatttggg tgtgtaactt tagccaaagc gcaatttctt ttatcgaaac tattgggtaa 1200
acaacatgat ataagggtga ctttaatgga tcagcctaaa aatgggtcacc aaaactatat 1260
aacaagaca caaggtgtag tggctataaa gacaatgatg acaaaactgc atacactcca 1320
ggattatacg agggtcagag aaattaagtt catactggca atcccagcga atgaccatct 1380
gatacaaaat tttgaggtct ttattgactc tgaaaattac caattacata tcgtaattga 1440
atgtatggag caaaacctat atcaaatgat gaaacataga aggcgcgag tttttctgat 1500
tccttctttg aaatctatct tatcgagat actggctggg ttaaaacaca tccacgaaca 1560
taatttcttc cacagagatt taaaacctga aaatattctt atcacacca gtaccagta 1620
ttttgaaaag gactacatga accagattgg atatcaagat aactatgtca ttaaaactgc 1680
agattttggg ttggcacgcc atgttgaaaa taaaaccocg tatacggcct acgtttccac 1740
aagatgggat agatcgctg aaatattatt aagaagtggg tactattcca aacctttgga 1800
tatttgggca tttgggtgag tggcggtgga agttactgta ttcagagctc tcttccccgg 1860
tgctaacgaa atcgatcaga tatggaaaat tttagaagtt cttggtacac ctatcaaagc 1920
ttctgatttt gttaatacaa accacatcac agctccacca cctgggtggat tttgggatga 1980
tgccagcaat ttggtccata aattaaactt gaaattgcct tatgtagaag gttcatcgtt 2040
ggatcatcta ctttctagct cccaactatc cgatttatct gaggttgta ccaaaagtgtt 2100
aagatgggat cctaagaa gggcaacagc ccaagagctt tgtgaaatgc cattttttga 2160
aaacaccgtg gcatcccaag tagacgcaag aggcattgtg actaatacag aacaagcatt 2220
gatttttgca ggtataaatc cagtggcgac caacacaaag cccatatatt ttaactcttc 2280
aacaataatg cccgcagaaa cagagtctaa tgatattgat atcagcaaca acgatcacga 2340
ttctcatgct atgtgtcac caacattaaa tcaagaaaaa ctaactttgg tagaattttt 2400
aaacgaattc gttgaagaag ataatgatga tcaactcaata cctgatgttg gaacagattc 2460
taccatttca gattctattg atgagactga attatcaaaa gaaattccta ataatttggc 2520
cctttgtcaa ctaccagatg aagaagtctt agatcattca ttatcgaata ttaggcagtt 2580
gacaaatgat attgaaatta taaataaaga tgaagcagac aacatggaac agctattttt 2640
tgacctggaa attcctgaaa aggatgagtt tcagagaaaa caaccattta atgaacatgc 2700
agatattgat gaagacatcg ttctaccata tgtgaacaac tcaaattaca cacatacaga 2760
taggtcacat catagaggtg ataatgtttt ggggtgatgc tctttaggcg attcgtttaa 2820
ttcaatgccg gattttactc caagaaattt cttgatacct acattaaaaa aatcacggga 2880
aaagttcgag cctcatctat ccaatccaaa ccaacatttt ggaaatgtaa ccttctaata 2940
atltgtcatt tgactgacga atcgttaggc acagttatat agttatatac acatagacat 3000
acatatgttc gcatatatat tatattacta tgcattcacc taaatagcta ctgctctatt 3060
aatacagtg ctttttgatg gctttaattt aacttattag acattacttt gcgtttatct 3120
ccctccaata tatttttatg tttgttttct ttgaacattt tatgatttct tgccttggc 3180
ggctactgat tttgttaagc aactcatcaa gaggtcaaaa aaagtagaac gagatctttg 3240
tggtcgggta cccggctcag atcctaactt cttcttttgg tatgtttatt cgtataagtt 3300

actgttgtcc acaggcaata ctctgcagaa aattaaaacg gcattaatgc taggacaacc 3360
agaattgtta ctactgtatg tgcgatagtt gataactgca acattatgcc cgttatattc 3420
tcaaaaaacc ctattactgc atacgaagaa atcgcaagag aaatctttcg gtttggaaaa 3480
gctcactgtg aggttccttg gagccaatag taatacagca caatccaagg aaaaatctgg 3540
cctatatgca aggaaggaga gatagtcaaa agcattcttt cccctagaag ttgggtgcata 3600
tatggcatcg ttaaaacata ttacccccaa aatttcttct ctaaacgatg tgcctggcct 3660
ttgttttggg ttttgatgtc ggtcgtttga ggccccttgc ggaaaaatcga gatcgccgaa 3720
tggcagcgca gggaaggaa ataagggtta aaggcactga aacaataggc aagaagtagg 3780
cgagacgcga catacgagac taatgtgtcc gcggttctaa ggccactttt caatgaaacg 3840
gatattgata tgctagttaa aggacgagct caagagcgaa aatataagta aagaattcga 3900
gtgcacttgt ctccatgcag caagatttca tatgagtc 3938

```

<210> 4
 <211> 645
 <212> PRT
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

5

<400> 4

```

Met Val Glu Lys Arg Ser Arg Gln Ser Ser Ser Ser Gly Ser Gln Phe
 1          5          10          15
Ser Val Pro Pro Asp Val Asp Asn Pro Pro Leu Ser Ile Pro Leu Lys
          20          25          30
Thr Leu Ser Asp Arg Tyr Gln Leu Ile Glu Lys Leu Gly Ala Gly Ser
          35          40          45
Phe Gly Cys Val Thr Leu Ala Lys Ala Gln Phe Pro Leu Ser Asn Ile
          50          55          60
Leu Gly Lys Gln His Asp Ile Arg Gly Thr Leu Met Asp Gln Pro Lys
          65          70          75          80
Asn Gly His Gln Asn Tyr Ile Thr Lys Thr Gln Gly Val Val Ala Ile
          85          90          95
Lys Thr Met Met Thr Lys Leu His Thr Leu Gln Asp Tyr Thr Arg Val
          100          105          110
Arg Glu Ile Lys Phe Ile Leu Ala Ile Pro Ala Asn Asp His Leu Ile
          115          120          125
Gln Ile Phe Glu Val Phe Ile Asp Ser Glu Asn Tyr Gln Leu His Ile
          130          135          140
Val Met Glu Cys Met Glu Gln Asn Leu Tyr Gln Met Met Lys His Arg
          145          150          155          160
Arg Arg Arg Val Phe Ser Ile Pro Ser Leu Lys Ser Ile Leu Ser Gln
          165          170          175
Ile Leu Ala Gly Leu Lys His Ile His Glu His Asn Phe Phe His Arg
          180          185          190
Asp Leu Lys Pro Glu Asn Ile Leu Ile Thr Pro Ser Thr Gln Tyr Phe
          195          200          205
Glu Lys Glu Tyr Met Asn Gln Ile Gly Tyr Gln Asp Asn Tyr Val Ile
          210          215          220
Lys Leu Ala Asp Phe Gly Leu Ala Arg His Val Glu Asn Lys Asn Pro
          225          230          235          240
Tyr Thr Ala Tyr Val Ser Thr Arg Trp Tyr Arg Ser Pro Glu Ile Leu
          245          250          255
Leu Arg Ser Gly Tyr Tyr Ser Lys Pro Leu Asp Ile Trp Ala Phe Gly
          260          265          270
Cys Val Ala Val Glu Val Thr Val Phe Arg Ala Leu Phe Pro Gly Ala
          275          280          285
Asn Glu Ile Asp Gln Ile Trp Lys Ile Leu Glu Val Leu Gly Thr Pro
          290          295          300
Ile Lys Arg Ser Asp Phe Val Asn Thr Asn His Ile Thr Ala Pro Pro
          305          310          315          320
Pro Gly Gly Phe Trp Asp Asp Ala Ser Asn Leu Val His Lys Leu Asn
          325          330          335
Leu Lys Leu Pro Tyr Val Glu Gly Ser Ser Leu Asp His Leu Leu Ser
          340          345          350
Ser Ser Gln Leu Ser Asp Leu Ser Glu Val Val Lys Lys Cys Leu Arg
          355          360          365
Trp Asp Pro Asn Glu Arg Ala Thr Ala Gln Glu Leu Cys Glu Met Pro

```

370		375		380
Phe Phe Glu Asn Thr Val Ala Ser Gln Val Asp Ala Arg Gly Asn Val				
385		390		395
Thr Asn Thr Glu Gln Ala Leu Ile Phe Ala Gly Ile Asn Pro Val Ala				400
	405		410	415
Thr Asn Thr Lys Pro Ile Tyr Phe Asn Ser Ser Thr Lys Leu Pro Ala				
	420		425	430
Glu Thr Glu Ser Asn Asp Ile Asp Ile Ser Asn Asn Asp His Asp Ser				
	435		440	445
His Ala Met Cys Ser Pro Thr Leu Asn Gln Glu Lys Leu Thr Leu Val				
	450		455	460
Glu Phe Leu Asn Glu Phe Val Glu Glu Asp Asn Asp Asp His Ser Ile				
465		470		475
Pro Asp Val Gly Thr Asp Ser Thr Ile Ser Asp Ser Ile Asp Glu Thr				480
	485		490	495
Glu Leu Ser Lys Glu Ile Arg Asn Asn Leu Ala Leu Cys Gln Leu Pro				
	500		505	510
Asp Glu Glu Val Leu Asp His Ser Leu Ser Asn Ile Arg Gln Leu Thr				
	515		520	525
Asn Asp Ile Glu Ile Ile Asn Lys Asp Glu Ala Asp Asn Met Glu Gln				
	530		535	540
Leu Phe Phe Asp Leu Glu Ile Pro Glu Lys Asp Glu Phe Gln Arg Lys				
545		550		555
Gln Pro Phe Asn Glu His Ala Asp Ile Asp Glu Asp Ile Val Leu Pro				
	565		570	575
Tyr Val Asn Asn Ser Asn Tyr Thr His Thr Asp Arg Ser His His Arg				
	580		585	590
Gly Asp Asn Val Leu Gly Asp Ala Ser Leu Gly Asp Ser Phe Asn Ser				
	595		600	605
Met Pro Asp Phe Thr Pro Arg Asn Phe Leu Ile Pro Thr Leu Lys Lys				
	610		615	620
Ser Arg Glu Lys Phe Glu Pro His Leu Ser Asn Pro Asn Gln His Phe				
625		630		635
Gly Asn Val Thr Phe				640
	645			

<210> 5
 <211> 3884
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 5

atattgtttt	ttccctagct	gttttcggtt	tggttatgaa	cgcattgtct	gcgaaaagaa	60
acgtggataa	gtattataga	aacagcactt	cttcggccaa	caatatcacg	caaattgagc	120
aagatagtg	tataaaaggt	cttttgccct	tttttgcta	ttatgcaagc	attgctttac	180
tagtgtggat	gcaaccaagc	tttattacac	tctctttcat	cctttccgtt	ggtttcacgg	240
gagcatttac	cgtcggaaga	ataatcggtt	gccatttaac	taagcagagc	tttcccatgt	300
tcaatgcacc	catgttaatt	cctttgtgcc	agatagtatt	gtacaaaata	tgtctatccc	360
tttggggaat	tgagtctaatt	aaaatcgctt	ttgcctatc	ttggcttggg	ttcgggtctct	420
cactaggtgt	tcacattatg	tttatgaatg	acattatcca	tgaatttact	gagtacctgg	480
acgtttatgc	tttatccatc	aagcgctcca	agctgacata	aatcgcaact	tgtatctact	540
tttttttatt	cgaaaacaag	gcacaacaat	gaatctatcg	cctgtgaga	ttttcaatct	600
caagtttggt	taatagatag	cggttatatta	tagaactata	aaggtccttg	aatatacata	660
gtgtttcatt	cctattactg	tatatgtgac	ttacattgtt	tacttccggc	gctatttgac	720
gttttctgct	tcaggtggcg	cttggagggc	aaaagtgtcag	aaaatcggcc	aggcgtatg	780
acacaaaagc	gtagaaaacg	agatctcaaa	tatctcgagg	cctgtcctct	atacaaccgc	840
ccagctctct	gacaaagctc	cagaacgggt	gtcttttgtt	tcgaaaagcc	aaggtccctt	900
ataattgccc	tccattttgt	gtcacctatt	taagcaaaaa	attgaaagtt	tactaacctt	960
tcattaaaag	gaaataacaa	tattataaaa	agcgttataa	atgaatgaaa	tggaanaaac	1020
agatccagta	ttacaggatg	atctcgtatc	caaatatgag	agggaattaa	gcacagaaca	1080
ggaagaggat	agcctgtta	tccttacgca	gttgaatgaa	gatggcacca	cttcgaatta	1140
tttcgacaaa	aggaactaa	aaattgcccc	tagatcaaca	ctacagttca	aagtgggacc	1200
tccatttgaa	ttagtggag	attattgtcc	agtcgttgag	tctcataccg	gaagaacact	1260
agatttacga	attattccaa	gaattgacag	agggttcgac	catattgatg	aagagtgggt	1320
aggttataaa	agaaattatt	ttacctagt	atcaacggtt	gaaacggcaa	attgtgattt	1380
ggatactttt	ttaaagagca	gttttgatct	tctcgttgaa	gactcttcag	tagaaagcag	1440
attaagagtg	caatatttcg	ctatcaaaat	aaaagctaag	aatgacgacg	acgacacgga	1500
aatcaatctc	gtccagcata	cagcgaaacg	cgacaaaggt	cctcaatttt	gtccttcagt	1560
atgtccgttg	gtgccttccc	ctttgccaaa	acatcaaatc	ataagagaag	cttcaaatgt	1620
tcgaaatata	actaaaatga	aaaaatacga	ttccactttt	tatttgacaca	gagaccacgt	1680
taattatgaa	gaatatggag	tggaactctt	attgttttcc	tatccagaag	attctattca	1740
gaaagttgcc	cgttatgaaa	gagttcaatt	tgtctcatca	attagcgtga	agaaaccatc	1800
ccaacaaaat	aaacacttta	gcttgcatgt	aattttaggt	gcagtggtag	atccagatc	1860
ctttcatggg	gagaatcccg	gaattcctta	tgatgaactg	gctttaaaaa	atggatcaaa	1920
agggatgttt	gtgtatttgc	aagaaatgaa	aaogcctcct	cttattatta	gaggaagatc	1980
accttctaac	tatgcgtcat	ctcagcgaa	aactgtgaga	acaccgtcga	gtgtcaattc	2040
ctcacaaaac	agcacaaaaa	gaaaaatgcc	atcaatggcg	cagccgttaa	atgaaagttg	2100
cttaaatgca	agaccttcga	aaaggcgatc	caaagtggcg	ctaggtgcac	cgaactctgg	2160
ggcctccatc	tcgctatcat	aatctcgtca	atccacacca	atggaagctt	cgaaggaaaa	2220
tgaggatccg	ttcttcaggc	caaatataaag	gggtggagact	cttgaaacata	cttcagacaa	2280
actgggtgct	ttgaaaaatc	aatgtccaga	ttcctctctg	aaatatccga	gttcatcttc	2340
aagaggtatg	gaagggtgtt	tagaaaagga	ggatttagtt	tactcaagta	gtttttctgt	2400
taatatgaag	caaatcgaa	tgaaccggcg	acgctctttt	gaacatgaga	atattttcaa	2460
agtaggctca	ttagcattca	aaaaaatcaa	tgaattacct	catgaaaatt	atgatataac	2520
aatagagaag	aaatcaatgg	aacagaatta	cttaagacca	gagataggct	cacgttctga	2580
atgcacaaa	agctatggta	acgaactctc	cctttcaaat	atttctttct	ctatactacc	2640
taactcagca	gaaaattttc	acttggaac	tgcaactttc	ccagctacgg	aagaggatgt	2700
gccaaggaca	ttttcaagaa	tattagaaac	aggttcggtt	caaaattatt	atcaaaaaat	2760
ggatgcagaa	aatgcagata	gggtatatc	gaaaggggtc	aagttgattg	caagcggtag	2820
tctaccatct	ggtatatatta	atagggaaag	attgtttgag	gaagatagtt	tctataagta	2880
ttaaataaac	taatgatttt	aaatcgtaa	aaaaatatgc	gaattctgtg	gatcgaaac	2940
aggacctcca	gataacttga	ccgaagtgtt	ttcttcagtc	tggecgtctc	ccaactgagc	3000
taaatccgct	tactatttgt	tatcagttcc	cttcatatct	acatagaata	gggttaagtat	3060
tttattagtt	gccagaagaa	ctactgatag	ttgggaatat	ttggtgaata	atgaagattg	3120
ggtgaataat	ttgataattt	tgagattcaa	ttgttaatca	atgttacaat	attatgtata	3180
cagagtatac	tagaagttct	cttcggagat	cttgaagttc	acaaaaggga	atcgatattt	3240
ctacataata	ttatcattac	ttcttcccca	tcttatattt	gtcattcatt	attgattatg	3300
atcaatgcaa	taatgattgg	tagttgccaa	acatttaata	cgatcctctg	taatatttct	3360
atgaataatt	atcacagcaa	cgttcaatta	tcttcaattc	ggcttcagta	ctgtatgaaa	3420
tactcgctaa	cattttcttt	attctataat	agccacagtga	cacttaaacg	tcaaacgtgg	3480
ogcacattaa	tatacgatgt	atgcatttgg	cttgacactg	ctgtaataag	gaacatcatc	3540
atccgtcaac	tagtagtcac	attagtagtg	tattatcaca	tggtgtgtaa	gaacattacg	3600
taaagattga	aaaaaagtca	tcaaaaataa	aggaagctga	aacgcaagga	ctagtagtgt	3660
aatagaataa	tattgtgtaa	aagtatcgat	accctttttg	gaattattgt	atcttcgagg	3720
gtggctttta	atatattttt	gaaaacctaa	tattataacc	tttcacaaca	acgaaatccc	3780
aactgtgtg	taataatttt	actcaattct	tactattgct	ttaccaatcc	ttgtatttga	3840
gctctcataa	agttcgctga	ctacttctca	cgactcatgt	catc		3884

<210> 6
 <211> 627
 <212> PRT
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

5

<400> 6

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

		115					120					125			
Thr	Phe	Leu	Lys	Ser	Ser	Phe	Asp	Leu	Leu	Val	Glu	Asp	Ser	Ser	Val
	130					135					140				
Glu	Ser	Arg	Leu	Arg	Val	Gln	Tyr	Phe	Ala	Ile	Lys	Ile	Lys	Ala	Lys
145					150					155					160
Asn	Asp	Asp	Asp	Asp	Thr	Glu	Ile	Asn	Leu	Val	Gln	His	Thr	Ala	Lys
				165					170						175
Arg	Asp	Lys	Gly	Pro	Gln	Phe	Cys	Pro	Ser	Val	Cys	Pro	Leu	Val	Pro
			180					185					190		
Ser	Pro	Leu	Pro	Lys	His	Gln	Ile	Ile	Arg	Glu	Ala	Ser	Asn	Val	Arg
		195					200					205			
Asn	Ile	Thr	Lys	Met	Lys	Lys	Tyr	Asp	Ser	Thr	Phe	Tyr	Leu	His	Arg
	210					215					220				
Asp	His	Val	Asn	Tyr	Glu	Glu	Tyr	Gly	Val	Asp	Ser	Leu	Leu	Phe	Ser
225					230					235					240
Tyr	Pro	Glu	Asp	Ser	Ile	Gln	Lys	Val	Ala	Arg	Tyr	Glu	Arg	Val	Gln
				245					250					255	
Phe	Ala	Ser	Ser	Ile	Ser	Val	Lys	Lys	Pro	Ser	Gln	Gln	Asn	Lys	His
			260					265					270		
Phe	Ser	Leu	His	Val	Ile	Leu	Gly	Ala	Val	Val	Asp	Pro	Asp	Thr	Phe
		275					280					285			
His	Gly	Glu	Asn	Pro	Gly	Ile	Pro	Tyr	Asp	Glu	Leu	Ala	Leu	Lys	Asn
	290					295				300					
Gly	Ser	Lys	Gly	Met	Phe	Val	Tyr	Leu	Gln	Glu	Met	Lys	Thr	Pro	Pro
305					310					315					320
Leu	Ile	Ile	Arg	Gly	Arg	Ser	Pro	Ser	Asn	Tyr	Ala	Ser	Ser	Gln	Arg
				325					330					335	
Ile	Thr	Val	Arg	Thr	Pro	Ser	Ser	Val	Asn	Ser	Ser	Gln	Asn	Ser	Thr
			340					345					350		
Lys	Arg	Lys	Met	Pro	Ser	Met	Ala	Gln	Pro	Leu	Asn	Glu	Ser	Cys	Leu
		355					360					365			
Asn	Ala	Arg	Pro	Ser	Lys	Arg	Arg	Ser	Lys	Val	Ala	Leu	Gly	Ala	Pro
	370					375					380				
Asn	Ser	Gly	Ala	Ser	Ile	Ser	Pro	Ile	Lys	Ser	Arg	Gln	Ser	Thr	Pro
385					390					395					400
Met	Glu	Ala	Ser	Lys	Glu	Asn	Glu	Asp	Pro	Phe	Phe	Arg	Pro	Asn	Lys
				405				410						415	
Arg	Val	Glu	Thr	Leu	Glu	His	Ile	Gln	Asn	Lys	Leu	Gly	Ala	Leu	Lys
			420					425					430		
Asn	Gln	Cys	Pro	Asp	Ser	Ser	Leu	Lys	Tyr	Pro	Ser	Ser	Ser	Ser	Arg
		435					440					445			
Gly	Met	Glu	Gly	Cys	Leu	Glu	Lys	Glu	Asp	Leu	Val	Tyr	Ser	Ser	Ser
	450					455				460					
Phe	Ser	Val	Asn	Met	Lys	Gln	Ile	Glu	Leu	Lys	Pro	Ala	Arg	Ser	

<210> 7
 <211> 3197
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

5

<400> 7

```

aatgccatt atgccaataa agacttgccg ctacatacgg atttaccatt tttagaaaat 60
gtgccagggt tccagattct acaatctcta cctgctacag aaggggaaga tcccaatact 120
agaccocatga attacttcgt ggacgcattt tatgctaccc gtaatgtag agaacggat 180
tttgaggctt atgaggcttt acaaattggt cctgtaaatt atatatatga aaacggcgat 240
aagagggtact accaatccaa acctttaatc gaacatcacg acattaacga ggacaatact 300
cttctgggta attatgagge cttgattaaa tgcattaact actctccacc ataccaagca 360
cctttcactt tcggaattta tgataagccc tcagatctaa ataataatct ggacttgaat 420
ttaattacca cccagcaaaa actaacagag agatttttgt ttaagtcttt cattaggggg 480
ttgaacttgt tcgagagtca tatcaatgac ttcaacaate aatttagatt gcagtgccc 540
gaaaactgtt gtgttatctt taacaacagg agaattttgc atgctaactc tttacaagc 600
tcaaaccagc aatggttaaa ggggtgctat ttcgattctg atactttcaa gaggtaata 660
aagttcttgg aagagaagtt tcctcatgac aaataaactc attttttcag catagttag 720
tgattcttta tatttattta tttctctct gtgtagtgc aattttttt ttaagtgttc 780
atgttaataa tatttatttt aagaagccgt cagtttctt ttgtttcatt gaaatcaata 840
actaaaatta aaattataaa aggaataacg taaaagaaag tctactacc aaggaaaatc 900
tactttattt agtgattata tccaactaaa tatcattcaa ataacctcac atatttgtct 960
tcacccttaa gattttacga tttactaagt tcaccctctc atggctttgg agggattgag 1020
gaaaaaatat aaacaaggc aggaattggt caaagcactc actcctaaaa gacggtccat 1080
tcacttgaac tccaatggc actccaacgg aactccctgt tcaaacgcag atgttttggc 1140
tcataattaag catttctctg cattggcggc taattcatta gagcaacatc aacagcctat 1200
ttcaatcgtc tttcaaaaac aaaaaaaaaa aggcgatata agcagtcctg acattcacac 1260
aacattggac ttccctttga atggcccgca tctatgcact catcagttca agttgaaaag 1320
atgcgcaate cttttaact tattgaaagt cgttatggaa aaattaccgc taggtaaaaa 1380
cactacagtg agagatatct tctactccaa cgtggaattg tttcaaaagc aagcaaacgt 1440
agtccagtg ctggacgtta tacgctttaa tttcaagctc tctccaagaa aatccttaa 1500
cattatacca gctcaaaagg gtttagttta ttcgctttc cccattgata tttatgacaa 1560
tattctgaca tgtgaaaatg aaccaaaagat gcaaaaagca acaattttcc ctggttaagc 1620
ctgtctaatt ccatttttcc aagatgatgc ggtcatcaag ttagggacaa caagtatgtg 1680
taataattgt atagtggaaa aagaagctgt cttcaccaaa ttagttaata attatcacia 1740
gttgagtaca aataccatgc tcattacagg taagggtatt ccagatttct tgacaagggt 1800
attcctaaaa aaactagaac aatattgctc caaattgata tcggactgtt ctatatttac 1860
cgatgoggac ccctatggga ttagcatagc cctaaattat actcactcga atgaacgcaa 1920
cgcttatatt tgcacgatgg caaactataa aggaattcgt attacgcaag ttttggcaca 1980
aaataatgaa gtgcataaca aatccattca attattgagt ttgaatcagc gcgactactc 2040
cttagccaag aatttgatag catctctgac tgccaacagc tgggatattg caactcacc 2100
attaagaac gtcatcatag aatgtcagcg ggaaattttt ttccaaaaga aagctgaaat 2160
gaacgagatt gatgccagaa tttttgaata caaatgaata agaattggag ctgttgcttt 2220
ataaaaaatg tttttcaaga attgaaaacg gttacattta aatatttat aaattgaaat 2280
ctttgataat gaatactagt ccaaaaaaaa atacaatttc aaaaaataa atgccatctc 2340
ctagaatcga accagggtt catcgccac aacgatgtgt actaaccact atactaagat 2400
ggcatatgat tttacaatga ttcgatggtg aatgagttat aagccatgta aggatcacta 2460
gtcttttttc ttaagtaact ttttcgcttg tgatatcttg aaataccatt aaacatagat 2520
aagctattga aatgtgaaga aaattcaaaa aaaaaaggga acagagtcac cttttgggta 2580
gaaactaagc ttcaatggat gaatgtttac ccaattcatg tctactaggt gttcacctcg 2640
tcatttcaac gcattcgggg ccacaaatag tttatcacta cccaccctcc aatacagcat 2700
ttctaacaaa taatccaacg aagcatcagc acctctatgg aaaccatgca aatctaata 2760
aaaacacaag tacaataaaa gaagaaaaac tctttaatc tggctctacg aaaacagctt 2820
ctcaaatgac tctaaccgag tcagcgaaaa gttacaatac cgctattacg ccatcaatga 2880
caaatactaa tactaataat gtgacattac ctccaactag atcgcatgct aatactgtag 2940
gatcacaaaag ttcaattcct ggggctaata atgggtgtag ttatagaaaa accgatatcg 3000
aagatacttc tcggactttt caatgaatc tgaacgcta tcatcgggat 3060
taagtacagc cgaattgtcc acagactact tagacatttc tagcgattcg tttctctat 3120
cttcttctct atcgtcatct tctttatctt cttctccctc aagttcatcc tcatcttccc 3180
ctccgcaaga tggctta 3197
    
```

10

<210> 8
 <211> 398
 <212> PRT
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 8

```

Met Ala Leu Glu Gly Leu Arg Lys Lys Tyr Lys Thr Arg Gln Glu Leu
 1      5      10      15
Val Lys Ala Leu Thr Pro Lys Arg Arg Ser Ile His Leu Asn Ser Asn
 20      25      30
Gly His Ser Asn Gly Thr Pro Cys Ser Asn Ala Asp Val Leu Ala His
 35      40      45
Ile Lys His Phe Leu Ser Leu Ala Ala Asn Ser Leu Glu Gln His Gln
 50      55      60
Gln Pro Ile Ser Ile Val Phe Gln Asn Lys Lys Lys Gly Asp Thr
 65      70      75      80
Ser Ser Pro Asp Ile His Thr Thr Leu Asp Phe Pro Leu Asn Gly Pro
 85      90      95
His Leu Cys Thr His Gln Phe Lys Leu Lys Arg Cys Ala Ile Leu Leu
 100     105     110
Asn Leu Leu Lys Val Val Met Glu Lys Leu Pro Leu Gly Lys Asn Thr
 115     120     125
Thr Val Arg Asp Ile Phe Tyr Ser Asn Val Glu Leu Phe Gln Arg Gln
 130     135     140
Ala Asn Val Val Gln Trp Leu Asp Val Ile Arg Phe Asn Phe Lys Leu
 145     150     155     160
Ser Pro Arg Lys Ser Leu Asn Ile Ile Pro Ala Gln Lys Gly Leu Val
 165     170     175
Tyr Ser Pro Phe Pro Ile Asp Ile Tyr Asp Asn Ile Leu Thr Cys Glu
 180     185     190
Asn Glu Pro Lys Met Gln Lys Gln Thr Ile Phe Pro Gly Lys Pro Cys
 195     200     205
Leu Ile Pro Phe Phe Gln Asp Asp Ala Val Ile Lys Leu Gly Thr Thr
 210     215     220
Ser Met Cys Asn Ile Val Ile Val Glu Lys Glu Ala Val Phe Thr Lys
 225     230     235     240
Leu Val Asn Asn Tyr His Lys Leu Ser Thr Asn Thr Met Leu Ile Thr
 245     250     255
Gly Lys Gly Phe Pro Asp Phe Leu Thr Arg Leu Phe Leu Lys Lys Leu
 260     265     270
Glu Gln Tyr Cys Ser Lys Leu Ile Ser Asp Cys Ser Ile Phe Thr Asp
 275     280     285
Ala Asp Pro Tyr Gly Ile Ser Ile Ala Leu Asn Tyr Thr His Ser Asn
 290     295     300
Glu Arg Asn Ala Tyr Ile Cys Thr Met Ala Asn Tyr Lys Gly Ile Arg
 305     310     315     320
Ile Thr Gln Val Leu Ala Gln Asn Asn Glu Val His Asn Lys Ser Ile
 325     330     335
Gln Leu Leu Ser Leu Asn Gln Arg Asp Tyr Ser Leu Ala Lys Asn Leu
 340     345     350
Ile Ala Ser Leu Thr Ala Asn Ser Trp Asp Ile Ala Thr Ser Pro Leu
 355     360     365
Lys Asn Val Ile Ile Glu Cys Gln Arg Glu Ile Phe Phe Gln Lys Lys
 370     375     380
Ala Glu Met Asn Glu Ile Asp Ala Arg Ile Phe Glu Tyr Lys
 385     390     395

```

5 <210> 9
 <211> 3194
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

10 <400> 9

aaaaagccgt ttgcggaaag caatgttttg cccattcaga aacaatatct ttgctgtatc 60
cctacatgta ttatgccgcg ttgcttgtgc aggtacggag tccctgcacg atttttcaac 120
aaggtctaga tttgctaaga cgatgaggcg gagcccgaaa caaacaagcc aaaaaccgga 180

atttcgcgct tgggtgtgctt tcgcatcttt tcgtgtggtg aatgcacctg gtgcacgctg 240
cgaaggtgac gtagcaatcc aaaaaaggga agtctaggcg ctttcaaccg cccccaccg 300
tgcatgcgga ttggttgtca caatttcgag acatattggc aatgtttcct cccctcctgt 360
tgatgcgggt aaggggtgtc tgttatgcag gaacaggaag gtaaaaaatta aatgggcctt 420
aattctgtag acactctctt ggggtaataa gggtaaaagc cattgttgaa gtacggaatc 480
atctcttcat tttttcagcg cttgtaagga attaattccc aggaaggtgc cgatgtaatg 540
agagaagtat tcttgttcta tctctttggt tcggagtatt tcttcttttc ttttctttgt 600
agtttttatg caaatgcagg gaacagagta cccgggttaag gctgttagtc agccgcactc 660
tacacaaaat tacttgcaa acacgttggg tgggaaaagc ttataacttg gcggtgtagt 720
aattgtaaaag gatcaagatt gtgtcatgct aatgtgccgc tgtgtaacaa cctttttgaa 780
gcgcgtatct accaccggca aaaggccatt gtgtcacata aaaaaaaact cccgccaaag 840
ccaggttcat tttgcataag attcaccaca gtacggaaaa tacgataagt taaccagtaa 900
tttgctcgtc ttagctactg ataaaccttc tctgttaaca ctattatttt ttattactt 960
tagatttttc cgtttgtgaa tagccatttt tagatatata atggggttca gaaaaatact 1020
tgctagcaaa tcgcatcaca gtccgaccca taatcagcac cataagaacc tgaagtgtga 1080
aaatcatcgc tatgtactta tttccaatat tacaggatcc catgaaacaa aatattttatc 1140
acccttcagg atggacaatt gttcaggaag cagaagacgt gataggetac atgtgaagct 1200
taaactcctg aggaataaaa tccacaaaca acttcaccca aactgtcggt tcgatgacgc 1260
cactaagact agtgatgata aatgcgtctc ttatgaggtg cccgaaaggg atggccttgc 1320
tactatttcg ttagaagagg tttttccaaa gtccaacagg tgccaaatac ctgaagaaaa 1380
cttgggagaa acagatagcg ttattcacag agatttggga aattttgcaa atgagaatga 1440
ctatccacag tggagaaaaa ttgaaagtca atataactta gagaatgtcc agcctgagga 1500
ggatgaaata gttgatagac tcaggtccga gattagaagc actaaattaa aatctgtaaa 1560
aacgacaagc agaacacttg aaaaagctat agaggctcga tgtactggaa agagagttct 1620
tcaacaacta agttgtcaga gcaaccaact caccaagatc gagagcaatt gtgacatgct 1680
taaaattcaa tctaacttag ccgaccgaaa gattgacgaa cttgcccatg aaaatagaag 1740
cctgcttgca ttaaaatcac ccaacccctt caggaagaaa agggagagag aaaaagcaga 1800
ccagatctac aatttgaaatg taaagcatcg tcacttacag caagaaacta tgaagagagc 1860
ccaagattct gacaaaaatt tagccataaa tctaagttct gaatatggac ggtatggcca 1920
aggggtggaa agacagcgta ttcttagaga tgcccagaag tatcagtttg aagccgatga 1980
agaagataac caaatggaaa tcgacttgta cggaaacctc gaacaaataa aagcgggtgag 2040
tgggtgacttg aaaattatgg ctacgcgttt tggcagagag tttgaagcac aaaacactag 2100
aatgtttgac atcgagaaca atgtacagca ggcagataat gctttacagg ccaagcgata 2160
tagattggag aaagtgatcg ggaaaagatg gtgatctgtt atacacacaa aatatcgtgt 2220
ataaatatat tgaataaata gtttctaaaa aggcatacgc agatattctt gcgaaagaga 2280
aaaaaaaaag agcgaggggg acattagtag tgaaggtctc aattcttctt tgtattttct 2340
ttcggagtgt tcagacaaag ctttctcttt cccataaata aagtgcattc aaacatcggc 2400
agggttgttt ttcccagttg ttacgtattt gtttcccgtt ccattcatga tcttaactg 2460
cggttaactga aaaatcaaca tgattttgtg aaaagtaaaa gagggtaaga aagatagata 2520
ggctgtcgtg gggactatat tttttacagt accaagtcta cttgcttctc ataaagttga 2580
taagttataa ttcatataat ttcatattgtc aaaaaagatt ttagttacaa aacgatatac 2640
aagttcaatc ttgttgggaa aaaggaaaac attatgaagg gtttccggta atcactgcgt 2700
atgccacact attcctatag aattgtcttg attgggtgct tatgctgcgg aaaaattata 2760
ttctgcgctt gccttttata ttaagcgtca caacgccctt acaagatatg agcgggataa 2820
gacaagaatg tatctcaagc gtccgtatat gtttaagttg aaaaggatat ttagtaagaa 2880
taattctacc ctacaaacga tattagtaaa aaaaaaaatc aataatagag ttattgtaca 2940
aacatgttct gaaaattgga agcatcacat cgtatgctac tagagaaaat ttttactatc 3000
ctttttttcca caagccagc cctagcccca tcatcctatt aattgtcaga ccaccgaatg 3060
ctatcccgcc acggttgata taacgaaact ctttactgct ttgggtcaaa tatgcctctt 3120
ttccgcattt tttcggagta gttcattgcc gcatacatc cgcaacttgg acgaggatgt 3180
cctccttctc ttac 3194

<210> 10
<211> 397
<212> PRT
<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 10

```

Met Gly Phe Arg Lys Ile Leu Ala Ser Lys Ser His His Ser Arg His
 1           5           10           15
His Asn Gln His His Lys Asn Leu Lys Leu Gln Asn His Arg Tyr Val
          20           25           30
Leu Ile Ser Asn Ile Thr Gly Ser His Glu Thr Lys Tyr Leu Ser Pro
          35           40           45
Phe Arg Met Asp Asn Cys Ser Gly Ser Arg Arg Arg Asp Arg Leu His

          50           55           60
Val Lys Leu Lys Ser Leu Arg Asn Lys Ile His Lys Gln Leu His Pro
65           70           75           80
Asn Cys Arg Phe Asp Asp Ala Thr Lys Thr Ser Asp Asp Lys Cys Val
          85           90           95
Ser Tyr Glu Val Pro Glu Arg Asp Gly Leu Ala Thr Ile Ser Leu Glu
          100          105          110
Glu Val Phe Pro Lys Ser Asn Arg Cys Gln Ile Pro Glu Glu Asn Leu
          115          120          125
Gly Glu Thr Asp Ser Val Ile His Arg Asp Leu Gly Asn Phe Ala Asn
          130          135          140
Glu Asn Asp Tyr Pro Gln Trp Arg Lys Val Glu Ser Gln Tyr Asn Leu
145          150          155          160
Glu Asn Val Gln Pro Glu Glu Asp Glu Ile Val Asp Arg Leu Arg Ser
          165          170          175
Glu Ile Arg Ser Thr Lys Leu Lys Ser Val Lys Thr Thr Ser Arg Thr
          180          185          190
Leu Glu Lys Ala Ile Glu Ala Arg Cys Thr Gly Lys Arg Val Leu Gln
          195          200          205
Gln Leu Ser Cys Gln Ser Asn Gln Leu Thr Lys Ile Glu Ser Asn Cys
          210          215          220
Asp Met Leu Lys Ile Gln Ser Asn Val Ala Asp Arg Lys Ile Asp Glu
225          230          235          240
Leu Ala His Glu Asn Arg Ser Leu Leu Ala Leu Lys Ser Pro Asn Pro
          245          250          255
Phe Arg Lys Lys Arg Glu Arg Glu Lys Arg Asp Gln Ile Tyr Asn Leu
          260          265          270
Lys Leu Lys His Arg His Leu Gln Gln Glu Thr Met Lys Arg Ala Gln
          275          280          285
Asp Ser Asp Lys Asn Leu Ala Ile Asn Leu Ser Ser Glu Tyr Gly Arg
290          295          300
Tyr Gly Gln Gly Val Glu Arg Gln Arg Ile Leu Arg Asp Ala Gln Lys
305          310          315          320
Tyr Gln Phe Glu Ala Asp Glu Glu Asp Asn Gln Met Glu Ile Asp Leu
          325          330          335
Tyr Gly Asn Leu Glu Gln Ile Lys Ala Val Ser Gly Asp Leu Lys Ile
          340          345          350
Met Ala His Ala Phe Gly Arg Glu Phe Glu Ala Gln Asn Thr Arg Met
          355          360          365
Phe Asp Ile Glu Asn Asn Val Gln Gln Ala Asp Asn Ala Leu Gln Ala
          370          375          380
Lys Arg Tyr Arg Leu Glu Lys Val Ile Gly Lys Arg Trp
385          390          395

```

<210> 11
 <211> 3875
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*
 <400> 11

```

ttattttcaag catttttgggt gttgttgggtg cgggtatatt aaccctattg aacaataatg 60
ccaataaactc tgcctcacatc ggccttttga tattacactgg cgttgctttc ggtgggttgg 120
cacaaagttc catgctcgcct tctcaaatcc agttagacaa gaagagccca acttttccgat 180
cagattttgt ctctattacc acttttaaca cattttgcaa aaatctaggt caagcactgg 240
gaggtgtcat ctctaacact gttttcagtg ctgctgctat caagaaatta accaaggcta 300
atattcagct cccagatggg accacggtag acaatctggg aatctatagg cagaccaatt 360
tcgatggctc tcattccaaa ttgggcaata taatttctga atctctcact gacgtctttt 420
acatggcatt aggattttat gcattatctc tcatttttgc tgtttttgct tcaataaaga 480
aagtcacagc aagcctgaga taagttaagc acgatttaga aggtggcgag cctcaaagtg 540
taaagctgca gaaaaataa acatgacttt tagtaattgg ctgttttagct tgctgaattg 600
tgtaccacaa ctaacgataa cagtaagagg gtaatccgag acagtatgag tacagctatt 660
aaatagttaa tttagatttt tatactggta tgataaacga cgttcatata gcaagagcgt 720
caatgcctct atgtcacctt caatagaagt ttcccttttt atttcgactt ttgtttttgt 780
atttttcggc gtctgccttg ttccattttt aaggcgccaa aaataaaaata aaatgatgaa 840

cgattagtac tcaaagaaca ctttaactct tggaacacaa aaaataaaaa atcaaaagtt 900
gaagggaaggt caaattttct tcctccaacg ataataatac ttgcttatat aactctttta 960
aagttttaca aaacttttga tcagaaaaaa agaaaaaaat atggctactc cccattttata 1020
tcacagatat aactccaaaa gctctaaca aaatatcaat tcgagcggaa attctacaga 1080
ggttgccgtt ttcattccaa aatcagtttc gagaaatgct tataagtcta ttccaattgt 1140
aaatgggttt gacataagtt actcagaact ttgcgagaaa tctccttcac ctgagcggct 1200
atcatccctt gaattcttta acgaactgag aaacaccggg cattacgaat caatcagtag 1260
aacaatgag ttttccatgt caagtatctc tagctcttct gagagtcaag ttaccagaag 1320
tggaagtgca agagcttcaa gaaacgatta ttcaaaatta actaaagagc aaaaggacca 1380
tagaaagaa atgtcacatt ctcttggttt tcaattgccc gaccgtgtct ttacgtttga 1440
gaccacaagt gctgaaattc tggaaaagaa taaagccatc aaaaattgct ttggaccagg 1500
aagttgcgcc gaaataagat caacctttga ctttagtaca ctctcgccc atgttgccc 1560
ttattatata gctaattcta acgcaagatc agcttcccca ccaagacaaa tccaagagcc 1620
tgctaaacga gtaaagtcac atattccata ccgtgtattg gatgcacctt gcctgagaaa 1680
tgatttttat tcgaacttaa tttcttggtc aagaaccaca aacaacgttt tgggtgggact 1740
gggttgctcc gtatacatct ggtctgagaa agaaggagcg gtatctatat tggaccatca 1800
atacttaagt gaaaagaggg atttagtgac atgcgtctca ttctgtcctt acaatactta 1860
ttttattggt ggtacaaaat ttggccgtat tcttctttat gatcaaaaag aattttttca 1920
ttccagcaac acaaacgaaa aggaaccagg taaatttgc aaattttatg ttggagagg 2040
aatatgttgc ctagaatggt ttgaaataaa gagtttgcat ttccccataa aaaactggag 2100
aaatggcaat aaactcgaag atgaaaattt aataggattg aaacttcatt ccacttatca 2160
taaaagacaa cagcaagtct gtggtacgtt attaagagct tatgctttca catacccttt 2220
agctcaggca cgcttatttt ttcatatga aaaatactaa caaatatttt ctacaggtag 2280
tctggtatag gaacatgcaa acctgcttgc agtcggcgcc aatgataatt cttgtagctt 2340
ttctctgaat tccgacttgg ataaacctat taaaaagttt gttcttccac ataaagcggc 2400
tggtgaaggcc attgcctttt gtcttgggtc gaagtctttg ttggctacgg gtggtggaag 2460
caaagacaga tgtattaagt tttggcatac atcgacaggg acattgttgg atgagatttg 2520
cacctcggga caggtgacgt ctttgatatg gtcgttgaga cataaacaga ttgtgtctac 2580
ttttggattc ggtgatacca agaactcctg attaataaca ctatactcat atccaaaatt 2640
atcaaaacta ctogaagtta ggtcgcccaa ccttttgcgt gtactgagcg cagtaatctc 2700
tccaagttcc atggcaattt gcgttgccac taacgatgaa acgataagat tttatgaact 2760
gtggaacgat aaggaggaaa taattcaagag agtgggattt atggatctaa 2820
tattatgaaa tatatggagg gtatcgaaac aacacataac aaaagaataa ggtaataata 2880
aaaaaggata ttcattgcac gcacaaacca aatactcaa atagcaaaact aacagtaaga 2940
atatataaaa ctatacatat gtatacataa aaaaataata gggaaaaaaa aaggaaacca 3000
tatgagtttg aatgaggcga cgtgccatat taaacaatta tattttaaca cttccgcact 3060
gcacctattt agttggctga tttgtgacgt ttttaattcc gatcggcctg aaacagcgaa 3120
gggtcctgga aaattagat aataaaacga atgaaaacce agcaacgtta gatgatgctc 3180
aaaaaaatat agagacagag aaaaaccaga atacaagag ctgtttaagt ggtcaatctc 3240
ccaggtacac cgagccaggt cacatcgaa ttaataatgga tgcaaagaaa ataactggtg 3300
aagccaataa tgatgtattg gaagagggaag cagcgattca gttgattgca ccaggtatag 3360
cgagaaactt aacacaagaa gtcattaccg gtatcttctg taatgtagta atatatcctc 3420
ttcttcta atattttgtc ttaactttcc gttacatgac taaaaatatt gtacottatg 3480
aatttataga tgaaaagttt cacgttggcc aaactttgac ctattttaaa ggtaaatgga 3540
ctcaattgga ccotaaaata acaacccccc ctggaatcta ttttttgggt ttaatttaatt 3600
attattgtat aaagcccata ttcaggtcgt ggagcacact aaactatact agattagtta 3660
atttacttgg agggattatc gttttcccca ttttagtact caggccaata ttccttttta 3720
atgccttagg tttttggccc gtttcattaa tgagcttccc attgatgaca acttattatt 3780
acttatttta caccgatgtg tggctacaaa ttctgatatt gcaatcactc agctgcgtgt 3840
taacattacc gtttggcccc gtgaagagta tatgg 3875

```

<210> 12
 <211> 593
 <212> PRT
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

5

<400> 12

Met	Ala	Thr	Pro	His	Leu	Tyr	His	Arg	Tyr	Asn	Ser	Lys	Ser	Ser	Asn
1				5					10					15	
Lys	Asn	Ile	Asn	Ser	Ser	Gly	Asn	Ser	Thr	Glu	Val	Asp	Arg	Phe	Ile
			20					25					30		
Pro	Lys	Ser	Val	Ser	Arg	Asn	Ala	Tyr	Lys	Ser	Ile	Pro	Met	Leu	Asn
			35				40					45			
Gly	Phe	Asp	Ile	Ser	Tyr	Ser	Glu	Leu	Cys	Glu	Lys	Ser	Pro	Ser	Pro

50	55	60
Glu Arg Leu Ser Ser Pro	Glu Phe Phe Asn Glu	Leu Arg Asn Thr Gly
65	70	75
His Tyr Glu Ser Ile Ser	Thr Thr Asn Glu Phe Ser Met Ser Ser Ile	80
	85	90
Ser Ser Ser Ser Glu Ser	Gln Val Thr Arg Ser Gly Ser Ala Arg Ala	95
	100	105
Ser Arg Asn Asp Tyr Ser	Lys Leu Thr Lys Glu Gln Lys Asp His Arg	110
	115	120
Lys Asn Ile Ala His Ser	Leu Gly Phe Gln Leu Pro Asp Arg Val Phe	125
	130	135
Thr Phe Glu Thr Thr Ser	Ala Glu Ile Leu Glu Lys Asn Lys Ala Ile	140
	145	150
Lys Asn Cys Phe Gly Pro	Gly Ser Cys Ala Glu Ile Arg Ser Thr Phe	155
	165	170
Asp Phe Ser Thr Leu Ser	Pro Asp Val Ala Arg Tyr Tyr Ile Ala Asn	175
	180	185
Ser Asn Ala Arg Ser Ala	Ser Pro Gln Arg Gln Ile Gln Arg Pro Ala	190
	195	200
Lys Arg Val Lys Ser His	Ile Pro Tyr Arg Val Leu Asp Ala Pro Cys	205
	210	215
Leu Arg Asn Asp Phe Tyr	Ser Asn Leu Ile Ser Trp Ser Arg Thr Thr	220
	225	230
Asn Asn Val Leu Val Gly	Leu Gly Cys Ser Val Tyr Ile Trp Ser Glu	235
	245	250
Lys Glu Gly Ala Val Ser	Ile Leu Asp His Gln Tyr Leu Ser Glu Lys	255
	260	265
Arg Asp Leu Val Thr Cys	Val Ser Phe Cys Pro Tyr Asn Thr Tyr Phe	270
	275	280
Ile Val Gly Thr Lys Phe	Gly Arg Ile Leu Leu Tyr Asp Gln Lys Glu	285
	290	295
Phe Phe His Ser Ser Asn	Thr Asn Glu Lys Glu Pro Val Phe Val Phe	300
	305	310
Gln Thr Glu Ser Phe Lys	Gly Ile Cys Cys Leu Glu Trp Phe Lys Pro	315
	325	330
Gly Glu Ile Cys Lys Phe	Tyr Val Gly Glu Glu Asn Gly Asn Val Ser	335
	340	345
Leu Phe Glu Ile Lys Ser	Leu His Phe Pro Ile Lys Asn Trp Ser Lys	350
	355	360
Arg Gln Lys Leu Glu Asp	Glu Asn Leu Ile Gly Leu Lys Leu His Ser	365
	370	375
Thr Tyr Gln Ala Gln Ala	Gln Gln Val Cys Gly Ile Ser Leu Asn Glu	380
	385	390
His Ala Asn Leu Leu Ala	Val Gly Gly Asn Asp Asn Ser Cys Ser Leu	395
	405	410
Trp Asp Ile Ser Asp Leu	Asp Lys Pro Ile Lys Lys Phe Val Leu Pro	415
	420	425
His Lys Ala Ala Val Lys	Ala Ile Ala Phe Cys Pro Trp Ser Lys Ser	430
	435	440
Leu Leu Ala Thr Gly Gly	Gly Ser Lys Asp Arg Cys Ile Lys Phe Trp	445
	450	455
His Thr Ser Thr Gly Thr	Leu Leu Asp Glu Ile Cys Thr Ser Gly Gln	460
	465	470
Val Thr Ser Leu Ile Trp	Ser Leu Arg His Lys Gln Ile Val Ala Thr	475
	485	490
Phe Gly Phe Gly Asp Thr	Lys Asn Pro Val Leu Ile Thr Leu Tyr Ser	495
	500	505
Tyr Pro Lys Leu Ser Lys	Leu Leu Glu Val Arg Ser Pro Asn Pro Leu	510
	515	520
Arg Val Leu Ser Ala Val	Ile Ser Pro Ser Ser Met Ala Ile Cys Val	525
	530	535
Ala Thr Asn Asp Glu Thr	Ile Arg Phe Tyr Glu Leu Trp Asn Asp Lys	540
	545	550
Glu Glu Ile Ile Asn Glu	Ile Gln Glu Ser Gly Ile Tyr Gly Ser Asn	555
	565	570
		575

Ile Ile Glu Tyr Met Glu Gly Ile Glu Thr Thr His Asn Lys Arg Ile
580 585 590

Arg

<210> 13
<211> 2727
<212> ADN
<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 13

```

caaaaaatgt atacaaactc ttaggattgg tcaagaaaag taaatgttgt actgctccaa 60
agatattgcg atgccgtgat aattcaaaag ggtcgaccca gtctatttca ctgcgcgat 120
aatcgttcgt tatccgaagc tggccaattg atacaattaa ttgacatcag cagacagcaa 180
atgcacttga tatacgagc ttaaagcaag ggtaaattat ctgaaaaagg attgaataca 240
atcaaaacct tcacatacat tggtagtaat atcgagcate gctattagca gagtatctcg 300
aagtctacca cggcgaaagt tgatttttta tctgaggtgc tgatcttcgg acgcaatgcg 360
caaacgtaat tccgtagttt tcccaattat tttatttttt aaattacacg taccaggtag 420
atcacataca tatacccaac acctgttata tagtgaattg aattattcgg aacatcaata 480
atcctttgct tataattctt gttatcatcc atcttgcate tttatttaat tatattttgc 540
acaataagct atctatgtga gctgcgtacg gtgactccaa acaatctgtt aatttocata 600
taaataaactt gtagtcggat cgtacaatgg ctctatatag gtttggaccg gtatgtaacc 660
taatattggt gactcaaaac ctgctagata gttatccaag tgaatttgag tctcgatatcc 720
tttatcacat ttttacaata gtggctagct atctttttca tgttaggttc acccggtatt 780
ctcatgcaag atcaaaaaa aaatggtaaa ttttggact ttacattgct taccagtgct 840
tttttatgaa gattcaaaag attatgtcct cggcggttaa attttccatt aataatatta 900
tccttttaag cgaccgaaaa agagaagcgt tttaagagtt gtttctaaca aatattaata 960
ataaagctaa cgtgaactga ccaggctcta tttgaaagat atggcaccga aaaagaaatc 1020
aaacgataga gccattcagg caaaaggctc agaaggttaa gtattttttt acatgctcat 1080
caaataccgc cattactaac aattgtaccc cgggtatttt atcagctgaa caattaatag 1140
aagattactt ggtgtcacia tataaacctt tttctgtaaa tgatatagtt cagaatttgc 1200
acaataaagt gacaaaaaca acagcaacca aagcattaga aaatctcggt aacgagaaac 1260
gcatagtgtc taaaaccttc ggaaagatta taatttactc ttgtaatgaa caagatacag 1320
cattaccaag caatattgat ccttctcagt ttgattttga aactgtattg caactgagaa 1380
atgatttaat agaactagag agagataaat caacggccaa agacgctctt gactctgtaa 1440
ctaaagaacc tgaaaatgaa gatctoctaa caatcattga aaacgaagaa aacgagttga 1500
aaaagattga atcaaaatta caaagtctac aggatgattg ggatccagca aatgatgaga 1560
ttgtcaagcg gataatgtct gaagatacgc tgctacaaaa agaaatcacg aagagatcaa 1620
agattttgcaa aaacctaat tctacaataa aggactcagt gtgccgaaa aatatgaatg 1680
aatttttggg atgtattttg aacatttttc gagacctttt cttttgaata tactaacgaa 1740
atctttacag gaagaaattg gatttgagga catttgatgt gaaaagcaat tgggtgttcc 1800
gtaccggaac acttgctatt ttacttatca tgattgtttt tttttcttat tctttgctat 1860
tattatcaaa ttatatatag gtaaataatc ttacactagt ttataagtgt cacgaacgat 1920
gaaatggaaa cttggggggg aaggctcaaa aaacatactg tgtgtttatg gggctgcctt 1980
tgctagttgt tgaggggtga gaaccgcaat tactgacaaa cgttactgat ttgtaatat 2040
caaaaactcc ttgcattgcc ttcccgttgg ccaaaaatag agtcgttgac aaagagtacg 2100
gcgtcgattc taaagtggg gaggggattt gctcgcatat agttgtcagt tctgtgcta 2160
aaactgaagc aataacagaa aatattgaaa aacagcgaag taactgcac ttaattgaaa 2220
atgtatgaag taggtataat attttggcac acaagtact gttgagagct tacaatcatt 2280
ctagaatgag gaatacgtca aaatggaaac ttaacatc acctcttctt acaactattt 2340
atattgtata ttacaaggg aaatcaattg cctgatattc agtatattgg atctgaagg 2400
atgaaacagt cccttaatta agcttttagat gcggacagaa gttttttgt taaacttgca 2460
tgtcaaat tcaactgcgt gtaattaccg tattcgga ttacatggtt tcagtaattt 2520
tgcaataaac gcagcaaccg gtgatggcga agttttacca tcaaacataa acttataata 2580
actgaatgcc ggcaggttga aacaaattct tgaaaattag tcaattatct tattgtgoga 2640
atgtaatcca ctgaaatcat ctaaagcacc attaccattg tctagcctgt gaataaaaaa 2700
atatgggagt ataattgat agaatgtg 2727

```

<210> 14
<211> 218
<212> PRT
<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 14

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

<210> 15

<211> 3830

<212> ADN

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 15

```

ggctgtcttt attgttcgtg gtacttttgt tggcggcgga tgtctttaac cttatgggtg 60
ccgttatgca acatcttttg tctacatga tcattcttgc tgcttactat acgggtggcag 120
atatcatctt actaggtcaa tgtctatggt acgataatga ggaaaaacca gcagtagacc 180
ctattcatct ctcccctgcc aatccaataa acgaaaacgt tctgcacgat gtgttcaatg 240
aacaacaacc gcttttgaat tcccaaggtc agccaaatcg tattgatgaa gaaatggctg 300
ctccttcacg cgacggaaac gctggtgatg ataactccg tgaagtcaat tcaagaaatt 360
tgataaaaaga catatttatt gttagtgggt tagtttttgt aggtttcatc tctgtgtatg 420
taacctactg cgtaaaactac acgcaacctc ctcccgtgga ggatccatca ctgctgttgc 480
ccgaactgca gatcaattgg atggctcaga tattcggtta ctttaagtcc cttttgtatc 540
tgggttcaag aattcctcag atattactga attttaagag aaagtcttgt gaaggtatca 600
gtttcctatt ctttttgttc gcctgtttgg gtaataccac atttattttc tctgtgattg 660
tcatttcttt agactggaag tatctaatta tgaatgcttc ctggttggtt ggaagcatag 720
gtactttatt catggatttc gtcataatct cccagttttt catttcaaaa agaaataaaa 780
aattttatact gaattaacat gttctatcta atattttatt aacatatttt tgacctcaca 840
aacttttttt ttttttctct ctgtcattga ctttttttta atgtcacaaa aagaaaaatt 900
aaatgtatta taaaatttca tttaaatagg aaaaaaccog tgattactaa aggcataata 960
aagatctatt aaagatctat taaagcttct tgctaccagt atggataata ttttaagggc 1020
atcaaatatg gaagggaact caacaatgac agttacctcg cgtagtctcg aagactctag 1080
ttgtatctca aatcatgaac aagataccga tacacataag gacggcgaca caagtggctc 1140
ggaaaacagt aaaatttctg agagaaagtg gatgaaagag ttttttaaac tttccaaatc 1200
tccagcttcc aaaagcagcc ggagtatagg ttccatgaaa agtaaccaga gcctcgtttc 1260
aatgaaaaag agtgacgatg gcaacagtta taaaaatgat tactcttcta tctgtggtta 1320
cagccttcca tctgcaggtc tgagtcttct gaatatgtg aaagaattaa aattagattc 1380
aactggaagt cagagatcaa aaaataatgt tgccatgtta gcacgttctt ctacaacatc 1440
tcagacaacg tgcctctctt cttcatcatc atcttcttat aactctataa aaggaaatga 1500
aatgatattt ttattgcaga ataacaatca ctttaggcat aacaaagaaa ttcctcaaag 1560
taaagggagc tccaacatta acaccgcacg gattatgagc caatacaatg tcgatacgca 1620
agcaaccgct ataatgagcg atatgcaaaa gcaatacgac tcgcaacaga tgacatcacc 1680
atttgaatac gaagacttgc atttcgatcc aaatggtgaa gtttcacacg taataaaaagc 1740

aatttttaaa gaaattgggt ataaatacga tgatttcagt gatattcctg tttttcaatt 1800
aatgcaagaa atgtatcaac tagtgaagaa gaattccagc gctagaagaa caaagataac 1860
agactatgcc tctaaactta aagaaaaaga agcgcaatta aaaagtcaaa atgacaaaat 1920
tttgaagtta gaaacaacaa acaaggccta caaaactaaa tacaaggagg tctctctgga 1980
aaataagaaa ataaaagagg ctttcaaaga actagacaat gagtcataca atcacgatga 2040
ggaattacta aaaaaataca aatatactag ggaaacctta gatagggtca atagagaaca 2100
gcaattaatc attgatcaaa acgagttttt gaagaaaagt gtcaatgaac tacaaaatga 2160
ggtaaatgct accaacttca agttctcttt atttaagaa aaatatgcaa aattagctga 2220
tagcatcact gaattgaata cctctacgaa aaaaagagag gccctgggag aaaacttaac 2280
ttttgaatgc aatgaattaa aagaaatatg tttgaaatac aaaaaaaca tcgaaaatat 2340
atcaaatacc aataagaatt tacaaaattc gttcaaaaat gaaaggaaaa aagttttaga 2400
tttgagaatc gagagaaatt tgttgaaaaa ggaaatactg ttgattgaat gtcattggtc 2460
atattctcta ctccttgtat ctaatatctt gacatgttat cggttcttac tgccaaagta 2520
tactattatt gaaactgaaa gcttaattaa ggagctactc aacatgaata attcactttc 2580
gaacctatgt tcttctctct acgagcctcc agcggagtac tcgaaaagat tagaattaaa 2640
atgtgtagag tttgaggaag agttacttta tttctatcaa gaacttgtga cgaagaaaat 2700
tatagacgtc atttacaagt gctttattaa ttattacaag aaaagtaggc aaactgacca 2760
aaaatccaat cagaactcca gcactcagta taacaaagc caaagacaag ttccgcactc 2820
catcaagtga acctcaacag ctacacattc ttttataatc cttaatattc tatatataca 2880
tatatgaaaa aatagaaaac gcgaaaactt gtcatttttt ttttaggcgt ttttataata 2940
tactgaaaaa aaaaagaggg tctttaaatg ttgacactct actccaatat caactgtaaa 3000
aaatctcttt atctgctgac ctaacatcaa atctctcaga ttaaaagtat gtccctgcat 3060
aggccagagc taaaattctc tgatgtatca gaggagagaa acttctataa gaagtataca 3120
gggttgccga agaaaccatt aaaaaccatt agattagtgg ataaaggcga ctattacaca 3180
gttatagggt cagatgcgat atttgtggca gattcagctc atcatactca atctgtttta 3240
aagaactgcc aattggaccc tgtaacggca aagaacttcc atgaaccaac taaatatggt 3300
actgtttcgc tacaagttct tgccactctg ctgaagttat gtttgttga tctgggatag 3360
aaagttgaga tatacgataa ggggttgaaa ttaataaaaa gcgcactctc aggggaacatt 3420
gagcaagtta atgagctaag gaatatgaat attgattcga gtatcatcat tgcaagtttg 3480
aaagttcaat ggaattccca agatggaaac tgcattattg gagtgtcttt cattgatacc 3540
actgcataca aggtgggaat gcttgatatt gtcgataatg aagtgtattc caacctagag 3600
agtttcttga ttcaattggg tgtaaaaggaa tgtttgtgac aggacttgac atcaaatcca 3660
aactccaatg ctgaaatgca gaaaagtaata aatgtaattg atcgtctggg gtgcgtcgtt 3720
acattattga aaaactcaga attttctgaa aaagatgtcg aactggattt aaccaagtta 3780
ctgggcgatg atttggcatt atcgttacca caaaaatact ctaaattatc 3830

```

<210> 16
 <211> 609
 <212> PRT
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 16

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

[illegible]

<210> 17
<211> 4754
<212> ADN
<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 17

atttcaaagc agtttgtgca atttgtccag cagttctgta tttgttcaag accgattcct 60
gtagaatatt tttgtccttt agcaaatct gagtatectc gtgggagata gctagagcca 120

tgatagtttt	agcaatatta	gtcgggtcgg	gtttttttctt	aaaagtattt	tgaataacac	180
gatgcttttag	ctcatctcat	ctcttctgct	gaaatttttcc	tttacttcgg	taaaattttt	240
tcagaaagaa	aaaaaagctt	cagaggcatg	accctctccg	ggtaaaaaaa	gcttaggggt	300
accggcctgt	catttttagg	gcataataaa	tttttgccat	ctagttgcaa	ctataataat	360
acagtatgaa	ttgcacgaaa	gagcagtcac	tgtaaatcca	cgaagtgaat	gacagaatac	420
tgacatcagc	tgatttctca	tggagctgtt	tctctgataa	cacgttggtt	gaacatcgac	480
aagatgaaaa	tctagaagta	tcaagtttcc	tttaaaggga	tatataacag	attctaaaaa	540
tgacagaaat	atttcagagt	aagaagaagc	gttaaatatt	ggatctttcc	gcagttctac	600
tctgatacat	ttttgaagta	ggagagtcac	ttagaaggcg	tattgctcaa	tagtagaaa	660
caggcctgtg	cacatgaatt	aattaaaaaa	tataaaggta	gtgattagac	gacacatgct	720
cataggttaa	ctgtcataat	tttgaacaat	ttcccttctt	ttcttttttt	ttttttgggt	780
gcggtgatata	gtagcttgtt	aatttacaca	tcatgtactt	ttctgcatca	aaatatgaaa	840
ggcgatagta	gctaaagaaa	ataccgagaa	tttctctgaa	aaagttagca	caaaagaaa	900
gcataaaaaa	gtaatttgaa	aatattttta	aaactgttta	acccatctag	catccgcgct	960
aaaaaaggaa	gatacaggat	acagcggaaa	caacttttaa	atgatggaaa	ctcctacaga	1020
caatatagtt	tccccttttc	acaatttttg	tagctcgaca	caatatagtg	gtaccttgct	1080
gagaacgccc	aaccaataaa	tagagctaga	gaagcccagc	actctatctc	cattgtcaag	1140
aggaaaaaaa	tggacggaaa	agtttagccag	gttccaaaga	agtagtgcta	aaaagaaaag	1200
attctcacct	tctctatttt	cctcctctac	attttcgttc	tcaccccaat	ctagggtcac	1260
ttcttcaaac	tcttctggca	atgaagacgg	taatctaatg	aatacacctt	ctacggtttc	1320
cactgattat	ttaccacaac	accctcacag	aacatcgtct	ttgccaagac	ctaattccaa	1380
tctctttcac	gcaagtataa	gtaacctatc	cagagcaaat	gagcctccaa	gggccgaaaa	1440
tttatcagat	aatataccac	ccaaggtcgc	tccatttggc	tatccaatac	aaagaacctc	1500
tattaaaaaa	tcccttttga	atgcttcttg	tacgttatgt	gacgagccta	tttctaacag	1560
aagaagaagg	gagaaaatta	tagagcttgc	atgtggccac	ttaaagtcac	aagaatgtct	1620
tattatctct	tttggcacca	cttcaaaggc	agacgttcgt	gcgctatttc	ctttttgtac	1680
caaatgtaaa	aaagatacta	acaaagccgt	tcaatgcatt	ccagaaaatg	atgaactaaa	1740
ggatattcta	atttctgatt	ttttgattca	taagattcct	gattctgagt	tatcaatcac	1800
acctcagtc	cgttttctc	cttattccac	actcttgctc	ccttttgggt	tatcctatac	1860
acctgttgaa	agacaaacga	tatatcttca	agctccaagt	ctaaacccaa	atctcatatt	1920
ggctgcaccc	cccaaggaaa	gaaaccaa	tccacaaaaa	aaatcaaa	atacattttt	1980
acattcaccc	ctggggcaca	gaagaattcc	gtccggagca	aaactctatc	tagcagacac	2040
ctctgtagcg	ttatcagcta	atgattctat	ttctgctgtt	tcaaatccgg	taagagaaaa	2100
ggatgacgaa	accaaataaa	cgttgccgct	gttaagggtc	tattttattc	aaattctttt	2160
gaacaatttc	caggaagaat	tgacggattg	gagaatagac	ggggactatg	gattactaag	2220
gttggttagac	aaattgatga	tttccaaaga	tggtcagaga	tatatacaat	gctgggtgtt	2280
cttatttgaa	gacgcatttg	taatagcaga	agtggataac	gatgttgatg	ttttggaac	2340
tgactataag	aatttagaag	tatttacacc	tattgccaac	ttgagaatga	ctacactcga	2400
agcttcagta	ctcaaatgca	ccttaaataa	acaacattgc	gccgatttat	cagatcttta	2460
cattgttcag	aatataaatt	ctgacgaaag	cacaactgta	cagaaatgga	tatctggtat	2520
attgaatcag	gattttgtat	tcaatgagga	caatatcact	tccacccctg	ctattcttcc	2580
cagttataac	aaactttcaa	aagatgttgg	taatggtagg	tacgagacga	gtacctttct	2640
aggtttaatt	aatcctaaca	aagttgttga	agttgcaaat	gtgcacgata	atgatactgt	2700
aatcataagg	aggggattca	ccttaaattc	aggagaatgt	tctaggcaga	gtactgttga	2760
cagtatacaa	tctgttctaa	ctacgataag	ctcaattctt	tccttaaaac	gagaaaaacc	2820
tgataaattg	gcaataatct	tacagattga	ctttacgaaa	ttgaagggaag	aagacagttt	2880
aattgttatt	tataacagcc	taaaagcttt	aaccattaaa	tttgccgctt	tgacgttttg	2940
tttcgttgat	cgaaataatt	atgttctgga	ctatggatcg	gtattacaca	agatagattc	3000
actagattcc	atctcaaatc	tcaaatcaaa	gagttcctcg	acacaatttt	cacctatttg	3060
gctgaaaaat	actctatata	ccgaaaaaat	tcatgaacat	ttgggtattg	ttgctgtatc	3120
aaatagtaat	atggaagcaa	aaaaaatccg	actattttca	gattacagat	gctttacaga	3180
ttttggaaga	agaaggccca	atgaattgaa	gattaagggtg	ggctatttga	acgttgacta	3240
cagtataaaa	attgatgaac	tagtcgaggg	cagctcctgg	acttttgttt	tagaaactct	3300
ttgtacacag	ttcggtctaa	gttttgatga	agatgatgac	gatgacgaag	aggataatga	3360
tgattcgacc	gataatgaac	ttgataatag	ttcaggatta	ctgtcgggat	ctgaatctac	3420
aaccactatt	catattgact	ctccatttga	taatgaaaa	gtacccgcaa	atatggtgaa	3480
tgacagaaac	cttctcactg	agggtgaaca	tagcaatata	gaaaacttag	aaactgtcgc	3540
ttcttcagta	cagccagctc	tgattcctaa	tattagattt	tcacttcatt	ctgaggagga	3600
gggtactaat	gaaaaatgaa	atgaaaaatga	tatgccagta	ttattactta	gtgatatgga	3660
taaaaggaat	gatggcataa	ccagacgcag	ttcattctcg	agtcctatag	agagcggtaa	3720
taaaacactgt	cccctccata	tggattatat	atagagtata	cactaaattt	tatgcaataa	3780
taaaaaggaa	gcaccccgcc	aaacgtttct	taactatata	ttgttacata	gottgattcc	3840
gtgaatttga	agtggacgca	gttcttctta	gtctttcaag	ttcatagtaa	atagacatta	3900
cccaaaagatc	tctttctgtg	cttgatcttg	ccatgaaaac	cattgacttg	ccgctcacac	3960
ctaaactttt	agtgaatggg	atcttatctg	tgttacttgg	aacattagtg	ttattcaagt	4020

```

cagcttccgg agcagaaggt gggccaatat tattatcttg tctaccataa tcttgcgat 4080
attgcttttc attccctttc ttctgtaagc gattgctaga aagggcacgc cttgttccaa 4140
accaaagcgt aaagcatcgc gaactctcgt cttctacaga togccatccg tccccataaa 4200
ctcgtgggag agcgtgggat ccatagttta ttctgtcaaa agtacgatct ctctgcagaa 4260
ggctctagtc tgttggtggt ccagagtata ggtagcaatc gtcaatcgga atgggtacat 4320
aatgagcata ctccaaaact tccttagcaa aacctgtggt tgatctatga aagcagtgga 4380
acagtacaat aaaacctgat atcaaaacga cgtagtactt cgagaaaaca gaatgcttgt 4440
gcggcttttg atataaaggt cctttttgaa ttaacggcct acttaatatg attccatttg 4500
cattaaaggt ttgctcatct gcacgcccat gttctacgat ccagcgcaat gtattctcac 4560
caatttttgt ttctctctct ccatttagca tcaaaaagacc tgcatttgaa cgccttattt 4620
ttaaaagcct ctccgtatct tccttttgct tgtttttcca ataggatatc atttgtttca 4680
gctttatgac ccactcttca gcaactgttg ctgatgtagc aagcagcttc aagaggagtc 4740
catttgaggt ttct

```

<210> 18

<211> 917

<212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 18

5

Met	Met	Glu	Thr	Pro	Thr	Asp	Asn	Ile	Val	Ser	Pro	Phe	His	Asn	Phe
1				5					10					15	
Gly	Ser	Ser	Thr	Gln	Tyr	Ser	Gly	Thr	Leu	Ser	Arg	Thr	Pro	Asn	Gln
			20					25					30		
Ile	Ile	Glu	Leu	Glu	Lys	Pro	Ser	Thr	Leu	Ser	Pro	Leu	Ser	Arg	Gly
		35					40					45			
Lys	Lys	Trp	Thr	Glu	Lys	Leu	Ala	Arg	Phe	Gln	Arg	Ser	Ser	Ala	Lys
	50					55					60				
Lys	Lys	Arg	Phe	Ser	Pro	Ser	Pro	Ile	Ser	Ser	Ser	Thr	Phe	Ser	Phe
65				70						75					80
Ser	Pro	Lys	Ser	Arg	Val	Thr	Ser	Ser	Asn	Ser	Ser	Gly	Asn	Glu	Asp
				85					90					95	
Gly	Asn	Leu	Met	Asn	Thr	Pro	Ser	Thr	Val	Ser	Thr	Asp	Tyr	Leu	Pro
		100						105					110		
Gln	His	Pro	His	Arg	Thr	Ser	Ser	Leu	Pro	Arg	Pro	Asn	Ser	Asn	Leu
		115					120					125			
Phe	His	Ala	Ser	Asn	Ser	Asn	Leu	Ser	Arg	Ala	Asn	Glu	Pro	Pro	Arg
	130					135					140				
Ala	Glu	Asn	Leu	Ser	Asp	Asn	Ile	Pro	Pro	Lys	Val	Ala	Pro	Phe	Gly
145					150					155					160
Tyr	Pro	Ile	Gln	Arg	Thr	Ser	Ile	Lys	Lys	Ser	Phe	Leu	Asn	Ala	Ser
				165				170							175
Cys	Thr	Leu	Cys	Asp	Glu	Pro	Ile	Ser	Asn	Arg	Arg	Lys	Gly	Glu	Lys
		180					185						190		
Ile	Ile	Glu	Leu	Ala	Cys	Gly	His	Leu	Ser	His	Gln	Glu	Cys	Leu	Ile
	195					200						205			
Ile	Ser	Phe	Gly	Thr	Thr	Ser	Lys	Ala	Asp	Val	Arg	Ala	Leu	Phe	Pro
	210					215					220				
Phe	Cys	Thr	Lys	Cys	Lys	Lys	Asp	Thr	Asn	Lys	Ala	Val	Gln	Cys	Ile
225					230					235					240
Pro	Glu	Asn	Asp	Glu	Leu	Lys	Asp	Ile	Leu	Ile	Ser	Asp	Phe	Leu	Ile
				245					250					255	
His	Lys	Ile	Pro	Asp	Ser	Glu	Leu	Ser	Ile	Thr	Pro	Gln	Ser	Arg	Phe
			260					265						270	
Pro	Pro	Tyr	Ser	Pro	Leu	Leu	Pro	Pro	Phe	Gly	Leu	Ser	Tyr	Thr	Pro
		275					280						285		
Val	Glu	Arg	Gln	Thr	Ile	Tyr	Ser	Gln	Ala	Pro	Ser	Leu	Asn	Pro	Asn
	290					295						300			
Leu	Ile	Leu	Ala	Ala	Pro	Pro	Lys	Glu	Arg	Asn	Gln	Ile	Pro	Gln	Lys
305					310					315					320
Lys	Ser	Asn	Tyr	Thr	Phe	Leu	His	Ser	Pro	Leu	Gly	His	Arg	Arg	Ile
				325					330					335	
Pro	Ser	Gly	Ala	Asn	Ser	Ile	Leu	Ala	Asp	Thr	Ser	Val	Ala	Leu	Ser
			340					345					350		
Ala	Asn	Asp	Ser	Ile	Ser	Ala	Val	Ser	Asn	Ser	Val	Arg	Ala	Lys	Asp

355	360	365
Asp Glu Thr Lys Ile Thr Leu Pro Leu Leu Arg Ser Tyr Phe Ile Gln		
370	375	380
Ile Leu Leu Asn Asn Phe Gln Glu Glu Leu Gln Asp Trp Arg Ile Asp		
385	390	395
Gly Asp Tyr Gly Leu Leu Arg Leu Val Asp Lys Leu Met Ile Ser Lys		
405	410	415
Asp Gly Gln Arg Tyr Ile Gln Cys Trp Cys Phe Leu Phe Glu Asp Ala		
420	425	430
Phe Val Ile Ala Glu Val Asp Asn Asp Val Asp Val Leu Glu Thr Arg		
435	440	445
Leu Lys Asn Leu Glu Val Phe Thr Pro Ile Ala Asn Leu Arg Met Thr		
450	455	460
Thr Leu Glu Ala Ser Val Leu Lys Cys Thr Leu Asn Lys Gln His Cys		
465	470	475
Ala Asp Leu Ser Asp Leu Tyr Ile Val Gln Asn Ile Asn Ser Asp Glu		
485	490	495
Ser Thr Thr Val Gln Lys Trp Ile Ser Gly Ile Leu Asn Gln Asp Phe		
500	505	510
Val Phe Asn Glu Asp Asn Ile Thr Ser Thr Leu Pro Ile Leu Pro Ile		
515	520	525
Ile Lys Asn Phe Ser Lys Asp Val Gly Asn Gly Arg Tyr Glu Thr Ser		
530	535	540
Thr Phe Leu Gly Leu Ile Asn Pro Asn Lys Val Val Glu Val Ala Asn		
545	550	555
Val His Asp Asn Asp Thr Val Ile Ile Arg Arg Gly Phe Thr Leu Asn		
565	570	575
Ser Gly Glu Cys Ser Arg Gln Ser Thr Val Asp Ser Ile Gln Ser Val		
580	585	590
Leu Thr Thr Ile Ser Ser Ile Leu Ser Leu Lys Arg Glu Lys Pro Asp		
595	600	605
Asn Leu Ala Ile Ile Leu Gln Ile Asp Phe Thr Lys Leu Lys Glu Glu		
610	615	620
Asp Ser Leu Ile Val Ile Tyr Asn Ser Leu Lys Ala Leu Thr Ile Lys		
625	630	635
Phe Ala Arg Leu Gln Phe Cys Phe Val Asp Arg Asn Asn Tyr Val Leu		
645	650	655
Asp Tyr Gly Ser Val Leu His Lys Ile Asp Ser Leu Asp Ser Ile Ser		
660	665	670
Asn Leu Lys Ser Lys Ser Ser Ser Thr Gln Phe Ser Pro Ile Trp Leu		
675	680	685
Lys Asn Thr Leu Tyr Pro Glu Asn Ile His Glu His Leu Gly Ile Val		
690	695	700
Ala Val Ser Asn Ser Asn Met Glu Ala Lys Lys Ser Val Leu Phe Gln		
705	710	715
Asp Tyr Arg Cys Phe Thr Ser Phe Gly Arg Arg Arg Pro Asn Glu Leu		
725	730	735
Lys Ile Lys Val Gly Tyr Leu Asn Val Asp Tyr Ser Asp Lys Ile Asp		
740	745	750
Glu Leu Val Glu Ala Ser Ser Trp Thr Phe Val Leu Glu Thr Leu Cys		
755	760	765
Tyr Ser Phe Gly Leu Ser Phe Asp Glu Asp Asp Asp Asp Asp Glu Glu		
770	775	780
Asp Asn Asp Asp Ser Thr Asp Asn Glu Leu Asp Asn Ser Ser Gly Leu		
785	790	795
Leu Ser Asp Ala Glu Ser Thr Thr Thr Ile His Ile Asp Ser Pro Phe		
805	810	815
Asp Asn Glu Asn Ala Thr Ala Asn Met Val Asn Asp Arg Asn Leu Leu		
820	825	830
Thr Glu Gly Glu His Ser Asn Ile Glu Asn Leu Glu Thr Val Ala Ser		
835	840	845
Ser Val Gln Pro Ala Leu Ile Pro Asn Ile Arg Phe Ser Leu His Ser		
850	855	860
Glu Glu Glu Gly Thr Asn Glu Asn Glu Asn Glu Asn Asp Met Pro Val		
865	870	875
		880

Leu Leu Leu Ser Asp Met Asp Lys Gly Ile Asp Gly Ile Thr Arg Arg
 885 890 895
 Ser Ser Phe Ser Ser Leu Ile Glu Ser Gly Asn Asn Asn Cys Pro Leu
 900 905 910
 His Met Asp Tyr Ile
 915

<210> 19

<211> 3272

5 <212> ADN

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 19

```

acagaaatat ttgaaatata tttcctcaaa gagtacacta gatccattca tatttttaggc 60
ttcctatgga aaccgttttt tcaaggataa accccgccat atgttctttg cgaagtcttt 120
tgcagtttaa actaattaca actctgttat ttactgacac etgcgtttaa attttatcac 180
aatatgtcat ccgctgagag agatgtacta tttataatta cttaagagcg actacttcat 240
ttaccattag cgagcagaag aacagcttac ttgtcgatgt tcttctctgg ctaaagaaa 300
tgtcaattat tgagattgag atgggtatgt atgatcggat tttgatatca gccgatgaga 360
cgaagattca atagcttcaa ccgtccctgc ggggggtact taccttttgt aaccagtacc 420
ctgtgcaaat tctcggcgtg tactacctct tttgggacca caacccttg tacgcacttt 480
cgtcagatgc aaatttttac acgcgttgaa aaatgtttca ggaagagata ctgcgtaaaa 540
aaaagacaca tgtgttacgc aggaaaaagt ttgtgaggct ttttgcccta acagattgac 600
ttgtagccct gttaggttta cccaacagtt gtttttctgt gtgtcgaaaa ttttttcaga 660
ttgttttcaa ctgacacttg cctgtttcat attagtgtga acttaaaact tcaaacataa 720
aacttttttg gaagtccatc cttcacatga cttgaatccc ttcaatatog aaacagtatc 780
ctcaaaatct cttatcactt ttctaattgt tttcttcccc tttttgtagt aactcgtgtg 840
aaagcacatt ttattcataa tctcctttgt gccagaactc aaggtaataa ggccagaatt 900
attggaagga aagaggaag aaaataagat attgctagtt cattaagtca aggaagaaaa 960
tactcaaaaa actgtacagc tcaatcaggt acacattacg atggcagcac atcagatgga 1020
ctcgataacg tattctaata atgtcaccca acagtatata caaccacaaa gtctacagga 1080
tatctctgca gtggaggatg aaattcaaaa taaaatagag gccgccagac aagagagtaa 1140
acagcttcat gctcaataa ataaagcaaa acacaagata caagatgcaa gcttattcca 1200
gatggccaac aaagtactt cgttgaccaa aaataagatc aacttaagc caaatatagt 1260
gttgaaaggc cataataata aaatctcaga ttttcggtgg agtcgagatt caaaacgtat 1320
tttgagtcca agtcaagatg gctttatgct tatatgggac agtgcttcag gtttaaaaca 1380
gaacgctatt ccattagatt ctcaatgggt tctttcctgc gctatttcgc catcgagtac 1440
tttggtagca agcgaggat taaacaataa ctgtaccatt tatagagttt cgaagaaaaa 1500
cagagttagc caaaacgttg cgtcaatttt caaaggacat acttgctata tttctgacat 1560
tgaatttaca gataacgcac atatatgac agcaagtggg gatatgacat gtgccttgtg 1620
ggatataccg aaagcaaaag gggtagagag atattctgac catttaggtg atgttttggc 1680
attagctatt cctgaagagc caaactcaga aaattcttcg aacacattcg ctagctgttg 1740
ctatacaggg tatacttaca tatgggatag cagatctccg tccgctgtac aaagctttta 1800
cgttaacgat agtgatatta atgcacttcg ttttttcaa gacgggatgt cgattgttgc 1860
aggaagtgc aatggtgcga taaatatgta tgatttaagg tcggactgtt ctattgctac 1920
tttttctctt tttcagaggt atgaagaacg taccctacc cctacttata tggcagctaa 1980
catggagtac aatacddgcg aatcgccaca aactttaaaa tcaacaagct caagctatct 2040
agacaaccaa ggcgttgttt ctttagattt tagtgcactt ggaagattga tgtactcatg 2100
ctatacagac attggttgtg ttgtgtggga tgtattaaaa ggagagattg ttggaaaaat 2160
agaaggtcat ggtggcagag tcaactggtg gcgctcgagt ccagatgggt tagctgtatg 2220
tacaggttca tgggactcaa ccatgaaaat atggtctcca ggttatcaat agcttcgaat 2280
tggaataact gtgagcagta attatcaatg gatgctatta tataaatata catacctaca 2340
cccattccat atttacatag aataacaaca gtaacattag ttctgtggaa gcgcaaaaaa 2400
gtcctttaat aaagtaagtc aaaacattca acaatgaaaa ttcaaagcat tgtcatttgc 2460
ttcctttttc tctttggata aacgaacaa aaacgaacaa aagtgtcatg cactcaaaaa 2520
ttcttttcaa tcgttttggg aacagtatta ttactgact tatttgacca acttgctaga 2580
atcatctatg ttttcaggca ttgtttaatt tcatgatggc tgtccctact ttagcttgtt 2640
atgagccttc actggctcgt ccttatgtat tgcgtctgac caaaaatttg tcccttcttg 2700
tttagtggaa tttttgttcg gtaatttcaa aaatgcctga attttcatta acaaatcctc 2760
tggtagtgtg gttataaaca taaaaaactg ctccctctcg ggatgatttt caattgctct 2820
ctgtactgca ggatcattca atatcatctg aaccacgtcc gtcacatcat cctcatctat 2880
aagcgcaagg cttttaatcc agggcaaatc ggctatacga agagacattt cttcctccgg 2940
agacactact ttccacggga gatcaaaata tttagatagt tcactattga gatgtgagaa 3000
ttcatgaggg acatcaacgg tatagtcaac tgcatatgca tcatcttcaa acgttaagtc 3060

atgttcaatg ctaaactttc cagcgttacc tataaaaaag cattctatct ttaagttaaa 3120
ctctcccaa cgggtttcct tgataaaaaa tggcagcgag ttcagtcgtc ttttgggctg 3180
tttgaaagca gagtgcaaat ggtagatgca tttagagagg atggtaggct ccacttccct 3240
tctgttgca tctaacatga ggagttccat ct 3272

```

<210> 20

<211> 423

<212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 20

Met	Ala	Ala	His	Gln	Met	Asp	Ser	Ile	Thr	Tyr	Ser	Asn	Asn	Val	Thr
1				5					10					15	
Gln	Gln	Tyr	Ile	Gln	Pro	Gln	Ser	Leu	Gln	Asp	Ile	Ser	Ala	Val	Glu
			20					25					30		
Asp	Glu	Ile	Gln	Asn	Lys	Ile	Glu	Ala	Ala	Arg	Gln	Glu	Ser	Lys	Gln
		35					40					45			
Leu	His	Ala	Gln	Ile	Asn	Lys	Ala	Lys	His	Lys	Ile	Gln	Asp	Ala	Ser
	50					55					60				
Leu	Phe	Gln	Met	Ala	Asn	Lys	Val	Thr	Ser	Leu	Thr	Lys	Asn	Lys	Ile
65					70					75					80
Asn	Leu	Lys	Pro	Asn	Ile	Val	Leu	Lys	Gly	His	Asn	Asn	Lys	Ile	Ser
				85					90					95	
Asp	Phe	Arg	Trp	Ser	Arg	Asp	Ser	Lys	Arg	Ile	Leu	Ser	Ala	Ser	Gln
			100					105					110		
Asp	Gly	Phe	Met	Leu	Ile	Trp	Asp	Ser	Ala	Ser	Gly	Leu	Lys	Gln	Asn
		115					120					125			
Ala	Ile	Pro	Leu	Asp	Ser	Gln	Trp	Val	Leu	Ser	Cys	Ala	Ile	Ser	Pro
	130					135					140				
Ser	Ser	Thr	Leu	Val	Ala	Ser	Ala	Gly	Leu	Asn	Asn	Asn	Cys	Thr	Ile
145					150					155					160
Tyr	Arg	Val	Ser	Lys	Glu	Asn	Arg	Val	Ala	Gln	Asn	Val	Ala	Ser	Ile
				165					170					175	
Phe	Lys	Gly	His	Thr	Cys	Tyr	Ile	Ser	Asp	Ile	Glu	Phe	Thr	Asp	Asn
			180					185					190		
Ala	His	Ile	Leu	Thr	Ala	Ser	Gly	Asp	Met	Thr	Cys	Ala	Leu	Trp	Asp
		195					200					205			
Ile	Pro	Lys	Ala	Lys	Arg	Val	Arg	Glu	Tyr	Ser	Asp	His	Leu	Gly	Asp
	210				215						220				
Val	Leu	Ala	Leu	Ala	Ile	Pro	Glu	Glu	Pro	Asn	Ser	Glu	Asn	Ser	Ser
225					230					235					240
Asn	Thr	Phe	Ala	Ser	Cys	Gly	Ser	Asp	Gly	Tyr	Thr	Tyr	Ile	Trp	Asp
				245					250					255	
Ser	Arg	Ser	Pro	Ser	Ala	Val	Gln	Ser	Phe	Tyr	Val	Asn	Asp	Ser	Asp
			260					265					270		
Ile	Asn	Ala	Leu	Arg	Phe	Phe	Lys	Asp	Gly	Met	Ser	Ile	Val	Ala	Gly
	275						280					285			
Ser	Asp	Asn	Gly	Ala	Ile	Asn	Met	Tyr	Asp	Leu	Arg	Ser	Asp	Cys	Ser
	290					295					300				
Ile	Ala	Thr	Phe	Ser	Leu	Phe	Arg	Gly	Tyr	Glu	Glu	Arg	Thr	Pro	Thr
305					310					315					320
Pro	Thr	Tyr	Met	Ala	Ala	Asn	Met	Glu	Tyr	Asn	Thr	Ala	Gln	Ser	Pro
				325					330					335	
Gln	Thr	Leu	Lys	Ser	Thr	Ser	Ser	Ser	Tyr	Leu	Asp	Asn	Gln	Gly	Val
			340					345					350		
Val	Ser	Leu	Asp	Phe	Ser	Ala	Ser	Gly	Arg	Leu	Met	Tyr	Ser	Cys	Tyr
		355					360					365			
Thr	Asp	Ile	Gly	Cys	Val	Val	Trp	Asp	Val	Leu	Lys	Gly	Glu	Ile	Val
	370					375					380				
Gly	Lys	Leu	Glu	Gly	His	Gly	Gly	Arg	Val	Thr	Gly	Val	Arg	Ser	Ser
385					390					395					400
Pro	Asp	Gly	Leu	Ala	Val	Cys	Thr	Gly	Ser	Trp	Asp	Ser	Thr	Met	Lys
				405					410					415	
Ile	Trp	Ser	Pro	Gly	Tyr	Gln									
				420											

<210> 21

<211> 2333

<212> ADN

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 21

```

atattatata tatatatagg gtcgtatata tatcgtgcgt cttcttcctt ctctaaggggt 60
aaaattccctt gtatttggtta taatagtagt aactgccgag cccacccaaa gctgtcaaaa 120
cgacaggggac aggttttagtg aacctggaag gcatgcctct tatgacacca gcaccaagta 180
gtaaggtcga tgcacccaat gccatttcga gccaccatc tctattcata tgtagcaagt 240
aaccggcaat cccatataca ctaccgaata ctaagccaga tactagagat ggaatggagc 300
ccttacggta gtatcccata aggccaccgg ctgtagtcaa aagactcaat gtatatgctg 360
gatgttccat agtgtgatct gatgttcctt tctctcaaac ttcgtttctg tcttgtctcc 420
cgctgttacc taataacttc atgtgatctg ctccccctt cgtttaaata ccaccttttc 480
atcaaccccg tagggcgcgga caggtctaaa atattaacct ctgaatactt attgggtcaa 540
aatggatgtt aataactttc ctttacaaaa aaagggctaa tagagtatat gcatttcggg 600
agtgaatat tegttaatgc taatatgctc agtagtgatc ctagattacc agttttactg 660
cagccatcgt acaatttttg aacgagtata aagagagaaa ttaaaaacga cgagaaatat 720
tcgtaccagc ttctcttcctg gcttgatgac agtcttaata tcatctgcaa ctcttgaat 780
cttgctttat agtcaaaatg tacgtacgct ttctactata taatatgatt tgtcaatgtg 840
atgtgtgaat gtctctctgt taccgggttg tcatgttgat ttttgtttca ggctataaat 900
gtttgatgca atatttaaca aggagaacag aaatgttttg tgacagcacc tgtcaatttt 960
aggatagtag caatcgcaa cgttctcaat aattctaaga atgacatcag ttcaaaaactc 1020
tccacgctta caacaacctc aggaacagca acagcaacag caacagcttt ccttaagat 1080
aaaacaattg aagttgaaaa gaatcaacga acttaacaat aaactgagga aagaactcag 1140
ccgtgaaaga attactgctt caaatgcatt tcttacaata ataaactata cctcgaatac 1200
aaaagattat acattaccag aactatgggg ctaccccgta gcaggatcaa atcattttat 1260
agagggtttg aaaaatgctc aaaaaaatag ccaaatgtca aactcaata gtgtttgttg 1320
tacgcttatg taatgatagt aatagaatcc aaaaaaaaaa aaaatataca tgcgtttttca 1380
tatctctctc caccctatct ttttttttct tctaattttg gctcgttca tatcttattc 1440
aaaattaatt cagcggtaat cttatcttta ttgtagact tcgcagaaat ttccttttagc 1500
ttcgatgcag atagtttgat caagtcattt tgtttattac gtcccagttc gcgagaaata 1560
atgtaacca atgcccaccc ttttaggtat agttcgctaa gttcaacgct cctcaagca 1620
ttctttaatg ccttttccaa gagctcgatc ttggtttgtt tcttgctacg tagagcctca 1680
taatacagag tctcacttag cctaccaaaa caagcgtaat tgaatgggtg aatacatagg 1740
acctgttcca aacaataacg ggctttttca aattggccca tttcgaaata aatctcgctg 1800
gcataccacc acaattctgc atcaagcggg aatttatctg taagagccac cacttcttta 1860
agaatacttt cttggtccta attcttgga gttgtcttaa tagctatcaa tttctttgca 1920
atagagacat aagtaacgaa gtccgtttca tactccagat catcattcaa caatttttc 1980
agatattcaa tagcgctttt atcattttccg tttatctgca ataaagtggc tttcatgatt 2040
accattttat acgaattttc accaagaaga tctcttaatg tattataaac aacttgccga 2100
tcaacgtctt ggtttcggtt caacaaaaca tagaaaagca tttccatcaa gaagaaatag 2160
tttcttctg ttagtgaga gtctccgctt tcatgtaaa ttttcatttc attttctagt 2220
tgcagtaatt gttctggatt aaattgagta tacgcttttg tattcataat tgtcaagagc 2280
ttttctctaa ccaaactcct caacattgtt ttatctactg ctttctatga ttt 2333

```

<210> 22
 <211> 110
 <212> PRT
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 22

```

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

```

```

          85          90          95
Ser Gln Met Ser Asn Ser Asn Ser Val Cys Cys Thr Leu Met
          100          105          110

```

<210> 23
 <211> 4067
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

5

<400> 23

```

cctcagatgc gcaattcatg gaattgtact cttgccagaa gttaagtggg tcgatagtca 60
ctccattgga cgtagaaaac tctttattac agaagttgtc cgcaaagagt ttgaagatat 120
ccctaacaaa gcggaacaag ttccagttcc gccatcgaga aatcgtcaag agtatgcaag 180
gagtttatca caaccatcac aactccgtta atcaagagca ggtcttgaac gttttgttcg 240
agaatagcaa gcaagttctt tcaggtttaa aagatatgtt gaaaagcgac gggcaaccca 300
cttacttaca tctgaaaatt gcaagttaca ttctttgtat aacgaacggt aaggaaccca 360
taaagctaaa gacatttgtt gaaaacgaat gtaaagaatt ggtccagttt gcacaagaca 420
ccctgaagaa cttcgttcag taatcacttt caagctgtag tatgtaaacy atatatagatga 480
agttttcgtg tgtataaata tatgaactct agagtgttgc ataatttgaa acacagcatt 540
tcttttcgga gagctcgttt caaaatgaaa caaacgccgt tgtccgtttt cgtctcaata 600
gaaaaagtga aacagataaa aattgtttta aaagaaacga atttgcaaca tcttaagata 660
tatcaaaact aatacaaaac agcctaaaaa agattgaaca actcttcgag gtcaggtctc 720
gacaccataa atcgaagtac tcgtacgcta gttttctcgc acatagtacc actacgttcc 780
ttttacaatt agattacttc tttttagttg acttttttga gacgttcgtg ccattcataa 840
aataggaaaa gataacaggt aagcactgaa gacttgtttt ataagtgtcc caagcgagac 900
ctagagtgga tattgatatt tctcaaaaca gactcgtcga agaaaacaca cttttatagc 960
ggaaccgctt tctttatttg aattgtcttg ttcaccaagg atgaaagtcc aaataaccaa 1020
tagtagaaca gaggaatctt taaaagtcca agctaataat gaaaacgatg aagtcagtaa 1080
agctactccg ggcgaagttg aagaatcgct aaggttaatc ggcgatctaa aattcttttt 1140
agccacagcg ccggtaaatt ggcaagaaaa ccaaattata aggcgatact atctgaatat 1200
tggacaaggg tttgtctctt gtgtattttg gaacaatcta tactatatta caggtagtga 1260
tattgtcaaa tgttgtcttt acagaatgca aaagtttggg agagaagtag ttcaaaagaa 1320
aaaatttgaa gagggatatt tttcagattt aagaaatctc aaatgtggtg tagatgcaac 1380
tttagaacia ccaaagtccg aattttttgtc gtttctattc agaaatatgt gtctgaaaac 1440
ccaaaaaaag cagaaagtat ttttttggtt cagtgtagca catgataagt tgtttgcgga 1500
tgogttggaa agagatttaa aaagagaaag ttggaatcag ccttcaacgc ctaagccgtt 1560
taatgagccc gccttatctt ttcatatga ttctcatct gataagcctc tctacgatca 1620
gttacttcaa cathtagatt ctagaagacc atctagtaca acaaaatcag ataattcgcc 1680
tccaaaatta gaaagcgaga attttaagga taatgagttg gtaacagtaa ctaatcagcc 1740
gcttttaggc gttggcctca tggatgacga tgcgccagaa tccccctctc aaattaatga 1800
ttttattcct cagaaattga ttatagaacc caatactctc gaattgaatg gtctcacaga 1860
agaaacgcct catgacttac ccaagaatac cgctaaggcg agagacgaag aagatttttc 1920
tctcgactat tttcctgtat ctgttgaaata ccctacggag gaaaatgcgt ttgatccgtt 1980
ccctccacag gcttttacgc cagctgcccc ttccatgcct atttccctatg ataacgtgaa 2040
tgaaagggat totatgcccg ttaattctct tcttaataga taccctatc agttatcagt 2100
ggcaccact ttcccagtc caccatcatc atcgaggcaa cattttatga caaatcgga 2160
tttttattca tctaacaata acaaggaaa atttggtatct cctagcgacc ctaccagcta 2220
catgaagtat gacgaaccag ttatggattt tgatgaatct cggccaatg aaaactgtac 2280
aatgcaaaa tctcacaact ctggccagca aactaaacaa caccaattat attctaacia 2340
cttccagcaa tcttacccaa acggaatggg tccaggatac tacccaaaaa tgcggtataa 2400
tcccatggg ggggatcctc tactcgatca agccttttat ggcgcgagc attttttctt 2460
tccaccagaa ggatgtgata acaatatgct gtatccacaa actgcaactt catggaatgt 2520
tttgccccct caagctatgc aaccagctcc aacctatgtt gggagaccat acacaccgaa 2580
ttatagatcg acaccaggtt ccgcgatgtt ccatacatg caaagttcaa attccatgca 2640
gtggaacact gctgtttcac cttatagttc gagagcacca tctacaactg ctaaaaacta 2700
tcctcctagc acattttatt ctcaaaatat aaatcaatac ccacggcgaa gaactgtggg 2760
aatgaagtct tcacaaggaa atgttccaac aggtaataaa caatctgtgg gcaagtctgc 2820
aaaaatttca aagcctctac atattaagac aagtgttat cagaagcaat acaaaatcaa 2880
cttgaaacg aaagccaggg caagtgtctg tgacgaagat tctgctcatc ctgataagaa 2940
caaagaaatt tcgatgccta ctccggattc caatactttg gtggtccagt cagaagaagg 3000
tggagctcat tcacttgagg tagataccaa tcgaaggtcc gataaaaaac ttccagatgc 3060
aacctgatat aatataattt ttgaatttat gatacaagaa ttaaaaatgc gggccagaat 3120
ttaatattaa acaatactca gaagaaaaca acaaggacaa tctgttttta taaataaaac 3180
aatcttatac aagactagag caaacaaaaa gcaagaaaaa aaggtataaa atgtaacaaa 3240
    
```

```

tctattaacg ttagaaaata acaaaaaaaaa aaaaagaaaa agataatata atataaatacc 3300
tttatatatg tgatttatct agcgtcacag tatgtaatat aaatatcaat gagtttctta 3360
acatgacctc caaaactaca tgatcgctta gtattacaat atgtgtttat ccactatttt 3420
gataccaacg tagtattgcc ttttattttt cagaatggca aaggccatcg gaaaattttt 3480
ccaccagaaa aagcgagatt cctaattata aggtgaaggc atcgatgttc ataatagtta 3540
aaagttgtta tcaaaaaaga aaaaggtgca gagataaaca aagttaataa atgacaaaat 3600
caagaaagca gaagcaaaaa aagcaggatt ttttgagaaa aaagttaaaa gttggtaagc 3660
caaaggaaaa agcaagggaat gctaccgata catctttcgt ttccaagact atttctatta 3720
gaaatcaaca tttagaccaa aatccacatg atttaacaaa acggctaacg ctcttaaagc 3780
atcataacat caatgtgaga aaggaaacat taacaacatt ccaaaagtca ataccgtcta 3840
taataaaatc tcgacttatg acaccattac ttactcaaag tataccgttg atttgcgatg 3900
aatcgagca agtacgtcag ggacttattg atctcgtaga tgaaataggt agtcacgatg 3960
cggagatttt aaaattgcac tgcaacattt ttgtcttata cattaacatg gcaatgacac 4020
atattgttac acaaattcaa gcagattcta ctaaatttct ctctcat 4067

```

<210> 24

<211> 688

<212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 24

5

Met	Lys	Val	Gln	Ile	Thr	Asn	Ser	Arg	Thr	Glu	Glu	Ile	Leu	Lys	Val
1				5					10					15	
Gln	Ala	Asn	Asn	Glu	Asn	Asp	Glu	Val	Ser	Lys	Ala	Thr	Pro	Gly	Glu
			20					25					30		
Val	Glu	Glu	Ser	Leu	Arg	Leu	Ile	Gly	Asp	Leu	Lys	Phe	Phe	Leu	Ala
		35					40					45			
Thr	Ala	Pro	Val	Asn	Trp	Gln	Glu	Asn	Gln	Ile	Ile	Arg	Arg	Tyr	Tyr
						55					60				
Leu	Asn	Ser	Gly	Gln	Gly	Phe	Val	Ser	Cys	Val	Phe	Trp	Asn	Asn	Leu
65					70					75					80
Tyr	Tyr	Ile	Thr	Gly	Thr	Asp	Ile	Val	Lys	Cys	Cys	Leu	Tyr	Arg	Met
				85					90					95	
Gln	Lys	Phe	Gly	Arg	Glu	Val	Val	Gln	Lys	Lys	Lys	Phe	Glu	Glu	Gly
			100					105					110		
Ile	Phe	Ser	Asp	Leu	Arg	Asn	Leu	Lys	Cys	Gly	Ile	Asp	Ala	Thr	Leu
		115					120					125			
Glu	Gln	Pro	Lys	Ser	Glu	Phe	Leu	Ser	Phe	Leu	Phe	Arg	Asn	Met	Cys
		130				135					140				
Leu	Lys	Thr	Gln	Lys	Lys	Gln	Lys	Val	Phe	Phe	Trp	Phe	Ser	Val	Ala
145					150					155					160
His	Asp	Lys	Leu	Phe	Ala	Asp	Ala	Leu	Glu	Arg	Asp	Leu	Lys	Arg	Glu
				165					170					175	
Ser	Leu	Asn	Gln	Pro	Ser	Thr	Thr	Lys	Pro	Val	Asn	Glu	Pro	Ala	Leu
			180					185					190		
Ser	Phe	Ser	Tyr	Asp	Ser	Ser	Ser	Asp	Lys	Pro	Leu	Tyr	Asp	Gln	Leu
		195					200					205			
Leu	Gln	His	Leu	Asp	Ser	Arg	Arg	Pro	Ser	Ser	Thr	Thr	Lys	Ser	Asp
	210					215					220				
Asn	Ser	Pro	Pro	Lys	Leu	Glu	Ser	Glu	Asn	Phe	Lys	Asp	Asn	Glu	Leu
225					230					235					240
Val	Thr	Val	Thr	Asn	Gln	Pro	Leu	Leu	Gly	Val	Gly	Leu	Met	Asp	Asp
				245					250					255	
Asp	Ala	Pro	Glu	Ser	Pro	Ser	Gln	Ile	Asn	Asp	Phe	Ile	Pro	Gln	Lys
			260				265						270		
Leu	Ile	Ile	Glu	Pro	Asn	Thr	Leu	Glu	Leu	Asn	Gly	Leu	Thr	Glu	Glu
		275				280					285				
Thr	Pro	His	Asp	Leu	Pro	Lys	Asn	Thr	Ala	Lys	Gly	Arg	Asp	Glu	Glu
	290					295					300				
Asp	Phe	Pro	Leu	Asp	Tyr	Phe	Pro	Val	Ser	Val	Glu	Tyr	Pro	Thr	Glu
305					310					315					320
Glu	Asn	Ala	Phe	Asp	Pro	Phe	Pro	Pro	Gln	Ala	Phe	Thr	Pro	Ala	Ala
				325					330					335	
Pro	Ser	Met	Pro	Ile	Ser	Tyr	Asp	Asn	Val	Asn	Glu	Arg	Asp	Ser	Met
			340					345					350		

Pro	Val	Asn	Ser	Leu	Leu	Asn	Arg	Tyr	Pro	Tyr	Gln	Leu	Ser	Val	Ala
		355					360					365			
Pro	Thr	Phe	Pro	Val	Pro	Pro	Ser	Ser	Ser	Arg	Gln	His	Phe	Met	Thr
		370					375				380				
Asn	Arg	Asp	Phe	Tyr	Ser	Ser	Asn	Asn	Asn	Lys	Glu	Lys	Leu	Val	Ser
385					390					395					400
Pro	Ser	Asp	Pro	Thr	Ser	Tyr	Met	Lys	Tyr	Asp	Glu	Pro	Val	Met	Asp
				405					410						415
Phe	Asp	Glu	Ser	Arg	Pro	Asn	Glu	Asn	Cys	Thr	Asn	Ala	Lys	Ser	His
				420				425					430		
Asn	Ser	Gly	Gln	Gln	Thr	Lys	Gln	His	Gln	Leu	Tyr	Ser	Asn	Asn	Phe
		435					440					445			
Gln	Gln	Ser	Tyr	Pro	Asn	Gly	Met	Val	Pro	Gly	Tyr	Tyr	Pro	Lys	Met
		450				455					460				
Pro	Tyr	Asn	Pro	Met	Gly	Gly	Asp	Pro	Leu	Leu	Asp	Gln	Ala	Phe	Tyr
465					470					475					480
Gly	Ala	Asp	Asp	Phe	Phe	Phe	Pro	Pro	Glu	Gly	Cys	Asp	Asn	Asn	Met
				485					490						495
Leu	Tyr	Pro	Gln	Thr	Ala	Thr	Ser	Trp	Asn	Val	Leu	Pro	Pro	Gln	Ala
				500				505						510	
Met	Gln	Pro	Ala	Pro	Thr	Tyr	Val	Gly	Arg	Pro	Tyr	Thr	Pro	Asn	Tyr
		515					520					525			
Arg	Ser	Thr	Pro	Gly	Ser	Ala	Met	Phe	Pro	Tyr	Met	Gln	Ser	Ser	Asn
		530				535					540				
Ser	Met	Gln	Trp	Asn	Thr	Ala	Val	Ser	Pro	Tyr	Ser	Ser	Arg	Ala	Pro
545					550					555					560
Ser	Thr	Thr	Ala	Lys	Asn	Tyr	Pro	Pro	Ser	Thr	Phe	Tyr	Ser	Gln	Asn
				565					570						575
Ile	Asn	Gln	Tyr	Pro	Arg	Arg	Arg	Thr	Val	Gly	Met	Lys	Ser	Ser	Gln
			580					585					590		
Gly	Asn	Val	Pro	Thr	Gly	Asn	Lys	Gln	Ser	Val	Gly	Lys	Ser	Ala	Lys
		595					600					605			
Ile	Ser	Lys	Pro	Leu	His	Ile	Lys	Thr	Ser	Ala	Tyr	Gln	Lys	Gln	Tyr
		610				615					620				
Lys	Ile	Asn	Leu	Glu	Thr	Lys	Ala	Arg	Pro	Ser	Ala	Gly	Asp	Glu	Asp
625					630					635					640
Ser	Ala	His	Pro	Asp	Lys	Asn	Lys	Glu	Ile	Ser	Met	Pro	Thr	Pro	Asp
				645					650						655
Ser	Asn	Thr	Leu	Val	Val	Gln	Ser	Glu	Glu	Gly	Gly	Ala	His	Ser	Leu
			660					665					670		
Glu	Val	Asp	Thr	Asn	Arg	Arg	Ser	Asp	Lys	Asn	Leu	Pro	Asp	Ala	Thr
		675					680					685			

<210> 25
<211> 3548
<212> ADN
<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 25

accagtggtc	accatacatg	aaataccaca	gtgttttccc	aatgtacgga	cgacttggga	60
agtttgcaga	gctaactctc	ttgtgggaac	catgatcaaa	gcctgaattt	tattcaactt	120
tggtttgact	ttctctaacg	taggaataac	aaatgcccgt	gtcttacctg	taccattctt	180
tgctctggcc	aatatgtctc	taccagttat	tgctaccgga	atagcctctt	cttgaatagg	240
ggatggtttt	tcaaaaccgg	cttcaaaaat	acccattaac	agctctcttt	tcaataaaaa	300
atcttcaaaa	gtattaccct	ttgtatttaa	gacatcatct	gtctgtggtc	tggtatcctt	360
cttggggaata	ttcaatgcag	ttttccagtc	ccgatcgaga	tccgtattac	tggtattatt	420
agtgttgaag	ttattattga	tggaaacccat	tactactatt	ttctttcttg	tcgtatttta	480
ggcctgggat	aagttattat	gcgaatggcg	atgcccgttat	gaagaaataa	aagggtctaa	540
agtaagaatt	ttctgcgtct	atctttctat	taggaataaa	atatgactat	atttactatt	600
attgttggtt	tgctgtacaa	tcctttatga	atgaaaatat	taagcttggtg	gtcttaaaag	660
aatgtggatg	aaacaaaact	gaatccaatg	atgagaaata	aatgtacaat	cagataataa	720
acacttttat	tgatgattgt	cttttcttgc	aaaccccaat	gttacaatcg	cccattagtt	780
ctaagattgt	gttgtccttt	ttcttacgaa	atttttttcc	ctcccttttt	tgatcactgt	840
cctcggtata	agtgattcgt	ggggtaacgg	cgatatcata	ctattattgg	cccattctgat	900
ggattagaag	acctacaggt	taatgtgaag	cgacactaat	gataagaaaa	ctgcacgga	960
tcatatctgt	ttttgcagcg	tggtatattg	gttgttggtc	atgtttcaac	gaaagacttt	1020
acagagaagg	aacttgaaag	ggctcaatct	taacctgcac	ccagatgtgg	gcaataatgg	1080
ccaattgcag	gaaaagacag	agactcacca	gggacaatct	cgaatagaag	gccacgtgat	1140
gtctaacatt	aatgcaatac	agaataatag	caacctgttt	ttgcgaagag	gcataaaaaa	1200
aaaactgacg	ttggatgctg	ttggtgatga	ccaagctata	tcgaaaccaa	acactgtggt	1260
aatacagcaa	ccgcaaaatg	aacctgtttt	agttctgtct	tctctatcac	aatccccgtg	1320
tgtatcatca	tcatacatct	tgccacgccc	atgcattata	gatgcgtaca	gtaataattt	1380
cggattatcg	ccatcatcca	cgaattctac	tcctctctacg	attcagggat	tggtcaaatat	1440
tgcaacacca	gttgaaaacg	aacattcgat	atcactacca	cccttgaggg	aaagcctatc	1500
gccagccgca	gcagatctga	aagatacgtt	gtcgggaact	tcaaatggta	attatatata	1560
actccaggac	ttggttcagt	tggggaaaat	tggtgctgga	aattctggaa	ctgtggtgaa	1620
ggcactacat	gttcctgatt	ccaaaatagt	tgccaaaaaa	accattcctg	tggaacagaa	1680
taacagtaca	atcatcaacc	aattagttag	ggaattatct	atcgtcaaac	acgttaagcc	1740
ccatgaaaac	attatcaoct	tctatggagc	ttattataac	cagcatataa	ataatgaaat	1800
cataatttta	atggaatact	ctgattgttg	ttcttttagat	aaaatactgt	ccgtttataa	1860
aagggtttgt	caaagaggga	ctgtttcgag	taagaaaacc	tggttcaacg	aattaacaat	1920
atcaaaaata	gcgtatggcg	tactaaatgg	cttggatcat	ttgtaccgac	aatataagat	1980
cattcatcgt	gatatacaag	cttccaatgt	tctgattaat	agtaaggggc	agattaagtt	2040
atgtgatttt	ggagtttcca	aaaaactaat	aaattctatc	gctgatacat	ttgttgggac	2100
gtccaattat	atgtcaccag	agaggatata	aggaaacgtt	tattctatca	aaggggacgt	2160
ttgggtcattg	ggcttaatga	tcatacgagc	ggtaactgga	gagtttcccc	taggtgggca	2220
taacgatata	cctgatggca	tattggattt	gctgcaacgt	attgtcaacg	agccttcacc	2280
aagattaccc	aaagaccgta	tctattccaa	ggaaatgaca	gattttgtca	ataggtgttg	2340
tattaagaat	gaaagggaaa	ggcatcagat	tcatagaattg	ctacatcatg	atcttataat	2400
gaaatacgt	tcaccgtcta	aagatgataa	athtagacat	tggtgtagaa	aaataaaatc	2460
taaaataaag	gaagacaaga	gaattaaaag	agaagccttg	gaccgtgcca	agttagaataa	2520
gaaacaatcg	gaaagatcaa	cccattgaat	gcatacgata	acattagtta	ggaacatatt	2580
gcactttttt	tcacatccct	ttctcaaagc	tatattcata	tatatataga	ctctcctgat	2640
tatgtaaatc	acaaaccaat	tttctaattg	aacaatattt	ttaaaaataa	tcatacaagt	2700
agcactttat	gtacagaaaa	tttcacgatt	gagagaagct	tgogaataat	actagttagc	2760
ctgtgtttca	ccatcgttac	ttaatttctt	agagttctta	tattctttat	ttttatgcca	2820
caaccaactt	tcggttcctc	taacgaaacc	gaaggcgatt	aataaccacg	cgaagctacg	2880
taaaagttact	ttccaccatt	gtgggtttct	tttttcaaat	tcagtcagag	aaatgcctct	2940
tttggcttct	tttttaccat	acttgaatgg	tttcccagat	gccaagtatg	agccaaatcc	3000
aacagaaaac	atagtgtca	tgacttgaca	aggaaacgaa	tccatagtct	cttctttttc	3060
cagctccctt	tgtggtggag	ggttgaacac	tgccaaaata	ttactcattg	tttttcacca	3120
cttgctgttt	ctctctaagc	ggtgttttgt	ttcctacttg	gtggcacaca	atgactgtac	3180
tcgctttata	tgctcgtacc	ttttttcaaa	agcccatcgt	taatttttca	cccaggagcc	3240
ccatattacg	cgttttttgt	taatgttcaa	ttctgacat	gttacaatta	taataacgcc	3300
aaaagaggta	aatgtatatt	tgaacaattg	ttaaagagaa	gataaaaaacc	ttttaatctt	3360
gcatttgtcg	tcaatagtac	acaataggcg	atctatttta	gtacggtaat	taaaagaaag	3420
ctgcctttca	gtcaagaatg	ccggaattaa	cagaatttca	gaaaaaacgt	ttagagaaca	3480
tcaaaaggaa	taacgattta	ttgaaaaaac	tccacctttc	tgagtagaca	tctcaaat	3540
agcacgag						3548

<210> 26
 <211> 515
 <212> PRT
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 26

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

				100				105					110			
Ser	Leu	Ser	Thr	Pro	Cys	Ile	Ile	Asp	Ala	Tyr	Ser	Asn	Asn	Phe	Gly	
		115					120					125				
Leu	Ser	Pro	Ser	Ser	Thr	Asn	Ser	Thr	Pro	Ser	Thr	Ile	Gln	Gly	Leu	
		130				135					140					
Ser	Asn	Ile	Ala	Thr	Pro	Val	Glu	Asn	Glu	His	Ser	Ile	Ser	Leu	Pro	
145					150					155					160	
Pro	Leu	Glu	Glu	Ser	Leu	Ser	Pro	Ala	Ala	Ala	Asp	Leu	Lys	Asp	Thr	
				165					170						175	
Leu	Ser	Gly	Thr	Ser	Asn	Gly	Asn	Tyr	Ile	Gln	Leu	Gln	Asp	Leu	Val	
			180					185					190			
Gln	Leu	Gly	Lys	Ile	Gly	Ala	Gly	Asn	Ser	Gly	Thr	Val	Val	Lys	Ala	
		195					200					205				
Leu	His	Val	Pro	Asp	Ser	Lys	Ile	Val	Ala	Lys	Lys	Thr	Ile	Pro	Val	
		210				215					220					
Glu	Gln	Asn	Asn	Ser	Thr	Ile	Ile	Asn	Gln	Leu	Val	Arg	Glu	Leu	Ser	
225					230					235					240	
Ile	Val	Lys	Asn	Val	Lys	Pro	His	Glu	Asn	Ile	Ile	Thr	Phe	Tyr	Gly	
				245					250					255		
Ala	Tyr	Tyr	Asn	Gln	His	Ile	Asn	Asn	Glu	Ile	Ile	Ile	Leu	Met	Glu	
			260					265						270		
Tyr	Ser	Asp	Cys	Gly	Ser	Leu	Asp	Lys	Ile	Leu	Ser	Val	Tyr	Lys	Arg	
		275					280					285				
Phe	Val	Gln	Arg	Gly	Thr	Val	Ser	Ser	Lys	Lys	Thr	Trp	Phe	Asn	Glu	
		290				295					300					
Leu	Thr	Ile	Ser	Lys	Ile	Ala	Tyr	Gly	Val	Leu	Asn	Gly	Leu	Asp	His	
305					310					315					320	
Leu	Tyr	Arg	Gln	Tyr	Lys	Ile	Ile	His	Arg	Asp	Ile	Lys	Pro	Ser	Asn	
				325					330					335		
Val	Leu	Ile	Asn	Ser	Lys	Gly	Gln	Ile	Lys	Leu	Cys	Asp	Phe	Gly	Val	
			340					345					350			
Ser	Lys	Lys	Leu	Ile	Asn	Ser	Ile	Ala	Asp	Thr	Phe	Val	Gly	Thr	Ser	
		355					360					365				
Thr	Tyr	Met	Ser	Pro	Glu	Arg	Ile	Gln	Gly	Asn	Val	Tyr	Ser	Ile	Lys	
		370				375					380					
Gly	Asp	Val	Trp	Ser	Leu	Gly	Leu	Met	Ile	Ile	Glu	Leu	Val	Thr	Gly	
385					390					395					400	
Glu	Phe	Pro	Leu	Gly	Gly	His	Asn	Asp	Thr	Pro	Asp	Gly	Ile	Leu	Asp	
				405					410					415		
Leu	Leu	Gln	Arg	Ile	Val	Asn	Glu	Pro	Ser	Pro	Arg	Leu	Pro	Lys	Asp	
			420					425					430			
Arg	Ile	Tyr	Ser	Lys	Glu	Met	Thr	Asp	Phe	Val	Asn	Arg	Cys	Cys	Ile	

<210> 27
<211> 4154
<212> ADN
<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 27

ES 2 464 740 T3

```
taaaacatcc ttcataaaaa cgaccaatat gaaaacattc gtcatagcct atatttacia 60
ctagcttatc gtcatttgag aatccctcta gacctttatt ttggaacct agattatcaa 120
cgtgtgatat cgggagtgca aggtcgaaac caatgtgctc ttcaactctt ggcgcctgta 180
ggaagtaaaa tagggcaatc actacaaaaa ctaccaagta taatagggtac ctttgatata 240
```

```

gcctcggtaa cccgatcatg ttaagatttt taaccacggg gctgggtcttc gatacttaag 300
tataaaactt gtatcagagg tatctgocgt ctaaaaagat taattttttga aaaagatcaa 360
cactaaacca tttgaaattc aaaaagcacc taaggcaaaa tataaatcta aatatacgt 420
aaatggaaac actttctgog cagctttata caagttagcc ttctagctta tgaaatagaa 480
atgaaatata actgagcaag tcctatatac aatactatta atgatcttct tgtccatgag 540
actgttcatg gtgcctttta gagacttctt catcacttat ctgaggcctg tggccacccg 600
ttctcaataa accaccggca gtatcttcaa ctggaaatct tgcactgggt cttacgcaat 660
ggggcttgog taactgttca aaatccatga ttttagtttt cctccccct ttaaagtaa 720
tctttggatt ctgcoccaaoc ttttctoca etttctttat attttgggtg cgttctttac 780
tattactatt attattatta ttactaactg ccattatagt ttctttatgc tgtcctcacc 840
atgcctttcg ttatcaggct agcattaaaa gcctttttaag gtgtaaagct ttcgccgca 900
tggcttttaa cagttagaaa tattcatatt tacacacatg cataaagaga gaccacttaa 960
taaagctagt atgataagat caccggtaga cgaaatatac atggaacaga cacaaacagc 1020
agagggcact gacttactaa ttggtgacga aaagaccaac gatttacctt ttgtgcagt 1080
atttctggag gaaataggat gcactcaata cctggatagc tttattcagt gcaacctgt 1140
cacagaagaa gaaattaaat atctcgacaa ggatatcctc attgctttgg gtgtaaaaa 1200
aataggagac agactcaaaa ttttaaggaa gtcaaaatcg ttccagagag ataaacggat 1260
tgaacagggt aatagattga aaaacctgat ggaaaaagta agctctctat ccactgctac 1320
gctatcgatg aattcagaat tgattcctga aaagcactgt gttatattta tcttaaacga 1380
tggttccgct aagaaagtta atgtaaatgg ttgctttaat gcagattcta ttaagaaaa 1440
gctaatacaga agattgccac atgaattatt agccacaaac tccaatggag agtaactaa 1500
aatgggtccaa gattatgatg tgtttgtctt agattatacc aagaacgtac tgcatttgct 1560
atatgacgtg gaattagtca ctatttgcca cgcaaatgat cgtgttgaga aaaaataggct 1620
aatttttgtt tccaaagacc aaacaccaag tgataaagct atatccacat ccaaaaaact 1680
atatctaaga acgttgagtg cattgagcca ggttgggcca tctcgtcga atttgttggc 1740
acagaacaag gggatttcgc ataacaatgc tgaaaggaaa ctccggatcg acaacacaga 1800
aaaggacaga attagacaga tttttaatca gaggcctcct agcgaattta tttctaccaa 1860
tttggccgga tattttcctc atacagacat gaagcgggtg caaaagacga tgagagagtc 1920
atttcgocat tcagcaaggc taagcattgc tcaaaagaaga cctttaagtg cagaatcaaa 1980
taatatcggt gacatactat tgaacactc aaacgtggt gatatggccc tattacaagg 2040
attagatcag acaagattaa gcagtaaaact tgacacaact aaaattccga agcttgccca 2100
taaaaggcca gaagataatg atgccatato taaccagtta gaactattaa gtgtagagtc 2160
tgggtgaagaa gaagatcacg atttctttgg ggaggacagt gacattgttt cattaccgac 2220
gaaaatttgc acgcccaaga attggttaaa aggtgcttgc attggatcag gcagttttgg 2280
gagtgtttac ttgggcatga atgctcacac tgggtgaacta atggcagtaa agcaagtga 2340
gataaaaaat aataacattg gtgttcccac agacaacaat aaacaagcca atctgtatga 2400
gaataatgag caggaggaac aacaagagaa aatagaagat gttggggcgg taagtcatcc 2460
aaaaaccaat caaatattc acagaaagat ggttgatgct ttacagcatg aaatgaattt 2520
attgaaggag ttacatcatg agaacattgt tacttattat ggtgcttctc aagaaggcgg 2580
aaatttaaat atttttcttg aatacgttcc tgggggttog gtttctcca tgctgaataa 2640
ttacggtcca tttgaggaat cactgattac taatttctac aggcaatac tgattggggt 2700
tgcgtatttg cataagaaga acattattca cagagatato aagggtgcaa atattttgat 2760
tgatatcaaa ggttcggtaa aaattactga ttttggattt tcaaaaaaat tatcaccttt 2820
gaataaaaaa caaataaga gagcttcttt gcaaggttcc gtattctgga tgtcaccaga 2880
gggtggtcaaa cagaccgcta ctactgctaa agcggatata tgggtctacag gatgtgttgt 2940
cattgaaatg tttaccggta agcatccttt cccagatttt tctcaaatgc aagcgatctt 3000
caaaataggc acaaacacga ccccgagat accttctggt gctacgtcag aaggaaagaa 3060
tttcttaaga aaggcatttg agttggatta tcaatacagg cctagtgcoc ttgaattgct 3120
gcagcatcca tggctggatg cacacataat ttgaaaaagg gctacttatt aattcttttt 3180
atggcactaa agtgcctctg ccgatttttt atcaataaat acatatatat catatttagt 3240
gacatttatt gaatatatct gctatttacc ggtttttttt tttcaattac gctgattaag 3300
taatcataaa tcacaattgt gaaaaaaaga ccaactaga tgacggtatt tgattctcat 3360
acccctggaa taaaatcaag taagataaatt ctgataaaaa aatccgaccg cacagatgga 3420
agcacgaaga aacaggcctt tctttcgag gtgatataca accattgata tcttctcaat 3480
aacctgctct aggaaaagga ggtagataga caaaagcaag gaaataatcc atagagtttc 3540
attcacatga ataactgttt accaattttt ctcataagat aaagccatct atcaaaaatg 3600
atattgaaat atttgaaaaa tgcttgtttt tatggggacc acaattcggc tgtaccteta 3660
gaagcgtaaa ctgttttatt gaagttagtc ctgataaatt ctctaccgtt ttcgctttct 3720
tccttagtgc catttttttag catcatatta ttgaattttt cacttctctt aaatgattta 3780
tcattcatgt ccttgacaa gattgaatct acatcaacaa ttgaacagga aggaatattg 3840
cattgcatgg ccatttcccg gatttgagga tcttcaacta ttaaaaacca atgtagccc 3900
tcatttctct ctaggtagca tttgtaaata caacttttca acaatttctt taatctctta 3960
ggcaattttg caatattaat ctttccagaa ctatcattat gttccattac atctgacct 4020
aaaataatgt ctaaaacttc gggaaattcg ataaaaactt tcaaatagc aaatttagaa 4080
tcattctaatc tatcgataaa cttcaaggat tctcgagctg caaaactttt acgcctttgt 4140

```

tgaaggaaat ccaa

4154

<210> 28
<211> 717
<212> PRT
<213> *Saccharomyces cerevisiae*

5

<400> 28

Met	Glu	Gln	Thr	Gln	Thr	Ala	Glu	Gly	Thr	Asp	Leu	Leu	Ile	Gly	Asp
1				5					10					15	
Glu	Lys	Thr	Asn	Asp	Leu	Pro	Phe	Val	Gln	Leu	Phe	Leu	Glu	Glu	Ile
			20					25					30		
Gly	Cys	Thr	Gln	Tyr	Leu	Asp	Ser	Phe	Ile	Gln	Cys	Asn	Leu	Val	Thr
		35					40					45			
Glu	Glu	Glu	Ile	Lys	Tyr	Leu	Asp	Lys	Asp	Ile	Leu	Ile	Ala	Leu	Gly
	50					55					60				
Val	Asn	Lys	Ile	Gly	Asp	Arg	Leu	Lys	Ile	Leu	Arg	Lys	Ser	Lys	Ser
65					70					75					80
Phe	Gln	Arg	Asp	Lys	Arg	Ile	Glu	Gln	Val	Asn	Arg	Leu	Lys	Asn	Leu
			85						90					95	
Met	Glu	Lys	Val	Ser	Ser	Leu	Ser	Thr	Ala	Thr	Leu	Ser	Met	Asn	Ser
			100					105					110		
Glu	Leu	Ile	Pro	Glu	Lys	His	Cys	Val	Ile	Phe	Ile	Leu	Asn	Asp	Gly
		115					120					125			
Ser	Ala	Lys	Lys	Val	Asn	Val	Asn	Gly	Cys	Phe	Asn	Ala	Asp	Ser	Ile
	130					135					140				
Lys	Lys	Arg	Leu	Ile	Arg	Arg	Leu	Pro	His	Glu	Leu	Leu	Ala	Thr	Asn
145					150					155					160
Ser	Asn	Gly	Glu	Val	Thr	Lys	Met	Val	Gln	Asp	Tyr	Asp	Val	Phe	Val
				165					170					175	
Leu	Asp	Tyr	Thr	Lys	Asn	Val	Leu	His	Leu	Leu	Tyr	Asp	Val	Glu	Leu
			180					185					190		
Val	Thr	Ile	Cys	His	Ala	Asn	Asp	Arg	Val	Glu	Lys	Asn	Arg	Leu	Ile
		195					200					205			
Phe	Val	Ser	Lys	Asp	Gln	Thr	Pro	Ser	Asp	Lys	Ala	Ile	Ser	Thr	Ser
	210					215					220				
Lys	Lys	Leu	Tyr	Leu	Arg	Thr	Leu	Ser	Ala	Leu	Ser	Gln	Val	Gly	Pro
225					230					235					240
Ser	Ser	Ser	Asn	Leu	Leu	Ala	Gln	Asn	Lys	Gly	Ile	Ser	His	Asn	Asn
			245						250					255	
Ala	Glu	Gly	Lys	Leu	Arg	Ile	Asp	Asn	Thr	Glu	Lys	Asp	Arg	Ile	Arg
			260					265					270		
Gln	Ile	Phe	Asn	Gln	Arg	Pro	Pro	Ser	Glu	Phe	Ile	Ser	Thr	Asn	Leu
		275					280					285			
Ala	Gly	Tyr	Phe	Pro	His	Thr	Asp	Met	Lys	Arg	Leu	Gln	Lys	Thr	Met
	290					295					300				
Arg	Glu	Ser	Phe	Arg	His	Ser	Ala	Arg	Leu	Ser	Ile	Ala	Gln	Arg	Arg
305					310					315					320
Pro	Leu	Ser	Ala	Glu	Ser	Asn	Asn	Ile	Gly	Asp	Ile	Leu	Leu	Lys	His
			325						330					335	
Ser	Asn	Ala	Val	Asp	Met	Ala	Leu	Leu	Gln	Gly	Leu	Asp	Gln	Thr	Arg
			340					345					350		
Leu	Ser	Ser	Lys	Leu	Asp	Thr	Thr	Lys	Ile	Pro	Lys	Leu	Ala	His	Lys
		355					360					365			
Arg	Pro	Glu	Asp	Asn	Asp	Ala	Ile	Ser	Asn	Gln	Leu	Glu	Leu	Leu	Ser
	370					375					380				
Val	Glu	Ser	Gly	Glu	Glu	Glu	Asp	His	Asp	Phe	Phe	Gly	Glu	Asp	Ser
385					390					395					400
Asp	Ile	Val	Ser	Leu	Pro	Thr	Lys	Ile	Ala	Thr	Pro	Lys	Asn	Trp	Leu
				405					410					415	
Lys	Gly	Ala	Cys	Ile	Gly	Ser	Gly	Ser	Phe	Gly	Ser	Val	Tyr	Leu	Gly
		420						425					430		
Met	Asn	Ala	His	Thr	Gly	Glu	Leu	Met	Ala	Val	Lys	Gln	Val	Glu	Ile
		435					440					445			
Lys	Asn	Asn	Asn	Ile	Gly	Val	Pro	Thr	Asp	Asn	Asn	Lys	Gln	Ala	Asn

450		455		460
Ser Asp Glu Asn Asn Glu Gln Glu Glu Gln Gln Glu Lys Ile Glu Asp				
465		470		480
Val Gly Ala Val Ser His Pro Lys Thr Asn Gln Asn Ile His Arg Lys				
	485		490	495
Met Val Asp Ala Leu Gln His Glu Met Asn Leu Leu Lys Glu Leu His				
	500		505	510
His Glu Asn Ile Val Thr Tyr Tyr Gly Ala Ser Gln Glu Gly Gly Asn				
	515		520	525
Leu Asn Ile Phe Leu Glu Tyr Val Pro Gly Gly Ser Val Ser Ser Met				
	530		535	540
Leu Asn Asn Tyr Gly Pro Phe Glu Glu Ser Leu Ile Thr Asn Phe Thr				
545		550		560
Arg Gln Ile Leu Ile Gly Val Ala Tyr Leu His Lys Lys Asn Ile Ile				
	565		570	575
His Arg Asp Ile Lys Gly Ala Asn Ile Leu Ile Asp Ile Lys Gly Cys				
	580		585	590
Val Lys Ile Thr Asp Phe Gly Ile Ser Lys Lys Leu Ser Pro Leu Asn				
	595		600	605
Lys Lys Gln Asn Lys Arg Ala Ser Leu Gln Gly Ser Val Phe Trp Met				
	610		615	620
Ser Pro Glu Val Val Lys Gln Thr Ala Thr Thr Ala Lys Ala Asp Ile				
625		630		640
Trp Ser Thr Gly Cys Val Val Ile Glu Met Phe Thr Gly Lys His Pro				
	645		650	655
Phe Pro Asp Phe Ser Gln Met Gln Ala Ile Phe Lys Ile Gly Thr Asn				
	660		665	670
Thr Thr Pro Glu Ile Pro Ser Trp Ala Thr Ser Glu Gly Lys Asn Phe				
	675		680	685
Leu Arg Lys Ala Phe Glu Leu Asp Tyr Gln Tyr Arg Pro Ser Ala Leu				
	690		695	700
Glu Leu Leu Gln His Pro Trp Leu Asp Ala His Ile Ile				
705		710		715

<210> 29
 <211> 3083
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*
 <400> 29

tgcaactcaaaa	aacctttotta	gttacaggaa	aaggtaaaga	tacgataaga	aaagcctttg	60
aactgccccat	cctgcaccc	aacacagatc	taactcacta	ttcgggtaag	gaagtgtcat	120
gcattgtctgc	aaaggggacta	gaagaaagtt	acatgattac	ataagcaaaa	aatcggaatt	180
acagacacac	cattttttat	cctgcggccc	catttccgtc	ttcgagggaa	aggatcaaag	240
gcgcttagcc	caatcttgat	gattcacccg	ggaagaaagg	aattacagaa	ccccagcca	300
cgtaacacag	ccaattagtt	ttctatatcg	ggaaacgtga	ttgattgcgc	aattttggct	360
gcacacagaat	acatcgatga	gatctagagc	accctttgat	ggtttaagtc	cggtttaaag	420
ttagtagatc	aatgatttcg	tagtgcattt	taaagggagc	gcttatccat	gggtgattgc	480
gtttacaacg	ttttgtgtgt	actcataata	gccaatctaa	aattaacaa	caacaacaac	540
gcacaattaa	tatgtatcag	ccccaatacc	tttttctctt	actgtaattt	actactaaat	600
tggggctcgga	cgtttttgat	cttgttccct	gcctgttggt	taccttgat	attacttttc	660
ctcttttatg	tatttaaggt	aaattaatta	tcttttgatc	ttaatatttt	tctcaaatg	720
cttcccttgt	agttcgggt	ttttgcttct	tcagatattt	aaactaccgt	ataccataac	780
tgtttcgtga	agttagatata	aacatcgact	atcctattac	gatttatctt	acatttatcat	840
attataaatc	gaccagtagt	attgttaaag	attaaaagca	taataatact	ctgtcattag	900
tcacctacag	agaaacaaat	tcctactggc	accattact	ggtagaaaag	gaaaaaata	960
ataaaagaaa	agcttttcta	ttcctctccc	cacaaacaaa	atgcaagcgg	atatgcatgg	1020
aaaacttcac	gctgccttag	aagatgggtt	cttctctctt	ccttttgaa	agcaacaaca	1080
acctaaccatt	tattatgaca	caaccaccga	tcaagaagac	cgtccttggt	tttcttttgg	1140
atctacaatt	tcctctagaa	gttggcattt	tgaagagctc	gacaaaattg	cctcatctca	1200
gctgcagaac	ttggttcata	cacaaccaat	tcatttaatt	aatcctcaa	tattgttcaa	1260
tgaagagttt	ctgaatttgg	aaaatattga	ttctcagcct	atttccaagg	aaacgaaaac	1320
tacgaaggac	tgcacaatgg	caactgggtc	tgaagagga	aaaaagagct	ctgaaagtac	1380
cagatccctc	tcattatcat	ctcttttttc	taatgatgaa	tcgcacata	cgttccactc	1440
atcattcaat	aaccatgata	actttcaaaa	gagcaacaga	aatggagatg	atatcgatat	1500
tagtgacaca	ataaaatatg	aaactaatac	aaatgcacaa	aaagatatca	aaatattcca	1560
agaaaatttt	gaattcaatg	aattcccata	cacacaagac	ttctacccat	ataccactaa	1620
ttataacctat	tcaaaaccca	caaataattca	tgaatcaata	aattcaaaaa	acacggattc	1680
atactcccaa	tatcaagatc	agtttccacc	acatactgat	aacatacatt	cctttaataa	1740
tcgtcactat	agcaaccata	aaagcactaa	ttgtaattac	tataataata	ccagcaataa	1800
taacaacgcc	tcggataatg	tatatgaggc	agatccattt	atagatgaac	ctcaggtgcc	1860
ctcctactat	taccatttag	aaattgcctt	cgacgttgaa	aaatcaccac	cgccatcact	1920
acaaaaatta	aattcaaaaag	agttagaatt	cctaaaaaag	ttgaactcca	aactgtcaag	1980
atatgctgcg	gcttactcct	tcagcagttc	taatgatcaa	gattattatg	acaaggtcag	2040
gtttcaagaa	atatcctaca	agtttagtaa	aacctattct	taattctoga	aaagtactac	2100
aatcttcccc	cttccctcaa	aatatatcca	ttcacactca	tttctttatt	tccattgtct	2160
cactcaaatt	gctaagaatt	tgtgtatttg	catatatata	tgtattcaat	gtctcaagct	2220
ccatgacata	ataccgtagc	gttattagcc	ttatcgtatg	tcgcgattgg	aaaggagatt	2280
cgttttaaat	ttgaaaaacc	ttcgtagcga	ataatgcgac	ataaatcttg	agagagtaca	2340
tcaccaaatt	cactttgtta	aaccgcacca	tcgtgctttg	cattcttatt	ccttttgcc	2400
acagtaaaat	tattagcatt	tctctaaatg	agctccagtg	aagacgaaga	cgacaagttc	2460
ttgtatgggt	ccgactccga	attagcacta	ccttcttcta	aacgatcaag	agatgatgaa	2520
gcagacgcag	gtgcgtccag	taatcctgat	atagttaaaa	ggcaaaaatt	cgactctccc	2580
gtggaagaaa	ctccagctac	tgccagagat	gatcgttctg	atgaagatat	ctactctgac	2640
tcctcagatg	acgatagtga	ttctgaccta	gaggttatca	taagtctggg	tcctgaccct	2700
actagggttag	atgcaaaact	actcgattct	tattctaccg	cagcgacatc	ttcaagcaaa	2760
gacgtaatga	gcgtagctac	agatgtatcc	aataccatca	caaagacatc	agatgaaaga	2820
ctaataacag	aaggagaagc	aatcaaggt	gtaacggcaa	cgaccgtaaa	agctacagag	2880
agcgatggaa	atgtaccgaa	agcaatgact	ggttctatag	acctggataa	agagggaaac	2940
tttgatagtg	ttggcataac	gacaatagat	cctgaagtat	taaaggagaa	acctggagg	3000
caaccggggg	ccaacttaag	tgattatttc	aattacggtt	ttaacgaatt	tacctggatg	3060
gagtattttac	atagacagga	aaa				3083

<210> 30
 <211> 360
 <212> PRT
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*
 <400> 30

```

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

```

```

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

```

<210> 31
 <211> 3938
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 31

```

ccaatgcccc actttttctc gaggagtga aacaagcggg acaactgcta cgtcatagga 60
atgggagtaa caagggaggt gccataagcc gggtaaaatt tggcgctggt ttccctaate 120
taaaaatagt tcaacaaaaa aatttgggct ccgccatcc agaccaaaagc aatcttcggc 180
cttaacaagc caaagggaac gaaaccaga ctctaccatg catttcgaac atcttgtagc 240
taactacact ggtaaccacg atacctattc tctcagtagc tgtttcacca agactccgca 300
ctcatggtaa gtagaaaaag aaaactctca caaaaatctg agtggcacag cttttctaaa 360
tacgctattt aaacttggag aaataaagat gtattaccg ctgggtgcctt aaaatatcct 420
tttctccggt tgtccaataa tttatgttac ggcggctatt tgagtttttg tggaaatctc 480
tatcattaat aaatgtcagc cttgtgtctt aaatgcaatt caacagggaa aaggcgcgag 540
acttcggcgg caaaaagcca cagacaagtg ctggttgcaa agaggtaaag aagtaatgag 600
tgtaatcaaa tagatatatt aaggtagcaa ctcccggtc tgtccatttt cttttcctga 660
ataacttctt ctgtcttcac acattcattt catttttatt ttccaatata actcaacgag 720
aaagaagtta caagatctat ctttcaaaat agtttacagt tacctttact ttaccctttc 780
cctttccagt ttgttaccoc ttctcctaaa agtttttatt tttgggtaaa gatataaagg 840
acactccagt cggttaaggt ggctgtctag agaataataa cctgtattta ttaccaggc 900
ttatcagaaa agttaatcgt gttcttaaat atttattgaa aaggaacgtg atacagacgt 960
aataaaagaa gagtactaag cttaacttaa taggtcattt atggttgaaa aacgtagtag 1020
acagagttcc agtagtggct cacagtccag tgttccacct gatgtcgata acccgccact 1080
ttctatccct ttgaagactt tatcagacag atatcagctg atcgaaaaac taggtgcagg 1140
atcatttggg tgtgtaactt tagccaaagc gcaatttcct ttatcgaaac tattgggtaa 1200
acaacatgat ataaggggta ctttaatgga tcagcctaaa aatggtcacc aaaactatat 1260
aacaagaca caaggtgtag tggctataaa gacaatgatg acaaaaactgc atacactcca 1320
ggattatacg agggtcagag aaattaagtt catactggca atcccagcga atgaccatct 1380
gatacaaat tttgaggtct ttattgactc tgaaaattac caattacata tcgtaatgga 1440
atgtatggag caaaacctat atcaaatgat gaaacataga aggcgcgcgag ttttttcgat 1500
tccttctttg aaatctattc tatcgcatat actggctggg ttaaaacaca tccacgaaca 1560
taatttcttc cacagagatt taaaacctga aaatattctt atcacacca gtaccagta 1620
ttttgaaaag gagtacatga accagattgg atatcaagat aactatgtca ttaaactggc 1680
agatttttgt ttggcacgcc atgttgaaaa taaaaccgg tatacggcct acgtttccac 1740
aagatgggat agatcgctg aaatattatt aagaagtggg tactattcca aacctttgga 1800
tatttgggca tttgggtgcg tggcgggtgga agttactgta ttcagagctc tcttccccgg 1860
tgctaacgaa atcgatcaga tatggaaaat tttagaagtt cttggtacac ctatcaaacg 1920
ttctgatttt gttaatacaa accacatcac agctccacca cctgggtggat tttgggatga 1980
tgccagcaat ttgggtccata aattaaactt gaaattgcct tatgtagaag gttcatcggt 2040
ggatcatcta ctttctagct cccaactatc cgatttatct gaggttgtca aaaagtgttt 2100
aagatgggat cctaataaaa gggcaacagc ccaagagctt tgtgaaatgc cattttttga 2160
aaacaccgtg gcatcccaag tagacgcaag aggcaatgtg actaatacag aacaagcatt 2220
gatttttgca ggtataaatc cagtggcgac caacacaaag cccatatatt ttaactcttc 2280
aacaaaattg cccgcagaaa cagagtctaa tgatattgat atcagcaaca acgatcacga 2340
ttctcatgct atgtgctcac caacattaaa tcaagaaaaa ctaactttgg tagaattttt 2400
aaacgaattc gttgaagaag ataatgatga tcactcaata cctgatgttg gaacagattc 2460

```

```

taccatttca gattctattg atgagactga attatcaaaa gaaattcgta ataattttggc 2520
cctttgtcaa ctaccagatg aagaagtctt agatcattca ttatcgaata ttaggcagtt 2580
gacaaatgat attgaaatta taaataaaga tgaagcagac aacatggaac agctattttt 2640
tgacctggaa attcctgaaa aggatgagtt tcagagaaaa caaccattta atgaacatgc 2700
agatattgat gaagacatcg ttctaccata tgtgaacaac tcaaattaca cacatacaga 2760
taggtcacat catagaggtg ataatgtttt gggatgatgc tctttaggcg attcgtttta 2820
ttcaatgccg gatttttactc caagaaatctt cttgatacct acattaaaaa aatcacggga 2880
aaagtctgag cctcatctat ccaatccaaa ccaacatttt ggaaatgtaa ccttctaata 2940
atgtgtcatt tgactgacga atcgtaggc acagttatat agttatatac acatagacat 3000
acatatgttc gcatatatat tatattacta tgcattcacc taaatagcta ctgctctatt 3060
aatacagtg ctttttgatg gctttaattt aacttattag acattacttt gcgtttattc 3120
ccctccaata tatttttatg tttgtttttc ttgaacattt tatgatttct tgctcttggc 3180
ggctactgat tttgttaagc aactcatcaa gaggtcaaaa aaagtagaac gagatctttg 3240
tgttcggtta cccggctcag atcctaactt cttcttttgg tatgtttatt cgtataagtt 3300
actgttgtcc acaggcaata ctctgcagaa aattaaaacg gcattaatgc taggacaacc 3360
agaattgtta ctactgtatg tgcgatagtt gataactgca acattatgcc cggtatattc 3420
tcaaaaaaac ctattactgc atacgaagaa atcgcaagag aaatctttcg gtttggaata 3480
gctcactgtg aggttccttg gagccaatag taatacagca caatccaagg aaaaatctgg 3540
cctatatgca aggaaggaga gatagtcaaa agcattcttt cccctagaag ttggtgcata 3600
tatggcatcg ttaaaacata ttaccccaa aatttcttct ctaaacgatg tgcttggcct 3660
ttgttttggg ttttgatgtc ggtcgtttga ggccccttgc ggaaaatcga gatcgccgaa 3720
tggcacgcga gggaaggga ataaagttta aaggcactga aacaataggc aagaagtagg 3780
cgagagccga catacgagac taatgtgtcc gcgtttctaa ggccactttt caatgaaacg 3840
gatattgata tgctagtaaa aggacgagct caagagcgaa aatataagta aagaattcga 3900
gtgcacttgt ctccatgcag caagatttca tatgagtc 3938

```

<210> 32
 <211> 645
 <212> PRT
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

 <400> 32

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

Cys	Val	Ala	Val	Glu	Val	Thr	Val	Phe	Arg	Ala	Leu	Phe	Pro	Gly	Ala	
		275						280				285				
Asn	Glu	Ile	Asp	Gln	Ile	Trp	Lys	Ile	Leu	Glu	Val	Leu	Gly	Thr	Pro	
	290					295					300					
Ile	Lys	Arg	Ser	Asp	Phe	Val	Asn	Thr	Asn	His	Ile	Thr	Ala	Pro	Pro	
305					310					315					320	
Pro	Gly	Gly	Phe	Trp	Asp	Asp	Ala	Ser	Asn	Leu	Val	His	Lys	Leu	Asn	
				325					330					335		
Leu	Lys	Leu	Pro	Tyr	Val	Glu	Gly	Ser	Ser	Leu	Asp	His	Leu	Leu	Ser	
			340					345					350			
Ser	Ser	Gln	Leu	Ser	Asp	Leu	Ser	Glu	Val	Val	Lys	Lys	Cys	Leu	Arg	
		355					360					365				
Trp	Asp	Pro	Asn	Glu	Arg	Ala	Thr	Ala	Gln	Glu	Leu	Cys	Glu	Met	Pro	
	370					375					380					
Phe	Phe	Glu	Asn	Thr	Val	Ala	Ser	Gln	Val	Asp	Ala	Arg	Gly	Asn	Val	
385					390					395					400	
Thr	Asn	Thr	Glu	Gln	Ala	Leu	Ile	Phe	Ala	Gly	Ile	Asn	Pro	Val	Ala	
				405					410					415		
Thr	Asn	Thr	Lys	Pro	Ile	Tyr	Phe	Asn	Ser	Ser	Thr	Lys	Leu	Pro	Ala	
			420					425					430			
Glu	Thr	Glu	Ser	Asn	Asp	Ile	Asp	Ile	Ser	Asn	Asn	Asp	His	Asp	Ser	
		435					440					445				
His	Ala	Met	Cys	Ser	Pro	Thr	Leu	Asn	Gln	Glu	Lys	Leu	Thr	Leu	Val	
		450				455					460					
Glu	Phe	Leu	Asn	Glu	Phe	Val	Glu	Glu	Asp	Asn	Asp	Asp	His	Ser	Ile	
465					470					475					480	
Pro	Asp	Val	Gly	Thr	Asp	Ser	Thr	Ile	Ser	Asp	Ser	Ile	Asp	Glu	Thr	
				485					490					495		
Glu	Leu	Ser	Lys	Glu	Ile	Arg	Asn	Asn	Leu	Ala	Leu	Cys	Gln	Leu	Pro	
			500					505					510			
Asp	Glu	Glu	Val	Leu	Asp	His	Ser	Leu	Ser	Asn	Ile	Arg	Gln	Leu	Thr	
		515					520					525				
Asn	Asp	Ile	Glu	Ile	Ile	Asn	Lys	Asp	Glu	Ala	Asp	Asn	Met	Glu	Gln	
	530					535					540					
Leu	Phe	Phe	Asp	Leu	Glu	Ile	Pro	Glu	Lys	Asp	Glu	Phe	Gln	Arg	Lys	
545					550					555					560	
Gln	Pro	Phe	Asn	Glu	His	Ala	Asp	Ile	Asp	Glu	Asp	Ile	Val	Leu	Pro	
				565					570					575		
Tyr	Val	Asn	Asn	Ser	Asn	Tyr	Thr	His	Thr	Asp	Arg	Ser	His	His	Arg	
			580					585					590			
Gly	Asp	Asn	Val	Leu	Gly	Asp	Ala	Ser	Leu	Gly	Asp	Ser	Phe			

<210> 33
<211> 3884
<212> ADN
<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 33

atattgtttt ttccctagct gttttcggtt tggttatgaa cgcattgtct gcgaaaagaa 60
acgtggataa gtattataga aacagcactt cttcggccaa caatatcagc caaattgagc 120
aagatagtgc tataaaaggt cttttgccct tttttgccta ttatgcaagc attgctttac 180
tagtgtggat gcaaccaagc tttattacac tctctttcat cctttccgtt gggttcacgg 240
gagcatttac cgtcgggaaga ataatcggtt gccatttaac taagcagagc tttcccatgt 300
tcaatgcacc catgttaatt cctttgtgcc agatagtatt gtacaaaata tgtctatccc 360
tttggggaat tgagtctaata aaaatcgctt ttgccctatc ttggttgagg ttccgtctct 420
cactaggtgt tcacattatg tttatgaatg acattatcca tgaatttact gagtacctgg 480

acgtttatgc tttatccatc aagcgcctca agctgacata aatcgcaact tgtatctact 540
tttttttatt cgaatacaag gcacaacaat gaatctatcg cctctgtaga ttttcaatct 600
caagtttgtg taatagatag cgttatatta tagaactata aaggtccttg aatatacata 660
gtgtttcatt cctattactg tatatgtgac tttacattgt tacttccgag gctatttgac 720
gttttctgct tcaggtgagg cttggagggc aaagtgtcag aaaatcggcc aggccgtatg 780
acacaaaaga gtagaaaacg agatctcaaa tatctcgagg cctgtcctct atacaaccgc 840
ccagctctct gacaaagctc cagaacggtt gtcttttgtt tcgaaaagcc aaggtccctt 900
ataattgccc tccattttgt gtcacctatt taagcaaaaa attgaaagtt tactaaccctt 960
tcattaaaga gaaataacaa tattataaaa agcgccttaa atgaatgaaa tggaaaacac 1020
agatccagta ttacaggatg atctcgtatc caaatatgag aggggaattaa gcacagaaca 1080
gggaaggatg agcctgttta tccttaacgca gttgaatgaa gatggcacca ctgcgaatta 1140
tttcgacaaa aggaaactaa aaattgcccc tagatcaaca ctacagttca aagtgggacc 1200
tccatttgaa ttagtgagag attattgtcc agtcgttgag tctcataccg gaagaacact 1260
agatttacga attattccaa gaattgacag aggggttcgac catattgatg aagagtgggt 1320
aggttataaa agaaattatt ttaccttagt atcaacggtt gaaacggcaa attgtgattt 1380
ggatactttt ttaaagagca gttttgatct tctcgttgaa gactcttcag tagaaagcag 1440
attaagagtg caatatttcg ctatcaaaat aaaagctaag aatgacgagc acgacacgga 1500
aatcaatctc gtccagcata cagcgaacag cgacaaaagg cctcaatttt gtccttcagt 1560
atgtccgttg gtgccttccc ctttgccaaa acatcaaatc ataagagaag cttcaaatgt 1620
tcgaaatatc actaaaatga aaaaatacga ttccactttt tatttgacaa gagaccacgt 1680
taattatgaa gaatatggag tggactcttt attgttttcc tatccagaag attctattca 1740
gaaagttgcc cgttatgaaa gagttcaatt tgcttcatca attagcgtga agaaaccatc 1800
ccaacaaaat aaacacttta gcttgcattg aatttttaggt gcagtggtag atccagatac 1860
ctttcatggg gagaatcccg gaattcccta tgatgaactg gctttaaaaa atggatcaa 1920
agggatgttt gtgtatttgc aagaaatgaa aagcgcctct cttattatta gaggaagatc 1980
accttctaac tatgcgtcat ctacgcgaat aactgtgaga acaccgtcga gtgtcaattc 2040
ctcacaaaac agcacaaaaa gaaaaatgcc atcaatggcg cagccgttaa atgaaagtgt 2100
cttaaatgca agaccttcga aaaggcgatc caaagtggcg ctagggtgcac cgaactctgg 2160
ggcctccatc tcgcctatca aatctcgtca atccacacca atgggaagott cgaaggaaaa 2220
tgaggatccg ttcttcaggg caaataaaaag ggtggagact cttgaacata tccagaacaa 2280
actgggtgct ttgaaaaatc aatgtccaga ttctctctg aaatatccga gttcatcttc 2340
aagaggtatg gaagggtgtt tagaaaagga ggatttagtt tactcaagta gtttttctgt 2400
taatatgaag caaatcgaac tgaaccgggc acgctctttt gaacatgaga atattttcaa 2460
agtaggctca ttagcattca aaaaaatcaa tgaattacct catgaaaatt atgatataac 2520
aatagagaag aaatcaatgg aacagaatta tctaagacca gagatagggt cacgttctga 2580
atgcaaaaac agctatggta acgaactctc cctttcaaat atttctttct ctatactacc 2640
taactcagca gaaaattttc acttggaac tgcacttttc ccagctacgg aagaggtgt 2700
gccaaagaca ttttcaagaa tattagaacat aggttcgttt caaaattatt atcaaaaaat 2760
ggatgcagaa aatgcagata gggatatctc gaaaggggtc aagttgattg caagcggtag 2820
tctaccatct ggtatattta ataggaaga attgtttgag gaagatagtt tctataagta 2880
ttaaataaac taatgatttt aaatcgttaa aaaaatatgc gaattctgtg gatcgaacac 2940
aggacctcca gataacttga ccgaagtttt ttcttcagtc tggcgctctc ccaactgagc 3000
taaatecgct tactatttgt tatcagttcc cttcatatct acatagaata ggttaagtat 3060
tttattagtt gccagaagaa ctactgatag ttgggaatat ttggtgaata atgaagattg 3120
gggtaataat ttgataattt tgagattcaa ttgttaatac atgttacaat attatgtata 3180
cagagtatac tagaagttct cttcggagat cttgaagttc acaaaaggga atcgatattt 3240
ctacataata ttatcattac ttcttcccca tcttatattt gtcattcatt attgattatg 3300
atcaaatgcaa taatgatttg tagttgccaa acatttaata cgtacctctg taatatttct 3360
atgaataatt atcacagcaa cgttcaatta tcttcaattc ggcttcagta ctgtatgaaa 3420
tactcgctaa cattttcttt attctataat agccacagtga cacttaaacg tcaaacgtgg 3480
cgcacattaa tatacgatgc atgcatttgg ctgtaataag ctgtaataag gaacattacg 3540
atccgtcaac tagtagtcac attagtagtg tattatcaca tgggtgtgta aacgcaagga ctagtagtgt 3600
taaagattga aaaaaagtca tcaaaaataa aggaagctga accctttttg gaattattgt atcttcgagg 3660
aatagaataa tattgtgtaa aagtatcgat accctttttg gaaacattgt atcttcgagg 3720
gtggcctttt atatattttt gaaaacctaa tattataacc tttcacaaca acgaaatccc 3780
aactgttgtg taataatttt actcaattct tactatttgt ttaccaatcc ttgtatttga 3840
gctctcataa agttcgtgta ctacttctca cgactcatgt catc 3884

<210> 34

<211> 627

<212> PRT

5 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 34

Met Asn Glu Met Glu Asn Thr Asp Pro Val Leu Gln Asp Asp Leu Val

1	5	10	15
Ser Lys Tyr	Glu Arg Glu Leu Ser Thr	Glu Gln Glu Glu Asp Thr Pro	
	20	25	30
Val Ile Leu	Thr Gln Leu Asn Glu Asp Gly Thr Thr Ser Asn Tyr Phe		
	35	40	45
Asp Lys Arg	Lys Leu Lys Ile Ala Pro Arg Ser Thr Leu Gln Phe Lys		
	50	55	60
Val Gly Pro	Pro Phe Glu Leu Val Arg Asp Tyr Cys Pro Val Val Glu		
	65	70	75
Ser His Thr	Gly Arg Thr Leu Asp Leu Arg Ile Ile Pro Arg Ile Asp		
	85	90	95
Arg Gly Phe	Asp His Ile Asp Glu Glu Trp Val Gly Tyr Lys Arg Asn		
	100	105	110
Tyr Phe Thr	Leu Val Ser Thr Phe Glu Thr Ala Asn Cys Asp Leu Asp		
	115	120	125
Thr Phe Leu	Lys Ser Ser Phe Asp Leu Leu Val Glu Asp Ser Ser Val		
	130	135	140
Glu Ser Arg	Leu Arg Val Gln Tyr Phe Ala Ile Lys Ile Lys Ala Lys		
	145	150	155
Asn Asp Asp	Asp Asp Thr Glu Ile Asn Leu Val Gln His Thr Ala Lys		
	165	170	175
Arg Asp Lys	Gly Pro Gln Phe Cys Pro Ser Val Cys Pro Leu Val Pro		
	180	185	190
Ser Pro Leu	Pro Lys His Gln Ile Ile Arg Glu Ala Ser Asn Val Arg		
	195	200	205
Asn Ile Thr	Lys Met Lys Lys Tyr Asp Ser Thr Phe Tyr Leu His Arg		
	210	215	220
Asp His Val	Asn Tyr Glu Glu Tyr Gly Val Asp Ser Leu Leu Phe Ser		
	225	230	235
Tyr Pro Glu	Asp Ser Ile Gln Lys Val Ala Arg Tyr Glu Arg Val Gln		
	245	250	255
Phe Ala Ser	Ser Ile Ser Val Lys Lys Pro Ser Gln Gln Asn Lys His		
	260	265	270
Phe Ser Leu	His Val Ile Leu Gly Ala Val Val Asp Pro Asp Thr Phe		
	275	280	285
His Gly Glu	Asn Pro Gly Ile Pro Tyr Asp Glu Leu Ala Leu Lys Asn		
	290	295	300
Gly Ser Lys	Gly Met Phe Val Tyr Leu Gln Glu Met Lys Thr Pro Pro		
	305	310	315
Leu Ile Ile	Arg Gly Arg Ser Pro Ser Asn Tyr Ala Ser Ser Gln Arg		
	325	330	335
Ile Thr Val	Arg Thr Pro Ser Ser Val Asn Ser Ser Gln Asn Ser Thr		
	340	345	350
Lys Arg Lys	Met Pro Ser Met Ala Gln Pro Leu Asn Glu Ser Cys Leu		
	355	360	365
Asn Ala Arg	Pro Ser Lys Arg Arg Ser Lys Val Ala Leu Gly Ala Pro		
	370	375	380
Asn Ser Gly	Ala Ser Ile Ser Pro Ile Lys Ser Arg Gln Ser Thr Pro		
	385	390	395
Met Glu Ala	Ser Lys Glu Asn Glu Asp Pro Phe Phe Arg Pro Asn Lys		
	405	410	415
Arg Val Glu	Thr Leu Glu His Ile Gln Asn Lys Leu Gly Ala Leu Lys		
	420	425	430
Asn Gln Cys	Pro Asp Ser Ser Leu Lys Tyr Pro Ser Ser Ser Ser Arg		
	435	440	445
Gly Met Glu	Gly Cys Leu Glu Lys Glu Asp Leu Val Tyr Ser Ser Ser		
	450	455	460
Phe Ser Val	Asn Met Lys Gln Ile Glu Leu Lys Pro Ala Arg Ser Phe		
	465	470	475
Glu His Glu	Asn Ile Phe Lys Val Gly Ser Leu Ala Phe Lys Lys Ile		
	485	490	495
Asn Glu Leu	Pro His Glu Asn Tyr Asp Ile Thr Ile Glu Lys Lys Ser		
	500	505	510
Met Glu Gln	Asn Tyr Leu Arg Pro Glu Ile Gly Ser Arg Ser Glu Cys		
	515	520	525

Lys	Thr	Ser	Tyr	Gly	Asn	Glu	Leu	Ser	Leu	Ser	Asn	Ile	Ser	Phe	Ser
530						535					540				
Ile	Leu	Pro	Asn	Ser	Ala	Glu	Asn	Phe	His	Leu	Glu	Thr	Ala	Leu	Phe
545					550					555					560
Pro	Ala	Thr	Glu	Glu	Asp	Val	Pro	Arg	Thr	Phe	Ser	Arg	Ile	Leu	Glu
				565					570						575
Thr	Gly	Ser	Phe	Gln	Asn	Tyr	Tyr	Gln	Lys	Met	Asp	Ala	Glu	Asn	Ala
			580					585					590		
Asp	Arg	Val	Tyr	Ser	Lys	Gly	Val	Lys	Leu	Ile	Ala	Ser	Gly	Thr	Leu
	595						600					605			
Pro	Ser	Gly	Ile	Phe	Asn	Arg	Glu	Glu	Leu	Phe	Glu	Glu	Asp	Ser	Phe
610						615					620				
Tyr	Lys	Tyr													
625															

<210> 35
 <211> 3197
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 35

aatgccatt	atgccataa	agacttgccg	ctacatacgg	atttaccatt	tttagaaaat	60
gtgccagggt	tccagattct	acaatctcta	cctgctacag	aaggggaaga	tcccaatact	120
agacccatga	attacttctg	ggacgcattt	tatgctaccc	gtaatgtag	agaatcggat	180
tttgaggctt	atgaggcttt	acaaattggt	cctgtaaatt	atatatatga	aaacggcgat	240
aagagggtact	accaatccaa	acctttaato	gaacatcacg	acattaacga	ggacaatact	300
cttctgggta	attatgagge	cttgattaaa	tgcattaact	actctccacc	ataccaagca	360
cctttcactt	tccgaattta	tgataagccc	tcagatctaa	ataataatct	ggacttgaat	420
tttaattacca	cccagcaaaa	actaacagag	agatttttgt	tttaagtctt	cattaggggg	480
ttgaacttgt	tcgagagtca	tatcaatgac	ttcaacaatc	aatttagatt	gcagttgcc	540
gaaaactgtt	gtgttatctt	taacaacagg	agaattttgc	atgctaactc	tttaacaage	600
tcaaaccagc	aatggttaaa	gggttgctat	ttcgattctg	atactttcaa	gagtaaat	660
aagttcttgg	aagagaagtt	tcctcatgac	aaataacttc	attttttcag	catagttatg	720
tgattcttta	tatttattta	ttttctctct	gtgtagtgac	aatttttttt	ttaatgtt	780
atgttaataa	tatttatttt	aagaagccgt	cagtttcctt	ttgtttcatt	gaaatcaata	840
actaaaatta	aaattataaa	aggaataacg	taaaagaaag	tctactaccc	aaggaaaatc	900
tactttattt	agtgattata	tccaactaaa	tatcattcaa	ataacctcac	atatttgtct	960
tcacccttaa	gattttacga	tttactaagt	tcaccttctc	atggctttgg	agggattgcy	1020
gaaaaaatat	aaaacaaggc	aggaattggt	caaagcactc	actcctaaaa	gacggtccat	1080
tcacttgaac	tccaatgggc	actccaacgg	aactccctgt	tcaaacgcag	atgttttggc	1140
tcataattaag	catttcctgt	cattggcggc	taattcatta	gagcaacatc	aacagcctat	1200
ttcaatcgtc	tttcaaaaac	aaaaaaaaaa	aggcgataca	agcagtcctg	acattcacac	1260
aacattggac	ttccctttga	atggcccgca	tctatgcact	catcagttca	agttgaaaag	1320
atgcgcgaatc	cttttaaaact	tattgaaagt	cggttatggaa	aaattaccgc	taggtaaaaa	1380
cactacagtg	agagatatct	tctactccaa	cgtggaattg	tttcaaagac	aagcaaactg	1440
agtcacagtg	ctggacgtta	tacgctttta	tttcaagctc	tctccaagaa	aatcctttaa	1500
cattataacca	gctcaaaaagg	gtttagttta	ttcgcccttc	ccatttgata	tttatgacaa	1560
tattctgaca	tgtgaaaatg	aaccaaagat	gcaaaaagca	acaattttcc	ctggtaagcc	1620
ctgtctaatt	ccatttttcc	aagatgatgc	ggatcatcaag	ttagggacaa	caagtatgtg	1680
taatattgta	atagtggaaa	aagaagctgt	cttcaccaaa	ttagtaataa	attatcacaa	1740
gttgagtaca	aataccatgc	tcattacagg	taagggattt	ccagatttct	tgacaaggtt	1800
attcctaaaa	aaactagaac	aatattgctc	caaattgata	tcggactggt	ctatatttac	1860
cgatgcggac	cctatggga	ttagcatagc	cctaaattat	actcactcga	atgaacgcaa	1920
cgcttatatt	tgacagatgg	caaactataa	aggaattcgt	attacgcaag	ttttggcaca	1980
aaataatgaa	gtgcataaca	aatccattca	attattgagt	ttgaatcagc	gogactactc	2040
cttagccaag	aatttgatag	catctctgac	tgccaacagc	tgggatattg	caacttcacc	2100
attaagaagc	gtcatcatag	aatgtcagcg	ggaaattttt	ttccaaaaa	aagctgaaat	2160
gaacgagatt	gatgccagaa	tttttgaata	caaatgaata	agaatgggag	ctgttgcttt	2220
ataaaaaaatg	tttttcaaga	attgaaaacg	gttacattta	aattatttat	aaattgaaat	2280
ctttgataat	gaatactagt	ccaaaaaaaa	atacaatttc	aaaaaaataa	atgccatctc	2340
ctagaatcga	accagggttt	catcgggcac	aacgatgtgt	actaaccact	atactaagat	2400
ggcatatgat	tttacaatga	ttcgatgggtg	aatgagttat	aagccatgta	aggatcacta	2460
gtcttttttc	tttaagtaact	ttttcgcttg	tgatatcttg	aaataccatt	aaacatagat	2520
aagctattga	aatgtgaaga	aaattcaaaa	aaaaaaggga	acagagtcac	cttttgggta	2580

gaaactaagc	ttcaatggat	gaatgtttac	ccaattcatg	tctactaggt	gttcacctcg	2640
tcattttcaac	gcattcgggg	ccacaaatag	tttatcacta	cccaccctcc	aatacagcat	2700
ttctaacaaa	taatccaacg	aagcatcagc	acctctatgg	aaaccatgca	aatctaataa	2760
aaaacacaag	tacaaataaa	gaagaaaaac	tctttaattc	tggctctacg	aaaacagctt	2820
ctcaaattgc	tctaaacgag	tcagcgaaaa	gttacaatac	cgctattacg	ccatcaatga	2880
caaatactaa	tactaataat	gtgacattac	ctccaactag	atcgcatgct	aatactgtag	2940
gatcacaaaag	ttcaattcct	gcggctacta	atgggttagg	ttatagaaaa	accgatatcg	3000
aagatacttc	tcggactttt	caataccaag	aaactgaatc	tgaaacgtca	tcatcgggat	3060
taagtgcagc	cgaattgtcc	acagactact	tagacatttc	tagcgattcg	ttttctatat	3120
cttcttcctt	atcgatcatc	tctttatctt	cttctccctc	aagttcatcc	tcatcttccc	3180
ctccgcaaga	tggttta					3197

<210> 36

<211> 398

<212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 36

Met	Ala	Leu	Glu	Gly	Leu	Arg	Lys	Lys	Tyr	Lys	Thr	Arg	Gln	Glu	Leu
1				5					10					15	
Val	Lys	Ala	Leu	Thr	Pro	Lys	Arg	Arg	Ser	Ile	His	Leu	Asn	Ser	Asn
			20					25					30		
Gly	His	Ser	Asn	Gly	Thr	Pro	Cys	Ser	Asn	Ala	Asp	Val	Leu	Ala	His
		35					40					45			
Ile	Lys	His	Phe	Leu	Ser	Leu	Ala	Ala	Asn	Ser	Leu	Glu	Gln	His	Gln
	50					55					60				
Gln	Pro	Ile	Ser	Ile	Val	Phe	Gln	Asn	Lys	Lys	Lys	Gly	Asp	Thr	
65					70					75				80	
Ser	Ser	Pro	Asp	Ile	His	Thr	Thr	Leu	Asp	Phe	Pro	Leu	Asn	Gly	Pro
				85					90					95	
His	Leu	Cys	Thr	His	Gln	Phe	Lys	Leu	Lys	Arg	Cys	Ala	Ile	Leu	Leu
			100					105					110		
Asn	Leu	Leu	Lys	Val	Val	Met	Glu	Lys	Leu	Pro	Leu	Gly	Lys	Asn	Thr
		115					120					125			
Thr	Val	Arg	Asp	Ile	Phe	Tyr	Ser	Asn	Val	Glu	Leu	Phe	Gln	Arg	Gln
	130					135						140			
Ala	Asn	Val	Val	Gln	Trp	Leu	Asp	Val	Ile	Arg	Phe	Asn	Phe	Lys	Leu
145					150					155					160
Ser	Pro	Arg	Lys	Ser	Leu	Asn	Ile	Ile	Pro	Ala	Gln	Lys	Gly	Leu	Val
				165					170					175	
Tyr	Ser	Pro	Phe	Pro	Ile	Asp	Ile	Tyr	Asp	Asn	Ile	Leu	Thr	Cys	Glu
			180					185					190		
Asn	Glu	Pro	Lys	Met	Gln	Lys	Gln	Thr	Ile	Phe	Pro	Gly	Lys	Pro	Cys
	195						200					205			
Leu	Ile	Pro	Phe	Phe	Gln	Asp	Asp	Ala	Val	Ile	Lys	Leu	Gly	Thr	Thr
	210					215					220				
Ser	Met	Cys	Asn	Ile	Val	Ile	Val	Glu	Lys	Glu	Ala	Val	Phe	Thr	Lys
225					230					235					240
Leu	Val	Asn	Asn	Tyr	His	Lys	Leu	Ser	Thr	Asn	Thr	Met	Leu	Ile	Thr
				245					250					255	
Gly	Lys	Gly	Phe	Pro	Asp	Phe	Leu	Thr	Arg	Leu	Phe	Leu	Lys	Lys	Leu
			260					265					270		
Glu	Gln	Tyr	Cys	Ser	Lys	Leu	Ile	Ser	Asp	Cys	Ser	Ile	Phe	Thr	Asp
		275					280					285			
Ala	Asp	Pro	Tyr	Gly	Ile	Ser	Ile	Ala	Leu	Asn	Tyr	Thr	His	Ser	Asn
	290					295					300				
Glu	Arg	Asn	Ala	Tyr	Ile	Cys	Thr	Met	Ala	Asn	Tyr	Lys	Gly	Ile	Arg
305					310					315					320
Ile	Thr	Gln	Val	Leu	Ala	Gln	Asn	Asn	Glu	Val	His	Asn	Lys	Ser	Ile
				325					330					335	
Gln	Leu	Leu	Ser	Leu	Asn	Gln	Arg	Asp	Tyr	Ser	Leu	Ala	Lys	Asn	Leu
			340					345					350		
Ile	Ala	Ser	Leu	Thr	Ala	Asn	Ser	Trp	Asp	Ile	Ala	Thr	Ser	Pro	Leu
	355						360					365			
Lys	Asn	Val	Ile	Ile	Glu	Cys	Gln	Arg	Glu	Ile	Phe	Phe	Gln	Lys	Lys
				370				375					380		
				Ala	Glu	Met	Asn	Glu	Ile	Asp	Ala	Arg	Ile	Phe	Glu
				385					390					395	Tyr
															Lys

<210> 37

<211> 3194

<212> ADN

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 37

aaaaagccgt	ttgcggaaag	caatgttttg	cccattcaga	aacaatatct	ttgctgtatc	60
cctacatgta	ttatgccgcg	ttgcttgtgc	aggtacggag	tccctgcacg	atttttcaac	120
aaggtctaga	tttgctaaga	cgatgaggcg	gagcccgaaa	caaacaagcc	aaaaacoggga	180
atttcgcgct	tgggtgtgctt	tcgcatcctt	tcgtgtgggtg	aatgcacctg	gtgcacgctg	240
cgaaggtgac	gtagcaatcc	aaaaaaggga	agtctaggcg	ctttcaaccg	ccccccaccg	300
tgcattgcgga	ttggttgtca	caattcgcag	acatattggc	aatgtttcct	cccctcctgt	360
tgatgcgggt	aaggggtgtc	tgttatgcag	gaacagggaag	gtaaaaatta	aatgggcctt	420
aattctgtag	acactctctt	gggtaataa	ggttaaaagc	cattgttgaa	gtacgggaatc	480
atctcttcat	tttttcagcg	cttgtaagga	attaatcccc	aggaaggtgc	cgatgtaatg	540
agagaagtat	tcttgttgta	tctctttggt	tcggagtatt	tccttctttc	ttttctttgt	600
agtttttatg	caaatagcagg	gaacagagta	cccggttaaag	gctgttagtc	agccgcactc	660
tacacaaaat	tacttggcaa	acacgttgg	tgggaaaagc	tttatacttg	gcggtgtagt	720
aattgttaaag	gatcaagatt	gtgtcatgct	aatgtgccgc	tgtgtaacaa	cctttttgaa	780
gcgcgtatct	accaccggca	aaaggccatt	gtgtcacata	aaaaaaaaact	cccgccaaag	840
ccaggttcat	tttgcataag	attcaccaca	gtacggaaaa	tacgataagt	taaccagtaa	900
tttgctcgct	ttagctactg	ataaaccttc	tctgttaaca	ctattatttt	tttattactt	960
tagatttttc	cgtttgtgaa	tagccatttt	tagatatata	atggggttca	gaaaaatact	1020
tgctagcaaa	tcgcatcaca	gtcgccacca	taatcagcac	cataagaacc	tgaagttgca	1080
aaatcatcgc	tatgtactta	tttccaatat	tacaggatcc	catgaaacaa	aatattttatc	1140
acccttcagg	atggacaatt	gttcagggaag	cagaagacgt	gataggctac	atgtgaagct	1200
taaatccttg	aggaataaaaa	tccacaaaaca	acttcacca	aactgtcgg	tcgatgcgc	1260
cactaagact	agtgatgata	aatgcgtctc	ttatgaggtg	cccgaaaggg	atggccttgc	1320
tactatttcg	ttagaagagg	tttttccaaa	gtccaacagg	tgccaaatac	ctgaagaaaa	1380
cttgggagaa	acagatagcg	ttattcacag	agatttggga	aattttgcaa	atgagaatga	1440
ctatccacag	tggagaaaaag	ttgaaagtca	atataactta	gagaatgtcc	agcctgagga	1500
ggatgaaata	gttgatagac	tcaggtccga	gattagaagc	actaaattaa	aatctgtaaa	1560
aacgacaagc	agaacacttg	aaaaagctat	agaggctcga	tgtactggaa	agagagttct	1620
tcaacaacta	agttgtcaga	gcaaccaact	caccaagatc	gagagcaatt	gtgacatgct	1680
taaaattcaa	tctaacgtag	ccgaccgaaa	gattgacgaa	cttgcccatg	aaaatagaag	1740
cctgcttgca	ttaaaatcac	ccaacccctt	caggaagaaa	agggagagag	aaaagcgaga	1800
ccagatctac	aatttgaagt	taaagcatcg	tcacttacag	caagaaacta	tgaagagagc	1860
ccaagattct	gacaaaaatt	tagccataaa	tctaagttct	gaatatggac	ggataggcca	1920
aggggtgaa	agcagcgta	ttcttagaga	tgccagaag	tatcagtttg	aagccgatga	1980
agaagataac	caaataggaa	tcgacttgta	cggaaccta	gaacaaataa	aagcgggtgag	2040
tgggtgacttg	aaaattatgg	ctcacgcttt	tggcagagag	tttgaagcac	aaaacactag	2100
aatgtttgac	atcgagaaca	atgtacagca	ggcagataat	gctttacagg	ccaagcgata	2160
tagattggag	aaagtgatcg	ggaaaagatg	gtgatctgtt	atacacacaa	aatatcgtgt	2220
ataaatatat	tgaataaata	gtttctaaaa	aggcatacgc	agatattctt	gcgaaagaga	2280
aaaaaaaaaag	agcgaggggg	acattagtac	tgaaggtctc	aattcttctt	tgtattttct	2340
ttcggaagt	tcagacaaag	ctttctcttt	cccataaata	aagtgcattc	aaacatcggc	2400
aggtttgttt	ttcccagttg	ttacgtattt	gtttcccgtt	ccattcatga	tcttaaaactg	2460
gggttaactga	aaaatcaaca	tgattttgtg	aaaagtaaaa	gagggtaaga	aagatagata	2520
ccgctgtcgt	gggactatat	tttttacagt	accaagtcta	cttgcttctc	ataaagttga	2580
taagttataa	ttcatataat	ttcatttgtc	aaaaaagatt	ttagttacaa	aacgatataca	2640
aagttcaatc	ttgttgggaa	aaaggaaaac	attatgaagg	gtttccggtg	atcaactgcgt	2700
atgccacact	attcctatag	aattgtcttg	attgggtgct	tatgctgcgg	aaaaattata	2760
ttctgcgctt	gccttttata	ttaagcgtca	caacgccctt	accaagatcg	agcggattaa	2820
gacaagaatg	tatctcaagc	gtccgtatat	gtttaagttg	aaaaggatat	ttagtaagaa	2880
taattctacc	ctacaaacga	tattagttaa	aaaaaaaaatc	aataatagag	ttattgtaca	2940
aacatgttct	gaaaatttga	agcatcacat	cgtatgctac	tagagaaaat	ttttactatc	3000
cttttttcca	caagcccagc	cctagcccga	tcattcctatt	aattgtcaga	ccaccgaatg	3060
ctatcccgcc	acggttgata	taacgaaact	ctttactgct	ttgggtcaaa	tatgcctctt	3120
ttccgcattt	tttcggagta	gttcattgcc	gcatacatat	cgcaacttgg	acgaggatgt	3180
cctccttctc	ttac					3194

<210> 38
 <211> 397
 <212> PRT
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

 <400> 38

Met	Gly	Phe	Arg	Lys	Ile	Leu	Ala	Ser	Lys	Ser	His	His	Ser	Arg	His
1				5					10					15	
His	Asn	Gln	His	His	Lys	Asn	Leu	Lys	Leu	Gln	Asn	His	Arg	Tyr	Val
			20					25					30		
Leu	Ile	Ser	Asn	Ile	Thr	Gly	Ser	His	Glu	Thr	Lys	Tyr	Leu	Ser	Pro
		35					40					45			
Phe	Arg	Met	Asp	Asn	Cys	Ser	Gly	Ser	Arg	Arg	Arg	Asp	Arg	Leu	His
	50					55					60				
Val	Lys	Leu	Lys	Ser	Leu	Arg	Asn	Lys	Ile	His	Lys	Gln	Leu	His	Pro
65					70					75				80	
Asn	Cys	Arg	Phe	Asp	Asp	Ala	Thr	Lys	Thr	Ser	Asp	Asp	Lys	Cys	Val
			85						90					95	
Ser	Tyr	Glu	Val	Pro	Glu	Arg	Asp	Gly	Leu	Ala	Thr	Ile	Ser	Leu	Glu
			100					105					110		
Glu	Val	Phe	Pro	Lys	Ser	Asn	Arg	Cys	Gln	Ile	Pro	Glu	Glu	Asn	Leu
		115					120					125			
Gly	Glu	Thr	Asp	Ser	Val	Ile	His	Arg	Asp	Leu	Gly	Asn	Phe	Ala	Asn
		130				135					140				
Glu	Asn	Asp	Tyr	Pro	Gln	Trp	Arg	Lys	Val	Glu	Ser	Gln	Tyr	Asn	Leu
145					150					155				160	
Glu	Asn	Val	Gln	Pro	Glu	Glu	Asp	Glu	Ile	Val	Asp	Arg	Leu	Arg	Ser
				165					170					175	
Glu	Ile	Arg	Ser	Thr	Lys	Leu	Lys	Ser	Val	Lys	Thr	Thr	Ser	Arg	Thr
			180					185					190		
Leu	Glu	Lys	Ala	Ile	Glu	Ala	Arg	Cys	Thr	Gly	Lys	Arg	Val	Leu	Gln
		195					200					205			
Gln	Leu	Ser	Cys	Gln	Ser	Asn	Gln	Leu	Thr	Lys	Ile	Glu	Ser	Asn	Cys
	210					215					220				
Asp	Met	Leu	Lys	Ile	Gln	Ser	Asn	Val	Ala	Asp	Arg	Lys	Ile	Asp	Glu
225					230					235				240	
Leu	Ala	His	Glu	Asn	Arg	Ser	Leu	Leu	Ala	Leu	Lys	Ser	Pro	Asn	Pro
				245					250					255	
Phe	Arg	Lys	Lys	Arg	Glu	Arg	Glu	Lys	Arg	Asp	Gln	Ile	Tyr	Asn	Leu
			260					265					270		
Lys	Leu	Lys	His	Arg	His	Leu	Gln	Gln	Glu	Thr	Met	Lys	Arg	Ala	Gln
		275					280					285			
Asp	Ser	Asp	Lys	Asn	Leu	Ala	Ile	Asn	Leu	Ser	Ser	Glu	Tyr	Gly	Arg
	290					295					300				
Tyr	Gly	Gln	Gly	Val	Glu	Arg	Gln	Arg	Ile	Leu	Arg	Asp	Ala	Gln	Lys
305					310					315				320	
Tyr	Gln	Phe	Glu	Ala	Asp	Glu	Glu	Asp	Asn	Gln	Met	Glu	Ile	Asp	Leu
				325					330					335	
Tyr	Gly	Asn	Leu	Glu	Gln	Ile	Lys	Ala	Val	Ser	Gly	Asp	Leu	Lys	Ile
			340					345					350		
Met	Ala	His	Ala	Phe	Gly	Arg	Glu	Phe	Glu	Ala	Gln	Asn	Thr	Arg	Met
		355					360					365			
Phe	Asp	Ile	Glu	Asn	Asn	Val	Gln	Gln	Ala	Asp	Asn	Ala	Leu	Gln	Ala
	370					375					380				
Lys	Arg	Tyr	Arg	Leu	Glu	Lys	Val	Ile	Gly	Lys	Arg	Trp			
385					390					395					

<210> 39
 <211> 3875
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 39

```

ttattttcaag catttttgggt gttgttgggt cgggtatatt aacctatttg aacaataatg 60
ccaataaactc tgctcacatc ggccttttga tattacctgg cgttgcttcc ggtgggttgg 120
cacaaagttc catgctcgct tctcaaattc agttagacaa gaagagccca acttttcgat 180
cagatttttgg ctctattacc acttttaaca catttttgcaa aaatctaggt caagcactgg 240
gaggtgtcat ctctaacact gttttcagtg ctgctgctat caagaaatta accaaggcta 300
atattcagct cccagatggg accacggtag acaatctggg aatctatagg cagaccaatt 360
tcgatggctc tcattccaaa ttgggcaata taatttctga atctctcact gacgtctttt 420
acatggcatt aggattttat gcattatctc tcatttttgc tgtttttgct tcaataaga 480
aagtcacagc aagcctgaga taagttaagc acgatttaga aggtggcgag cctcaaagt 540
taaaagctgca gaaaaaataa acatgacttt tagtaattgg ctgttttagct tgctgaattg 600
tgtaccacaa ctaacgataa cagtaagagg gtaatccgag acagtatgag tacagctatt 660
aaatagttaa tttagatttt tatactggta tgataaacga cgttcatata gcaagagcgt 720
caatgcctct atgtcacctt caatagaagt tccctttttt atttcgactt ttgtttttgt 780
atttttcggc gtctgccttg ttccattttt aaggcgccaa aaataaaata aaatgatgaa 840
cgatttagtac tcaagaaca ctttaatcct tggaaacaaa aaaataaaaa atcaaaagt 900
gaaggaaggt caaattttct tccccaacaa ataataatc ttgcttatat aactcttta 960
aagttttaca aaactttgga tcagaaaaaa atgggactct cccatttata 1020
tcacagatat aactccaaaa gctctaacia aaatatcaat tcgagcggaa attctacaga 1080
ggttgaccgt ttcattccaa aatcagtttc gagaaatgct tataagtcta ttccaatgtt 1140
aaatgggttt gacataagtt actcagaact ttgcgagaaa tctccttcac ctgagcggct 1200
atcatccctt gaattcttta aogaaactgc aaacaccggg cattacgaat caatcagta 1260
aacaatatgag ttttccatgt caagtatctc tagctcttct gagagtcaag ttaccagaag 1320
tggaagtgca agagcttcaa gaaacgatta tccaaaatta actaaagagc aaaagacca 1380
tagaaaagaat attgcacatt ctcttgggtt tcaattgccc gaccgtgtct ttacgtttga 1440
gaccacaagt gctgaaattc tggaaaagaa taaagccatc aaaaattgct ttggaccagg 1500
aagttgogoc gaaataagat caacctttga cttagtaca ctctcgcccg atgttgccc 1560
ttatttatatc gctaattcta aogcaagatc agcttcccca caaagacaaa tccaaagacc 1620
tgctaaacga gtaaagtcac atattccata ccgtgtattg gatgcacctt gcctgagaaa 1680
tgatttttat tccaacttaa tttcttggct aagaaccaca aacaacgttt tgggtggact 1740
gggttgctcc gtatcatctc ggtctgagaa agaaggagcg gtatctatat tggaccatca 1800
atcttaagt gaaaagaggg atttagtgac atgcgtctca ttctgtcctt acaatactta 1860
ttttattgtt ggtacaaaat ttggccgtat tcttctttat gatcaaaaag aattttttca 1920
ttccagcaac acaaacgaaa aggaaccagt atttgtttcc caaactgaat ccttcaagg 1980
aatatgttgc ctagaatggg tcaaacccagg tgaaatttgc aaattttatg ttggagagga 2040
aaatggcaat gtgagcctct ttgaaataaa gagtttgcct ttcccataa aaaactggag 2100
taaaagacaa aaactcgaa atgaaaattt aataggattg aaacttcatt ccaacttaca 2160
agctcaggca cagcaagtct gtggtacgtt attaagagct tatgctttca catacccttt 2220
tctggtatag cgcttatttt ttcatatga aaaatactaa caaatatttt ctacaggtat 2280
ttctctgaat gaacatgcaa acctgcttgc agtcggcggc aatgataatt cttgtagctt 2340
atgggatatt tccgacttgg ataaacctat taaaaagttt gttcttccac ataaagcggc 2400
tgtgaaggcc attgcctttt gtccttggct gaagtctttg ttggctacgg gtggtggaag 2460
caaagacaga tgtattaggt tttggcattc atcgacaggc acattgttgg atgagatttg 2520
cacctcgagg caggtgacgt ctttgatatg gtcggtgaga cataaacaga ttgttgctac 2580
ttttggattc ggtgatacca agaactctgt attaataaca ctatactcat atccaaaatt 2640
atcaaaacta ctogaagtta ggtcgcccaa ccttttgcgt gtaactgagc cagtaatctc 2700
tccaaagttc atggcaattt gogttgccac taacgatgaa acgataagat tttatgaact 2760
gtggaacgat aaggaggaaa taattaatga aattcaagag agtgggattt atggatctaa 2820
tattatagaa tatatggag gcatacgaac aacacataac aaaagaataa agtaataaa 2880
aaaaaggata ttcattgcac gcacaaacca aatacttcaa atagcaaaact aagcagtaaa 2940
atatataaaa ctatacatc gtatacataa aaaaataata gggaaaaaaa aaggaaacca 3000
tatgagtttg aatgaggcga cgtgccatat taaacaatta tattttaaca cttccgcact 3060
gcacctattt agttggctga tttgtgacgt ttttaattcc gatcggcctg aaacagcgaa 3120
gggtcctgga aaattaagat aataaaacga aatgaaacc agcaacgtta gatgatgctc 3180
aaaaaaatat agagacagag aaaaaccaga atcaaaagag ctgtttaagt ggtcaatatc 3240
ccaggtacac cgagccaggt cacatcgagc ttataatgga tgcaaaagaa aatactgtg 3300
aagccaataa tgatgtattg gaagagggaag cagcgattca gttgattgca ccaggtatag 3360
cgagaaactt aacacaagaa gtcattaccg gtatcttctg taatgtagta atatatcctc 3420
ttcttctaata atattttgtc ttaactttcc gttacatgac taaaaatatt gtacottatg 3480
aatttataga tgaaggttt cacgttggcc aaactttgac ctattttaaa ggtaaatgga 3540
ctcaatggga cctaaaaata acaacccccc ctggaatcta tattttgggt ttaatttaatt 3600
attattgtat aaagcccata tccaagtctg ggagcacact aacctacta agattagtta 3660
atttacttgg agggattatc gttttcccca ttttagtact caggccaata ttocctttta 3720
atgccttagg tttttggccc gtttcattaa tgagcttccc attgatgaca acttattatt 3780
acttatttta caccgatgtg tgggtctaaa ttctgatatt gcaatcactc agctgcgtgt 3840
taacattacc gtttggcccc gtgaagagta tatgg 3875

```

<210> 40
<211> 593
<212> PRT
<213> *Saccharomyces cerevisiae*

5

<400> 40

Met 1	Ala	Thr	Pro	His 5	Leu	Tyr	His	Arg	Tyr 10	Asn	Ser	Lys	Ser	Ser 15	Asn
Lys	Asn	Ile	Asn	Ser	Ser	Gly	Asn	Ser	Thr	Glu	Val	Asp	Arg	Phe	Ile
			20					25					30		
Pro	Lys	Ser	Val	Ser	Arg	Asn	Ala	Tyr	Lys	Ser	Ile	Pro	Met	Leu	Asn
			35				40					45			
Gly	Phe	Asp	Ile	Ser	Tyr	Ser	Glu	Leu	Cys	Glu	Lys	Ser	Pro	Ser	Pro
	50					55					60				
Glu	Arg	Leu	Ser	Ser	Pro	Glu	Phe	Phe	Asn	Glu	Lys	Leu	Arg	Asn	Thr
65					70					75					80
His	Tyr	Glu	Ser	Ile	Ser	Thr	Thr	Asn	Glu	Phe	Ser	Met	Ser	Ser	Ile
				85					90					95	
Ser	Ser	Ser	Ser	Glu	Ser	Gln	Val	Thr	Arg	Ser	Gly	Ser	Ala	Arg	Ala
				100				105					110		
Ser	Arg	Asn	Asp	Tyr	Ser	Lys	Leu	Thr	Lys	Glu	Gln	Lys	Asp	His	Arg
			115				120					125			
Lys	Asn	Ile	Ala	His	Ser	Leu	Gly	Phe	Gln	Leu	Pro	Asp	Arg	Val	Phe
	130					135					140				
Thr	Phe	Glu	Thr	Thr	Ser	Ala	Glu	Ile	Leu	Glu	Lys	Asn	Lys	Ala	Ile
145					150					155					160
Lys	Asn	Cys	Phe	Gly	Pro	Gly	Ser	Cys	Ala	Glu	Ile	Arg	Ser	Thr	Phe
				165					170					175	
Asp	Phe	Ser	Thr	Leu	Ser	Pro	Asp	Val	Ala	Arg	Tyr	Tyr	Ile	Ala	Asn
			180					185					190		
Ser	Asn	Ala	Arg	Ser	Ala	Ser	Pro	Gln	Arg	Gln	Ile	Gln	Arg	Pro	Ala
			195				200					205			
Lys	Arg	Val	Lys	Ser	His	Ile	Pro	Tyr	Arg	Val	Leu	Asp	Ala	Pro	Cys
	210					215					220				
Leu	Arg	Asn	Asp	Phe	Tyr	Ser	Asn	Leu	Ile	Ser	Trp	Ser	Arg	Thr	Thr
225					230					235					240
Asn	Asn	Val	Leu	Val	Gly	Leu	Gly	Cys	Ser	Val	Tyr	Ile	Trp	Ser	Glu
				245					250					255	
Lys	Glu	Gly	Ala	Val	Ser	Ile	Leu	Asp	His	Gln	Tyr	Leu	Ser	Glu	Lys
			260					265					270		
Arg	Asp	Leu	Val	Thr	Cys	Val	Ser	Phe	Cys	Pro	Tyr	Asn	Thr	Tyr	Phe
			275				280					285			
Ile	Val	Gly	Thr	Lys	Phe	Gly	Arg	Ile	Leu	Leu	Tyr	Asp	Gln	Lys	Glu
	290					295					300				
Phe	Phe	His	Ser	Ser	Asn	Thr	Asn	Glu	Lys	Glu	Pro	Val	Phe	Val	Phe
305					310					315					320
Gln	Thr	Glu	Ser	Phe	Lys	Gly	Ile	Cys	Cys	Leu	Glu	Trp	Phe	Lys	Pro
				325					330					335	
Gly	Glu	Ile	Cys	Lys	Phe	Tyr	Val	Gly	Glu	Glu	Asn	Gly	Asn	Val	Ser
			340					345				350			
Leu	Phe	Glu	Ile	Lys	Ser	Leu	His	Phe	Pro	Ile	Lys	Asn	Trp	Ser	Lys
			355</												

His	Thr	Ser	Thr	Gly	Thr	Leu	Leu	Asp	Glu	Ile	Cys	Thr	Ser	Gly	Gln
465					470					475					480
Val	Thr	Ser	Leu	Ile	Trp	Ser	Leu	Arg	His	Lys	Gln	Ile	Val	Ala	Thr
				485					490						495
Phe	Gly	Phe	Gly	Asp	Thr	Lys	Asn	Pro	Val	Leu	Ile	Thr	Leu	Tyr	Ser
			500					505					510		
Tyr	Pro	Lys	Leu	Ser	Lys	Leu	Leu	Glu	Val	Arg	Ser	Pro	Asn	Pro	Leu
		515					520					525			
Arg	Val	Leu	Ser	Ala	Val	Ile	Ser	Pro	Ser	Ser	Met	Ala	Ile	Cys	Val
	530					535					540				
Ala	Thr	Asn	Asp	Glu	Thr	Ile	Arg	Phe	Tyr	Glu	Leu	Trp	Asn	Asp	Lys
545					550					555					560
Glu	Glu	Ile	Ile	Asn	Glu	Ile	Gln	Glu	Ser	Gly	Ile	Tyr	Gly	Ser	Asn
				565					570						575
Ile	Ile	Glu	Tyr	Met	Glu	Gly	Ile	Glu	Thr	Thr	His	Asn	Lys	Arg	Ile
			580					585					590		
Arg															

<210> 41

<211> 2727

<212> ADN

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 41

caaaaaatgt	atacaaaactc	ttaggattgg	tcaagaaaag	taaatgttgt	actgctccaa	60
agatattgcg	atgccgtgat	aattcaaaaag	ggcgaccca	gtctatttca	ctcgcgcgat	120
aatcggtcgt	tatccgaagc	tggccaattg	atacaattaa	ttgacatcag	cagacagcaa	180
atgcacttga	tatacgagc	ttaaagcaag	ggtaaattat	ctgaaaaagg	attgaataca	240
atcaaaacct	tcacatacat	tggtagtaat	atcgagcatc	gctattagca	gagtatctcg	300
aagtctacca	cggcgaaagt	tgatttttta	tctgaggtgc	tgatcttcgg	acgcaatgcg	360
caaacgtaat	tccgtagttt	tcccaattat	tttatttttt	aaattacacg	taccaggtag	420
atcacataca	tatacccaac	acctgttata	tagtgaattg	aattattcgg	aacatcaata	480
atcctttgct	tataattctt	gttatcatcc	atcttgcatc	tttatttaat	tatattttgc	540
acaataagct	atctatgtga	gctgcgtacg	gtgactccaa	acaatctgtt	aatttccata	600
taaataactt	gtagtcggat	cgtacaatgg	ctctatatag	gtttggaccg	gtatgtaacc	660
taatattggc	gactcaaac	ctgctagata	gttatccaag	tgaatttgag	tctcgtatcc	720
tttatcacat	ttttacaata	gtggctagct	atctttttca	tgtaggctc	acccgggtatt	780
ctcatgcaag	atcaaacaaa	aatggtaaa	gttttgact	ttacattgct	tacagttgct	840
tttttatgaa	gattcaaaag	attatgtcct	cggcggttaa	attttccatt	aataatatta	900
tccttttacg	cgaccgaaaa	agagaagcgt	tttaagagtt	gtttctaaca	aatattaata	960
ataaagctaa	cgtgaactga	ccaggctcta	tttgaaagat	atggcaccga	aaaagaaatc	1020
aaacgataga	gccattcagg	caaaaggctc	agaagggttaa	gtattttttt	acatgctcat	1080
caaataccgc	cattactaac	aattgtaccc	cgggtatttt	atcagctgaa	caattaatag	1140
aagattactt	ggtgtcaca	tataaaccat	tttctgtaa	tgatatagtt	cagaatttgc	1200
acaataaagt	gacaaaaaca	acagcaacca	aagcattaga	aatctcgtt	aacgagaaac	1260
gcatagtgtc	taaaaccttc	ggaaagatta	taatttactc	ttgtaatgaa	caagatacag	1320
cattaccaag	caatattgat	ccttctcagt	ttgattttga	aactgtattg	caactgagaa	1380
atgatttaat	agaactagag	agagataaat	caacggccaa	agacgctctt	gactctgtaa	1440
ctaaagaacc	tgaaaatgaa	gatctcctaa	caatcattga	aaacgaagaa	aacgagttga	1500
aaaagattga	atcaaaatta	caaagtctac	aggatgattg	ggatccagca	aatgatgaga	1560
ttgtcaagcg	gataatgtct	gaagatacgc	tgctacaaaa	agaaatcacg	aagagatcaa	1620
agattttgcaa	aaacctaatt	gctacaataa	aggactcagt	gtgcccgaaa	aatatgaatg	1680
aatttttggg	atgtattttg	aacatttttc	gagacctttt	cttttgaata	tactaacgaa	1740
atctttacag	gaagaaattg	gatttgagga	catttgatgt	gaaaagcaat	tggttggtcc	1800
gtaccggaac	acttgctatt	ttacttatca	tgattgtttt	tttttcttat	tctttgctat	1860
tattatcaaa	ttatatatag	gtaaataatc	ttacactagt	ttataagtgt	cacgaacgat	1920
gaaatggaaa	cttggggggg	aaggctcaaa	aaacatactg	tgtgtttatg	gggctgcctt	1980
tgctagttgt	tgaggggtga	gaaccgcaat	tactgacaaa	cgttactgat	ttgtaatat	2040
caaaaactcc	ttgcattgcc	ttcccggttg	ccaaaatagt	agtcgttgac	aaagagtacg	2100
gcgtcgattc	taaagtttgt	gaggggattt	gctcgcatat	agttgtcagt	tctgtgcta	2160
aaactgaagc	aataacagaa	aatattgaaa	aacagcgaag	taactgcatc	ttaattgaaa	2220
atgtatgaag	taggtataat	attttggcac	acaagtgact	gttgagagct	tacaatcatt	2280
ctagaatgag	gaatacgtca	aatggaaac	ttaacatatc	acctcttctt	acaactat	2340
atattgtata	tttacaaggg	aatcaattg	cctgatattc	agtatattgg	atctgaaggt	2400
atgaaacagt	cccttaatta	agcttttagat	gcggacagaa	gtttttttgt	taaacttgca	2460
tgtaaaattt	caaactgcgt	gtaattaccg	tattcgga	ttacatggtt	tcagtaattt	2520
tgcaataaac	gcagcaaccg	gtgatggcga	agttttacca	tcaacaata	acttataata	2580
actgaatgcc	ggcaggttga	aacaaattct	tgaatttag	tcattttattc	tattgtgcga	2640
atgtaatcca	ctgaaatcat	ctaaagcacc	attaccattg	tctagcctgt	gaataaaaaa	2700
atatgggagt	ataatgatag	agaagt				2727

<210> 42
 <211> 218
 <212> PRT
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 42

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

<210> 43
 <211> 3830
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*
 <400> 43

```

ggctgtcttt attgttcgtg gtactttggt tggcggcgga tgtctttaac cttatgggtg 60
ccgttatgca acatcttttg tctaccatga tcattcttgc tgcttactat acggtggcag 120
atatcatttt actaggtcaa tgtctatggt acgataatga ggaaaaacca gcagtagacc 180
ctattcatct ctccttgcc aatccaataa acgaaaacgt tctgcacgat gtgttcaatg 240
aacaacaacc gcttttgaat tcccaaggtc agccaaatcg tattgatgaa gaaatggctg 300
ctccttcac cgcgggaaac gctggtgatg ataatctccg tgaagtcaat tcaagaaatt 360
tgataaaaga catatttatt gttagtgggt tagtttttgg aggtttcatc tcgtggtatg 420
taacctactg cgtaaacctac acgcaacctc ctcccggtga ggatccatca ctgcctgttc 480
ccgaactgca gatcaattgg atggctcaga tattcggtta cttaagtgcc cttttgtatc 540
tgggttcaag aattcctcag atattactga attttaagag aaagtcttgt gaaggtatca 600
gtttcctatt ctttttggtc gcctgtttgg gtaataccac atttattttc tctgtgattg 660
tcatttcctt agactggaag tatctaatta tgaatgcttc ctggttggtt ggaagcatag 720
gtactttatt catggatttc gtcataattt cccagttttt catttacaaa agaaataaaa 780
aatttatact gaattaacat gttctatcta atatttattt aacatatttt tgacctcaca 840
aacttttttt ttttttctct ctgtcattga cattttttta atgtcacaaa aagaaaaatt 900
    
```

aaatgtatta	taaaatttca	tttaaatagg	aaaaaacccg	tgattactaa	aggcatatta	960
aagatctatt	aaagatctat	taaagctttc	tgctaccagt	atggataata	ttttaagggc	1020
atcaaatatg	gaagggactt	caacaatgac	agttacctcg	cgtagttctg	aagactctag	1080
ttgtatctca	aatcatgaac	aagataccga	tacacataag	gacggcgaca	caagtgtctt	1140
ggaaaacagt	aaaatttcga	agagaaagtg	gatgaaagag	ttttttaaac	tttccaaatc	1200
tccagcttcc	aaaagcagcc	ggagtatagg	ttccatgaaa	agtaaccaga	gcctcgtttc	1260
aatgaaaagt	agtgacgatg	gcaacagtta	taaaaatgat	tactcttcta	tctgtggtaa	1320
cagccttcca	tctgcaggct	tgagtcggtc	gaatagtgtg	aaagaattaa	aattagattc	1380
aactggaagt	cagagatcaa	aaaataatgt	tgccatgtta	gcacgttctt	ctacaacatc	1440
tcagacaacg	tgctcttctt	cttcacatc	atcttcttat	aactctataa	aaggaaatga	1500
aaatgatatt	ttattgcaga	ataacaatca	ctttaggcat	aacaaagaaa	ttcctcaaa	1560
taaagggagc	tccaacatta	acaccgcac	gattatgagc	caatacaatg	tcgatacgca	1620
agcaaccgct	ataatgagcg	atatgcaaaa	gcaatcacgac	tcgcaacaga	tgacatcacc	1680
atgtgtaaac	gaagacttgc	atctcgatcc	aaatggtgaa	gtttcacacg	taataaaagc	1740
aattttttaa	gaaattgggt	ataaatacga	tgatttcagt	gatattcctg	tttttcaatt	1800
aatgcaagaa	atgtatcaac	tagtgaagaa	gaattccagc	gctagaagaa	caaagataac	1860
agactatgcc	tctaaactta	aagaaaaaga	agcgcaatta	aaaagtcaaa	atgacaaaat	1920
tttgaagtta	gaaacaacaa	acaaggccca	caaaactaaa	tacaaggagg	tctctctgga	1980
aaataagaaa	ataaaagagg	ctttcaagaa	actagacaat	gagtcataca	atcacgatga	2040
ggaattacta	aaaaaatata	aatatactag	ggaaacctta	gatagggtca	atagagaaca	2100
gcaattaatc	attgatcaaa	acgagttttt	gaagaaaagt	gtcaatgaac	tacaaaatga	2160
ggttaatgct	accaacttca	agttctcttt	atttaagaaa	aaatatgcaa	aattagctga	2220
tagctatcact	gaattgaata	cctctacgaa	aaaaagagag	gccctgggag	aaaacttaac	2280
ttttgaatgc	aatgaattaa	aagaaatattg	tttgaaatac	aaaaaaaaaca	tcgaaaatat	2340
atcaaatacc	aataagaatt	tacaaaattc	gttcaaaaat	gaaaggaaaa	aagttttaga	2400
tttgagaaat	gagagaaatt	tggtgaaaaa	ggaaatactg	ttgattgaat	gtcatgggtc	2460
atattctcta	ctccttgat	ctaataattc	gacatgttat	cggttcttac	tgccaaagtga	2520
tactattatt	gaaactgaaa	gcttaattaa	ggagctactc	aacatgaata	attcactttc	2580
gaaccatgtg	tcttctctct	acgagcctcc	agcggagtac	tcgaaaagat	tgaattaaa	2640
atgtgtagag	tttgaggaaa	agttacttta	tttctatcaa	gaacttggtg	cgaagaaaat	2700
tatagacgtc	atttacaagt	gctttattaa	ttattacaag	aaaagtaggc	aaactgacca	2760
aaaatccaat	cagaactcca	gcactccgta	taaacaaagc	caaagacaag	ttccgcactc	2820
catcaagtga	acctcaacag	ctacacattc	ttttataatc	cttaatatcc	tatatataca	2880
tatatgaaaa	aatagaaaac	gcgaaaaact	gtcatttttt	ttttaggcgt	ttttataata	2940
tactgaaaat	aaaaagaggc	tctttaaatg	ttgacactct	actccaatat	caactgtaaa	3000
aaatctcttt	atctgctgac	ctaactcaa	aatcctcaga	ttaaaagtat	gtcctccact	3060
aggccagagc	taaaattctc	tgatgtatca	gaggagagaa	acttctataa	gaagtataca	3120
gggttgccga	agaaaccatt	aaaaaccatt	agattagtgg	ataaaggcga	ctattacaca	3180
gttatagggt	cagatgogat	atgtgtggca	gattcagttc	atcatactca	atctgtttta	3240
aagaactgcc	aattggaccc	tgtaacggca	aagaacttcc	atgaaccaac	taaatatgtt	3300
actgtttcgc	tacaagttct	tgccactctg	ctgaagttat	gtttgttgga	tctgggatat	3360
aaagttagga	tatacgataa	gggttggaaz	ttataaaaaa	gcgcatctcc	agggaacatt	3420
gagcaagtta	atgagctaata	gaatatgaat	attgattcga	gtatcatcat	tgcaagtttg	3480
aaagtccaat	ggaattccca	agatggaaac	tgcatatttg	gagttgcttt	cattgatacc	3540
actgcataca	aggtgggaat	gcttgatatt	gtcgataatg	aagtgtattc	caacctagag	3600
agtttcttga	ttcaattggg	tgtaaaggaa	tgtttggtgc	aggacttgac	atcaaatcca	3660
aactccaatg	ctgaaatgca	gaaagtaata	aatgtaattg	atcgctgtgg	gtgcgtcgtt	3720
acattattga	aaaactcaga	atcttctgaa	aaagatgtcg	aactggattt	aaccaagtta	3780
ctgggcgatg	atgtggcatt	atcgttacca	caaaaatact	ctaaattatc		3830

<210> 44

<211> 609

<212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 44

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

65					70					75					80
Ser	Asn	Gln	Ser	Leu	Val	Ser	Met	Lys	Ser	Ser	Asp	Asp	Gly	Asn	Ser
				85					90					95	
Tyr	Lys	Asn	Asp	Tyr	Ser	Ser	Ile	Cys	Gly	Asn	Ser	Leu	Pro	Ser	Ala
			100					105					110		
Gly	Leu	Ser	Arg	Ser	Asn	Ser	Val	Lys	Glu	Leu	Lys	Leu	Asp	Ser	Thr
		115					120					125			
Gly	Ser	Gln	Arg	Ser	Lys	Asn	Asn	Val	Ala	Met	Leu	Ala	Arg	Ser	Ser
	130					135					140				
Thr	Thr	Ser	Gln	Thr	Thr	Cys	Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Tyr
145					150					155					160
Asn	Ser	Ile	Lys	Gly	Asn	Glu	Asn	Asp	Ile	Leu	Leu	Gln	Asn	Asn	Asn
			165					170						175	
His	Phe	Arg	His	Asn	Lys	Glu	Ile	Pro	Gln	Ser	Lys	Gly	Ser	Ser	Asn
			180					185					190		
Ile	Asn	Thr	Ala	Ser	Ile	Met	Ser	Gln	Tyr	Asn	Val	Asp	Thr	Gln	Ala
	195					200						205			
Thr	Ala	Ile	Met	Ser	Asp	Met	Gln	Lys	Gln	Tyr	Asp	Ser	Gln	Gln	Met
	210					215					220				
Thr	Ser	Pro	Phe	Val	Asn	Glu	Asp	Leu	His	Phe	Asp	Pro	Asn	Gly	Glu
225					230					235					240
Val	Ser	His	Val	Ile	Lys	Ala	Ile	Phe	Lys	Glu	Ile	Gly	Tyr	Lys	Tyr
			245					250					255		
Asp	Asp	Phe	Ser	Asp	Ile	Pro	Val	Phe	Gln	Leu	Met	Gln	Glu	Met	Tyr
		260						265					270		
Gln	Leu	Val	Lys	Lys	Asn	Ser	Ser	Ala	Arg	Arg	Thr	Lys	Ile	Thr	Asp
	275						280					285			
Tyr	Ala	Ser	Lys	Leu	Lys	Glu	Lys	Glu	Ala	Gln	Leu	Lys	Ser	Gln	Asn
	290					295				300					
Asp	Lys	Ile	Leu	Lys	Leu	Glu	Thr	Thr	Asn	Lys	Ala	Tyr	Lys	Thr	Lys
305					310					315					320
Tyr	Lys	Glu	Val	Ser	Leu	Glu	Asn	Lys	Lys	Ile	Lys	Glu	Ala	Phe	Lys
			325						330					335	
Glu	Leu	Asp	Asn	Glu	Ser	Tyr	Asn	His	Asp	Glu	Glu	Leu	Leu	Lys	Lys
		340						345					350		
Tyr	Lys	Tyr	Thr	Arg	Glu	Thr	Leu	Asp	Arg	Val	Asn	Arg	Glu	Gln	Gln
	355					360						365			
Leu	Ile	Ile	Asp	Gln	Asn	Glu	Phe	Leu	Lys	Lys	Ser	Val	Asn	Glu	Leu
	370					375					380				
Gln	Asn	Glu	Val	Asn	Ala	Thr	Asn	Phe	Lys	Phe	Ser	Leu	Phe	Lys	Glu
385					390					395					400
Lys	Tyr	Ala	Lys	Leu	Ala	Asp	Ser	Ile	Thr	Glu	Leu	Asn	Thr	Ser	Thr
			405					410						415	
Lys	Lys	Arg	Glu	Ala	Leu	Gly	Glu	Asn	Leu	Thr	Phe	Glu	Cys	Asn	Glu
		420						425					430		
Leu	Lys	Glu	Ile	Cys	Leu	Lys	Tyr	Lys	Lys	Asn	Ile	Glu	Asn	Ile	Ser
	435						440					445			
Asn	Thr	Asn	Lys	Asn	Leu	Gln	Asn	Ser	Phe	Lys	Asn	Glu	Arg	Lys	Lys
	450					455					460				
Val	Leu	Asp	Leu	Arg	Asn	Glu	Arg	Asn	Leu	Leu	Lys	Lys	Glu	Ile	Leu
465					470					475					480
Leu	Ile	Glu	Cys	His	Gly	Ser	Tyr	Ser	Leu	Leu	Val	Ser	Asn	Ile	
			485					490					495		
Leu	Thr	Cys	Tyr	Arg	Phe	Leu	Leu	Pro	Ser	Asp	Thr	Ile	Ile	Glu	Thr
		500						505				510			
Glu	Ser	Leu	Ile	Lys	Glu	Leu	Leu	Asn	Met	Asn	Asn	Ser	Leu	Ser	Asn
	515						520					525			
His	Val	Ser	Ser	Ser	Asp	Glu	Pro	Pro	Ala	Glu	Tyr	Ser	Lys	Arg	Leu
	530					535						540			
Glu	Leu	Lys	Cys	Val	Glu	Phe	Glu	Glu	Lys	Leu	Leu	Tyr	Phe	Tyr	Gln
545					550					555					560
Glu	Leu	Val	Thr	Lys	Lys	Ile	Ile	Asp	Val	Ile	Tyr	Lys	Cys	Phe	Ile
			565					570						575	
Asn	Tyr	Tyr	Lys	Lys	Ser	Arg	Gln	Thr	Asp	Gln	Lys	Ser	Asn	Gln	Asn
			580					585					590		

Ser Ser Thr Pro Tyr Lys Gln Ser Gln Arg Gln Val Pro His Ser Ile
595 600 605

Lys

<210> 45
<211> 4754
<212> ADN
<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 45

```

atttcaaagc agtttgtgca atttgtccag cagttctgta tttgttcaag accgattcct 60
gtagaatatt tttgtccttt agcaaaatct gagtatcctc gtgggagata gctagagcca 120
tgatagtttt agcaatatta gtccgggtcgg gttttttctt aaaagtattt tgaataaacac 180
gatgctttag ctcatctcat ctcttctgct gaaatttttc tttacttcgg taaaattttt 240
tcagaaagaa aaaaaagctt cagaggcatg accctctccg ggtaaaaaaa gcttaggggt 300
accggcctgt catttttagg gcataataaa tttttgccat ctagttgcaa ctataataat 360
acagtatgaa ttgcacgaaa gagcagtcaa tgtaaattca cgaagtgact gacagaatac 420
tgacatcaga tgatttctca tggagctggt tctctgataa cacgttggtt gaacatcgac 480
aagatgaaaa tctagaagta tcaagtttcc tttaaaggga tatataacag attctaaaaa 540
tgacagaaat atttcgagtg aagaagaagc gttaaattat ggatctttcc gcagttctac 600
tctgatacat ttttgaagta ggagagtcac ttagaaggcg tattgctcaa tagtagaaag 660
caggcctgtg cacatgaatt aattaaaaaa tataaaggta gtgattagac gacacatgtc 720
cataggtaac ctgtcataat tttgaacaat ttcccttttt ttcttttttt ttttttgggt 780
gcggcgatat gtacttggtt aatttacaca tcatgtactt ttctgcatca aaatatgaaa 840
ggcgatagta gctaaagaaa ataccgagaa tttcctcgaa aagttgacga caaaagaaag 900
gcataaaaaa gtaatttgaa aatattttaa aactgtttta acccatctag catccgcgct 960
aaaaaaggaa gatacaggat acagcggaaa caacttttaa atgatggaaa ctccacaga 1020
caatatagtt tccccttttc acaatttttg tagctcgaca caatatagtg gtacctgtgc 1080
gagaacgccc aaccaaataa tagagctaga gaagcccagc actctatctc cattgtcaag 1140
aggaaaaaaa tggacggaaa agttagccag gttccaaaga agtagtgcta aaaagaaaag 1200
attctcacct tctctatatt cctcctctac atttctgttc tcacccaaat ctacgggtcac 1260
ttcttcaaac ttctctggca atgaagacgg taatctaatt aatacacctt ctacgggttc 1320
cactgattat ttaccacaac accctcacag aacatcgtct ttgccaagac ctaattccaa 1380
tctctttcac gcaagtaata gtaacctatc ccgagcaaat gagcctccaa gggccgaaaa 1440
tttatcagat aatataccac ccaaggctgc tccatttggc tatccaatac aaagaacctc 1500
tattaaaaaa tcctttttga atgcttcttg tacgttatgt gacgagccta tttctaacag 1560
aagaaaggga gagaaaatta tagagcttgc atgtggccac ttaagtccac aagaatgtct 1620
tattatctct tttggcacca cttcaaaggc agacgttcgt gcgctatttc cttttgttac 1680
caaagtataa aaagatacta acaaagccgt tcaatgcatt ccagaaaatg atgaactaaa 1740
ggatattcta atttctgatt ttttgattca taagattcct gattctgagt tatcaatcac 1800
acctcagtcg cgctttcctc cttattcacc actcttgccct ccttttgggt tatcctatac 1860
acctgttgaa agacaaaaga tatattctca agctccaagt ctaaacccaa atctcatatt 1920
ggctgcaccc cccaaggaaa gaaaccaaat tccacaaaaa aaatcaaact atacattttt 1980
acattcaccc ctggggcaca gaagaattcc gtcggagca aactctatct tagcagacac 2040
ctctgtagcg ttatcagcta atgattctat ttctgctgtt tccaattcgg taagagcaaa 2100
ggatgacgaa accaaaataa cgttgccgct gttaagggtc tatttttattc aaattctttt 2160
gaacaatttc caggaagaat tgcaggattg gagaatagac ggggactatg gattactaag 2220
gttggttagc aaattgatga tttccaaaga tggtcagaga tatatacaat gctggtgttt 2280
cttatttgaa gacgcatttg taatagcaga agtggataac gatgttgatg ttttgaaaac 2340
tagactaaag aatttagaag tatttacacc tattgccaac ttgagaatga ctacactcga 2400
agcttcagta ctcaaataa ccttaaataa acaacattgc gccgatttat cagatcttta 2460
cattgttcag aatataaatt ctgacgaaa gacaaactgt cagaaatgga tatctggtat 2520
attgaatcag gattttgtat tcaatgagga caatatcact tccaccctgc ctattcttcc 2580
cattataaag aacttttcaa aagatgttgg taatggtagg tacgagacga gtacctttct 2640
aggtttaatc aatcctaaca aagttgttga agttgcaaat gtgcacgata atgatactgt 2700
aatcataagg aggggattca ctttaaatc aggagaatgt tctaggcaga gtaggtttga 2760
cagatacaaa tctgttctaa ctacgataag ctcaattctt tctttaaacc gagaaaaacc 2820
tgataaattg gcaataatct tacagattga ctttacgaaa ttgaaggaa gaaacagttt 2880
aattgttatt tataacagcc taaaagcttt aaccattaaa tttgcgcgtt tgcagttttg 2940
tttctgtgat cgaaataaatt atgttctgga ctatggatcg gtattacaca agatagattc 3000
actagattcc atctcaaatc tcaaatcaaa gagttcctcg acacaatttt cacctatttg 3060
gotgaaaaat actctatatc ccgaaaatat tcatgaacat ttgggtattg ttgctgtatc 3120
aaatagtaat atggaagcaa aaaaatccgt actatttcaa gattacagat gctttacaag 3180

```

```

ttttggaaga agaaggccca atgaattgaa gattaaggtg ggctatttga acgttgacta 3240
cagtataaaa attgatgaac tagtcgagggc cagctcctgg acttttgttt tagaaactct 3300
ttgctacagt ttcggtctaa gttttgatga agatgatgac gatgacgaag aggataatga 3360
tgattcgacc gataatgaac ttgataatag ttcaggatta ctgtcggatg ctgaatctac 3420
aaccactatt catattgact ctccatttga taatgaaaat gctaccgcaa atatggtgaa 3480
tgacagaaac cttctcactg aggggtgaaca tagcaatata gaaaacttag aaactgtcgc 3540
ttcttcagta cagccagctc tgattcctaa tattagattt tcacttcatt ctgaggagga 3600
gggtactaat gaaaatgaaa atgaaaatga tattgccagta ttattactta gtgatatgga 3660
taaaggaatc gatggcataa ccagacgcag ttcattctcg agtcttatag agagcggtaa 3720
taacaactgt cccctccata tggattatat atagagtata cactaaattt tatgcaataa 3780
taaaaaggaa gcatcccgcc aaacgtttct taactatata ttgttacata gcttgattcc 3840
gtgaatttga agtggacgca gttcttctta gtctttcaag ttcatagtaa atagacatta 3900
cccaaagatc tctttcctgt cttgatcttg ccatgaaaac cattgacttg ccgctcacac 3960
ctaacttttt agtgaaatgg atcttatctg tgttacttgg aacattagtg ttattcaagt 4020
cagcttcggg agcagaaggt gggtaaatat tattatcttg tctaccataa tcttgctgat 4080
attgcttttc attccctttc ttctgttaagc gattgctaga aagggcacgc cttgttccaa 4140
accaaaagcgt aaagcatcgc gaactctcgt cttctacaga tcgccatccg tccccataaa 4200
ctcgtgggag agcgtgggat ccatagttta tttcgtcaaa agtacgatct ctctgcagaa 4260
gggtctagttc tgttgtggtc ccagagtata ggtagcaatc gtcaatcgga atggttacat 4320
aatgagcata ctccaaaact tccttagcaa aacctgtggt tgatctatga aagcagtgga 4380
acagtacaat aaaacctgat atcaaaacga cgtagtactt cgagaaaaca gaatgcttgt 4440
gcggtctttt atataaaggt cccttttgaa ttaacggcct acttaatgat attccatttg 4500
cattaaaggt ttgctcatct gcacgcccat gttctacgat ccagcgcaat gtattctcac 4560
caatttttgt ttctctttct ccatttagca tcaaaagacc tgcatttgaa cgccttattt 4620
ttaaagcct ctccgtatct tccctttgct tgtttttcca ataggatata atttgtttca 4680
gctttatgac ccactcttca gcaactgttg ctgatgtagc aagcagcttc aagaggagtc 4740
catttgaggt ttct 4754

```

<210> 46
 <211> 917
 <212> PRT
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*
 <400> 46

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

					245										255
His	Lys	Ile	Pro	Asp	Ser	Glu	Leu	Ser	Ile	Thr	Pro	Gln	Ser	Arg	Phe
			260					265					270		
Pro	Pro	Tyr	Ser	Pro	Leu	Leu	Pro	Pro	Phe	Gly	Leu	Ser	Tyr	Thr	Pro
		275					280					285			
Val	Glu	Arg	Gln	Thr	Ile	Tyr	Ser	Gln	Ala	Pro	Ser	Leu	Asn	Pro	Asn
	290					295					300				
Leu	Ile	Leu	Ala	Ala	Pro	Pro	Lys	Glu	Arg	Asn	Gln	Ile	Pro	Gln	Lys
305					310						315				320
Lys	Ser	Asn	Tyr	Thr	Phe	Leu	His	Ser	Pro	Leu	Gly	His	Arg	Arg	Ile
				325					330					335	
Pro	Ser	Gly	Ala	Asn	Ser	Ile	Leu	Ala	Asp	Thr	Ser	Val	Ala	Leu	Ser
			340					345					350		
Ala	Asn	Asp	Ser	Ile	Ser	Ala	Val	Ser	Asn	Ser	Val	Arg	Ala	Lys	Asp
		355					360					365			
Asp	Glu	Thr	Lys	Ile	Thr	Leu	Pro	Leu	Leu	Arg	Ser	Tyr	Phe	Ile	Gln
	370					375					380				
Ile	Leu	Leu	Asn	Asn	Phe	Gln	Glu	Glu	Leu	Gln	Asp	Trp	Arg	Ile	Asp
385					390						395				400
Gly	Asp	Tyr	Gly	Leu	Leu	Arg	Leu	Val	Asp	Lys	Leu	Met	Ile	Ser	Lys
				405					410					415	
Asp	Gly	Gln	Arg	Tyr	Ile	Gln	Cys	Trp	Cys	Phe	Leu	Phe	Glu	Asp	Ala
			420					425					430		
Phe	Val	Ile	Ala	Glu	Val	Asp	Asn	Asp	Val	Asp	Val	Leu	Glu	Thr	Arg
		435					440					445			
Leu	Lys	Asn	Leu	Glu	Val	Phe	Thr	Pro	Ile	Ala	Asn	Leu	Arg	Met	Thr
	450					455					460				
Thr	Leu	Glu	Ala	Ser	Val	Leu	Lys	Cys	Thr	Leu	Asn	Lys	Gln	His	Cys
465					470						475				480
Ala	Asp	Leu	Ser	Asp	Leu	Tyr	Ile	Val	Gln	Asn	Ile	Asn	Ser	Asp	Glu
				485					490					495	
Ser	Thr	Thr	Val	Gln	Lys	Trp	Ile	Ser	Gly	Ile	Leu	Asn	Gln	Asp	Phe
			500					505					510		
Val	Phe	Asn	Glu	Asp	Asn	Ile	Thr	Ser	Thr	Leu	Pro	Ile	Leu	Pro	Ile
		515					520					525			
Ile	Lys	Asn	Phe	Ser	Lys	Asp	Val	Gly	Asn	Gly	Arg	Tyr	Glu	Thr	Ser
	530					535					540				
Thr	Phe	Leu	Gly	Leu	Ile	Asn	Pro	Asn	Lys	Val	Val	Glu	Val	Ala	Asn
545					550						555				560
Val	His	Asp	Asn	Asp	Thr	Val	Ile	Ile	Arg	Arg	Gly	Phe	Thr	Leu	Asn
				565					570					575	
Ser	Gly	Glu	Cys	Ser	Arg	Gln	Ser	Thr	Val	Asp	Ser	Ile	Gln	Ser	Val
			580					585					590		
Leu	Thr	Thr	Ile	Ser	Ser	Ile	Leu	Ser	Leu	Lys	Arg	Glu	Lys	Pro	Asp
		595													

```

Tyr Ser Phe Gly Leu Ser Phe Asp Glu Asp Asp Asp Asp Asp Glu Glu
770          775          780
Asp Asn Asp Asp Ser Thr Asp Asn Glu Leu Asp Asn Ser Ser Gly Leu
785          790          795          800
Leu Ser Asp Ala Glu Ser Thr Thr Thr Ile His Ile Asp Ser Pro Phe
805          810          815
Asp Asn Glu Asn Ala Thr Ala Asn Met Val Asn Asp Arg Asn Leu Leu
820          825          830
Thr Glu Gly Glu His Ser Asn Ile Glu Asn Leu Glu Thr Val Ala Ser
835          840          845
Ser Val Gln Pro Ala Leu Ile Pro Asn Ile Arg Phe Ser Leu His Ser
850          855          860
Glu Glu Glu Gly Thr Asn Glu Asn Glu Asn Glu Asn Asp Met Pro Val
865          870          875          880
Leu Leu Leu Ser Asp Met Asp Lys Gly Ile Asp Gly Ile Thr Arg Arg
885          890          895
Ser Ser Phe Ser Ser Leu Ile Glu Ser Gly Asn Asn Asn Cys Pro Leu
900          905          910
His Met Asp Tyr Ile
915

```

<210> 47

<211> 3272

<212> ADN

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 47

gacagaaata	tttgaaatat	atctcctcaa	agagtacact	agatccattc	atatttttagg	60
cttcctatgg	aaacogtttt	ttcaaggata	aaccccgcca	tatgttcttt	gcgaagtctt	120
ttgcagttaa	aactaattac	aactctgtta	tttactgaca	cctgcgttaa	aattttatca	180
caatatgtca	tccgctgaga	gagatgtact	atctataatt	acttaagagc	gactacttca	240
tttaccatta	gcgagcagaa	gaacagctta	cttgcctgatg	ttcttctctg	gctaaatgaa	300
atgtcaatta	ttgagattga	gatgggtatg	tatgatcgga	ttttgatatc	agccgatgag	360
acgaagattc	aatagcttca	accgtccctg	cggggggtac	ttaccttttg	taaccagtac	420
cctgtgcaaa	ttctcggcgt	gtactacctc	ttttgggacc	acaacccttt	gtacgcactt	480
tcgtcagatg	caaattttta	cacgcgttga	aaaatgtttc	aggaagagat	actgcgtaaa	540
aaaagacaca	tgtgttacgc	aggaaaaagt	ttgtgaggct	ttttgcctta	acagattgac	600
ttgtagccct	gttaggttta	cccaacagtt	gtttttctgt	gtgtcgaaaa	ttttttcaga	660
ttgttttcaa	ctgacacttg	cctgtttcat	attagttgta	acttaaactt	tcaaacataa	720
aaottttttg	gaagtccttc	cttcacatga	cttgaatccc	ttcaatatcg	aaacagtatc	780
ctcaaaatct	cttatcactt	ttctaatgtt	tttcttcccc	ttttttagtg	taactcgtgt	840
aaagcacatt	ttattcataa	tctcctttgt	gccagaactc	aaggtcaata	ggccagaatt	900
attggaagga	aagaggggaag	aaaataagat	attgctagtt	cattaagtca	aggaagaaaa	960
tactcaaaaa	actgtacagc	tcaatcaggt	acacattacg	atggcagcac	atcagatgga	1020
ctcgataacg	tattctaata	atgtcaccca	acagtatata	caaccacaaa	gtctacagga	1080
tactcttgca	gtggaggatg	aaattcaaaa	taaaatagag	gcccgcagag	agagaggtaa	1140
acagtttcat	gctcaaataa	ataaagcaaa	acacaagata	caagatgcaa	gcttattcca	1200
gatggccaac	aaagttactt	cgttgaccaa	aaataagatc	aacttaaagc	caaatatagt	1260
gttgaaaggc	cataataata	aaatctcaga	ttttcgggtg	agtcgagatt	caaaacgtat	1320
tttgagtgca	agtcaagatg	gctttatgct	tatatgggac	agtgccttcag	gtttaaaaca	1380
gaacgctatt	ccattagatt	ctcaatgggt	tctttcctgc	gctatttcgc	catcgagtac	1440
tttggttagca	agcgcaggat	taaacaataa	ctgtaccatt	tatagagttt	cgaagaaaaa	1500
cagagttagcg	caaaacgttg	cgtaaatttt	caaggacat	acttgctata	tttctgacat	1560
tgaatttaca	gataacgcac	atatattgac	agcaagtggg	gatattgacat	gtgccttggtg	1620
ggatataccg	aaagcaaaga	gggtgagaga	atattctgac	catttaggtg	atgttttggc	1680
attagctatt	cctgaagagc	caaactcaga	aaattcttcg	aacacattcg	ctagctgtgg	1740
atcagacggg	tatacttaca	tatgggatag	cagatctccg	tccgctgtac	aaagctttta	1800
cggttaacgat	agtgatatta	atgcacttcg	ttttttcaaa	gacgggatgt	cgattgtttgc	1860
aggaagtgcg	aatggtgcga	taaatatgta	tgatttaagg	tcggactggt	ctattgctac	1920
tttttctctt	tttcgagggt	atgaagaacg	taacctacc	octacttata	tggcagctaa	1980
catggagtac	aataccgcgc	aatcgccaca	aactttaaaa	tcaacaagct	caagctatct	2040
agacaacca	ggcgttggtt	ctttagattt	tagtgcactc	ggaagattga	tgtactcatg	2100
ctatacagac	attggttggtg	ttgtgtggga	tgtattaaaa	ggagagattg	ttggaaaatt	2160
agaaggtcat	ggtggcagag	tactggtgt	gcgctcgagt	ccagatgggt	tagctgtatg	2220
tacaggttca	tgggactcaa	ccatgaaaat	atggtctcca	ggttatcaat	agcttcgaat	2280
tggaaataact	gtgagcagta	attatcaatg	gatgctatta	tataaatata	catacctaca	2340
cccatcccat	atctacatag	aataacaaca	gtaacattag	ttctgtggaa	gcgcaaaaac	2400
gtcctttta	aaagtaagtc	aaaacattca	acaatgaaaa	ttcaaagcat	tgtcattttgc	2460
ttcctttttc	tctttggata	aacgaacaa	aaacgaacaa	aagtgtcatg	cactcaaaaa	2520
ttcctttcaa	tcgttttgga	aacagtatta	ttcactgact	tatttgacca	acttgctaga	2580
atcatctatg	ttttcaggca	ttgtttaatt	tcagtatggc	tgtccctact	ttagcttggt	2640
atgagccttc	actggctcgt	ccttatgtat	tgcgtctgac	ccaaaatttg	tcctttcttg	2700
tttagtgga	tttttggtcg	gtaatttcaa	aaatgcctga	attttcatta	acaaatcatc	2760
tggtagttgt	gttataaaca	taaaaaactg	ctccctctcg	ggatgatttt	caattgctct	2820
ctgtactgca	ggatcattca	atatcatctg	aaccacgtcc	gtcatcatat	cctcatctat	2880
aagcgcaagg	cttttaatcc	agggcaaatc	ggctatacga	agagacattt	cttcctccgg	2940
agacactact	ttccacggga	gatcaaaaata	tttagatagt	tcactattga	gatgtgagaa	3000
ttcatgagcg	acatcaacgg	tatatcaaac	tgcataatga	tcactttcaa	acgttaagtc	3060
atgttcaatg	ctaaactttc	cagcgttacc	tataaaaaag	cattctatatt	ttaaagttaaa	3120
ctctcccaaa	ccggtttcct	tgataaaaaa	tggcagcgag	ttcagtcgtc	ttttgggctg	3180
tttgaagcta	gagtgcaaat	ggtagatgca	tttagagagg	atggtaggct	ccacttcctt	3240
tcctgttgca	tctaacatga	ggagtcccat	ct			3272

<210> 48
 <211> 423
 <212> PRT
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 48

Met Ala Ala His Gln Met Asp Ser Ile Thr Tyr Ser Asn Asn Val Thr
 1 5 10 15
 Gln Gln Tyr Ile Gln Pro Gln Ser Leu Gln Asp Ile Ser Ala Val Glu
 20 25 30
 Asp Glu Ile Gln Asn Lys Ile Glu Ala Ala Arg Gln Glu Ser Lys Gln
 35 40 45
 Leu His Ala Gln Ile Asn Lys Ala Lys His Lys Ile Gln Asp Ala Ser
 50 55 60
 Leu Phe Gln Met Ala Asn Lys Val Thr Ser Leu Thr Lys Asn Lys Ile
 65 70 75 80
 Asn Leu Lys Pro Asn Ile Val Leu Lys Gly His Asn Asn Lys Ile Ser
 85 90 95
 Asp Phe Arg Trp Ser Arg Asp Ser Lys Arg Ile Leu Ser Ala Ser Gln
 100 105 110
 Asp Gly Phe Met Leu Ile Trp Asp Ser Ala Ser Gly Leu Lys Gln Asn
 115 120 125
 Ala Ile Pro Leu Asp Ser Gln Trp Val Leu Ser Cys Ala Ile Ser Pro
 130 135 140
 Ser Ser Thr Leu Val Ala Ser Ala Gly Leu Asn Asn Cys Thr Ile
 145 150 155 160
 Tyr Arg Val Ser Lys Glu Asn Arg Val Ala Gln Asn Val Ala Ser Ile
 165 170 175
 Phe Lys Gly His Thr Cys Tyr Ile Ser Asp Ile Glu Phe Thr Asp Asn
 180 185 190
 Ala His Ile Leu Thr Ala Ser Gly Asp Met Thr Cys Ala Leu Trp Asp
 195 200 205
 Ile Pro Lys Ala Lys Arg Val Arg Glu Tyr Ser Asp His Leu Gly Asp
 210 215 220
 Val Leu Ala Leu Ala Ile Pro Glu Glu Pro Asn Ser Glu Asn Ser Ser
 225 230 235 240
 Asn Thr Phe Ala Ser Cys Gly Ser Asp Gly Tyr Thr Tyr Ile Trp Asp
 245 250 255
 Ser Arg Ser Pro Ser Ala Val Gln Ser Phe Tyr Val Asn Asp Ser Asp
 260 265 270
 Ile Asn Ala Leu Arg Phe Phe Lys Asp Gly Met Ser Ile Val Ala Gly
 275 280 285
 Ser Asp Asn Gly Ala Ile Asn Met Tyr Asp Leu Arg Ser Asp Cys Ser
 290 295 300
 Ile Ala Thr Phe Ser Leu Phe Arg Gly Tyr Glu Glu Arg Thr Pro Thr
 305 310 315 320

Pro Thr Tyr Met Ala Ala Asn Met Glu Tyr Asn Thr Ala Gln Ser Pro
 325 330 335
 Gln Thr Leu Lys Ser Thr Ser Ser Ser Tyr Leu Asp Asn Gln Gly Val
 340 345 350
 Val Ser Leu Asp Phe Ser Ala Ser Gly Arg Leu Met Tyr Ser Cys Tyr
 355 360 365
 Thr Asp Ile Gly Cys Val Val Trp Asp Val Leu Lys Gly Glu Ile Val
 370 375 380
 Gly Lys Leu Glu Gly His Gly Gly Arg Val Thr Gly Val Arg Ser Ser
 385 390 395 400
 Pro Asp Gly Leu Ala Val Cys Thr Gly Ser Trp Asp Ser Thr Met Lys
 405 410 415
 Ile Trp Ser Pro Gly Tyr Gln
 420

<210> 49
 <211> 2333
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*
 <400> 49

```

atattatata tatatatagg gtcgtatata tctcgtgcgt cttcttcctt ctctaagggg 60
aaaattcctt gtatttggtt taatagtagt aactgcccag cccaccctaa gctgtcaaaa 120
cgacagggac aggttttagt aacctggaag gcatgcctct tatgacacca gcaccaagta 180
gtaagggtcg tgcacccaat gccatttcga gccaccatc tctattcata tgtagcaagt 240
aaccggcaat cccatatata ctaccgaata ctaagccaga tactagagat ggaatggagc 300
ccttacggta gtatcccata aggccaccgg ctgtagtcaa aagactcaat gtatatgctg 360
gatgttccat agtgtgatct gatgttcctt tctctcaaac ttcgtttctg tcttgtctcc 420
cgctgttacc taataacttc atgtgatctg ctcccccttc tcgttaataa ccaccttttc 480
atcaaccccg tagggcgcga cacgtctaaa atattaacct ctgaataactt attgggtcaa 540
aatggatggt aataactttc ctttacaaaa aaaggggctaa tagagtatat gcatttcggg 600
agtgaatat tcgttaatgc taatatgctc agtagtgatc ctagattacc agttttactg 660
cagccatcgt acaatttttg aacgagtata aagagagaaa ttaaaaacga cgagaaatat 720
tcgtaccagc ttctcttcgg gcttgatgac agtcttaata tcatctgcaa ctcttgaaat 780
cttgctttat agtcaaaatg tacgtacgct ttctactata taatatgatt tgtcaatggt 840
atgagtgtaat gtctctctgt taccgggttg tcatgttgat ttttgtttca ggctctaaat 900
gtttgatgca atatttaaca aggagaacag aaatgttttg tgacagcacc tgtcaatttt 960
aggatagtag caatcgcaaa cgttctcaat aattctaaag atgacatcag ttcaaaactc 1020
tccacgctta caacaacctc aggaacagca acagcaacag caacagcttt ccttaaagat 1080
aaaacaattg aagttgaaaa gaatcaacga acttaacaat aaactgagga aagaactcag 1140
ccgtgaaaga attactgctt caaatgcatg tcttacaata ataaactata cctcgaatat 1200
aaaagattat aactatgggg aactatgggg ctaccccgta gcaggatcaa atcattttat 1260
agaggggttg aaaaatgctc aaaaaaatag ccaaatgtca aactcaataa gtgtttgttg 1320
tacgcttatg taatgatagt aatagaatcc aaaaaaaaaa aaaatatata tgctttttca 1380
tatectctct caccctatct ttttttttct tctaattttg gctccgttca tatcttattc 1440
aaaattaatt cagcggtaat cttatcttta ttgttagact tcgcagaaat ttcccttagc 1500
ttcgatgcag atagtttgat caagtcattt tgtttattac gtcccagttc gcgagaaata 1560
atgttaacca atgcccacc ttttaggtat agttcgctaa gttcaacgct cctcaaagca 1620
ttctttaatg ctttttccaa gagctcgatc ttggtttgtt tcttgctacg tagagcctca 1680
taatacagag tctcacttag cctacaaaaa caagcgtaat tgaatgggtg aatacatagg 1740
acctgttcca aacaataacg ggctttttca aattggccca ttccgaaata aatctcgctg 1800
gcataccacc acaattctgc atcaagcggg aatttatctg taagagccac cacttcttta 1860
agaatacttt cttggctcaa attcttgaa gttgtcttaa tagctatcaa tttctttgca 1920
atagagacat aagtaacgaa gtccgtttca tactccagat catcattcaa caaattttcc 1980
agatattcaa tagcgcttt atcatttccg tttatctgca ataaagtggc tttcatgatt 2040
accattttat acgaattttc accaagacga tctcttaatg tattataaac aacttgcgca 2100
tcaacgtctt ggttcgggta caccaaaaca tagaaaagca ttcccatcaa gaagaaatag 2160
tttccttctg ttagtgagca gtctccgctt ttcattgtaa ttttcatttc attttctagt 2220
tgcagtaatt gttctggatt aaattgagta tacgcttttg tattcataat tgtcaagagc 2280
ttttctctaa ccaaatcctt caacattggt ttatctactg ctttctataa ttt 2333

```

<210> 50
 <211> 110
 <212> PRT
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 50

```

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

```

<210> 51
 <211> 4067
 <212> ADN

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 51

```

cctcagatgc gcaattcatg gaattgtact cttgccagaa gttaagtggg tcgatagtca 60
ctccattgga cgtagaaaac tctttattac agaagtgtgc cgcaaagagt ttgaagatat 120
ccctaacaaa gcggaacaag ttccagttcc gccatcgaga aatcgtcaag agtatgcaag 180
gagtttatca caaccatcac aactccgtta atcaagagca ggtcttgaa gttttgttcg 240
agaatagcaa gcaagttcct tcaaggttaa aagatatgtt gaaaagcgac gggcaaccca 300
cttacttaca tctgaaaatt gcaagttaca ttctttgtat aacgaacgtt aaggaaccca 360
taaagctaaa gacatttgtt gaaaacgaat gtaagaatt ggtccagttt gcacaagaca 420
ccctgaagaa cttcgttcag taatcacttt caagctgtag tatgtaaacg atatagatga 480
agttttcgtg tgtataaata tatgaactct agagtgttgc ataatttgaa acacagcatt 540
tcttttcgga gagctcgttt caaatgaaa caaacgccgt tgtccgtttt cgtctcaata 600
gaaaaagtga aacagataaa aattgtttta aaagaaacga atttgcaaca tcttaagata 660
tatcaaaact aatacaaaac agcctaaaaa agattgaaca actcttcgag gtcaggtctc 720
gacaccataa atcgaagtac tcgtacgcta gttttctcgc acatagtacc actacgttcc 780
ttttacaatt agattacttc tttttagttg acttttttga gacgttcgtg ccattcataa 840
aataggaaaa gataacaggt aagcactgaa gacttgtttt ataagtgtcc caagcgagac 900
ctagagtggg tattgatatt tctcaaacaa gactcgtcga agaaaacaca cttttatagc 960
ggaaccgctt tctttatttg aattgtcttg ttcaccaagg atgaaagtcc aaataaccaa 1020
tagtagaaca gaggaatct taaaagttca agctaataat gaaaacgatg aagtcagtaa 1080
agctactccg ggcgaagtgg aagaatcgct aaggttaatc ggcgatctaa aattcttttt 1140
agccacagcg ccggtaaatt ggcaagaaaa ccaattata aggcgatact atctgaatag 1200
tggacaagcg tttgtctctt gtgtattttg gaacaatcta tactatatta caggtactga 1260
tattgtcaaa tgttgtcttt acagaatgca aaagtttggg agagaagtag ttcaaaagaa 1320
aaaatttgaa gaggttattt tttcagattt aagaaatctc aaatgtggta tagatgcaac 1380
tttagaacia ccaaagtccg aatttttgtc gtttctattc agaaatatgt gtctgaaaac 1440
ccaaaaaaag cagaaagtat ttttttggtt cagtgtagca catgataagt tgtttgcgga 1500
tgcgttggaa agagatttaa aaagagaaag tttgaatcag ccttcaacga ctaagcccgt 1560
taatgagccc gccttatctt tttcatatga ttctcatct gataagcctc tctacgatca 1620
gttacttcaa cattttagatt ctagaagacc atctagtaca acaaaatcag ataattcgcc 1680
tccaaaatta gaaagcgaga attttaagga taatgagttg gtaacagtaa ctaatcagcc 1740
gcttttaggc gttggcctca tggatgacga tgcgccagaa tccccctctc aaattaatga 1800
ttttattcct cagaaattga ttatagaacc caatactctc gaattgaatg gtctcacaga 1860
agaaacgcct catgacttac ccaagaatac cgctaagggc agagacgaag aagatttttc 1920
tctcgactat tttcctgtat ctgttgaata cctacggag gaaaatgcgt ttgatccgtt 1980
ccctccacag gcttttacgc cagctgcccc ttccatgcct atttcctatg ataacgtgaa 2040
tgaaagggat tctatgcccg ttaattctct tcttaataga taccctatc agttatcagt 2100
ggcaccact ttccagtgcc caccatcatc atcgaggcaa cattttatga caaatcgga 2160
tttttattca tctaacaata acaaggaaaa attggtatct cctagcgacc ctaccagcta 2220
catgaagtat gacgaaccag ttatggattt tgatgaatct cggccaaatg aaaactgtac 2280
aaatgcaaaa tctcacaact ctggccagca aactaaacaa caccaattat attctaacaa 2340
cttcagcaa tcttacccaa acggaatggg tccaggatag tacccaaaaa tgccgtataa 2400

```

```

tcccatgggg ggggatcctc tactcgatca agccttttat ggcgcggacg attttttctt 2460
tccaccagaa ggatgtgata acaatatgct gtatccacaa actgcaactt catggaatgt 2520
tttgccccct caagctatgc aaccagctcc aacctatgtt gggagaccat acacaccgaa 2580
ttatagatcg acaccagggt ccgcgatgtt cccatacatg caaagttcaa attccatgca 2640
gtggaacact gctgtttcac cttatagttc gagagcacca tctacaactg ctaaaaacta 2700
tcctcctagc acattttatt ctcaaaatat aaatcaatac ccacggcgaa gaactgtggg 2760
aatgaagtct tcacaaggaa atgttccaac aggttaataa caatctgtgg gcaagtctgc 2820
aaaaatttca aagcctctac atattaagac aagtgccttat cagaagcaat acaaaatcaa 2880
cttggaacg aaagccaggc caagtgcgtg tgacgaagat tctgctcatc ctgataagaa 2940
caaagaaatt tcgatgccta ctccggattc caatactttg gtggtccagt cagaagaagg 3000
tgagagctcat tcaactgagg tagataccaa tcgaaggtcc gataaaaacc ttccagatgc 3060
aacctgatat aatataatit ttgaatttat gatacaagaa ttaaaaatgc gggccagaat 3120
ttaatattaa acaatactca gaagaaaaca acaaggacaa tctgttttta taaataaaac 3180
aatcttatac aagactagag caaacaaaaa gcaagaaaaa aaggtataaa atgtaacaaa 3240
tctattaaag ttgaaaaata acaaaaaaaa aaaaagaaaa agataatata atataatacc 3300
tttatatatg tgatttatct agcgtcacag tatgtaatat aaatatcaat gagtttctta 3360
acatgacctc caaaactaca tgatcgctta gtattacaat atgtgtttat ccactatitit 3420
gataccaacg tagtattgcc ttttatitit cagaatggca aaggccatcg gaaaatitit 3480
ccaccagaaa aagcgagatt cetaattata aggtgaaggc atcgatgttc ataatagtta 3540
aaagtgttaa tcaaaaaaga aaaaggtgca gagataaaca aagttataaa atgacaaaat 3600
caagaaagca gaagcaaaaa aagcaggatt ttttgagaaa aaagttaaaa gttggtaagc 3660
caaaggaaaa agcaaggaat gctaccgata catctttcgt ttccaagact atttctatta 3720
gaaatcaaca tttagaccaa aatccacatg atttaacaaa acggctaacg ctcttaaaagc 3780
atcataacat caatgtgaga aaggaaacat taacaacatt ccaaaagtca ataccgtcta 3840
taataaaatc tcgacttatg acaccattac ttactcaaag tataccgttg atttgcgatg 3900
aatcgagca agtacgtcag ggacttatit atctcgtaga tgaaatagg agtcacgatg 3960
cggagattit aaaattgcac tgcaacattt ttgtcttata cattaacatg gcaatgacac 4020
atattgttac acaaatcaa gcagattcta ctaaatitct ctctcat 4067

```

<210> 52

<211> 688

<212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 52

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

Val	Thr	Val	Thr	Asn	Gln	Pro	Leu	Leu	Gly	Val	Gly	Leu	Met	Asp	Asp
				245					250					255	
Asp	Ala	Pro	Glu	Ser	Pro	Ser	Gln	Ile	Asn	Asp	Phe	Ile	Pro	Gln	Lys
			260					265					270		
Leu	Ile	Ile	Glu	Pro	Asn	Thr	Leu	Glu	Leu	Asn	Gly	Leu	Thr	Glu	Glu
		275					280					285			
Thr	Pro	His	Asp	Leu	Pro	Lys	Asn	Thr	Ala	Lys	Gly	Arg	Asp	Glu	Glu
	290					295					300				
Asp	Phe	Pro	Leu	Asp	Tyr	Phe	Pro	Val	Ser	Val	Glu	Tyr	Pro	Thr	Glu
305					310					315					320
Glu	Asn	Ala	Phe	Asp	Pro	Phe	Pro	Pro	Gln	Ala	Phe	Thr	Pro	Ala	Ala
				325					330					335	
Pro	Ser	Met	Pro	Ile	Ser	Tyr	Asp	Asn	Val	Asn	Glu	Arg	Asp	Ser	Met
			340					345					350		
Pro	Val	Asn	Ser	Leu	Leu	Asn	Arg	Tyr	Pro	Tyr	Gln	Leu	Ser	Val	Ala
		355					360					365			
Pro	Thr	Phe	Pro	Val	Pro	Pro	Ser	Ser	Ser	Arg	Gln	His	Phe	Met	Thr
	370					375					380				
Asn	Arg	Asp	Phe	Tyr	Ser	Ser	Asn	Asn	Asn	Lys	Glu	Lys	Leu	Val	Ser
385					390					395					400
Pro	Ser	Asp	Pro	Thr	Ser	Tyr	Met	Lys	Tyr	Asp	Glu	Pro	Val	Met	Asp
				405					410					415	
Phe	Asp	Glu	Ser	Arg	Pro	Asn	Glu	Asn	Cys	Thr	Asn	Ala	Lys	Ser	His
			420					425				430			
Asn	Ser	Gly	Gln	Gln	Thr	Lys	Gln	His	Gln	Leu	Tyr	Ser	Asn	Asn	Phe
		435					440					445			
Gln	Gln	Ser	Tyr	Pro	Asn	Gly	Met	Val	Pro	Gly	Tyr	Tyr	Pro	Lys	Met
	450					455					460				
Pro	Tyr	Asn	Pro	Met	Gly	Gly	Asp	Pro	Leu	Leu	Asp	Gln	Ala	Phe	Tyr
465					470					475					480
Gly	Ala	Asp	Asp	Phe	Phe	Phe	Pro	Pro	Glu	Gly	Cys	Asp	Asn	Asn	Met
				485					490					495	
Leu	Tyr	Pro	Gln	Thr	Ala	Thr	Ser	Trp	Asn	Val	Leu	Pro	Pro	Gln	Ala
			500					505					510		
Met	Gln	Pro	Ala	Pro	Thr	Tyr	Val	Gly	Arg	Pro	Tyr	Thr	Pro	Asn	Tyr
		515					520					525			
Arg	Ser	Thr	Pro	Gly	Ser	Ala	Met	Phe	Pro	Tyr	Met	Gln	Ser	Ser	Asn
	530					535					540				
Ser	Met	Gln	Trp	Asn	Thr	Ala	Val	Ser	Pro	Tyr	Ser	Ser	Arg	Ala	Pro
545					550					555					560
Ser	Thr	Thr	Ala	Lys	Asn	Tyr	Pro	Pro	Ser	Thr	Phe	Tyr	Ser	Gln	Asn
				565					570					575	
Ile	Asn	Gln	Tyr	Pro	Arg	Arg	Arg	Thr	Val	Gly	Met	Lys	Ser	Ser	Gln
		580						585					590		
Gly	Asn	Val	Pro	Thr	Gly	Asn	Lys	Gln	Ser	Val	Gly	Lys	Ser	Ala	Lys
		595					600					605			
Ile	Ser	Lys	Pro	Leu	His	Ile	Lys	Thr	Ser	Ala	Tyr	Gln	Lys	Gln	Tyr
	610					615					620				
Lys	Ile	Asn	Leu	Glu	Thr	Lys	Ala	Arg	Pro	Ser	Ala	Gly	Asp	Glu	Asp
625					630					635					640
Ser	Ala	His	Pro	Asp	Lys	Asn	Lys	Glu	Ile	Ser	Met	Pro	Thr	Pro	Asp
				645					650					655	
Ser	Asn	Thr	Leu	Val	Val	Gln	Ser	Glu	Glu	Gly	Gly	Ala	His	Ser	Leu
		660						665					670		
Glu	Val	Asp	Thr	Asn	Arg	Arg	Ser	Asp	Lys	Asn	Leu	Pro	Asp	Ala	Thr
		675					680						685		

<210> 53

<211> 3548

<212> ADN

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 53

accagtgggc accatacatg aaataccaca gtgttttccc aatgtacgga cgacttggga 60

```

agtttgaga gctaactctc ttgtgggaac catgatcaaa gcctgaattt tattcaactt 120
tggtttgact ttctctaacg taggaataac aaatgagggt gtcttacctg taccattctt 180
tgctctggcc aatatgtctc taccagttat tgctaccgga atagcctctt cttgaatagg 240
ggatggtttt tcaaaaccgg cttcaaaaat acccattaac agctctcttt tcaaataaaa 300
atcttcaaaa gtattaccct ttgtatttaa gacatcatct gtctgtgggc tggatccctt 360
cttgggaata ttcaatgcag tttccagtc ccgacgaga tccgtattac tgttattatt 420
agtgtgaag ttattattga tggaaacct tactactatt ttctttcttg tccgtatttta 480
ggcctgggat aagttattat gcgaatggcg atgcggttat gaagaaataa aagggtctaa 540
agtaagaatt ttctgcgtct atctttctat taggaataaa atatgactat atttactatt 600
attgttgttt tgcgtacaa tctttatga atgaaaatat taagcttggt gtcttaaaag 660
aatgtggatg aaacaaaact gaatccaatg atgagaaata aatgtacaat cagataataa 720
acacttttat tgatgattgt cttttcttgc aaaccccaat gttacaatcg cccattagtt 780
ctaagattgt gttgtccttt ttcttacgaa atttttttcc ctcccttttt tgatcactgt 840
cctcgttata agtgattcgt ggggtaacgg cgatcacta ctattattgg gccattcgat 900
ggattgaag attacaggt taatgtgaag cgacactaat gataagaaaa ctgcatcgga 960
tcatatctgt ttttgacgcg tggatatatt gttgttgggc atgtttcaac gaaagacttt 1020
acagagaagg aacttgaaag ggctcaatct taacctgcac ccagatgtgg gcaataatgg 1080
ccaattgcag gaaaagacag agactacca gggacaatct cgaatagaag gccacgtgat 1140
gtctaacatt aatgcaatac agaataatag caacctgttt ttgcgaagag gcataaaaaa 1200
aaaactgacg ttggatgcgt ttggtgatga ccaagctata tcgaaaccaa acactgtggg 1260
aatacagcaa ccgcaaaatg aacctgtttt agttctgtct tctctatcac aatccccgtg 1320
tgtatcatca tcatcatctt tgtccacgcc atgcattata gatgcgtaca gtaataattt 1380
cggattatcg ccatcatcca cgaattctac tccctctacg attcagggat tgtccaatat 1440
tgcaacacca gttgaaaacg aacattogat atcactacca cctttggagg aaagcctatc 1500
gccagccgca gcagatctga aagatacgtt gtcgggaact tcaaatggta attatatata 1560
actccaggac ttggttcagt tggggaat tggtgctgga aattctggaa ctgtggtgaa 1620
ggcactacat gttcctgatt ccaaaatagt tgccaaaaaa accattcctg tggaaacagaa 1680
taacagtaca atcatcaacc aattagttag ggaattatct atcgtcaaaa acgttaagcc 1740
ccatgaaaac tctatggagc ttattataac cagcatataa ataataaat 1800
cataatttta atggaatact ctgattgtgg ttcttttagat aaaatactgt ccgtttataa 1860
aagggttgtt caaagaggga ctgtttcgag taagaaaacc tggttcaacg aattaacaat 1920
atcaaaaata gcgtatggcg tactaaatgg cttggatcat ttgtaccgac aatataagat 1980
cattcatcgt gatatacagc cttccaatgt tctgattaat agtaaggggc agattaagtt 2040
atgtgatttt ggagtttcca aaaaactaat aaattctatc gctgatacat ttgttggaa 2100
gtccacttat atgtcaccag agaggataca aggaacggtt tattctatca aaggggagcc 2160
ttggtcattg ggcttaatga tcatcgagct ggtaactgga gagtttcccc taggtgggca 2220
taacgatata cctgatggca tattggattt gctgcaacgt attgtcaacg agccttcacc 2280
aagattaccc aaagaccgta tctattccaa ggaaatgaca gattttgtca ataggtgttg 2340
tattaagaat gaaagggaaa ggtcatcgat tcatgaattg ctacatcatg atcttataat 2400
gaaatacgta tcaccgtcta aagatgataa atttagacat tgggtgtaga aaataaaatc 2460
taaaataaag gaagacaaga gaattaaaag agaagccttg gaccgtgcca agttagaaaa 2520
gaaacaatcg gaaagatcaa ccattgaat gcatgcgata acattagtta ggaacatatt 2580
gcactttttt tcacatccct ttctcaaagc tatattcata tatatataga ctctcctgat 2640
tatgtaaatc acaaaccaat tttctaattg aacaatattt ttaaaaaata tcatcaaagt 2700
agcactttat gtacagaaaa tttcacgatt gagagaagct tgcgaataat actagtttag 2760
ctgtgtttca ccatcgttac ttaatttctt agagttctta tattctttat ttttatgcca 2820
caaccaacct tcggttcctc taacgaaacc gaagggcatt aataacccac cgaagctacg 2880
taaagttact ttccaccatt gtgggtttct tttttcaaat tcagtcagag aatgcctct 2940
tttggcttct tttttaccat acttgaatgg tttccagat gccaaagtat agccaaatcc 3000
aacagaaaac atagtgtctc tgacttgaca aggaacgcaa tccatagtct cttctttttc 3060
cagctccctt tgtggtggag ggttgaaac tgccaaaata ttactcattg tttttacca 3120
cttgctgttt ctctctaagc ggtgttttgt ttctacttg gtggcacaca atgactgtac 3180
tcgctttata tgctcgtacc ttttttcaaa agcccatcgt taatttttca cccgaggacc 3240
ccatattacg cgttttttgt taatgttcaa tttctgacat gttacaatta taataacgcc 3300
aaaagaggta aatgtatatt tgaacaattg ttaaaagaaa gataaaaaac ttttaattct 3360
gcatttgtcg tcaatgttac acaataggcg atctatttta gtacggtaat taaaagaaag 3420
ctgcctttca gtcaagaatg ccggaattaa cagaatttca gaaaaaacgt ttagagaaca 3480
tcaaaaggaa taacgattta ttgaaaaaac tccacctttc tggagtagca tctcaaatta 3540
agcacgag
3548

```

<210> 54
<211> 515
<212> PRT
<213> *Saccharomyces cerevisiae*

5

<400> 54

Met	Phe	Gln	Arg	Lys	Thr	Leu	Gln	Arg	Arg	Asn	Leu	Lys	Gly	Leu	Asn
1				5					10					15	
Leu	Asn	Leu	His	Pro	Asp	Val	Gly	Asn	Asn	Gly	Gln	Leu	Gln	Glu	Lys
			20					25					30		
Thr	Glu	Thr	His	Gln	Gly	Gln	Ser	Arg	Ile	Glu	Gly	His	Val	Met	Ser
		35					40					45			
Asn	Ile	Asn	Ala	Ile	Gln	Asn	Asn	Ser	Asn	Leu	Phe	Leu	Arg	Arg	Gly
50						55					60				
Ile	Lys	Lys	Lys	Leu	Thr	Leu	Asp	Ala	Phe	Gly	Asp	Asp	Gln	Ala	Ile
65					70					75					80
Ser	Lys	Pro	Asn	Thr	Val	Val	Ile	Gln	Gln	Pro	Gln	Asn	Glu	Pro	Val
			85						90					95	
Leu	Val	Leu	Ser	Ser	Leu	Ser	Gln	Ser	Pro	Cys	Val	Ser	Ser	Ser	Ser
			100					105					110		
Ser	Leu	Ser	Thr	Pro	Cys	Ile	Ile	Asp	Ala	Tyr	Ser	Asn	Asn	Phe	Gly
		115					120					125			
Leu	Ser	Pro	Ser	Ser	Thr	Asn	Ser	Thr	Pro	Ser	Thr	Ile	Gln	Gly	Leu
130						135					140				
Ser	Asn	Ile	Ala	Thr	Pro	Val	Glu	Asn	Glu	His	Ser	Ile	Ser	Leu	Pro
145					150					155					160
Pro	Leu	Glu	Glu	Ser	Leu	Ser	Pro	Ala	Ala	Ala	Asp	Leu	Lys	Asp	Thr
			165						170					175	
Leu	Ser	Gly	Thr	Ser	Asn	Gly	Asn	Tyr	Ile	Gln	Leu	Gln	Asp	Leu	Val
		180						185					190		
Gln	Leu	Gly	Lys	Ile	Gly	Ala	Gly	Asn	Ser	Gly	Thr	Val	Val	Lys	Ala
		195					200					205			
Leu	His	Val	Pro	Asp	Ser	Lys	Ile	Val	Ala	Lys	Lys	Thr	Ile	Pro	Val
210						215						220			
Glu	Gln	Asn	Asn	Ser	Thr	Ile	Ile	Asn	Gln	Leu	Val	Arg	Glu	Leu	Ser
225					230					235					240
Ile	Val	Lys	Asn	Val	Lys	Pro	His	Glu	Asn	Ile	Ile	Thr	Phe	Tyr	Gly
			245						250					255	
Ala	Tyr	Tyr	Asn	Gln	His	Ile	Asn	Asn	Glu	Ile	Ile	Ile	Leu	Met	Glu
			260					265					270		
Tyr	Ser	Asp	Cys	Gly	Ser	Leu	Asp	Lys	Ile	Leu	Ser	Val	Tyr	Lys	Arg
		275					280					285			
Phe	Val	Gln	Arg	Gly	Thr	Val	Ser	Ser	Lys	Lys	Thr	Trp	Phe	Asn	Glu
290					295						300				
Leu	Thr	Ile	Ser	Lys	Ile	Ala	Tyr	Gly	Val	Leu	Asn	Gly	Leu	Asp	His
305					310					315					320
Leu	Tyr	Arg	Gln	Tyr	Lys	Ile	Ile	His	Arg	Asp	Ile	Lys	Pro	Ser	Asn
			325						330					335	
Val	Leu	Ile	Asn	Ser	Lys	Gly	Gln	Ile	Lys	Leu	Cys	Asp	Phe	Gly	Val
			340					345					350		
Ser	Lys	Lys	Leu	Ile	Asn	Ser	Ile	Ala	Asp	Thr	Phe	Val	Gly	Thr	Ser
		355					360					365			
Thr	Tyr	Met	Ser	Pro	Glu	Arg	Ile	Gln	Gly	Asn	Val	Tyr	Ser	Ile	Lys
370					375						380				
Gly	Asp	Val	Trp	Ser	Leu	Gly	Leu	Met	Ile	Ile	Glu	Leu	Val	Thr	Gly
385					390					395					400
Glu	Phe	Pro	Leu	Gly	Gly	His	Asn	Asp	Thr	Pro	Asp	Gly	Ile	Leu	Asp
			405						410					415	
Leu	Leu	Gln	Arg	Ile	Val	Asn	Glu	Pro	Ser	Pro	Arg	Leu	Pro	Lys	Asp
			420					425					430		
Arg	Ile	Tyr	Ser	Lys	Glu	Met	Thr	Asp	Phe	Val	Asn	Arg	Cys	Cys	Ile
		435					440					445			
Lys	Asn	Glu	Arg	Glu	Arg	Ser	Ser	Ile	His	Glu	Leu	His	His	His	Asp
450						455					460				
Leu	Ile	Met	Lys	Tyr	Val	Ser	Pro	Ser	Lys	Asp	Asp	Lys	Phe	Arg	His
465					470					475					480
Trp	Cys	Arg	Lys	Ile	Lys	Ser	Lys	Ile	Lys	Glu	Asp	Lys	Arg	Ile	Lys
			485							490				495	
Arg	Glu	Ala	Leu	Asp	Arg	Ala	Lys	Leu	Glu	Lys	Lys	Gln	Ser	Glu	Arg
			500					505					510		

<210> 55
<211> 4154
<212> ADN
<213> *Saccharomyces cerevisiae*

10

```

taatcataaa tcacaattgt gaaaaaaaga ccaaactaga tgacgggtatt tgattctcat 3360
acccctggaa taaaatcaag taagataatt ctgataaaaa aatccgaccg cacagatgga 3420
agcacgaaga aacaggcctt tctttgcgag gtgatatcaa accattgata tcttctcaat 3480
aacctgctct aggaaaagga ggtagataga caaaagcaag gaaataatcc atagagtctc 3540
attcacatga ataactctgt accaatTTTT ctcataagat aaagccatct atcaaaaatg 3600
atattgaaat atttgaaaaa tgcttgTTTT tatggggacc acaattcgcc tgtacctcta 3660
gaagcgtaaa ctgttttatt gaagttagtc ctgataattt ctctaccgtt ttcgctttct 3720
tccttagtgc catttttttag catcatatta ttgaattttt cactttctct aaatgattta 3780
tcattcatgt ccttggaaca gattgaatct acatcaacaa ttgaacagga aggaatattg 3840
cattgcatgg ccatttcccg gatttgagga tcttcactaa ttaaaaacca atgtagcccc 3900
tcatttcctt ctaggtagca tttgtaaata caacttttca acaaattctt taatctctta 3960
ggcaattttg caatattaat ctttccagaa ctatcattat gttccattac atctgaccat 4020
aaaataatgt ctaaaacttc gggaaattcg ataaaaactt tcaaattagc aaatttagaa 4080
tcacttaatc tatcgataaa cttcaaggat tctcgagctg caaaactttt acgcctttgt 4140
tgaaggaaat ccaa                                     4154

```

<210> 56

<211> 717

<212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 56

5

Met	Glu	Gln	Thr	Gln	Thr	Ala	Glu	Gly	Thr	Asp	Leu	Leu	Ile	Gly	Asp
1				5					10					15	
Glu	Lys	Thr	Asn	Asp	Leu	Pro	Phe	Val	Gln	Leu	Phe	Leu	Glu	Glu	Ile
			20					25					30		
Gly	Cys	Thr	Gln	Tyr	Leu	Asp	Ser	Phe	Ile	Gln	Cys	Asn	Leu	Val	Thr
		35					40					45			
Glu	Glu	Glu	Ile	Lys	Tyr	Leu	Asp	Lys	Asp	Ile	Leu	Ile	Ala	Leu	Gly
	50					55					60				
Val	Asn	Lys	Ile	Gly	Asp	Arg	Leu	Lys	Ile	Leu	Arg	Lys	Ser	Lys	Ser
65				70						75					80
Phe	Gln	Arg	Asp	Lys	Arg	Ile	Glu	Gln	Val	Asn	Arg	Leu	Lys	Asn	Leu
			85						90					95	
Met	Glu	Lys	Val	Ser	Ser	Leu	Ser	Thr	Ala	Thr	Leu	Ser	Met	Asn	Ser
			100					105					110		
Glu	Leu	Ile	Pro	Glu	Lys	His	Cys	Val	Ile	Phe	Ile	Leu	Asn	Asp	Gly
		115					120					125			
Ser	Ala	Lys	Lys	Val	Asn	Val	Asn	Gly	Cys	Phe	Asn	Ala	Asp	Ser	Ile
	130					135					140				
Lys	Lys	Arg	Leu	Ile	Arg	Arg	Leu	Pro	His	Glu	Leu	Leu	Ala	Thr	Asn
145					150					155					160
Ser	Asn	Gly	Glu	Val	Thr	Lys	Met	Val	Gln	Asp	Tyr	Asp	Val	Phe	Val
			165					170						175	
Leu	Asp	Tyr	Thr	Lys	Asn	Val	Leu	His	Leu	Leu	Tyr	Asp	Val	Glu	Leu
			180					185					190		
Val	Thr	Ile	Cys	His	Ala	Asn	Asp	Arg	Val	Glu	Lys	Asn	Arg	Leu	Ile
		195					200					205			
Phe	Val	Ser	Lys	Asp	Gln	Thr	Pro	Ser	Asp	Lys	Ala	Ile	Ser	Thr	Ser
	210					215					220				
Lys	Lys	Leu	Tyr	Leu	Arg	Thr	Leu	Ser	Ala	Leu	Ser	Gln	Val	Gly	Pro
225					230					235					240
Ser	Ser	Ser	Asn	Leu	Leu	Ala	Gln	Asn	Lys	Gly	Ile	Ser	His	Asn	Asn
			245						250					255	
Ala	Glu	Gly	Lys	Leu	Arg	Ile	Asp	Asn	Thr	Glu	Lys	Asp	Arg	Ile	Arg
			260					265					270		
Gln	Ile	Phe	Asn	Gln	Arg	Pro	Pro	Ser	Glu	Phe	Ile	Ser	Thr	Asn	Leu
		275					280					285			
Ala	Gly	Tyr	Phe	Pro	His	Thr	Asp	Met	Lys	Arg	Leu	Gln	Lys	Thr	Met
	290					295					300				
Arg	Glu	Ser	Phe	Arg	His	Ser	Ala	Arg	Leu	Ser	Ile	Ala	Gln	Arg	Arg
305					310					315					320
Pro	Leu	Ser	Ala	Glu	Ser	Asn	Asn	Ile	Gly	Asp	Ile	Leu	Leu	Lys	His
			325						330					335	
Ser	Asn	Ala	Val	Asp	Met	Ala	Leu	Leu	Gln	Gly	Leu	Asp	Gln	Thr	Arg

			340					345				350					
Leu	Ser	Ser	Lys	Leu	Asp	Thr	Thr	Lys	Ile	Pro	Lys	Leu	Ala	His	Lys		
		355					360					365					
Arg	Pro	Glu	Asp	Asn	Asp	Ala	Ile	Ser	Asn	Gln	Leu	Glu	Leu	Leu	Ser		
	370						375				380						
Val	Glu	Ser	Gly	Glu	Glu	Glu	Asp	His	Asp	Phe	Phe	Gly	Glu	Asp	Ser		
385					390					395					400		
Asp	Ile	Val	Ser	Leu	Pro	Thr	Lys	Ile	Ala	Thr	Pro	Lys	Asn	Trp	Leu		
				405					410					415			
Lys	Gly	Ala	Cys	Ile	Gly	Ser	Gly	Ser	Phe	Gly	Ser	Val	Tyr	Leu	Gly		
			420					425					430				
Met	Asn	Ala	His	Thr	Gly	Glu	Leu	Met	Ala	Val	Lys	Gln	Val	Glu	Ile		
		435					440					445					
Lys	Asn	Asn	Asn	Ile	Gly	Val	Pro	Thr	Asp	Asn	Asn	Lys	Gln	Ala	Asn		
	450					455					460						
Ser	Asp	Glu	Asn	Asn	Glu	Gln	Glu	Glu	Gln	Gln	Glu	Lys	Ile	Glu	Asp		
465					470					475					480		
Val	Gly	Ala	Val	Ser	His	Pro	Lys	Thr	Asn	Gln	Asn	Ile	His	Arg	Lys		
				485					490					495			
Met	Val	Asp	Ala	Leu	Gln	His	Glu	Met	Asn	Leu	Leu	Lys	Glu	Leu	His		
			500					505					510				
His	Glu	Asn	Ile	Val	Thr	Tyr	Tyr	Gly	Ala	Ser	Gln	Glu	Gly	Gly	Asn		
		515					520					525					
Leu	Asn	Ile	Phe	Leu	Glu	Tyr	Val	Pro	Gly	Gly	Ser	Val	Ser	Ser	Met		
	530					535					540						
Leu	Asn	Asn	Tyr	Gly	Pro	Phe	Glu	Glu	Ser	Leu	Ile	Thr	Asn	Phe	Thr		
545					550					555					560		
Arg	Gln	Ile	Leu	Ile	Gly	Val	Ala	Tyr	Leu	His	Lys	Lys	Asn	Ile	Ile		
				565					570					575			
His	Arg	Asp	Ile	Lys	Gly	Ala	Asn	Ile	Leu	Ile	Asp	Ile	Lys	Gly	Cys		
		580						585					590				
Val	Lys	Ile	Thr	Asp	Phe	Gly	Ile	Ser	Lys	Lys	Leu	Ser	Pro	Leu	Asn		
		595					600					605					
Lys	Lys	Gln	Asn	Lys	Arg	Ala	Ser	Leu	Gln	Gly	Ser	Val	Phe	Trp	Met		
	610					615						620					
Ser	Pro	Glu	Val	Val	Lys	Gln	Thr	Ala	Thr	Thr	Ala	Lys	Ala	Asp	Ile		
625					630					635					640		
Trp	Ser	Thr	Gly	Cys	Val	Val	Ile	Glu	Met	Phe	Thr	Gly	Lys	His	Pro		
				645					650					655			
Phe	Pro	Asp	Phe	Ser	Gln	Met	Gln	Ala	Ile	Phe	Lys	Ile	Gly	Thr	Asn		
			660					665					670				
Thr	Thr	Pro	Glu	Ile	Pro	Ser	Trp	Ala	Thr	Ser	Glu	Gly	Lys	Asn	Phe		
		675					680					685					
Leu	Arg	Lys	Ala	Phe	Glu	Leu	Asp	Tyr	Gln	Tyr	Arg	Pro	Ser	Ala	Leu		
	690					695					700						
Glu	Leu	Leu	Gln	His	Pro	Trp	Leu	Asp	Ala	His	Ile	Ile					
705					710						715						

<210> 57
 <211> 3083
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*
 <400> 57

tgcactcaaa aaccttctta gttacaggaa aaggtaaaga tacgataaga aaagcctttg 60
aactgcctat cctgcatcct aacacagatc taactcacta ttcgggtaag gaagtgtcat 120
gcatgtctgc aaagggacta gaagaaagtt acatgattac ataagcaaaa aatcgggaatt 180
acagacacac cattttttat cctgcccgcc catttccgtc ttcgagggga aggatcaaag 240
gcgcttagcc caatcttgat gattcaccgg ggaagaaagg aattacagaa cccccagcca 300
cgtaacacag ccaattagtt ttctatatcg ggaacagtga ttgattgcgc aattttgggt 360
gcatcagaat acatcgatga gatctagagc accctttgat gggttaagtc cgggttaaaag 420
ttagtagatc aatgatttcg tagtgcattt taaagggagc gcttatccat ggggtgattgc 480
gtttacaacg ttttgtgtgt actcataata gccaatctaa aattaaacaa caacaacaac 540
gcacaattaa tatgtatcag ccccaatacc tttttctctt actgtaattt actactaaat 600

tggggctcga cgtttttgat cttgttccct gcctgttgtt taccttgtat attacttttc 660
ctctttttatg tatttaagggt aaattaatta tcttttgatc ttaatatattt tctcaaaatg 720
cttcccttgt agttcggtat ttttgcttct tcagatattt aaactaccgt ataccataac 780
tggttctgtga agtagatata aacatcgact atcctattac gattttattt acattatcat 840
attataaatc gaccagtagt attgttaaag attaaaagca taatatacta ctgtcattag 900
tcacctacag agaaacaaat tcctactggc acccattact ggtgaaaaag gaaaaaata 960
ataaaagaaa agcttttcta ttctctccc cacaacaaaa atgcaagcgg atatgcattg 1020
aaaacttcac gctgccttag agatgggtt cttctctctt ccttttgaac agcaacaaca 1080
acctaacatt tattatgaca caaccaccga tcaagaagac cgtccttgtt tttcttttgg 1140
atctacaatt tcccctagaa gttggcattt tgaaaagtct gacaaaattg cctcatctca 1200
gctgcagaac ttggttcata cacaaccaat tcatttaatt aatcctcaa tattgttcaa 1260
tgaagagttt ctgaatttgg aaaatattga ttctcagcct atttccaagg aaacgaaaac 1320
tacgaaggac tgcacaatgg caactgggtc tgaaagagga aaaaagagct ctgaaagtac 1380
cagatcctct tcattatcat ctcttttttc taatgatgaa tccgcatcta cgttccactc 1440
atcattcaat aacctgata actttcaaaa gagcaacaga aatggagatg atatcgatg 1500
tagtgacaca ataaaatatg aaactaatc aaatgcacaa aaagatatca aaatattcca 1560
agaaaatttt gaattcaatg aattcccata cacacaagac ttctaccat ataccacca 1620
ttatacctat tcaaaaccca caaatattca tgaatcaata aattcaaaaa acacggattc 1680
atactcccaa tatcaagatc agtttccacc acatactgat aacatacatt cctttaataa 1740
tcgtcactat agcaaccata aaagcactaa ttgtaattac tataataata ccagcaataa 1800
taacaacgcc tccgataatg tatatgagc agatccattt atagatgaac ctgaggtgcc 1860
ctcctactat taccattag aaattgcctt cgacgttgaa aaatcaccac cgccatcact 1920
acaaaaatta aattcaaaag agttagaatt cctaaaaaag ttgaaactca aactgtcaag 1980
atatgctgcg gcttactcct tcagcagttc taatgatcaa gattattatg acaaggtcag 2040
gtttcaagaa atatcctaca agtttagtaa aacctattct taattctcga aaagtactac 2100
aatcttcccc ctccctcaa aatatatcca ttcacactca tttctttatt tccattgtct 2160
cactcaaatt gctaagaatt tgtgtatttg catatatata tattatatat aggtatatat 2220
atgtattcaa tgtctcaagc tccatgacat aataccgtag cgttattagc cttatcgtat 2280
gtcgcgatgg gaaaggagat tcgttttaat cttgaaaaac cttcgtagcg aataatgcga 2340
cataaatctt gagagagtag atcaccaaat tcactttgtt aaaccgcacc atcgtgcttt 2400
gcattcttat tccttttgcc tacactaaaa ttattagcat ttctctaatt gagctccagt 2460
gaagacgaag acgacaagtt cttgtatggt tccgactccg aattagcact accttcatct 2520
aaacgatcaa gagatgatga agcagacgca ggtgcgtcca gtaatcctga tatagttaaa 2580
aggcaaaaat tcgactctcc cgtggaagaa actccagcta ctgccagaga tgatcgttct 2640
gatgaagata tctactctga ctctcagat gacgatagtg attctgacct agaggttatc 2700
ataagtctgg gtctgaccc tactagggtta gatgcaaaac tactcgattc ttattctacc 2760
gcagcgacat cttcaagcaa agacgtaatt agcgtagcta cagatgtatc caataccatc 2820
acaaagacat cagatgaaag actaataaca gaaggagaag caaatcaagg tgtaacggca 2880
acgaccgtaa aagctacaga gagcgatgga aatgtaccga aagcaatgac tgggtctata 2940
gacctggata aagagggaat ctttgatagt gttggcataa cgacaataga tctgaagta 3000
ttaaaggaga aaccctggag gcaaccgggg gccaaactaa gtgattattt caattacggt 3060
ttaacgaat ttacctggat gga 3083

<210> 58
<211> 360
<212> PRT
<213> *Saccharomyces cerevisiae*
<400> 58

```

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

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

```

<210> 59
 <211> 3938
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

 <400> 59

```

cccaatgccc cacttttctc gaggagttga aacaagcggg acaactgcta cgtcataaaa 60
atgggagtac caagggagga gccataagcc gggtaaaatt tggcctgttt tttcttaate 120
taaaaatagt tcaacaaaaa aatttgggct ccgcccaccc agaccaaagc aatcttcggc 180
cttaacaagc caaagggaac gaaaccaga ctctaccatg catttcgaac atcttgtagc 240
taactacact ggttaaccag atacctattc tctcagtagc tgtttcacca agactccgca 300
ctcatggtaa gtagaaaaag aaaactctca caaaaatctg agtggcacag cttttccaaa 360
tacgcttttt aaacttggag aaataaagat gtattaccog ctggtgcctt aaaatatcct 420
tttctccggt tgtccaataa tttatgttac ggcggctatt tgagtttttg tggaaatctc 480
tatcattaat aaatgtcagc cttgtgtctt aaatgcaatt caacaggga aaggcgcgag 540
acttcggcgg caaaaagcca cagacaagtg ctggttgcaa agaggtaag aagtaatgag 600
tgtaatcaaa tagatatatt aaggtagcaa ctacccggtc tgtccatttt cttttcctga 660
ataacttott ctgtcttcac acattcattt catttttatt ttccaatate actcaacgag 720
aaagaagtta caagatctat ctttcaaat agtttacagt tacctttact ttaccctttc 780
ccttttcagt ttgttaccoc ttctcctaaa agtttttatt tttgggtaaa gatataaagg 840
acactccagt cggttaaggt ggctgtctag agaataaaa cctgtattta tttaccaggc 900
ttatcagaaa agttaatcgt gttcttaaat attcattgaa aaggaacgtg atacagacgt 960
aataaaagaa gagtactaag cttaacttaa taggtcattt atggttgaaa aacgtagtag 1020
acagagttcc agtagtggct cagagttcag tgtccacct gatgtcgata acccgccact 1080
ttctatccct ttgaagactt tatcagacag atatcagctg atcgaaaaac taggtgcagg 1140
atcatttggg ttgttaactt tagccaaagc gcaatttcct ttatcgaaca tattgggtaa 1200
acaacatgat ataaggggt a ttttaatgga tcagcctaaa aatggtcacc aaaactatat 1260
aacaagaca caaggtgtag tggctataaa gacaatgatg acaaaaactgc atacactcca 1320
ggattatacg agggtcagag aaattaagtt catactggca atcccagcga atgaccatct 1380
gatacaaatt tttgaggtct ttattgactc tgaaaattac caattacata tcgtaatgga 1440
atgtatggag caaaacctat atcaaatgat gaaacataga aggcgcgcgag ttttttcgat 1500
tccttctttg aaatctattc tatcgagat actggctggg ttaaaacaca tccacgaaca 1560
taatttcttc cacagagatt taaaacctga aaatattctt atcacacca gtaccagta 1620

```

```

ttttgaaaag gaggatcatga accagattgg atatcaagat aactatgtca ttaaacttgc 1680
agatttttggg ttggcagccc atgttgaaaa taaaaacccg taccggcct acgtttccac 1740
aagatggtat agatcgccg aaatattatt aagaagtggg tactattcca aacctttgga 1800
tatttgggca ttccgggtgcg tggcgggtgga agttactgta ttcagagctc tcttccccgg 1860
tgctaacgaa atcgatcaga tatggaaaat tttagaagtt cttggtacac ctatcaaacg 1920
ttctgatttt gttaatacaa accacatcac agctccacca cctggtggat tttgggatga 1980
tgccagtaat ttggtccata aattaaactt gaaattgcct tatgtagaag gttcatcggt 2040
ggatcatcta ctttctagct cccaactatc cgatttatct gaggttgtca aaaagtgttt 2100
aagatgggat cctaataaaa gggcaacagc ccaagagctt tgtgaaatgc cattttttga 2160
aaacaccgtg gcagcccaag tagacgcaag aggcaatgtg actaatcacg aacaagcatt 2220
gattttttgca ggtataaaatc cagtagcgac caacacaaag cccatatatt ttaactcttc 2280
aacaataattg cccgcagaaa cagagtctaa tgatattgat atcagcaaca acgatcacga 2340
ttctcatgct atgtgctcac caacattaaa tcaagaaaaa ctaactttgg tagaattttt 2400
aaacgaattc gttgaagaag ataattgatg tgcctcaata cctgatgttg gaacagattc 2460
taccatttca gattctattg atgagactga attatcaaaa gaaattcgta ataatttggc 2520
cctttgtcaa ctaccagatg aagaagtctt agatcattca ttatogaata ttaggcagtt 2580
gacaaatgat attgaaatta taaataaaga tgaagcagac aacatggaac agctattttt 2640
tgacctggaa attcctgaaa aggatgagtt tcagagaaaa caaccattta atgaacatgc 2700
agatattgat gaagacatcg ttctaccata tgtgaacaac tcaaattaca cacatacaga 2760
taggtcacat catagaggtg ataattgttt gggatgatgc tctttaggcg attcgtttta 2820
ttcaatgcca gattttactc caagaaattt cttgatacct acattaaaaa aatcacggga 2880
aaagtctgag cctcatctat ccaattcaaa ccaacatttt ggaaatgtaa ccttctaata 2940
atttgcattt tgactgacga atcgttaggc acagttatat agttatatac acatagacat 3000
acatatgttc gcatatatat tatattacta tgcattcacc taaatagcta ctgctctatt 3060
aatcacgtgc ttttttgatg gctttaattt aacttattag acattacttt gcgtttattc 3120
ccctccaata tatttttatg tttgtttttc ttgaacattt tatgatttct tgcctctggc 3180
ggctactgat tttgttaagc aactcatcaa gaggtcaaaa aaagtagaac gagatctttg 3240
tgttcgggta cccggctcag atcctaactt ggtatgttta ttogtataag ttactgttgt 3300
ccacaggcaa tactctgcag aaaattaaaa cggcattaat gctaggacaa ccagaactgt 3360
tactactgta tgtgcgatag ttgataactg caacattatg cccggtatat tctcaaaaaa 3420
ccctattact gcatacgaag aaatcgcaag agaaatcttt cggtttggaa aagctcactg 3480
tgagggtcct tggagccaat agtaatacac cacaatccaa ggaaaaatct ggcctatatg 3540
caagggaagga gagatagtca aaagcattct tccccctaga agttggtgca tatatggcat 3600
cgttaaaaca tattaccocc aaaatttctt ctctaaacga tgtgcttggc ctttgttttg 3660
gtttttgatg tccgtcggtt gaggccctt gcggaaaatc gagatcgccg aatggcacgc 3720
gagggaaagg aaataaggtt taaaggcact gaaacaatag gcaagaagta ggcgagagcc 3780
gacatacgag actaatgtgt ccgcgtttct aaggccactt ttcaatggaa cggatattga 3840
tatgctagta aaaggacgag ctcaagagcg aaaatataag taaagaattc gagtgcactt 3900
gtctccatgc agcaagattt catatgagtc ttttttat 3938

```

<210> 60

<211> 645

<212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 60

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

145		150		155		160
Arg Arg Arg Val Phe	Ser Ile Pro Ser Leu Lys Ser Ile Leu Ser Gln					
	165		170		175	
Ile Leu Ala Gly Leu Lys His Ile His Glu His Asn Phe Phe His Arg						
	180		185		190	
Asp Leu Lys Pro Glu Asn Ile Leu Ile Thr Pro Ser Thr Gln Tyr Phe						
	195		200		205	
Glu Lys Glu Tyr Met Asn Gln Ile Gly Tyr Gln Asp Asn Tyr Val Ile						
	210		215		220	
Lys Leu Ala Asp Phe Gly Leu Ala Arg His Val Glu Asn Lys Asn Pro						
	225		230		235	240
Tyr Thr Ala Tyr Val Ser Thr Arg Trp Tyr Arg Ser Pro Glu Ile Leu						
	245		250		255	
Leu Arg Ser Gly Tyr Tyr Ser Lys Pro Leu Asp Ile Trp Ala Phe Gly						
	260		265		270	
Cys Val Ala Val Glu Val Thr Val Phe Arg Ala Leu Phe Pro Gly Ala						
	275		280		285	
Asn Glu Ile Asp Gln Ile Trp Lys Ile Leu Glu Val Leu Gly Thr Pro						
	290		295		300	
Ile Lys Arg Ser Asp Phe Val Asn Thr Asn His Ile Thr Ala Pro Pro						
	305		310		315	320
Pro Gly Gly Phe Trp Asp Asp Ala Ser Asn Leu Val His Lys Leu Asn						
	325		330		335	
Leu Lys Leu Pro Tyr Val Glu Gly Ser Ser Leu Asp His Leu Leu Ser						
	340		345		350	
Ser Ser Gln Leu Ser Asp Leu Ser Glu Val Val Lys Lys Cys Leu Arg						
	355		360		365	
Trp Asp Pro Asn Glu Arg Ala Thr Ala Gln Glu Leu Cys Glu Met Pro						
	370		375		380	
Phe Phe Glu Asn Thr Val Ala Ala Gln Val Asp Ala Arg Gly Asn Val						
	385		390		395	400
Thr Asn Thr Glu Gln Ala Leu Ile Phe Ala Gly Ile Asn Pro Val Ala						
	405		410		415	
Thr Asn Thr Lys Pro Ile Tyr Phe Asn Ser Ser Thr Lys Leu Pro Ala						
	420		425		430	
Glu Thr Glu Ser Asn Asp Ile Asp Ile Ser Asn Asn Asp His Asp Ser						
	435		440		445	
His Ala Met Cys Ser Pro Thr Leu Asn Gln Glu Lys Leu Thr Leu Val						
	450		455		460	
Glu Phe Leu Asn Glu Phe Val Glu Glu Asp Asn Asp Asp Arg Ser Ile						
	465		470		475	480
Pro Asp Val Gly Thr Asp Ser Thr Ile Ser Asp Ser Ile Asp Glu Thr						
	485		490		495	
Glu Leu Ser Lys Glu Ile Arg Asn Asn Leu Ala Leu Cys Gln Leu Pro						
	500		505		510	
Asp Glu Glu Val Leu Asp His Ser Leu Ser Asn Ile Arg Gln Leu Thr						
	515		520		525	
Asn Asp Ile Glu Ile Ile Asn Lys Asp Glu Ala Asp Asn Met Glu Gln						
	530		535		540	
Leu Phe Phe Asp Leu Glu Ile Pro Glu Lys Asp Glu Phe Gln Arg Lys						
	545		550		555	560
Gln Pro Phe Asn Glu His Ala Asp Ile Asp Glu Asp Ile Val Leu Pro						
	565		570		575	
Tyr Val Asn Asn Ser Asn Tyr Thr His Thr Asp Arg Ser His His Arg						
	580		585		590	
Gly Asp Asn Val Leu Gly Asp Ala Ser Leu Gly Asp Ser Phe Asn Ser						
	595		600		605	
Met Pro Asp Phe Thr Pro Arg Asn Phe Leu Ile Pro Thr Leu Lys Lys						
	610		615		620	
Ser Arg Glu Lys Phe Glu Pro His Leu Ser Asn Ser Asn Gln His Phe						
	625		630		635	640
Gly Asn Val Thr Phe						
	645					

<211> 3884
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

5 <400> 61

```

atattgtttt ttccctagct gttttcgggt tgggttatgaa cgcattgtct gcgaaaagaa 60
acgtggataa gtattataga aacagcactt cttcggccaa caatatcacg caaattgagc 120
aagatagtg taaaaaggt cttttgccct tttttgccta ttatgcaagc atcgctttac 180
tagtgtggat gcaaccaagc tttattacac tctctttcat cctttccgtt ggtttcacgg 240
gagcatttac cgtcgggaaga ataatcggtt gccatttaac taagcagagc tttcccatgt 300
tcaatgcacc catgttaatt cctttgtgcc agatagtatt gtacaaaata tgtctatccc 360
tttggggaat tgagtctaatt aaaatcgtct ttgccctatc ttggttggg ttcggtctct 420
cactagggtg tcacattatg tttatgaatg acattatcca tgaatttact gagtacctgg 480
atgtttatgc tttatccatc aagcgcctcca agctgacata aatcgcaact tgtatctact 540
ttttttttat cgaaaacaag gcacaacaat caatctatcg ccctgtgaga ttttcaatct 600
caagtttggt taatagatag cgttatatta tagaactata aaggtccttg aatatacata 660
gtgtttcatt cttattactg tatatgtgac tttacattgc tacttccggg gctatttgac 720
gttttttgct tcaggtgcgg cttggagggg aaagtgtcag aaaatcggcc aggcctgatg 780
acacaaaaga gtagaaaacg agatctcaaa tatctcgagg cctgtcctct atacaaccgc 840
ccagctctct gacaaagctc cagaacgggt gtcttttgtt tcgaaaagcc aaggtccctt 900
ataattgccc tccattttgt gtcacctatt taagcaaaaa attgaaagtt tactaacctt 960
tcattaaaga gaaataacaa tattataaaa agcgcctaaa atgaatgaaa tggaaaacac 1020
agatccagta ttacaggatg atctcgtatc caaatatgag agggaattaa gcacagaaca 1080
ggaagaggat acgcctgtta tccttacgca gttgaatgaa gatggcacca cttcgaatta 1140
tttcgacaaa aggaaactaa aaattgcccc tagatcaaca ctacagttca aagtgggacc 1200
tcattttgaa ttagtggag attattgtcc agtcgttgag tctcataccg gaagaacact 1260
agattttacga attattccaa gaattgacag agggttcgac catattgatg aagagtgggt 1320
aggttataaa agaaattatt ttaccttagt atcaacggtt gaaacggcaa attgtgattt 1380
ggatactttt ttaaagagca gttttgatct tctcgttgaa gactcttcag tagaaagcag 1440
attaagagtg caatatttcg ctatcaaaat aaaagctaag aatgatgacg acgacacgga 1500
aatcaatctc gtccagcata cagcgaaaac cgacaaaggt cctcaatttt gtccttcagt 1560
atgtccgttg gtgccttccc ctttgccaaa acatcaaatc ataagagaag cttcaaatgt 1620
tcgaaatatc actaaaatga aaaaatacga ttccactttt tatttgacac gagaccacgt 1680
taattatgaa gaatatggag tggactcttt attgttttcc tatccagaag attctattca 1740
gaaagttgcc cgttatgaaa gagtccaatt tgcttcatca attagcgtga agaaaccatc 1800
ccaacaaaat aaacacttta gcttgcatgt tctcttaggt gcagtggtag atccagatc 1860
ctttcatggg gagaatcccg gaattcctta tgatgaactg gctttaaaaa atggatcaaa 1920
agggatgttt gtgtatttgc aagaaatgaa aacgcctcct cttattatta gaggaagatc 1980
accttctaac tatgcgtcat ctacgcgaat aactgtgaga acaccgtcga gtgtcaattc 2040
ctcacaaaac agcacaaaaa gaaaaatgcc atcaatggcg cagccgttaa atgaaagttg 2100
cttaaatgca agaccttcga aaaggcgatc caaagtggcg ctagggtgcac cgaactctgg 2160
ggcctccatc tcgcctatca aatctcgtca atccacacca atggaagctt cgaaggaaaa 2220
tgaggatccg tcttcagggc caaataaaaag ggtggagact cttgaacata tccagaacaa 2280
actgggtgct ttgaaaaatc aatgtccaga ttctctctg aaatatccga gttcatcttc 2340
aagaggtatg gaagggtgtt tagaaaagga ggatttagtt tactcaagta gtttttctgt 2400
taatatgaag caaatcgaac tgaaaccggc acgctctttt gaacatgaga atgttttcaa 2460
agtaggctca ttagcattca aaaaaatcaa tgaattacct catgaaaatt atgatataac 2520
aatagagaag aatcaatgg aacagaatta tctaagacca gagatagggt cacgttctga 2580
atgcaaaaac agctatggt aacgaactct cctttcaaat atttctttct ctatactacc 2640
taattcagca gaaaattttc acttggaaac tgcacttttc ccagctaagg aagaggatgt 2700
gccagggaca ttttcaagaa tattagaaac aggttcgttt caaaattatt atcaaaaaat 2760
ggatgcagaa aatgcagata gggatatatt gaaaggggtc aagttgattg caagcgggtac 2820
tctaccatct ggtatattta atagggaaga attgtttgag gaagatagtt tctataagta 2880
ttaaataaac taatgatttt aaatcggtta aaaaatatgc gaattctgtg gatcgaacac 2940
aggacctcca gataacttga ccgaagtttt ttcttcagtc tggcgctctc ccaactgagc 3000
taaatccgct tactatttgt tatcagtaac cttcatatct acatagaata gcttaagttg 3060
tttattagtt gccagaagaa ctactgatag ttgggaatat ttggtgaata atgaagattg 3120
ggtgaataat ttgataattt tgggattcaa ttgttaatca atgttacaat attatgtata 3180
cagaatatac tagaagttct cttcggagat cttgaagttc acaaaaagga atcgatattt 3240
ctacataata ttatcattac ttcttcccca tcttatattt gtcattcatt attgattatg 3300
atcaatgcaa taatgattgg tagttgccaa acattttaata cgatcctctg taatatttct 3360
atgaataatt atcacagcaa cgttcaatta tcttcaattc ggcttcagta ctgcatgaaa 3420
tactcgctaa cattttcttt attctataat agcacagtga cacttaaacg tcaaacgtgg 3480
cgcacattaa tatacgtatg atgcatttgg cttgacactg ctgtaataag gaacatcatc 3540

```

```

atccatcaac tagtagtcac attagtagtg tattatcaca tgggtgtgtaa gaacattaca 3600
taaagattga aaaaaagtca tcaaaaataa aggaagctga aatgcaagga ctagtagtgt 3660
aatataataa tattgtgtag aagtatcgat accctttttg gaattattgt atcttcgagg 3720
gtggccttta atatattttt gaaaacctaa tattataacc tttcacaaca acgaaatccc 3780
aactgttgtg taataatttt actcaattct tactattgct ttatcaatcc ttgtatttga 3840
gctctcataa agttcgctga ctacttctca cgactcatgt catc 3884

```

<210> 62

<211> 627

<212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 62

5

Met	Asn	Glu	Met	Glu	Asn	Thr	Asp	Pro	Val	Leu	Gln	Asp	Asp	Leu	Val
1				5					10					15	
Ser	Lys	Tyr	Glu	Arg	Glu	Leu	Ser	Thr	Glu	Gln	Glu	Glu	Asp	Thr	Pro
			20					25					30		
Val	Ile	Leu	Thr	Gln	Leu	Asn	Glu	Asp	Gly	Thr	Thr	Ser	Asn	Tyr	Phe
		35					40					45			
Asp	Lys	Arg	Lys	Leu	Lys	Ile	Ala	Pro	Arg	Ser	Thr	Leu	Gln	Phe	Lys
	50					55					60				
Val	Gly	Pro	Pro	Phe	Glu	Leu	Val	Arg	Asp	Tyr	Cys	Pro	Val	Val	Glu
65					70					75					80
Ser	His	Thr	Gly	Arg	Thr	Leu	Asp	Leu	Arg	Ile	Ile	Pro	Arg	Ile	Asp
			85						90					95	
Arg	Gly	Phe	Asp	His	Ile	Asp	Glu	Glu	Trp	Val	Gly	Tyr	Lys	Arg	Asn
			100					105					110		
Tyr	Phe	Thr	Leu	Val	Ser	Thr	Phe	Glu	Thr	Ala	Asn	Cys	Asp	Leu	Asp
		115					120					125			
Thr	Phe	Leu	Lys	Ser	Ser	Phe	Asp	Leu	Leu	Val	Glu	Asp	Ser	Ser	Val
	130					135					140				
Glu	Ser	Arg	Leu	Arg	Val	Gln	Tyr	Phe	Ala	Ile	Lys	Ile	Lys	Ala	Lys
145					150					155					160
Asn	Asp	Asp	Asp	Asp	Thr	Glu	Ile	Asn	Leu	Val	Gln	His	Thr	Ala	Lys
				165					170					175	
Arg	Asp	Lys	Gly	Pro	Gln	Phe	Cys	Pro	Ser	Val	Cys	Pro	Leu	Val	Pro
		180						185					190		
Ser	Pro	Leu	Pro	Lys	His	Gln	Ile	Arg	Glu	Ala	Ser	Asn	Val	Arg	
		195					200					205			
Asn	Ile	Thr	Lys	Met	Lys	Lys	Tyr	Asp	Ser	Thr	Phe	Tyr	Leu	His	Arg
	210					215					220				
Asp	His	Val	Asn	Tyr	Glu	Glu	Tyr	Gly	Val	Asp	Ser	Leu	Leu	Phe	Ser
225					230					235					240
Tyr	Pro	Glu	Asp	Ser	Ile	Gln	Lys	Val	Ala	Arg	Tyr	Glu	Arg	Val	Gln
			245						250					255	
Phe	Ala	Ser	Ser	Ile	Ser	Val	Lys	Lys	Pro	Ser	Gln	Gln	Asn	Lys	His
		260						265					270		
Phe	Ser	Leu	His	Val	Ile	Leu	Gly	Ala	Val	Val	Asp	Pro	Asp	Thr	Phe
		275					280					285			
His	Gly	Glu	Asn	Pro	Gly	Ile	Pro	Tyr	Asp	Glu	Leu	Ala	Leu	Lys	Asn
	290					295					300				
Gly	Ser	Lys	Gly	Met	Phe	Val	Tyr	Leu	Gln	Glu	Met	Lys	Thr	Pro	Pro
305				310						315					320
Leu	Ile	Ile	Arg	Gly	Arg	Ser	Pro	Ser	Asn	Tyr	Ala	Ser	Ser	Gln	Arg
			325						330					335	
Ile	Thr	Val	Arg	Thr	Pro	Ser	Ser	Val	Asn	Ser	Ser	Gln	Asn	Ser	Thr
			340					345					350		
Lys	Arg	Lys	Met	Pro	Ser	Met	Ala	Gln	Pro	Leu	Asn	Glu	Ser	Cys	Leu
		355					360					365			
Asn	Ala	Arg	Pro	Ser	Lys	Arg	Arg	Ser	Lys	Val	Ala	Leu	Gly	Ala	Pro
	370					375					380				
Asn	Ser	Gly	Ala	Ser	Ile	Ser	Pro	Ile	Lys	Ser	Arg	Gln	Ser	Thr	Pro
385					390					395					400
Met	Glu	Ala	Ser	Lys	Glu	Asn	Glu	Asp	Pro	Phe	Phe	Arg	Pro	Asn	Lys
				405					410					415	

[illegible]

<210> 63

<211> 3197

<212> ADN

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 63

taatgcccat	tatgccata	aagacttggc	gctacatacg	gatttaccat	ttttagaaaa	60
tgtgccaggt	ttccagattc	tacaatctct	acctgtctaca	gaaggggaag	atccccaatac	120
tagaccatg	aattacttcg	tggacgcatt	ttatgtctacc	cgtaatgtta	gagaatcgga	180
ttttgaggct	tatgaggctt	tacaaattgt	tctgttaa	tatatatatg	aaaacggcga	240
taagaggtag	taccaatcca	aacctttaat	cgaacatcac	gacattaacg	aggacaatac	300
tcttctgggt	aattatgagg	ccttgattaa	atgcattaac	tactctccac	cataccaagc	360
acctttcact	ttcggaattt	atgataagcc	ctcagatcta	aataataatc	cggacttgaa	420
tttaattacc	accccagcaa	aactaacaga	gagatttttg	tttaagtctt	tcattagggg	480
gttgaacttg	ttcgagagtc	atatcaatga	cttcaacaat	caatttagat	tgcagttgcc	540
cgaaaactgt	tgtgttatct	ttacaacag	gagaattttg	catgctaact	ctttaacaag	600
ctcaaacag	caatggttaa	agggttgcta	tttcgattct	gatactttca	agagtaaatt	660
aaagtctctg	gaagagaagt	ttcctcatga	caaataactt	catttttttca	gcatagttat	720
gtgattcttt	atatttat	atcttctctc	tgtgtagtga	caattttttt	ttaatgtttc	780
atgttaata	tatttatatt	aagaagccgt	cagtttctct	ttgtttcatt	gaaatcaata	840
actaaaatta	aaattataaa	aggaataacg	taaaagaaag	tctactacc	aaaggaaaat	900
tactttat	agtgtattata	ttcaactaaa	tatcattcaa	ataacctcac	atatgtgtct	960
tcaccttaa	gattttacga	tttactaagt	tcaccttctc	atggcttttg	agggttgccg	1020
gaaaaaatat	aaaacaaggc	aggaattggt	caaagcactc	actcctaaaa	gacgggtccat	1080
tcacttgaac	tccaatggtc	actccaacgg	aactccctgt	tcaaacgcag	atgttttggc	1140
tcataattaag	catttctctgt	cattggcggc	taattcatta	gagcaacatc	aacagcctat	1200
ttcaatcgct	tttcaaaaaca	aaaaaaaaca	aggcgataca	agcagtcctg	acattcacac	1260
aacattggac	ttccctttga	atggcccgca	tctatgcact	catcagttca	agttgaaaag	1320
atgcgcaatc	cttttaaaact	tattgaaagt	cgttatggaa	aaattaccgc	taggtaaaaa	1380
cactacagt	agagatatct	tctactccaa	cgtggaattg	tttcaaagac	aagcaaacgt	1440
agtcacagt	ctggacgtta	tacgctttta	tttcaagctc	tctccaagaa	aatccttaaa	1500
cattatacca	gctcaaaagg	gttagtttta	ttcgcttttc	ccatttgata	tttatgacaa	1560
tattctgaca	tgtgaaaatg	aaccaaaagt	gcaaaaagca	acaatttttc	ctggtaagcc	1620
ctgtctaatt	ccatttttcc	aagatgatgc	ggtcatcaag	ttagggacaa	caagtatgtg	1680
taatatgtga	atagtggaaa	aagaagctgt	cttcaccaa	ttagtaata	attatcacaa	1740

gttgagtaca	aataccatgc	tcattacagg	taagggattt	ccagatttct	tgacaagggt	1800
attcctaaaa	aaactagaac	aatattgtct	caaattgata	tccgactgtt	ctatattttac	1860
cgatgcggac	ccctatggga	ttagcatagc	cctaatttat	actcactcga	atgaacgcga	1920
cgtttatatt	tgcacgatgg	caaactataa	aggaattcgt	attacgcaag	ttttggcaca	1980
aaataatgaa	gtgcataaca	aatccattca	attattgagt	ttgaatcagc	gcgactactc	2040
cttagccaag	aatttgatag	catctctgac	tgccaacagc	tgggatattg	caacttcacc	2100
attaaagaac	gtcatcatag	aatgtcagcg	ggaaattttt	ttccaaaaga	aagctgaaat	2160
gaacgagatt	gatgccagaa	tttttaataa	caaatgaata	agaatgggag	ctgttgcttt	2220
ataaaaaatg	tttttcaaga	attgaaaacg	gttacattta	aatattatat	aaattgaaat	2280
ctttgataat	gaatactagt	ccaaaaaaaa	atacaatttc	aaaaaaataa	atgccatctc	2340
ctagaatcga	accagggttt	catcggccac	aacgatgtgt	actaaccact	atactaagat	2400
ggcatatgat	tttacaatga	ttcgatgggt	aatgagttat	aagccatgta	aggatcacta	2460
gtcttttttc	tttaagtaact	ttttcgcttg	tgatattctt	aaataccatt	aaacatagat	2520
aagctattga	aatgtgaaga	aaattcaaaa	aaaaaaaggga	acagagtcac	cttttgggta	2580
gaaactaagc	ttcaatggat	gaatgtttac	ccaattcatg	tctactaggt	gttcacctcg	2640
tcatttcaac	gcattcgggg	ccacaaatag	tttatcacta	cccaccctcc	aatacagcat	2700
ttctaacaag	taatccaacg	aagcatcaga	acctctatgg	aaacctgca	aatctaagata	2760
aaaacacaag	tacaaataaa	gaagaaaaac	tctttaatc	tggctctacg	aaaacagctt	2820
ctcaaatgac	tctaaacgag	tcagcgaaaa	gttacaatac	cgctattacg	ccatcaatga	2880
caaatactaa	tactaataat	gtgacattac	ctccaactag	atcacatgct	aatactgtag	2940
gatcacaaag	ttcaattcct	gcggctacta	atgggttagg	ttatagaaaa	accgatatcg	3000
aagatacttc	tccgactttt	caataccaag	aaactgaatc	tgaacgtca	tcatcgggat	3060
taagtgcacg	cgaattgtcc	acagactact	tagacatttc	tagcgattcg	ttttctatat	3120
cttcttcctt	atcgtcatct	tctttatctt	cttctccttc	aagttcatcc	tcatcttccc	3180
ctccgcaaga	tggctta					3197

<210> 64
 <211> 398
 <212> PRT
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 64

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

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

<210> 65
<211> 3194
<212> ADN
<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 65

aaaaagccgt	ttgcggaaag	caatgttttg	cccattcaga	aacaatatct	ttgctgtatc	60
cctacatgta	ttatgccgcg	ttgcttgtgc	aggtacggag	tccctgcacg	atttttcaac	120
aaggtctaga	tttgctaaga	cgatgaggcg	gagcccgaaa	caaacaagcc	aaaaaccgga	180
atttcgcgct	tgggtgtgctt	tcgcatcttt	tcgtgtggtg	aatgcacctg	gtgcacgctg	240
cgaaggtgac	gtagcaatcc	aaaaaaggga	agtctaggcg	ctttcaaccg	ccccccaccg	300
tgcattgcgga	ttggttgtca	caattcgcag	acatattggc	aatgtttcct	cccctcctgt	360
tgatgcgggt	aaggggtgtc	tgttatgcag	gaacaggaag	gtaaaaatta	aatgggcctt	420
aattctgtag	acactctctt	ggggttaata	ggtaaaaagc	cattgttgaa	gtacggaatc	480
atctcttcat	tttttcagcg	cttghtaagga	attaatcccc	aggaaggtgc	cgatgtaatg	540
agagaagtat	tcttggtgta	tctctttggt	tcggagtatt	tccttctttc	ttttctttgt	600
agtttttatg	caaatgcagg	gaacagagta	cccggttaag	gctgttagtc	agccgcactc	660
tacacaaaat	tacttggaac	acacgttggg	tgggaaaagc	tttatacttg	gcggtgtagt	720
aattgtaaaag	gatcaagatt	gtgtcatgct	aatgtgccgc	tgtgtaacaa	cctttttgaa	780
gcgcgatatt	accacccggc	aaaggccatt	gtgtcacata	aaaaaaaaact	cccgccaaaag	840
ccaggttcat	tttgcataag	attcaccaca	gtacggaaaa	tacgataagt	taaccagtaa	900
tttgctcgct	ttagctactg	ataaaccttc	tctgttaaca	ctattatttt	tttattactt	960
tagatttttc	cgtttgtgaa	tagccatttt	tagatatata	atgggggttc	gaaaaatact	1020
tgctagcaaa	tcgcatcaca	gtcgccacca	taatcagcac	cataagaacc	tgaagttgca	1080
aaatcatcgc	tatgtactta	tttccaatat	tacaggatcc	catgaaacaa	aatattttatc	1140
acccttcagg	atggacaatt	gttcaggaag	cagaagacgt	gataggctac	atgtgaagct	1200
taaatccttg	aggaataaaa	tccacaaaac	acttcaccca	aactgtcggg	tcgatgacgc	1260
cactaagact	agtgatgata	aatgcgtctc	ttatgaggtg	cccgaaaggg	atggccttgc	1320
tactattttc	ttagaagagg	tttttccaaa	gtccaacagg	tgccaaatac	ctgaagaaaa	1380
cttggggagaa	acagatagcg	ttattcacag	agatttggga	aattttgcaa	atgagaatga	1440
ctatccacag	tggagaaaag	ttgaaagtca	atataactta	gagaatgtcc	agcctgagga	1500
ggatgaaata	gttgatagac	tcaggtccga	gattagaagc	actaaattaa	aatctgtaaa	1560
aacgacaagc	agaacacttg	aaaaagctat	agaggctcga	tgtactggaa	agagagttct	1620
tcaacaacta	agttgtcaga	gcaaccaact	caccaagatc	gagagcaatt	gtgacatgct	1680
taaaattcaa	tctaacgtag	ccgaccgaaa	gattgacgaa	cttgcccatg	aaaatagaag	1740
cctgcttgca	ttaaaatcac	ccaacccttt	caggaagaaa	agggagagag	aaaagcgaga	1800
ccagatcaac	aatttgaagt	taaagcatcg	tcacttacag	caagaaacta	tgaagagagc	1860
ccaagattct	gacaaaaatt	tagccataaa	tctaagttct	gaatatggac	ggtatggcca	1920
aggggtggaa	agacagcgta	ttcttagaga	tgcccagaag	tatcagtttg	aagccgatga	1980
agaagataac	caaattggaaa	tcgacttgta	cggaaccta	gaacaaataa	aagcgggtgag	2040
tgggtgactg	aaaattatgg	ctcacgcttt	tggcagagag	tttgaagcac	aaaacactag	2100
aatgttttag	atcgagaaca	atgtacagca	ggcagataat	gctttacagg	ccaagcgata	2160
tagattggag	aaagtgatcg	ggaaaagatg	gtgatctggt	atacacacaa	aatatcgtgt	2220
ataaatatat	tgaataaata	gtttctaaaa	aggcatacgc	agatattctt	gcgaaagaga	2280
aaaaaaaaag	agcgaggggg	acattagtag	tgaaggtctc	aattcttctt	tgtattttct	2340
ttcggagttg	tcagacaaaag	ctttctcttt	cccataaata	aagtgcattc	aaacatcggc	2400
aggtttgttt	ttcccagttg	ttacgtattt	gtttcccggt	ccattcatga	tcttaaaactg	2460
gggttaactga	aaaatcaaca	tgattttgtg	aaaagtataa	gagggtaaga	aagatagata	2520
ccgctgtcgt	gggactatat	tttttacagt	accaagtcta	cttgcttctc	ataaagttga	2580
taagttataa	ttcatataat	ttcattttgtc	aaaaaagatt	ttagttacaa	aacgatataca	2640
aagttcaatc	ttggtgggaa	aaaggaaaac	attatgaagg	gtttccggta	atcactgcgt	2700
atgccacact	attcctatag	aattgtcttg	attgggtgct	tatgctgcgg	aaaaattata	2760
ttctgcgctt	gccttttata	ttaagcgtca	caacgccttt	accaagatcg	agcggattaa	2820
gacaagagtg	tatctcaagc	gtccgtatat	gttttaagttg	aaaaggatat	ttagttaagaa	2880
taattctacc	ctacaaaacga	tattagttaa	aaaaaaaaatc	aataatagag	ttattgtaca	2940
aacatgttct	gaaaatttga	agcatcacat	cgtatgctac	tagagaaaat	ttttactatc	3000
cttttttcca	caagcccagc	cctagcccga	tcattcctatt	aattgtcaga	ccaccgaatg	3060
ctatcccgcc	acgggttgata	taacgaaaact	ctttactgct	ttgggtcaaa	tatgcctctt	3120
ttccgcattt	tttcggagta	gttcattgcc	gcatacatat	cgcaacttgg	acgaggatgt	3180
cctccttctc	ttac					3194

<210> 66

<211> 397

<212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 66

```

Met Gly Phe Arg Lys Ile Leu Ala Ser Lys Ser His His Ser Arg His
 1      5      10      15
His Asn Gln His Lys Asn Leu Lys Leu Gln Asn His Arg Tyr Val
 20      25      30
Leu Ile Ser Asn Ile Thr Gly Ser His Glu Thr Lys Tyr Leu Ser Pro
 35      40      45
Phe Arg Met Asp Asn Cys Ser Gly Ser Arg Arg Arg Asp Arg Leu His
 50      55      60
Val Lys Leu Lys Ser Leu Arg Asn Lys Ile His Lys Gln Leu His Pro
 65      70      75      80
Asn Cys Arg Phe Asp Asp Ala Thr Lys Thr Ser Asp Asp Lys Cys Val
 85      90      95
Ser Tyr Glu Val Pro Glu Arg Asp Gly Leu Ala Thr Ile Ser Leu Glu
 100      105      110
Glu Val Phe Pro Lys Ser Asn Arg Cys Gln Ile Pro Glu Glu Asn Leu
 115      120      125
Gly Glu Thr Asp Ser Val Ile His Arg Asp Leu Gly Asn Phe Ala Asn
 130      135      140
Glu Asn Asp Tyr Pro Gln Trp Arg Lys Val Glu Ser Gln Tyr Asn Leu
 145      150      155      160
Glu Asn Val Gln Pro Glu Glu Asp Glu Ile Val Asp Arg Leu Arg Ser
 165      170      175
Glu Ile Arg Ser Thr Lys Leu Lys Ser Val Lys Thr Thr Ser Arg Thr
 180      185      190
Leu Glu Lys Ala Ile Glu Ala Arg Cys Thr Gly Lys Arg Val Leu Gln
 195      200      205
Gln Leu Ser Cys Gln Ser Asn Gln Leu Thr Lys Ile Glu Ser Asn Cys
 210      215      220
Asp Met Leu Lys Ile Gln Ser Asn Val Ala Asp Arg Lys Ile Asp Glu
 225      230      235      240
Leu Ala His Glu Asn Arg Ser Leu Leu Ala Leu Lys Ser Pro Asn Pro
 245      250      255
Phe Arg Lys Lys Arg Glu Arg Glu Lys Arg Asp Gln Ile Asn Asn Leu
 260      265      270
Lys Leu Lys His Arg His Leu Gln Gln Glu Thr Met Lys Arg Ala Gln
 275      280      285
Asp Ser Asp Lys Asn Leu Ala Ile Asn Leu Ser Ser Glu Tyr Gly Arg
 290      295      300
Tyr Gly Gln Gly Val Glu Arg Gln Arg Ile Leu Arg Asp Ala Gln Lys
 305      310      315      320
Tyr Gln Phe Glu Ala Asp Glu Glu Asp Asn Gln Met Glu Ile Asp Leu
 325      330      335
Tyr Gly Asn Leu Glu Gln Ile Lys Ala Val Ser Gly Asp Leu Lys Ile
 340      345      350

Met Ala His Ala Phe Gly Arg Glu Phe Glu Ala Gln Asn Thr Arg Met
 355      360      365
Phe Asp Ile Glu Asn Asn Val Gln Gln Ala Asp Asn Ala Leu Gln Ala
 370      375      380
Lys Arg Tyr Arg Leu Glu Lys Val Ile Gly Lys Arg Trp
 385      390      395

```

<210> 67

<211> 3875

<212> ADN

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 67

ttattttcaag	cattttttggt	gttggttggtg	cggttatatt	aacctattg	aacaataatg	60
ccaataactc	tgctcacatc	ggccttttga	tattacctgg	cgttgctttc	ggtgggttgg	120
cacaaagttc	catgctcgct	tctcaaattc	agttagacaa	gaagagccca	acttttcgat	180
cagattttgt	ctctattacc	acttttaaca	catttttgcaa	aaatctaggt	caagcactgg	240
gaggtgtcat	ctctaacact	gttttcagtg	ctgctgctat	caagaaatta	accaaggcta	300
atattcagct	cccagatggg	accacggtag	acaatctggt	aatctatagg	cagaccaatt	360
tcgatggctc	tcattccaaa	ttgggcaata	taattttctga	atctctcact	gacgtccttt	420
acatggcatt	aggattttat	gcattatctc	tcatttttgc	tgtttttgc	tcaaataaga	480
aagtcacagc	aagcctgaga	taagttaagc	acgatctaga	aggtggcgag	cctcaaagta	540
taaagctgca	gaaaaaataa	acatgacttt	tagtaattgg	ctgttttagct	tgotgaattg	600
tgtaccacaa	ctaacgataa	cagtaagagg	gtaatccgag	acagtatgag	tacagctatt	660
aaatagttaa	tttagatttt	tatactggta	tgataaacga	cgttcataata	gcaagagcgt	720
caatgcctct	atgtcacctt	caatagaagt	ttcccttttt	atttcgactt	ttgtttttgt	780
atttttcggc	gtctgccttg	ttccattttt	aaggcgccaa	aaataaaaata	aatgaagaa	840
cgattagtac	tcaaagaaca	ctttaatcct	tggaacaaaa	aaaataaaaa	atcaaaagtt	900
gaaggaaggt	caaattttct	tcctccaaag	ataataatac	ttgcttatat	aactccttta	960
aagttttaca	aaacttttga	tcagaaaaaa	agaaaaaaat	atggctactc	cccattttata	1020
ttacagatat	aactccaaaa	gctctaacaa	aaatatcaat	tctagcggaa	attctacaga	1080
ggttgaccgt	ttcattccaa	aatcagtttc	gagaaatgct	tataagtcta	ttccaattgtt	1140
aaatgggttt	gacataagtt	actcagaact	ttgcgagaaa	tctccttcac	ctgagcggct	1200
atcatccctc	gaattcttta	acgaactgag	aaacaccggg	cattacgaat	caatcagtac	1260
aacaaatgag	ttttccatgt	caagtatctc	tagctcttct	gagagtcaag	ttaccagaag	1320
tggaagtgca	agagcttcaa	gaaacgatta	ttcaaaatta	actaaagagc	aaaaggacca	1380
tagaaagaat	attgcacatt	ctcttggttt	tcaattgccc	gaccgtgtct	ttacgtttga	1440
gaccacaagt	gctgaaattc	tggaaaagaa	taaagccatc	aaaaattgct	ttggaccagg	1500
aagttgcgcc	gaaataagat	caacctttga	ctttagtaca	ctctcgcccg	atgttgcccg	1560
ttatttctac	gctaattcta	acgcaagatc	agcttcccca	caaagacaaa	tccaaagacc	1620
tgctaaacga	gtaaaagcac	atattccata	ccgtgtattg	gatgcacctt	gcctgagaaa	1680
tgattttttat	tcgaacttaa	tttcttggtc	aagaaccaca	aacaacgttt	tggtgggact	1740
gggttgctcc	gtatacatct	ggtctgagaa	agaaggagcg	gtatctatat	tggaaccatca	1800
atacttaagt	gaaaagaggg	atttagtgac	atgcgtctca	ttctgtcctt	acaataactta	1860
ttttattggt	ggtacaaaat	ttggccgtat	tcttctttat	gatcaaaaag	aatttttttca	1920
ttccagcaac	acaaacgaaa	aggaaccagt	atgtgttttc	caaactgaat	ccttcaaagg	1980
aatatgttgc	ctagaatggg	tcaaaccagg	tgaaatttgc	aaattttatg	ttggagagga	2040
aatggcaat	gtgagcctct	ttgaaataaa	gagtttgcat	ttccccataa	aaaactggag	2100
taaaagacaa	aaactcgaag	atgaaaattt	aataggattg	aaacttcatt	ccacttatca	2160
agctcaggca	cagcaagtct	gtggtacgtt	attaagagct	tatgctttca	catacccttt	2220
tctggtatag	cgcttatttt	ttcattatga	aaaatactaa	caaataattt	ctacaggtat	2280
ttctctgaat	gaacatgcaa	acctgcttgc	agtcggcggc	aatgataatt	cttgtagctt	2340
atgggatatt	tccgacttgg	ataaacctat	taaaaagttt	gttcttccac	ataaagcggc	2400
tgtgaaggcc	attgcctttt	gtccttggtc	gaagtctttg	ttggctacgg	gtgggtggaag	2460
caaagacaga	tgtattaagt	tttggcatac	atcgacaggc	acattgttgg	atgagatttg	2520
cacctcgga	caggtgacgt	ctttgatatg	gtcgttgaga	cataaacaga	ttgttgctac	2580
ttttggattc	ggtgatacca	agaatcctgt	attaataaca	ctatactcat	atccaaaatt	2640
atcaaaacta	ctcgaagtta	ggtcgcccga	ccctttgcgt	gtactgagcg	cagtaatctc	2700
tccaagtctc	atggcaattt	gcgttgccac	taacgatgaa	acgataagat	tttatgaact	2760
gtggaacgat	aaggaggaaa	taattaatga	aattcaagag	agtgggattt	atggatctaa	2820
tattatagaa	tatatggagg	gtatcgaac	aacacataac	aaaagaataa	ggtaataata	2880
aaaaaggata	ttcattgcac	gcacaaacca	aataactcaa	atagcaaaact	aacagtaaga	2940
atatataaaa	ctatacatat	gtatacataa	aaaaataata	gggaaaaaaa	aaggaaacca	3000
tatgagtttg	aatgaggcga	cgtgccatat	taaacaaatta	tattttaaca	cttccgcact	3060
gcacctattt	agttggetga	tttgtgacgt	ttttaattcc	gatcggcctg	aaacagcgaa	3120
gggtcctgga	aaattaagat	aataaaaacga	aatgaaaccc	agcaacgtta	gatgatgctc	3180
aaaaaaatat	agagacagag	aaaaaccaga	atacaaagag	ctgttttaagt	ggtcaatatc	3240
ccaggtacac	cgagcccagt	cacatcgaac	ttataatgga	tgcaaaagaaa	aatactggtg	3300
aagccaataa	tgatgtattg	gaagagggaag	cagcgattca	gttgatttga	ccaggtatag	3360
cgagaaactt	aacacaagaa	gtcattacog	gtacttctg	taatgtagta	atatatctct	3420
ttcttctaatt	atattttgtc	tttaactttcc	gttacatgac	tacaaatatt	gtaccttatg	3480
aatttataga	tgaaaagttt	cacgttggcc	aaactttgac	ctattttaaaa	ggtaaatgga	3540
ctcaatggga	ccctaaaata	acaaccccc	ctggaatcta	tattttgggt	tttaatttaatt	3600
attattgtat	aaagcccata	ttcaagtctg	ggagcacact	aaccatacta	agatttagtta	3660
atttacttgg	agggattatc	gttttcccc	ttttagtact	caggccaata	ttcctttttta	3720
atgccttagg	tttttggccc	gtttcattaa	tgagcttccc	attgatgaca	acttattatt	3780
acttttttta	caccgatgtg	tggtctacaa	ttctgatatt	gcaatcactc	agctgcgtgt	3840
taacattacc	gtttggcccc	gtgaagagta	tatgg			3875

<210> 68
 <211> 593
 <212> PRT
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

5

<400> 68

Met	Ala	Thr	Pro	His	Leu	Tyr	Tyr	Arg	Tyr	Asn	Ser	Lys	Ser	Ser	Asn	1	5	10	15
Lys	Asn	Ile	Asn	Ser	Ser	Gly	Asn	Ser	Thr	Glu	Val	Asp	Arg	Phe	Ile	20	25	30	
Pro	Lys	Ser	Val	Ser	Arg	Asn	Ala	Tyr	Lys	Ser	Ile	Pro	Met	Leu	Asn	35	40	45	
Gly	Phe	Asp	Ile	Ser	Tyr	Ser	Glu	Leu	Cys	Glu	Lys	Ser	Pro	Ser	Pro	50	55	60	
Glu	Arg	Leu	Ser	Ser	Pro	Glu	Phe	Phe	Asn	Glu	Leu	Arg	Asn	Thr	Gly	65	70	75	80
His	Tyr	Glu	Ser	Ile	Ser	Thr	Thr	Asn	Glu	Phe	Ser	Met	Ser	Ser	Ile	85	90	95	
Ser	Ser	Ser	Ser	Glu	Ser	Gln	Val	Thr	Arg	Ser	Gly	Ser	Ala	Arg	Ala	100	105	110	
Ser	Arg	Asn	Asp	Tyr	Ser	Lys	Leu	Thr	Lys	Glu	Gln	Lys	Asp	His	Arg	115	120	125	
Lys	Asn	Ile	Ala	His	Ser	Leu	Gly	Phe	Gln	Leu	Pro	Asp	Arg	Val	Phe	130	135	140	
Thr	Phe	Glu	Thr	Thr	Ser	Ala	Glu	Ile	Leu	Glu	Lys	Asn	Lys	Ala	Ile	145	150	155	160
Lys	Asn	Cys	Phe	Gly	Pro	Gly	Ser	Cys	Ala	Glu	Ile	Arg	Ser	Thr	Phe	165	170	175	
Asp	Phe	Ser	Thr	Leu	Ser	Pro	Asp	Val	Ala	Arg	Tyr	Tyr	Ile	Ala	Asn	180	185	190	
Ser	Asn	Ala	Arg	Ser	Ala	Ser	Pro	Gln	Arg	Gln	Ile	Gln	Arg	Pro	Ala	195	200	205	
Lys	Arg	Val	Lys	Ser	His	Ile	Pro	Tyr	Arg	Val	Leu	Asp	Ala	Pro	Cys	210	215	220	
Leu	Arg	Asn	Asp	Phe	Tyr	Ser	Asn	Leu	Ile	Ser	Trp	Ser	Arg	Thr	Thr	225	230	235	240
Asn	Asn	Val	Leu	Val	Gly	Leu	Gly	Cys	Ser	Val	Tyr	Ile	Trp	Ser	Glu	245	250	255	
Lys	Glu	Gly	Ala	Val	Ser	Ile	Leu	Asp	His	Gln	Tyr	Leu	Ser	Glu	Lys	260	265	270	
Arg	Asp	Leu	Val	Thr	Cys	Val	Ser	Phe	Cys	Pro	Tyr	Asn	Thr	Tyr	Phe	275	280	285	
Ile	Val	Gly	Thr	Lys	Phe	Gly	Arg	Ile	Leu	Leu	Tyr	Asp	Gln	Lys	Glu	290	295	300	
Phe	Phe	His	Ser	Ser	Asn	Thr	Asn	Glu	Lys	Glu	Pro	Val	Phe	Val	Phe	305	310	315	320
Gln	Thr	Glu	Ser	Phe	Lys	Gly	Ile	Cys	Cys	Leu	Glu	Trp	Phe	Lys	Pro	325	330	335	
Gly	Glu	Ile	Cys	Lys	Phe	Tyr	Val	Gly	Glu	Glu	Asn	Gly	Asn	Val	Ser	340	345	350	

[illegible]

<210> 69
<211> 2727
<212> ADN
<213> *Saccharomyces cerevisiae*
<400> 69

```

caaaaaatgt atacaaactc ttaggattgg tcaagaaaag taaatgttgt actgctccaa 60
agatattgcg atgccgtgat aattcaaaaag ggtcgaccca gtctatttca ctgcgcgat 120
aatcgttcgt tatccgaagc tggccaattg atacaattaa ttgacatcag cagacagcaa 180
atgcacttga tatacgagc ttaaagcaag ggtaaattat ctgaaaaagg attgaataga 240
atcaaaacct tcacatacat tggtagtaat atcgagcatc gctatttagca gagtatctcg 300
aagtctacca cggcgaaaagt tgatttttta tctgaggtgc tgatcttcgg acgcaatgcg 360
caaacgtaat tccgtagttt tcccaattat tttatttttt aaattacacg taccaggtag 420
atcacatacg tatacddaac acctgttata tagtgaattg aattattcgg aacatcaata 480
atccttttgc tataattcct gttatcatcc atcttgcac tttattttaa tatattttgc 540
acaataagct atctatgtga gctgcgtacg gtgactccaa acaatctgtt aatttccata 600
taaataactt gtagtcggat cgtacaatgg ctctatatag gtttggaccg gtatgtaacc 660
taatattggc gactcaaac ctgctagata gttatccaag tgaatttgag tctcgtatcc 720
tttatcacat ttttacaata gtggctagct atctttttca tgttaggctc acccgttatt 780
ctcatgcaag atcaaacaaa aaatggtaaa gttttggact ttacattgct tacagttgct 840
tttttatgaa gattcaaaa attatgtcct cggcggctaa attttccatt aataatatta 900
tccttttgcg cgaccgaaaa agagaagcgt tttagaggtt gtttctaaca aataatatta 960
ataaagctaa cgtgaactga ccaggctcta tttgaaagat atggcaccga aaaagaaatc 1020
aaacgataga gccattcagg caaaaggctc agaaggttaa gtattttttt acatgctcat 1080
caaataccgc cattactaac aattgtaccc cgggtatttt atcagctgaa caattaatag 1140
aagattactt ggtgtcacia tataaaccat tttctgtaaa tgatatagtt cagaatttgc 1200
acaataaagt gacaaaaaca acagcaacca aagcattaga aaatctcgtt aacgagaaac 1260
gcatagtgtc taaaaccttc ggaaagatta taatttactc ttgtaatgaa caagatacag 1320
cattaccaag caatattgat ccttctcagt ttgattttga aactgtattg caactgagaa 1380
atgatttaat agaactagag agagataaat caatggccaa agacgctctt gactctgtaa 1440
ctaaagaacc tgaaatgaa gatctcctaa caatcattga aaacgaagaa aacgagttga 1500

```

```

aaaagattga atcaaaatta caaagtctac aggatgattg ggatccagca aatgatgaga 1560
ttgtcaagcg gataatgtct gaagatacgc tgctacaaaa agaaatcacg aagagatcaa 1620
agatttgcaa aaacctaat gctacaataa aggactcagt gtgcccgaaa aatatgaatg 1680
aatttttggg atgtattttg aacatttttc gaaacctttt cttttgaata tactaacgaa 1740
atctttacag gaagaaattg gatttgagga catttgatgt gaaaagcaat tgggtgttcc 1800
gtaccggaac acttgctatt ttacttatca tgattgtttt tttttcttat tctttgctat 1860
tattatcaaa ttatatatag gtaaataatc ttacactagt ttataagtgt cacgaacgat 1920
gaaatggaaa cttggggggg aaggctcaaa aaacatactg tgtgtttatg gggctgcctt 1980
tgctagtgtg tgaggggtga gaaccgcaat tactgacaaa cgttactgat ttgtaatat 2040
caaaaactcc ttgcattgcc ttcccgttgg ccaaaatagt agtcgttgac aaagagtacg 2100
gcgtcgattc taaagttggg gaggggattt gctcgcatat agttgtcagt tcctgtgcta 2160
aaactgaagc aataacagaa aatattgaaa aacagcgaag taactgcac ttaattgaaa 2220
atgtatgaag taggtataat attttggcac acaagtgact gttgagagct tacaatcatt 2280
ctagaatgag gaatacgtca aaatggaaac ttaacatata acctcttctt acaactattt 2340
atattgtata tttaacaggg aaatcaattg cctgatattc agtatatttg atctgaaggt 2400
atgaaacagt cccttaatta agcttttagt gcggacagaa gtttttttgt taaacttgca 2460
tgtcaaat tcaaaactgcgt gtaattaccg tattcggaat ttacatggtt tcagtaattt 2520
tgcaataaac gcagcaaccg gtgatggcga agttttacca tcaaacataa acttataata 2580
actgaatgcc ggcaggttga aacaaattct tgaaaattag tcatttatcc tattgtgcga 2640
atgtaatcca ctgaaatcat ctaaagcacc attaccattg tctagcctgt gaataaaaaa 2700
atatgggagt ataattagat agaagtg 2727

```

<210> 70

<211> 218

5 <212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 70

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

<210> 71

<211> 3830

5 <212> ADN

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 71

ggctgtctttt attgttcgtg atacttttggg tggcgggcga tgtctttaac cttatgggtg 60

```

ccgttatgca acatcttttg tctaccatga tcattcttgc tgcttactat acgggtggcag 120
atatcatttt actaggtcaa tgtctatggt acgataatga ggaaaaacca gcagtagacc 180
ctattcatct ctccctgccc aatccaataa acgaaaacgt tctgcacgat gtgttcaatg 240
aacaacaacc gcttttgaat tcccaaggtc agccaaatcg tattgatgaa gaaatggetg 300
ctccttcate cgacggaaac gttggtgatg ataatctccg tgaagtcaat tcaagaaatt 360
tgataaaaga catattttatt gttagtggtg tagtttttgt aggttttcac tcgtggtatg 420
taacctactg cgtaaaactac acgcaacctc ctcccggtga ggatccatca ctgctgttcc 480
cogaactgca gatcaattgg atggctcaga tattcggtta cttaagtgc cttttgtatc 540
tgggttcaaag aattcctcag atattactga attttaagag aaagtcttgt gaaggtatca 600
gtttctattt ctttttgttc gcctgtttgg gtaataccac atttattttc tctgtgattg 660
tcattttctt agactggaag tatctaatta tgaacgcttc ctggttggtt ggaagcatag 720
gtacttttatt catggatttc gtcataattt occagttttt catttacaaa agaaataaaa 780
aattttatact gaattaacat gttctatcta atattttatt aacataattt tgacctcaca 840
aacttttttt ttttttttct ctgtcattga cattttttta atgtcacaaa aagaaaaatt 900
aaatgtatta taaaatttca tttaaatagg aaaaaaccgg tgattactaa aggcataata 960
aagatctatt aaagatctat taaagctttc tgtaaccagt atggataata ttttaaaggc 1020
atcaaatatg gaagggaact caacaatgac agttacctcg cgtagttotg aagactctag 1080
ttgtatctca aatcatgaac aagataccga tacacataag gacggcgaca caagtggctc 1140
ggaaaacagt aaaatttcga agagaaagtg gatgaaagag tttttcaaac ttcccaatc 1200
tccagcttcc aaaagcaacc ggagtatagg ttccatgaaa agtaaccaga gctcgtttc 1260
aatgaaaagt agtgacgatg gcaacagtta taaaaatgat tactcttcta tctgtggtaa 1320
cagccttcca tctgcaggct tgagtgttgc gaatagtgtg aaagaattaa aattagattc 1380
aactggaagt cagagatcaa aaaataatgt tgccatgtta gcacgttctt ctacaacatc 1440
tcagacaacg tgctcttctt cttcatcacc atcttcttat aactctataa aaggaaatga 1500
aaatgatatt ttattgcaga ataacaatca ctttaggcat aacaaagaaa ttctcctcaa 1560
taaagggagc tccaacatta acaccgcatc gattatgagc caatacaatg tccataccga 1620
agcaaccgct ataatgagcg atatgcaaaa gcaatacgac tcgcaacaga tgacatcacc 1680
atltgttaac gaagacttgc atttcgatcc aaatggtgaa gtttcacacg taataaaagc 1740
aattttttaa gaaattggtt ataaatacga tgatttcagt gatattcctg tttttcaatt 1800
aatgcaagaa atgtatcaac tagtgaagaa gaattccagc gctagaagaa caagataac 1860
agactatgct tctaaactta aagaaaaaga aacgcaacta aaaagtcaaa atgacaaaat 1920
tttgaagtta gaacaacaaa acaaggccta caaaactaaa tacaaggagg tctctctgga 1980
aaataagaaa ataaaagagg ctttcaaaaga actagacaat gagtcataca atcatgatga 2040
ggaattacta aaaaaatata aatatactag ggaaccctta gatagggtca atagagaaca 2100
gcaattaatc attgatcaaa acgagttttt gaagaaaaat gtcaatgaac tacaataatga 2160
ggtaaatgct accaacttca agttctcttt atttaaagaa aaatatgcaa aattagcaga 2220
tagcatcact gaattgaata cctctacgaa aaaaagagag gccctaggag aaaacttaac 2280
ttttgaatgc aatgaattaa aagaaatatg tttgaaatac aaaaaaaca tcgaaaaat 2340
atcaaatacc aataagaatt tacaaaattc gttcaaaaat gaaaggaaaa aagttttaga 2400
tttgagaaat gagagaattt tgttgaaaaa ggaaatactg ttgattgaat gtcattggtc 2460
atattctcta ctcttcttat ctaatatctc gagactgtat cggttcttac ttccaagtga 2520
tactattatt gaaactgaaa gcttaatttaa gcagctactc aacatgaata attcactttc 2580
gaacctatgt tcttctctcg acgagcctcc agcggagtac tcgaaaagat tagaattaaa 2640
atgtgtagag tttgaggaaa agttacttta tttctatcaa gaacttgtga cgaagaaaat 2700
tatagacgtc atttacaagt gctttatttaa ttattacaag aaaagtaggc aaactgacca 2760
aaaatccaat cagaactcca gcaactccgt taacaaaagc caaagacaag ttccgcactc 2820
catcaagtga acctcaacag ctacacattc ttttataatc cttaatattc tatatatata 2880
tatatgaaaa aatagaaaac gcgaaaactt gtcatttttt ttttaggcgt ttttataata 2940
aactgaaaaa aaaaagaggc tctttaaatg ttgacactct actccaatat caactgtaaa 3000
aatctctttt atctgctgac ctaacatcaa aatcctcaga ttaaaagtat gtcctccact 3060
aggccagagc taaaattctc tgatgtatca gagggagaaa acttctataa gaagtataca 3120
gggttgccga agaaaccatt aaaaaccatt agattagtgg ataaaggcga ctattacaca 3180
gttataggtt cagatgcgat atttggttga gattcagctc atcatactca atctgtttta 3240
aagaactgtc aattggatcc tgtaacggca aagaacttcc atgaaccaac taaatagtgt 3300
actgtttcgc tacaagttct tgccactctg ctgaagttat gtttggttga tctaggatat 3360
aaagttgaga tatacgataa gggttggaag ttaattaaaa gtgcatctcc agggaacatt 3420
gagcaagtta atgagctaat gaatatgaac attgattcga gtatcatcat tgcaagtttg 3480
aaagttcaat ggaattocca agatgggaac tgcattattg gagttgcttt cattgatacc 3540
actgcataca aggtgggcatt gcttgatatt gtcgataatg aagtgtattc caacctagag 3600
agtttcttga ttcaattggg tgtaaaggaa tgtttggtgc aggacttaac atcaaatca 3660
aactccaatg ctgaaatgca gaaagtaata aatgtaattg atcgctgtgg atgocgtcgt 3720
acattattga aaactcaga attttctgaa aaagatgtcg aactggattt aaccaagtta 3780
ctgggcgatg atttggcatt atcgttacca caaaaatact ctaaaactatc 3830

```

<210> 72
<211> 609
<212> PRT
<213> *Saccharomyces cerevisiae*

5

<400> 72

Met	Asp	Asn	Ile	Leu	Lys	Ala	Ser	Asn	Met	Glu	Gly	Thr	Ser	Thr	Met
1				5					10					15	
Thr	Val	Thr	Ser	Arg	Ser	Ser	Glu	Asp	Ser	Ser	Cys	Ile	Ser	Asn	His
			20					25					30		
Glu	Gln	Asp	Thr	Asp	Thr	His	Lys	Asp	Gly	Asp	Thr	Ser	Gly	Leu	Glu
		35					40					45			
Asn	Ser	Lys	Ile	Ser	Lys	Arg	Lys	Trp	Met	Lys	Glu	Phe	Phe	Lys	Leu
	50					55					60				
Ser	Lys	Ser	Pro	Ala	Ser	Lys	Ser	Asn	Arg	Ser	Ile	Gly	Ser	Met	Lys
65					70					75					80
Ser	Asn	Gln	Ser	Leu	Val	Ser	Met	Lys	Ser	Ser	Asp	Asp	Gly	Asn	Ser
				85					90					95	
Tyr	Lys	Asn	Asp	Tyr	Ser	Ser	Ile	Cys	Gly	Asn	Ser	Leu	Pro	Ser	Ala
		100						105					110		
Gly	Leu	Ser	Arg	Ser	Asn	Ser	Val	Lys	Glu	Leu	Lys	Leu	Asp	Ser	Thr
		115					120					125			
Gly	Ser	Gln	Arg	Ser	Lys	Asn	Asn	Val	Ala	Met	Leu	Ala	Arg	Ser	Ser
	130					135					140				
Thr	Thr	Ser	Gln	Thr	Thr	Cys	Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Tyr
145					150					155					160
Asn	Ser	Ile	Lys	Gly	Asn	Glu	Asn	Asp	Ile	Leu	Leu	Gln	Asn	Asn	Asn
				165					170					175	
His	Phe	Arg	His	Asn	Lys	Glu	Ile	Pro	Gln	Ser	Lys	Gly	Ser	Ser	Asn
			180					185					190		
Ile	Asn	Thr	Ala	Ser	Ile	Met	Ser	Gln	Tyr	Asn	Val	Asp	Thr	Gln	Ala
		195					200					205			
Thr	Ala	Ile	Met	Ser	Asp	Met	Gln	Lys	Gln	Tyr	Asp	Ser	Gln	Gln	Met
210						215					220				
Thr	Ser	Pro	Phe	Val	Asn	Glu	Asp	Leu	His	Phe	Asp	Pro	Asn	Gly	Glu
225					230					235					240
Val	Ser	His	Val	Ile	Lys	Ala	Ile	Phe	Lys	Glu	Ile	Gly	Tyr	Lys	Tyr
				245					250					255	
Asp	Asp	Phe	Ser	Asp	Ile	Pro	Val	Phe	Gln	Leu	Met	Gln	Glu	Met	Tyr
			260					265					270		
Gln	Leu	Val	Lys	Lys	Asn	Ser	Ser	Ala	Arg	Arg	Thr	Lys	Ile	Thr	Asp
			275				280					285			
Tyr	Ala	Ser	Lys	Leu	Lys	Glu	Lys	Glu	Thr	Gln	Leu	Lys	Ser	Gln	Asn
290						295					300				
Asp	Lys	Ile	Leu	Lys	Leu	Glu	Thr	Thr	Asn	Lys	Ala	Tyr	Lys	Thr	Lys
305					310					315					320
Tyr	Lys	Glu	Val	Ser	Leu	Glu	Asn	Lys	Lys	Ile	Lys	Glu	Ala	Phe	Lys
				325					330					335	
Glu	Leu	Asp	Asn	Glu	Ser	Tyr	Asn	His	Asp	Glu	Glu	Leu	Leu	Lys	Lys
			340					345					350		
Tyr	Lys	Tyr	Thr	Arg	Glu	Thr	Leu	Asp	Arg	Val	Asn	Arg	Glu	Gln	Gln
			355				360					365			
Leu	Ile	Ile	Asp	Gln	Asn	Glu	Phe	Leu	Lys	Lys	Asn	Val	Asn	Glu	Leu
370						375					380				
Gln	Asn	Glu	Val	Asn	Ala	Thr	Asn	Phe	Lys	Phe	Ser	Leu	Phe	Lys	Glu
385					390					395					400
Lys	Tyr	Ala	Lys	Leu	Ala	Asp	Ser	Ile	Thr	Glu	Leu	Asn	Thr	Ser	Thr
				405					410					415	
Lys	Lys	Arg	Glu	Ala	Leu	Gly	Glu	Asn	Leu	Thr	Phe	Glu	Cys	Asn	Glu
			420					425				430			
Leu	Lys	Glu	Ile	Cys	Leu	Lys	Tyr	Lys	Lys	Asn	Ile	Glu	Asn	Ile	Ser
			435				440					445			
Asn	Thr	Asn	Lys	Asn	Leu	Gln	Asn	Ser	Phe	Lys	Asn	Glu	Arg	Lys	Lys
450						455						460			
Val	Leu	Asp	Leu	Arg	Asn	Glu	Arg	Asn	Leu	Leu	Lys	Lys	Glu	Ile	Leu
465					470					475					480

Leu Ile Glu Cys His Gly Ser Tyr Ser Leu Leu Leu Val Ser Asn Ile
 485 490 495
 Leu Thr Cys Tyr Arg Phe Leu Leu Pro Ser Asp Thr Ile Ile Glu Thr
 500 505 510
 Glu Ser Leu Ile Lys Glu Leu Leu Asn Met Asn Asn Ser Leu Ser Asn
 515 520 525
 His Val Ser Ser Ser Asp Glu Pro Pro Ala Glu Tyr Ser Lys Arg Leu
 530 535 540
 Glu Leu Lys Cys Val Glu Phe Glu Glu Lys Leu Leu Tyr Phe Tyr Gln
 545 550 555 560
 Glu Leu Val Thr Lys Lys Ile Ile Asp Val Ile Tyr Lys Cys Phe Ile
 565 570 575
 Asn Tyr Tyr Lys Lys Ser Arg Gln Thr Asp Gln Lys Ser Asn Gln Asn
 580 585 590
 Ser Ser Thr Pro Tyr Lys Gln Ser Gln Arg Gln Val Pro His Ser Ile
 595 600 605
 Lys

<210> 73
 <211> 4754
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 73

atttcaaagc agtttgtgca atttgtccag cagttctgta tttgttcaag accgattcct 60
 gtagaatatt tttgtccttt agcaaaatct gagtatcctc gtgggagata gctagagcca 120
 tgatagtttt agcaatatta gtcgggtcgg gttttttctt aaaagtattt tgaataacac 180
 gatgcttttag ctcatctcat ctcttctgct gaaatttttc tttacttcgg taaaattttt 240
 tcagaaagaa aaaaaagcct cagagggcatg accctctccg ggtaaaaaaa gcttaggggt 300
 accggcctgt cttttttagg gcataataaa tttttgccat ctagttgcaa ctataataat 360
 acagtatgaa ttgcacgaaa gagcagtc aa tgtaaattca cgaagtga ctacagaatc 420
 tgacatcagc tgatttctca tggagctgtt tctctgataa cagcttgtt gaacatcgac 480
 aagatgaaaa tctagaagta tcaaatttcc tttaaaggga tatataacag attctaaaac 540
 tgacagaaat atttcgagtg aagaagaagc gttaaatatt ggatctttcc gcagttctac 600
 tctgatacat ttttgaagta ggagagtc at ttagaaggcg tattgctcaa tagtagaaag 660
 caggcctgtg cacatgaatt aattaaaaaa tataaaggta gtgattagac gacacatgtc 720
 cataggtaac ctgtcataat tttgaacaat ttcccttttt ttcttttttt ttttttgggt 780
 gcggtgatat gttagctgtt aatttacaca tcatgtactt ttctgcatca aaatatgaaa 840
 ggcgatagta gctaaagaaa ataccgagaa ttctctcgaa agttgacga caaaagaaag 900
 gcataaaaaa gtaatttgaa aatattttta aactgtttta acccatctag catccgcgct 960
 aaaaaaggaa gatacaggat acagcggaaa caacttttaa atgatggaaa ctccacaga 1020
 caatatagtt tcccttttcc acaattttgg tagctcgaca caatatagtg gtaccttgtc 1080
 gagaacgccc aaccaaataa tagagctaga gaagccagc actctatctc cattgtcaag 1140
 aggaagaaaa tggacggaaa agttagccag gttccaaaga agtagtgcta aaaagaaaag 1200
 attctcacct tctctatatt cctcctctac atttctgttc tcaaccaaat ctagggtcac 1260
 ttcttcaaac tcttctggca atgaagacgg taatctaag aatacacctt ctacgggttc 1320
 cactgattat ttaccacaac accctcacag aacatcgctt ttgccaaagac ctaattccaa 1380
 tctctttcac gcaagtaata gtaacctatc ccgagcaaat gagcctccaa gggccgaaaa 1440
 tttatcagat aatataccac ccaaggtcgc tccatttggc tatccaatac aaagaacctc 1500
 tattaaaaaa tcttttttga atgcttcttg tacgttatgt gacgagccta tttctaacag 1560
 aagaaggga gagaaaatta tagagcttgc atgtggccac ttaagtcacc aagaatgtct 1620
 tattatctct tttggcacca ctcaaaggc agacgttcgt gcgctatttc ctttttgtac 1680
 caaatgtaaa aaagatacta acaaagcgt tcaatgcatt ccagaaaatg atgaactaaa 1740
 ggaattctta atttctgatt ttttgattca taagattcct gattctgagt tatcaatcac 1800
 acctcagtc ogctttcctc cttattcacc actcttgct ccttttgggt tatcctatac 1860
 acctgttgaa agacaaacga tatattctca agctccaagt ctaaacccaa atctcatatt 1920
 ggctgcaccc cccaaggaaa gaaaccaa at tccacaaaaa aaatcaaact atacattttt 1980
 acattcactc ctggggcaca gaagaattcc gtccggagca aactctatct tagcagacac 2040
 ctctgtagcg ttatcagcta atgattctat ttctgctgtt tccaattcgg taagagcaaa 2100
 ggatgacgaa accaaaataa cgttgccgt gttaagggtc tattttattc aaattctttt 2160
 gaacaatttc caggaagaat tgcaggattg gagaatagac ggggactatg gattactaag 2220
 gttggtagac aaattgatga tttccaaaga tggtcagaga tatatacaat gctggtgttt 2280
 cttatttgaa gacgcatttg taatagcaga agtggataac gatgttgatg ttttgaaaac 2340

```

tagactaaag aatttagaag tatttacacc tattgccaac ttgagaatga ctacactcga 2400
agcttcagta ctcaaatgca ccttaaataa acaacattgc gccgatttat cagatcttta 2460
cattgttcag aatataaatt ctgacgaaag cacaactgta cagaaatgga tatctggtat 2520
attgaatcag gattttgtat tcaatgagga caatatcact tccaccctgc ctattcttcc 2580
cattataaag aacttttcaa aagatgttgg taatggtagg tacgagacga gtacctttct 2640
aggtttaatc aatcctaaca aagttgttga agttgcaaat gtgcacgata atgatactgt 2700
aatcataagg aggggattca ccttaaattc aggagaatgt tctaggcaga gtactgttga 2760
cagtatacaa tctgttctaa ctacgataag ctcaattctt tccttaaaac gagaaaaacc 2820
tgataatttg gcaataatct tacagattga ctttacgaaa ttgaaggaag aagacagttt 2880
aattgttatt tataacagcc taaaagcttt aaccattaaa tttgcgcgtt tgcagttttg 2940
tttcggtgat cgaaataatt atgttctgga ctatggatcg gtattacaca agatagattc 3000
actagattcc atctcaaate tcaaatcaaa gagttcctcg acacaatttt cacctatttg 3060
gctgaaaaat actctatate ccgaaaatat tcatgaacat ttgggtattg ttgctgtatc 3120
aaatagtaat atggaagcaa aaaaatccgt actatttcaa gattacagat gctttacaag 3180
ttttggaaga agaaggccca atgaattgaa gattaagggtg ggctatttga acgttgacta 3240
cagtataaaa attgatgaac tagtcgagggc cagctcctgg acttttgttt tagaaactct 3300
ttgctacagt ttcggtctaa gttttgatga agatgatgac gatgacgaag aggataatga 3360
tgattcgacc gataatgaac ttgataatag ttcaggatta ctgtcggatg ctgaatctac 3420
aaccactatt catattgact ctccatttga taatgaaaat gctaccgcaa atatggtgaa 3480
tgacagaaac ctctcactg aggggtgaaca tagcaatata gaaaacttag aaactgtcgc 3540
ttcttcagta cagccagctc tgattcctaa tattagattt tcaactcatt ctgaggagga 3600
gggtactaat gaaaatgaaa atgaaaatga tatgccagta ttattactta gtgatatgga 3660
taaaggaatc gatggcataa ccagacgcag ttcattctcg agtcttatag agagcggtaa 3720
taacaactgt cccctccata tggattatat atagagtata cactaaattt tatgcaataa 3780
taaaaaggaa gcatcccgcc aaacgtttct taactatata ttgttacata gcttgattcc 3840
gtgaatttga agtggacgca gttcttctta gtctttcaag ttcatagtaa atagacatta 3900
cccaaagatc tctttcctgt cttgatcttg ccatgaaaac cattgacttg ccgctcacac 3960
ctaacttttt agtgaaatgg atcttatctg tgttacttgg aacattagtg ttattcaagt 4020
cagcttcctg agcagaaggt gggccaatat tattatcttg tctaccataa tcttgctgat 4080
attgcttttc attccctttc ttctgtaagc gattgctaga aagggcacgc cttgttccaa 4140
accaaagcgt aaagcatcgc gaactctcgt cttctacaga tcgccatccg tccccataaa 4200
ctcgtgggag agcgtgggat ccatagttta tttcgtcaaa agtacgatct ctctgcagaa 4260
ggctcagttc tgttgtggtc ccagagtata ggtagcaatc gtcaatcgga atggttacat 4320
aatgagcata ctccaaaact tccttagcaa aacctgtggt tgatctatga aagcagtgga 4380
acagtacaat aaaacctgat atcaaaacga cgtagtactt cgagaaaaca gaatgcttgt 4440
gctggttttg atataaaggt cccttttgaa ttaacggcct acttaatgat attccatttg 4500
cattaaaggt ttgctcatct gcacgcccac gttctacgat ccagcgcaat gtattctcac 4560
caatttttgt ttctcttctt ccatttagca tcaaaaagacc tgcatttgaa cgccttattt 4620
ttaaagcct ctccgtatct tccctttgct tgtttttcca ataggatatc atttgtttca 4680
gctttatgac ccactcttca gcaactgttg ctgatgtagc aagcagcttc aagaggagtc 4740
catttgaggt ttct 4754

```

<210> 74
 <211> 917
 <212> PRT
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 74

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

130	135	140
Ala Glu Asn Leu Ser Asp	Asn Ile Pro Pro Lys Val Ala Pro Phe Gly	
145	150	155
Tyr Pro Ile Gln Arg Thr Ser Ile Lys Lys Ser Phe Leu Asn Ala Ser		160
	165	170
Cys Thr Leu Cys Asp Glu Pro Ile Ser Asn Arg Arg Lys Gly Glu Lys		175
	180	185
Ile Ile Glu Leu Ala Cys Gly His Leu Ser His Gln Glu Cys Leu Ile		190
	195	200
Ile Ser Phe Gly Thr Thr Ser Lys Ala Asp Val Arg Ala Leu Phe Pro		205
	210	215
Phe Cys Thr Lys Cys Lys Lys Asp Thr Asn Lys Ala Val Gln Cys Ile		220
	225	230
Pro Glu Asn Asp Glu Leu Lys Asp Ile Leu Ile Ser Asp Phe Leu Ile		235
	245	250
His Lys Ile Pro Asp Ser Glu Leu Ser Ile Thr Pro Gln Ser Arg Phe		255
	260	265
Pro Pro Tyr Ser Pro Leu Leu Pro Pro Phe Gly Leu Ser Tyr Thr Pro		270
	275	280
Val Glu Arg Gln Thr Ile Tyr Ser Gln Ala Pro Ser Leu Asn Pro Asn		285
	290	295
Leu Ile Leu Ala Ala Pro Pro Lys Glu Arg Asn Gln Ile Pro Gln Lys		300
	305	310
Lys Ser Asn Tyr Thr Phe Leu His Ser Leu Leu Gly His Arg Arg Ile		315
	325	330
Pro Ser Gly Ala Asn Ser Ile Leu Ala Asp Thr Ser Val Ala Leu Ser		335
	340	345
Ala Asn Asp Ser Ile Ser Ala Val Ser Asn Ser Val Arg Ala Lys Asp		350
	355	360
Asp Glu Thr Lys Ile Thr Leu Pro Leu Leu Arg Ser Tyr Phe Ile Gln		365
	370	375
Ile Leu Leu Asn Asn Phe Gln Glu Glu Leu Gln Asp Trp Arg Ile Asp		380
	385	390
Gly Asp Tyr Gly Leu Leu Arg Leu Val Asp Lys Leu Met Ile Ser Lys		395
	405	410
Asp Gly Gln Arg Tyr Ile Gln Cys Trp Cys Phe Leu Phe Glu Asp Ala		415
	420	425
Phe Val Ile Ala Glu Val Asp Asn Asp Val Asp Val Leu Glu Thr Arg		430
	435	440
Leu Lys Asn Leu Glu Val Phe Thr Pro Ile Ala Asn Leu Arg Met Thr		445
	450	455
Thr Leu Glu Ala Ser Val Leu Lys Cys Thr Leu Asn Lys Gln His Cys		460
	465	470
Ala Asp Leu Ser Asp Leu Tyr Ile Val Gln Asn Ile Asn Ser Asp Glu		475
	485	490
Ser Thr Thr Val Gln Lys Trp Ile Ser Gly Ile Leu Asn Gln Asp Phe		495
	500	505
Val Phe Asn Glu Asp Asn Ile Thr Ser Thr Leu Pro Ile Leu Pro Ile		510
	515	520
Ile Lys Asn Phe Ser Lys Asp Val Gly Asn Gly Arg Tyr Glu Thr Ser		525
	530	535
Thr Phe Leu Gly Leu Ile Asn Pro Asn Lys Val Val Glu Val Ala Asn		540
	545	550
Val His Asp Asn Asp Thr Val Ile Ile Arg Arg Gly Phe Thr Leu Asn		555
	565	570
Ser Gly Glu Cys Ser Arg Gln Ser Thr Val Asp Ser Ile Gln Ser Val		575
	580	585
Leu Thr Thr Ile Ser Ser Ile Leu Ser Leu Lys Arg Glu Lys Pro Asp		590
	595	600
Asn Leu Ala Ile Ile Leu Gln Ile Asp Phe Thr Lys Leu Lys Glu Glu		605
	610	615
Asp Ser Leu Ile Val Ile Tyr Asn Ser Leu Lys Ala Leu Thr Ile Lys		620
	625	630
Phe Ala Arg Leu Gln Phe Cys Phe Val Asp Arg Asn Asn Tyr Val Leu		635
	645	650
		655

Asp	Tyr	Gly	Ser	Val	Leu	His	Lys	Ile	Asp	Ser	Leu	Asp	Ser	Ile	Ser	660	665	670
Asn	Leu	Lys	Ser	Lys	Ser	Ser	Ser	Thr	Gln	Phe	Ser	Pro	Ile	Trp	Leu	675	680	685
Lys	Asn	Thr	Leu	Tyr	Pro	Glu	Asn	Ile	His	Glu	His	Leu	Gly	Ile	Val	690	695	700
Ala	Val	Ser	Asn	Ser	Asn	Met	Glu	Ala	Lys	Lys	Ser	Val	Leu	Phe	Gln	705	710	715
Asp	Tyr	Arg	Cys	Phe	Thr	Ser	Phe	Gly	Arg	Arg	Arg	Pro	Asn	Glu	Leu	725	730	735
Lys	Ile	Lys	Val	Gly	Tyr	Leu	Asn	Val	Asp	Tyr	Ser	Asp	Lys	Ile	Asp	740	745	750
Glu	Leu	Val	Glu	Ala	Ser	Ser	Trp	Thr	Phe	Val	Leu	Glu	Thr	Leu	Cys	755	760	765
Tyr	Ser	Phe	Gly	Leu	Ser	Phe	Asp	Glu	Asp	Asp	Asp	Asp	Asp	Glu	Glu	770	775	780
Asp	Asn	Asp	Asp	Ser	Thr	Asp	Asn	Glu	Leu	Asp	Asn	Ser	Ser	Gly	Leu	785	790	795
Leu	Ser	Asp	Ala	Glu	Ser	Thr	Thr	Thr	Ile	His	Ile	Asp	Ser	Pro	Phe	805	810	815
Asp	Asn	Glu	Asn	Ala	Thr	Ala	Asn	Met	Val	Asn	Asp	Arg	Asn	Leu	Leu	820	825	830
Thr	Glu	Gly	Glu	His	Ser	Asn	Ile	Glu	Asn	Leu	Glu	Thr	Val	Ala	Ser	835	840	845
Ser	Val	Gln	Pro	Ala	Leu	Ile	Pro	Asn	Ile	Arg	Phe	Ser	Leu	His	Ser	850	855	860
Glu	Glu	Glu	Gly	Thr	Asn	Glu	Asn	Glu	Asn	Glu	Asn	Asp	Met	Pro	Val	865	870	875
Leu	Leu	Leu	Ser	Asp	Met	Asp	Lys	Gly	Ile	Asp	Gly	Ile	Thr	Arg	Arg	885	890	895
Ser	Ser	Phe	Ser	Ser	Leu	Ile	Glu	Ser	Gly	Asn	Asn	Asn	Cys	Pro	Leu	900	905	910
His	Met	Asp	Tyr	Ile												915		

<210> 75
 <211> 3272
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*
 <400> 75

acagaaatat	ttgaaatata	tttcctcaaa	gagtacacta	gatccattca	tatttttaggc	60
ttcctatgga	aacggttttt	tcaaggataa	accccgccat	atgttctttg	cgaagtcctt	120
tgcagttaaa	actaattaca	actctgttat	ttactgacac	ctgcgttaaa	attttatcac	180
aatatgtcat	ccgctgagag	agatgtacta	tttataatta	cttaagagcg	actacttcat	240
ttaccattag	cgagcagaag	aacagcttac	ttgtcgatgt	tcttctctgg	ctaaatgaaa	300
tgtcaattat	tgagattgag	atgggtatgt	atgatcggat	tttgatatca	gccgatgaga	360
cgaagattca	atagcttcaa	ccgtccctgc	gggggggtact	taccttttgt	aaccagtacc	420
ctgtgcaaat	tctcggcgtg	tactacctct	tttgggacca	caaccctttg	tacgcacttt	480
cgtcagatgc	aaatttttac	acgcgttgaa	aaatgtttca	ggaagagata	ctgcgtaaaa	540
aaaagacaca	tgtgttacgc	aggaaaaagt	ttgtgaggct	ttttgcctta	acagattgac	600
ttgtagccct	gttaggttta	ccaacagtt	gtttttctgt	gtgtcgaaaa	ttttttcaga	660
ttgttttcaa	ctgacacttg	cctgtttcat	attagttgta	acttaaacct	tcaaacataa	720
aacttttttg	gaagtccttc	cttcacatga	cttgaatccc	ttcaatatcg	aaacagtatc	780
ctcaaatct	cttatcactt	ttctaattgt	tttcttcccc	tttttgtagt	aactcgctgt	840
aaagcacatt	tatttcataa	tctcctttgt	gccagaactc	aaggccaata	ggccagctat	900
attggaagga	aagaggggaag	aaaatacgat	attgctagtt	cattaagtca	aggaagaaaa	960
tactcaaaaa	actgtacagc	tcaatcaggt	acacattacg	atggcagcac	atcagatgga	1020
ctcgataaag	tattctaata	atgtcaccca	acagtatata	caaccacaaa	gtctacagga	1080
tatctctgca	gtggaggatg	aaattcaaaa	taaaatagag	gccgccagac	aagagagtaa	1140
acagcttcat	gctcaaataa	ataaagcaaa	acacaagata	caagatgcaa	gcttattcca	1200
gattggcaac	aaagttaact	cgttgaccaa	aaataagatc	aacttaaagc	caaatatcgt	1260
gttgaaaagg	cataataata	aaatctcaga	ttttcggtgg	agtcgagatt	caaaacgtat	1320
tttgagtgcg	agtcaagatg	gctttatgct	tatatgggac	agtgccttcg	gtttaaaaaa	1380
gaacgctatt	ccattagatt	ctcaatgggt	tctttcctgc	gctattttcg	catcgagtac	1440
tttggtagca	agcgcaggat	taaaacaata	ctgtaccatt	tatagagttt	cgaagaaaaa	1500
cagagttagc	caaaacggtg	cgtcaatttt	caaaggacat	acttgctata	ttctgacat	1560
tgaatttaca	gataacgcac	atatattgac	agcaagtggg	gatattgacat	gtgccttggtg	1620
ggatataccg	aaagcaaaga	gggtgagaga	atattctgac	catttaggtg	atgttttggc	1680
attagctatt	cctgaagagc	caaactcaga	aaattcttcg	aacacattcg	ctagctgtgg	1740
atcagacggg	tatacttaca	tatgggatag	cagatctccg	tccgctgtac	aaagctttta	1800
cgttaacgat	agtgatatta	atgcacttcg	ttttttcaaa	gacgggatgt	cgattgttgc	1860
aggaagtgc	aatggtgcga	taaatatgta	tgatttaagg	tccgactggt	ctattgctac	1920
ttttctctct	tttcgaggtt	atgaagaacg	taccctacc	cctacttata	tggcagctaa	1980
cttggtgtac	aataccgcgc	aatcgccaca	aactttaaaa	tcaacaagct	caagctatct	2040
agacaacca	ggcgttggtt	ctttagattt	tagtgcactc	ggaagattga	tgtactcatg	2100
ctatacagac	attggttggtg	ttgtgtggga	tgtattaaaa	ggagagattg	ttggaaaatt	2160
agaaggtcat	ggtggcagag	tcactgggtg	gcgctcgagt	ccagatgggt	tagctgtatg	2220
tacaggttca	tgggactcaa	ccatgaaaat	atggtctcca	ggttatcaat	agcttcgaat	2280
tggaaatact	gtgagcagta	attatcaatg	gatgctatta	tataaatata	catacctaca	2340
cccattccat	atttacatag	aataacaaca	gtaacattag	ttctgtggaa	gcgcaaaaac	2400
gtcctttaat	aaagtaagtc	aaaacattca	acaatgaaaa	ttcaaagcat	tgtcatttgc	2460
ttcctttttc	tctttggata	aacgaaacaa	aaacgaacaa	aagtgtcatg	cactcaaaaa	2520
ttccttttcaa	tcgttttgga	aacagtatta	ttcactgact	tatttgacca	acttgctaga	2580
atcatctatg	ttttcaggca	ttgtttaatt	tcatgatggc	tgtccctact	ttagcttgtt	2640
atgagccttc	actggctcgt	ccttatgtat	tgcgtctgac	ccaaaatttg	tcctttcttg	2700
tttagtggaa	tttttgttcg	gtaatttcaa	aaatgcctga	attttcatta	acaaatcatc	2760
tggtagtgtg	gttataaaca	taaaaaactg	ctccctctcg	ggatgatttt	caattgctct	2820
ctgtactgca	ggatcattca	atatcatctg	aacccacgtc	gtcatcatat	cctcatctat	2880
aagcgcaagg	cttttaatcc	agggcaaatc	ggctatacga	agagacattt	cttctccggg	2940
agacactact	ttccacggga	gatcaaaata	tttagatagt	tcactattga	gatgtgagaa	3000
ttcatgaggc	acatcaacgg	tatagtcaac	tgcatacgca	tcatcttcaa	acgttaagtc	3060
atgttcaatg	ctaaactttc	cagcgttacc	tataaaaaag	cattctatct	ttaaagttaa	3120
ctctcccca	ccggtttcct	tgataaaaaa	tggcagcgag	ttcagtcgtc	ttttgggctg	3180
tttgaagcta	gagtgcfaat	ggtagatgca	tttagagagg	atggtaggct	ccacttcctt	3240
tectgttgca	tctaacatga	ggagtcccat	ct			3272

<210> 76
 <211> 423
 <212> PRT
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 76

```

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

```

```

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

```

<210> 77

<211> 2333

<212> ADN

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 77

```

atattatata tatatatagg gtogtatata tategtgogt cttcttcctt ctctaagggt 60
aaaattcctt gtatttggtta taatagtagt aactgocgag cccacccaaa gctgtcaaaa 120
cgacagggac aggttttagtg aacctggaag gcatgcctct tatgacacca gcaccaagta 180
gtaagggtcga tgcacccaat gccatttcga gccaccatc tctattcata tgtagcaagt 240
aacccggcaat cccatatata ctacogaata ctaagccaga tactagagat ggaatggagc 300
ccttacggta gtatcccata agggccacgg ctgtagtcaa aagactcaat gtatatgctg 360
gatgttccat agtgtgatct gatgttcctt tctctcaaac ttcgtttctg tcttgtctcc 420
cgctgttacc taataacttc atgtgatctg ctcccccttc tcgttaata ccaccttttc 480
atcaaccccg tagggcgoga caggtctaaa atattaacct ctgaatactt attgggtcaa 540
aatgaatggt gataactttc ctttacaaaa aaaaaactaa tagagtatat gcatttcggt 600
agtgaatat tcgttaatgc taatatgctc agtagtgatc cttagattacc agttttactg 660
cagcctatcgt acaatttttg aacgagtata aagagagaaa ttaaaaacga caagaaatat 720
tcgtactagc ttctcttcog gcttgatgac agtcttaata tcatctgcaa ctcttgaaat 780
cttgctttat ggtcaaaatt tacgtacgct ttctattata taatatgatt tgtcaatgtg 840
atgagtgaat gtctccctgt taccgggttt tcatgttgat ttttgtttca ggctctaaat 900
gtttgatgca atatttaaca aggagaacag aaatgttttg tgacagcacc tgtcaatttt 960
aggatagtag caatcgcaaa cgttctcaat aattctaaga atgacatcag ttcaaaactc 1020
tccacgctta caacaacctc aggaacagca acagcaacag caacagcttt ccttaagat 1080
aaaacaattg aagttaaaaa gaatcaacga acttaacaat aaactgagga aagaactcag 1140
ccgtgaaaga attactgctt caaatgcatg tcttacaata ataaactata cctcgaatac 1200
aaaagattat acattaccag aactatgggg ctaccccgta gcaggatcaa atcattttat 1260
agagggtttg aaaaaatag ccaaatgtca aactcaata gtgtttgttg 1320
tacgtttatg taatgatagt aatagaatcc aaaaaaaaaa aaaatataca tgctttttca 1380
tatcctctct caccctatct tttttttct tctaattttg gctccgttca tatcttatc 1440
aaaattaatt cagcgttaat cttatcttta ttgttagact tcgcagaaat ttcatttagc 1500
ttcgatgcag atagtttgat caagtcattt tgtttattac gtcccagttc gcgagaaatg 1560
atgtaacca atgcccaccc ttttaggtat agttcgctaa gttcaacgct cctcaaagca 1620
ttctttaatg ccttttccaa gagctcggtc ttggtttgtt tcttgctacg tagagcctca 1680
taatacacag tctcacttag cctaccaaaa caagcgtaat tgaatggtgt aatacatagg 1740

```

```

acctgttcca aacaataacg ggctttttca aattggccca tttcgaaata aatctcgtg 1800
gcataccacc acaattctgc atcaagcggg aatttatctg taagagctac cacttcttta 1860
agaacacttt cttggctcaa gttcttgga gttgtcttga tagctatcaa tttcttttga 1920
atagagacat aagtaacgaa gtccgtttca tactccagat catcattcaa caaattttcc 1980
agatattcaa tagcgccttt atcatttccg tttatctgca ataaagtggc tttcatgatt 2040
accattttat acgaattttc accaagacga tctcttaatg tattataaac aacttgcgca 2100
tcaacgtctt ggtttcggta caccaaaaca tagaaaagca tttccatcaa gaagaaatag 2160
tttctctctg ttagtccaga gtctccactt ttcattgtaa ttttcatttc attttctagt 2220
tgagtaatt gttctggatt aaattgagta tacgctttgg tattcataat tgtcaaaagc 2280
ttttctctaa ccaaatcctt caacattgtt ttatctactg ctttgtataa ttt 2333

```

5 <210> 78
 <211> 110
 <212> PRT
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

10 <400> 78

```

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

```

<210> 79
 <211> 4067
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

5

<400> 79
 cctctgatgc gcaattcatg gaattgtact cttgccagaa attaagtgat tcgatagtca 60
 ctccattgga cgtagaaaac tctttattac agaagttgtc tgcaaagagt ttgaagatat 120
 ccctaacaaa gcggaacaag ttccagttcc gccatcgaga aatcgtcaag agcatgcaag 180
 gagtttatca caaccatcac aactccgtta atcaagagca ggtcttgaac gttttgttcg 240
 agaatagcaa gcaagttctt ttaggtttaa aagatatgtt gaaaagcgac gggcaaccca 300
 cttacttaca tctgaaaatt gcaagttaca ttctttgtat aacgaacgtt aaggaaccca 360
 taaagctaaa gacatttggt gaaaacgaat gtaagaatt ggtccagttt gcacaagaca 420
 ccctgaagaa cttcgttcag taatcacttt caagctgtag tatgtaaacg atatagatga 480
 agttttcgtg tgtataaata tatgaactct agagtgttgc ataatttgaa acacagcatt 540
 tcttttcgga gagctcgttt caaaatgaaa caaacgccgt tgtccgtttt cgtctcaata 600
 gaaaaagtga aacagataaa aattgtttta aaagaaacga atttgcaaca tcttaagata 660
 tatcaaaact aatacaaaac agcctaaaaa agattgaaca actcttcgcg gtcaggtctc 720
 gacaccataa atcgaagtac tcgtacgcta gttttctcgc acatagtacc actacgttcc 780
 ttttacaatt agattacttc tttttagttg acttttttga gacgttcgtg ccattcataa 840
 aataggaaaa gataacaggt aagcactgaa gacttgtttt ataagtgtcc caagcgagac 900
 ctagagtgga tattgatatt tctcaaacaa gactcgtcga agaaaacaca cttttatagc 960
 ggaaccgctt tctttatttg aattgtcttg ttcaccaagg atgaaagtcc aaataaccaa 1020
 tagtagaaca gaggaatctt taaaagttca agctaataat gaaaacgatg aagtcagtaa 1080
 agctactccg ggcgaaagtg aagaatcgct aaggttaatc ggcgatctaa aattcttttt 1140
 agccacagcg ccggtaaatt ggcaagaaaa ccaaattata aggcgatact atctgaatag 1200
 tggacaaggc tttgtctctt gtgtattttg gaacaatcta tactatatta caggtactga 1260
 tattgtcaaa tggtgtcttt acagaatgca aaagtttggg agagaagtag ttcaaaagaa 1320
 aaaatttgaa gaggggtattt tttcagattt aagaaatctc aaatgtggta tagatgcaac 1380
 tttagaacaa ccaaagtcg aatttttgtc gtttctatc agaaatatgt gtctgaaaac 1440
 ccaaaaaaag cagaaagtat ttttttggtt cagtgtagca catgataagt tgtttgcgga 1500
 tgcgttggaag agagatttaa aaagagaaaag tttgaatcag ccttcaacga ctaagcccgt 1560

taatgagccc	gccttatctt	tttcatatga	ttcctcatct	gataagcctc	tctacgatca	1620
gttactttcaa	catttagatt	ctagaagacc	atctagtaca	acaaaatcag	ataattcgcc	1680
tccaaaatta	gaaagcgaga	attttaagga	taatgagttg	gtaacagtaa	ctaatacgcc	1740
gcttttaggc	gttggcctca	tggatgacga	tgcgccagaa	ccccctctc	aaattaatga	1800
ttttattcct	cagaaattga	ttatagaacc	caatactctc	gaattgaatg	gtctcacaga	1860
agaaacgcct	catgacttac	ccaagaatac	cgctaagggc	agagacgaag	aagattttcc	1920
tctcgactat	tttcctgtat	ctggtgaata	ccctacggag	gaaaatgcgt	ttgatccggt	1980
ccctccacag	gcttttacgc	cagctgcccc	ttccatgcct	atttcctatg	ataacgtgaa	2040
tgaaggggat	tctatgcccg	ttaattctct	tcttaataga	taccctatc	agttatcagt	2100
ggcaccact	ttcccagtgc	caccatcatc	atcgaggcaa	cattttatga	caaatacgga	2160
tttttattca	tctaacaata	acaaggaaaa	attgggtatct	cctagcgacc	ctaccagcta	2220
catgaagtat	gacgaaccag	ttatggattt	tgatgaatct	cggccaaatg	aaaactgtac	2280
aatgcaaaa	tctcacaact	ctggccagca	aactaaacaa	caccaattat	attctaacaa	2340
cttccagcaa	tcttacccaa	acggaatggt	tccaggatac	tacccaaaaa	tgcggtataa	2400
tcccatgggg	ggggatcctc	tactcgatca	agccttttat	ggcgcggacg	attttttctt	2460
tccaccagaa	ggatgtgata	acaatatgct	gtatccacaa	actgcaactt	catggaatgt	2520
tttggccctt	caagctatgc	aaccagctcc	aacctatggt	gggagaccat	acacacccgaa	2580
ttatagatcg	acaccagggt	ccgcgatggt	cccatacatg	caaagttcaa	attccatgca	2640
gtggaacact	gctgtttcac	cttatagttc	gagagcacca	tctacaactg	ctaaaaacta	2700
tcctcctagc	acatttttatt	ctcaaaatat	aatcaatac	ccacggcgaa	gaactgtggg	2760
aatgaagtct	tcacaaggaa	atgttccaac	aggtaataaa	caatctgtgg	gcaagtctgc	2820
aaaaatttca	aagcctctac	atattaagac	aagtgcctat	cagaagcaat	acaaaatcaa	2880
cttggaacg	aaagccaggc	caagtgcctg	tgacgaagat	tctgctcatc	ctgataagaa	2940
caaagaaatt	tcgatgccta	ctccggattc	caatactttg	gtgggtccagt	cagaagaagg	3000
tggagctcat	tactttgagg	tagataccaa	tcgaagggtc	gataaaaaacc	ttccagatgc	3060
aacctgatat	aatataattt	ttgaatttat	gatacaagaa	ttaaaaatgc	gggccagaat	3120
ttaatatata	acaatactca	gaagaaaaca	acaaggacaa	tctgttttta	taataaaaac	3180
aatcttatac	aagactagag	caaacaaaaa	gcaagaaaaa	aaggtaataa	atgtaacaaa	3240
tctattaacg	ttagaaaata	acaaaaaaaa	aaaaagaaaa	agataatata	atataataacc	3300
tttatatatg	tgatttatct	agcgtcacag	tatgtaatat	aaatatcaat	gagtttctta	3360
acatgacctc	caaaactaca	tgatcgctta	gtattacaat	atgtgtttat	ccactatttt	3420
gataccaacg	tagtattgcc	ttttattttt	cagaatggca	aaggccatcg	gaaaattttt	3480
ccaccagaaa	aagcgagatt	cctaattata	agggtgaagg	atcgatgttc	ataatagtta	3540
aaagttgtaa	tcaaaaaaga	aaaagggtgca	gagataaaca	aagttataaa	atgacaaaat	3600
caagaaagca	gaagcaaaaa	aagcaggatt	ttttgagaaa	aaagttaaaa	gttggttaagc	3660
caaaggaaaa	agcaaggaat	gctaccgata	catctttcgt	ttccaagact	atttctatta	3720
gaaatcaaca	tttagacca	aatccacatg	atttaacaaa	acggctaacg	ctcttaaagc	3780
atcataacat	caatgtgaga	aaggaaacat	taacaacatt	ccaaaagtca	ataccgtcta	3840
taataaaatc	tcgacttatg	acaccattac	ttactcaaag	tataccgttg	atttgcgatg	3900
aatcgcgaca	agtacgtcag	ggacttattg	atctcgtaga	tgaatatagg	agtcacgatg	3960
cggagatttt	aaaattgcac	tgcaacattt	ttgtcttata	cattaacatg	gcaatgacac	4020
atattgttac	acaaattcaa	gcagatttcta	ctaaatttct	ctctcat		4067

<210> 80

<211> 688

<212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 80

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

Glu	Gln	Pro	Lys	Ser	Glu	Phe	Leu	Ser	Phe	Leu	Phe	Arg	Asn	Met	Cys
130						135					140				
Leu	Lys	Thr	Gln	Lys	Lys	Gln	Lys	Val	Phe	Phe	Trp	Phe	Ser	Val	Ala
145					150					155					160
His	Asp	Lys	Leu	Phe	Ala	Asp	Ala	Leu	Glu	Arg	Asp	Leu	Lys	Arg	Glu
				165					170					175	
Ser	Leu	Asn	Gln	Pro	Ser	Thr	Thr	Lys	Pro	Val	Asn	Glu	Pro	Ala	Leu
			180					185					190		
Ser	Phe	Ser	Tyr	Asp	Ser	Ser	Ser	Asp	Lys	Pro	Leu	Tyr	Asp	Gln	Leu
			195				200						205		
Leu	Gln	His	Leu	Asp	Ser	Arg	Arg	Pro	Ser	Ser	Thr	Thr	Lys	Ser	Asp
						215						220			
Asn	Ser	Pro	Pro	Lys	Leu	Glu	Ser	Glu	Asn	Phe	Lys	Asp	Asn	Glu	Leu
225					230					235					240
Val	Thr	Val	Thr	Asn	Gln	Pro	Leu	Leu	Gly	Val	Gly	Leu	Met	Asp	Asp
				245					250					255	
Asp	Ala	Pro	Glu	Ser	Pro	Ser	Gln	Ile	Asn	Asp	Phe	Ile	Pro	Gln	Lys
			260					265					270		
Leu	Ile	Ile	Glu	Pro	Asn	Thr	Leu	Glu	Leu	Asn	Gly	Leu	Thr	Glu	Glu
			275				280						285		
Thr	Pro	His	Asp	Leu	Pro	Lys	Asn	Thr	Ala	Lys	Gly	Arg	Asp	Glu	Glu
						295									
Asp	Phe	Pro	Leu	Asp	Tyr	Phe	Pro	Val	Ser	Val	Glu	Tyr	Pro	Thr	Glu
305					310					315					320
Glu	Asn	Ala	Phe	Asp	Pro	Phe	Pro	Pro	Gln	Ala	Phe	Thr	Pro	Ala	Ala
				325					330					335	
Pro	Ser	Met	Pro	Ile	Ser	Tyr	Asp	Asn	Val	Asn	Glu	Arg	Asp	Ser	Met
			340					345					350		
Pro	Val	Asn	Ser	Leu	Leu	Asn	Arg	Tyr	Pro	Tyr	Gln	Leu	Ser	Val	Ala
			355				360						365		
Pro	Thr	Phe	Pro	Val	Pro	Pro	Ser	Ser	Ser	Arg	Gln	His	Phe	Met	Thr
						375					380				
Asn	Arg	Asp	Phe	Tyr	Ser	Ser	Asn	Asn	Asn	Lys	Glu	Lys	Leu	Val	Ser
385					390					395					400
Pro	Ser	Asp	Pro	Thr	Ser	Tyr	Met	Lys	Tyr	Asp	Glu	Pro	Val	Met	Asp
				405					410					415	
Phe	Asp	Glu	Ser	Arg	Pro	Asn	Glu	Asn	Cys	Thr	Asn	Ala	Lys	Ser	His
			420					425					430		
Asn	Ser	Gly	Gln	Gln	Thr	Lys	Gln	His	Gln	Leu	Tyr	Ser	Asn	Asn	Phe
		435					440					445			
Gln	Gln	Ser	Tyr	Pro	Asn	Gly	Met	Val	Pro	Gly	Tyr	Tyr	Pro	Lys	Met
						455					460				
Pro	Tyr	Asn	Pro	Met	Gly	Gly	Asp	Pro	Leu	Leu	Asp	Gln	Ala	Phe	Tyr
465					470					475					480
Gly	Ala	Asp	Asp	Phe	Phe	Phe	Pro	Pro	Glu	Gly	Cys	Asp	Asn	Asn	Met
				485					490					495	
Leu	Tyr	Pro	Gln	Thr	Ala	Thr	Ser	Trp	Asn	Val	Leu	Pro	Pro	Gln	Ala
				500				505						510	
Met	Gln	Pro	Ala	Pro	Thr	Tyr	Val	Gly	Arg	Pro	Tyr	Thr	Pro	Asn	Tyr
				515			520						525		
Arg	Ser	Thr	Pro	Gly	Ser	Ala	Met	Phe	Pro	Tyr	Met	Gln	Ser	Ser	Asn
						535					540				
Ser	Met	Gln	Trp	Asn	Thr	Ala	Val	Ser	Pro	Tyr	Ser	Ser	Arg	Ala	Pro
545					550					555					560
Ser	Thr	Thr	Ala	Lys	Asn	Tyr	Pro	Pro	Ser	Thr	Phe	Tyr	Ser	Gln	Asn
				565					570					575	
Ile	Asn	Gln	Tyr	Pro	Arg	Arg	Arg	Thr	Val	Gly	Met	Lys	Ser	Ser	Gln
			580					585					590		
Gly	Asn	Val	Pro	Thr	Gly	Asn	Lys	Gln	Ser	Val	Gly	Lys	Ser	Ala	Lys
			595				600					605			
Ile	Ser	Lys	Pro	Leu	His	Ile	Lys	Thr	Ser	Ala	Tyr	Gln	Lys	Gln	Tyr
						615					620				
Lys	Ile	Asn	Leu	Glu	Thr	Lys	Ala	Arg	Pro	Ser	Ala	Gly	Asp	Glu	Asp
625					630					635					640
Ser	Ala	His	Pro	Asp	Lys	Asn	Lys	Glu	Ile	Ser	Met	Pro	Thr	Pro	Asp

				645					650					655			
Ser	Asn	Thr	Leu	Val	Val	Gln	Ser	Glu	Glu	Gly	Gly	Ala	His	Ser	Leu		
			660					665					670				
Glu	Val	Asp	Thr	Asn	Arg	Arg	Ser	Asp	Lys	Asn	Leu	Pro	Asp	Ala	Thr		
		675					680					685					

<210> 81
 <211> 3548
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 81

5

accagtgggc	accatacatg	aaataccaca	gtgttttccc	aatgtacgga	cgacttggga	60
agttttgcaga	gctaactctc	ttgtgggaac	catgatcaaa	gcctgaattt	tattcaactt	120
tggtttgact	ttctctaacg	taggaataac	aaatgcggct	gtcttacctg	taccattctt	180
tgctctggcc	aatatgtctc	taccagttat	tgctaccgga	atagcctctt	cttgaatagg	240
ggatggtttt	tcaaaacogg	cttcaaaaat	acccattaac	agctctcttt	tcaataaaaa	300
atcttcaaaa	gtattaccct	ttgtatttaa	gacatcgtct	gtctgtggtc	tggttatcctt	360
cttggaata	ttcaatgcag	ttttccagtc	ccgatcgaga	tccgtattac	tgttattatt	420
agtgttgaag	ttattattga	tggaaacctt	tactactatt	ttctttcttg	tcgtatttta	480
ggcctgggat	aagttattat	gcgaatggcg	atgcggttat	gaagaaataa	aagggctaaa	540
agtaagaatt	ttctgcgtct	atctttctat	taggaataaa	atatgactat	atttactatt	600
attgttgttt	tgtcgtacaa	tcctttatga	atgaaaatat	taagcttgtg	gtcttaaaag	660
aatgtggatg	aaacaaaact	gaatccaatg	atgagaaata	aatgtacaat	cagataataa	720
acacttttat	tgatgattgt	cttttcttgc	aaaccccaat	gttacaatcg	cccattagtt	780
ctaagattgt	gttgtccttt	ttcttacgaa	atthttttcc	ctcccttttt	tgatcactgt	840
cctcgttata	agtgattcgt	gggtaacgg	cgatatcata	ctattattgg	cccactcgtat	900
ggatttagaag	acctacaggt	taatgtgaag	cgacactaat	gataagaaaa	ctgcacgga	960
tcatatctgt	ttttgcagcg	tggatatattg	gttgttggtc	atgtttcaac	gaaagacttt	1020
acagagaagg	aacttgaaag	ggctcaatct	taacctgcac	ccagatgtgg	gcaataatgg	1080
ccaattgcag	gaaaagacag	agactcacca	gggacaatct	cgaatagaag	gccacgtgat	1140
gtctaacatt	aatgcaatac	agaataatag	caacctgttt	ttgcgaagag	gcataaaaaa	1200
aaaactgacg	ttggatgcgt	ttggtgatga	ccaagctata	tcgaaaccaa	acactgtggt	1260
aatacagcaa	ccgcaaaatg	aacctgtttt	agttctgtct	tctctatcac	aatccccgtg	1320
tgtaacatca	tcattcatctt	gtccacggcc	atgcatata	gatgcgtaca	gtaataattt	1380
cggattatcg	ccatcatcca	cgaattctac	tcctctacg	attcagggat	tgtccaatat	1440
tgcaacgcca	gttgaaaacg	aacattcgat	atcactacca	cctttggagg	aaagcctatc	1500
gccagccgca	gcagatctga	aagatacgtt	gtcgggaact	tcaaatggta	attatatata	1560
actccgggac	ttggttcagt	tggggaaaaat	tgggtcgtga	aattctggaa	ctgtgggtgaa	1620
ggcactacat	gttccctgatt	ccaaaatagt	tgccaaaaaa	accattcctg	tggaaacagaa	1680
taacagtaga	atcatcaacc	aatttagttag	ggaattatct	atcgtcaaaa	acgttaagcc	1740
ccatgaaaac	attatcacct	tctatggagc	ttattataac	cagcatataa	ataatgaaat	1800
cataatttta	atggaatact	ctgattgtgg	ttcttttagat	aaaatactgt	ccgtttataa	1860
aagggttgtt	caaagaggga	ctgtttcgag	taagaaaact	tgggtccaacg	aattaacaat	1920
atcaaaaata	gcgtacggcg	tactaaatgg	cttggatcat	ttgtaccgac	aatataagat	1980
aattcatcgt	gatatacagc	cttccaatgt	tctgattaat	agtaaggggc	agattaagtt	2040
atgtgatttt	ggagtttcca	aaaaactaat	aaattctatc	gctgatacat	ttggtggaac	2100
gtccacttat	atgtcaccag	agaggataca	aggaaacgtt	tattctatca	aaggggacgt	2160
ttggtcattg	ggcttaatga	tcattcgagct	ggtaactgga	gagtttcccc	taggtgggca	2220
taacgatata	cctgatggca	tattggattt	gctgcaacgt	attgtcaacg	agccttcacc	2280
aagattacc	aaagaccgta	tctattccaa	ggaaatgaca	gattttgtca	ataggtgttg	2340
tattaagaat	gaaagggaaa	ggtcatcgat	tcattgaattg	ctacatcatg	atcttataat	2400
gaaatacgtg	tcaccgtcta	aaagtgataa	atttagacat	tgggtgtaga	aaataaaatc	2460
taaaataaaag	gaagacaaga	gaattaaaag	agaagccttg	gaccgtgcca	agttagaaaa	2520
gaaacaatcg	gaaagatcaa	cccattgaat	gcatgcgata	acattagtta	ggaacatatt	2580
gcactttttt	tcacatccct	ttctcaaaac	tattttcata	tatatataga	ctctcctgat	2640
tatgtaaatc	aaaaccaatt	ttctaattga	acaatattht	taaaaataat	catcaaagta	2700
gcacttttatg	tacagaaaat	ttcacgattg	agagaagcct	gcgaataata	ctagtttagcc	2760
tgtgtttcac	catcgttact	taattttctta	tagttcttat	attctttatt	tttatgccac	2820
aaccaacctt	cggttcctct	aacgaaacgg	aaggcgatta	ataaccacc	gaagctacgt	2880
aaagttactt	tcaccatttg	tgggtttctt	ttttcaaat	cagtcagaga	aatgcctctt	2940
ttgccttctt	gtttaccata	cttgaatggg	ttcccagatg	ccaagtatga	gccaaatcca	3000
acagaaaaca	tagtgctcat	gacttgacaa	ggaacgcaat	ccatagctct	ttctttttcc	3060
agctcccttt	gtggtggagg	gttgaacact	gccaaaatat	tactcattat	ttttcacccg	3120
ttgctgtttc	tctctaagcg	gtgttttgtt	tcctacttgg	tggcacacaa	tgactgtact	3180
cgcttttatat	gctcgtacct	tttttcaaaa	gcccatcggt	aattttttcac	ccgaggaccc	3240
catattaccgc	gttttttgtt	aatgttcaat	ttccgacatg	ttacaattat	aataacgcca	3300
aaagaggtaa	atgtatattht	gaacaattgt	taaagagaag	ataaaaaccc	tttaattcttg	3360
catttgcgt	caatagtaca	caataggcga	tctatttttag	tacggcaatt	aaaagaagc	3420
tgtttttcag	taagaatgc	cggaaattaac	agaattttcag	aaaaaacgtt	tagagaaacat	3480
caaaaggaat	aacgatttat	tgaaaaaact	ccatttgtct	ggagtagcat	ctcaaatcaa	3540
gcacgagg						3548

<210> 82
<211> 515
<212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 82

Met	Phe	Gln	Arg	Lys	Thr	Leu	Gln	Arg	Arg	Asn	Leu	Lys	Gly	Leu	Asn	1	5	10	15
Leu	Asn	Leu	His	Pro	Asp	Val	Gly	Asn	Asn	Gly	Gln	Leu	Gln	Glu	Lys	20	25	30	
Thr	Glu	Thr	His	Gln	Gly	Gln	Ser	Arg	Ile	Glu	Gly	His	Val	Met	Ser	35	40	45	
Asn	Ile	Asn	Ala	Ile	Gln	Asn	Asn	Ser	Asn	Leu	Phe	Leu	Arg	Arg	Gly	50	55	60	
Ile	Lys	Lys	Lys	Leu	Thr	Leu	Asp	Ala	Phe	Gly	Asp	Asp	Gln	Ala	Ile	65	70	75	80
Ser	Lys	Pro	Asn	Thr	Val	Val	Ile	Gln	Gln	Pro	Gln	Asn	Glu	Pro	Val	85	90	95	
Leu	Val	Leu	Ser	Ser	Leu	Ser	Gln	Ser	Pro	Cys	Val	Thr	Ser	Ser	Ser	100	105	110	
Ser	Leu	Ser	Thr	Pro	Cys	Ile	Ile	Asp	Ala	Tyr	Ser	Asn	Asn	Phe	Gly	115	120	125	
Leu	Ser	Pro	Ser	Ser	Thr	Asn	Ser	Thr	Pro	Ser	Thr	Ile	Gln	Gly	Leu	130	135	140	
Ser	Asn	Ile	Ala	Thr	Pro	Val	Glu	Asn	Glu	His	Ser	Ile	Ser	Leu	Pro	145	150	155	160
Pro	Leu	Glu	Glu	Ser	Leu	Ser	Pro	Ala	Ala	Ala	Asp	Leu	Lys	Asp	Thr	165	170	175	
Leu	Ser	Gly	Thr	Ser	Asn	Gly	Asn	Tyr	Ile	Gln	Leu	Arg	Asp	Leu	Val	180	185	190	
Gln	Leu	Gly	Lys	Ile	Gly	Ala	Gly	Asn	Ser	Gly	Thr	Val	Val	Lys	Ala	195	200	205	
Leu	His	Val	Pro	Asp	Ser	Lys	Ile	Val	Ala	Lys	Lys	Thr	Ile	Pro	Val	210	215	220	
Glu	Gln	Asn	Asn	Ser	Thr	Ile	Ile	Asn	Gln	Leu	Val	Arg	Glu	Leu	Ser	225	230	235	240
Ile	Val	Lys	Asn	Val	Lys	Pro	His	Glu	Asn	Ile	Ile	Thr	Phe	Tyr	Gly	245	250	255	
Ala	Tyr	Tyr	Asn	Gln	His	Ile	Asn	Asn	Glu	Ile	Ile	Ile	Leu	Met	Glu	260	265	270	
Tyr	Ser	Asp	Cys	Gly	Ser	Leu	Asp	Lys	Ile	Leu	Ser	Val	Tyr	Lys	Arg	275	280	285	
Phe	Val	Gln	Arg	Gly	Thr	Val	Ser	Ser	Lys	Lys	Thr	Trp	Phe	Asn	Glu	290	295	300	
Leu	Thr	Ile	Ser	Lys	Ile	Ala	Tyr	Gly	Val	Leu	Asn	Gly	Leu	Asp	His	305	310	315	320
Leu	Tyr	Arg	Gln	Tyr	Lys	Ile	Ile	His	Arg	Asp	Ile	Lys	Pro	Ser	Asn	325	330	335	
Val	Leu	Ile	Asn	Ser	Lys	Gly	Gln	Ile	Lys	Leu	Cys	Asp	Phe	Gly	Val	340	345	350	
Ser	Lys	Lys	Leu	Ile	Asn	Ser	Ile	Ala	Asp	Thr	Phe	Val	Gly	Thr	Ser	355	360	365	
Thr	Tyr	Met	Ser	Pro	Glu	Arg	Ile	Gln	Gly	Asn	Val	Tyr	Ser	Ile	Lys	370	375	380	
Gly	Asp	Val	Trp	Ser	Leu	Gly	Leu	Met	Ile	Ile	Glu	Leu	Val	Thr	Gly	385	390	395	400

Glu	Phe	Pro	Leu	Gly	Gly	His	Asn	Asp	Thr	Pro	Asp	Gly	Ile	Leu	Asp
				405					410					415	
Leu	Leu	Gln	Arg	Ile	Val	Asn	Glu	Pro	Ser	Pro	Arg	Leu	Pro	Lys	Asp
			420					425					430		
Arg	Ile	Tyr	Ser	Lys	Glu	Met	Thr	Asp	Phe	Val	Asn	Arg	Cys	Cys	Ile
		435					440					445			
Lys	Asn	Glu	Arg	Glu	Arg	Ser	Ser	Ile	His	Glu	Leu	Leu	His	His	Asp
	450					455					460				
Leu	Ile	Met	Lys	Tyr	Val	Ser	Pro	Ser	Lys	Asp	Asp	Lys	Phe	Arg	His
465					470					475					480
Trp	Cys	Arg	Lys	Ile	Lys	Ser	Lys	Ile	Lys	Glu	Asp	Lys	Arg	Ile	Lys
			485						490					495	
Arg	Glu	Ala	Leu	Asp	Arg	Ala	Lys	Leu	Glu	Lys	Lys	Gln	Ser	Glu	Arg
			500					505					510		
Ser	Thr	His													
		515													

<210> 83
 <211> 4154
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

 <400> 83

5

taaaacatcc	ttcataaaaa	caaccaatat	gaaaacattc	gtgatagcct	atattttacaa	60
ctagcttatac	gtcattttgag	aatccctcta	gacctttatt	ttggaaccat	agattatcaa	120
cgtgtgatata	cggtgagtgca	aggctgaaac	cgatgtgctc	ttcaactcct	ggcgccgtga	180
ggaagtataaa	tagggcaatc	actacaaaaa	ctaccaagta	taataggtag	ctttgatata	240
gcctcggtaa	ccggatcatg	ttaagatttt	taaccacggg	gctgggtctc	gataattaag	300
tataaaaactt	gtatcagagg	tatctgcgat	ctaaaaagat	taatttttga	aaaagatcaa	360
cactaaacca	tttgaaattc	aaaaagcacc	taaggcaaaa	tataaatcta	aataacgta	420
aaatggaaac	actttctgcg	cagctttata	caagttagcc	ttctagctta	tgaaatagaa	480
atgaaatata	actgagcaag	tcctatatac	aatactatta	atgatcttct	tgtccatgag	540
actgttcatg	gtgcctttta	gagacttctt	catcacttag	ctgaggcctg	tggccacccg	600
ttctcaataa	accaccggca	gtatcctcaa	ctggaaatct	tgcactgggc	cttacgcaat	660
ggggcttgcg	taactgttca	aaatccatga	ttttagtttt	ccctccccct	tttaaagtaa	720
tctttggatt	ctcgcccaat	ttttgctcca	cttcttttat	attttgggtg	cggtctttac	780
tattactatt	attattatta	ttactaactg	ccattatagt	ttctttatgc	tgtccctacc	840
atgcctttcg	ttatcaggct	agcattaaaa	gcctttttaag	gtgtaaagct	ttcgccgcga	900
tgggttttaa	cagtagaaaa	tattcatatt	tacacacatg	cataaagaga	gaccacttaa	960
taaaagctagt	atgataagat	caccggtaga	cgaaatatac	atggaacaga	cacaaacagc	1020
agagggcact	gacttactaa	ttggtgacga	aaagaccaac	gatttacctt	ttgtgcagtt	1080
atttctggag	gaaataggat	gcactcaata	ctgggatagc	tttattcagt	gcaacctgtt	1140
cacagaagaa	gaaattaagt	atctcgacaa	ggatattctc	attgctttgg	gtgtaaacaa	1200
aataggagac	agactcaaaa	ttttaaggaa	gtcaaaatcg	ttccagagag	ataaacggat	1260
tgaacagggtg	aatagattga	agaacctgat	ggaaaaagta	agctctctat	ccactgctac	1320
gctatcgatg	aattcagaat	tgattcctga	aaagcactgt	gttatattta	tcttaaacga	1380
tggttccgct	aagaaagtta	atgtaaatgg	ttgctttaat	gcagattcta	ttaagaaaag	1440
gctaactcaga	agattgccac	atgaattatt	agccacaaac	tccaatggag	aagtaactaa	1500
aatggttcaa	gattatgatg	tgtttgcctt	agattatacc	aagaacgtac	tgcatttgct	1560
atatgacgtg	gaattagtca	ctatttgcca	cgcaaagtat	cgtgttgaga	aaaataggct	1620
aatttttgtt	tccaaagacc	aaacaccaag	tgataaagct	atatccacat	ccaaaaaact	1680
atatctaaga	acgttgagtg	cattgagcca	ggttgggcca	tcctcgtcaa	atttgttggc	1740
acagaacaag	gggatttcgc	ataacaatgc	tgaagggaag	ctccggatcg	acaacacaga	1800
aaaggacaga	attagacaga	tttttaatca	gaggcctcct	agcgaattta	tttctaccac	1860
tttggccgga	tattttcctc	atacagacat	gaagcgggtg	caaaagacga	tgagagagtc	1920
atttcgccat	tcagcaaggc	taagcattgc	tcaaagaaga	cctttaagtg	cagaatcaaa	1980
taatatacgg	gacatactat	tgaaacactc	aaacgctgtt	gatatggccc	tgttacaagg	2040
attgatcag	acaagattaa	gcagtaaaact	tgacacaact	aaaattccga	agcttgcccc	2100
taaaaggcca	gaagataatg	atgccatata	taaccagtta	gaactattaa	gtgtagagtc	2160
tggatgaagaa	gaagatcacg	atttctttgg	ggaggacagt	gacattgttt	cattaccgac	2220
gaagattgcc	acgccaaga	attggttaaa	aggtgcttgc	attggatcag	gcagttttgg	2280
gagtgtttac	ttgggcatga	atgccacac	tggtgaacta	atggcagtaa	agcaagtggg	2340
gataaaaaat	aataacattg	gtgtttccac	agacaacaat	aaacaagcca	attctgatga	2400
gaataatgag	caggaggaac	aacaagagaa	aatagaagat	gttggggcgg	taagtcaccc	2460

```

aaaaaccaat caaaatattc acagaaagat ggttgatgct ttacagcatg aaatgaattt 2520
attgaaggag ttacatcatg agaacattgt tacttattat ggtgcttctc aagaaggcgg 2580
aaattttaa atttttcttg aatcgttcc tgggggttcg gtttcctcca tgctgaataa 2640
ttacggacca tttgaggaat cactgattac taatttcact aggcaaatac tgattggggt 2700
tgcgtatttg cataagaaga acattattca cagagatata aagggtgcaa atattttgat 2760
tgatatcaaa ggttgcgtaa aaattactga ttttggtatt tcaaaaaaat tatcaccttt 2820
gaataaaaaa caaaataaga gagcttcttt gcaaggttcc gtattctgga tgtcaccaga 2880
ggtggtcaaa cagagcgcta ctactgctaa agcggatata tgggtctacag gatgtgttgt 2940
cattgaaatg tttaccggtg agcatccttt cccagatttt tctcaaagtc aagcgatctt 3000
caaaataggc acaaacacga ccccgagat accttcctgg gctacgtcag aaggaaagaa 3060
tttcttaaga aaggcatttg agttggatta tcaatacagg cctagtgcc ttgaattgct 3120
gcagcatcca tggctggatg cgcacataat ttgaaaagg gctacttatt aattcttttt 3180
atggcactaa agtgctcttg ccgatttttt atcaaataat acatatatat catatttagt 3240
gacatttatt gaatatatct gctatttacc ggtttttttt tttcaattac gctgattaag 3300
taatcataaa tcacaattgt gaaaaaaga ccaactaga tgacgggtatt tgattctcat 3360
acccctggaa taaaatcaag taagataatt ctgataaaaa aatccgactg cacagatgga 3420
agcacgaaga aacaggcctt tcttgcgag gtgatatcaa accattgata tcttctcaat 3480
aacctgctct aggaaaagga ggtagataga caaaagcaag gaaataatcc atagagtttc 3540
attcacatga ataactgtt accaattttt ctcataagat aaagccatct atcaaaaatg 3600
atattgaaat atttgaaaaa tgcttgtttt tatggggacc acaattcgcc tgtacctcta 3660
gaagcgtaaa ctgttttatt gaagttagtc ctgataattt ctctaccgtt ttcgctttct 3720
tccttagtgc catttttttag catcatatta ttgaattttt cactttctct aaatgattta 3780
tcattcatgt ccttggaaca gattgaatct acatcaaca ttgaacagga aggaatattg 3840
cattgcatgg ccatttcccg gatttgagga tcttactaa ttaaaaacca atgtagcccc 3900
tcatttcctt ctaggtagca tttgtaaata caacttttca acaaatctt taatctctta 3960
ggcaattttg caatattcat ctttcagaa ctatcattat gttccattac atctgaccat 4020
aaaataatgt ctaaaacttc gggaaattcg ataaaaact tcaaattagc aaatttagaa 4080
tcactaatac tatcgataaa cttcaaggat tctcgagctg caaaactttt acgcctttgt 4140
tgaaggaaat ccaa 4154

```

<210> 84
 <211> 717
 <212> PRT
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

 <400> 84

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

225					230					235				240
Ser	Ser	Ser	Asn	Leu	Leu	Ala	Gln	Asn	Lys	Gly	Ile	Ser	His	Asn
				245					250					255
Ala	Glu	Gly	Lys	Leu	Arg	Ile	Asp	Asn	Thr	Glu	Lys	Asp	Arg	Ile
			260					265					270	
Gln	Ile	Phe	Asn	Gln	Arg	Pro	Pro	Ser	Glu	Phe	Ile	Ser	Thr	Asn
		275					280					285		Leu
Ala	Gly	Tyr	Phe	Pro	His	Thr	Asp	Met	Lys	Arg	Leu	Gln	Lys	Thr
	290					295					300			Met
Arg	Glu	Ser	Phe	Arg	His	Ser	Ala	Arg	Leu	Ser	Ile	Ala	Gln	Arg
305					310					315				320
Pro	Leu	Ser	Ala	Glu	Ser	Asn	Asn	Ile	Gly	Asp	Ile	Leu	Leu	Lys
				325					330					335
Ser	Asn	Ala	Val	Asp	Met	Ala	Leu	Leu	Gln	Gly	Leu	Asp	Gln	Thr
		340					345					350		Arg
Leu	Ser	Ser	Lys	Leu	Asp	Thr	Thr	Lys	Ile	Pro	Lys	Leu	Ala	His
	355					360					365			Lys
Arg	Pro	Glu	Asp	Asn	Asp	Ala	Ile	Ser	Asn	Gln	Leu	Glu	Leu	Leu
	370				375					380				Ser
Val	Glu	Ser	Gly	Glu	Glu	Glu	Asp	His	Asp	Phe	Phe	Gly	Glu	Asp
385				390					395					400
Asp	Ile	Val	Ser	Leu	Pro	Thr	Lys	Ile	Ala	Thr	Pro	Lys	Asn	Trp
				405					410					415
Lys	Gly	Ala	Cys	Ile	Gly	Ser	Gly	Ser	Phe	Gly	Ser	Val	Tyr	Leu
		420					425					430		Gly
Met	Asn	Ala	His	Thr	Gly	Glu	Leu	Met	Ala	Val	Lys	Gln	Val	Glu
	435					440					445			Ile
Lys	Asn	Asn	Asn	Ile	Gly	Val	Ser	Thr	Asp	Asn	Asn	Lys	Gln	Ala
	450				455					460				Asn
Ser	Asp	Glu	Asn	Asn	Glu	Gln	Glu	Glu	Gln	Gln	Glu	Lys	Ile	Glu
465				470					475					480
Val	Gly	Ala	Val	Ser	His	Pro	Lys	Thr	Asn	Gln	Asn	Ile	His	Arg
				485					490					495
Met	Val	Asp	Ala	Leu	Gln	His	Glu	Met	Asn	Leu	Leu	Lys	Glu	Leu
		500					505					510		His
His	Glu	Asn	Ile	Val	Thr	Tyr	Tyr	Gly	Ala	Ser	Gln	Glu	Gly	Gly
	515					520					525			Asn
Leu	Asn	Ile	Phe	Leu	Glu	Tyr	Val	Pro	Gly	Gly	Ser	Val	Ser	Ser
	530				535						540			Met
Leu	Asn	Asn	Tyr	Gly	Pro	Phe	Glu	Glu	Ser	Leu	Ile	Thr	Asn	Phe
545				550					555					560
Arg	Gln	Ile	Leu	Ile	Gly	Val	Ala	Tyr	Leu	His	Lys	Lys	Asn	Ile
				565					570					575
His	Arg	Asp	Ile	Lys	Gly	Ala	Asn	Ile	Leu	Ile	Asp	Ile	Lys	Gly
		580					585					590		Cys
Val	Lys	Ile	Thr	Asp	Phe	Gly	Ile	Ser	Lys	Lys	Leu	Ser	Pro	Leu
	595					600					605			Asn
Lys	Lys	Gln	Asn	Lys	Arg	Ala	Ser	Leu	Gln	Gly	Ser	Val	Phe	Trp
	610				615						620			Met
Ser	Pro	Glu	Val	Val	Lys	Gln	Ser	Ala	Thr	Thr	Ala	Lys	Ala	Asp
625				630					635					640
Trp	Ser	Thr	Gly	Cys	Val	Val	Ile	Glu	Met	Phe	Thr	Gly	Lys	His
				645					650					655
Phe	Pro	Asp	Phe	Ser	Gln	Met	Gln	Ala	Ile	Phe	Lys	Ile	Gly	Thr
		660					665					670		Asn
Thr	Thr	Pro	Glu	Ile	Pro	Ser	Trp	Ala	Thr	Ser	Glu	Gly	Lys	Asn
	675					680					685			Phe
Leu	Arg	Lys	Ala	Phe	Glu	Leu	Asp	Tyr	Gln	Tyr	Arg	Pro	Ser	Ala
	690				695						700			Leu
Glu	Leu	Leu	Gln	His	Pro	Trp	Leu	Asp	Ala	His	Ile	Ile		
705					710						715			

<210> 85
 <211> 3083
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

5

<400> 85

```

tgcactcaaa aaccttctta gttacaggaa aaggtaacga tacgataaga aaagcctttg 60
aactgcctat cctgcaccct aacacagatc taaccacta ttcgggtaag gaagtgtcat 120
gcatgtctgc aaagggacta gaagaaagtt acaggattac ataagcaaaa aaccggaatt 180
acagacacac cattttttat cctgcggccc catttccgtc ttcgagggga aggatcaaag 240
gcgcttagcc caatcttgat gattcaccgt ggaagaaagg aattgcagaa cccccagcca 300
cgtaacacag ccaattagtt ttctatatcg ggaacgtga ttgattgcgc atttttggct 360
gcatcataat acatcgatga gatctagagc accctttgat gggttaagtc cgggttaaag 420
ttagtagatc aatgatttcg tagtgcatth taaagggagc gcttatccat gggtgattgc 480
gtttacaacg ttttgtgtgt actcataata gccaatctaa aattaaacaa caacaacaac 540
gcacaattaa tatgtatcag cccaataacc tttttctctt actgtaattt actactaaat 600
tgggggccgga cgtttttgat cttgttccct gcccggtgtt taccttgtat attacttttc 660
ctcttttatg tatttaaggt aaattaatta tcttttgatc ttaatatatt tctcaaaatg 720
cttcccttgt agttcggtat ttttgcctct tcagatattt aaactaccgt ataccataac 780
tgtttcgtga agtagataca aacatcgact atcctattac gatttatttt acattatcat 840
attataaatc gaccagtagt attgttaaag attaaaagca taatatacta ctgtcattag 900
tcacctacag agaaacaaat tcctactggc acccattact ggtgaaaaag gaaaaaata 960
ataaaagaaa agcttttcta ttcctctccc cacaacaaaa atgcaagcgg atatgcatgg 1020
aaaacttcac gctgccttag aagatggttt cttcctcttt ccttttgaac agcaacaaca 1080
acctaacatt tattatgaca caaccaccga tcaagaagac cgtccttgtt tttcttttgg 1140
atctacaatt tcccctagaa gttggcattt tgaaaagtct gacaaaattg cctcatctca 1200
gctgcagaac ttggttcata cacaaccaat tcatttaatt aatcctcaaa tattgttcaa 1260
tgaagagttt ctgaatttgg aaaatattga ttctcagcct atttccaagg aaacgaaaac 1320
tacgaaggac tgcacaatgg caactggtcc tgaaagagga aaaaagagct ctgaaagtac 1380
cagatcctct tcattatcat ctcttttttc taatgatgaa tccgcatcta cgttccactc 1440
atcattcaat aacctatgata actttcaaaa gagcaacaga aatggagatg atatcgatat 1500
tagtgacaca ataaaatatg aaactaatat aaatgcacaa aaagatatca aaatatcca 1560
agaaaatttt gaattcaatg aattcccata cacacaagac ttctaccatc ataccacca 1620
ttatacctat tcaaaaccca caaatattca tgaatcaata aattcaaaaa acacggattc 1680
atactcccaa tatcaagatc agtttccacc acatactgat aacatacatt cctttaataa 1740
tcgtcactat agcaaccata aaagcactaa ttgtaattac tataataata ccagcaataa 1800
taacaacgcc tccgataatg tatatgaggc agatccattt atagatgaac ctcaggtgcc 1860
ctcctactat taccatttag aaattgcctt cgacgttgaa aaatcaccac cgccatcact 1920
acaaaaatta aattcaaaaag agttagaatt cctaaaaaag ttgaaactca atcgtcaag 1980
atatgctgag gcttactcct tcagcagttc taatgatcaa gattattatg acaaggtcag 2040
gtttcaagaa atatcctaca agtttagtaa aacctattct taattctcga aaagtactac 2100
aatcttcccc ctccctcaa aatatatcca ttcacactca tttctttatt tccattgtct 2160
cactcaaat gctaagaatt tgtgtatttg catatatata tattatatat aggtatatat 2220
atgtattcaa tgtctcaagc tccatgacat aataccgtag cgttatttagc cttatcgtat 2280
gtcgcgatgg gaaaggagat tcgttttaat cttgaaaaac cttcgtagcg aataatgcga 2340
cataaatctt gagagagtac atcaccaaat tcactttggt aaaccgcacc atcgtgcttt 2400
gcattcttat tcttttggc tacactaaaa ttattagcat ttctctaaat gagctccagt 2460
gaagacgaag acgacaagtt cttgtatggt tccgactccg aattagcact accttcatct 2520
aaacgatcaa gagatgatga agcagacgca ggtgcgtcca gtaatcctga tatagttaaa 2580
aggcaaaaat tcgactctcc cgtggaagaa actccagcta ctgccagaga tgatcgttct 2640
gatgaagata tctactctga ctccctcagat gacgatagtg attctgacct agaggttatc 2700
ataagtctgg gtccctgacc tactaggtta gatgcaaaac tactcgattc ttattctacc 2760
gcagcgacat cttcaagcaa agacgtaatt agcgtagcta cagatgtatc caataccatc 2820
acaaagacat cagatgaaag actaataaca gaaggagaag caaatcaagg tctaaccgca 2880
acgaccgtaa aagctacaga gagcgatgga aatgtaccga aagcaatgac tggttctata 2940
gacctggata aagagggaat ctttgatagt gttggcataa cgacaataga tctgaagta 3000
ttaaaggaga aacctggag gcaaccgggg gccaaactaa gtgattattt caattacggt 3060
ttaacgaat ttacctggat gga 3083
    
```

10 <210> 86
 <211> 360
 <212> PRT
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

15 <400> 86

Met	Gln	Ala	Asp	Met	His	Gly	Lys	Leu	His	Ala	Ala	Leu	Glu	Asp	Gly
1				5					10					15	
Phe	Phe	Leu	Phe	Pro	Phe	Glu	Gln	Gln	Gln	Gln	Pro	Asn	Ile	Tyr	Tyr
		20					25						30		
Asp	Thr	Thr	Thr	Asp	Gln	Glu	Asp	Arg	Pro	Cys	Phe	Ser	Phe	Gly	Ser
	35					40						45			
Thr	Ile	Ser	Pro	Arg	Ser	Trp	His	Phe	Glu	Lys	Ser	Asp	Lys	Ile	Ala
	50					55					60				
Ser	Ser	Gln	Leu	Gln	Asn	Leu	Val	His	Thr	Gln	Pro	Ile	His	Leu	Ile
65					70					75					80
Asn	Pro	Gln	Ile	Leu	Phe	Asn	Glu	Glu	Phe	Leu	Asn	Leu	Glu	Asn	Ile
			85						90					95	
Asp	Ser	Gln	Pro	Ile	Ser	Lys	Glu	Thr	Lys	Thr	Thr	Lys	Asp	Cys	Thr
			100					105					110		
Met	Ala	Thr	Gly	Pro	Glu	Arg	Gly	Lys	Lys	Ser	Ser	Glu	Ser	Thr	Arg
	115						120					125			
Ser	Ser	Ser	Leu	Ser	Ser	Leu	Phe	Ser	Asn	Asp	Glu	Ser	Ala	Ser	Thr
	130					135					140				
Phe	His	Ser	Ser	Phe	Asn	Asn	His	Asp	Asn	Phe	Gln	Lys	Ser	Asn	Arg
145					150					155					160
Asn	Gly	Asp	Asp	Ile	Asp	Ile	Ser	Asp	Thr	Ile	Lys	Tyr	Glu	Thr	Asn
			165						170					175	
Thr	Asn	Ala	Gln	Lys	Asp	Ile	Lys	Ile	Phe	Gln	Glu	Asn	Phe	Glu	Phe
		180						185					190		
Asn	Glu	Phe	Pro	Tyr	Thr	Gln	Asp	Phe	Tyr	Pro	Tyr	Thr	Thr	Asn	Tyr
	195					200						205			
Thr	Tyr	Ser	Lys	Pro	Thr	Asn	Ile	His	Glu	Ser	Ile	Asn	Ser	Lys	Asn
	210					215					220				
Thr	Asp	Ser	Tyr	Ser	Gln	Tyr	Gln	Asp	Gln	Phe	Pro	Pro	His	Thr	Asp
225					230					235					240
Asn	Ile	His	Ser	Phe	Asn	Asn	Arg	His	Tyr	Ser	Asn	His	Lys	Ser	Thr
			245						250					255	
Asn	Cys	Asn	Tyr	Tyr	Asn	Asn	Thr	Ser	Asn	Asn	Asn	Asn	Ala	Ser	Asp
		260					265						270		
Asn	Val	Tyr	Glu	Ala	Asp	Pro	Phe	Ile	Asp	Glu	Pro	Gln	Val	Pro	Ser
	275						280					285			
Tyr	Tyr	Tyr	Pro	Leu	Glu	Ile	Ala	Phe	Asp	Val	Glu	Lys	Ser	Pro	Pro
	290					295					300				
Pro	Ser	Leu	Gln	Lys	Leu	Asn	Ser	Lys	Glu	Leu	Glu	Phe	Leu	Lys	Lys
305					310					315					320
Leu	Asn	Ser	Lys	Leu	Ser	Arg	Tyr	Ala	Ala	Ala	Tyr	Ser	Phe	Ser	Ser
			325						330					335	
Ser	Asn	Asp	Gln	Asp	Tyr	Tyr	Asp	Lys	Val	Arg	Phe	Gln	Glu	Ile	Ser
		340						345					350		
Tyr	Lys	Phe	Ser	Lys	Thr	Tyr	Ser								
		355					360								

<210> 87
 <211> 3938
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*
 <400> 87

```

cccaatgcc cacttttctc gaggagttga aacaagcggg acaactgcta cgtcataaaa 60
atggggagta caagggagga gccataagcc gggtaaaatt tggcgtgtt tttcttaatc 120
taaaaatagt tcaacaaaaa aatttgggct ccgcccattc agaccaaagc aatcttcggc 180
cttaacaagc caaagggaac gaaacccaga ctctaccatg catttcgaac atcttgtagc 240
taactacact ggtaaccagc atacctatct tctcagtagc tgtttcacca agactccgca 300
ctcatggtaa gtagaaaaag aaaactctca caaaaatctg agtggcacag cttttccaaa 360
tacgcttttt aaacttgag aaataaagat gtattaccgc ctggtgcctt aaaatatcct 420
tttctccggg tgtccaataa tttatgttac ggcggctatt tgagtttttg tggaaatctc 480
tatcattaat aaatgtcagc cttgtgtctt aaatgcaatt caacagggaa aaggcgcgag 540
acttcggcgg caaaaagcca cagacaagtg ctggttgcaa agaggtaaag aagtaatgag 600
tgtaatcaaa tagatatatt aaggtagcaa ctacccggc tgtccatttt cttttcctga 660
ataacttctt ctgtcttcac acattcattt cattttttatt ttccaatata actcaacgag 720
aaagaagtta caagatctat ctttcaaaat agtttacagt tacctttact ttaccctttc 780

```

```

ccttttcagt ttgttaccct ttctcctaaa agtttttattt tttgggtaaa gatataaagg 840
acactccagt cgggttaagg ggctgtctag agaataataa cctgtattta tttaccaggc 900
ttatcagaaa agttaatcgt gttcttaaat attcattgaa aagggaacgtg atacagacgt 960
aataaaagaa gagtactaag cttaacttaa taggtcattt atgggtgaaa aacgtagtag 1020
acagagttcc agtagtggct cagagttcag tgttccacct gatgtcgata acccgccact 1080
ttctatccct ttgaagactt tatcagacag atatcagctg atcgaaaaac taggtgcagg 1140
atcatttggt tgtgtaactt tagccaaagc gcaatttcct ttatcgaaca tattgggtaa 1200
acaacatgat ataaggggta ctttaatgga tcagcctaaa aatggtcacc aaaactatat 1260
aacaagaca caaggtgtag tggctataaa gacaatgatg acaaaactgc atacactcca 1320
ggattatacg agggtcagag aaattaagtt catactggca atcccagcga atgaccatct 1380
gatacaaatt tttgaggtct ttattgactc tgaaaattac caattacata tcgtaatgga 1440
atgtatggag caaaacctat atcaaatgat gaaacataga aggcgcggag ttttttcgat 1500
tccttctttg aaatctattc tatcgcagat actggctggg ttaaaacaca tccacgaaca 1560
taatttcttc cacagagatt taaaacctga aaatattcct atcacacca gtaccagta 1620
ttttgaaaag gagtacctga accagattgg atatcaagat aactatgtca ttaaacttgc 1680
agattttggg ttggcacgcc atgttgaaaa taaaaacctg tatacggcct acgtttccac 1740
aagatgggat agatcgctg aaatattatt aagaagtggg tactattcca aacctttgga 1800
tattttgggc ttccgggtgcg tggcgggtgga agttactgtt ttccagagctc tcttccccgg 1860
tgctaacgaa atcgatcaga tatggaaaaat tttagaagtt cttgggtacac ctatcaaacy 1920
ttctgatttt gtttaatacaa accacatcac agctccacca cctgggtggat tttgggatga 1980
tgccagtaat ttggtccata aattaaactt gaaattgcct tatgtagaag gttcatcggt 2040
ggatcatcta ctttctagct cccaactatc cgatttatct gaggttgta aaaagtgtt 2100
aagatgggat cctaataaaa gggcaacagc ccaagagctt tgtgaaatgc cattttttga 2160
aaacacccgt gcagcccaag tagacgcaag aggcaatgtg actaatacag aacaagcatt 2220
gatttttgca ggtataaatc cagtagcgac caacacaaaag cccatatatt ttaactcttc 2280
aacaataatt cccgcagaaa cagagtctaa tgatattgat atcagcaaca acgatcacga 2340
ttctcatgct atgtgctcac caacattaaa tcaagaaaaa ctaactttgg tagaattttt 2400
aaacgaattc gttgaagaag ataagatga tgcctcaata cctgatgttg gaacagattc 2460
taccatttca gattctattg atgagactga attatcaaaa gaaattcgta ataatttggc 2520
cctttgtcaa ctaccagatg aagaagtctt agatcattca ttatcgaata ttaggcagtt 2580
gacaaatgat attgaaatta taaataaaga tgaagcagac aacatggaac agctattttt 2640
tgacctggaa attcctgaaa aggatgagtt ccagagaaaa caaccattta atgaacttgc 2700
agatattgat gaagacatcg ttctaccata tgggaacaac tcaaattaca cacatacaga 2760
taggtcacat catagaggtg ataagtgttt ggggtgatgc tctttaggcg attcgtttaa 2820
ttcaatgcca gattttactc caagaaattt cttgatacct acattaaaaa aatcacggga 2880
aaagttcgag cctcatctat ccaattcaaa ccaacatttt ggaaatgtaa ccttctaata 2940
atttgtcatt tgactgacga atcgtaggc acagttatat agttatatac acatagacat 3000
acatatgttc gcatatatat tatattacta tgcattcacc taaatagcta ctgctctatt 3060
aatacagtcg ttttttgatg gctttaattt aacttattag acattacttt gcgtttattc 3120
cctccaata tatttttatg tttgtttttc ttgaacattt tatgatttct tgctcttggc 3180
ggctactgat tttgttaagc aactcatcaa gaggtcaaaa aaagtagaac gagatctttg 3240
tgttcggtta cccggctcag atcctaactt ggtatgttta ttctgataag ttactgttgt 3300
ccacaggcaa tactctgcag aaaattaaaa cggcattaat gctaggacaa ccagaactgt 3360
tactactgta tgtgcgatag ttgataactg caacattatg cccggtatat tctcaaaaaa 3420
ccctattact gcatacgaag aaatcgcaag agaaatcttt cggtttgga aagctcactg 3480
tgaggttcc tggagccaat agtaatacag cacaatccaa ggaaaaatct ggcctatatg 3540
caagggaagg gagatagtca aaagcattct ttccctaga agttgggtgca tatatggcat 3600
cgtaaaca tattaccccc aaaatttctt ctctaaacga tgtgcttggc ctttgttttg 3660
gtttttgatg tccgtcgttt gaggccctt gcggaaaatc gagatcgccg aatggcacgc 3720
gaggaaggg aaataagggt taaaggcact gaaacaatag gcaagaagta ggcgagagcc 3780
gacatacgag actaatgtgt ccgcgtttct aaggccactt ttcaatggaa cggatattga 3840
tatgctagta aaaggacgag ctcaagagcg aaaatataag taaagaattc gagtgcactt 3900
gtctccatgc agcaagattt catatgagtc ttttttat 3938

```

<210> 88
 <211> 645
 <212> PRT
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

 <400> 88

Met	Val	Glu	Lys	Arg	Ser	Arg	Gln	Ser	Ser	Ser	Ser	Gly	Ser	Glu	Phe
1				5				10					15		
Ser	Val	Pro	Pro	Asp	Val	Asp	Asn	Pro	Pro	Leu	Ser	Ile	Pro	Leu	Lys
			20				25					30			
Thr	Leu	Ser	Asp	Arg	Tyr	Gln	Leu	Ile	Glu	Lys	Leu	Gly	Ala	Gly	Ser

	35					40					45				
Phe	Gly	Cys	Val	Thr	Leu	Ala	Lys	Ala	Gln	Phe	Pro	Leu	Ser	Asn	Ile
50						55				60					
Leu	Gly	Lys	Gln	His	Asp	Ile	Arg	Gly	Thr	Leu	Met	Asp	Gln	Pro	Lys
65					70					75					80
Asn	Gly	His	Gln	Asn	Tyr	Ile	Thr	Lys	Thr	Gln	Gly	Val	Val	Ala	Ile
				85					90					95	
Lys	Thr	Met	Met	Thr	Lys	Leu	His	Thr	Leu	Gln	Asp	Tyr	Thr	Arg	Val
			100					105					110		
Arg	Glu	Ile	Lys	Phe	Ile	Leu	Ala	Ile	Pro	Ala	Asn	Asp	His	Leu	Ile
			115				120					125			
Gln	Ile	Phe	Glu	Val	Phe	Ile	Asp	Ser	Glu	Asn	Tyr	Gln	Leu	His	Ile
	130					135					140				
Val	Met	Glu	Cys	Met	Glu	Gln	Asn	Leu	Tyr	Gln	Met	Met	Lys	His	Arg
145					150					155					160
Arg	Arg	Arg	Val	Phe	Ser	Ile	Pro	Ser	Leu	Lys	Ser	Ile	Leu	Ser	Gln
				165					170					175	
Ile	Leu	Ala	Gly	Leu	Lys	His	Ile	His	Glu	His	Asn	Phe	Phe	His	Arg
			180					185					190		
Asp	Leu	Lys	Pro	Glu	Asn	Ile	Leu	Ile	Thr	Pro	Ser	Thr	Gln	Tyr	Phe
		195					200					205			
Glu	Lys	Glu	Tyr	Met	Asn	Gln	Ile	Gly	Tyr	Gln	Asp	Asn	Tyr	Val	Ile
	210					215					220				
Lys	Leu	Ala	Asp	Phe	Gly	Leu	Ala	Arg	His	Val	Glu	Asn	Lys	Asn	Pro
225					230					235					240
Tyr	Thr	Ala	Tyr	Val	Ser	Thr	Arg	Trp	Tyr	Arg	Ser	Pro	Glu	Ile	Leu
				245					250					255	
Leu	Arg	Ser	Gly	Tyr	Tyr	Ser	Lys	Pro	Leu	Asp	Ile	Trp	Ala	Phe	Gly
			260					265					270		
Cys	Val	Ala	Val	Glu	Val	Thr	Val	Phe	Arg	Ala	Leu	Phe	Pro	Gly	Ala
			275				280					285			
Asn	Glu	Ile	Asp	Gln	Ile	Trp	Lys	Ile	Leu	Glu	Val	Leu	Gly	Thr	Pro
	290					295					300				
Ile	Lys	Arg	Ser	Asp	Phe	Val	Asn	Thr	Asn	His	Ile	Thr	Ala	Pro	Pro
305					310					315					320
Pro	Gly	Gly	Phe	Trp	Asp	Asp	Ala	Ser	Asn	Leu	Val	His	Lys	Leu	Asn
				325					330					335	
Leu	Lys	Leu	Pro	Tyr	Val	Glu	Gly	Ser	Ser	Leu	Asp	His	Leu	Leu	Ser
			340					345					350		
Ser	Ser	Gln	Leu	Ser	Asp	Leu	Ser	Glu	Val	Val	Lys	Lys	Cys	Leu	Arg
			355				360					365			
Trp	Asp	Pro	Asn	Glu	Arg	Ala	Thr	Ala	Gln	Glu	Leu	Cys	Glu	Met	Pro
	370					375					380				
Phe	Phe	Glu	Asn	Thr	Val	Ala	Ala	Gln	Val	Asp	Ala	Arg	Gly	Asn	Val
385					390					395					

Gln Pro Phe Asn Glu His Ala Asp Ile Asp Glu Asp Ile Val Leu Pro
 565 570 575
 Tyr Gly Asn Asn Ser Asn Tyr Thr His Thr Asp Arg Ser His His Arg
 580 585 590
 Gly Asp Asn Val Leu Gly Asp Ala Ser Leu Gly Asp Ser Phe Asn Ser
 595 600 605
 Met Pro Asp Phe Thr Pro Arg Asn Phe Leu Ile Pro Thr Leu Lys Lys
 610 615 620
 Ser Arg Glu Lys Phe Glu Pro His Leu Ser Asn Ser Asn Gln His Phe
 625 630 635 640
 Gly Asn Val Thr Phe
 645

<210> 89
 <211> 3884
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*
 <400> 89

atattgtttt ttccctagct gttttcggtt tgggttatgaa cgcattgtct gcgaaaagaa 60
 acgtggataa gtattataga aacagcactt cttcggccaa caatatcacg caaattgagc 120
 aagatagtagc tataaaagggt cttttgcctt tttttgccta ttatgcaagc atogctttac 180
 tagtggtgat gcaaccaagc tttattacac tctctttcat cctttccggt gggttcacgg 240
 gagcatttac cgtcggaaga ataatcggtt gccatttaac taagcagagc tttcccatgt 300
 tcaatgcacc catgttaatt cctttgtgcc agatagtagt gtacaaaata tgtctatccc 360
 tttggggaat tgagtctaatt aaaatcgctt ttgccctatc ttggcttggg ttccggtctct 420
 cactaggtgt tcacattatg tttatgaatg acattatcca tgaatttact gagtacctgg 480
 atgtttatgc tttatccatc aagcgctcca agctgacata aatcgcaact tgtatctact 540
 tttttttatt cgaaaacaag gcacaacaat caatctatcg cctgtgaga ttttcaatct 600
 caagtttgtg taatagatag cgttatatta tagaactata aagggtccttg aatatacata 660
 gtgtttcatt cttattactg tatatgtgac tttacattgc tacttccgag gctatttgac 720
 gttttttgct tcaggtgagg cttggagggc aaagtgtcag aaaatcgccc aggcctgatg 780
 acacaaaaga gtagaaaacg agatctcaaa tatctcgagg cctgtcctct atacaaccgc 840
 ccagctctct gacaaagctc cagaacgggt gtcttttgtt tcgaaaagcc aaggtccctt 900
 ataattgccc tccattttgt gtcacctatt taagcaaaaa attgaaagt tactaacctt 960
 tcattaaaga gaaataacaa tattataaaa agcgcttaaa atgaatgaaa tggaaaacac 1020
 agatccagta ttacaggatg atctcgtatc caaatatgag agggaaattaa gcacagaaca 1080
 ggaagaggat acgcctgta tccttacgca gttgaatgaa gatggcacca cttcgaatta 1140
 tttcgacaaa aggaaactaa aaattgcccc tagatcaaca ctacagttca aagtgaggac 1200
 tccatttgaa ttagttagag attattgtcc agtcgttag tctcataccg gaagaacact 1260
 agatttacga attattccaa gaattgacag aggggttcgac catattgatg aagagtgggt 1320
 aggttataaa agaaattatt ttacctagt atcaacgttt gaaacggcaa attgtgattt 1380
 ggatactttt ttaaagagca gttttgatct tctcgttgaa gactcttcag tagaaagcag 1440
 attaagagtg caatatttct ctatcaaaat aaaagctaag aatgatgacg acgacacgga 1500
 aatcaactct gtccagcata cagcgaaacg cgacaaaagg cctcaatttt gtccttcagt 1560
 atgtccgttg gtgccttccc ctttgccaaa acatcaaatc ataagagaa cttcaaatgt 1620
 tcgaaatatc actaaaatga aaaaatacga ttccactttt tatttgcaca gagaccacgt 1680
 taattatgaa gaatatggag tggactcttt attgttttcc tatccagaag attctattca 1740
 gaaagtgtgc cgttatgaaa gagttcaatt tgcttcatca attagcgtga agaaaccatc 1800
 ccaacaaaat aaacacttta gcttgcatgt aatttttaggt gcagtggtag atccagatac 1860
 ctttcatggg gagaatcccg gaattcctta tgatgaactg gctttaaaaa atggatcaaa 1920
 agggatgttt gtgtatttgc aagaaatgaa aacgcctcct cttattatta gaggaagatc 1980
 accttctaac tatgcgtcat ctcagcgaat aactgtgaga acaccgtcga gtgtcaattc 2040
 ctcacaaaac agcacaaaaa gaaaaatgcc atcaatggcg cagccgttaa atgaaagttg 2100
 cttaaatgca agaccttcga aaaggcgatc caaagtggcg ctaggtgcac cgaactctgg 2160
 ggccctccatc tcgcctatca aatctcgtca atccacacca atggaagctt cgaaggaaaa 2220
 tgaggatccg ttcttcaggc caaataaaaag ggtggagact cttgaacata tccagaacaa 2280
 actgggtgct ttgaaaaatc aatgtccaga ttctctctg aaatatccga gttcatcttc 2340
 aagaggtagt gaagggtgtt tagaaaagga ggatttagtt tactcaagta gtttttctgt 2400
 taatatgaag caaatcgaac tgaaccggc acgctctttt gaacatgaga atgttttcaa 2460
 agtaggctca ttagcattca aaaaaatcaa tgaattacct catgaaaatt atgatataac 2520
 aatagagaag aaatcaatgg aacagaatta tctaagacca gagataggct caggttctga 2580
 atgcaaaaac agctatggta acgaactctc ctttcaaat atttctttct ctatactacc 2640
 taattcagca gaaaattttc acttggaac tgcacttttc ccagctacgg aagaggatgt 2700

```

gccaaggaca ttttcaagaa tattagaac aggttcgttt caaaattatt atcaaaaaat 2760
ggatgcagaa aatgcagata ggtatatatc gaaaggggtc aagttgattg caagcggtag 2820
tctaccatct ggtatatatta atagggaaga attgtttgag gaagatagtt tctataagta 2880
ttaaataaac taatgatttt aaatcgttaa aaaaatatgc gaattctgtg gatcgaacac 2940
aggacctcca gataacttga ccgaagtttt ttcttcagtc tggcgctctc ccaactgagc 3000
taaatccgct tactatttgt tatcagtaac ctcatatct acatagaata gcttaagtgt 3060
tttattagtt gccagaagaa ctactgatag ttgggaatat ttggtgaata atgaagattg 3120
ggtgaataat ttgataattt tgggattcaa ttgttaatca atgttacaat attatgtata 3180
cagaatatac tagaagttct ctccggagat cttgaagttc acaaaaggga atcgatattt 3240
ctacataata ttatcattac ttcttcccca tcttatattt gtcattcatt attgattatg 3300
atcaatgcaa taatgattgg tagttgccaa acatttaata cgatcctctg taatatttct 3360
atgaataatt atcacagcaa cgttcaatta tottcaattc ggcttcagta ctgcatgaaa 3420
tactcgctaa cattttcttt attctataat agcacagtga cacttaaacg tcaaacgtgg 3480
cgcacattaa tatacgatgt atgcatttgg cttgacactg ctgtaataag gaacatcatc 3540
atccatcaac tagtagtcac attagtagtg tattatcaca tgggtgtgtaa gaacattaca 3600
taaagattga aaaaaagtca tcaaaaataa aggaagctga aatgcaagga ctagtagtgt 3660
aatataataa tattgtgtag aagtatcgat accctttttg gaattattgt atcttcgagg 3720
gtggctttta atatatattt gaaaacctaa tattataacc tttcacaaca acgaaatccc 3780
aactgttgtg taataatttt actcaattct tactattgct ttatcaatcc ttgtatttga 3840
gctctcataa agtccgctga ctacttctca cgactcatgt catc 3884

```

<210> 90

<211> 627

5 <212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 90

Met	Asn	Glu	Met	Glu	Asn	Thr	Asp	Pro	Val	Leu	Gln	Asp	Asp	Leu	Val
1				5					10					15	
Ser	Lys	Tyr	Glu	Arg	Glu	Leu	Ser	Thr	Glu	Gln	Glu	Glu	Asp	Thr	Pro
			20					25					30		
Val	Ile	Leu	Thr	Gln	Leu	Asn	Glu	Asp	Gly	Thr	Thr	Ser	Asn	Tyr	Phe
		35					40					45			
Asp	Lys	Arg	Lys	Leu	Lys	Ile	Ala	Pro	Arg	Ser	Thr	Leu	Gln	Phe	Lys
	50					55					60				
Val	Gly	Pro	Pro	Phe	Glu	Leu	Val	Arg	Asp	Tyr	Cys	Pro	Val	Val	Glu
65					70					75					80
Ser	His	Thr	Gly	Arg	Thr	Leu	Asp	Leu	Arg	Ile	Ile	Pro	Arg	Ile	Asp
				85					90					95	
Arg	Gly	Phe	Asp	His	Ile	Asp	Glu	Glu	Trp	Val	Gly	Tyr	Lys	Arg	Asn
			100					105					110		
Tyr	Phe	Thr	Leu	Val	Ser	Thr	Phe	Glu	Thr	Ala	Asn	Cys	Asp	Leu	Asp
		115					120					125			
Thr	Phe	Leu	Lys	Ser	Ser	Phe	Asp	Leu	Leu	Val	Glu	Asp	Ser	Ser	Val
	130					135					140				
Glu	Ser	Arg	Leu	Arg	Val	Gln	Tyr	Phe	Ala	Ile	Lys	Ile	Lys	Ala	Lys
145					150					155					160
Asn	Asp	Asp	Asp	Asp	Thr	Glu	Ile	Asn	Leu	Val	Gln	His	Thr	Ala	Lys
				165					170					175	
Arg	Asp	Lys	Gly	Pro	Gln	Phe	Cys	Pro	Ser	Val	Cys	Pro	Leu	Val	Pro
			180					185					190		
Ser	Pro	Leu	Pro	Lys	His	Gln	Ile	Ile	Arg	Glu	Ala	Ser	Asn	Val	Arg
		195					200					205			
Asn	Ile	Thr	Lys	Met	Lys	Lys	Tyr	Asp	Ser	Thr	Phe	Tyr	Leu	His	Arg
	210					215					220				
Asp	His	Val	Asn	Tyr	Glu	Glu	Tyr	Gly	Val	Asp	Ser	Leu	Leu	Phe	Ser
225					230					235					240
Tyr	Pro	Glu	Asp	Ser	Ile	Gln	Lys	Val	Ala	Arg	Tyr	Glu	Arg	Val	Gln
			245						250					255	
Phe	Ala	Ser	Ser	Ile	Ser	Val	Lys	Lys	Pro	Ser	Gln	Gln	Asn	Lys	His
			260					265					270		
Phe	Ser	Leu	His	Val	Ile	Leu	Gly	Ala	Val	Val	Asp	Pro	Asp	Thr	Phe
	275						280				285				
His	Gly	Glu	Asn	Pro	Gly	Ile	Pro	Tyr	Asp	Glu	Leu	Ala	Leu	Lys	Asn
	290					295					300				

Gly	Ser	Lys	Gly	Met	Phe	Val	Tyr	Leu	Gln	Glu	Met	Lys	Thr	Pro	Pro
305					310					315					320
Leu	Ile	Ile	Arg	Gly	Arg	Ser	Pro	Ser	Asn	Tyr	Ala	Ser	Ser	Gln	Arg
				325					330						335
Ile	Thr	Val	Arg	Thr	Pro	Ser	Ser	Val	Asn	Ser	Ser	Gln	Asn	Ser	Thr
				340					345						350
Lys	Arg	Lys	Met	Pro	Ser	Met	Ala	Gln	Pro	Leu	Asn	Glu	Ser	Cys	Leu
				355					360						365
Asn	Ala	Arg	Pro	Ser	Lys	Arg	Arg	Ser	Lys	Val	Ala	Leu	Gly	Ala	Pro
				370					375						380
Asn	Ser	Gly	Ala	Ser	Ile	Ser	Pro	Ile	Lys	Ser	Arg	Gln	Ser	Thr	Pro
385					390					395					400
Met	Glu	Ala	Ser	Lys	Glu	Asn	Glu	Asp	Pro	Phe	Phe	Arg	Pro	Asn	Lys
				405					410						415
Arg	Val	Glu	Thr	Leu	Glu	His	Ile	Gln	Asn	Lys	Leu	Gly	Ala	Leu	Lys
				420					425						430
Asn	Gln	Cys	Pro	Asp	Ser	Ser	Leu	Lys	Tyr	Pro	Ser	Ser	Ser	Ser	Arg
				435				440							445
Gly	Met	Glu	Gly	Cys	Leu	Glu	Lys	Glu	Asp	Leu	Val	Tyr	Ser	Ser	Ser
				450				455							460
Phe	Ser	Val	Asn	Met	Lys	Gln	Ile	Glu	Leu	Lys	Pro	Ala	Arg	Ser	Phe
465					470					475					480
Glu	His	Glu	Asn	Val	Phe	Lys	Val	Gly	Ser	Leu	Ala	Phe	Lys	Lys	Ile
				485					490						495
Asn	Glu	Leu	Pro	His	Glu	Asn	Tyr	Asp	Ile	Thr	Ile	Glu	Lys	Lys	Ser
				500				505							510
Met	Glu	Gln	Asn	Tyr	Leu	Arg	Pro	Glu	Ile	Gly	Ser	Arg	Ser	Glu	Cys
				515				520							525
Lys	Thr	Ser	Tyr	Gly	Asn	Glu	Leu	Ser	Leu	Ser	Asn	Ile	Ser	Phe	Ser
				530				535							540
Ile	Leu	Pro	Asn	Ser	Ala	Glu	Asn	Phe	His	Leu	Glu	Thr	Ala	Leu	Phe
545					550					555					560
Pro	Ala	Thr	Glu	Glu	Asp	Val	Pro	Arg	Thr	Phe	Ser	Arg	Ile	Leu	Glu
				565						570					575
Thr	Gly	Ser	Phe	Gln	Asn	Tyr	Tyr	Gln	Lys	Met	Asp	Ala	Glu	Asn	Ala
				580				585							590
Asp	Arg	Val	Tyr	Ser	Lys	Gly	Val	Lys	Leu	Ile	Ala	Ser	Gly	Thr	Leu
				595				600							605
Pro	Ser	Gly	Ile	Phe	Asn	Arg	Glu	Glu	Leu	Phe	Glu	Glu	Asp	Ser	Phe
				610			615								620
Tyr	Lys	Tyr													
625															

<210> 91
 <211> 3197
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

 <400> 91

taatgcccat tatgccata aagacttgcc gctacatata gatttaccat ttttagaaaa 60
 tgtgccaggt ttccagattc tacaatctct acctgctaca gaaggggaag atcccaatac 120
 tagaccocat aattacttcg tggacgectt ttatgctacc cgtaatgta gagaatcgga 180
 ttttgaggct tatgaggctt taaaaattgt tctgttaa atatatatg aaaacggcga 240
 taagagggtac taccaatcca aacctttaat cgaacatcac gacattaacg aggacaatac 300
 tcttctgggt aattatgagg ccttgattaa atgcattaac tactctccac cataccaagc 360
 acctttcact ttcggaattt atgataagcc ctccagatcta aataataatc cggacttgaa 420
 ttttaattacc accccagcaa aactaacaga gagatttttg ttttaagtctt tcattagggg 480
 gttgaacttg ttcgagagtc atatcaatga cttcaacaat caatttagat tgcagttgcc 540
 cgaaaaactgt tgtgttatct ttaacaacag gagaattttg catgctaact ctttaacaag 600
 ctcaaaccag caatggttaa aggggttgcta tttcgattct gatactttca agagtaaatt 660
 aaagtctctg gaagagaagt ttctcatga caaataactt cattttttca gcgtagtatt 720
 gtgattcttt atatttattt atttctctc tgtgtagtga caattttttt ttaatgtttc 780
 atgttaaata tatttatatt aagaagccgt cagtttctt ttgtttcatt gaaatcaata 840
 actaaaatta aaattataaa aggaataacg taaaagaaag tctactaccc aaggaaaatc 900

tactttattt agtgattata ttcaactaaa tatcattcaa ataacctcac atatttgtct 960
 tcaccttta gagtttacga tttactaagt tcacctctc atggcttttg agggattgag 1020
 gaaaaaatat aaaacaaggc aggaattggt caaagcactc actcctaaaa gacggtccat 1080
 tcacttgaa tccaatggtc actccaacgg aactcctgt tcaaacgcag atgttttgcc 1140
 tcattatga catttctgt cattggcggt taattcatta gagcaacatc aacagctat 1200
 ttcaatcgtc tttcaaaaaa aaaaaaaaaa aggcgatata agcagtcctg acattcacac 1260
 aacattggac ttccctttga atggcccgca tctatgcact catcagttca agttgaaaag 1320
 atgcgcaatc cttttaaact tattgaaagt cgttatggaa aaattaccgc taggtaaaaa 1380
 cactacagt agagatatct tctactccaa cgtggaattg tttcaaagac aagcaaacgt 1440
 agtcagtggt ctggacgtta tacgctttaa tttcaagctc tctccaagaa aatccttaa 1500
 cattatacca gctcaaaaagg gtttagttta ttccgcttcc cccattgata tttatgaca 1560
 tattctgaca tgtgaaaatg aaccaagat gcaaaagcaa acaattttcc ctggttaagc 1620
 ctgtctaatt ccatttttcc aagatgatgc ggtcatcaag ttaggggaca caagtatgtg 1680
 taatattgta atagtggaaa aagaagctgt cttcaccaaa ttagtaaaata attatcaca 1740
 gttgagtaca aataccatgc tcattacagg taagggtatt ccagatttct tgacaagggt 1800
 attcctaaaa aaactagaac aatattgctc caaattgata tcggactggt ctatatctac 1860
 cgatgcccgc cctatggga ttagcatagc cctaaattat actcactcga atgaacgcaa 1920
 cgcttatatt tgcacgatgg caaactataa aggaattcgt attacgcaag ttttagcaca 1980
 aaataatgaa tgcataaca aatccattca attgttgagt ttgaatcagc gcgactactc 2040
 cttagccaag aatttgatag catctctgac tgccaacagc tgggatattg caacttcacc 2100
 attaaagaac gtcgtcatag aatgtcagcg ggaaattttt ttccaaaaga aagctgaaat 2160
 gaacgagatt gatgccagaa tttttaaaata caaatgaata agaattggag ctggtgcttt 2220
 ataaaaaatg tttttcaaga attgaaaacg gttacattta aatattatat aaattgaaat 2280
 ctttgataat gagtactagt ccaaaaaaaa atacaatttc aaaaaataa atgccatctc 2340
 ctagaatcga accagggttt catcgccac aacgatgtgt actaaccact atactaagat 2400
 ggcatatgat tttacaatga ttcgatggtg aatgagttat aagccatgta aggatcacta 2460
 gtcttttttc ttaagtaact ttttcgcttg tgatatcttg aaataccatt aaacatagat 2520
 aagctattga aatgtgaaga aaattcaaaa aaaaaaggga acagagtcac cttttgggta 2580
 gaaactaagc ttcaatggat gaatgtttac ccaattcatg tctactaggt gttcacctcg 2640
 tcatttcaac gcattcgggg ccacaaatag tttatcacta cccacctcc aatacagcat 2700
 ttctaacaag taatccaacg aagcatcagc acctctatgg aaacctgca aatctaaata 2760
 aaacacaaag tacaataaaa gaagaaaaac tcttttaattc tggctctacg aaaacagctt 2820
 ctcaaatgct tctaaccgag tcagcgaaaa gttacaatac cgctattacg ccacatga 2880
 caaatactaa tactaataat gtgacattac ctccaactag atcacatgct aatactgtag 2940
 gatcacaag ttcaattcct gcggctacta atgggtgtag ttatagaaaa accgatatcg 3000
 aagatacttc tcggactttt caataccaag aaactgaatc tgaacgtca tcatcgggat 3060
 taagtacag cgaattgtcc acagactact tagacatttc tagcgattcg ttttctatat 3120
 cttcttctt atcgtcatct tctttatctt cttctcctc aagttcatcc tcatcttccc 3180
 ctcgcaaga tggctta 3197

<210> 92

<211> 398

<212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 92

Met	Ala	Leu	Glu	Gly	Leu	Arg	Lys	Lys	Tyr	Lys	Thr	Arg	Gln	Glu	Leu
1				5					10					15	
Val	Lys	Ala	Leu	Thr	Pro	Lys	Arg	Arg	Ser	Ile	His	Leu	Asn	Ser	Asn
			20					25					30		
Gly	His	Ser	Asn	Gly	Thr	Pro	Cys	Ser	Asn	Ala	Asp	Val	Leu	Ala	His
		35					40					45			
Ile	Lys	His	Phe	Leu	Ser	Leu	Ala	Ala	Asn	Ser	Leu	Glu	Gln	His	Gln
	50					55					60				
Gln	Pro	Ile	Ser	Ile	Val	Phe	Gln	Asn	Lys	Lys	Lys	Gly	Asp	Thr	
65					70					75				80	
Ser	Ser	Pro	Asp	Ile	His	Thr	Thr	Leu	Asp	Phe	Pro	Leu	Asn	Gly	Pro
				85					90					95	
His	Leu	Cys	Thr	His	Gln	Phe	Lys	Leu	Lys	Arg	Cys	Ala	Ile	Leu	Leu
			100					105					110		
Asn	Leu	Leu	Lys	Val	Val	Met	Glu	Lys	Leu	Pro	Leu	Gly	Lys	Asn	Thr
		115					120					125			
Thr	Val	Arg	Asp	Ile	Phe	Tyr	Ser	Asn	Val	Glu	Leu	Phe	Gln	Arg	Gln
	130					135					140				
Ala	Asn	Val	Val	Gln	Trp	Leu	Asp	Val	Ile	Arg	Phe	Asn	Phe	Lys	Leu
145						150				155					160
Ser	Pro	Arg	Lys	Ser	Leu	Asn	Ile	Ile	Pro	Ala	Gln	Lys	Gly	Leu	Val
				165					170					175	
Tyr	Ser	Pro	Phe	Pro	Ile	Asp	Ile	Tyr	Asp	Asn	Ile	Leu	Thr	Cys	Glu
			180					185					190		
Asn	Glu	Pro	Lys	Met	Gln	Lys	Gln	Thr	Ile	Phe	Pro	Gly	Lys	Pro	Cys
		195					200					205			
Leu	Ile	Pro	Phe	Phe	Gln	Asp	Asp	Ala	Val	Ile	Lys	Leu	Gly	Thr	Thr
	210					215					220				
Ser	Met	Cys	Asn	Ile	Val	Ile	Val	Glu	Lys	Glu	Ala	Val	Phe	Thr	Lys
225					230					235					240
Leu	Val	Asn	Asn	Tyr	His	Lys	Leu	Ser	Thr	Asn	Thr	Met	Leu	Ile	Thr
				245					250					255	
Gly	Lys	Gly	Phe	Pro	Asp	Phe	Leu	Thr	Arg	Leu	Phe	Leu	Lys	Lys	Leu
			260					265					270		
Glu	Gln	Tyr	Cys	Ser	Lys	Leu	Ile	Ser	Asp	Cys	Ser	Ile	Phe	Thr	Asp
		275					280					285			
Ala	Asp	Pro	Tyr	Gly	Ile	Ser	Ile	Ala	Leu	Asn	Tyr	Thr	His	Ser	Asn
	290					295					300				
Glu	Arg	Asn	Ala	Tyr	Ile	Cys	Thr	Met	Ala	Asn	Tyr	Lys	Gly	Ile	Arg
305					310					315					320
Ile	Thr	Gln	Val	Leu	Ala	Gln	Asn	Asn	Glu	Val	His	Asn	Lys	Ser	Ile
				325					330					335	
Gln	Leu	Leu	Ser	Leu	Asn	Gln	Arg	Asp	Tyr	Ser	Leu	Ala	Lys	Asn	Leu
			340					345					350		
Ile	Ala	Ser	Leu	Thr	Ala	Asn	Ser	Trp	Asp	Ile	Ala	Thr	Ser	Pro	Leu
		355					360					365			
Lys	Asn	Val	Val	Ile	Glu	Cys	Gln	Arg	Glu	Ile	Phe	Phe	Gln	Lys	Lys
	370					375					380				
Ala	Glu	Met	Asn	Glu	Ile	Asp	Ala	Arg	Ile	Phe	Lys	Tyr	Lys		
385					390					395					

<210> 93
 <211> 3194
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 93

```

aaaaagccgt ttgcggaaaag caatgttttg cccattcaga aacaatatct ttgctgtatc 60
cctacatgta ttatgccgcg ttgcttgtgc aggtacggag tccctgcacg atttttcaac 120
aagggtctaga ttgctaaga cgatgagggc gagcccgaaa caaacaagcc aaaaaccgga 180
atttcgcgct tgggtgtgct tgcacatctt tctgtgtggt aatgcacctg gtgcacgctg 240
cgaaggtgac gtagcaatcc aaaaaaggga agtctaggcg ctttcaaccg ccccccaccg 300
tgcacgcgga ttggttgtca caattcgcag acatattggc aatgtttcct cccctcctgt 360
tgatgcggtt aaggggtgtc tgttatgcag gaacagggaag gtaaaaatta aatgggcctt 420
aattctgtag acactctctt ggggtaataa gggtaaaagc cattgttgaa gtaccgaatc 480
atctcttcat tttttcagcg cttgttaagga attaatcccc aggaaggtgc cgatgtaatg 540
agagaagtat tcttgttgta tctctttggt tccggagtatt tcttctttc ttttctttgt 600
agtttttatg caaatgcagg gaacagagta cccggttaag gctgttagtc agccgcactc 660
tacacaaaat tacttggcaa acacgttggt tgggaaaagc tttatacttg gcggtgtagt 720
aattgtaaaag gatcaagatt gtgtcatgct aatgtgccgc tgtgtaacaa cctttttgaa 780
gcgcgtatct accaccggca aaaggccatt gtgtcacata aaaaaaaact cccgccaaag 840
ccagggttcat ttgcataag attcaccaca gtacggaaaa tacgataagt taaccagtaa 900
tttgctcgct ttagctactg ataaaccttc tctgttaaca ctattatctt tttattactt 960
tagatctttc cgtttgtgaa tagccatttt tagatatata atggggttca gaaaaatact 1020
tgctagcaaa tgcacacaca gtccgccacca taatcagcac cataagaacc tgaagtgtgca 1080
aaatcatcgc tatgtactta tttccaatat tacaggatcc catgaaacaa aatatttatc 1140
acccttcagg atggacaatt gttcagggaag cagaagacgt gataggctac atgtgaagct 1200
taaactcctt aggaataaaa tccacaacaa acttcacca aactgtcggt tcgatgacgc 1260
cactaagact agtgatgata aatgcgtctc ttatgaggtg cccgaaaggg atggccttgc 1320
tactatttcg ttagaagagg tttttccaaa gtccaacagg tgccaaatac ctgaagaaaa 1380
cttgggagaa acagatagcg ttattcacag agatttgga aattttgcaa atgagaatga 1440
ctatccacag tggagaaaag ttgaaagtca atataactta gagaatgtcc agcctgagga 1500
ggatgaaata gttgatagac tcaggtccga gattagaagc actaaattaa aatctgtaaa 1560

```

```

aacgacaagc agaacacttg aaaaagctat agaggctcga tgtactggaa agagagttct 1620
tcaacaacta agttgtcaga gcaaccaact caccaagatc gagagcaatt gtgacatgct 1680
taaaattcaa tctaacgtag ccgaccgaaa gattgacgaa cttgcccctg aaaatagaag 1740
cctgcttgca ttaaaatcac ccaacccctt caggaagaaa agggagagag aaaagcgaga 1800
ccagatcaac aatttgaagt taaagcatcg tcacttacag caagaaacta tgaagagagc 1860
ccaagattct gacaaaaatt tagccataaa tctaagttct gaatatggac ggtatggcca 1920
aggggtggaa agacagcgta ttcttagaga tgcacagaag tatcagtttg aagccgatga 1980
agaagataac caaatggaaa tgcacttgta cggaaaccta gaacaaataa aagcgtgag 2040
tggtgacttg aaaattatgg ctacgccttt tggcagagag tttgaagcac aaacacttag 2100
aatgtttgac atcgagaaca atgtacagca ggcagataat gctttacagg ccaagcgata 2160
tagattggag aaagtgatcg ggaaaagatg gtgatctggt atacacacaa aatctcgtgt 2220
ataaatatat tgaataaata gtttctaaaa aggcatacgc agatattctt gcgaaagaga 2280
aaaaaaaag agcgaggggg acattagtag tgaaggtctc aattcttctt tgtattttct 2340
ttcggagttg tcagacaaag ctttctcttt ccataaata aagtgcattc aaacatcggc 2400
aggtttgttt ttcccagttg ttacgtatct gtttcccgtt ccattcatga tcttaactg 2460
ggttaactga aaaatcaaca tgattttgtg aaaagtaaaa gagggtaaga aagatagata 2520
ccgctgtcgt gggactatat tttttacagt accaagtcta cttgcttctc ataaagttag 2580
taagttataa ttcatataat ttcatctgtc aaaaaagatt ttagttacaa aacgatata 2640
aagttcaatc ttgttgggaa aaaggaaaac attatgaagg gtttccggta atcactgcgt 2700
atgccacact attcctatag aattgtcttg taatgggtgct tatgctgcg aaaaattata 2760
ttctgcgctt gccttttata ttaagcgtca caacgccctt accaagatcg agcggattaa 2820
gacaagagtg tatctcaagc gtccgtatat gtttaagttg aaaaggatat ttagtaagaa 2880
taattctacc ctacaaacga tattagtaaa aaaaaaaatc aataatagag ttattgtaca 2940
aacatgttct gaaaattgga agcatcacat cgtatgctac tagagaaaat ttttactatc 3000
cttttttcca caagcccagc cctagcccga tcatcctatt aattgtcaga ccaccgaatg 3060
ctatcccgcg acggttgata taacgaaact ctttactgct ttgggtcaaa tatgcctctt 3120
ttccgcattt ttcggagta gttcattgcc gcatacatc cgcaacttgg acgaggatgt 3180
cctccttctc ttac 3194

```

<210> 94
 <211> 397
 <212> PRT
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 94

Met 1	Gly	Phe	Arg	Lys 5	Ile	Leu	Ala	Ser	Lys 10	Ser	His	His	Ser	Arg	His
His	Asn	Gln	His	His	Lys	Asn	Leu	Lys	Leu	Gln	Asn	His	Arg	Tyr	Val
			20					25				30			
Leu	Ile	Ser	Asn	Ile	Thr	Gly	Ser	His	Glu	Thr	Lys	Tyr	Leu	Ser	Pro
		35				40					45				
Phe	Arg	Met	Asp	Asn	Cys	Ser	Gly	Ser	Arg	Arg	Arg	Asp	Arg	Leu	His
	50					55					60				
Val	Lys	Leu	Lys	Ser	Leu	Arg	Asn	Lys	Ile	His	Lys	Gln	Leu	His	Pro
65					70				75						80
Asn	Cys	Arg	Phe	Asp	Asp	Ala	Thr	Lys	Thr	Ser	Asp	Asp	Lys	Cys	Val
				85					90					95	
Ser	Tyr	Glu	Val	Pro	Glu	Arg	Asp	Gly	Leu	Ala	Thr	Ile	Ser	Leu	Glu
			100					105					110		
Glu	Val	Phe	Pro	Lys	Ser	Asn	Arg	Cys	Gln	Ile	Pro	Glu	Glu	Asn	Leu
		115					120					125			
Gly	Glu	Thr	Asp	Ser	Val	Ile	His	Arg	Asp	Leu	Gly	Asn	Phe	Ala	Asn
	130					135					140				
Glu	Asn	Asp	Tyr	Pro	Gln	Trp	Arg	Lys	Val	Glu	Ser	Gln	Tyr	Asn	Leu
145					150					155					160
Glu	Asn	Val	Gln	Pro	Glu	Glu	Asp	Glu	Ile	Val	Asp	Arg	Leu	Arg	Ser
				165					170					175	
Glu	Ile	Arg	Ser	Thr	Lys	Leu	Lys	Ser	Val	Lys	Thr	Thr	Ser	Arg	Thr
			180					185					190		
Leu	Glu	Lys	Ala	Ile	Glu	Ala	Arg	Cys	Thr	Gly	Lys	Arg	Val	Leu	Gln
		195					200					205			
Gln	Leu	Ser	Cys	Gln	Ser	Asn	Gln	Leu	Thr	Lys	Ile	Glu	Ser	Asn	Cys
	210					215					220				
Asp	Met	Leu	Lys	Ile	Gln	Ser	Asn	Val	Ala	Asp	Arg	Lys	Ile	Asp	Glu
225					230					235					240
Leu	Ala	His	Glu	Asn	Arg	Ser	Leu	Leu	Ala	Leu	Lys	Ser	Pro	Asn	Pro
				245					250					255	
Phe	Arg	Lys	Lys	Arg	Glu	Arg	Glu	Lys	Arg	Asp	Gln	Ile	Asn	Asn	Leu
			260					265					270		
Lys	Leu	Lys	His	Arg	His	Leu	Gln	Glu	Glu	Thr	Met	Lys	Arg	Ala	Gln
		275					280					285			
Asp	Ser	Asp	Lys	Asn	Leu	Ala	Ile	Asn	Leu	Ser	Ser	Glu	Tyr	Gly	Arg
	290					295					300				
Tyr	Gly	Gln	Gly	Val	Glu	Arg	Gln	Arg	Ile	Leu	Arg	Asp	Ala	Gln	Lys
305					310					315					320
Tyr	Gln	Phe	Glu	Ala	Asp	Glu	Glu	Asp	Asn	Gln	Met	Glu	Ile	Asp	Leu
				325					330					335	
Tyr	Gly	Asn	Leu	Glu	Gln	Ile	Lys	Ala	Val	Ser	Gly	Asp	Leu	Lys	Ile
			340					345					350		
Met	Ala	His	Ala	Phe	Gly										

<210> 95
<211> 3875
<212> ADN
<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 95

ttattttcaag	catttttggg	gttggttggtg	cggttatatt	aaccctattg	aacaataatg	60
ccaataactc	tgctcacatc	ggccttttga	tattacctgg	cggttgcttc	gggtggtttg	120
cacaaagttc	catgctcgct	tctcaaattc	agttagacaa	gaagagccca	acttttcgat	180
cagattttgt	ctctattacc	acttttaaca	catttttgca	aaatctaggt	caagcactgg	240
gaggtgtcat	ctctaacact	gttttcagtg	ctgctgctat	caagaaatta	accaaggcta	300
atattcagct	cccagatgg	accacggtag	acaatctggt	aatctatagg	cagaccaatt	360
tcgatggctc	tcattccaaa	ttgggcaata	taattttctga	atctctcact	gacgtctttt	420
acattggcatt	aggattttat	gcattatctc	tcatttttgc	tggttttgc	tcaataaaga	480
aagtcacagc	aagcctgaga	taagttaagc	acgatctaga	aggtggcgag	cctcaaagta	540
taaagctgca	gaaaaaataa	acatgacttt	tagtaattgg	ctgttttagct	tgctgaattg	600
tgtaccacaa	ctaacgataa	cagtaagagg	gtaatccgag	acagtatgag	tacagctatt	660
aaatagttaa	tttagatttt	tatactggta	tgataaacga	cgttcatata	gcaagagcgt	720
caatgcctct	atgtcacctt	caatagaagt	ttcccttttt	atttcgactt	ttgtttttgt	780
atttttcggc	gtctgccttg	ttccattttt	aaggcgccaa	aaataaaata	aatgaagaa	840
cgattagtac	tcaaagaaca	ctttaatcct	tggaacaaa	aaaataaaaa	atcaaaagtt	900
gaaggaaggt	caaattttct	tcctccaacg	ataataatac	ttgcttatat	aactctttta	960
aagttttaca	aaacttttga	tcagaaaaaa	agaaaaaat	atggctactc	cccattttata	1020
ttacagatat	aactccaaaa	gctctaacaa	aaatatcaat	tctagcggaa	attctacaga	1080
ggttgacggt	ttcattccaa	aatcagtttc	gagaaatgct	tataagtcta	ttccaatggt	1140
aaattgggtt	gacataagtt	actcagaact	ttgcgagaaa	tctccttcac	ctgagcggct	1200
atcatccctc	gaattctttt	acgaactgcg	aaacaccggg	cattacgaat	caatcagtac	1260
aacaaatgag	ttttccatgt	caagtatctc	tagctcttct	gagagtcaag	ttaccagaag	1320
tggaagtgca	agagcttcaa	gaaacgatta	ttcaaaatta	actaaagagc	aaaaggacca	1380
tagaaagaat	attgcacatt	ctcttggttt	tcaattgccc	gaccgtgtct	ttacgtttga	1440
gaccacaagt	gctgaaattc	tgaaaaagaa	taaagccatc	aaaaattgct	ttggaccagg	1500
aagttgcgcc	gaaataagat	caacctttga	ctttagtaca	ctctcgccc	atggtgccc	1560
ttatttatct	gctaattcta	acgcaagatc	agcttcccca	caaagacaaa	tccaaagacc	1620
tgctaaacga	ttaaagtcac	atattccata	ccgtgtattg	gatgcacctt	gctgagaaa	1680
tgatttttat	tcgaacttaa	tttcttggtc	aagaaccaca	aacaacgttt	tggtgggact	1740
gggttgctcc	gtatacatct	ggtctgagaa	agaaggagcg	gtatctatat	tggaacctca	1800
atacttaagt	gaaaagaggg	atttagtgac	atgcgtctca	ttctgtcctt	acaatactta	1860
ttttattggt	ggtacaaaat	ttggccgtat	tcttctttat	gatcaaaaag	aattttttca	1920
ttccagcaac	acaaacgaaa	aggaaccagt	atttggttct	caaactgaat	ccttcaaagg	1980
aatatgttgc	ctagaatggt	tcaaaccagg	tgaattttgc	aaattttatg	ttggagagga	2040
aatggcaat	gtgagcctct	ttgaaataaa	gagtttgcat	ttcccataa	aaaactggag	2100
taaaagacaa	aaactcgaag	atgaaaattt	aataggattg	aaacttcatt	ccacttatca	2160
agctcaggca	cagcaagctc	gtggtacgtt	attaagagct	tatgctttca	catacccttt	2220
tctgggtatag	cgcttatttt	ttcattatga	aaaatactaa	caaataattt	ctacaggtat	2280
ttctctgaat	gaacatgcaa	acctgcttgc	agtcggcggc	aatgataatt	cttgtagctt	2340
atgggatatt	tcogacttgg	ataaacctat	taaaaagttt	gttcttccac	ataaagcggc	2400
tgtgaaggcc	attgcctttt	gtccttggtc	gaagtctttg	ttggctacgg	gtggtggaag	2460
caaagacaga	tgtattaagt	tttggcatac	atcgacaggc	acattgttgg	atgagatttg	2520
cacctcgagg	caggtgacgt	ctttgatatg	gtcgttgaga	cataaacaga	ttgttgctac	2580
ttttggattc	ggtgatacca	agaatcctgt	attataaaca	ctatactcat	atccaaaatt	2640
atcaaaaacta	ctcgaagtta	ggtcgcccaa	ccctttgcgt	gtactgagcg	cagtaatctc	2700
tccaagtctc	atggcaattt	gcgttgccac	taacgatgaa	acgataagat	tttatgaact	2760
gtggaacgat	aaggaggaaa	taattaatga	aattcaagag	agtgaggattt	atggatctaa	2820
tattatagaa	tatatggagg	gtatcgaaac	aacacataac	aaaagaataa	ggtaatataa	2880
aaaaaggata	ttcattgcac	gcacaaacca	aatacttcaa	atagcaaaact	aacagtaaga	2940
atatataaaa	ctatacatat	gtatacataa	aaaaataata	gggaaaaaaa	aaggaaacca	3000
tatgagtttg	aatgaggcga	cgtgccatat	taaaccaatta	tatttttaaca	cttcgcgact	3060
gcacctattt	agttggctga	tttgtgacgt	ttttaattcc	gatcggcctg	aaacagcgaa	3120
gggtcctgga	aaattaagat	aataaaaacga	aatgaaaacc	agcaacgtta	gatgatgctc	3180
aaaaaaaaatat	agagacagag	aaaaaccaga	atacaaagag	ctgtttaagt	ggtcaatatc	3240
ccaggtacac	cgagcccagt	cacatcgaa	ttataatgga	tgcaaagaaa	aatactggtg	3300
aagccaataa	tgatgtattg	gaagaggaag	cagcgattca	gttgatttga	ccaggtatag	3360
cgagaaaactt	aacacaagaa	gtcattacog	gtatctctctg	taatgtagta	atatatcctc	3420
ttcttctaata	atattttgtc	ttacttttcc	gttacatgac	tacaaatatt	gtaccttatg	3480
aatttataga	tgaaaagttt	cacgttggcc	aaactttgac	ctatttataa	ggtaaatgga	3540
ctcaatggga	ccctaaaaata	acaaccccc	ctggaatcta	tattttgggt	ttaatttaatt	3600
attattgtat	aaagcccata	ttcaagtctg	ggagcacact	aaccatacta	agattagtta	3660
atttacttgg	agggattatc	gttttcccca	ttttagtact	caggccaata	ttccttttta	3720
atgccttagg	tttttggccc	gtttcattaa	tgagcttccc	attgatgaca	acttattatt	3780
acttatttta	caccgatgtg	tggtctacaa	ttctgatatt	gcaatcactc	agctgcgtgt	3840
taacattacc	gtttggcccc	gtgaagagta	tatgg			3875

<210> 96
 <211> 593
 <212> PRT
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

5

<400> 96

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

Asn	Asn	Val	Leu	Val	Gly	Leu	Gly	Cys	Ser	Val	Tyr	Ile	Trp	Ser	Glu	245	250	255
Lys	Glu	Gly	Ala	Val	Ser	Ile	Leu	Asp	His	Gln	Tyr	Leu	Ser	Glu	Lys	260	265	270
Arg	Asp	Leu	Val	Thr	Cys	Val	Ser	Phe	Cys	Pro	Tyr	Asn	Thr	Tyr	Phe	275	280	285
Ile	Val	Gly	Thr	Lys	Phe	Gly	Arg	Ile	Leu	Leu	Tyr	Asp	Gln	Lys	Glu	290	295	300
Phe	Phe	His	Ser	Ser	Asn	Thr	Asn	Glu	Lys	Glu	Pro	Val	Phe	Val	Phe	305	310	315
Gln	Thr	Glu	Ser	Phe	Lys	Gly	Ile	Cys	Cys	Leu	Glu	Trp	Phe	Lys	Pro	325	330	335
Gly	Glu	Ile	Cys	Lys	Phe	Tyr	Val	Gly	Glu	Glu	Asn	Gly	Asn	Val	Ser	340	345	350
Leu	Phe	Glu	Ile	Lys	Ser	Leu	His	Phe	Pro	Ile	Lys	Asn	Trp	Ser	Lys	355	360	365
Arg	Gln	Lys	Leu	Glu	Asp	Glu	Asn	Leu	Ile	Gly	Leu	Lys	Leu	His	Ser	370	375	380
Thr	Tyr	Gln	Ala	Gln	Ala	Gln	Gln	Val	Cys	Gly	Ile	Ser	Leu	Asn	Glu	385	390	395
His	Ala	Asn	Leu	Leu	Ala	Val	Gly	Gly	Asn	Asp	Asn	Ser	Cys	Ser	Leu	405	410	415
Trp	Asp	Ile	Ser	Asp	Leu	Asp	Lys	Pro	Ile	Lys	Lys	Phe	Val	Leu	Pro	420	425	430
His	Lys	Ala	Ala	Val	Lys	Ala	Ile	Ala	Phe	Cys	Pro	Trp	Ser	Lys	Ser	435	440	445
Leu	Leu	Ala	Thr	Gly	Gly	Gly	Ser	Lys	Asp	Arg	Cys	Ile	Lys	Phe	Trp	450	455	460
His	Thr	Ser	Thr	Gly	Thr	Leu	Leu	Asp	Glu	Ile	Cys	Thr	Ser	Gly	Gln	465	470	475
Val	Thr	Ser	Leu	Ile	Trp	Ser	Leu	Arg	His	Lys	Gln	Ile	Val	Ala	Thr	485	490	495
Phe	Gly	Phe	Gly	Asp	Thr	Lys	Asn	Pro	Val	Leu	Ile	Thr	Leu	Tyr	Ser	500	505	510
Tyr	Pro	Lys	Leu	Ser	Lys	Leu	Leu	Glu	Val	Arg	Ser	Pro	Asn	Pro	Leu	515	520	525
Arg	Val	Leu	Ser	Ala	Val	Ile	Ser	Pro	Ser	Ser	Met	Ala	Ile	Cys	Val	530	535	540
Ala	Thr	Asn	Asp	Glu	Thr	Ile	Arg	Phe	Tyr	Glu	Leu	Trp	Asn	Asp	Lys	545	550	555
Glu	Glu	Ile	Ile	Asn	Glu	Ile	Gln	Glu	Ser	Gly	Ile	Tyr	Gly	Ser	Asn	565	570	575
Ile	Ile	Glu	Tyr	Met	Glu	Gly	Ile	Glu	Thr	Thr	His	Asn	Lys	Arg	Ile	580	585	590
Arg																		

<210> 97

<211> 2727

<212> ADN

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 97

```

caaaaaatgt atacaaactc ttaggattgg tcaagaaaag taaatgttgt actgctccaa 60
agatatttgcg atgccgtgat aattcaaaag ggtcgaacca gtctatttca ctgcgcgat 120
aatcggttctg tatccgaagc tggccaattg atacaattaa ttgacatcag cagacagcaa 180
atgcacttga tatacgcagc ttaaagcaag ggtaaattat ctgaaaaagg attgaatata 240
atcaaaacct tcacatacat tggtagtaat atcgcgcatc gctattagca gagtatctcg 300
aagtctacca cggcgaaaag tgaattttta tctgaggtgc tgatcttcgg acgcaatgcg 360
caaacgtaat tccgtagttt tcccaattat tttatttttt aaattacacg taccaggtag 420
atcacatacg tataaccaac acctgttata tagtgaattg aattattcgg aacatcaata 480
atccttttgc tataattctt gttatcatcc atcttgcatc tttattttaat tatattttgc 540
acaataagct atctatgtga gctgcgtacg gtgactccaa acaatctgtt aatttccata 600
taaataactt gtagtcggat cgtacaatgg ctctatatag gtttgaccg gtatgtaacc 660

```

```

taatattggt gactcaaaac ctgctagata gttatccaag tgaatttgag tctcgtatcc 720
tttatcacat ttttacaata gtggctagct atctttttca tgttaggctc acccggatt 780
ctcatgcaag atcaaacaaa aaatggtaaa gttttggact ttacattgct tacagttgct 840
tttttatgaa gattcaaaag attatgtcct cggcggttaa attttccatt aataatatta 900
tccttttacg cgaccgaaaa agagaagcgt tttgaagatt gtttctaaca aatattaata 960
ataaagctaa cgtgaactga ccaggctcta tttgaagat atggcaccga aaaagaaatc 1020
aaacgataga gccattcagg caaaaggctc agaaggtaa gtattttttt acatgctcat 1080
caaataccgc cattactaac aattgtatcc cgggtatttt atcagctgaa caattaatag 1140
aagattactt ggtgtcaca tataaaccat tttctgtaa tgatatagtt cagaatttgc 1200
acaataaagt gacaaaaaca acagcaacca aagcattaga aaatctcgtt aacgagaaac 1260
gcatagtgtc taaaaccttc ggaaagatta taatttactc ttgtaatgaa caagatacag 1320
cattaccaag caatattgat ccttctcagt ttgattttga aactgtattg caactgagaa 1380
atgatttaat agaactagag agagataaat caatggccaa agacgctcct gactctgtaa 1440
ctaaagaacc tgaaaatgaa gatctcctaa caatcattga aaacgaagaa aacgagctga 1500
aaaagattga atcaaaatta caaagtctac aggatgattg ggatccagca aatgatgaga 1560
ttgtcaagcg gataatgtct gaagatacgc tgctacaaaa agaaatcacg aagagatcaa 1620
agatttgcaa aaacctaat gctacaataa aggactcagt gtgcccgaaa aatatgaatg 1680
aatttttggg atgtattttg aacatttttc gaaacctttt cttttgaata tactaacgaa 1740
atctttacag gaagaaattg gatttgagga catttgatgt gaaaagcaat tagttgttcc 1800
gtaccggaac acttgctatt ttacttatca tgattgtttt tttttctcat tctttgctat 1860
tattatcaaa ttatatatag gtaaataatc ttacactagt ttataagtgt cacgaacgat 1920
gaaatggaaa cttggggggg aaggctcaaa aaacatactg tgtgtttatg gggctgcctt 1980
tgtagttgt tgaggggtga gaaccgcaat tactgacaaa cgttactgat ttgtaattat 2040
caaaaactcc ttgcattgcc ttcccgttgg ccaaaatagt agtcggtgac aaagagtacg 2100
gcgtcgatcc taaagttggg gaggggattt gctcgcatat agttgtcagt tcctgtgcta 2160
aaactgaagc aataacagaa aatattgaaa aacagcgaag taactgcatc ttaattgaaa 2220
atgtatgaag taggtataat attttggcac acaagtgact gttgagagct tacaatcatt 2280
ctagaatgag gaatacgtca aaatggaac ttaacatata acctcttctt acaactattt 2340
atattgtata ttacaagtg aaatcaattg cctgatattc agtatattgg atctgaaggt 2400
atgaaacagt cccttaatta agcttttagat gtggacagaa gtttttttgt taaacttgca 2460
tgtcaaatth caaaactgct gtaattaccg tattcggaat ttacatgggt tcagtaattt 2520
tgcaataaac gcagcaaccg gtgatggcga agttttacca tcaacaata acttataata 2580
actgaatgcc ggcaggttga aacaaattct tgaaaattag tcattttatt tattgtgcga 2640
atgtaatcca ctgaaatcat ctaaagcacc attaccattg tctagcctgt gaataaaaaa 2700
atatgggagt ataattgat agaatg 2727

```

<210> 98
 <211> 218
 <212> PRT
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*
 <400> 98

```

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

          180          185          190
Ile Lys Asp Ser Val Cys Pro Lys Asn Met Asn Glu Phe Leu Val Cys
          195          200          205
Ile Leu Asn Ile Phe Arg Asn Leu Phe Phe
          210          215

```

<210> 99

<211> 3830

<212> ADN

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 99

```

ggctgtcttt attgttcgtg atacttttgg tggccggcga tgtctttaac cttatgggtg 60
ccgttatgca acatcttttg tctaccatga tcattcttgc tgcttactat acgggtggcag 120
atatcatttt actaggtcaa tgtctatggg acgataatga ggaaaaacca gcagtagacc 180
ctattcatct ctccttgcc aatccaataa acgaaaacgt tctgcacgat gtgttcaatg 240
aacaacaacc gcttttgaat tcccaagggtc agccaaatcg tattgatgaa gaaatggctg 300
ctccttcate cgacggaaac gttgggtgatg ataattctccg tgaagtcaat tcaagaaatt 360
tgataaaaga catattttatt gttagtgggtg tagtttttgt aggtttcatc tctgtggtatg 420
taacctactg cgtaaactac acgcaacctc ctcccggtga ggatccatca ctgcctgttc 480
ccgaactgca gatcaattgg atggctcaga tattcggtta ctttaagtgcc cttttgtatc 540
tgggttcaag aattcctcag atattactga attttaagag aaagtcttgt gaaggtatca 600
gtttcctatt ctttttgttc gcctgtttgg gtaataccac atttattttc tctgtgattg 660
tcatttcttt agactggaag tatctaatta tgaacgcttc ctggttgggt ggaagcatag 720
gtactctatt catggatttc gtcataatttt cccagttttt catctacaaa agaaaaatt 780
aatttatact gaattaacat gttctatcta atattttatt aacataattt tgacctcaca 840
aacttttttt ttttttctct ctgtcattga cattttttta atgtcacaaa aagaaaaatt 900
aaaagtatta taagatttca tttaaatagg aaaaaaccgg taattactaa aggcgtatta 960
aagatctatt aaagatctat taaagctttc tgttaccagt atggataata ttttaaaggc 1020
atcaaatatg aaagggactt caacaatgac aattacctcg cgtagttctg aagactctag 1080
ttgatctca aatcatgaac aagataccga tacacataag gacggcgaca caagtggctc 1140
ggaaaacagt aaaatttcga agagaaagtg gatgaaagag tttttcaaac ttcccaattc 1200
tccagcttcc aaaagcaacc ggagtatagg ttccatgaaa agtaaccaga gctcatttc 1260
aatgaaaagt agtgacgatg gcaacagtta taaaaatgat tactcttcta tctgtggtaa 1320
cagccttcca tctgcaggct tgagtcgttc gaatagtgtg aaagaattaa aattagattc 1380
aactgggaagt cagagatcaa aaaataatgt tgccatgtta gcatgttctt ctacaacatc 1440
tcagacaacg tgctcttctt cttcatcatc atcttcttat aactctataa aaggaatga 1500
aaatgatatt ttattgcaga ataacaatca ctttaggcac aacaaagaaa ttcctcaag 1560
taaagggagc tccaacatta acaccgcacg gattatgagc caatacaatg tcgatacgca 1620
agcaaccgct ataatgagcg atatgcaaaa gcaatacgac tcgcaacaga tgacatcac 1680
atttgtaaac gaagacttgc atttcgatcc aaatgggtgaa gtttcacacg taataaaaaac 1740
aattttttaa gaaattggtt ataaatacga tgatttcagt gatattcctg tttttcaatt 1800
aatgcaagaa atgtatcaac tagtgaagaa gaattccagc gctagaagaa caaagataac 1860
agactatgct tctaaactta aagaaaaaga agcgcaacta aaaagtcaaa atgacaaaat 1920
tttgaagtta gaaacaacaa acaaggccta caaaactaaa tacaaggagg tctctctgga 1980
aaataagaaa ataaaagagg ctttcaaaga actagacaat gagtcataca atcatggtc 2040
ggaattacta aaaaaataca aatatactag ggaaccotta gatagggtca atagagaaca 2100
gcaattaatc attgatcaaa acgagttttt gaagaaaaat gtcaatgaac tacaaaatga 2160
ggtaaatgct accaacttca agttctcttt atttaaagaa aaatatgcaa aattagcaga 2220
tagcatcact gaattgaata cctctacgaa aaaaagagag gccctaggag aaaacttaac 2280
ttttgaatgc aatgaattaa aagaaatatg tttgaaatac aaaaaaaca tcgaaaatat 2340
atcaaatacc aataagaatt tacaaaattc gttcaaaaat gaaaggaaaa aagttttaga 2400
tttgagaaat gagagaatt tgttgaaaaa ggaataactg ttgattgaat gcctgggtc 2460
atattctcta ctccttgtat ctaatatctt gacatgttat cggttcttac tgccaagtga 2520
tactattatt gaaactgaaa gcttaattaa ggagctactc aacatgaata attcactttc 2580
gaaccatgtg tcttctctg acgagcctcc agcggagtac tcgaaaagat tagaattaa 2640
atgtgtagag tttgaggaaa agttacttta tttctatcaa gaacttgtga cgaagaaat 2700
tatagacgtc atttacaagt gctttattag ttattacaag aaaagtaggc aaactgacca 2760
aaaatccaat cagaactcca gcactccgta taacaaaagc caaagacaag ttccgcactc 2820
catcaagtga acctcaacag ctacacattc ttttataatc cttaatattc tatatatata 2880
tatatgaaaa aatagaaaaa gcgaaaactt gtcatttttt ttttaggcgt ttttataata 2940
aactgaaaat aaaaagaggc tctttaaatg ttgacactct actccaatat caactgtaa 3000
aaatctcttt atctgctgac ctaacatcaa aatcctcaga ttaaaagtat gtcctccact 3060
aggccagagc taaaattctc tgatgtatca gaggagagaa acttctataa gaagtatata 3120

gggttgccga agaaaccatt aaaaaccatt agattagtgg ataaaggcga ctattacaca 3180
gttataggtt cagatgcgat atttgttgca gattcagttc atcatactca atctgtttta 3240
aagaactgtc aattggatcc tgtaacggca aagaacttcc atgaaccaac taaatatgtt 3300
actgtttcgc tacaagttct tgccactctg ctgaagttat gtttgttgga tctaggatat 3360
aaagttgaga tatacgataa gggttggaat ttaattaaaa gtgcatctcc agggaaacatt 3420
gagcaagtta atgagttaat gaatatgaac attgattcga gtatcatcat tgcaagtttg 3480
aaagttcaat ggaattccca agatgggaac tgcattattg gagttgcttt cattgatacc 3540
actgcataca aggtggcat gcttgatatt gtcgataatg aagtgatttc caacctagag 3600
agtttcttga ttcaattggg tgtaaggaa tgtttgctgc aggacttaac atcaaatcca 3660
aactccaatg ctgaaatgca gaaagtaata aatgtaattg atcgctgtgg gtgcgtcgtt 3720
acattattga aaaactcaga attttctgaa aaagatgtcg aactggattt aaccaagtta 3780
ctgggcgatg atttggcatt atcgttacca caaaaatact ctaaactatc 3830

```

<210> 100
 <211> 609
 <212> PRT
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

5

<400> 100

Met	Asp	Asn	Ile	Leu	Lys	Ala	Ser	Asn	Met	Lys	Gly	Thr	Ser	Thr	Met
1				5					10					15	
Thr	Ile	Thr	Ser	Arg	Ser	Ser	Glu	Asp	Ser	Ser	Cys	Ile	Ser	Asn	His
			20					25					30		
Glu	Gln	Asp	Thr	Asp	Thr	His	Lys	Asp	Gly	Asp	Thr	Ser	Gly	Leu	Glu
		35					40					45			
Asn	Ser	Lys	Ile	Ser	Lys	Arg	Lys	Trp	Met	Lys	Glu	Phe	Phe	Lys	Leu
	50					55				60					
Ser	Lys	Ser	Pro	Ala	Ser	Lys	Ser	Asn	Arg	Ser	Ile	Gly	Ser	Met	Lys
65					70				75					80	
Ser	Asn	Gln	Ser	Leu	Ile	Ser	Met	Lys	Ser	Ser	Asp	Asp	Gly	Asn	Ser
				85				90					95		
Tyr	Lys	Asn	Asp	Tyr	Ser	Ser	Ile	Cys	Gly	Asn	Ser	Leu	Pro	Ser	Ala
		100						105				110			
Gly	Leu	Ser	Arg	Ser	Asn	Ser	Val	Lys	Glu	Leu	Lys	Leu	Asp	Ser	Thr
	115						120					125			
Gly	Ser	Gln	Arg	Ser	Lys	Asn	Asn	Val	Ala	Met	Leu	Ala	Cys	Ser	Ser
	130					135					140				
Thr	Thr	Ser	Gln	Thr	Thr	Cys	Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Tyr
145					150				155						160
Asn	Ser	Ile	Lys	Gly	Asn	Glu	Asn	Asp	Ile	Leu	Leu	Gln	Asn	Asn	Asn
				165				170					175		
His	Phe	Arg	His	Asn	Lys	Glu	Ile	Pro	Gln	Ser	Lys	Gly	Ser	Ser	Asn
			180					185					190		
Ile	Asn	Thr	Ala	Ser	Ile	Met	Ser	Gln	Tyr	Asn	Val	Asp	Thr	Gln	Ala
	195						200					205			
Thr	Ala	Ile	Met	Ser	Asp	Met	Gln	Lys	Gln	Tyr	Asp	Ser	Gln	Gln	Met
	210					215					220				
Thr	Ser	Pro	Phe	Val	Asn	Glu	Asp	Leu	His	Phe	Asp	Pro	Asn	Gly	Glu
225					230				235						240
Val	Ser	His	Val	Ile	Lys	Thr	Ile	Phe	Lys	Glu	Ile	Gly	Tyr	Lys	Tyr
			245					250					255		
Asp	Asp	Phe	Ser	Asp	Ile	Pro	Val	Phe	Gln	Leu	Met	Gln	Glu	Met	Tyr
			260					265					270		
Gln	Leu	Val	Lys	Lys	Asn	Ser	Ser	Ala	Arg	Arg	Thr	Lys	Ile	Thr	Asp
		275					280					285			
Tyr	Ala	Ser	Lys	Leu	Lys	Glu	Lys	Glu	Ala	Gln	Leu	Lys	Ser	Gln	Asn
	290					295					300				
Asp	Lys	Ile	Leu	Lys	Leu	Glu	Thr	Thr	Asn	Lys	Ala	Tyr	Lys	Thr	Lys
305					310					315					320
Tyr	Lys	Glu	Val	Ser	Leu	Glu	Asn	Lys	Lys	Ile	Lys	Glu	Ala	Phe	Lys
			325					330					335		
Glu	Leu	Asp	Asn	Glu	Ser	Tyr	Asn	His	Asp	Glu	Glu	Leu	Leu	Lys	Lys
			340					345					350		
Tyr	Lys	Tyr	Thr	Arg	Glu	Thr	Leu	Asp	Arg	Val	Asn	Arg	Glu	Gln	Gln
		355					360					365			

```

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

```

<210> 101
 <211> 4754
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

 <400> 101

```

atttcaaagc agtttgtgca atttgtccag cagttctgta tttgttcaag accgattcct 60
gtagaatatt tttgtccttt agcaaatct gagtatctc gtgggagata gctagagcca 120
tgatagtttt agcaatatta gtcgggtcgg gttttttctt aaaagtattt tgaataaacac 180
gatgcttttag ctcatctcat ctcttctgct gaaatttttc tttacttcgg taaaattttt 240
tcagaaagca aaaaaagctt cagaggcatg accctctccg ggtaaaaaaa gcttaggggtt 300
accggcctgt catttttagg gcattatcaa ttttttgcca tctagttgca actataataa 360
tacagtatga attgcacgaa agagcagtc atgtaaattc acgaagtgc tgacagaata 420
ctgacatcag ctgatttctc atagagctgt ttctctgata acacgttggt tgaacatcga 480
caagatgaaa atctagaagt atcaaatttc ctttaaagg atataataca gattctaaaa 540
ctgacagaaa tatttcgagt gaagaagaag cgttaaatat tggatcttct cgcagttcta 600
ctctgataca tttttgaagt aggagagtca tttagaaggc gtattgctca atagtagaaa 660
gcaggcctgt gcacatgaat taattaaaa atataaagg agtgattaga cgacacatgt 720
ccataggtaa cctgtcataa ttttgaacaa tttccctttt tttctttttt ttttttgggt 780
gcggcgatat gtagcttggt aatttacaca tcatgtactt ttctgcatca aaatatgaaa 840
ggcgatagta gctaaagaaa ataccgagaa tttctctgaa aagttgacga caaaagaaag 900
gcataaaaaa gtaatttgaa aatattttta aactgtttta acccatctag catccgcgct 960
aaaaaaggaa gatacaggat acagcggaaa caacttttaa atgatggaaa ctctacaga 1020
caatatagtt tccccttttc acaatttttg tagctcgaca caatatagtg gtacctgtc 1080
gagaacgccc aaccaataa tagagctaga gaagcccagc actctatctc cattgtcaag 1140
aggaaaaaaa tggacggaaa agttagccag gttccaaaga agtagtgcta aaaagaaaag 1200
attctcacct tctctatctt cctcctctac attttcgttc tcacccaat ctagggtcac 1260
ttcttcaaac tcttctggca atgaagacgg taatctaata aatacacctt ctacgggttc 1320
cactgattat ttaccacaac accctcacag aacatcgtct ttgccaagac ctaattccaa 1380
tctctttcac gcaagtaata gtaacctatc ccgagcaaat gagcctcaa gggccgaaaa 1440
tttatcagat aatataccac ccaaggtcgc tccatttggc tatccaatac aaagaacctc 1500

```

tattaaaaaa	tcctttttga	atgcttcttg	tacgttatgt	gacgagccta	tttctaacag	1560
aagaaagggg	gagaaaatta	tagagcttgc	atgtggccac	ttaagtcacc	aagaatgtct	1620
tattatctct	tttggcacca	cttcaaaggc	agacgttcgt	gcgctatttc	ctttttgtac	1680
caaatgtaaa	aaagatacta	acaaagccgt	tcaatgcatt	ccagaaaatg	atgaactaaa	1740
ggatattcta	atttctgatt	ttttgattca	taagattcct	gattctgagt	tatcaatcac	1800
acctcagtc	cgttttcctc	cttattcacc	actcttgcc	ccttttggtt	tatcctatac	1860
acctgttgaa	agacaaacga	tatattctca	agctccaagt	ctaaacccaa	atctcatatt	1920
ggctgcaccc	cccaaggaaa	gaaaccaa	ttccacaaaa	aaatcaaact	atacattttt	1980
acattcactc	ctggggcaca	gaagaattcc	gtccggagca	aactctatct	tagcagacac	2040
ctctgtagcg	ttatcagcta	atgattctat	ttctgctgtt	tccaattcgg	taagagcaaa	2100
ggatgacgaa	acaaaaataa	cgttgccgct	gttaagggtca	tatttttattc	aaattctttt	2160
gaacaatttc	caggaagaat	tgcaggattg	gagaatagac	ggggactatg	gattactaag	2220
gttggttagac	aaattgatga	tttccaaaga	tggtcagaga	tatatacaat	gctgggtgtt	2280
cttatttgaa	gacgcatttg	taatagcaga	agtggataac	gatgttgatg	ttttggaaac	2340
tagactaaag	aatttagaag	tatttacacc	tattgccaac	ttgagaatga	ctacactcga	2400
agcttcagta	ctcaaagca	ccttaataaa	acaacattgc	gccgatttat	cagatcttta	2460
catgttcag	aataataaatt	ctgacgaaag	cacaactgta	cagaaatgga	tatctggtat	2520
attgaatcag	gattttgtat	tcaatgagga	caatatcact	tccaccctgc	ctattcttcc	2580
cattataaag	aacttttcaa	aagatgttgg	taatggtagg	tacgagacga	gtacctttct	2640
aggtttaatc	aatcctaaca	aagttgttga	agttgcaaat	gtgcacgata	atgatactgt	2700
aatcataagg	aggggattca	ccttaaattc	aggagaatgt	tctaggcaga	gtactgttga	2760
cagtatacaa	tctgttctaa	ctacgataag	ctcaattctt	tcttaaaac	gagaaaaacc	2820
tgataatttg	gcaataatct	tacagattga	ctttacgaaa	ttgaaggaag	aagacagttt	2880
aattgttatt	tataacagcc	taaaagcttt	aaccattaaa	tttgcgcgtt	tgagttttg	2940
tttctgtgat	cgaataaatt	atgttctgga	ctatggatcg	gtattacaca	agatagattc	3000
actagattcc	atctcaaattc	tcaaatcaaa	gagttctctg	acacaatttt	cacctatttg	3060
gctgaaaaat	actctatctc	ccgaaaatat	tcatgaacat	ttgggtattg	ttgctgtatc	3120
aaatagtaat	atggaagcaa	aaaaatccgt	actatttcaa	gattacagat	gctttacaag	3180
ttttggaaga	agaaggccca	atgaattgaa	gattaagggtg	ggctattttga	acgttgacta	3240
cagtataaaa	attgatgaac	tagtcgaggc	cagctcctgg	acttttgttt	tagaaactct	3300
ttgtctcagt	ttcgggtctaa	gttttgatga	agatgatgac	gatgacgaag	aggataatga	3360
tgattcgacc	gcataatgaac	ttgataatag	ttcaggatta	ctgtcggatg	ctgaatctac	3420
aaccactatt	catattgact	ctccatttga	taatgaaaat	gctaccgcaa	atatgggtgaa	3480
tgacagaaac	cttctcactg	agggtgaaca	tagcaatata	gaaaacttag	aaactgtcgc	3540
ttcttcagta	cagccagctc	tgattcctaa	tatttagattt	tcacttcatt	ctgaggagga	3600
gggtactaat	gaaaatgaaa	atgaaaatga	tatgccagta	ttattactta	gtgatatgga	3660
taaaggaatc	gatggcataa	ccagacgcag	ttcattctcg	agtcttatag	agagcggtaa	3720
taacaactgt	ccctccata	tggattatat	atagagtata	cactaaattt	tatgcaataa	3780
taaaagggaa	gcatcccgcc	aaacgtttct	taactacata	ttgttacata	gcttgattcc	3840
gtgaatttga	agtggacgca	gttcttctta	gtctttcaag	ttcatagtaa	atagacatta	3900
cccaaagatc	tctttcctgt	cttgatcttg	ccatgaaaac	cattgacttg	ccgctcacac	3960
ctaacttttt	agtgaatgg	atcttatctg	tgttacttgg	aacatttagt	ttattcaagt	4020
cagcttccgg	agcagaaggt	gggtcaatat	tattatcttg	tctaccataa	tcttgctgat	4080
attgcttttc	attcccttc	ttctgtaagc	gattgctaga	aagggcacgc	cttgttccaa	4140
accaaagcgt	aaagcatcgc	gaactctcgt	cttctacaga	tcgccatccg	tccccataaa	4200
ctcgtgggag	agcgtgggat	ccatagttta	tttcgtcaaa	agtacgatct	ctctgcagaa	4260
ggtctagttc	tgttggtggtc	ccagagtata	ggtagcaatc	gtcaatcgga	atgggtacat	4320
aatgagcata	ctccaaaact	tccttagcaa	aacctgtggt	tgatctatga	aagcagtgga	4380
acagtacaat	aaaacctgat	atcaaaacga	cgtagtactt	cgagaaaaca	gaatgcttgt	4440
gcggcttttg	atataaaggt	cccttttgaa	ttaacggcct	acttaatgat	attccatttg	4500
cattaaaggt	ttgctcatct	gcacgcccat	gttctacgat	ccagcgcaat	gtattctcac	4560
caatttttgt	ttcctcttct	ccatttagca	tcaaaagacc	tgcatttgaa	cgccttattt	4620
ttaaaagcct	ctcgtatct	tccctttgct	tgtttttcca	ataggatata	atttggttca	4680
gctttatgac	ccactcttca	gcaactgttg	ctgatgtagc	aagcagcttc	aagaggagtc	4740
catttgaggt	ttct					4754

<210> 102

<211> 917

<212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 102

ES 2 464 740 T3

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

			20					25				30			
Ile	Ile	Glu	Leu	Glu	Lys	Pro	Ser	Thr	Leu	Ser	Pro	Leu	Ser	Arg	Gly
		35					40					45			
Lys	Lys	Trp	Thr	Glu	Lys	Leu	Ala	Arg	Phe	Gln	Arg	Ser	Ser	Ala	Lys
	50					55					60				
Lys	Lys	Arg	Phe	Ser	Pro	Ser	Pro	Ile	Ser	Ser	Ser	Thr	Phe	Ser	Phe
65					70					75					80
Ser	Pro	Lys	Ser	Arg	Val	Thr	Ser	Ser	Asn	Ser	Ser	Gly	Asn	Glu	Asp
				85					90					95	
Gly	Asn	Leu	Met	Asn	Thr	Pro	Ser	Thr	Val	Ser	Thr	Asp	Tyr	Leu	Pro
			100					105					110		
Gln	His	Pro	His	Arg	Thr	Ser	Ser	Leu	Pro	Arg	Pro	Asn	Ser	Asn	Leu
		115					120					125			
Phe	His	Ala	Ser	Asn	Ser	Asn	Leu	Ser	Arg	Ala	Asn	Glu	Pro	Pro	Arg
	130					135					140				
Ala	Glu	Asn	Leu	Ser	Asp	Asn	Ile	Pro	Pro	Lys	Val	Ala	Pro	Phe	Gly
145					150					155					160
Tyr	Pro	Ile	Gln	Arg	Thr	Ser	Ile	Lys	Lys	Ser	Phe	Leu	Asn	Ala	Ser
				165					170					175	
Cys	Thr	Leu	Cys	Asp	Glu	Pro	Ile	Ser	Asn	Arg	Arg	Lys	Gly	Glu	Lys
			180					185					190		
Ile	Ile	Glu	Leu	Ala	Cys	Gly	His	Leu	Ser	His	Gln	Glu	Cys	Leu	Ile
		195					200					205			
Ile	Ser	Phe	Gly	Thr	Thr	Ser	Lys	Ala	Asp	Val	Arg	Ala	Leu	Phe	Pro
	210					215					220				
Phe	Cys	Thr	Lys	Cys	Lys	Lys	Asp	Thr	Asn	Lys	Ala	Val	Gln	Cys	Ile
225					230					235					240
Pro	Glu	Asn	Asp	Glu	Leu	Lys	Asp	Ile	Leu	Ile	Ser	Asp	Phe	Leu	Ile
				245					250					255	
His	Lys	Ile	Pro	Asp	Ser	Glu	Leu	Ser	Ile	Thr	Pro	Gln	Ser	Arg	Phe
			260					265					270		
Pro	Pro	Tyr	Ser	Pro	Leu	Leu	Pro	Pro	Phe	Gly	Leu	Ser	Tyr	Thr	Pro
		275					280					285			
Val	Glu	Arg	Gln	Thr	Ile	Tyr	Ser	Gln	Ala	Pro	Ser	Leu	Asn	Pro	Asn
	290					295					300				
Leu	Ile	Leu	Ala	Ala	Pro	Pro	Lys	Glu	Arg	Asn	Gln	Ile	Pro	Gln	Lys
305					310					315					320
Lys	Ser	Asn	Tyr	Thr	Phe	Leu	His	Ser	Leu	Leu	Gly	His	Arg	Arg	Ile
				325					330					335	
Pro	Ser	Gly	Ala	Asn	Ser	Ile	Leu	Ala	Asp	Thr	Ser	Val	Ala	Leu	Ser
			340					345					350		
Ala	Asn	Asp	Ser	Ile	Ser	Ala	Val	Ser	Asn	Ser	Val	Arg	Ala	Lys	Asp
		355					360					365			
Asp	Glu	Thr	Lys	Ile	Thr	Leu	Pro	Leu	Leu	Arg	Ser	Tyr	Phe	Ile	Gln</

Thr	Phe	Leu	Gly	Leu	Ile	Asn	Pro	Asn	Lys	Val	Val	Glu	Val	Ala	Asn	545	550	555	560
Val	His	Asp	Asn	Asp	Thr	Val	Ile	Ile	Arg	Arg	Gly	Phe	Thr	Leu	Asn	565	570	575	
Ser	Gly	Glu	Cys	Ser	Arg	Gln	Ser	Thr	Val	Asp	Ser	Ile	Gln	Ser	Val	580	585	590	
Leu	Thr	Thr	Ile	Ser	Ser	Ile	Leu	Ser	Leu	Lys	Arg	Glu	Lys	Pro	Asp	595	600	605	
Asn	Leu	Ala	Ile	Ile	Leu	Gln	Ile	Asp	Phe	Thr	Lys	Leu	Lys	Glu	Glu	610	615	620	
Asp	Ser	Leu	Ile	Val	Ile	Tyr	Asn	Ser	Leu	Lys	Ala	Leu	Thr	Ile	Lys	625	630	635	640
Phe	Ala	Arg	Leu	Gln	Phe	Cys	Phe	Val	Asp	Arg	Asn	Asn	Tyr	Val	Leu	645	650	655	
Asp	Tyr	Gly	Ser	Val	Leu	His	Lys	Ile	Asp	Ser	Leu	Asp	Ser	Ile	Ser	660	665	670	
Asn	Leu	Lys	Ser	Lys	Ser	Ser	Ser	Thr	Gln	Phe	Ser	Pro	Ile	Trp	Leu	675	680	685	
Lys	Asn	Thr	Leu	Tyr	Pro	Glu	Asn	Ile	His	Glu	His	Leu	Gly	Ile	Val	690	695	700	
Ala	Val	Ser	Asn	Ser	Asn	Met	Glu	Ala	Lys	Lys	Ser	Val	Leu	Phe	Gln	705	710	715	720
Asp	Tyr	Arg	Cys	Phe	Thr	Ser	Phe	Gly	Arg	Arg	Arg	Pro	Asn	Glu	Leu	725	730	735	
Lys	Ile	Lys	Val	Gly	Tyr	Leu	Asn	Val	Asp	Tyr	Ser	Asp	Lys	Ile	Asp	740	745	750	
Glu	Leu	Val	Glu	Ala	Ser	Ser	Trp	Thr	Phe	Val	Leu	Glu	Thr	Leu	Cys	755	760	765	
Tyr	Ser	Phe	Gly	Leu	Ser	Phe	Asp	Glu	Asp	Asp	Asp	Asp	Asp	Glu	Glu	770	775	780	
Asp	Asn	Asp	Asp	Ser	Thr	Asp	Asn	Glu	Leu	Asp	Asn	Ser	Ser	Gly	Leu	785	790	795	800
Leu	Ser	Asp	Ala	Glu	Ser	Thr	Thr	Thr	Ile	His	Ile	Asp	Ser	Pro	Phe	805	810	815	
Asp	Asn	Glu	Asn	Ala	Thr	Ala	Asn	Met	Val	Asn	Asp	Arg	Asn	Leu	Leu	820	825	830	
Thr	Glu	Gly	Glu	His	Ser	Asn	Ile	Glu	Asn	Leu	Glu	Thr	Val	Ala	Ser	835	840	845	
Ser	Val	Gln	Pro	Ala	Leu	Ile	Pro	Asn	Ile	Arg	Phe	Ser	Leu	His	Ser	850	855	860	
Glu	Glu	Glu	Gly	Thr	Asn	Glu	Asn	Glu	Asn	Glu	Asn	Asp	Met	Pro	Val	865	870	875	880
Leu	Leu	Leu	Ser	Asp	Met	Asp	Lys	Gly	Ile	Asp	Gly	Ile	Thr	Arg	Arg	885	890	895	
Ser	Ser	Phe	Ser	Ser	Leu	Ile	Glu	Ser	Gly	Asn	Asn	Asn	Cys	Pro	Leu	900	905	910	
His	Met	Asp	Tyr	Ile												915			

<210> 103
 <211> 3272
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*
 <400> 103

```

gacagaaata tttgaaatat atttccctcaa agagtacact agatccattc atatttttagg 60
cttcctatgg aaaccggtttt ttcaaggata aaaccccgcca tatgttctttt gcgaagtctt 120
ttgcagttaa aactaattac aactctgtta tttactgaca cctgcgttaa aattttatca 180
caatatgtca tccgctgaga gagatgtact atttataatt acttaagagc gactacttca 240
tttaccatta gcgagcagaa gaacagctta cttgtcgatg ttcttctctg gctaaatgaa 300
atgtcaatta ttgagattga gatgggtatg tatgatcgga ttttgatata agccgatgag 360
acgaagattc aatagcttca accgtccctg cgggggggtac ttaccttttg taaccagtac 420
cctgtgcaaa ttctcggcgt gtactacctc ttttgggacc acaacccttt gtacgcactt 480
tcgtcagatg caaattttta cagcgttga aaaatgtttc aggaagagat actgcgtaaa 540

```

```

aaaagacaca tgtgttacgc aggaaaaagt ttgtgaggct ttttgcctta acagattgac 600
ttgtagccct gttaggttta cccaacagtt gtttttctgt gtgtcgaaaa ttttttcaga 660
ttgttttcaa ctgacacttg cctgtttcat attagtgtga acttaaactt tcaaacataa 720
aacttttttg gaagtccatc cttcacatga cttgaatccc ttcaatatcg aaacagtatc 780
ctcaaaatct cttatcactt ttctaattgt tttcttcccc tttttgtagt aactcgctgt 840
aaagcacatt ttattcataa tctcctttgt gccagaactc aaggtcaata ggccagaatt 900
attggaagga aagaggggaag aaaatacgat attgctagtt cattaagtca aggaagaaaa 960
tactcaaaaa actgtacagc tcaatcaggt acacattacg atggcagcac atcagatgga 1020
ctcgataacg tattctaata atgtcaccca acagtatata caaccacaaa gtctacagga 1080
tatctctgca gtggaggatg aaattcaaaa taaaatagag gccgccagac aagagagtaa 1140
acagcttcat gctcaaataa ataaagcaaa acacaagata caagatgcaa gcttattcca 1200
gatggccaac aaagttaactt cgttgaccaa aaataagatc aacttaaagc caaatatcgt 1260
gttgaaaagg cataataata aaatctcaga ttttcggtgg agtcgagatt caaaacgtat 1320
tttgagtga agtcaagatg gctttatgct tatatgggac agtgcttcag gtttaaaaca 1380
gaacgctatt ccattagatt ctcaatgggt tctttcctgc gctatttcgc catcgagtac 1440
tttggttagc agcgcaggat taaacaataa ctgtaccatt tatagagttt cgaaagaaaa 1500
cagagtagcg caaaacgttg cgtcaatttt caaaggacat acttgctata tttctgacat 1560
tgaatttaca gataacgcac atatatggac agcaagtggg gatatgacat gtgccttgtg 1620
ggatataccg aaagcaaaga ggggtgagaga atattctgac catttaggtg atgttttggc 1680
tttagctatt cctgaagagc caaactcaga aaattcttcg aacacattcg ctgactgtgg 1740
atcagacggg tatacttaca tatgggatag cagatctccg tccgctgtac aaagctttta 1800
cgttaacgat agtgatatta atgcacttcg ttttttcaa gacgggatgt cgattgttgc 1860
aggaagtgac aatggtgcga taaatatgta tgatttaagg tcggactggt ctattgctac 1920
tttttctctt tttcaggtt atgaagaacg taccctacc cctacttata tggcagctaa 1980
catggagtac aataccgcgc aatcgccaca aactttaaaa tcaacaagct caagctatct 2040
agacaaccaa ggcgttgttt ctttagattt tagtgcattt ggaagattga tgtactcatg 2100
ctatacagac attggttgtg ttgtgtggga tgtattaaaa ggagagattg ttggaaaatt 2160
agaaggtcat ggtggcagag tcaactggtg gcgctcgagt ccagatgggt tagctgtatg 2220
tacaggttca tgggactcaa ccatgaaaat atggtctcca gggttatcaat agcttcgaat 2280
tggaataact gtgagcagta attatcaatg gatgctatta tataaatata catacctaca 2340
cccatcccat atttacatag aataacaaca gtaacattag ttctgtggaa gcgcaaaaac 2400
gtcctttaat aaagtaagtc aaaacattca acaatgaaaa ttcaaagcat tgtcatttgc 2460
ttcctttttc tctttggata aacgaaacaa aaacgaacaa aagtgtcatg cactcaaaaa 2520
ttccttttcaa tcggttttga aacagtatta ttactgact tatttgacca acttgctaga 2580
atcatctatg ttttcaggca ttgtttaatt tcatgatggc tgtccctact ttagcttgtt 2640
atgagccttc actggctcgt ccttatgtat tgcgtctgac ccaaaatttg tcctttcttg 2700
tttagtgga tttttgttcg gtaatttcaa aaatgcctga attttcatta acaaatcatc 2760
tggtagtgtt gttataaaca taaaaaactg ctcccttctg ggatgatttt caattgctct 2820
ctgtactgca ggatcattca atatcatctg aaccacgtcc gtcactatat cctcatctat 2880
aagcgcaagg cttttaatcc agggcaaatc ggctatacga agagacattt ctccctccgg 2940
agacactact ttccacggga gatcaaaata tttagatagt tcaactattga gatgtgagaa 3000
ttcatgaggc acatcaacgg tatagtcaac tgcatatgca tcatcttcaa acgttaagtc 3060
atgttcaatg ctaaaactttc cagcgttacc tataaaaaag cattctatct ttaagttaaa 3120
ctctcccaa cgggtttcct tgataaaaaa tggcagcgag ttcagtcgtc ttttgggctg 3180
tttgaagcta gagtgcaaat ggtagatgca tttagagagg atggtaggct ccacttcctt 3240
tcctgttgca tctaactga ggagttccat ct 3272

```

<210> 104

<211> 423

<212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 104

Met	Ala	Ala	His	Gln	Met	Asp	Ser	Ile	Thr	Tyr	Ser	Asn	Asn	Val	Thr
1				5					10					15	
Gln	Gln	Tyr	Ile	Gln	Pro	Gln	Ser	Leu	Gln	Asp	Ile	Ser	Ala	Val	Glu
			20					25					30		
Asp	Glu	Ile	Gln	Asn	Lys	Ile	Glu	Ala	Ala	Arg	Gln	Glu	Ser	Lys	Gln
		35					40					45			
Leu	His	Ala	Gln	Ile	Asn	Lys	Ala	Lys	His	Lys	Ile	Gln	Asp	Ala	Ser
	50					55					60				
Leu	Phe	Gln	Met	Ala	Asn	Lys	Val	Thr	Ser	Leu	Thr	Lys	Asn	Lys	Ile
65					70					75					80
Asn	Leu	Lys	Pro	Asn	Ile	Val	Leu	Lys	Gly	His	Asn	Asn	Lys	Ile	Ser
				85					90					95	
Asp	Phe	Arg	Trp	Ser	Arg	Asp	Ser	Lys	Arg	Ile	Leu	Ser	Ala	Ser	Gln
			100					105					110		
Asp	Gly	Phe	Met	Leu	Ile	Trp	Asp	Ser	Ala	Ser	Gly	Leu	Lys	Gln	Asn
		115					120					125			
Ala	Ile	Pro	Leu	Asp	Ser	Gln	Trp	Val	Leu	Ser	Cys	Ala	Ile	Ser	Pro
		130				135					140				
Ser	Ser	Thr	Leu	Val	Ala	Ser	Ala	Gly	Leu	Asn	Asn	Asn	Cys	Thr	Ile
145					150					155					160
Tyr	Arg	Val	Ser	Lys	Glu	Asn	Arg	Val	Ala	Gln	Asn	Val	Ala	Ser	Ile
				165					170					175	
Phe	Lys	Gly	His	Thr	Cys	Tyr	Ile	Ser	Asp	Ile	Glu	Phe	Thr	Asp	Asn
			180					185					190		
Ala	His	Ile	Leu	Thr	Ala	Ser	Gly	Asp	Met	Thr	Cys	Ala	Leu	Trp	Asp
		195					200				205				
Ile	Pro	Lys	Ala	Lys	Arg	Val	Arg	Glu	Tyr	Ser	Asp	His	Leu	Gly	Asp
	210					215					220				
Val	Leu	Ala	Leu	Ala	Ile	Pro	Glu	Glu	Pro	Asn	Ser	Glu	Asn	Ser	Ser
225					230					235					240
Asn	Thr	Phe	Ala	Ser	Cys	Gly	Ser	Asp	Gly	Tyr	Thr	Tyr	Ile	Trp	Asp
			245						250					255	
Ser	Arg	Ser	Pro	Ser	Ala	Val	Gln	Ser	Phe	Tyr	Val	Asn	Asp	Ser	Asp
			260					265					270		
Ile	Asn	Ala	Leu	Arg	Phe	Phe	Lys	Asp	Gly	Met	Ser	Ile	Val	Ala	Gly
		275					280					285			
Ser	Asp	Asn	Gly	Ala	Ile	Asn	Met	Tyr	Asp	Leu	Arg	Ser	Asp	Cys	Ser
	290					295				300					
Ile	Ala	Thr	Phe	Ser	Leu	Phe	Arg	Gly	Tyr	Glu	Glu	Arg	Thr	Pro	Thr
305					310					315					320
Pro	Thr	Tyr	Met	Ala	Ala	Asn	Met	Glu	Tyr	Asn	Thr	Ala	Gln	Ser	Pro
			325						330					335	
Gln	Thr	Leu	Lys	Ser	Thr	Ser	Ser	Ser	Tyr	Leu	Asp	Asn	Gln	Gly	Val
			340					345					350		
Val	Ser	Leu	Asp	Phe	Ser	Ala	Ser	Gly	Arg	Leu	Met	Tyr	Ser	Cys	Tyr
		355					360					365			
Thr	Asp	Ile	Gly	Cys	Val	Val	Trp	Asp	Val	Leu	Lys	Gly	Glu	Ile	Val
	370					375				380					
Gly	Lys	Leu	Glu	Gly	His	Gly	Gly	Arg	Val	Thr	Gly	Val	Arg	Ser	Ser
385					390					395					400
Pro	Asp	Gly	Leu	Ala	Val	Cys	Thr	Gly	Ser	Trp	Asp	Ser	Thr	Met	Lys
			405						410					415	
Ile	Trp	Ser	Pro	Gly	Tyr	Gln									
			420												

<210> 105

<211> 2333

<212> ADN

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 105

```

atattatata tatatatagg gtcgtatata ttcgtgcgt cttcttcctt ctctaagggt 60
aaaattcctt gtatttggtt taatagtagt aactgccgag cccacccaaa gctgtcaaaa 120
cgacagggac aggttttagtg aacctggaag gcatgcctct tatgacacca gcaccaagta 180
gtaaggcgca tgcacccaat gccatttcga gccaccatc tctattcata tgtagcaagt 240
aaccggcaat cccatataca ctaccgaata ctaagccaga tactagagat ggaatggagc 300
ccttacggta gtatcccata agggccaccg ctgtagtcaa aagactcaat gtatatgctg 360
gatgttccat agtgtgatct gatgttcctt tctctcaaac ttcgtttctg tcttgtctcc 420
cgctgttacc taataacttc atgtgatctg ctcccccttc tcgttaaata ccaccttttc 480
atcaaccccg tagggcgcgga cacgtctaaa atattaacct ctgaatactt attgggtcaa 540
aatgaatggt gataactttc ctttacaaaa aaaaaactaa tagagtatat gcatttcggt 600
agtgaatat tcgttaatgc taatatgctc agtagtgatc ctgattacc agttttactg 660
cagccatcgt acaatttttg aacgagtata aagagagaaa ttaaaaacga caagaaatat 720
tcgtactagc ttctcttcctg gcttgatgac agtcttaata tcatctgcaa ctcttgaaat 780
cttgctttat ggtcaaaatt tacgtacgct ttctattata taatatgatt tgtcaatgtg 840
atgagtgaat gtctccctgt taccgggttt tcatgttgat ttttgtttca ggctctaaat 900

```

```

gtttgatgca atatttaaca aggagaacag aaatgttttg tgacagcacc tgtcaatttt 960
aggatagtag caatcgcaaa cgttctcaat aattctaaaga atgacatcag ttcaaaactc 1020
tocacgctta caacaacctc aggaacagca acagcaacag caacagcttt ccttaaagat 1080
aaaacaattg aagttaaaaa gaatcaacga acttaacaat aaactgagga aagaactcag 1140
ccgtgaaaga attactgctt caaatgcagt tcttacaata ataaactata cctcgaatac 1200
aaaagattat acattaccag aactatgggg ctaccccgta gcaggatcaa atcattttat 1260
agagggtttg aaaaatgctc aaaaaaatag ccaaagtgtc aactcaaata gtgtttgttg 1320
tacgcttatg taatgatagt aatagaatcc aaaaaaaaaa aaaatatata tgctttttca 1380
tatctctctc caccctatct ttttttttct tctaattttg gtcctgttca tatcttattc 1440
aaaattaatt cagcggtaat cttatcttta ttgttagact tcgcagaaat ttcatttagc 1500
ttcgtatgag atagtgtgat caagtcattt tgtttattac gtcccagtc gcgagaaatg 1560
atgttaacca atgccaccc ttttaggtat agttcgctaa gttcaacgct cctcaaagca 1620
ttctttaatg ccttttccaa gagctcggtc ttggtttgtt tcttgetacg tagagcctca 1680
taatacacag tctcacttag cctacaaaaa caagcgtaat tgaatggtgt aatacatagg 1740
acctgttcca aacaataacg ggctttttca aattggccca tttcgaaata aatctcgctg 1800
gcataccacc acaattctgc atcaagcggg aatttatctg taagagccac cacttcttta 1860
agaatacttt cttggctcaa attcttgga gttgtotaa tagctatcaa tttctttgca 1920
atagagacat aagtaacgaa gtccgtttca tactccagat catcattcaa caaattttcc 1980
agatattcaa tagcgcttt atcatttccg tttatctgca ataaagtggc tttcatgatt 2040
accattttat acgaattttc accaagacga tctcttaatg tattataaac aacttgcgca 2100
tcaacgtctt ggtttcggtc caccaaaaca tagaaaagca tttccatcaa gaagaaatag 2160
tttctctctg ttagtccaga gtctccactt ttcattgtaa ttttcatttc attttctagt 2220
tgacgttaatt gttctggatt aaattgagta tacgctttgg tattcataat tgtcaaaagc 2280
ttttctctaa ccaaatcctt caacattgtt ttatctactg ctttgtataa ttt 2333

```

<210> 106

<211> 110

<212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 106

```

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

```

<210> 107
 <211> 4067
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

5

<400> 107

```
cctctgatgc gcaattcatg gaattgtact cttgccagaa attaagtgat tcgatagtca 60
ctccattgga cgtagaaaac tctttattac agaagttgtc tgcaaagagt ttgaagatat 120
ccctaacaaa gcggaacaag ttccagttcc gccatcgaga aatcgtcaag agcatgcaag 180
gagtttatca caaccatcac aactccgtta atcaagagca ggtcttgaac gttttgttcg 240
agaatagcaa gcaagttctt ttaggtttaa aagatatgtt gaaaagcgac gggcaaccca 300
cttacttaca tctgaaaatt gcaagttaca ttctttgtat aacgaacggt aaggaaccca 360
taaagctaaa gacatttggt gaaaacgaat gtaaagaatt ggtccagttt gcacaagaca 420
ccctgaagaa cttcgttcag taatcacttt caagctgtag tatgtaaagc atatagatga 480
agttttcgtg tgtataaata tatgaactct agagtgttgc ataatttgaa acacagcatt 540
tcttttcgga gagctcgttt caaatgaaa caaacgccgt tgtccgtttt cgtctcaata 600
gaaaaagtga aacagataaa aattgtttta aaagaaacga atttgcaaca tcttaagata 660
tatcaaaact aatacaaaac agcctaaaaa agattgaaca actcttcgcg gtcaggtctc 720
```

gacaccataa	atcgaagtac	tcgtacgcta	gtttttctcgc	acatagtagc	actacgttcc	780
ttttacaatt	agattacttc	tttttagttg	acttttttga	gacgttcgtg	ccattcataa	840
aataggaaaa	gataacaggt	aagcactgaa	gacttggttt	ataagtgtcc	caagcgagac	900
ctagagtggg	tattgatatt	tctcaaacaa	gactcgtcga	agaaaacaca	cttttatagc	960
ggaaccgctt	tctttatttg	aattgtcttg	ttcaccaagg	atgaaagtcc	aaataaccaa	1020
tagtagaaca	gaggaaatct	taaaagttca	agctaataat	gaaaacgatg	aagtcagtaa	1080
agctactccg	ggcgaagttg	aagaatcgct	aagggttaatc	ggcgatctaa	aattcttttt	1140
agccacagcg	ccggttaaatt	ggcaagaaaa	ccaaattata	aggcgatact	atctgaatag	1200
tggaacaagg	tttgtctctt	gtgtattttg	gaacaatcta	tactatatta	caggtactga	1260
tattgtcaaa	tgttgtcttt	acagaatgca	aaagtgtggg	agagaagtag	ttcaaaagaa	1320
aaaatttgaa	gaggggtattt	tttcagattt	aagaaatctc	aaatgtggta	tagatgcaac	1380
tttagaacia	ccaaagtccg	aatttttgtc	gtttctattc	agaaatatgt	gtctgaaaac	1440
ccaaaaaaag	cagaaagtat	ttttttgggt	cagtgtagca	catgataagt	tggttgcgga	1500
tgcggttgaa	agagatttaa	aaagagaaaag	tttgaatcag	ccttcaacga	ctaagcccg	1560
taatgagccc	gccttatctt	tttcatatga	ttcctcatct	gataagcctc	tctacgatca	1620
gttacttcaa	catttagatt	ctagaagacc	atctagtaca	acaaaatcag	ataattcgcc	1680
tccaaaatta	gaaagcgaga	attttaagga	taagtgtgtg	gtaacagtaa	acaatcgacc	1740
gcttttaggc	gttgccctca	tggtgacga	tgccgcagaa	tcccccctc	aaattaatga	1800
ttttattcct	cagaaattga	ttatagaacc	caatactctc	gaattgaatg	gtctcacaga	1860
agaaacgcct	catgacttac	ccaagaatac	cgctaagggc	agagacgaag	aagattttcc	1920
tctcgactat	tttccctgtat	ctggtgaata	ccctacggag	gaaaatgcgt	ttgatccggt	1980
ccctccacag	gcttttacgc	cagctgcccc	ttccatgcct	atttccatg	ataacgtgaa	2040
tgaaagggat	tctatgccc	ttaattctct	tcttaataga	taccctatc	agttatcagt	2100
ggcaccact	ttcccagtgc	caccatcatc	atcgaggcaa	cattttatga	acacacggga	2160
tttttattca	tctaacaata	acaaggaaaa	attgggtatct	cctagcgacc	ctaccagcta	2220
catgaagtat	gacgaaccag	ttatggattt	tgatgaatct	cggccaaatg	aaaactgtac	2280
aatgcaaaa	tctcacaact	ctggccagca	aactaaacaa	caccaattat	attctaacia	2340
cttccagcaa	tcttaccocaa	acggaatggt	tccaggatac	tacccaaaaa	tgccgtataa	2400
tcccatgggg	ggggatccct	tactcgatca	agccttttat	ggcgcggaag	attttttctt	2460
tccaccagaa	ggatgtgata	acaatatgct	gtatccacaa	actgcaactt	catggaatgt	2520
tttgcctcct	caagctatgc	aaccagctcc	aacctatggt	gggagaccat	acacacggaa	2580
ttatagatcg	acaccaggtt	ccgcgatggt	cccatcacatg	caaagttcaa	attccatgca	2640
gtggaacact	gctgtttcac	cttatagttc	gagagcacca	tctacaactg	ctaaaaacta	2700
tctccttagc	acattttatt	ctcaaaatat	aatcaatac	ccacggcgaa	gaactgtggg	2760
aatgaagtct	tcacaaggaa	atgttccaac	aggtaataaaa	caatctgtgg	gcaagtctgc	2820
aaaaatttca	aagcctctac	atattaagac	aagtgcattat	cagaagcaat	acaaaatcaa	2880
cttggaacg	aaagccaggc	caagtgcgtg	tgacgaagat	tctgctcatc	ctgataagaa	2940
caaagaaatt	tcgatgccta	ctccggattc	caatactttg	gtggtccagt	cagaagaagg	3000
tggaagctcat	tcacttgagg	tagataccaa	tcgaagggtcc	gataaaaaacc	ttccagatgc	3060
aacctgatat	aatataattt	ttgaatttat	gatacaagaa	ttaaaaatgc	gggccagaat	3120
ttaatattaa	acaatactca	gaagaaaaca	acaaggacaa	tctgttttta	taataaaac	3180
aatcttatac	aagactagag	caaacaaaaa	gcaagaaaaa	aaggtataaa	atgtaacaaa	3240
tctattaacg	ttagaaaata	acaaaaaaaa	aaaaagaaaa	agataatata	atataatacc	3300
tttatatatg	tgatttatct	agcgtcacag	tatgtaatat	aaatatcaat	gagtttctta	3360
acatgacctc	caaaaactaca	tgatcgctta	gtattacaat	atgtgtttat	ccactatttt	3420
gataccaacg	tagtattgoc	ttttattttt	cagaatggca	aaggccatcg	gaaaattttt	3480
ccaccagaaa	aagcgagatt	cctaattata	agggtgaaggc	atcgatgttc	ataatagtta	3540
aaagttgtaa	tcaaaaaaga	aaaaggtgca	gagataaaca	aagttataaa	atgacaaaat	3600
caagaaagca	gaagcaaaaa	aagcaggatt	ttttgagaaa	aaagttaaaa	gttggttaagc	3660
caaaggaaaa	agcaaggaat	gctaccgata	catctttcgt	ttccaagact	atttctatta	3720
gaaatcaaca	tttagaccaa	aatccacatg	atttaacaaa	acggctaacg	ctottaagc	3780
atcataacat	caatgtgaga	aaggaaacat	taacaacatt	ccaaaagtca	ataccgtcta	3840
taataaaatc	tcgacttatg	acaccattac	ttactcaaaag	tataccgttg	atttgcatg	3900
aatcgagca	agtacgtcag	ggacttattg	atctcgtaga	tgaaataggt	agtcacgatg	3960
cggagatttt	aaaattgcac	tgcaacattt	ttgtcttata	cattaacatg	gcaatgacac	4020
atattgttac	acaaattcaa	gcagattcta	ctaaatttct	ctctcat		4067

<210> 108

<211> 688

5 <212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 108

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

Gln	Ala	Asn	Asn	Glu	Asn	Asp	Glu	Val	Ser	Lys	Ala	Thr	Pro	Gly	Glu
		20						25					30		
Val	Glu	Glu	Ser	Leu	Arg	Leu	Ile	Gly	Asp	Leu	Lys	Phe	Phe	Leu	Ala
	35						40					45			
Thr	Ala	Pro	Val	Asn	Trp	Gln	Glu	Asn	Gln	Ile	Ile	Arg	Arg	Tyr	Tyr
	50					55					60				
Leu	Asn	Ser	Gly	Gln	Gly	Phe	Val	Ser	Cys	Val	Phe	Trp	Asn	Asn	Leu
65					70					75					80
Tyr	Tyr	Ile	Thr	Gly	Thr	Asp	Ile	Val	Lys	Cys	Cys	Leu	Tyr	Arg	Met
			85						90					95	
Gln	Lys	Phe	Gly	Arg	Glu	Val	Val	Gln	Lys	Lys	Lys	Phe	Glu	Glu	Gly
			100					105					110		
Ile	Phe	Ser	Asp	Leu	Arg	Asn	Leu	Lys	Cys	Gly	Ile	Asp	Ala	Thr	Leu
	115						120					125			
Glu	Gln	Pro	Lys	Ser	Glu	Phe	Leu	Ser	Phe	Leu	Phe	Arg	Asn	Met	Cys
	130					135						140			
Leu	Lys	Thr	Gln	Lys	Lys	Gln	Lys	Val	Phe	Phe	Trp	Phe	Ser	Val	Ala
145					150					155					160
His	Asp	Lys	Leu	Phe	Ala	Asp	Ala	Leu	Glu	Arg	Asp	Leu	Lys	Arg	Glu
				165					170					175	
Ser	Leu	Asn	Gln	Pro	Ser	Thr	Thr	Lys	Pro	Val	Asn	Glu	Pro	Ala	Leu
			180					185					190		
Ser	Phe	Ser	Tyr	Asp	Ser	Ser	Ser	Asp	Lys	Pro	Leu	Tyr	Asp	Gln	Leu
	195						200					205			
Leu	Gln	His	Leu	Asp	Ser	Arg	Arg	Pro	Ser	Ser	Thr	Thr	Lys	Ser	Asp
	210					215						220			
Asn	Ser	Pro	Pro	Lys	Leu	Glu	Ser	Glu	Asn	Phe	Lys	Asp	Asn	Glu	Leu
225					230					235					240
Val	Thr	Val	Thr	Asn	Gln	Pro	Leu	Leu	Gly	Val	Gly	Leu	Met	Asp	Asp
				245					250					255	
Asp	Ala	Pro	Glu	Ser	Pro	Ser	Gln	Ile	Asn	Asp	Phe	Ile	Pro	Gln	Lys
	260							265					270		
Leu	Ile	Ile	Glu	Pro	Asn	Thr	Leu	Glu	Leu	Asn	Gly	Leu	Thr	Glu	Glu
	275						280					285			
Thr	Pro	His	Asp	Leu	Pro	Lys	Asn	Thr	Ala	Lys	Gly	Arg	Asp	Glu	Glu
	290					295						300			
Asp	Phe	Pro	Leu	Asp	Tyr	Phe	Pro	Val	Ser	Val	Glu	Tyr	Pro	Thr	Glu
305					310					315					320
Glu	Asn	Ala	Phe	Asp	Pro	Phe	Pro	Pro	Gln	Ala	Phe	Thr	Pro	Ala	Ala
				325					330					335	
Pro	Ser	Met	Pro	Ile	Ser	Tyr	Asp	Asn	Val	Asn	Glu	Arg	Asp	Ser	Met
			340					345					350		
Pro	Val	Asn	Ser	Leu	Leu	Asn	Arg	Tyr	Pro	Tyr	Gln	Leu	Ser	Val	Ala
		355					360					365			
Pro	Thr	Phe	Pro	Val	Pro	Pro	Ser	Ser	Ser	Arg	Gln	His	Phe	Met	Thr
	370					375						380			
Asn	Arg	Asp	Phe	Tyr	Ser	Ser	Asn	Asn	Asn	Lys	Glu	Lys	Leu	Val	Ser
385					390					395					400
Pro	Ser	Asp	Pro	Thr	Ser	Tyr	Met	Lys	Tyr	Asp	Glu	Pro	Val	Met	Asp
				405					410					415	
Phe	Asp	Glu	Ser	Arg	Pro	Asn	Glu	Asn	Cys	Thr	Asn	Ala	Lys	Ser	His
			420					425					430		
Asn	Ser	Gly	Gln	Gln	Thr	Lys	Gln	His	Gln	Leu	Tyr	Ser	Asn	Asn	Phe
		435					440					445			
Gln	Gln	Ser	Tyr	Pro	Asn	Gly	Met	Val	Pro	Gly	Tyr	Tyr	Pro	Lys	Met
	450					455						460			
Pro	Tyr	Asn	Pro	Met	Gly	Gly	Asp	Pro	Leu	Leu	Asp	Gln	Ala	Phe	Tyr
465					470					475					480
Gly	Ala	Asp	Asp	Phe	Phe	Phe	Pro	Pro	Glu	Gly	Cys	Asp	Asn	Asn	Met
				485					490					495	
Leu	Tyr	Pro	Gln	Thr	Ala	Thr	Ser	Trp	Asn	Val	Leu	Pro	Pro	Gln	Ala
			500					505					510		
Met	Gln	Pro	Ala	Pro	Thr	Tyr	Val	Gly	Arg	Pro	Tyr	Thr	Pro	Asn	Tyr
	515						520					525			
Arg	Ser	Thr	Pro	Gly	Ser	Ala	Met	Phe	Pro	Tyr	Met	Gln	Ser	Ser	Asn

530		535		540
Ser Met Gln Trp Asn Thr Ala Val Ser Pro Tyr Ser Ser Arg Ala Pro				
545		550		560
Ser Thr Thr Ala Lys Asn Tyr Pro Pro Ser Thr Phe Tyr Ser Gln Asn				
	565		570	575
Ile Asn Gln Tyr Pro Arg Arg Arg Thr Val Gly Met Lys Ser Ser Gln				
	580		585	590
Gly Asn Val Pro Thr Gly Asn Lys Gln Ser Val Gly Lys Ser Ala Lys				
	595		600	605
Ile Ser Lys Pro Leu His Ile Lys Thr Ser Ala Tyr Gln Lys Gln Tyr				
	610		615	620
Lys Ile Asn Leu Glu Thr Lys Ala Arg Pro Ser Ala Gly Asp Glu Asp				
625		630		640
Ser Ala His Pro Asp Lys Asn Lys Glu Ile Ser Met Pro Thr Pro Asp				
	645		650	655
Ser Asn Thr Leu Val Val Gln Ser Glu Glu Gly Gly Ala His Ser Leu				
	660		665	670
Glu Val Asp Thr Asn Arg Arg Ser Asp Lys Asn Leu Pro Asp Ala Thr				
	675		680	685

<210> 109
 <211> 3548
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

 <400> 109

5

accagtgggc	accatacatg	aaataccaca	gtgttttccc	aatgtacgga	cgacttggga	60
agtttgcaga	gctaactctc	ttgtgggaac	catgatcaaa	gcctgaattt	tattcaactt	120
tggtttgact	ttctctaacg	taggaataac	aaatgaggct	gtcttacctg	taccattctt	180
tgctctggcc	aatatgtctc	taccagttat	tgctaccgga	atagcctctt	cttgaatagg	240
ggatggtttt	tcaaaaccgg	cttcaaaaaa	acccattaac	agctctcttt	tcaataaaaa	300
atcttcaaaa	gtattaccct	ttgtatttaa	gacatcgctc	gtctgtgggc	tggtatcctt	360
cttggaataa	ttcaatgcag	ttttccagtc	ccgatcgaga	tccgtattac	tgttattatt	420
agtgttgaag	ttattattga	tggaacccat	tactactatt	ttctttcttg	tcgtatttta	480
ggcctgggat	aagttattat	gcgaatggcg	atgcggttat	gaagaaataa	aagggtctaa	540
agtaagaatt	ttctgcgtct	atctttctat	taggaataaa	atatgactat	atcttactatt	600
attgttggtt	tgctgtacaa	tcctttatga	atgaaaatat	taagcttgtg	gtcttaaaag	660
aatgtggatg	aaacaaaact	gaatccaatg	atgagaaata	aatgtacaat	cagataataa	720
acacttttat	tgatgattgt	cttttcttgc	aaaccccaat	gttacaatcg	ccatttagtt	780
ctaagattgt	gttgctcttt	ttcttacgaa	atctttttcc	ctcccttttt	tgatcactgt	840
cctcgttata	agtgattcgt	ggggtaacgg	cgatatcata	ctattattgg	cccactctgat	900
ggattagaag	acctacaggt	taatgtgaag	cgacactaat	gataagaaaa	ctgcacggga	960
tcataatctgt	ttttgcagcg	tggtatattg	gttggtgggc	atgtttcaac	gaagagcttt	1020
acagagaagg	aacttgaaag	ggctcaatct	taacctgcac	ccagatgtgg	gcaataatgg	1080
ccaattgcag	gaaaagacag	agactcacca	gggacaatct	cgaaatagaag	gccactggat	1140
gtctaacatt	aatgcaatac	agaataatag	caacctgttt	ttgcgaagag	gcataaaaaa	1200
aaaactgacg	ttggatgcgt	ttggtgatga	ccaagctata	tcgaaaccaa	acactgtggt	1260
aatacagcaa	ccgcaaaatg	aacctgtttt	agttctgtct	tctctatcac	aatccccgtg	1320
tgtaacatca	tcatacatctt	tgctccacgcc	atgcattata	gatgcgtaca	gtaataatctt	1380
cggattatcg	ccatcatcca	cgaattctac	tcctctctacg	atccagggat	tgtccaatat	1440
tgcaacgcca	gttgaaaacg	aacattcgat	atcactacca	cctttggagg	aaagcctatc	1500
gccagccgca	gcagatctga	aagatacgtt	gtcgggaact	tcaaatggta	attatataca	1560
actccgggac	ttgggttcagt	tggggaaaaa	tggtgtggtg	aattctggaa	ctgtggtgaa	1620
ggcactacat	gttcctgatt	ccaaaatagt	tgccaaaaaa	accattcctg	tggaacagaa	1680
taacagtaca	atcatcaacc	aattagtttag	ggaattatct	atogtcaaaa	acgttaagcc	1740
ccatgaaaac	attatcacct	tctatggagc	ttattataac	cagcatataa	ataatgaaat	1800
cataatttta	atggaatact	ctgattgtgg	ttcttttagat	aaaatactgt	ccgtttataa	1860
aaggtttggt	caaagaggga	ctgtttcgag	taagaaaaact	tggttcaacg	aattaacaat	1920
atcaaaaata	cgctacggcg	tactaaatgg	cttggtatcat	ttgtaccgag	aatgaagat	1980
aattcatcgt	gatatacagc	cttccaatgt	tctgattaat	agtaaggggc	agattaagtt	2040
atgtgatttt	ggagtttcca	aaaaactaat	aaattctatc	gctgatacat	ttgttggaac	2100
gtccacttat	atgtcaccag	agaggataca	aggaaacggt	tattctatca	aaggggacgt	2160
ttggtcattg	ggcttaatga	tcacgcagct	ggtaactgga	gagtttcccc	taggttggga	2220
taacgatata	cctgatggca	tattggattt	gctgcaacgt	attgtcaacg	agccttcacc	2280
aagattaccc	aaagaccgta	tctattccaa	ggaaatgaca	gattttgtca	ataggtgttg	2340
tattaagaat	gaaagggaaa	ggcatcgtat	tcatagaattg	ctacatcatg	atcttataat	2400
gaaatacgtg	tcaccgtcta	aagatgataa	atthagacat	tggtgtagaa	aaataaaatc	2460
taaaataaag	gaagacaaga	gaattaaaag	agaagccttg	gaccgtgcca	agtagaaaaa	2520
gaaacaatcg	gaaagatcaa	ccatttgaat	gcatggcgata	acattagtta	ggaacatatt	2580
gcactttttt	tcacatccct	ttctcaaaac	tatattcata	tatatataga	ctctcctgat	2640
tatgtaaata	acaaaccaat	tttctaattgt	aacaatatctt	ttaaaaataa	tcatacaaagt	2700
agcactttat	gtacagaaaa	tttcacgatt	gagagaagct	tgcaataaat	actagtttagc	2760
ctgtgtttca	ccatcgttac	ttaattttctt	atagttctta	tattctttat	ttttatgcca	2820
caaccaacct	tcggttcctc	taacgaaacc	gaaggcgatt	aataaccac	cgaagctacg	2880
taaagttact	ttccaccatt	gtgggtttct	tttttcaaat	tcagtccagag	aaatgcctct	2940
tttgcttctc	tgtttaccat	acttgaatgg	tttcccagat	gccaagtatg	agccaaatcc	3000
aacagaaaac	atagtgtctc	tgacttgaca	aggaacgcaa	tccatagtct	cttctttttc	3060
cagctccctt	tgtggtggag	ggttgaacac	tgccaaaata	ttactcatta	tttttccacg	3120
cttgctgttt	ctctctaagc	ggtgttttgt	ttcctacttg	gtggcacaca	atgactgtac	3180
tcgctttata	tgctcgtacc	ttttttcaaa	agcccatcgt	taatttttca	cccgaggacc	3240
ccatattacg	cgttttttgt	taatgttcaa	tttccgacat	gttacaatta	taataacgcc	3300
aaaagaggta	aatgtatatt	tgaacaattg	ataagagaa	gataaaaaac	ctttaatctt	3360
gcattttctg	tcaatagtac	actaatggcg	ttctatttta	gtacggcaat	taaaagaaag	3420
ctgcttttca	gtcaagaatg	ccggaattaa	cagaatttca	gaaaaaacgt	ttagagaaca	3480
tcaaaaggaa	taacgattta	ttgaaaaaac	tccatttgtc	tggaagtagca	tctcaaatca	3540
agcacgag						3548

<210> 110
<211> 515
<212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 110

Met	Phe	Gln	Arg	Lys	Thr	Leu	Gln	Arg	Arg	Asn	Leu	Lys	Gly	Leu	Asn
1				5					10					15	
Leu	Asn	Leu	His	Pro	Asp	Val	Gly	Asn	Asn	Gly	Gln	Leu	Gln	Glu	Lys
			20					25					30		
Thr	Glu	Thr	His	Gln	Gly	Gln	Ser	Arg	Ile	Glu	Gly	His	Val	Met	Ser
		35					40					45			
Asn	Ile	Asn	Ala	Ile	Gln	Asn	Asn	Ser	Asn	Leu	Phe	Leu	Arg	Arg	Gly
	50					55					60				
Ile	Lys	Lys	Lys	Leu	Thr	Leu	Asp	Ala	Phe	Gly	Asp	Asp	Gln	Ala	Ile
65					70					75					80
Ser	Lys	Pro	Asn	Thr	Val	Val	Ile	Gln	Gln	Pro	Gln	Asn	Glu	Pro	Val
				85					90					95	
Leu	Val	Leu	Ser	Ser	Leu	Ser	Gln	Ser	Pro	Cys	Val	Thr	Ser	Ser	Ser
			100					105					110		
Ser	Leu	Ser	Thr	Pro	Cys	Ile	Ile	Asp	Ala	Tyr	Ser	Asn	Asn	Phe	Gly
		115					120					125			
Leu	Ser	Pro	Ser	Ser	Thr	Asn	Ser	Thr	Pro	Ser	Thr	Ile	Gln	Gly	Leu
	130					135						140			
Ser	Asn	Ile	Ala	Thr	Pro	Val	Glu	Asn	Glu	His	Ser	Ile	Ser	Leu	Pro
145					150					155					160
Pro	Leu	Glu	Glu	Ser	Leu	Ser	Pro	Ala	Ala	Ala	Asp	Leu	Lys	Asp	Thr
				165					170					175	
Leu	Ser	Gly	Thr	Ser	Asn	Gly	Asn	Tyr	Ile	Gln	Leu	Arg	Asp	Leu	Val
			180					185					190		
Gln	Leu	Gly	Lys	Ile	Gly	Ala	Gly	Asn	Ser	Gly	Thr	Val	Val	Lys	Ala
		195					200					205			
Leu	His	Val	Pro	Asp	Ser	Lys	Ile	Val	Ala	Lys	Lys	Thr	Ile	Pro	Val
	210					215					220				
Glu	Gln	Asn	Asn	Ser	Thr	Ile	Ile	Asn	Gln	Leu	Val	Arg	Glu	Leu	Ser
225					230					235					240
Ile	Val	Lys	Asn	Val	Lys	Pro	His	Glu	Asn	Ile	Ile	Thr	Phe	Tyr	Gly
				245					250					255	
Ala	Tyr	Tyr	Asn	Gln	His	Ile	Asn	Asn	Glu	Ile	Ile	Ile	Leu	Met	Glu
			260				265						270		
Tyr	Ser	Asp	Cys	Gly	Ser	Leu	Asp	Lys	Ile	Leu	Ser	Val	Tyr	Lys	Arg
		275					280					285			

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

<210> 111
 <211> 4154
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 111

```

taaaacatcc ttcataaaaa caaccaatat gaaaacattc gtgatagcct atatttacaa 60
ctagcttatac gtcatttgag aatccctcta gacctttatt ttggaaccat agattatcaa 120
cgtgtgatat cgggagtgca aggtcgaaac cgatgtgctc ttcaactctt ggcgcctgta 180
ggaagtaaaa tagggcaatc actacaaaaa ctaccaagta taataggtac ctttgataca 240
gcctcggtaa ccggatcatg ttaagatfff taaccacggt gctggctctc gataattaag 300
tataaaaactt gtatcagagg tatctgcgat ctaaaaagat taatfffftga aaaagatcaa 360
cactaaacca tttgaaattc aaaaagcacc taaggcaaaa tataaatcta aatatacgta 420
aatggaaac actttctgcg cagctttata caagttagcc ttctagctta tgaaatagaa 480
atgaaatata actgagcaag tcctatatata aatactatta atgatcttct tgtccatgag 540
actgttcatg gtgcctttta gagacttctt catcacttag ctgaggcctg tggccacccg 600
ttctcaataa accaccggca gtatcctcaa ctggaaatct tgcactgggc cttacgcaat 660
ggggcttgcg taactgttca aaatccatga ttttagtttt cctccccctt tttaaagtaa 720
tctttggatt ctcgcccaat ttttgctcca cttcttttat attttgggtg cgttctttac 780
tattattatt attattatta ttactaactg ccattatagt ttctttatgc tgcctcacc 840
atgcctttcg ttatcaggct agcattaaaa gccttttaag gtgtaaagct ttgcgcgcga 900
tggtctttaa cagtagaaaa tattcatatt tacacacatg cataaagaga gaccacttaa 960
taaagctagt atgataagat caccggtaga cgaaatatac atggaacaga cacaaacagc 1020
agagggcact gacttactaa ttggtgacga aaagaccaac gatttacctt ttgtgcagtt 1080
atctctggag gaaataggat gcactcaata cctggatagc tttattcagt gcaaccttgt 1140
cacagaagaa gaaattaagt atctcgacaa ggatattctc attgcttttg gtgtaaacaa 1200
aataggagac agactcaaaa ttttaaggaa gtcaaaatcg ttccagagag ataaacggat 1260
tgaacagggtg aatagattga agaacctgat gaaaaaagta agctctctat ccactgctac 1320
gctatcgatg aattcagaat tgattcctga aaagcactgt gttatattta tcttaaacga 1380
tggttccgct aagaaagtta atgtaaatgg ttgctttaat gcagattcta ttaagaaaag 1440
gctaatacaga agattgccac atgaattatt agccacaaac tccaatggag aagtaactaa 1500
aatggttcaa gattatgatg tgtttgcctt agattatacc aagaacgtac tgcatttgct 1560
atatgacgtg gaattagtca ctatttgcca cgcaaatgat cgtgttgaga aaaataggct 1620

```

```

aatttttgtt tccaaagacc aaacaccaag tgataaagct atatccacat ccaaaaaact 1680
atatctaaga acgttgagtg cattgagcca ggttgggcca tcctcgtcaa atttggtggc 1740
acagaacaag gggatttcgc ataacaatgc tgaagggaaa ctccggatcg acaacacaga 1800
aaaggacaga attagacaga tttttaatca gaggcctcct agcgaattta tttctacca 1860
tttggccgga tattttcctc atacagacat gaagcggttg caaaagacga tgagagagtc 1920
atttcgccat tcagcaaggc taagcattgc tcaaagaaga cctttaagtg cagaatcaaa 1980
taatatcggg gacatactat tgaacactc aaacgctgtt gatatggccc tgttacaagg 2040
attagatcag acaagattaa gcagtaaact tgacacaact aaaattccga agcttgccca 2100
taaaaggcca gaagataatg atgccatctc taaccagtta gaactattaa gtgtagagtc 2160
tggtgaagaa gaagatcacg atttctttgg ggaggacagt gacattgttt cattaccgac 2220
gaagattgcc acgccaaga attggttaa aggtgcttgc attggatcag gcagttttgg 2280
gagtgtttac ttgggcatga atgccacac tggtgaacta atggcagtaa agcaagtgg 2340
gataaaaaat aataacattg gtgtttccac agacaacaat aaacaagcca attctgatga 2400
gaataatgag caggaggaac aacaagagaa aatagaagat gttggggcgg taagtcatcc 2460
aaaaaccaat caaaatattc acagaaagat ggttgatgct ttacagcatg aaatgaattt 2520
attgaaggag ttacatcatg agaacattgt tacttattat ggtgcttctc aagaaggcgg 2580
aaatttaaat atttttcttg aatacgttcc tggggggttc gtttctctca tgcgaataa 2640
ttacggacca tttaggaat cactgattac taatttcact aggcataatc tgattggggg 2700
tgcgatattg cataagaaga acattattca cagagatctc aagggtgcaa atattttgat 2760
tgatatcaaa ggttgcgtaa aaattactga ttttggtatt tcaaaaaaat tatcaccttt 2820
gaataaaaaa caaaataaga gagcttcttt gcaaggttcc gtattctgga tgtcaccaga 2880
ggtgggtcaa cagagcgcta ctactgctaa agcggtata tgggtctacag gatgtgtgt 2940
cattgaaatg ttaccggta agcatccttt cccagatttt tctcaaatgc aagcgatctt 3000
caaaataggg acaaacacga ccccgagat accttctcgg gctacgtcag aaggaaagaa 3060
tttcttaaga aaggcatttg agttggatta tcaatacagg cctagtgcct ttgaattgct 3120
gcagcatcca tggtcgatg cgcacataat ttgaaaaagg gctacttatt aattcttttt 3180
atggcactaa agtgctctgg ccgatttttt atcaaataat acatatatat catatttagt 3240
gacatttatt gaatatatct gctatttacc ggtttttttt tttcaattac gctgattaag 3300
taatcataaa tcacaattgt gaaaaaaga ccaactaga tgacgggtatt tgattctcat 3360
acccctggaa taaaatcaag taagataatt ctgataaaaa aatccgactg cacagatgga 3420
agcacgaaga aacaggcctt tctttgcgag gtgatatcaa accattgata tcttctcaat 3480
aacctgctct aggaaaagga ggtagataga caaaagcaag gaaataatcc atagagtttc 3540
attcacatga ataactctgt accaattttt ctcataagat aaagccatct atcaaaaatg 3600
atattgaaat atttgaaaaa tgcttggttt tatggggacc acaattcgcc tgtacctcta 3660
gaagcgtaaa ctgttttatt gaagttagtc ctgataattt ctctaccgtt ttcgctttct 3720
tccttagtgc catttttttag catcatatta ttgaattttt cactttctct aaatgattta 3780
tcattcatgt ccttggacaa gattgaatct acatcaacaa ttgaacagga aggaatattg 3840
cattgcatgg ccatttcccg gatttgagga tcttactcaa ttaaaaacca atgtagcccc 3900
tcatttctct ctaggtagca tttgtaaata caacttttca acaaatctct taatctotta 3960
ggcaattttg caatattcat cttccagaa ctatcattat gttccattac atctgaccat 4020
aaaaaatgt ctaaaacttc gggaaattcg ataaaaact tcaaattagc aaatttagaa 4080
tcataaatc tatcgataaa cttcaaggat tctcgagctg caaaactttt acgcctttgt 4140
tgaaggaaat ccaa

```

<210> 112
 <211> 717
 <212> PRT
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*
 <400> 112

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

115					120					125					
Ser	Ala	Lys	Lys	Val	Asn	Val	Asn	Gly	Cys	Phe	Asn	Ala	Asp	Ser	Ile
130					135					140					
Lys	Lys	Arg	Leu	Ile	Arg	Arg	Leu	Pro	His	Glu	Leu	Leu	Ala	Thr	Asn
145					150					155					160
Ser	Asn	Gly	Glu	Val	Thr	Lys	Met	Val	Gln	Asp	Tyr	Asp	Val	Phe	Val
				165					170					175	
Leu	Asp	Tyr	Thr	Lys	Asn	Val	Leu	His	Leu	Leu	Tyr	Asp	Val	Glu	Leu
				180					185					190	
Val	Thr	Ile	Cys	His	Ala	Asn	Asp	Arg	Val	Glu	Lys	Asn	Arg	Leu	Ile
		195					200					205			
Phe	Val	Ser	Lys	Asp	Gln	Thr	Pro	Ser	Asp	Lys	Ala	Ile	Ser	Thr	Ser
210					215					220					
Lys	Lys	Leu	Tyr	Leu	Arg	Thr	Leu	Ser	Ala	Leu	Ser	Gln	Val	Gly	Pro
225					230					235					240
Ser	Ser	Ser	Asn	Leu	Leu	Ala	Gln	Asn	Lys	Gly	Ile	Ser	His	Asn	Asn
				245					250					255	
Ala	Glu	Gly	Lys	Leu	Arg	Ile	Asp	Asn	Thr	Glu	Lys	Asp	Arg	Ile	Arg
				260					265					270	
Gln	Ile	Phe	Asn	Gln	Arg	Pro	Pro	Ser	Glu	Phe	Ile	Ser	Thr	Asn	Leu
		275					280							285	
Ala	Gly	Tyr	Phe	Pro	His	Thr	Asp	Met	Lys	Arg	Leu	Gln	Lys	Thr	Met
290					295					300					
Arg	Glu	Ser	Phe	Arg	His	Ser	Ala	Arg	Leu	Ser	Ile	Ala	Gln	Arg	Arg
305					310					315					320
Pro	Leu	Ser	Ala	Glu	Ser	Asn	Asn	Ile	Gly	Asp	Ile	Leu	Leu	Lys	His
				325					330					335	
Ser	Asn	Ala	Val	Asp	Met	Ala	Leu	Leu	Gln	Gly	Leu	Asp	Gln	Thr	Arg
				340					345					350	
Leu	Ser	Ser	Lys	Leu	Asp	Thr	Thr	Lys	Ile	Pro	Lys	Leu	Ala	His	Lys
				355			360							365	
Arg	Pro	Glu	Asp	Asn	Asp	Ala	Ile	Ser	Asn	Gln	Leu	Glu	Leu	Leu	Ser
				370			375							380	
Val	Glu	Ser	Gly	Glu	Glu	Glu	Asp	His	Asp	Phe	Gly	Glu	Asp	Ser	
385					390					395					400
Asp	Ile	Val	Ser	Leu	Pro	Thr	Lys	Ile	Ala	Thr	Pro	Lys	Asn	Trp	Leu
				405					410					415	
Lys	Gly	Ala	Cys	Ile	Gly	Ser	Gly	Ser	Phe	Gly	Ser	Val	Tyr	Leu	Gly
				420					425					430	
Met	Asn	Ala	His	Thr	Gly	Glu	Leu	Met	Ala	Val	Lys	Gln	Val	Glu	Ile
				435					440					445	
Lys	Asn	Asn	Asn	Ile	Gly	Val	Ser	Thr	Asp	Asn	Asn	Lys	Gln	Ala	Asn
				450					455					460	
Ser	Asp	Glu	Asn	Asn	Glu	Gln	Glu	Glu	Gln	Gln	Glu	Lys	Ile	Glu	Asp
465					470					475					480
Val	Gly	Ala	Val	Ser	His	Pro	Lys	Thr	Asn	Gln	Asn	Ile	His	Arg	Lys
				485					490					495	
Met	Val	Asp	Ala	Leu	Gln	His	Glu	Met	Asn	Leu	Leu	Lys	Glu	Leu	His
				500					505					510	
His	Glu	Asn	Ile	Val	Thr	Tyr	Tyr	Gly	Ala	Ser	Gln	Glu	Gly	Gly	Asn
				515					520					525	
Leu	Asn	Ile	Phe	Leu	Glu	Tyr	Val	Pro	Gly	Gly	Ser	Val	Ser	Ser	Met
				530					535					540	
Leu	Asn	Asn	Tyr	Gly	Pro	Phe	Glu	Glu	Ser	Leu	Ile	Thr	Asn	Phe	Thr
545					550					555					560
Arg	Gln	Ile	Leu	Ile	Gly	Val	Ala	Tyr	Leu	His	Lys	Lys	Asn	Ile	Ile
				565					570					575	
His	Arg	Asp	Ile	Lys	Gly	Ala	Asn	Ile	Leu	Ile	Asp	Ile	Lys	Gly	Cys
				580					585					590	
Val	Lys	Ile	Thr	Asp	Phe	Gly	Ile	Ser	Lys	Lys	Leu	Ser	Pro	Leu	Asn
				595					600					605	
Lys	Lys	Gln	Asn	Lys	Arg	Ala	Ser	Leu	Gln	Gly	Ser	Val	Phe	Trp	Met
				610					615					620	
Ser	Pro	Glu	Val	Val	Lys	Gln	Ser	Ala	Thr	Thr	Ala	Lys	Ala	Asp	Ile
625					630					635					640

Trp	Ser	Thr	Gly	Cys	Val	Val	Ile	Glu	Met	Phe	Thr	Gly	Lys	His	Pro
				645					650					655	
Phe	Pro	Asp	Phe	Ser	Gln	Met	Gln	Ala	Ile	Phe	Lys	Ile	Gly	Thr	Asn
			660					665					670		
Thr	Thr	Pro	Glu	Ile	Pro	Ser	Trp	Ala	Thr	Ser	Glu	Gly	Lys	Asn	Phe
		675					680					685			
Leu	Arg	Lys	Ala	Phe	Glu	Leu	Asp	Tyr	Gln	Tyr	Arg	Pro	Ser	Ala	Leu
	690					695					700				
Glu	Leu	Leu	Gln	His	Pro	Trp	Leu	Asp	Ala	His	Ile	Ile			
705					710					715					

<210> 113
 <211> 3083
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 113

atgcactcaa	aaacottctt	agttacagga	aaagataacg	atacgataag	aaaagccttt	60
gaactgccta	tcctgcaccc	taacacagat	ctaactcact	attcgggtaa	ggaagtgtca	120
tgcatgtctg	caaagggact	agagaaagtt	acatgattac	ataagcaaaa	aatcggaatt	180
acagacacac	cattttttat	cctgcggccc	catttccgtc	ttcgagggaa	aggatcaaaag	240
gcgcttagcc	caatcttgat	gattcacccg	ggaagaaagg	aattacagaa	ccccagcca	300
cgtaacacag	ccaattagtt	ttctatatcg	ggaaacgtga	ttgattgcgc	aattttgggt	360
gcatcagaat	acatcgatga	gatctagagc	accctttgat	ggtttaagtc	cggtttaaaag	420
ttagtagatc	aatgatttcg	tagtgcattt	taaaggagc	gcttatccat	gggtgattgc	480
gtttacaacg	ttttgtgtgt	actcataata	gccaatctaa	aattaaacaa	caacaacaac	540
gcacaattaa	tatgtatcag	ccccaatacc	tttttctctt	actgtaattt	actactaaat	600
tggggtcgga	cgtttttgat	cttggtccct	gcctgttgtt	tacctgtgat	attacttttc	660
ctcttttatg	tatttaaggt	aaattaatta	tcttttgatc	ttaatatttt	tctcaaaatg	720
cttcccttgt	agttcgggtat	ttttgcttct	tcagatattt	aaactaccgt	ataccataac	780
tgtttcgtga	agtagataca	aacatcgact	atcctattac	gatttatttt	acattatcat	840
attataaatc	gaccagtagt	attgttaaag	attaaaagca	taataacta	ctgtcattag	900
tcacctacag	agaaacaaat	tcctactggc	accattact	ggtgaaaaag	gaaaaaaata	960
ataaaagaaa	agcttttcta	ttcctctccc	cacaaacaaa	atgcaagcgg	atatgcatgg	1020
aaaacttcac	gctgccttag	aagatggttt	cttctctctt	ccttttgaac	agcaacaaca	1080
acctaacatt	tattatgaca	caaccaccga	tcaagaagac	cgtccttgtt	tttcttttgg	1140
atctacaatt	tcccctagaa	gttggcattt	tgaaaagtct	gacaaaattg	cctcatctca	1200
gctgcagaac	ttggttcata	cacaaccaat	tcatttaatt	aatcctcaaa	tattgttcaa	1260
tgaagagttt	ctgaatttgg	aaaatattga	ttctcagcct	atttccaagg	aaacgaaaaac	1320
tacgaagatt	tgcacaatgg	caactgggtc	tgaagaggga	aaaaagagct	ctgaaagtag	1380
cagatcctct	tcattatcat	ctcttttttc	taatgatgaa	tcgcgatcta	cggtccactc	1440
atcattcaat	aacctatgata	actttcaaaa	gagcaacaga	aatggagatg	atatcgatat	1500
tagtgacaca	ataaaatatg	aaactaatac	aaatgcacaa	aaagatatca	aaatattcca	1560
agaaaaat	gaattcaatg	aattcccata	cacacaagac	ttotacccat	ataccaactaa	1620
ttatacctat	tcaaaaccca	caaatattca	tgaatcaata	aattcaaaaa	acacgggattc	1680
atactcccaa	tatcaagatc	agtttccacc	acatactgat	aacatacatt	actttaataa	1740
tcgtcactat	agcaaccata	aaagcactaa	ttgtaattac	tataataata	ccagcaataa	1800
taacaacgcc	tcogataatg	tatatgaggc	agatccattt	atagatgaac	ctcaggtgcc	1860
ctcctactat	taccattag	aaattgcctt	cgacgttgaa	aaatcaccac	cgccatcact	1920
acaaaaatta	aattcaaaaag	agttagaatt	cctaaaaaag	ttgaactcca	aactgtcaag	1980
atatgctgcg	gcttactcct	tcagcagttc	taatgatcaa	gattattatg	acaagggtcag	2040
gatttcaagaa	atatcctaca	agtttagtaa	aacctattct	taattctcga	aaagtactac	2100
aatcttcccc	cttccotcaa	aatatccatt	cacactcatt	tctttatttc	cattgtotca	2160
ctcaaattgc	taagaatttg	tgtatttgca	tatatataca	ctatatatag	gtatatatat	2220
gtattcaatg	tctcaagctc	catgacataa	taccgtagcg	ttattagcct	tatcgtatgt	2280
cgcgatggga	aaggagattc	gttttaattct	tgaaaaacct	tcgtagcgaa	taatgcgaca	2340
taaatcttga	gagagtacat	caccaaattc	actttgttaa	accgcaccat	cggtgctttgc	2400
attcttattc	cttttgcccta	cactaaaatt	attagcattt	ctctaaatga	gctccagtga	2460
agacgaagac	gacaagttct	tgtatggttc	cgattccgaa	ttagcactac	cttcatctaa	2520
acgatcaaga	gatgatgacg	cagacgcagg	tgcgccagtc	aatcctgata	tagttaagaa	2580
acaaaaattc	gactctcccg	tggaagaaat	tccagctact	gccagagatg	atcgttctga	2640
tgaagatatc	tactctgact	cctcagatga	cgatagtgat	tctgacctag	aggttatcat	2700
aagtctgggt	cctgacctta	ctaggttaga	tgcaaaacta	ctcgattctt	attctaccgc	2760
agcgacatct	tcaagcaaaag	acgtaattag	cgtagctaca	gatgtatcca	ataccatcac	2820
aaagacatca	gatgaaagac	taataacaga	aggagaagca	aatcaagggtg	taacggcaac	2880
gaccgtaaaa	gctacagaga	gcgatggaaa	tgtaccgaaa	gcaatgactg	gttctataga	2940
cctggataaaa	gagggaaatct	ttgatagtgt	tggcataacg	acaatagatc	ctgaagtatt	3000
aaaggagaaa	ccctggaggc	aaccgggggc	caacttaagt	gattatttca	attacggttt	3060
taacgaattt	acctggatgg	agt				3083

<210> 114

<211> 360

5 <212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 114

Met	Gln	Ala	Asp	Met	His	Gly	Lys	Leu	His	Ala	Ala	Leu	Glu	Asp	Gly	1	5	10	15
Phe	Phe	Leu	Phe	Pro	Phe	Glu	Gln	Gln	Gln	Gln	Pro	Asn	Ile	Tyr	Tyr	20	25	30	
Asp	Thr	Thr	Thr	Asp	Gln	Glu	Asp	Arg	Pro	Cys	Phe	Ser	Phe	Gly	Ser	35	40	45	
Thr	Ile	Ser	Pro	Arg	Ser	Trp	His	Phe	Glu	Lys	Ser	Asp	Lys	Ile	Ala	50	55	60	
Ser	Ser	Gln	Leu	Gln	Asn	Leu	Val	His	Thr	Gln	Pro	Ile	His	Leu	Ile	65	70	75	80
Asn	Pro	Gln	Ile	Leu	Phe	Asn	Glu	Glu	Phe	Leu	Asn	Leu	Glu	Asn	Ile	85	90	95	
Asp	Ser	Gln	Pro	Ile	Ser	Lys	Glu	Thr	Lys	Thr	Thr	Lys	Asp	Cys	Thr	100	105	110	
Met	Ala	Thr	Gly	Pro	Glu	Arg	Gly	Lys	Lys	Ser	Ser	Glu	Ser	Thr	Arg	115	120	125	
Ser	Ser	Ser	Leu	Ser	Ser	Leu	Phe	Ser	Asn	Asp	Glu	Ser	Ala	Ser	Thr	130	135	140	
Phe	His	Ser	Ser	Phe	Asn	Asn	His	Asp	Asn	Phe	Gln	Lys	Ser	Asn	Arg	145	150	155	160
Asn	Gly	Asp	Asp	Ile	Asp	Ile	Ser	Asp	Thr	Ile	Lys	Tyr	Glu	Thr	Asn	165	170	175	
Thr	Asn	Ala	Gln	Lys	Asp	Ile	Lys	Ile	Phe	Gln	Glu	Asn	Phe	Glu	Phe	180	185	190	
Asn	Glu	Phe	Pro	Tyr	Thr	Gln	Asp	Phe	Tyr	Pro	Tyr	Thr	Thr	Asn	Tyr	195	200	205	
Thr	Tyr	Ser	Lys	Pro	Thr	Asn	Ile	His	Glu	Ser	Ile	Asn	Ser	Lys	Asn	210	215	220	
Thr	Asp	Ser	Tyr	Ser	Gln	Tyr	Gln	Asp	Gln	Phe	Pro	Pro	His	Thr	Asp	225	230	235	240
Asn	Ile	His	Ser	Phe	Asn	Asn	Arg	His	Tyr	Ser	Asn	His	Lys	Ser	Thr	245	250	255	
Asn	Cys	Asn	Tyr	Tyr	Asn	Asn	Thr	Ser	Asn	Asn	Asn	Asn	Ala	Ser	Asp	260	265	270	
Asn	Val	Tyr	Glu	Ala	Asp	Pro	Phe	Ile	Asp	Glu	Pro	Gln	Val	Pro	Ser	275	280	285	
Tyr	Tyr	Tyr	Pro	Leu	Glu	Ile	Ala	Phe	Asp	Val	Glu	Lys	Ser	Pro	Pro	290	295	300	
Pro	Ser	Leu	Gln	Lys	Leu	Asn	Ser	Lys	Glu	Leu	Glu	Phe	Leu	Lys	Lys	305	310	315	320
Leu	Asn	Ser	Lys	Leu	Ser	Arg	Tyr	Ala	Ala	Ala	Tyr	Ser	Phe	Ser	Ser	325	330	335	
Ser	Asn	Asp	Gln	Asp	Tyr	Tyr	Asp	Lys	Val	Arg	Phe	Gln	Glu	Ile	Ser	340	345	350	
Tyr	Lys	Phe	Ser	Lys	Thr	Tyr	Ser									355	360		

<210> 115
 <211> 3938
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 115

```

cecaatgcc cactttttct cgaggagtgg aaacaagcgg gacaactgct acgtcatagg 60
aatgggagta ccaagggagg agcctaagcc gggtaaaatt tggcgctggt tttcttaatc 120
taaaaatagt tcaacaaaaa aatttgggct cgcgccatcc agaccaaagc aatcttcggc 180
cttaacaagc caaaggggaa gaaacccaga ctctaccatg catttcgaac atcttgtagc 240
taactacact ggtaaccacg atacctattc tctcagtagc tgtttcacca agactccgca 300
ctcatggtaa gtagaaaaag aaaactctca caaaaatctg agtggcacag cttttccaaa 360
tacgcttttt aaacttggag aaataaagat gtattaccgg ctggtgcctt aaaatatcct 420
tttctccggt tgtccaataa tttatgttac ggoggtatt tgagtttttg tggaaatctc 480
tatcattaat aaatgtcagc cttgtgtctt aaatgcaatt caacagggaa aaggcgcgag 540
acttcggcgg caaaaagcca cagacaagtg ctggttgcaa agaggtaag aagtaatgag 600
tgtaatcaaa tagatatatt aaggtagcaa ctacccggtc tgtccatttt cttttectga 660
ataacttctt ctgtcttcac acattcattt catttttatt ttccaatato actcaacgag 720
aaagaagtta caagatctat ctttcaaaat agtttacagt tacctttact ttaccctttc 780
ccttttcagt ttgttaccct tttcctaaa agtttttatt tttgggtaaa gatataaagg 840
acactccagt cggttaaggt ggctgtctag gcaatataaa cctgtattta tttaccaggc 900
ttatcagaaa agttaatcgt gttcttaaat atttattgaa aaggaaactg atacagacgt 960
aataaaagaa gagtactaag cttaacttaa taggtcattt atggttgaaa aacgtagtag 1020
acagagttcc agtagtggct cagagttcag tgttccacct gatgtcgata acccgccact 1080
ttctatccct ttgaagaact tatcagacag atatcagctg atcgaaaaac taggtgcagg 1140
atcatttggg tgtgtaactt tagccaaaag gcaatttctt ttatcgaaac tattgggtaa 1200
acaacatgat ataaggggta ctttaatgga tcagcctaaa aatggtcacc aaaactatat 1260
aacaagaca caaggtgtag tggctataaa gacaatgatg acaaaaactg atacactcca 1320
ggattatcag aggttcagag aaattaagtt catactggca atcccagcg atgaccatct 1380
gatacaaaat tttgaggtct ttattgactc tgaaaattac caattacata tcgtaatgga 1440
atgtatggag caaaacctat atcaaatgat gaaacataga aggcgcggag ttttttcgat 1500
tccttctttg aaatctattc tatcgagat actggctggg ttaaaacaca tccacgaaca 1560
taatttcttc cacagagatt taaaacctga aaatattctt atcacacca gtaccagta 1620
ttttgaaaag gagtacatga accagattgg atatcaagat aactatgtca ttaaactggc 1680
agattttggt ttggcacgcc atgttgaaaa taaaaccgg tatacggcct acgtttccac 1740
aagatggtat agatcgctg aaatatatt aagaagtggg tactattcca aacctttgga 1800
tatttgggca ttcgggtgcg tggcggtgga agttactgta ttcagagctc tcttccccgg 1860
tgctaacgaa atcgatcaga tatggaaaat tttagaagtt cttggtacac ctatcaaacg 1920
ttctgatttt gttaatacaa accacatcac agctccacca cctggtggat tttgggatga 1980
tgccagcaat ttggtccata aattaaactt gaaattgcct tatgtagaag gttcatcggt 2040
ggatcatcta ctttctagct cccaactatc cgatttatct gaggttgtca aaaagtgtt 2100
agatgggat cctaagaaa gggcaacagc caaagagctt tgtgaaatgc cttttttga 2160
aaacaccgtg gcatcccaag tagacgcaag aggcaatgtg actaatacag aacaagcatt 2220
gatttttgca ggtataaatc cagtagcgac caacacaaag cccatatatt ttaactcttc 2280
aacaanaattg cccgcagaaa cagagtctaa tgatattgat atcagcaaca acgatcacga 2340
ttctcatgct atgtgtcac caacattaaa tcaagaaaaa ctaacttttg cctgatgttg 2400
aaacgaattc gttgaagaag ataatgatga tcaactcaata cctgatgttg gaacagattc 2460
taccatttca gattctattg atgagactga attatcaaaa gaaattcgta ataattggc 2520
cctttgtcaa ctaccagatg aagaagtctt agatcattca ttatogaata ttaggcagtt 2580
gacaaatgat attgaaatta taaataaaga tgaagcagac aacatggaac agctattttt 2640
tgacctggaa attcctgaaa aggatgagtt tcagagaaaa caaccattta atgaacatgc 2700
agatattgat gaagacatcg ttctaccata tgtgaacaac tcaaattaca cacatacaga 2760
taggtcacat catagaggtg ataattgttt ggggtgatgc tctttaggcg attcgtttaa 2820
ttcaatgcca gattttactc caagaaattt cttgatacct acattaaaaa aatcacggga 2880
aaagtccgag cctcatctat ccaatccaaa ccaacatttt ggaaatgtaa ccttctaata 2940
atttgtcatt tgactgacga atcgttaggc acagttatat agttatatac acatagacat 3000
acatatgttc gcatatatat tatattacta tgcattcacc taaatagcta ctgctctatt 3060
aatacagtg ctttttgatg gctttaattt aacttattag acattacttt gcgtttatct 3120
ccctccaata tatttttatg tttgtttttc ttgaacattt tatgatttct tgctcttggc 3180
ggctactgat tttgttaagc aactcatcaa gaggtcaaaa aaagtagaac gagatctttg 3240
tgttcggtta cccggctcag atcctaactt ggtatgttta ttcgtataag ttactgttgt 3300
ccacaggcaa tactctgcag aaaattaaaa cggcattaat gctaggacaa ccagaactgt 3360
tactattgta tgtgcgatag ttgataactg caacattatg cccggtatat tctcaaaaaa 3420
ccctattact gcatacgaag aaatcgcaag agaaatcttt cggttttggaa aagctcactg 3480
tgaggttctt tggagccaat agtaatacag cacaatccaa ggaaaaatct ggcctatatg 3540
caagggaagg gagatagtca aaagcattct ttccctaga agttggtgca tatatggcat 3600
cgtaaaaaca tattaccccc aaaatttctt ctctaaacga tgtgcttggc ctttgttttg 3660
gtttttgatg tcggtcggtt gagggccctt ggggaaaaat gagatcgccg aatggcacgc 3720
gaggggaagg aaataaggtt taaaggcact gaaacaatag gcaagaagta ggcgagagcc 3780
gacatacag actaatgtgt cgcgtttctt aaggccactt ttcaatgaaa cggatattga 3840

```

ES 2 464 740 T3

```
tatgctagta aaaggacgag ctcaagagcg aaaatataag taaagaattc gagtgcactt 3900
gtctccatgc agcaagattt catatgagtc ttttttat 3938
```

5
<210> 116
<211> 645
<212> PRT
<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 116

```

Met Val Glu Lys Arg Ser Arg Gln Ser Ser Ser Ser Gly Ser Glu Phe
 1          5          10          15
Ser Val Pro Pro Asp Val Asp Asn Pro Pro Leu Ser Ile Pro Leu Lys
          20          25          30
Thr Leu Ser Asp Arg Tyr Gln Leu Ile Glu Lys Leu Gly Ala Gly Ser
          35          40          45
Phe Gly Cys Val Thr Leu Ala Lys Ala Gln Phe Pro Leu Ser Asn Ile
          50          55          60
Leu Gly Lys Gln His Asp Ile Arg Gly Thr Leu Met Asp Gln Pro Lys
65          70          75          80
Asn Gly His Gln Asn Tyr Ile Thr Lys Thr Gln Gly Val Val Ala Ile
          85          90          95
Lys Thr Met Met Thr Lys Leu His Thr Leu Gln Asp Tyr Thr Arg Val
          100          105          110
Arg Glu Ile Lys Phe Ile Leu Ala Ile Pro Ala Asn Asp His Leu Ile
          115          120          125
Gln Ile Phe Glu Val Phe Ile Asp Ser Glu Asn Tyr Gln Leu His Ile
130          135          140
Val Met Glu Cys Met Glu Gln Asn Leu Tyr Gln Met Met Lys His Arg
145          150          155          160
Arg Arg Arg Val Phe Ser Ile Pro Ser Leu Lys Ser Ile Leu Ser Gln
          165          170          175
Ile Leu Ala Gly Leu Lys His Ile His Glu His Asn Phe Phe His Arg
          180          185          190
Asp Leu Lys Pro Glu Asn Ile Leu Ile Thr Pro Ser Thr Gln Tyr Phe
          195          200          205
Glu Lys Glu Tyr Met Asn Gln Ile Gly Tyr Gln Asp Asn Tyr Val Ile
210          215          220
Lys Leu Ala Asp Phe Gly Leu Ala Arg His Val Glu Asn Lys Asn Pro
225          230          235          240
Tyr Thr Ala Tyr Val Ser Thr Arg Trp Tyr Arg Ser Pro Glu Ile Leu
          245          250          255
Leu Arg Ser Gly Tyr Tyr Ser Lys Pro Leu Asp Ile Trp Ala Phe Gly
          260          265          270
Cys Val Ala Val Glu Val Thr Val Phe Arg Ala Leu Phe Pro Gly Ala
          275          280          285
Asn Glu Ile Asp Gln Ile Trp Lys Ile Leu Glu Val Leu Gly Thr Pro
290          295          300
Ile Lys Arg Ser Asp Phe Val Asn Thr Asn His Ile Thr Ala Pro Pro
305          310          315          320
Pro Gly Gly Phe Trp Asp Asp Ala Ser Asn Leu Val His Lys Leu Asn
          325          330          335
Leu Lys Leu Pro Tyr Val Glu Gly Ser Ser Leu Asp His Leu Leu Ser
          340          345          350
Ser Ser Gln Leu Ser Asp Leu Ser Glu Val Val Lys Lys Cys Leu Arg
          355          360          365
Trp Asp Pro Asn Glu Arg Ala Thr Ala Gln Glu Leu Cys Glu Met Pro
          370          375          380
Phe Phe Glu Asn Thr Val Ala Ser Gln Val Asp Ala Arg Gly Asn Val
385          390          395          400
Thr Asn Thr Glu Gln Ala Leu Ile Phe Ala Gly Ile Asn Pro Val Ala
          405          410          415
Thr Asn Thr Lys Pro Ile Tyr Phe Asn Ser Ser Thr Lys Leu Pro Ala
          420          425          430
Glu Thr Glu Ser Asn Asp Ile Asp Ile Ser Asn Asn Asp His Asp Ser
          435          440          445

```

His	Ala	Met	Cys	Ser	Pro	Thr	Leu	Asn	Gln	Glu	Lys	Leu	Thr	Leu	Val
450						455					460				
Glu	Phe	Leu	Asn	Glu	Phe	Val	Glu	Glu	Asp	Asn	Asp	Asp	His	Ser	Ile
465						470				475					480
Pro	Asp	Val	Gly	Thr	Asp	Ser	Thr	Ile	Ser	Asp	Ser	Ile	Asp	Glu	Thr
				485					490					495	
Glu	Leu	Ser	Lys	Glu	Ile	Arg	Asn	Asn	Leu	Ala	Leu	Cys	Gln	Leu	Pro
			500					505					510		
Asp	Glu	Glu	Val	Leu	Asp	His	Ser	Leu	Ser	Asn	Ile	Arg	Gln	Leu	Thr
			515				520					525			
Asn	Asp	Ile	Glu	Ile	Ile	Asn	Lys	Asp	Glu	Ala	Asp	Asn	Met	Glu	Gln
			530			535					540				
Leu	Phe	Phe	Asp	Leu	Glu	Ile	Pro	Glu	Lys	Asp	Glu	Phe	Gln	Arg	Lys
545					550					555					560
Gln	Pro	Phe	Asn	Glu	His	Ala	Asp	Ile	Asp	Glu	Asp	Ile	Val	Leu	Pro
			565					570						575	
Tyr	Val	Asn	Asn	Ser	Asn	Tyr	Thr	His	Thr	Asp	Arg	Ser	His	His	Arg
			580					585					590		
Gly	Asp	Asn	Val	Leu	Gly	Asp	Ala	Ser	Leu	Gly	Asp	Ser	Phe	Asn	Ser
		595					600					605			
Met	Pro	Asp	Phe	Thr	Pro	Arg	Asn	Phe	Leu	Ile	Pro	Thr	Leu	Lys	Lys
		610				615					620				
Ser	Arg	Glu	Lys	Phe	Glu	Pro	His	Leu	Ser	Asn	Pro	Asn	Gln	His	Phe
625					630					635					640
Gly	Asn	Val	Thr	Phe											
				645											

<210> 117

<211> 3884

<212> ADN

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 117

atattgtttt	ttccctagct	gttttcggtt	tggttatgaa	cgcattgtct	gcgaaaagaa	60
acgtggataa	gtattataga	aacagcactt	cttcggccaa	caatatcacg	caaattgagc	120
aagatagtgc	tataaaaggt	cttttgccct	tttttgccct	ttatgcaagc	attgctttac	180
tagtgtggat	gcaaccaagc	tttattacac	tctctttcat	cctttccggt	ggtttcacgg	240
gagcattttac	cgtcggaaga	ataatcggtt	gccattttaac	taagcagagc	tttcccatgt	300
tcaatgcacc	catgttaatt	cctttgtgcc	agatagtatt	gtacaaaata	tgtctatccc	360
tttggggaat	tgagtctaatt	aaaatcgctt	ttggccctatc	ttggcttggg	ttcgggtctct	420
cactaggtgt	tcacattatg	tttatgaatg	acattatcca	tgaatttact	gagtacctgg	480
acgttttatgc	tttatccatc	aagcgctcca	agctgacata	aatcgcaact	tgtatctact	540
tttttttatt	cgaaaacaag	gcacaacaat	gaatctatcg	ccctgtgaga	ttttcaatct	600
caagtttgtg	taatagatag	cgttatatta	tagaactata	aaggtccttg	aatatacata	660
gtgttttcatt	cctattactg	tatatgtgac	tttacattgt	tacttccgcg	gctatttgac	720
gttttttgct	tcaggtgctg	cttgaggggc	aaagtgtcag	aaaatcggcc	aggcctgatg	780
acacaaaaga	gtagaaaacg	agatctcaaa	tatctcgagg	cctgtcctct	atacaaccgc	840
ccagctctct	gacaaaagctc	cagaaacggt	gtcttttggt	tcgaaaagcc	aaggtccctt	900
ataattgccc	tccattttgt	gtcacctatt	taagcaaaaa	attgaaagtt	tactaacctt	960
tcattaaaga	gaaataacaa	tattataaaa	agcgcttaaa	atgaatgaaa	tggaaaacac	1020
agatccagta	ttacaggatg	atctcgtatc	caaatatgag	agggaattaa	gcacagaaca	1080
ggaagaggat	acgcctgtta	tccttacgca	gttgaatgaa	gatggcacca	cctcgaaata	1140
tttcgacaaa	aggaaactaa	aaattgcccc	tagatcaaca	ctacagttca	aagtgggacc	1200
tccatttgaa	ttagtgtgag	attattgtcc	agtcgttgag	tctcataccg	gaagaacact	1260
agattttacga	attattccaa	gaattgacag	agggttcgac	catattgatg	aagagtgggt	1320
aggttataaa	agaaattatt	ttaccttagt	atcaacggtt	gaaacggcaa	attgtgatgt	1380
ggatactttt	ttaaagagca	gttttgatct	tctcgttgaa	gactcttcag	tagaaagcag	1440
attaagagtgt	caatatttcg	ctatcaaaat	aaaagctaag	aatgacgacg	acgacacgga	1500
aatcaatctc	gtccagcata	cagcgaaaacg	cgacaaaagg	cctcaatttt	gtccttcagt	1560
atgtccggtg	gtgccttccc	ctttgccaaa	acatcaaatc	ataagagaag	cttcaaatgt	1620
tcgaaatatc	actaaaatga	aaaaatacga	ttccactttt	tatttgcaca	gagaccacgt	1680
taattatgaa	gaatatggag	tggactcttt	attgttttcc	tatccagaag	attctattca	1740
gaaagttgcc	cgttatgaaa	gagttcaatt	tgcttcatca	attagcgtga	agaaaccatc	1800
ccaacaaaaat	aaacacttta	gcttgcatgt	aatttttaggt	gcagtggtag	atccagatac	1860
ctttcatggg	gagaatcccg	gaattcctta	tgatgsaactg	gctttaaaaa	atggatcaaa	1920
agggatgttt	gtgtatttgc	aagaaatgaa	aacgcctcct	cttattatta	gaggaagatc	1980
accttctaac	tatgcgtcat	ctcagcgaat	aactgtgaga	acaccgtcga	gtgtcaattc	2040
ctcacaaaaa	agcacaaaaa	gaaaaatgcc	atcaatggcg	cagccgttaa	atgaatgttg	2100
cttaaatgca	agaccttcga	aaaggcgatc	caaagtggcg	ctaggtgcac	cgaactctgg	2160
ggcctccatc	tcgcctatca	aatctcgtca	atccacacca	atggaagctt	cgaaggaaaa	2220
tgaggatccg	ttcttcaggc	caaataaaaag	ggtggagact	cttgaacata	tccagaacaa	2280
actgggtgct	ttgaaaaatc	aatgtccaga	ttcctctctg	aaatatccga	gttcatcttc	2340
aagaggtatg	gaagggtgtt	tagaaaagga	ggatttagtt	tactcaagta	gtttttctgt	2400
taatatgaag	caaattcgaac	tgaaacccgc	acgctctttt	gaacatgaga	atattttcaa	2460
agtaggctca	ttagcattca	aaaaaatcaa	tgaattacct	catgaaaatt	atgaaatgac	2520
aatagagaag	aaatcaatgg	aacagaatta	tctaagacca	gagataggct	acggttctga	2580
atgcaaaaaca	agctatggta	acgaactctc	cctttcaaat	atttctttct	ctatactacc	2640
taactcagca	gaaaattttc	acttggaaac	tgcacttttc	ccagctacgg	aagaggatgt	2700
gccaaaggaca	ttttcaagaa	tattagaaac	aggttcgttt	caaaattatt	atcaaaaaat	2760
ggatgcagaa	aatgcagata	gggtatatcc	gaaaggggtc	aagttgattg	caagcggtag	2820
tctaccatct	ggtatattta	ataggggaag	attgtttgag	gaagatagtt	tctataagta	2880
ttaaataaac	taatgatttt	aaatcgttaa	aaaaatatgc	gaattctgtg	gatcgaacac	2940
aggacctcca	gataacttga	ccgaagtttt	ttcttcagtc	tggcgctctc	ccaactgagc	3000
taaatccgct	tactatttgt	tatcagttcc	cttcatatct	acatagaata	ggttaagtat	3060
tttattagtt	gccagaagaa	ctactgatag	ttgggaatat	ttggtgaata	atgaagattg	3120
ggtgaataat	ttgataattt	tgagattcaa	ttgttaatca	atgttacaat	attatgtata	3180
cagagtatac	tagaagttct	cttcggagat	cttgaagttc	acaaaaggga	atcgatattt	3240
ctacataata	ttatcattac	ttcttcccca	tcttataatt	gtcatttcatt	attgattatg	3300
atcaatgcaa	taatgattgg	tagttgccaa	acatttaata	cgatcctctg	taattttctt	3360
atgaataatt	atcacagcaa	cgttcaatta	tcttcaattc	ggcttcagta	ctgtatgaaa	3420
tactcgctaa	cattttcttt	attctataat	agcacagtga	caactaaacg	tcaaacgtgg	3480
cgcacattaa	tatacgatgt	atgcatttgg	cttgacactg	ctgtaataag	gaacatcatc	3540
atccatcaac	tagtagtcac	attagtagtg	tattatcaca	tgggtgtgtaa	gaacattacg	3600
taaagattga	aaaaaagtca	tcaaaaataa	aggaagctga	aatgcaagga	ctagtagtgt	3660
aatagaataa	tattgtgtaa	aagtatcgat	accctttttg	gaattattgt	atcttcgagg	3720
gtggctttta	atatattttt	gaaaacctaa	tattataacc	tttcacaaca	acgaaatccc	3780
aactgttgtg	taataatttt	actcaattct	tactattgct	ttaccaatcc	ttgtatttga	3840
gctctcataa	agttcgctga	ctacttctca	cgactcatgt	catc		3884

<210> 118
 <211> 627
 <212> PRT
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

5

<400> 118

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

Ser	Pro	Leu	Pro	Lys	His	Gln	Ile	Ile	Arg	Glu	Ala	Ser	Asn	Val	Arg
		195					200					205			
Asn	Ile	Thr	Lys	Met	Lys	Lys	Tyr	Asp	Ser	Thr	Phe	Tyr	Leu	His	Arg
	210					215					220				
Asp	His	Val	Asn	Tyr	Glu	Glu	Tyr	Gly	Val	Asp	Ser	Leu	Leu	Phe	Ser
	225				230					235					240
Tyr	Pro	Glu	Asp	Ser	Ile	Gln	Lys	Val	Ala	Arg	Tyr	Glu	Arg	Val	Gln
			245						250					255	
Phe	Ala	Ser	Ser	Ile	Ser	Val	Lys	Lys	Pro	Ser	Gln	Gln	Asn	Lys	His
			260					265					270		
Phe	Ser	Leu	His	Val	Ile	Leu	Gly	Ala	Val	Val	Asp	Pro	Asp	Thr	Phe
		275					280				285				
His	Gly	Glu	Asn	Pro	Gly	Ile	Pro	Tyr	Asp	Glu	Leu	Ala	Leu	Lys	Asn
	290					295					300				
Gly	Ser	Lys	Gly	Met	Phe	Val	Tyr	Leu	Gln	Glu	Met	Lys	Thr	Pro	Pro
	305				310					315					320
Leu	Ile	Ile	Arg	Gly	Arg	Ser	Pro	Ser	Asn	Tyr	Ala	Ser	Ser	Gln	Arg
			325						330					335	
Ile	Thr	Val	Arg	Thr	Pro	Ser	Ser	Val	Asn	Ser	Ser	Gln	Asn	Ser	Thr
		340						345					350		
Lys	Arg	Lys	Met	Pro	Ser	Met	Ala	Gln	Pro	Leu	Asn	Glu	Ser	Cys	Leu
		355					360					365			
Asn	Ala	Arg	Pro	Ser	Lys	Arg	Arg	Ser	Lys	Val	Ala	Leu	Gly	Ala	Pro
	370					375					380				
Asn	Ser	Gly	Ala	Ser	Ile	Ser	Pro	Ile	Lys	Ser	Arg	Gln	Ser	Thr	Pro
	385				390					395					400
Met	Glu	Ala	Ser	Lys	Glu	Asn	Glu	Asp	Pro	Phe	Phe	Arg	Pro	Asn	Lys
			405						410					415	
Arg	Val	Glu	Thr	Leu	Glu	His	Ile	Gln	Asn	Lys	Leu	Gly	Ala	Leu	Lys
		420					425					430			
Asn	Gln	Cys	Pro	Asp	Ser	Ser	Leu	Lys	Tyr	Pro	Ser	Ser	Ser	Ser	Arg
		435					440				445				
Gly	Met	Glu	Gly	Cys	Leu	Glu	Lys	Glu	Asp	Leu	Val	Tyr	Ser	Ser	Ser
	450					455				460					
Phe	Ser	Val	Asn	Met	Lys	Gln	Ile	Glu	Leu	Lys	Pro	Ala	Arg	Ser	Phe
	465				470					475					480
Glu	His	Glu	Asn	Ile	Phe	Lys	Val	Gly	Ser	Leu	Ala	Phe	Lys	Lys	Ile
			485						490					495	
Asn	Glu	Leu	Pro	His	Glu	Asn	Tyr	Asp	Ile	Thr	Ile	Glu	Lys	Lys	Ser
		500						505				510			
Met	Glu	Gln	Asn	Tyr	Leu	Arg	Pro	Glu	Ile	Gly	Ser	Arg	Ser	Glu	Cys
		515					520					525			
Lys	Thr	Ser	Tyr	Gly	Asn	Glu	Leu	Ser	Leu	Ser	Asn	Ile	Ser	Phe	Ser
	530					535					540				
Ile	Leu	Pro	Asn	Ser	Ala	Glu	Asn	Phe	His	Leu	Glu	Thr	Ala	Leu	Phe
	545				550					555					560
Pro	Ala	Thr	Glu	Glu	Asp	Val	Pro	Arg	Thr	Phe	Ser	Arg	Ile	Leu	Glu
			565						570					575	
Thr	Gly	Ser	Phe	Gln	Asn	Tyr	Tyr	Gln	Lys	Met	Asp	Ala	Glu	Asn	Ala
			580					585					590		
Asp	Arg	Val	Tyr	Ser	Lys	Gly	Val	Lys	Leu	Ile	Ala	Ser	Gly	Thr	Leu
		595				600					605				
Pro	Ser	Gly	Ile	Phe	Asn	Arg	Glu	Glu	Leu	Phe	Glu	Glu	Asp	Ser	Phe
		610				615					620				
Tyr	Lys	Tyr													
		625													

<210> 119
 <211> 3197
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 119

aatgccatt atgccaataa agacttgccg ctacatacgg atttaccatt tttagaaaat 60

```

gtgccaggtt tccagattct acaatctcta cctgctacag aaggggaaga tcccaatact 120
agacccatga attacttcgt ggacgcattt tatgctaccc gtaatgttag agaatcggat 180
tttgaggctt atgaggcttt acaaatgtgt cctgtaaatt atatatatga aaacggcgat 240
aagaggctact accaatccaa acctttaatc gaacatcacg acattaacga ggacaatact 300
cttctgggta attatgagge ottgattaaa tgcattaact actctccacc ataccaagca 360
cctttcactt tcggaattta tgataagccc tcagatctaa ataataatcc ggacttgaat 420
ttaattacaa cccagcaaaa actaacagag agatTTTTgt ttaagtcttt cattaggggg 480
ttgaacttgt tcgagagtca tatcaatgac ttcaacaatc aatttagatt gcagttgccc 540
gaaaactgtt gtgttatctt taacaacagg agaattttgc atgctaactc tttacaagc 600
tcaaaccagc aatggttaaa ggggtgctat ttcgattctg atactttcaa gagtaaatta 660
aagttcttgg aagagaagtt tcctcatgac aaataacttc attttttcag catagttatg 720
tgattcttta tatttattta ttttctctct gtgtagtgc aatttttttt taatgtttca 780
tgtaaatatc atttatatta agaagccgtc agtttctttt ttgtttcatt gaaatcaata 840
actaaaatta aaattataaa aggaataacg taaaaaaaag tctactacc aaggaaaatc 900
tactttatct agtgattata ttcaactaaa tattattcaa ataacctcac atatttgtct 960
tcacccctaa gattttacga tttactaagt tcacctctct atggctttgg agggattgcg 1020
gaaaaaatat aaacacaggc aggaattggt caaagcactc actcctaaaa gacgatccat 1080
tcacttgaac tccaatgggc actccaacgg aactccctgt tcaaacgcag atgttttggc 1140
tcatattaag catttcctgt cattggcggc taattcatta gagcaacatc aacagcctat 1200
ttcaatcgtc tttcaaaaaca aaaaaagaaa aggcgataca agcagtcctg acattcacac 1260
aacattggac ttccctttga atggcccgca tctatgcact catcagttca agttgaaaag 1320
gtgcgcaatc cttttaaaact tattgaaagt cgttatggaa aaattaccgc taggtaaaaa 1380
cactacagtg agagatatct tctactccaa cgttgaattg tttcaaaagc aagcaaacgt 1440
agtccagtggt ctggacggtt tacgctttta tttcaagctc tctccaagaa aatccttaa 1500
cattatacca gctcaaaagg gtttagttta ttgcgctttc cccattgata tttatgacaa 1560
tattctgaca tgtgcgaatg aaccaaaagt gcaaaaagcaa acaattttcc ctggtaagcc 1620
ctgtctaatc ccatttttcc aagatgatgc ggtcatcaag ttagggacaa caagtatgtg 1680
taatattgta atagtggaaa aagaagctgt cttcaccaaa ttagtaataa attatcacia 1740
gttgagtaca aataccatgc ttattacagg taagggtatt ccagatttct tgacaagggt 1800
attcctaaaa aaactagaac aatattgtct caacttgata tcggactgtt ctatatttac 1860
cgatgcggaac ccctatggaa ttagcatagc cctaaattat actcactcga atgaacgcaa 1920
cgottatatt tgcacgatgg caaactataa aggaattcgt attacgcaag ttttggcaca 1980
aaataatgaa gtgcataaca aatccattca attattgagt ttgaatcagc ggcactactc 2040
cttagccaag aatttgatag catctctgac tgccaacagc tgggatattg caacttcacc 2100
attaaagaac gtcacatag aatgtcagcg ggaaattttt ttccaaaaga aagctgaaat 2160
gaacgagatt gatgccagaa tttttaaaata caaatgaata agaattggag ctgttgcttt 2220
ataaaaaatg tttttcaaga attgaaaacg gttacattta aatattatat aaattgaaat 2280
ctttgataat gaatactagt ccaaaaaaaa atacaatttc aaaaaataa atgccatctc 2340
ctagaatcga accagggttt catcgccac aacgatgtgt actaaccact atactaagat 2400
ggcatatgat tttacaatga ttcgatggtg aatgagttat aagccaggta aggtactacta 2460
gtcttttttc ttaagtaact ttttcgcttg tgatatcttg aaataccatt aaacatagat 2520
aagctattga aatgtgaaga aaattcaaaa aaaaaggga cagagtcatt ttttgggtag 2580
aaactaagct tcaatggatg aatgtttacc caattcatgt ctactagggtg ttcacctcgt 2640
catttcaacg cattcggggc cacaatatgt ttatcactac ccacctcca atacagcatt 2700
tctaacaatg aatccaacga agcatcacga cctctatgga aacctgcaa atctaataa 2760
aaacacaagt acaataaag aagaaaaact ctttaattct ggctctacga aaacagcttc 2820
tcaaattgct ctaaacgagt cagcgaaaag ttacaatacc gctattacgc catcaatgac 2880
aaataactaat actaataatg tgacattacc tccaactaga tcacatgcta atactgtagg 2940
atcacaaagt tcaattcctg cggctactaa tgggtgtaggt tatagaaaaa ccgatatcga 3000
agatacttct cggacttttc aataccaaga aactgaatct gaaacgtcat catcgggatt 3060
aagtgacagc gaattgtcca cagactactt agacatttct agcagttcgt tttctatate 3120
ttcttcttta tcgtcatctt ctttatcttc ttctccctca agttcatcct catcttcccc 3180
tccgcaagat ggcttat 3197

```

<210> 120

<211> 398

<212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 120

```

Met Ala Leu Glu Gly Leu Arg Lys Lys Tyr Lys Thr Arg Gln Glu Leu
 1          5          10          15
Val Lys Ala Leu Thr Pro Lys Arg Arg Ser Ile His Leu Asn Ser Asn
          20          25          30
Gly His Ser Asn Gly Thr Pro Cys Ser Asn Ala Asp Val Leu Ala His

          35          40          45
Ile Lys His Phe Leu Ser Leu Ala Ala Asn Ser Leu Glu Gln His Gln
 50          55          60
Gln Pro Ile Ser Ile Val Phe Gln Asn Lys Lys Arg Lys Gly Asp Thr
65          70          75          80
Ser Ser Pro Asp Ile His Thr Thr Leu Asp Phe Pro Leu Asn Gly Pro
          85          90          95
His Leu Cys Thr His Gln Phe Lys Leu Lys Arg Cys Ala Ile Leu Leu
          100          105          110
Asn Leu Leu Lys Val Val Met Glu Lys Leu Pro Leu Gly Lys Asn Thr
          115          120          125
Thr Val Arg Asp Ile Phe Tyr Ser Asn Val Glu Leu Phe Gln Arg Gln
          130          135          140
Ala Asn Val Val Gln Trp Leu Asp Val Ile Arg Phe Asn Phe Lys Leu
          145          150          155          160
Ser Pro Arg Lys Ser Leu Asn Ile Ile Pro Ala Gln Lys Gly Leu Val
          165          170          175
Tyr Ser Pro Phe Pro Ile Asp Ile Tyr Asp Asn Ile Leu Thr Cys Ala
          180          185          190
Asn Glu Pro Lys Met Gln Lys Gln Thr Ile Phe Pro Gly Lys Pro Cys
          195          200          205
Leu Ile Pro Phe Phe Gln Asp Asp Ala Val Ile Lys Leu Gly Thr Thr
          210          215          220
Ser Met Cys Asn Ile Val Ile Val Glu Lys Glu Ala Val Phe Thr Lys
          225          230          235          240
Leu Val Asn Asn Tyr His Lys Leu Ser Thr Asn Thr Met Leu Ile Thr
          245          250          255
Gly Lys Gly Phe Pro Asp Phe Leu Thr Arg Leu Phe Leu Lys Lys Leu
          260          265          270
Glu Gln Tyr Cys Ser Asn Leu Ile Ser Asp Cys Ser Ile Phe Thr Asp
          275          280          285
Ala Asp Pro Tyr Gly Ile Ser Ile Ala Leu Asn Tyr Thr His Ser Asn
          290          295          300
Glu Arg Asn Ala Tyr Ile Cys Thr Met Ala Asn Tyr Lys Gly Ile Arg
          305          310          315          320
Ile Thr Gln Val Leu Ala Gln Asn Asn Glu Val His Asn Lys Ser Ile
          325          330          335
Gln Leu Leu Ser Leu Asn Gln Arg Asp Tyr Ser Leu Ala Lys Asn Leu
          340          345          350
Ile Ala Ser Leu Thr Ala Asn Ser Trp Asp Ile Ala Thr Ser Pro Leu
          355          360          365
Lys Asn Val Ile Ile Glu Cys Gln Arg Glu Ile Phe Phe Gln Lys Lys
          370          375          380
Ala Glu Met Asn Glu Ile Asp Ala Arg Ile Phe Lys Tyr Lys
          385          390          395

```

<210> 121
 <211> 3194
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 121

```

aaaaagccgt ttgcggaaag caatgttttg cccattcaga aacaatatct ttgctgtatc 60
cctacatgta ttatgccggt ttgcttgtgc aggtacggag tccctgcacg atttttcaac 120
aaggtctaga tttgctaaga cgatgaggcg gagcccgaag caaacaagcc aaaaaccgga 180
atttcgcgct tgggtgtgctt tcgcaccttt tcgtgtgggt aatgcacctg gtgcacgctg 240
cgaaggtgac gtagcaatcc aaaaaaggga agtctaggcg ctttcaaccg cccccaccg 300
tgcattgcga ttggttgtca caattcgcag acatattggc aatgtttcct cccctcctgt 360
tgatgcgggt aaggggtgtc tgttatgcag gaacaggaag gtaaaaaatta aatgggcctt 420
aattctgtag acactctctt ggggtaataa gggtaaaaag cattgttgaa gtacggaatc 480
atctcttcat tttttcagcg cttgtaagga attaatcccc aggaagggtc cgatgtaagt 540
agagaagtat tottgttgta tctcttttgt tcggagtatt tccttcttct ttttctttgt 600
agtttttatg caaatgcagg gaacagagta cccggttaag gctgttagtc agccgcactc 660
tacacaaaat tacttgcaa acacgttggt tgggaaaaag tttatacttg gcggtgtagt 720

```

```

aattgtaaaag gatcaagatt gtgtcatgct aatgtgcgcg tgtgtaacaa cttttttgaa 780
gcgcgtattt accaccggca aaaggccatt gtgtcacata aaaaaaaact cccgccaaag 840
ccaggttcat tttgcataag attcaccaca gtacggaaaa tacgataagt taaccagtaa 900
tttgctcgct ttagctactg ataaaccttc tctgttaaca ctattatatt tttattactt 960
tagatttttc cgtttgtgaa tagccatttt tagatatata atggggttca gaaaaatact 1020
tgctagcaaa tcgcacaca gtgcaccaca taatcagcac cataagaacc tgaagttgca 1080
aaatcatcgc tatgtactta tttccaatat tacaggatcc catgaaacaa aatattttatc 1140
acccttcagg atggacaatt gttcaggaag cagaagacgt gataggctac atgtgaagct 1200
taaactcctg aggaataaaa tccacaaaca acttcaccca aactgtcggt tcgatgacgc 1260
cactaagact agtgatgata aatgcgtctc ttatgaggtg cccgaaaggg atggccttgc 1320
tactatttcg ttagaagagg tttttccaaa gtccaacagg tgccaaatac ctgaagaaaa 1380
cttgggagaa acagatagcg ttattcacag agatttggga aattttgcaa atgagaatga 1440
ctatccacag tggagaaaag ttgaaagtca atataactta gagaatgtcc agcctgagga 1500
ggatgaaata gttgatagac tcaggtccga gattagaagc actaaattaa aatctgtaaa 1560
aacgacaagc agaacacttg aaaaagctat agaggctcga tgtactggaa agagagttct 1620
tcaacaacta agttgtcaga gcaaccaact caccaagatc gagagcaatt gtgacatgct 1680
taaaattcaa tctaaegttag ccgaccgaaa gattgacgaa cttgccatg aaaaatagaag 1740
cctgcttgca ttaaaatcac ccaaccctt caggaagaaa agggagagag aaaagcgaga 1800
ccagatcaac aatttgaagt taaagcatcg tcacttacag caagaaacta tgaaaagagc 1860
ccaagattct gacaaaaatt tagccataaa tctaagttct gaatatggac ggtatggcca 1920
aggggtggaa agacagcgta ttcttagaga tgcccagaag tatcagtttg aagccgatga 1980
agaagataac caaatggaaa tcgacttgta cggaaaccta gaacaaataa aagcgggtgag 2040
tggtgacttg aaaattatgg ctacgccttt tggcagagag tttgaaagcag aaaacactag 2100
aatgtttgac atcgagaaca atgtacagca ggcagataat gctttacagg ccaagcgata 2160
tagattggag aaagtgatcg ggaaaagatg gtgatctgtt atacacacaa aatatcgtgt 2220
ataaatatat tgaataaata gtttctaata aggcatacgc agatattctt gcgaaagaga 2280
aaaaaaaaag agcgaggggg acattagtac tgaaggtctc aattcttctt tgtattttct 2340
ttcggagtgt tcagacaaag ctttctcttt cccataaata aagtgcattc aaacatcggc 2400
aggtttgttt ttcccagttg ttacgtattt gtttcccgtt ccattcatga tcttaactg 2460
ggttaactga aaaatcaaca tgattttgtg aaaagtaaaa gagggtaaga aagatagata 2520
ccgctgtcgt gggactatat tttttacagt accaagtcta cttgcttctc ataaagtga 2580
taagttataa ttcatataat ttcatttgtc aaaaaagatt ttagttacaa aacgatatca 2640
aagttcaatc ttgttgggaa aaaggaaaac attatgaagg gtttccggtg atcactgcgt 2700
atgccacact attcctatag aattgtcttg attgggtgct tatgctgcgg aaaaattata 2760
ttctgcgctt gccttttata ttaagcgtca caacgccctt accaagatcg agcggattaa 2820
gacaagagtg tatctcaagc gtccgtatat gtttaagttg aaaaggatat ttagtaagaa 2880
taattctacc ctacaaacga tattagtata aaaaaaatca ataataagat tattgtacaa 2940
acatgttctg aaaattggaa gcatcacatc gtatgtact agagaaaatt tttactatcc 3000
ttttttccac aagcccagcc ctagcccgat catcctatta attgtcagac caccgaatgc 3060
tatcccgcca cgggtgatat aacgaaactc tttactgctt tgggtcaaat atgcctcttt 3120
tccgcatttt ttccgagtag ttcattgccc catacatacc gcaacttggg cgaggatgtc 3180
ctccttctct tact 3194

```

<210> 122

<211> 397

<212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 122

Met	Gly	Phe	Arg	Lys	Ile	Leu	Ala	Ser	Lys	Ser	His	His	Ser	Arg	His
1				5					10					15	
His	Asn	Gln	His	Lys	Asn	Leu	Lys	Leu	Gln	Asn	His	Arg	Tyr	Val	
			20				25					30			
Leu	Ile	Ser	Asn	Ile	Thr	Gly	Ser	His	Glu	Thr	Lys	Tyr	Leu	Ser	Pro
		35				40						45			
Phe	Arg	Met	Asp	Asn	Cys	Ser	Gly	Ser	Arg	Arg	Arg	Asp	Arg	Leu	His
	50				55						60				
Val	Lys	Leu	Lys	Ser	Leu	Arg	Asn	Lys	Ile	His	Lys	Gln	Leu	His	Pro
65					70					75					80
Asn	Cys	Arg	Phe	Asp	Asp	Ala	Thr	Lys	Thr	Ser	Asp	Asp	Lys	Cys	Val
				85					90					95	
Ser	Tyr	Glu	Val	Pro	Glu	Arg	Asp	Gly	Leu	Ala	Thr	Ile	Ser	Leu	Glu
			100					105					110		
Glu	Val	Phe	Pro	Lys	Ser	Asn	Arg	Cys	Gln	Ile	Pro	Glu	Glu	Asn	Leu
		115					120					125			
Gly	Glu	Thr	Asp	Ser	Val	Ile	His	Arg	Asp	Leu	Gly	Asn	Phe	Ala	Asn
	130					135					140				
Glu	Asn	Asp	Tyr	Pro	Gln	Trp	Arg	Lys	Val	Glu	Ser	Gln	Tyr	Asn	Leu
145					150					155					160
Glu	Asn	Val	Gln	Pro	Glu	Glu	Asp	Glu	Ile	Val	Asp	Arg	Leu	Arg	Ser
				165					170					175	
Glu	Ile	Arg	Ser	Thr	Lys	Leu	Lys	Ser	Val	Lys	Thr	Thr	Ser	Arg	Thr
			180					185					190		
Leu	Glu	Lys	Ala	Ile	Glu	Ala	Arg	Cys	Thr	Gly	Lys	Arg	Val	Leu	Gln
		195				200					205				
Gln	Leu	Ser	Cys	Gln	Ser	Asn	Gln	Leu	Thr	Lys	Ile	Glu	Ser	Asn	Cys
210					215						220				
Asp	Met	Leu	Lys	Ile	Gln	Ser	Asn	Val	Ala	Asp	Arg	Lys	Ile	Asp	Glu
225					230					235					240
Leu	Ala	His	Glu	Asn	Arg	Ser	Leu	Leu	Ala	Leu	Lys	Ser	Pro	Asn	Pro
				245					250					255	
Phe	Arg	Lys	Lys	Arg	Glu	Arg	Glu	Lys	Arg	Asp	Gln	Ile	Asn	Asn	Leu
			260					265					270		
Lys	Leu	Lys	His	Arg	His	Leu	Gln	Gln	Glu	Thr	Met	Lys	Arg	Ala	Gln
			275				280					285			
Asp	Ser	Asp	Lys	Asn	Leu	Ala	Ile	Asn	Leu	Ser	Ser	Glu	Tyr	Gly	Arg
290					295						300				
Tyr	Gly	Gln	Gly	Val	Glu	Arg	Gln	Arg	Ile	Leu	Arg	Asp	Ala	Gln	Lys
305					310					315					320
Tyr	Gln	Phe	Glu	Ala	Asp	Glu	Glu	Asp	Asn	Gln	Met	Glu	Ile	Asp	Leu
				325					330					335	
Tyr	Gly	Asn	Leu	Glu	Gln	Ile	Lys	Ala	Val	Ser	Gly	Asp	Leu	Lys	Ile
			340					345					350		
Met	Ala	His	Ala	Phe	Gly	Arg	Glu	Phe	Glu	Ala	Gln	Asn	Thr	Arg	Met
		355					360					365			
Phe	Asp	Ile	Glu	Asn	Asn	Val	Gln	Gln	Ala	Asp	Asn	Ala	Leu	Gln	Ala
	370					375					380				
Lys	Arg	Tyr	Arg	Leu	Glu	Lys	Val	Ile	Gly	Lys	Arg	Trp			
385					390					395					

<210> 123

<211> 3875

5 <212> ADN

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 123

```

ttatttcaag catTTTTggt gttgttggtg cgggtatatt aacctattg aacaataatg 60
ccaataactc tgctcacatc ggccttttga tattacctgg cgttgcttcc ggtggtttgg 120
cacaaagttc catgctcgct tctcaaattc agttagacaa gaagagccca acttttcgat 180
cagattttgt ctctattacc acttttaaca catTTTgcaa aaatctaggt caagcactgg 240
gaggtgtcat ctctaacact gttttcagtg ctgctgctat caagaaatta accaaggcta 300
atattcagct ccagatgggt accacggtag acaatctggt aatctatagg cagaccaatt 360
tcgatggctc tcattccaaa ttgggcaata taatttctga atctctcact gacgtctttt 420
acatggcatt aggattttat gcattatctc tcatttttgc tgtttttgct tcaaataaga 480
aagtcacagc aagcctgaga taagttaagc acgatctaga aggtggcgag cctcaaagta 540
taaagctgca gaaaaaataa acatgacttt tagtaattgg ctgtttagct tgctgaattg 600
tgtaccacaa ctaacgataa cagtaagagg gtaatccgag acagtatgag tacagctatt 660
aaatagttaa tttagatttt tatactggta tgataaacga cgttcatata gcaagagcgt 720
caatgcctct atgtcacctt caatagaagt ttcccttttt atttcgactt ttgtttttgt 780
atTTTTcggc gtctgccttg ttccattttt aaggcgccaa aaataaaaata aaatgaagaa 840
cgattagtag tcaaagaaca ctttaatcct tggaacaaa aaaataaaaa atcaaaagtt 900
gaaggaaggt caaattttct tctccaacg ataataatac ttgcttatat aactctttta 960
aagttttaca aaacttttga tcagaaaaaa agaaaaaaat atggctactc cccatttata 1020
tcacagatat aactccaaaa gctctaacaa aaatatcaat tctagcggaa attctacaga 1080
ggttgaccgt ttcatccaa aatcagtttc gagaaatgct tataagtcta ttccaatgtt 1140
aaatgggttt gacataagtt actcagaact ttgcgagaaa tctccttcac ctgagcggct 1200
atcatcccct gaattcttta acgaactgcg aaacaccggg cattacgaat caatcagtac 1260
aacaatgag ttttccatgt caagtatctc tagctcttct gagagtcaag ttaccagaag 1320
tggaagtgca agagcttcaa gaaacgatta ttcaaaatta actaaagagc aaaaggacca 1380

```

tagaaa	gaat	attgcacatt	ctcttggttt	tcaattgccc	gaccgtgtct	ttacgtttga	1440
gaccaca	aagt	gctgaaattc	tggaaaagaa	taaagccatc	aaaaattgct	ttggaccagg	1500
aagttgc	gcc	gaaataagat	caacctttga	ctttagtaca	ctctcgcccc	atgttgcccc	1560
ttatttat	c	gctaattcta	acgcaagatc	agcttcccca	caaagacaaa	tccaaagacc	1620
tgctaaa	cga	gtaaagtcac	atattccata	ccgtgtattg	gatgcacctt	gcctgagaaa	1680
tgattttt	at	tcgaacttaa	tttcttggtc	aagaaccaca	aacaacgttt	tgggtgggact	1740
gggttgct	cc	gtatacatct	ggtctgagaa	agaaggagcg	gtatctatat	tggaccatca	1800
atactta	agt	gaaaagaggg	atttagtga	atgcgtctca	ttctgtcctt	acaatactta	1860
ttttattg	tt	ggtacaaaa	ttggccgtat	tcttctttat	gatcaaaaag	aattttttca	1920
ttccagca	ac	acaaacgaaa	aggaaccagt	atttgttttc	caaactgaat	ccttcaaagg	1980
aatatgtt	gc	ctagaatggt	tcaaaccagg	tgaattttgc	aaattttatg	ttggagagga	2040
aaatggca	at	gtgagcctct	ttgaaataaa	gagtttgc	ttccccataa	aaaactggag	2100
taaaagaca	aa	aaactcgaag	atgaaaattt	aataggattg	aaacttcatt	ccacttatca	2160
agctcagg	ca	cagcaagtct	gtggtacgtt	attaagagct	tatgctttca	catacccttt	2220
tctggtat	ag	cgcttatttt	ttcattatga	aaaatactaa	caaataattt	ctacaggtat	2280
ttctctga	at	gaacatgcaa	acctgcttgc	agtcggcggc	aatgataatt	cttgtagctt	2340
atgggat	att	tccgacttgg	ataaacctat	taaaaagttt	gttcttccac	ataaagcggc	2400
tggaaggcc		attgcctttt	gtccttggtc	gaagtctttg	ttggctacgg	gtgggtggaag	2460
cagagacga		tgtattaagt	tttggcatac	atcgacaggc	acattgttgg	atgagatttg	2520
cacctcgga		caggtgacgt	ctttgatatg	gtcgttgaga	cataaacaga	ttgttgctac	2580
ttttggatt	c	ggtgatacca	agaatcctgt	attaataaca	ctatactcat	atccaaaatt	2640
atcaaaact	a	ctcgaagtta	ggtcgcccaa	ccctttgcgt	gtactgagcg	cagtaatctc	2700
tccaagt	tcc	atggcaattt	gcgttgccac	taacgatgaa	acgataagat	tttatgaact	2760
gtggaacga	t	aaggaggaaa	taattaatga	aattcaagag	agtgggattt	atggatctaa	2820
tattataga	a	tatatggagg	gtatcgaaac	aacacataac	aaaagaataa	ggtaatataa	2880
aaaaaggata		ttcattgcac	gcacaacca	aataacttcaa	atagcaaact	aacagtaaga	2940
atatataaaa		ctatacatac	gtatacataa	aaaaataata	gggaaaaaaa	aaggaaacca	3000
tatgagttt	g	aatgaggcga	cgtgccatat	taaacaatta	tatttttaaca	cttccgcact	3060
gcacctatt	t	agttggctga	tttgtgacgt	ttttaattcc	gatcggcctg	aaacagcgaa	3120
gggtcctgga		aaattaagat	aataaaacga	aatgaaaccc	agcaacgtta	gatgatgctc	3180
aaaaaatat		agagacagag	aaaaaccaga	atacaaagag	ctgttttaagt	ggtcaatatc	3240
ccaggtacac		cgagcccagt	cacatcgaac	ttataatgga	tgcaaagaaa	aatactggtg	3300
aagccaataa		tgatgtattg	gaagagggaag	cagcgattca	gttgattgca	ccaggtatag	3360
cgagaaaact	t	aacacaagaa	gtcattaccg	gtatcttctg	taatgtagta	atatacctc	3420
ttcttcta	at	atattttgtc	ttaactttcc	gttacatgac	tacaaatatt	gtaccttatg	3480
aatttataga		tgaaaagttt	cacgttggcc	aaactttgac	ctatttaaaa	ggtaaatgga	3540
ctcaatggga		ccctaaaata	acaaccccc	ctggaatcta	tattttgggt	ttaattaatt	3600
attattgtat		aaagcccata	ttcaagtcgt	ggagcacact	aaccatacta	agattagtta	3660
atttacttgg		agggattatc	gttttcccca	tttttagtact	caggccaata	ttccttttta	3720
atgccttagg		tttttggccc	gtttcattaa	tgagcttccc	attgatgaca	acttattatt	3780
acttatttta		caccgatgtg	tggctacaaa	ttctgatatt	gcaatcactc	agctgcgtgt	3840
taacattacc		gttttggccc	gtgaagagta	tatgg			3875

<210> 124

<211> 593

<212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 124

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

Lys Asn Ile Ala His Ser Leu Gly Phe Gln Leu Pro Asp Arg Val Phe
 130 135 140
 Thr Phe Glu Thr Thr Ser Ala Glu Ile Leu Glu Lys Asn Lys Ala Ile
 145 150 155 160
 Lys Asn Cys Phe Gly Pro Gly Ser Cys Ala Glu Ile Arg Ser Thr Phe
 165 170 175
 Asp Phe Ser Thr Leu Ser Pro Asp Val Ala Arg Tyr Tyr Ile Ala Asn
 180 185 190
 Ser Asn Ala Arg Ser Ala Ser Pro Gln Arg Gln Ile Gln Arg Pro Ala
 195 200 205
 Lys Arg Val Lys Ser His Ile Pro Tyr Arg Val Leu Asp Ala Pro Cys
 210 215 220
 Leu Arg Asn Asp Phe Tyr Ser Asn Leu Ile Ser Trp Ser Arg Thr Thr
 225 230 235 240
 Asn Asn Val Leu Val Gly Leu Gly Cys Ser Val Tyr Ile Trp Ser Glu
 245 250 255
 Lys Glu Gly Ala Val Ser Ile Leu Asp His Gln Tyr Leu Ser Glu Lys
 260 265 270
 Arg Asp Leu Val Thr Cys Val Ser Phe Cys Pro Tyr Asn Thr Tyr Phe
 275 280 285
 Ile Val Gly Thr Lys Phe Gly Arg Ile Leu Leu Tyr Asp Gln Lys Glu
 290 295 300
 Phe Phe His Ser Ser Asn Thr Asn Glu Lys Glu Pro Val Phe Val Phe
 305 310 315 320
 Gln Thr Glu Ser Phe Lys Gly Ile Cys Cys Leu Glu Trp Phe Lys Pro
 325 330 335
 Gly Glu Ile Cys Lys Phe Tyr Val Gly Glu Glu Asn Gly Asn Val Ser
 340 345 350
 Leu Phe Glu Ile Lys Ser Leu His Phe Pro Ile Lys Asn Trp Ser Lys
 355 360 365
 Arg Gln Lys Leu Glu Asp Glu Asn Leu Ile Gly Leu Lys Leu His Ser
 370 375 380
 Thr Tyr Gln Ala Gln Ala Gln Gln Val Cys Gly Ile Ser Leu Asn Glu
 385 390 395 400
 His Ala Asn Leu Leu Ala Val Gly Gly Asn Asp Asn Ser Cys Ser Leu
 405 410 415
 Trp Asp Ile Ser Asp Leu Asp Lys Pro Ile Lys Lys Phe Val Leu Pro
 420 425 430
 His Lys Ala Ala Val Lys Ala Ile Ala Phe Cys Pro Trp Ser Lys Ser
 435 440 445
 Leu Leu Ala Thr Gly Gly Gly Ser Lys Asp Arg Cys Ile Lys Phe Trp
 450 455 460
 His Thr Ser Thr Gly Thr Leu Leu Asp Glu Ile Cys Thr Ser Gly Gln
 465 470 475 480
 Val Thr Ser Leu Ile Trp Ser Leu Arg His Lys Gln Ile Val Ala Thr
 485 490 495
 Phe Gly Phe Gly Asp Thr Lys Asn Pro Val Leu Ile Thr Leu Tyr Ser
 500 505 510
 Tyr Pro Lys Leu Ser Lys Leu Leu Glu Val Arg Ser Pro Asn Pro Leu
 515 520 525
 Arg Val Leu Ser Ala Val Ile Ser Pro Ser Ser Met Ala Ile Cys Val
 530 535 540
 Ala Thr Asn Asp Glu Thr Ile Arg Phe Tyr Glu Leu Trp Asn Asp Lys
 545 550 555 560
 Glu Glu Ile Ile Asn Glu Ile Gln Glu Ser Gly Ile Tyr Gly Ser Asn
 565 570 575
 Ile Ile Glu Tyr Met Glu Gly Ile Glu Thr Thr His Asn Lys Arg Ile
 580 585 590
 Arg

<211> 2727
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

5

<400> 125

```

caaaaaatgt atacaaactc ttaggattgg tcaagaaaag taaatgttgt actgctccaa 60
agatattgcg atgccgtgat aattcaaaaag ggtcgaccca gtctatttca ctgcgcgat 120
aatcggtcgt tatccgaagc tggccaattg atacaattaa ttgacatcag cagacagcaa 180
atgcacttga tatacgagc ttaaagcaag ggtaaattat ctgaaaaagg attgaataca 240
atcaaaacct tcacatacat tggtagtaat atcgagcatc gctattagca gagtatctcg 300
aagtctacca cggcgaaagt tgatttttta tctgaggtgc tgatottcgg acgcaatgcg 360
caaacgtaat tccgtagttt tcccaattat tttatttttt aaattacacg taccaggtag 420
atcacatacg tataaccaac acctgttata tagtgaattg aattattcgg aacatcaata 480
atcctttgct tataattctt gttatcatcc atcttgcatc tttatttaat tatattttgc 540
acaataagct atctatgtga gctgcgtacg gtgactccaa acaatctgtt aatttccata 600
taaataaactt gtagtcggat cgtacaatgg ctctatatag gtttggaccg gtagtaacc 660
taatattgct gactcaaaac ctgctagata gttatccaag tgaatttgag tctcgtatcc 720
tttatccatc ttttacaata gtggctagct atctttttca tggtaggctc acccgggtatt 780
ctcatgcaag atcaaacaaa aaatggtaaa gttttggact ttacactgct tacagttgct 840
tttttatgaa gattcaaaaag attatgtcct cggcggctaa attttccatt aataatatta 900
tccttttacg cgaccgaaaa agagaagcgt tttgaagatt gtttotaaca aacattaata 960
ataaagctaa cgtgaactga ccaggctcta tttgaagat atggcaccga aaaagaaatc 1020
aaacgataga gccattcagg caaaaggctc agaaggtaa gtattttttt acatgctcat 1080
caaataccgc cattactaac aattgtatcc cgggtatttt atcagctgaa caattaatag 1140
aagattactt ggtgtcacia tataaaccat tttctgtaaa tgatatagtt cagaatttgc 1200
acaataaagt gacaaaaaca acagcaacca aagcattaga aaatctcgtt aacgagaaac 1260
gcatagtgtc taaaaccttc ggaaagatta taatttactc ttgtaatgaa caagatacag 1320
cattaccaag caatattgat ccttctcagt ttgattttga aactgtattg caactgagaa 1380
atgatttaat agaactagag agagataaat caatggccaa agacgctcct gactctgtta 1440
ctaaagaacc tgaaaatgaa gatctcctaa caatcattga aaacgaagaa aacgagttga 1500
aaaagattga atcaaaatta caaagtctac aggatgattg ggatccagca aatgatgaga 1560
ttgtcaagcg gataatgtct gaagatacgc tgctacaaaa agaaatcacg aagagatcaa 1620
agatttgcaa aaacctaat gctacaataa aggactcagt gtgcccgaaa aatatgaatg 1680
aatttttggg atgtattttg aacatttttc gaaacctttt cttttgaata tactaacgaa 1740
atctttacag gaagaaattg gatttgagga catttgatgt gaaaagcaat tgggtgttcc 1800
gtaccggaac acttgctatt ttacttatca tgattgtttt tttttcttat tctttgctat 1860
tattatcaaa ttatatatag gtaataaatc ttacactagt ttataagtgt cacgaacgat 1920
gaaatggaaa cttggggggg aaggctcaaa aaacatactg tgtgtttatg gggctgcctt 1980
tgctagtgtg tgaggggtga gaaccgcaat tactgacaaa cgttactgat ttgtaattat 2040
caaaaactcc ttgcattgcc ttcccgttgg ccaaaatagt agtcgttgac aaagagtacg 2100
gcgtcgattc taaagtgggt gaggggattt gctcgcatat agttgtcagt tcctgtgcta 2160
aaactgaagc aataacagaa aatattgaaa aacagcgaag taactgcac ttaattgaaa 2220
atgtatgaag taggtataat attttggcac acaagtgact gttgagagct tacaatcatt 2280
ctagaatgag gaatacgtca aaatggaaac ttaacatata acctcttctt acaactattt 2340
atattgtata tttacaaggg aaatcaattg cctgatattc agtatatttg atctgaagg 2400
atgaaacagt cccttaatta agcttttagat gcggacagaa gtttttttgt taaacttgca 2460
tgtcaaat tcaaaactgcgt gtaattaccg tattcggaat ttacatgggt tcagtaattt 2520
tgcaataaac gcagcaaccg gtgatggcga agttttacca tcaacaata acttataata 2580
actgaatgcc ggcaggttga aacaaattct tgaaaattag tcatttatcc tattgtgcga 2640
atgtaatcca ctgaaatcat ctaaagcacc attaccattg tctagcctgt gaataaaaaa 2700
atatgggagt ataatgatag agaagtg 2727

```

<210> 126
 <211> 218
 <212> PRT
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 126

10

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

<210> 127

<211> 3830

<212> ADN

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 127

```

ggctgtcttt attgttcgtg gtacttttgggt tggcggcgga tgtctttaac cttatgggtg 60
ccgttatgca acatcttttg tctaccatga tcattcttgc tgcttactat acggtggcag 120
atatcatttt actaggtcaa tgtctatggg acgataatga ggaaaaacca gcagtagacc 180
ctattcatct ctcacctgcc aatccaataa acgaaaacgt tctgcacgat gtgttcaatg 240
aacaacaacc gcttttgaat tccaagggtc agccaaatcg tattgatgaa gaaatggctg 300
ctccttcac cgcaggaaac gttggtgatg ataatctccg tgaagtcaat tcaagaaatt 360
tgataaaaaga catatttatt gttagtgggtg tagtttttgt aggtttcatc tctgtggtatg 420
taaccttactg cgtaaactac acgcaacctc ctcccggtga ggatccatca ctgcctgttc 480
ccgaactgca gatcaattgg atggctcaga tattcggtta ctttaagtgc cttttgtatc 540
tgggttcaag aattcctcag atattactga attttaagag aaagtcttgt gaaggtatca 600
gtttcctatt ctttttgttc gcctgtttgg gtaataccac atttattttc tctgtgattg 660
tcatttcttt agactggaag tatctaatta tgaatgcttc ctggttgggtt ggaagcatag 720
gtactttatt catggatttc gtcatatttt cccagttttt catttacaaa agaaataaaa 780
aatttatact gaattaacat gttctatcta atattttatt aacataattt tgacctcaca 840
aacttttttt ttttttctct ctgtcaattg atgtttttta atgtcacaaa aagaaaaatt 900
aatgtatta taaaatttca tttaaatagg aaaaaaccgg tgattactaa aggcataatta 960
aagatctatt aaagatctat taaagctttc tgctaccagt atggataata ttttaaaggc 1020
atcaaatatg gaagggactt caacaatgac agttacctcg cgtagttctg aagactctag 1080
ttgtatctca aatcatgaac aagataccga tacacataag gacggcgaca caagtggctc 1140
ggaaaacagt aaaatttcga agagaaagtg gatgaaagag tttttcaaac tttccaaatc 1200
tccagcttcc aaaagcaacc ggagtatagg ttccatgaaa agtaaccaga gcctcgtttc 1260
aatgaaaagt agtgacgatg gcaacagtta taaaaatgat tactcttcta tctgtggtaa 1320
cagccttcca tctgcaggct tgagtcgttc gaatagtgtg aaagaattaa aattagattc 1380
aactggaagt cagagatcaa aaaataatgt tgccatgtta gcacgttctt ctacaacatc 1440
tcagacaacg tgctcttctt cttcatcatc atcttcttat aactctataa aaggaaatga 1500
aatgatatt ttattgcaga ataacaatca ctttaggcac aacaaagaaa ttcctcaaag 1560
taaagggagc tccaacatta acaccgcac gattatgagc caatacaatg tcgatacgca 1620
agcaaccgct ataatgagcg atatgcaaaa gcaatacgac tcgcaacaga tgacatcacc 1680
atttgtaaac gaagacttgc atttcgatcc aaatggtgaa gtttcacacg taataaaaagc 1740
aatttttaaa gaaattgggt ataaatacga tgatttcagt gatattcctg tttttcaatt 1800
aatgcaagaa atgtatcaac tagtgaagaa gaattccagc gctagaagaa caaagataac 1860
agactatgcc tctaaactta aagaaaaaga aacgcaacta aaaagtcaaa atgacaaaat 1920
tttgaagtta gaaacaacaa acaaggccta caaaactaaa tacaaggagg tctctctgga 1980
aaataagaaa ataaaagagg ctttcaaaga actagacaat gagtcataca atcacgatga 2040
ggaattacta aaaaaataca aatatactag ggaaacctta gatagggtca atagagaaca 2100
gcaattaaatc attgatcaaa acgagttttt gaagaaaagt gtcaatgaac tacaaaaatga 2160
ggttaatgct accaacttca agttctcttt atttaaagaa aaatatgcaa aattagctga 2220
tagcatcact gaattgaata cctctacgaa aaaaagagag gccctgggag aaaacttaac 2280

ttttgaatgc aatgaattaa aagaaatatg tttgaaatac aaaaaaaca tcgaaaatat 2340
atcaaatacc aataagaatt taaaaaattc gttcaaaaat gaaaggaaaa aagttttaga 2400
tttgagaaat gagagaaatt tgttgaaaaa ggaaatactg ttgattgaat gtcattggtc 2460
atattctcta ctccttgat ctaataattc gacatgttat cggttcttac tgccaagtga 2520
tactattatt gaaactgaaa gcttaattaa ggagctactc aacatgaata attcactttc 2580
gaaccatgtg tcttctctg acgagcctcc agcggagtac tcgaaaagat tagaattaaa 2640
atgtgtagag tttgaggaaa agttacttta tttctatcaa gaacttgtga cgaagaaaaa 2700
tatagacgtc atttacaagt gctttattaa ttattacaag aaaagtaggc aaactgacca 2760
aaaatccaat cagaactcca gcactccgta taacaaaagc caaagacaag ttccgcactc 2820
catcaagtga acctcaacag ctacacattc ttttataatc cttaatattc tatatacata 2880
tatgaaaaaa tagaaaacgc gaaaacttgt cttttttttt ttaggcgttt ttataatata 2940
ctgaaaataa aaagaggctc tttaaatgtt gacactctac tccaatatca actgtaaaaa 3000
atctctttat ctgctgacct aacatcaaaa tcctcagatt aaaagtatgt cctccactag 3060
gccagagcta aaattctctg atgtatcaga ggagagaaac ttctataaga agtatacagg 3120
gttgccgaag aaaccattaa aaaccattag attagtggat aaaggcgact attacacagt 3180
tataggttca gatgcgatat ttgttgcaag ttcagctat cataactcaat ctgtttttaa 3240
gaaactgtcaa ttggacctg taacggcaaa gaacttccat gaaccaacta aatatgttac 3300
tgtttcgcta caagttcttg ccactctgct gaagttatgt ttgttgatc tgggatataa 3360
agttgagata tacgataagg gttggaatt aataaaaagc gcatctccag ggaacattga 3420
gcaagttaat gagctaata atatgaatat tgattcgagt atcatcattg caagtttgaa 3480
agttcaaatg aattcccaag atggaactg cattattgga gttgctttca ttgataccac 3540
tgcatacaag gtgggcacgc ttgatattgt cgataatgaa gtgtattcca acctagagag 3600
tttcttgatt caattgggtg taaaggaaat ttgtgtgcag gacttgacat caaattcaaa 3660
ctccaatgct gaaatgcaga agtaataaa ttgaattgat cgctgtgggt cgtcgttac 3720
attattgaaa aactcagaat tttctgaaaa agatgtcgaa ctggatttaa ccaagttact 3780
gggcgatgat ttggcattat cgttaccaca aaaatactct aaactatcta 3830

```

<210> 128
 <211> 609
 <212> PRT
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

5

<400> 128

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

Asp	Asp	Phe	Ser	Asp	Ile	Pro	Val	Phe	Gln	Leu	Met	Gln	Glu	Met	Tyr
			260					265					270		
Gln	Leu	Val	Lys	Lys	Asn	Ser	Ser	Ala	Arg	Arg	Thr	Lys	Ile	Thr	Asp
		275					280					285			
Tyr	Ala	Ser	Lys	Leu	Lys	Glu	Lys	Glu	Thr	Gln	Leu	Lys	Ser	Gln	Asn
	290					295					300				
Asp	Lys	Ile	Leu	Lys	Leu	Glu	Thr	Thr	Asn	Lys	Ala	Tyr	Lys	Thr	Lys
305					310					315					320
Tyr	Lys	Glu	Val	Ser	Leu	Glu	Asn	Lys	Lys	Ile	Lys	Glu	Ala	Phe	Lys
			325						330					335	
Glu	Leu	Asp	Asn	Glu	Ser	Tyr	Asn	His	Asp	Glu	Glu	Leu	Leu	Lys	Lys
		340						345				350			
Tyr	Lys	Tyr	Thr	Arg	Glu	Thr	Leu	Asp	Arg	Val	Asn	Arg	Glu	Gln	Gln
		355					360					365			
Leu	Ile	Ile	Asp	Gln	Asn	Glu	Phe	Leu	Lys	Lys	Ser	Val	Asn	Glu	Leu
	370					375					380				
Gln	Asn	Glu	Val	Asn	Ala	Thr	Asn	Phe	Lys	Phe	Ser	Leu	Phe	Lys	Glu
385					390					395					400
Lys	Tyr	Ala	Lys	Leu	Ala	Asp	Ser	Ile	Thr	Glu	Leu	Asn	Thr	Ser	Thr
			405						410					415	
Lys	Lys	Arg	Glu	Ala	Leu	Gly	Glu	Asn	Leu	Thr	Phe	Glu	Cys	Asn	Glu
			420					425					430		
Leu	Lys	Glu	Ile	Cys	Leu	Lys	Tyr	Lys	Lys	Asn	Ile	Glu	Asn	Ile	Ser
		435					440					445			
Asn	Thr	Asn	Lys	Asn	Leu	Gln	Asn	Ser	Phe	Lys	Asn	Glu	Arg	Lys	Lys
	450					455					460				
Val	Leu	Asp	Leu	Arg	Asn	Glu	Arg	Asn	Leu	Leu	Lys	Lys	Glu	Ile	Leu
465					470					475					480
Leu	Ile	Glu	Cys	His	Gly	Ser	Tyr	Ser	Leu	Leu	Leu	Val	Ser	Asn	Ile
			485						490					495	
Leu	Thr	Cys	Tyr	Arg	Phe	Leu	Leu	Pro	Ser	Asp	Thr	Ile	Ile	Glu	Thr
			500					505					510		
Glu	Ser	Leu	Ile	Lys	Glu	Leu	Leu	Asn	Met	Asn	Asn	Ser	Leu	Ser	Asn
		515					520					525			
His	Val	Ser	Ser	Ser	Asp	Glu	Pro	Pro	Ala	Glu	Tyr	Ser	Lys	Arg	Leu
	530					535					540				
Glu	Leu	Lys	Cys	Val	Glu	Phe	Glu	Glu	Lys	Leu	Leu	Tyr	Phe	Tyr	Gln
545					550					555					560
Glu	Leu	Val	Thr	Lys	Lys	Ile	Ile	Asp	Val	Ile	Tyr	Lys	Cys	Phe	Ile
			565						570					575	
Asn	Tyr	Tyr	Lys	Lys	Ser	Arg	Gln	Thr	Asp	Gln	Lys	Ser	Asn	Gln	Asn
			580					585					590		
Ser	Ser	Thr	Pro	Tyr	Lys	Gln	Ser	Gln	Arg	Gln	Val	Pro	His	Ser	Ile
		595					600					605			
Lys															

<210> 129

<211> 4754

5 <212> ADN

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 129

```

ttcaaagcag tttgtgcaat ttgtccagca gttctgtatt tgttcaagac cgattcctgt 60
agaatatatt tgtccttttag caaaatctga gtatcctcgt gggagatagc tagagccatg 120
atagtttttag caatattagt cgggtcgggt tttttcttaa aagtattttg aataacacga 180
tgcttttagct catctcatct cttctgctga aatttttctt tacttcggta aaattttttc 240
agaaagcaaa aaaagcttca cagaggcatg accctctccg ggtaaaaaaa agcttagggg 300
taccggcctg tcatttttag ggcattatca atttttgcc a tctagttgca actataataa 360
tacagtatga attgcacgaa agagcagtca atgtaaattc acgaagtgac tgacagaata 420
ctgacatcag ctgatttctc atagagctgt ttctctgata acacgttggt tgaacatcga 480
caagatgaaa atctagaagt atcaagtctt ctttaaaggg atatataaca gattctaaaa 540
ctgacagaaa tatttcgagt gaagaagaag cgttaaatat tggatctttc cgcagttcta 600
ctctgatata tttttgaagt aggagagtca tttagaaggc gtattgctca atagtagaaa 660

```

```

gcaggcctgt gcacatgaat taattaaata atataaagg agtgattaga cgacacatgt 720
ccataggttaa cctgtcataa ttttgaacaa tttcccttct tttctttttt ttttttgggt 780
gcggcgatat gtagcttggt aatttacaca tcatgtactt ttctgcatca aaatatgaaa 840
ggcgatagta gctaaagaaa ataccgagaa tttcctcgaa aagttgacga caaaagaaag 900
gcataaaaaa gtaatttgaa aatattttta aactgtttta acccatctag catccgcgct 960
aaaaaaggaa gatacaggat acagcggaaa caacttttaa atgatggaaa ctccctacaga 1020
caatatagtt tccccctttc acaatttttg tagctcgaca caatatagtg gtacottgtc 1080
gagaactccc aaccaaataa tagagctaga gaagcccagt actctatccc cattgtcaag 1140
aggaaaaaaa tggacggaaa agttagccag gttccaaaga agtagtgcta aaaagaaaag 1200
attctcacct tctcctatct cctcctctac attttcgttc tcacccaaat ctagggtcac 1260
ttcttcaaac tcttctggca atgaagacgg taacctaatg aatacacott ctacgggttc 1320
cactgattat ttgccacaac accctcacag aacatcgtct ttgccaagac ctaattccaa 1380
tctctttcac gcaagtaata gtaacctatc ccgagcaaat gagcccccaa gggccgaaaa 1440
tttatcagat aatataccac ccaaggtcgc tccatttggc tatccaatac aaagaacctc 1500
tattaaaaaa tccttttttg atgcttcttg tacgttatgt gacgagccta tttctaacag 1560
aagaaaagga gagaaaatta tagagcttgc atgtggccac ttaagtcacc aagaatgtct 1620
tattatctct tttggcacca cttcaaaggc agacgttcgt gcgtatttct cttttgtac 1680
caaatgtaaa aaagatacta acaaagccgt tcaatgcatt ccagaaaatg atgaactaaa 1740
ggatattcta atttctgatt ttttgattca taagattcct gattctgagt tatcaatcac 1800
acctcagtc cgttttctct cttattcacc actcctgcct ccttttgggt tatcctatac 1860
acctgttgaa agacaaaaga tatattctca agctccaagt ctaaacccaa atctcatatt 1920
ggctgcaccc ccgaaggaaa gaaaccaa atccacaaaaa aatcaaat atacattttt 1980
acattcaccc ctggggcaca gaagaattcc gtccggagca aactctatct tagcagacac 2040
ctctgtagcg ttgtcagcta atgattctat ttctgctgtt tccaattcgg taagagcaaa 2100
ggatgacgaa accaaaacaa cggtgcgct gttaagggtca tattttattc aaattctttt 2160
gaacaatttc caggaagaat tgcaggattg gagaatagac ggggactatg gattactaag 2220
gttggtagac aaattgatga tttccaaaga tggtcagaga tatatacaat gctggtgttt 2280
cttatttgaa gacgcatttg taatagcaga agtggaatac gatgttgatg ttttggaaat 2340
tagactaaag aatttagaag tatttacacc tattgccaac ttgagaatga ctacactcga 2400
agcttcagta ctcaaatgca ccttaaataa acaacattgc gccgatttat cagatcttta 2460
cattgttcag aatataaatt ctgacgaaag cacaactgta cagaatgga tatcaggtat 2520
attgaatcag gattttgtat tcaatgagga caatatcact tcgaacctgc ctattcttcc 2580
cattataaag aacttttcaa aagatgttgg taatggtagg cacgagacga gtacctttct 2640
aggtttaatc aatcctaaca agttgttga agttggaaat gtgcacgata atgatactgt 2700
aatcataagg aggggattca ccttaatttc aggagaatgt tctaggcaga gtactctcga 2760
cagtatacaa tctgttctaa ccacgataag ctcaattctt tcccttaaac gagaaaaacc 2820
tgataatttg gcaataatct tacagatcga ttttacgaaa ttgaaggag aagacagttt 2880
aattgttggt tataacagtc taaaagcttt aaccattaaa tttgcgcgtt tgcagttttg 2940
ttcgttggtat cgaataaatt atgttctgga ctatggatcg gtattacaca agatagattc 3000
actagattcc atctcaaatc tcaaatcaaa gagttcctcg acacaatttt cactattttg 3060
gttgaaaaaa actctatctc ccgaaaatat tctgaacat ttgggtattg ttgctgtatc 3120
aatagtaat atggaagcaa aaaaatccat actatttcaa gattacagat gctttacaag 3180
ttttggaaga agaaggccca atgaattgaa gattaagggtg ggctatttga acgttgacta 3240
cagtataaaa attgatgaac tagtcgaggg cagctcctgg acttttgttt tagaaactct 3300
ttgtacagat ttcggtctaa gttttgatga acatgatgac gatgacgaag aggataatga 3360
tgattcgacc gataatgaac ttgataatag ttcaggatca ctgtcggatg ctgaatctac 3420
aactactaatt catattgatt tccatttga taatgaaaat gctaccgcaa atatggtgaa 3480
tgacagaaa cttctcactg aggggtgaaca tagcaatata gaaaacttag aaactgtcgc 3540
ttcttcagta cagccagctc tgattcctaa tattagattt tcacttcatt ctgaggagga 3600
aggtactaat gaaaatgaaa atgaaaatga tatgccagta ttattaotta gtgatatgga 3660
taaaaggaatc gatggcataa ccagacgcag ttcatctctg agtcttatag agagcggtaa 3720
taacaactgt cccctccata tggattatat atagagtata cactaaattt tatgcaataa 3780
taaaaagaaa gcatcccgcc aaacgtttcg taactacata ttgttacata gtttgattcc 3840
gtgaatttga agtggacgca gttcttctta gtctttcaag ttcatagtaa atagacatta 3900
cccaaagatc tcttctctgt cttgatcttg ccatgaaaac cattgacttg ccgctcacac 3960
ctaacttttt agtgaaatgg atcttatctg tgttacttgg aacattagag ttattcaagt 4020
cagcttccgg agcagaagggt ggggtcaatat tattatcttg tctaccataa tcttgcgtat 4080
attgcttttc attccctttc ttotgtaagc gattgctaga aagggcacgc cttgttccaa 4140
accaaagcgt aaagcatcgc gaactctcgt cttctacaga tcgccatccg tccccataa 4200
ctcgtgggag agcgtgggat ccatgattta attctgcaaa agtacgatct ctctgcagaa 4260
ggtctagttc tgttgtggtc ccagagtata ggtagcaatc gtcaatcgga atggttacat 4320
aatgagcata ctccaaaact tcttagcaa aacctgtggt tgatctatga aagcagtgga 4380
acagtacaat aaaacctgat atcaaaacga cgtagtactt cgagaaaaca gaatgcttgt 4440
gcggcttttg atataaagggt cctttttgaa ttaacggcct actaatgat attccatttg 4500
cattaaagggt ttgctcatct gcaagcccat gttctacgat ccagcgcaat gtattctcac 4560

```

ES 2 464 740 T3

```

caat tttt gt ttct cttt ct ccatt tagca tcaaa agacc tgc atttgaa cgc cttattt 4620
ttaaa agcct ctcc gtatct tcc cttt gct tg tttttcca atagg atatc atttg tttca 4680
gcttt atgac ccact cttca gca actgttg ctgat gtagc aagc agcttc aagagg agtc 4740
catttg aggt ttct 4754

```

```

<210> 130
<211> 917
<212> PRT
<213> Saccharomyces cerevisiae
<400> 130

```

5

Met	Met	Glu	Thr	Pro	Thr	Asp	Asn	Ile	Val	Ser	Pro	Phe	His	Asn	Phe
1				5					10					15	
Gly	Ser	Ser	Thr	Gln	Tyr	Ser	Gly	Thr	Leu	Ser	Arg	Thr	Pro	Asn	Gln
			20					25					30		
Ile	Ile	Glu	Leu	Glu	Lys	Pro	Ser	Thr	Leu	Ser	Pro	Leu	Ser	Arg	Gly
		35					40					45			
Lys	Lys	Trp	Thr	Glu	Lys	Leu	Ala	Arg	Phe	Gln	Arg	Ser	Ser	Ala	Lys
	50					55					60				
Lys	Lys	Arg	Phe	Ser	Pro	Ser	Pro	Ile	Ser	Ser	Ser	Thr	Phe	Ser	Phe
65					70					75					80
Ser	Pro	Lys	Ser	Arg	Val	Thr	Ser	Ser	Asn	Ser	Ser	Gly	Asn	Glu	Asp
				85					90					95	
Gly	Asn	Leu	Met	Asn	Thr	Pro	Ser	Thr	Val	Ser	Thr	Asp	Tyr	Leu	Pro
		100						105					110		
Gln	His	Pro	His	Arg	Thr	Ser	Ser	Leu	Pro	Arg	Pro	Asn	Ser	Asn	Leu
		115					120					125			
Phe	His	Ala	Ser	Asn	Ser	Asn	Leu	Ser	Arg	Ala	Asn	Glu	Pro	Pro	Arg
	130					135					140				
Ala	Glu	Asn	Leu	Ser	Asp	Asn	Ile	Pro	Pro	Lys	Val	Ala	Pro	Phe	Gly
145					150					155					160
Tyr	Pro	Ile	Gln	Arg	Thr	Ser	Ile	Lys	Lys	Ser	Phe	Leu	Asn	Ala	Ser
				165					170					175	
Cys	Thr	Leu	Cys	Asp	Glu	Pro	Ile	Ser	Asn	Arg	Arg	Lys	Gly	Glu	Lys
		180						185					190		
Ile	Ile	Glu	Leu	Ala	Cys	Gly	His	Leu	Ser	His	Gln	Glu	Cys	Leu	Ile
		195					200					205			
Ile	Ser	Phe	Gly	Thr	Thr	Ser	Lys	Ala	Asp	Val	Arg	Ala	Leu	Phe	Pro
	210					215					220				
Phe	Cys	Thr	Lys	Cys	Lys	Lys	Asp	Thr	Asn	Lys	Ala	Val	Gln	Cys	Ile
225					230					235					240
Pro	Glu	Asn	Asp	Glu	Leu	Lys	Asp	Ile	Leu	Ile	Ser	Asp	Phe	Leu	Ile
				245					250					255	
His	Lys	Ile	Pro	Asp	Ser	Glu	Leu	Ser	Ile	Thr	Pro	Gln	Ser	Arg	Phe
			260					265					270		
Pro	Pro	Tyr	Ser	Pro	Leu	Leu	Pro	Pro	Phe	Gly	Leu	Ser	Tyr	Thr	Pro
		275					280					285			
Val	Glu	Arg	Gln	Thr	Ile	Tyr	Ser	Gln	Ala	Pro	Ser	Leu	Asn	Pro	Asn
	290					295					300				
Leu	Ile	Leu	Ala	Ala	Pro	Pro	Lys	Glu	Arg	Asn	Gln	Ile	Pro	Gln	Lys
305					310					315					320
Lys	Ser	Asn	Tyr	Thr	Phe	Leu	His	Ser	Pro	Leu	Gly	His	Arg	Arg	Ile
				325					330					335	
Pro	Ser	Gly	Ala	Asn	Ser	Ile	Leu	Ala	Asp	Thr	Ser	Val	Ala	Leu	Ser
			340					345					350		
Ala	Asn	Asp	Ser	Ile	Ser	Ala	Val	Ser	Asn	Ser	Val	Arg	Ala	Lys	Asp
		355					360					365			
Asp	Glu	Thr	Lys	Thr	Thr	Leu	Pro	Leu	Leu	Arg	Ser	Tyr	Phe	Ile	Gln
	370					375					380				
Ile	Leu	Leu	Asn	Asn	Phe	Gln	Glu	Glu	Leu	Gln	Asp	Trp	Arg	Ile	Asp
385					390					395					400
Gly	Asp	Tyr	Gly	Leu	Leu	Arg	Leu	Val	Asp	Lys	Leu	Met	Ile	Ser	Lys
				405					410					415	
Asp	Gly	Gln	Arg	Tyr	Ile	Gln	Cys	Trp	Cys	Phe	Leu	Phe	Glu	Asp	Ala
			420					425					430		

```

Phe Val Ile Ala Glu Val Asp Asn Asp Val Asp Val Leu Glu Ile Arg
      435      440      445
Leu Lys Asn Leu Glu Val Phe Thr Pro Ile Ala Asn Leu Arg Met Thr
      450      455      460
Thr Leu Glu Ala Ser Val Leu Lys Cys Thr Leu Asn Lys Gln His Cys
      465      470      475      480
Ala Asp Leu Ser Asp Leu Tyr Ile Val Gln Asn Ile Asn Ser Asp Glu
      485      490      495
Ser Thr Thr Val Gln Lys Trp Ile Ser Gly Ile Leu Asn Gln Asp Phe
      500      505      510
Val Phe Asn Glu Asp Asn Ile Thr Ser Thr Leu Pro Ile Leu Pro Ile
      515      520      525
Ile Lys Asn Phe Ser Lys Asp Val Gly Asn Gly Arg His Glu Thr Ser
      530      535      540
Thr Phe Leu Gly Leu Ile Asn Pro Asn Lys Val Val Glu Val Gly Asn
      545      550      555      560
Val His Asp Asn Asp Thr Val Ile Ile Arg Arg Gly Phe Thr Leu Asn
      565      570      575
Ser Gly Glu Cys Ser Arg Gln Ser Thr Val Asp Ser Ile Gln Ser Val
      580      585      590
Leu Thr Thr Ile Ser Ser Ile Leu Ser Leu Lys Arg Glu Lys Pro Asp
      595      600      605
Asn Leu Ala Ile Ile Leu Gln Ile Asp Phe Thr Lys Leu Lys Glu Glu
      610      615      620
Asp Ser Leu Ile Val Val Tyr Asn Ser Leu Lys Ala Leu Thr Ile Lys
      625      630      635      640
Phe Ala Arg Leu Gln Phe Cys Phe Val Asp Arg Asn Asn Tyr Val Leu
      645      650      655
Asp Tyr Gly Ser Val Leu His Lys Ile Asp Ser Leu Asp Ser Ile Ser
      660      665      670
Asn Leu Lys Ser Lys Ser Ser Ser Thr Gln Phe Ser Pro Ile Trp Leu
      675      680      685
Lys Asn Thr Leu Tyr Pro Glu Asn Ile His Glu His Leu Gly Ile Val
      690      695      700
Ala Val Ser Asn Ser Asn Met Glu Ala Lys Lys Ser Ile Leu Phe Gln
      705      710      715      720
Asp Tyr Arg Cys Phe Thr Ser Phe Gly Arg Arg Arg Pro Asn Glu Leu
      725      730      735
Lys Ile Lys Val Gly Tyr Leu Asn Val Asp Tyr Ser Asp Lys Ile Asp
      740      745      750
Glu Leu Val Glu Ala Ser Ser Trp Thr Phe Val Leu Glu Thr Leu Cys
      755      760      765
Tyr Ser Phe Gly Leu Ser Phe Asp Glu His Asp Asp Asp Asp Glu Glu
      770      775      780
Asp Asn Asp Asp Ser Thr Asp Asn Glu Leu Asp Asn Ser Ser Gly Ser
      785      790      795      800
Leu Ser Asp Ala Glu Ser Thr Thr Thr Ile His Ile Asp Ser Pro Phe
      805      810      815
Asp Asn Glu Asn Ala Thr Ala Asn Met Val Asn Asp Arg Asn Leu Leu
      820      825      830
Thr Glu Gly Glu His Ser Asn Ile Glu Asn Leu Glu Thr Val Ala Ser
      835      840      845
Ser Val Gln Pro Ala Leu Ile Pro Asn Ile Arg Phe Ser Leu His Ser
      850      855      860
Glu Glu Glu Gly Thr Asn Glu Asn Glu Asn Glu Asn Asp Met Pro Val
      865      870      875      880
Leu Leu Leu Ser Asp Met Asp Lys Gly Ile Asp Gly Ile Thr Arg Arg
      885      890      895
Ser Ser Phe Ser Ser Leu Ile Glu Ser Gly Asn Asn Asn Cys Pro Leu
      900      905      910
His Met Asp Tyr Ile
      915

```

<210> 131
<211> 3272
<212> ADN
<213> *Saccharomyces cerevisiae*

5

<400> 131

```

acagaaatat ttgaaatata tttcctcaaa gagtacacta gatccattca tatttttaggc 60
ttcctatgga aaccgttttt tcaaggataa accccgccat atgttctttg cgaagtcttt 120
tgcaagttaa actaattaca actctgttat ttactgacac ctgcgttaaa attttatcac 180
aatatgtcat ccgctgagag agatgtacta tttataatta cttaaagagcg actacttcat 240
ttaccattag cgagcagaag aacagcttac ttgtcgatgt tcttctctgg ctaaatagaaa 300
tgtcaattat tgagattgag atgggtatgt atgatcggat tttgatataca gccgatgaga 360
cgaagattca atagcttcaa ccgtccctgc ggggggtact taccttttgt aaccagtacc 420
ctgtgcaaat tctcggcggt tactacctct tttgggacca caaccctttg tacgcacttt 480
cgtcagatgc aaatttttac acgcgttgaa aaatgtttca ggaagagata ctgcgttaaaa 540
aaaagacaca tgtgttacgc aggaaaaagt ttgtgaggct ttttgcctta acagattgac 600
ttgtagccct gttaggttta cccaacagtt gtttttctgt gtgtcgaaaa ttttttcaga 660
ttgttttcaa ctgacacttg cctgtttcat attagttgta acttaaaact tcaaacataa 720
aacttttttg gaagtcctac cttcacatga cttgaatccc ttcaatatcg aaacagtatc 780
ctcaaaatct cttatcactt ttctaattgt tttcttcccc tttttgtagt aactcgctgt 840
aaagcacatt ttattcataa tctcctttgt gccagaactc aagggtcaata ggccagaatt 900
attggaagga aagagggaag aaaatacga atgtctagtt cattaagtc aggaagaaaa 960
tactcaaaaa actgtacagc tcaatcaggt acacattacg atggcagcac atcagatgga 1020
ctcgataacg tattctaata atgtcaccca acagtatata caaccacaaa gtctacagga 1080
tatctctgca gtggaggatg aaattcaaaa taaaatagag gccgccagac aagagagtaa 1140
acagcttcat gctcaataaa ataaagcaaa acacaagata caagatgcaa gcttattcca 1200
gatggccaac aaagttactt cgttgacca aaataagatc aacttaaaag caaatatcgt 1260
gttgaaagcg cataataata aaatctcaga ttttcgggtg agtcgagat caaaacgtat 1320
tttgagtcca agtcaagatg gctttatgct tatatgggac agtgcttcag gtttaaaaa 1380
gaacgctatt ccattagatt ctcaatgggt tctttcctgc gctatttcgc catcgagtac 1440
tttggttagc agcgcaggat taacaataaa ctgtaccatt tatagagttt cgaagaaaa 1500
cagagtagcg caaaacggtt cgtcaatttt caaaggacat acttgctata tttctgacat 1560
tgaatttaca gataacgcac atatatgac agcaagtggg gatatgacat gtgccttgtg 1620
ggatatcccg aaagcaagga ggggtgagga atattctgac catttaggtg atgttttggc 1680
attagctatt cctgaagagc caaactcaga aaattcttcg aacacattcg ctgactgtgg 1740
atcagacggg tatacttaca tatgggatag cagatctccg tccgctgtac aaagctttta 1800
cgttaacgat agtgatatta atgcacttcg ttttttcaaa gacgggatgt cgtattgttg 1860
aggaagtgac aatggtgcga taaatatgta tgatttaagg tcggactgtt ctattgctac 1920
tttttctctt tttcgaggtt atgaagaacg taccctacc cctacttata tggcagctaa 1980
catggagttc aataccgcgc aatcgccaca aactttaaaa tcaacaagct caagctatct 2040
agacaaccaa ggcgttggtt ctttagattt tagtgcactt ggaagattga tgtactcatg 2100
ctatacagac attggttggt ttgtgtggga tgtattaaaa ggagagattg ttggaaaatt 2160
agaaggatcat ggtggcagag tcaactggtg gcgctcgagt ccagatgggt tagctgtatg 2220
tacaggttca tgggactcaa ccatgaaaat atggtctcca ggttatcaat agcttcgaat 2280
tggaataact gtgagcagta attatcaatg gatgctatta tataaatata catacctaca 2340
cccatcccat atttacatag aataacaaca gtaacattag ttctgtggaa ggcgaataaac 2400
gtcctttaat aaagtaagtc aaaacattca acaatgaaaa ttcaaagcat tgtcatttgc 2460
ttcctttttc tctttggata aacgaacaa aaacgaacaa agtgtcatg cactcaaaaa 2520
ttccttttcaa tcgttttgga aacagtatta ttcactgact tatttgacca acttgctaga 2580
atcatctatg ttttcaggca ttgtttaatt tcatgatggc tgtccctact ttagcttgtt 2640
atgagccttc actggctcgt ccttatgtat tgcgtctgac ccaaaatttg tcttttcttg 2700
tttagtgga tttttgttcg gtaatttcaa aaatgcctga attttcatta acaaatcatc 2760
tggtagtgtt gttataaaca taaaaaactg ctccctctcg ggatgatttt caattgctct 2820
ctgtactgca ggatcattca atatcatctg aaccacgtcc gtcactcatat cctcatctat 2880
aagcgcaagg cttttaatcc agggcaaatc ggctatacga agagacattt ctctctccgg 2940
agacactact ttccacggga gatcaaaaata tttagatagt tcaactattga gatgtgagaa 3000
ttcatgaggg acatcaacgg tatagtcaac tgcataatgca tcatcttcaa acgttaagtc 3060
atgttcaatg ctaaaacttc cagcgttacc tataaaaaag cattctattt ttaagttaaa 3120
ctctccocaa ccggtttcct tgataaaaaa tggcagcgag ttcagtcgtc ttttgggctg 3180
tttgaagcta gagtgcaaat ggtagatgca tttagagagg atggtaggct ccacttcctt 3240
tctgtttgca tctaaccatg ggagttccat ct 3272

```

10

<210> 132
<211> 423
<212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 132

```

Met Ala Ala His Gln Met Asp Ser Ile Thr Tyr Ser Asn Asn Val Thr
 1          5          10          15
Gln Gln Tyr Ile Gln Pro Gln Ser Leu Gln Asp Ile Ser Ala Val Glu
          20          25          30
Asp Glu Ile Gln Asn Lys Ile Glu Ala Ala Arg Gln Glu Ser Lys Gln
          35          40          45
Leu His Ala Gln Ile Asn Lys Ala Lys His Lys Ile Gln Asp Ala Ser
 50          55          60
Leu Phe Gln Met Ala Asn Lys Val Thr Ser Leu Thr Lys Asn Lys Ile
65          70          75          80
Asn Leu Lys Pro Asn Ile Val Leu Lys Gly His Asn Asn Lys Ile Ser
          85          90          95
Asp Phe Arg Trp Ser Arg Asp Ser Lys Arg Ile Leu Ser Ala Ser Gln
          100          105          110
Asp Gly Phe Met Leu Ile Trp Asp Ser Ala Ser Gly Leu Lys Gln Asn
          115          120          125
Ala Ile Pro Leu Asp Ser Gln Trp Val Leu Ser Cys Ala Ile Ser Pro
          130          135          140
Ser Ser Thr Leu Val Ala Ser Ala Gly Leu Asn Asn Asn Cys Thr Ile
145          150          155          160
Tyr Arg Val Ser Lys Glu Asn Arg Val Ala Gln Asn Val Ala Ser Ile
          165          170          175
Phe Lys Gly His Thr Cys Tyr Ile Ser Asp Ile Glu Phe Thr Asp Asn
          180          185          190
Ala His Ile Leu Thr Ala Ser Gly Asp Met Thr Cys Ala Leu Trp Asp
          195          200          205
Ile Pro Lys Ala Lys Arg Val Arg Glu Tyr Ser Asp His Leu Gly Asp
          210          215          220
Val Leu Ala Leu Ala Ile Pro Glu Glu Pro Asn Ser Glu Asn Ser Ser
225          230          235          240
Asn Thr Phe Ala Ser Cys Gly Ser Asp Gly Tyr Thr Tyr Ile Trp Asp
          245          250          255
Ser Arg Ser Pro Ser Ala Val Gln Ser Phe Tyr Val Asn Asp Ser Asp
          260          265          270
Ile Asn Ala Leu Arg Phe Phe Lys Asp Gly Met Ser Ile Val Ala Gly
          275          280          285
Ser Asp Asn Gly Ala Ile Asn Met Tyr Asp Leu Arg Ser Asp Cys Ser
          290          295          300
Ile Ala Thr Phe Ser Leu Phe Arg Gly Tyr Glu Glu Arg Thr Pro Thr
305          310          315          320
Pro Thr Tyr Met Ala Ala Asn Met Glu Tyr Asn Thr Ala Gln Ser Pro
          325          330          335
Gln Thr Leu Lys Ser Thr Ser Ser Ser Tyr Leu Asp Asn Gln Gly Val
          340          345          350
Val Ser Leu Asp Phe Ser Ala Ser Gly Arg Leu Met Tyr Ser Cys Tyr
          355          360          365
Thr Asp Ile Gly Cys Val Val Trp Asp Val Leu Lys Gly Glu Ile Val
          370          375          380
Gly Lys Leu Glu Gly His Gly Gly Arg Val Thr Gly Val Arg Ser Ser
385          390          395          400
Pro Asp Gly Leu Ala Val Cys Thr Gly Ser Trp Asp Ser Thr Met Lys
          405          410          415
Ile Trp Ser Pro Gly Tyr Gln
          420

```

5

<210> 133
 <211> 2333
 <212> ADN

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 133

atattatata tatatatagg gtcgtatata tatcgtgcgt cttcttcctt ctctaagggt 60

```

aaaattcctt gtatttggtta taatagtagt aactgccgag cccacccaaa gctgtcaaaa 120
cgacagggac aggttttagtg aacctggaag gcatgcctct tatgacacca gcaccaagta 180
gtaaggtcga tgcacccaat gccatttcga gccaccatc tctattcata tgtagcaagt 240
aaccggcaat cccatataca ctaccgaata ctaagccaga tactagagat ggaatggagc 300
ccttacggta gtatcccata aggccaccgg ctgtagtcaa aagactcaat gtatatgctg 360
gatgttccat agtgtgatct gatgttcctt tctctcaaac ttcgtttctg tcttgtctcc 420
cgctgttacc taataacttc atgtgatctg ctcccccttc tcgttaaata ccaccttttc 480
atcaaccccg tagggcgcgga cacgtctaaa atattaacct ctgaatactt attgggtcaa 540
aatgaatggt gataactttc ctttacaaaa aaaggggctaa tagagtatat gcatttcggt 600
agtgaatat tcgttaatgc taatatgctc agtagtgatc cttagattacc agttttactg 660
cagccatcgt acaatttttg aacgagtata aagagagaaa ttaaaaacga caagaaatat 720
tcgtactagc ttctcttcog gcttgatgac agtcttaata tcatctgcaa ctcttgaagt 780
cttgctttat agtcaaaatt tacgtacgct tttcactata taatatgatt tgtcaatgtg 840
atgagtgaat gtctccctgt taccgggttt tcatgttgat ttttgtttca ggctctaaat 900
gtttgatgca atatttaaca aggagaacag aaatgttttg tgacagcacc tgtcaatttt 960
aggatagtag caatcgcaaa cgttctcaat aattctaaga atgacatcag ttcaaaactc 1020
tccacgctta caacaacctc aggaacagca acagcaacag caacagcttt ccttaaagat 1080
aaaacaattg aagttaaaaa gaatcaacga acttaacaat aaactgagga aagaactcag 1140
ccgtgaaaga attactgctt caaatgcagt tcttacata ataaactata cctcgaatac 1200
aaaagattat acattaccag aactatgggg ctaccccgta gcaggatcaa atcattttat 1260
agagggtttg aaaaatgctc aaaaaaatag ccaaatgtca aactcaata gtgtttgttg 1320
tacgcttatg taatgatagt aatagaatcc aaaaaaaaaa aaaatataca tgctttttca 1380
tatectctct caccctatct ttttttttct tctaattttg gtcocgttca tatcttattc 1440
aaaattaatt cagcggtaat cttatcttta ttgttagact tcgcagaaat ttcttttagc 1500
ttcgatgcag atagtttgat caagtcattt tgtttattac gtcccagttc gcgagaaata 1560
atgttaacca atgcccaccc ttttaggtat agttcgctaa gttcaacgct cctcaaagca 1620
ttctttaatg ctttttccaa gagctcgatc ttgggttggt tcttgctacg tagagcctca 1680
taatacacag tctcacttag cctaccaaaa caagcgtaat tgaatggtgt aatacatagg 1740
acctgttcca aacaataacg ggctttttca aattggccca tttcgaaata aatctcgctg 1800
gcataccacc acaattctgc atcaagcggg aatttatctg taagagccac cacttcttta 1860
agaatacttt cttgggtcaa attcttgga gttgtcttaa tagctatcaa tttctttgca 1920
atagagacat aagtaacgaa gtccgtttca tactccagat catcattcaa caaattttcc 1980
agatattcaa tagcgctttt atcatttccg tttatctgca ataaagtggc tttcatgatt 2040
accattttat acgaattttc accaagacga tctcttaatg tattataaac aacttgcgca 2100
tcaacgtctt ggtttcggtg caccaaaaca tagaaaagca tttccatcaa gaagaaatag 2160
tttcttctct ttagtgcaga gtctccgctt ttcattgtaa ttttcatttc attttctagt 2220
tgcagtaatt gttctggatt aaattgagta tacgcttttg tattcataat tgtcaagagc 2280
ttttctctaa ccaaatcctt caacattggt ttatctactg ctttctataa ttt 2333

```

5

<210> 134

<211> 110

<212> PRT

10

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 134

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

<210> 135

<211> 4067

<212> ADN

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 135

```

cctcagatgc gcaattcatg gaattgtact cttgccagaa gtttaagtgg tccgatagtca 60
ctccattgga cgtagaaaac tctttattac agaagttgtc cgcaaagagt ttgaagatat 120
ccctaacaaa gcggaacaag ttccagttcc gccatcgaga aatcgtcaag agtatgcaag 180
gagtttatca caaccatcac aactccgtta atcaagagca ggtcttgaac gttttgttcg 240
agaatagcaa gcaagttctt ttaggtttaa aagatatgtt gaaaagcgac gggcaaccca 300
cttacttaca tctgaaaatt gcaagttaca ttctttgtat aacgaacgtt aaggaaccca 360
taaagctaaa gacatttgtt gaaaacgaat gtaagaatt ggtccagttt gcacaagaca 420
ccttgaagaa cttcgttcag taatcacttt caagctgtag tatgtaaacg atatagatga 480
agttttcgtg tgtataaata tatgaactct agagtgttgc ataatttgaa acacagcatt 540
tcttttcgga gagctcgttt caaaatgaaa caaacgccgt tgtccgtttt cgtctcaata 600
gaaaaagtga aacagataaa aattgtttta aaagaaacga atttgcaaca tcttaagata 660
tatcaaaact aatacaaaac agcctaaaaa agattgaaca actcttcgag gtccaggtctc 720
gacaccataa atcgaagtac tctgacgcta gttttctcgc acatagtacc actacgttcc 780
ttttacaatt agattacttc tttttagtgt acttttttga gacgttcgtg ccattcataa 840
aattgtcaaa gataacaggt aagcactgaa gactgtttt ataagtgtcc caagtcagac 900
ctagagtggg tattgatatt tctcaaacaa gactcgtcga agaaaacaca cttttatagc 960
ggaaccgctt tctttatttg aattgtcttg ttcaccaagg atgaaagtcc aaataaccaa 1020
tagtagaaca gaggaatct taaaagttca agctaataat gaaaacgatg aagtcagtaa 1080
agctactccg ggcgaagttg aagaatcgct aaggttaatc ggcgatctaa aattcttttt 1140
agccacagcg ccggtaaatt ggcaagaaaa ccaaattata aggcgatact atctgaatag 1200
tggacaagcg tttgtctctt gtgtattttg gaacaatcta tactatatta caggtactga 1260
tattgtcaaa tgttgtcttt acagaatgca aaagtttggg agagaagtag ttcaaaagaa 1320
aaaatttgaa gagggatatt tttcagattt aagaaatctc aaatgtggtg tagatgcaac 1380
tttagaacia ccaaagtcg ccaaaaaaag cagaaagtat agagatttaa tagatgcaac 1440
tgcggttgaa agagatttaa aaagagaaag tttgaatcag catgataagt tgtttgcgga 1500
taatgagccc gccttatctt tttcatatga ttctcatct gataagcctc tctacgatca 1620
gttacttcaa catttagatt ctagaagacc atctagtaca acaaaatcag ataattcgcc 1680
tccaaaattt gaaagcgaga attttaagga taatgagttg gtaacagtaa ctaatcagcc 1740
gettttaggc gttggcctca tggatgacg tgcgccagaa tccccctctc aaattaatga 1800
ttttattcct cagaaattga ttatagaacc caatactctc gaattgaatg gtctcacaga 1860
agaaacgcct catgacttac ccaagaatac cgctaagggc agagacgaag aagattttcc 1920
tctcgactat tttcctgtat ctgttgaata ccctacggag gaaaatgcgt ttgatccgtt 1980
cectccagag gcttttacgc cagctgcccc ttccatgcct atttctatg ataactgaa 2040
tgaagccag tctatgcccg ttaattctct ttaattaga taccctatc agttatcagt 2100
ggcaccact ttccagtg caccatcatc atcgaggcaa cattttatga caaatcgga 2160
ttttatttca tctaacaata acaaggaaaa attggtatct cctagcgacc ctaccagcta 2220
catgaagtat gacgaaccag ttatggattt tgatgaatct cggccaaatg aaaactgtac 2280
aatgcaaaa tctcacaact ctggccagca aactaaacaa caccaattat attctaacia 2340
cttccagcaa tcttacccaa acggaatgg tccaggatac tacccaaaaa tgcggtataa 2400
tcccattggg ggggatcctc tactcgatca agccttttat ggcgcgagc attttttctt 2460
tccaccagaa ggtatgtgata acaatatgct gtatccacia actgcaactt catggaatgt 2520
tttgccccc caagctatgc aaccagctcc aacctatgtt gggagaccat acacaccgaa 2580
ttatagatcg acaccaggtt ccgcatgtt cccatacatg caaagttcaa attccatgca 2640
gtggaacact gctgtttcac cttatagttc gagagacca tctacaactg ctaaaaacta 2700
tctcctagc acattttatt ctcaaaatat aaatcaatac ccacggcgaa gaactgtggg 2760
aatgaagtc tcacaaggaa atgttccaac aggtataaaa caatctgtgg gcaagtctgc 2820
aaaaatttca aagcctctac atattaagac aagtgcctat cagaagcaat acaaaatcaa 2880
cttggaaacg aaagccaggc caagtgcctg tgacgaagat tctgctcatc ctgataagaa 2940
caaagaaatt tccgatgcta ctccggtat caatactttg gtggtccagt cagaagaagg 3000
tggagctcat tcaacttgagg tagataccaa tccgaaggtc gataaaaaacc ttccagatgc 3060
aacctgatat aatataattt ttgaatttat gatacaagaa ttaaaaatgc gggccagaat 3120
ttaattattaa acaatactca gaagaaaaca acaaggacaa tctgttttta taaataaaa 3180
aatcttatac aagactagag caaacaaaaa gcaagaaaaa aaggtaataa atgtaacaaa 3240
totattaacg ttagaaaata acaaaaaaaa aaaaagaaaa agataatata atataatacc 3300
tttatatatg tgatttatct agcgtcacag tatgtaatat aaatatcaat gagtttctta 3360
acatgacctc caaaactaca tgatcgctta gtattacaat atgtgtttat ccactathtt 3420
gataccaacg tagtattgoc ttttattttt cagaatggca aaggccatcg gaaaattttt 3480
ccaccagaaa aagcgagatt cetaattata aggtgaaggc atcgatgttc ataatagtta 3540
aaagttgtaa tcaaaaaaga aaaaggtgca gagataaaca aagttataaa atgacaaaat 3600
caagaaagca gaagcaaaaa aagcaggtat ttttgagaaa gttggtaagc gttggtaagc 3660
caaaggaaaa agcaaggaat gctaccgata catctttcgt ttccaagact atttctatta 3720
gaaatcaaca ttttagacca aatccacatg atttaacaaa acggctaacg ctcttaagac 3780

```

ES 2 464 740 T3

```

atcataacat caatgtgaga aaggaaacat taacaacatt ccaaaagtca ataccgtcta 3840
taataaaatc tcgacttatg acaccattac ttactcaaag tataccgttg atttgcgatg 3900
aatcgcagca agtacgtcag ggacttattg atctcgtaga tgaaataggt agtcacgatg 3960
cggagatfff aaaattgcac tgcaacattt ttgtcttata cattaacatg gcaatgacac 4020
atattgttac acaaattcaa gcagattcta cttaaatttct ctctcat 4067

```

<210> 136

<211> 688

5 <212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 136

Met	Lys	Val	Gln	Ile	Thr	Asn	Ser	Arg	Thr	Glu	Glu	Ile	Leu	Lys	Val
1				5					10					15	
Gln	Ala	Asn	Asn	Glu	Asn	Asp	Glu	Val	Ser	Lys	Ala	Thr	Pro	Gly	Glu
			20					25					30		
Val	Glu	Glu	Ser	Leu	Arg	Leu	Ile	Gly	Asp	Leu	Lys	Phe	Phe	Leu	Ala
		35					40					45			
Thr	Ala	Pro	Val	Asn	Trp	Gln	Glu	Asn	Gln	Ile	Ile	Arg	Arg	Tyr	Tyr
	50				55						60				
Leu	Asn	Ser	Gly	Gln	Gly	Phe	Val	Ser	Cys	Val	Phe	Trp	Asn	Asn	Leu
65				70						75					80
Tyr	Tyr	Ile	Thr	Gly	Thr	Asp	Ile	Val	Lys	Cys	Cys	Leu	Tyr	Arg	Met
			85						90					95	
Gln	Lys	Phe	Gly	Arg	Glu	Val	Val	Gln	Lys	Lys	Lys	Phe	Glu	Glu	Gly
			100					105					110		
Ile	Phe	Ser	Asp	Leu	Arg	Asn	Leu	Lys	Cys	Gly	Ile	Asp	Ala	Thr	Leu
		115					120					125			
Glu	Gln	Pro	Lys	Ser	Glu	Phe	Leu	Ser	Phe	Leu	Phe	Arg	Asn	Met	Cys
	130					135					140				
Leu	Lys	Thr	Gln	Lys	Lys	Gln	Lys	Val	Phe	Phe	Trp	Phe	Ser	Val	Ala
145				150						155					160
His	Asp	Lys	Leu	Phe	Ala	Asp	Ala	Leu	Glu	Arg	Asp	Leu	Lys	Arg	Glu
			165						170					175	
Ser	Leu	Asn	Gln	Pro	Ser	Thr	Thr	Lys	Pro	Val	Asn	Glu	Pro	Ala	Leu
		180						185				190			
Ser	Phe	Ser	Tyr	Asp	Ser	Ser	Ser	Asp	Lys	Pro	Leu	Tyr	Asp	Gln	Leu
	195						200					205			
Leu	Gln	His	Leu	Asp	Ser	Arg	Arg	Pro	Ser	Ser	Thr	Thr	Lys	Ser	Asp
	210					215					220				
Asn	Ser	Pro	Pro	Lys	Leu	Glu	Ser	Glu	Asn	Phe	Lys	Asp	Asn	Glu	Leu
225				230						235					240
Val	Thr	Val	Thr	Asn	Gln	Pro	Leu	Leu	Gly	Val	Gly	Leu	Met	Asp	Asp
			245						250					255	
Asp	Ala	Pro	Glu	Ser	Pro	Ser	Gln	Ile	Asn	Asp	Phe	Ile	Pro	Gln	Lys
	260						265					270			
Leu	Ile	Ile	Glu	Pro	Asn	Thr	Leu	Glu	Leu	Asn	Gly	Leu	Thr	Glu	Glu
	275					280					285				
Thr	Pro	His	Asp	Leu	Pro	Lys	Asn	Thr	Ala	Lys	Gly	Arg	Asp	Glu	Glu
	290					295					300				
Asp	Phe	Pro	Leu	Asp	Tyr	Phe	Pro	Val	Ser	Val	Glu	Tyr	Pro	Thr	Glu
305				310						315					320
Glu	Asn	Ala	Phe	Asp	Pro	Phe	Pro	Pro	Gln	Ala	Phe	Thr	Pro	Ala	Ala
			325						330					335	
Pro	Ser	Met	Pro	Ile	Ser	Tyr	Asp	Asn	Val	Asn	Glu	Arg	Asp	Ser	Met
		340					345					350			
Pro	Val	Asn	Ser	Leu	Leu	Asn	Arg	Tyr	Pro	Tyr	Gln	Leu	Ser	Val	Ala
	355						360					365			
Pro	Thr	Phe	Pro	Val	Pro	Pro	Ser	Ser	Ser	Arg	Gln	His	Phe	Met	Thr
	370					375					380				
Asn	Arg	Asp	Phe	Tyr	Ser	Ser	Asn	Asn	Asn	Lys	Glu	Lys	Leu	Val	Ser
385				390						395					400
Pro	Ser	Asp	Pro	Thr	Ser	Tyr	Met	Lys	Tyr	Asp	Glu	Pro	Val	Met	Asp
			405						410					415	
Phe	Asp	Glu	Ser	Arg	Pro	Asn	Glu	Asn	Cys	Thr	Asn	Ala	Lys	Ser	His

				420				425					430				
Asn	Ser	Gly	Gln	Gln	Thr	Lys	Gln	His	Gln	Leu	Tyr	Ser	Asn	Asn	Phe		
		435					440					445					
Gln	Gln	Ser	Tyr	Pro	Asn	Gly	Met	Val	Pro	Gly	Tyr	Tyr	Pro	Lys	Met		
		450				455					460						
Pro	Tyr	Asn	Pro	Met	Gly	Gly	Asp	Pro	Leu	Leu	Asp	Gln	Ala	Phe	Tyr		
465					470					475					480		
Gly	Ala	Asp	Asp	Phe	Phe	Phe	Pro	Pro	Glu	Gly	Cys	Asp	Asn	Asn	Met		
				485					490					495			
Leu	Tyr	Pro	Gln	Thr	Ala	Thr	Ser	Trp	Asn	Val	Leu	Pro	Pro	Gln	Ala		
			500					505					510				
Met	Gln	Pro	Ala	Pro	Thr	Tyr	Val	Gly	Arg	Pro	Tyr	Thr	Pro	Asn	Tyr		
		515					520					525					
Arg	Ser	Thr	Pro	Gly	Ser	Ala	Met	Phe	Pro	Tyr	Met	Gln	Ser	Ser	Asn		
	530					535					540						
Ser	Met	Gln	Trp	Asn	Thr	Ala	Val	Ser	Pro	Tyr	Ser	Ser	Arg	Ala	Pro		
545				550					555						560		
Ser	Thr	Thr	Ala	Lys	Asn	Tyr	Pro	Pro	Ser	Thr	Phe	Tyr	Ser	Gln	Asn		
				565				570						575			
Ile	Asn	Gln	Tyr	Pro	Arg	Arg	Arg	Thr	Val	Gly	Met	Lys	Ser	Ser	Gln		
		580						585				590					
Gly	Asn	Val	Pro	Thr	Gly	Asn	Lys	Gln	Ser	Val	Gly	Lys	Ser	Ala	Lys		
		595					600					605					
Ile	Ser	Lys	Pro	Leu	His	Ile	Lys	Thr	Ser	Ala	Tyr	Gln	Lys	Gln	Tyr		
	610					615					620						
Lys	Ile	Asn	Leu	Glu	Thr	Lys	Ala	Arg	Pro	Ser	Ala	Gly	Asp	Glu	Asp		
625				630					635					640			
Ser	Ala	His	Pro	Asp	Lys	Asn	Lys	Glu	Ile	Ser	Met	Pro	Thr	Pro	Asp		
				645				650						655			
Ser	Asn	Thr	Leu	Val	Val	Gln	Ser	Glu	Glu	Gly	Gly	Ala	His	Ser	Leu		
		660						665				670					
Glu	Val	Asp	Thr	Asn	Arg	Arg	Ser	Asp	Lys	Asn	Leu	Pro	Asp	Ala	Thr		
		675					680					685					

<210> 137
 <211> 3548
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 137

accagtgggc	accatacatg	aaataccaca	gtgttttccc	aatgtacgga	cgacttggga	60
agttttgcaga	gctaactctc	ttgtgggaac	catgatcaaa	gcctgaattt	tattcaactt	120
tggtttgact	ttctctaacg	taggaataac	aaatgcggt	gtcttacctg	taccattctt	180
tgctctggcc	aatatgtctc	taccagttat	tgctaccgga	atagcctctt	cttgaatagg	240
ggatgggtttt	tcaaaaccgg	cttcaaaaat	acccattaac	agctctcttt	tcaataaaaa	300
atcttcaaaa	gtattaccct	ttgtatttaa	gacatcgctc	gtctgtggtc	tggtatcctt	360
cttggaata	ttcaatgcag	ttttccagtc	ccgatcgaga	tccgtattac	tggtattatt	420
agtgttgaag	ttattattga	tggaacccat	tactactatt	ttctttcttg	tcgtatttta	480
ggcctgggat	aagttattat	gcgaatggcg	atgcggttat	gaagaaataa	aagggctaaa	540
agtaagaatt	ttctgcgtct	atctttctat	taggaataaa	atatgactat	atttactatt	600
attgttggtt	tgctgtacaa	tcctttatga	atgaaaatat	taagcttggt	gtcttaaaag	660
aatgtggatg	aaacaaaact	gaatccaatg	atgagaaata	aatgtacaat	cagataataa	720
acacttttat	tgatgattgt	cttttcttgc	aaaccccaat	gttacaatcg	cccattagtt	780
ctaagattgt	ggtgtccttt	ttcttacgaa	atttttttcc	ctcccttttt	ggatcactgt	840
cctcgttata	agtgattcgt	ggggtaacgg	cgatatcata	ctattatttg	cccatctgat	900
ggattagaag	acctacaggt	taatgtgaag	cgacactaat	gataagaaaa	ctgcacgga	960
tcatactctgt	ttttgcagcg	tggtatattg	gttgttggtc	atgtttcaac	gaaagacttt	1020
acagagaagg	aacttgaaag	ggctcaatct	taacctgcac	ccagatgtgg	gcaataatgg	1080
ccaattgcag	gaaaagacag	agactcacca	gggacaatct	cgaatagaag	gccacgtgat	1140
gtctaacatt	aatgcaatac	agaataatag	caacctgttt	ttgcgaagag	gcataaaaaa	1200
aaaactgacg	ttggatgcgt	ttggtgatga	ccaagctata	tcgaaaccac	acactgtggt	1260
aatacagcaa	ccgcaaaatg	aacctgtttt	agttctgtct	tctctatcac	aatccccgtg	1320
tgtaacatca	tcacatcctt	tgtccacgcc	atgcattata	gatgcgtaca	gtaataattt	1380
cggattatcg	ccatcatcca	cgaattctac	tcctctacg	attcagggat	tgtccaatat	1440
tgcaacgccca	gttgaaaacg	aacattcgat	atcactacca	cctttggagg	aaagcctatc	1500
gccagccgca	gcagatctga	aagatacgtt	gtcgggaact	tcaaatggta	attatataca	1560
actccgggac	ttggttcagt	tggggaaaat	tggtgctgga	aattctggaa	ctgtggtgaa	1620
ggcactacat	gttcctgatt	ccaaaatagt	tgccaaaaaa	accattcctg	tggacagaaa	1680
taacagtcaca	atcatcaacc	aattagttag	ggaattatct	atcgtcaaaa	acgttaagcc	1740
ccatgaaaac	attatcacct	tctatggagc	ttattataac	cagcatataa	ataatgaaat	1800
cataatttta	atggaatact	ctgattgtgg	ttcttttagat	aaaatactgt	ccgtttataa	1860
aaggtttgtt	caaagaggga	ctgtttcgag	taagaaaact	tggttcaacg	aattaacaat	1920
atcaaaaata	gcgtacggcg	tactaaatgg	cttggatcat	ttgtaccgac	aatataagat	1980
aattcatcgt	gatatcaagc	cttccaatgt	tctgattaat	agtaaggggc	agattaagtt	2040
atgtgatttt	ggagtttcca	aaaaactaat	aaattctatc	gctgatacat	ttgttggaac	2100
gtccacttat	atgtcaccag	agaggataca	aggaaacgtt	tattctatca	aaggggacgt	2160
ttggtcattg	ggcttaatga	tcacogagct	ggtaactgga	gagtttcccc	taggtgggca	2220
taacgatata	cctgatggca	tattggattt	ggtgcaacgt	attgtcaacg	agccttcacc	2280
aagattaccc	aaagaccgta	tctattccaa	ggaaatgaca	gattttgtca	ataggtgttg	2340
tattaagaat	gaaagggaaa	ggcatcogat	tcataaattg	ctacatcatg	atcttataat	2400
gaaatacgtg	tcacogtcta	aagatgataa	atthagacat	tggtgtagaa	aaataaaatc	2460
taaaataaag	gaagacaaga	gaattaaaag	agaagccttg	gaccgtgccca	agttagaaaa	2520
gaaacaatcg	gaaagatcaa	ccattgaaat	gcatacgata	acattagtta	ggaacatatt	2580
gcactttttt	tcacatccct	ttctcaaaac	tatattcata	tatatataga	ctctcctgat	2640
tatgtaaate	aaaaccaatt	ttctaagtga	acaatatattt	taaaaataat	catcaaagta	2700
gcactttatg	tacagaaaat	ttcacgattg	agagaagcct	gcgaataata	ctagttagcc	2760
tgtgtttcac	catcgttact	taatttctta	tagttcttat	attctttatt	tttatgccac	2820
aaccaacctt	cggttcctct	aacgaaacog	aaggcgatta	ataaccaccc	gaagctacgt	2880
aaagttactt	tccaccattg	tgggtttctt	ttttcaaat	cagtcagaga	aatgcctctt	2940
ttggcttctt	ttttaccata	cttgaatggg	ttcccagatg	ccaagtatga	gccaaatcca	3000
acagaaaaca	tagtgctcat	gacttgacaa	ggaacgcaat	ccatagtctc	ttctttttcc	3060
agtcctcttt	gtggtggagg	gttgaaacact	gccaaaatat	tactcattgt	ttttccacc	3120
ttgctgtttc	tctctaagcg	gtgttttgtt	tcctacttgg	tggcacacaa	tgactgtact	3180
cgctttatat	gctcgtacct	tttttcaaaa	gcccatcggt	aattttttcac	ccgaggaccc	3240
catattacgc	gttttttgtt	aatgttcaat	ttctgacatg	ttacaattat	aataacgcca	3300
aaagaggtaa	atgtatatatt	gaacaattgt	taaagagaag	ataaaaacct	tttaattctg	3360
catttgtcgt	caatagtaca	caataggcga	tctatttttag	tacggtaatt	aaaagaaagc	3420
tgccttttcag	tcaagaatgc	cggaaattac	agaatttcag	aaaaaacggt	tagagaacat	3480
caaaagggaat	aacgatttat	tgaaaaaact	ccacctttct	ggagtagcat	ctcaaatata	3540
gcacgagg						3548

<210> 138
 <211> 515
 <212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 138

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

Leu	Ser	Gly	Thr	Ser	Asn	Gly	Asn	Tyr	Ile	Gln	Leu	Arg	Asp	Leu	Val	180	185	190
Gln	Leu	Gly	Lys	Ile	Gly	Ala	Gly	Asn	Ser	Gly	Thr	Val	Val	Lys	Ala	195	200	205
Leu	His	Val	Pro	Asp	Ser	Lys	Ile	Val	Ala	Lys	Lys	Thr	Ile	Pro	Val	210	215	220
Glu	Gln	Asn	Asn	Ser	Thr	Ile	Ile	Asn	Gln	Leu	Val	Arg	Glu	Leu	Ser	225	230	235
Ile	Val	Lys	Asn	Val	Lys	Pro	His	Glu	Asn	Ile	Ile	Thr	Phe	Tyr	Gly	245	250	255
Ala	Tyr	Tyr	Asn	Gln	His	Ile	Asn	Asn	Glu	Ile	Ile	Ile	Leu	Met	Glu	260	265	270
Tyr	Ser	Asp	Cys	Gly	Ser	Leu	Asp	Lys	Ile	Leu	Ser	Val	Tyr	Lys	Arg	275	280	285
Phe	Val	Gln	Arg	Gly	Thr	Val	Ser	Ser	Lys	Lys	Thr	Trp	Phe	Asn	Glu	290	295	300
Leu	Thr	Ile	Ser	Lys	Ile	Ala	Tyr	Gly	Val	Leu	Asn	Gly	Leu	Asp	His	305	310	315
Leu	Tyr	Arg	Gln	Tyr	Lys	Ile	Ile	His	Arg	Asp	Ile	Lys	Pro	Ser	Asn	325	330	335
Val	Leu	Ile	Asn	Ser	Lys	Gly	Gln	Ile	Lys	Leu	Cys	Asp	Phe	Gly	Val	340	345	350
Ser	Lys	Lys	Leu	Ile	Asn	Ser	Ile	Ala	Asp	Thr	Phe	Val	Gly	Thr	Ser	355	360	365
Thr	Tyr	Met	Ser	Pro	Glu	Arg	Ile	Gln	Gly	Asn	Val	Tyr	Ser	Ile	Lys	370	375	380
Gly	Asp	Val	Trp	Ser	Leu	Gly	Leu	Met	Ile	Ile	Glu	Leu	Val	Thr	Gly	385	390	395
Glu	Phe	Pro	Leu	Gly	Gly	His	Asn	Asp	Thr	Pro	Asp	Gly	Ile	Leu	Asp	405	410	415
Leu	Leu	Gln	Arg	Ile	Val	Asn	Glu	Pro	Ser	Pro	Arg	Leu	Pro	Lys	Asp	420	425	430
Arg	Ile	Tyr	Ser	Lys	Glu	Met	Thr	Asp	Phe	Val	Asn	Arg	Cys	Cys	Ile	435	440	445
Lys	Asn	Glu	Arg	Glu	Arg	Ser	Ser	Ile	His	Glu	Leu	Leu	His	His	Asp	450	455	460
Leu	Ile	Met	Lys	Tyr	Val	Ser	Pro	Ser	Lys	Asp	Asp	Lys	Phe	Arg	His	465	470	475
Trp	Cys	Arg	Lys	Ile	Lys	Ser	Lys	Ile	Lys	Glu	Asp	Lys	Arg	Ile	Lys	485	490	495
Arg	Glu	Ala	Leu	Asp	Arg	Ala	Lys	Leu	Glu	Lys	Lys	Gln	Ser	Glu	Arg	500	505	510
Ser	Thr	His														515		

<210> 139

<211> 4154

<212> ADN

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 139

```

taaaacatcc ttcataaaaa caaccaatat gaaaacattc gtgatagcct atattttacaa 60
ctagcttata gtcatttgag aatccctcta gacctttatt ttggaaccat agattatcaa 120
cgtgtgatat cgggagtgca aggtcgaaac cgatgtgctc ttcaactctt ggcgccctgta 180
ggaagtaaaa tagggcaatc actacaaaaa ctaccaagta taataggtag ctttgatata 240
gcctcggtaa ccgcatcatg ttaagatttt taaccacggt gctggtcttc gataattaag 300
tataaaactt gtatcagagg tatctgcgat ctaaaaagat taatttttga aaaagatcaa 360
cactaaacca tttgaaattc aaaaagcacc taaggcaaaa tataaatcta aatatacgta 420
aaatggaaac actttctgcg cagctttata caagttagcc ttctagctta tgaaatagaa 480
atgaaatata actgagcaag tcctatatac aatactatta atgatcttct tgtocatgag 540
actgttcatg gtgcctttta gagacttctt catcacttag ctgaggcctg tggccaccgc 600
ttctcaataa accaccggca gtatcctcaa ctggaaatct tgcactgggc cttacgcaat 660
ggggcttgcg taactgttca aaatccatga ttttagtttt cctcccccct tttaaagtaa 720
tctttggatt ctcgcccaat ttttgctcca cttcttttat attttggtg cgttctttac 780

```

tattattatt	attattatta	ttactaactg	ccattatagt	ttctttatgc	tgtcctcacc	840
atgcctttcg	ttatcaggct	agcattaaaa	gccttttaag	gtgtaaagct	ttcgccgcga	900
tggcttttaa	cagtagaaaa	tattcatatt	tacacacatg	cataaagaga	gaccacttaa	960
taaagctagt	atgataagat	caccggtaga	cgaaatatat	atggaacaga	cacaaacagc	1020
agagggcact	gacttactaa	ttggtgacga	aaagaccaac	gatttacctt	ttgtgcagtt	1080
atctctggag	gaaataggat	gcactcaata	cctggatagc	tttattcagt	gcaaccttgt	1140
cacagaagaa	gaaattaagt	atctcgacaa	ggatattctc	attgctttgg	gtgtaaacia	1200
aataggagac	agactcaaaa	ttttaaggaa	gtcaaaatcg	ttccagagag	ataaacggat	1260
tgaacagggtg	aatagattga	agaacctgat	ggaaaaagta	agctctctat	ccactgctac	1320
gctatcgatg	aattcagaat	tgattcctga	aaagcactgt	gttatattta	tcttaaacga	1380
tggttccgct	aagaaagtta	atgtaaatgg	ttgctttaat	gcagattcta	ttaagaaaag	1440
gctaatacaga	agattgccac	atgaattatt	agccacaaac	tccaatggag	aagtaactaa	1500
aatggttcaa	gattatgatg	tgtttgcctt	agattatacc	aagaacgtac	tgcatttgc	1560
atatcagctg	gaattagtca	ctatttgcca	cgcaaatgat	cgtgttgaga	aaaataggct	1620
aatttttgg	tccaaagacc	aaacacaaag	tgataaagct	atatccacat	caaaaaaact	1680
atatotaaga	acgttgagtg	cattgagcca	gggtggggcca	tcctcgtcaa	atctgttggc	1740
acagaacaag	gggatttgcg	ataacaatgc	tgaagggaaa	ctccggatcg	acaacacaga	1800
aaaggacaga	attagacaga	tttttaataca	gaggccctcct	agcgaattta	tttctaccaa	1860
tttggccgga	tattttcctc	atacagacat	gaagcgggtg	caaaagacga	tgagagagtc	1920
atctcgccat	tcagcaaggc	taagcattgc	tcaaagaaga	cctttaagtg	cagaatcaaa	1980
taatatcggt	gacatactat	tgaaacactc	aaacgctggt	gatattggccc	gtttacagg	2040
attagatcag	acaagattaa	gcagtaaaact	tgacacaaact	aaaattccga	agcttgccca	2100
taaaaggcca	gaagataatg	atgccatctc	taaccagtta	gaactattaa	gtgtagagtc	2160
tgggtgaagaa	gaagatcacg	atctctttgg	ggaggacagt	gacattgttt	cattaccgac	2220
gaagattgcc	acgccaaga	attgggttaa	aggtgcttgc	attggatcag	gcagttttgg	2280
gagtgtttac	ttgggcatga	atgcccacac	tggtgaacta	atggcagtaa	agcaagtggg	2340
gataaaaaat	aataacattg	gtgtttccac	agacaacaat	aaacaagcca	attctgatga	2400
gaataatgag	caggaggaac	aacaagagaa	aatagaagat	gttggggcgg	taagtcatcc	2460
aaaaaccaat	caaaatattc	acagaaagat	gggtgatgct	ttacagcatg	aaatgaattt	2520
attgaaggag	ttacatcatg	agaacattgt	tacttattat	ggtgcttctc	aagaaggcgg	2580
aaatttaaat	atctttcttg	aatacgttcc	tgggggttgc	gtttcctcca	tgctgaataa	2640
ttacggacca	tttgaggaat	cactgattac	taatttcact	aggcaaatac	tgattggggt	2700
tgcgtatttg	cataagaaga	acattattca	cagagatata	aagggtgcaa	atattttgat	2760
tgatatcaaa	ggttgcgtaa	aaattactga	ttttggtatt	tcaaaaaaat	tatcaccttt	2820
gaataaaaaa	caaaataaga	gagcttcttt	gcaagggtcc	gtattctgga	tgccaccaga	2880
gggtggtcaa	cagagcgcta	ctactgctaa	agcggatata	tggtctacag	gatgtgttgt	2940
cattgaaatg	tttaccggta	agcatccttt	cccagatttt	tctcaaatgc	aagcgatctt	3000
caaaataggc	acaaacacga	cccccgagat	accttcctgg	gctacgtcag	aaggaaagaa	3060
tttcttaaga	aaggcatttg	agttggatta	tcaatacagg	cctagtggcc	ttgaattgct	3120
gcagcatcca	tggctggatg	cgcacataat	ttgaaaaagg	gctacttatt	aattcttttt	3180
atggcactaa	agtgcctctg	ccgatttttt	atcaataaat	acatatatat	catatttagt	3240
gacattttatt	gaatatatat	gctattttacc	ggtttttttt	tttcaattac	gctgatttaag	3300
taatcataaa	tcacaattgt	gaaaaaaaga	ccaaactaga	tgacgggtatt	tgattctcat	3360
acccctggaa	taaaatcaag	taagataatt	ctgataaaaa	aatccgactg	cacagatgga	3420
agcacgaaga	aacaggcctt	tctttgcgag	gtgatatcaa	accattgata	tcttctcaat	3480
aacctgctct	agggaaaagg	ggtagataga	caaaagcaag	gaataaatcc	atagagtttc	3540
attcacatga	ataatctggt	accaattttt	ctcataagat	aaagccatct	atcaaaaatg	3600
atattgaaat	atctgaaaaa	tgcttggttt	tatggggacc	acaattcgcc	tgacactcta	3660
gaagcgtaaa	ctgtttttatt	gaagttagtc	ctgataaatt	ctctaccggt	ttcgctttct	3720
tccttagtgc	catttttttag	catcatatta	ttgaattttt	cactttctct	aaatgattta	3780
tcattcatgt	ccttgacaaa	gattgaatct	acatcaacaa	ttgaacagga	aggaatattg	3840
cattgcatgg	ccatttcccg	gatttgagga	tottcactaa	ttaaaaacca	atgtagcccc	3900
tcatttcctt	ctaggtagca	tttgtaataa	caacttttca	acaaattctt	taatctctta	3960
ggcaattttt	caatattcat	ctttccagaa	ctatcattat	gttccattac	atctgaccat	4020
aaaaaatgtg	ctaaaacttc	gggaaattcg	ataaaaactt	tcaaattagc	aaatttagaa	4080
tcataataat	tatcgataaa	cttcaaggat	tctcgagctg	caaaactttt	acgcctttgt	4140
tgaaggaaat	ccaa					4154

<210> 140

<211> 717

5 <212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 140

ES 2 464 740 T3

Met Glu Gln Thr Gln Thr Ala Glu Gly Thr Asp Leu Leu Ile Gly Asp

1	5	10	15
Glu Lys Thr Asn Asp Leu Pro Phe Val Gln Leu Phe Leu Glu Ile			
	20	25	30
Gly Cys Thr Gln Tyr Leu Asp Ser Phe Ile Gln Cys Asn Leu Val Thr			
	35	40	45
Glu Glu Glu Ile Lys Tyr Leu Asp Lys Asp Ile Leu Ile Ala Leu Gly			
	50	55	60
Val Asn Lys Ile Gly Asp Arg Leu Lys Ile Leu Arg Lys Ser Lys Ser			
	65	70	75
Phe Gln Arg Asp Lys Arg Ile Glu Gln Val Asn Arg Leu Lys Asn Leu			
	85	90	95
Met Glu Lys Val Ser Ser Leu Ser Thr Ala Thr Leu Ser Met Asn Ser			
	100	105	110
Glu Leu Ile Pro Glu Lys His Cys Val Ile Phe Ile Leu Asn Asp Gly			
	115	120	125
Ser Ala Lys Lys Val Asn Val Asn Gly Cys Phe Asn Ala Asp Ser Ile			
	130	135	140
Lys Lys Arg Leu Ile Arg Arg Leu Pro His Glu Leu Leu Ala Thr Asn			
	145	150	155
Ser Asn Gly Glu Val Thr Lys Met Val Gln Asp Tyr Asp Val Phe Val			
	165	170	175
Leu Asp Tyr Thr Lys Asn Val Leu His Leu Leu Tyr Asp Val Glu Leu			
	180	185	190
Val Thr Ile Cys His Ala Asn Asp Arg Val Glu Lys Asn Arg Leu Ile			
	195	200	205
Phe Val Ser Lys Asp Gln Thr Pro Ser Asp Lys Ala Ile Ser Thr Ser			
	210	215	220
Lys Lys Leu Tyr Leu Arg Thr Leu Ser Ala Leu Ser Gln Val Gly Pro			
	225	230	235
Ser Ser Ser Asn Leu Leu Ala Gln Asn Lys Gly Ile Ser His Asn Asn			
	245	250	255
Ala Glu Gly Lys Leu Arg Ile Asp Asn Thr Glu Lys Asp Arg Ile Arg			
	260	265	270
Gln Ile Phe Asn Gln Arg Pro Pro Ser Glu Phe Ile Ser Thr Asn Leu			
	275	280	285
Ala Gly Tyr Phe Pro His Thr Asp Met Lys Arg Leu Gln Lys Thr Met			
	290	295	300
Arg Glu Ser Phe Arg His Ser Ala Arg Leu Ser Ile Ala Gln Arg Arg			
	305	310	315
Pro Leu Ser Ala Glu Ser Asn Asn Ile Gly Asp Ile Leu Leu Lys His			
	325	330	335
Ser Asn Ala Val Asp Met Ala Leu Leu Gln Gly Leu Asp Gln Thr Arg			
	340	345	350
Leu Ser Ser Lys Leu Asp Thr Thr Lys Ile Pro Lys Leu Ala His Lys			
	355	360	365
Arg Pro Glu Asp Asn Asp Ala Ile Ser Asn Gln Leu Glu Leu Leu Ser			
	370	375	380
Val Glu Ser Gly Glu Glu Asp His Asp Phe Phe Gly Glu Asp Ser			
	385	390	395
Asp Ile Val Ser Leu Pro Thr Lys Ile Ala Thr Pro Lys Asn Trp Leu			
	405	410	415
Lys Gly Ala Cys Ile Gly Ser Gly Ser Phe Gly Ser Val Tyr Leu Gly			
	420	425	430
Met Asn Ala His Thr Gly Glu Leu Met Ala Val Lys Gln Val Glu Ile			
	435	440	445
Lys Asn Asn Asn Ile Gly Val Ser Thr Asp Asn Asn Lys Gln Ala Asn			
	450	455	460
Ser Asp Glu Asn Asn Glu Gln Glu Glu Gln Gln Glu Lys Ile Glu Asp			
	465	470	475
Val Gly Ala Val Ser His Pro Lys Thr Asn Gln Asn Ile His Arg Lys			
	485	490	495
Met Val Asp Ala Leu Gln His Glu Met Asn Leu Leu Lys Glu Leu His			
	500	505	510
His Glu Asn Ile Val Thr Tyr Tyr Gly Ala Ser Gln Glu Gly Gly Asn			
	515	520	525

Leu	Asn	Ile	Phe	Leu	Glu	Tyr	Val	Pro	Gly	Gly	Ser	Val	Ser	Ser	Met
530						535					540				
Leu	Asn	Asn	Tyr	Gly	Pro	Phe	Glu	Glu	Ser	Leu	Ile	Thr	Asn	Phe	Thr
545					550					555					560
Arg	Gln	Ile	Leu	Ile	Gly	Val	Ala	Tyr	Leu	His	Lys	Lys	Asn	Ile	Ile
				565					570					575	
His	Arg	Asp	Ile	Lys	Gly	Ala	Asn	Ile	Leu	Ile	Asp	Ile	Lys	Gly	Cys
		580						585					590		
Val	Lys	Ile	Thr	Asp	Phe	Gly	Ile	Ser	Lys	Lys	Leu	Ser	Pro	Leu	Asn
	595					600						605			
Lys	Lys	Gln	Asn	Lys	Arg	Ala	Ser	Leu	Gln	Gly	Ser	Val	Phe	Trp	Met
610					615						620				
Ser	Pro	Glu	Val	Val	Lys	Gln	Ser	Ala	Thr	Thr	Ala	Lys	Ala	Asp	Ile
625					630					635					640
Trp	Ser	Thr	Gly	Cys	Val	Val	Ile	Glu	Met	Phe	Thr	Gly	Lys	His	Pro
			645						650					655	
Phe	Pro	Asp	Phe	Ser	Gln	Met	Gln	Ala	Ile	Phe	Lys	Ile	Gly	Thr	Asn
		660						665					670		
Thr	Thr	Pro	Glu	Ile	Pro	Ser	Trp	Ala	Thr	Ser	Glu	Gly	Lys	Asn	Phe
		675						680				685			
Leu	Arg	Lys	Ala	Phe	Glu	Leu	Asp	Tyr	Gln	Tyr	Arg	Pro	Ser	Ala	Leu
690					695						700				
Glu	Leu	Leu	Gln	His	Pro	Trp	Leu	Asp	Ala	His	Ile	Ile			
705					710					715					

<210> 141

<211> 11077

5

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de nucleótidos de la construcción de alteración fase I

10

<400> 141

```

gacggcacgg ccacgcgttt aaaccgccca gatggaatcc ctccataga gagaaggagc 60
aagcaactga cccaatattg actgccactg gacctgaaga catgcaacaa agtgcaagca 120
tagtggggcc ttcttccaat gctaatacgg tcactgccac tgctgctacg gaaaaccaac 180
ctaaagggtat taacttcttc actataagaa aatcacacga gcgcccggac gatgtctctg 240
tttaaattggc gcaagttttc cgctttgtaa tatatattta taccctttc ttctctccc 300
tgcaatataa tagtttaatt ctaatatata taatatccta tattttcttc atttaccggc 360
gcactctcgc ccgaacgacc tcaaaatgtc tgctacattc ataataacca aaagctcata 420
actttttttt ttgaacctga atatataac atcacatgtc actgctggtc cttgccgacc 480
agcgtataca atctcgatag ttggtttccc gttctttcca ctcccgctgc tcacacgcgg 540
ccagggggag ccgagctcct cgagaagtta agattatatg aataactaaa tactaaatag 600
aaatgtaaat acagtgagaa caaaacaaaa aaaaacgaac agagaaacta aatccacatt 660
aattgagagt tctatctatt agaaaatgca aactccaact aaatgggaaa acagataacc 720
tcttttattt ttttttaatt tttgatattc gagtcttttt cttttgttag gtttatattc 780
atcatttcaa tgaataaaaag aagcttctta ttttggttgc aaagaatgaa aaaaaaggat 840
tttttcatac ttctaagct tcaattataa ccaaaaattt tataaatgaa gagaaaaaat 900
ctagtagtat caagttaaac ctattccttt gccctcggac gagtgtctgg gcgtcggttt 960
ccactatcgg cgagtacttc tacacagcca tcggccaga cgccgcgct tctgcgggcg 1020
atgtgtgtac gccgcacagt cccggctccg gatcgacga ttgcgtcgca tcgaccctgc 1080
gcccagctg catcatcgaa attgccgtca accaagctct gatagagttg gtcaagacca 1140
atgcggagca tatacgcgcg gagccgcggc gatcctgcaa gctccggatg cctccgctcg 1200
aagtagcgcg tctgctgctc catacaagcc aaccacggcc tccagaagaa gatgttggcg 1260
acctcgtatt gggaatcccc gaacatcgcc tcgctccagt caatgaccgc tggtatgcgg 1320
ccattgtccg tcaggacatt gttggagccg aaatccgcgt gcacgaggtg ccggacttcg 1380
gggcagtcct cggcccaaag catcagctca tcgagagcct gcgcgacgga cgactgacg 1440
gtgtcgtcca tcacagtttg ccagtgatac acatggggat cagcaatcgc gcatatgaaa 1500
tcaogccatg tagtgtattg accgattcct tgcggtccga atgggcccga cccgctcgtc 1560
tggtataagat cggccgcagc gatcgcatcc atggcctccg cgaccggctg cagaacagcg 1620
ggcagttcgg tttcaggcag gtcttgcaac gtgacaccct gtgcacggcg ggagatgcaa 1680
taggtcaggc tctcgctgaa ttccccaatg tcaagcactt ccggaatcgg gagcgcggcc 1740
gatgcaaaag gccgataaac ataacgatct ttgtagaaac catcggcgca gctatttacc 1800

```

```

cgcaggacat atccacgccc tectacatcg aagctgaaa cagcagatcc ttcgccctcc 1860
gagagctgca tcaggctcgga gacgctgctg aacttttcga tcagaaactt ctccgacagac 1920
gtcgcgggtga gttcaggctt tttcattttt aatgttactt ctcttgcaagt tagggaacta 1980
taatgtaact caaaataaga ttaaacaaac taaaataaaa agaagttata cagaaaaacc 2040
catataaacc agtactaatc cataataata atacacaaaa aaactatcaa ataaaaccag 2100
aaaaacagatt gaatagaaaa attttttcga tctcctttta tattcaaaat tcgatatatg 2160
aaaaagggaa ctctcagaaa atcaccaaat caattttaatt agatttttct tttccttcta 2220
gcgttggaag gaaaaatttt tctttttttt tttagaaatg aaaaattttt gccgtaggaa 2280
tcaccgtata aacctgtat aaacgctact ctgttcacct gtgtaggcta tgattgacct 2340
agtgttcatt gttattgcga gagagcgga gaaaagaacc gatacaagag atccatgctg 2400
gtatagttgt ctgtccaaca ctttgatgaa cttgtaggac gatgatgtgt attactagt 2460
tcgacgctcg tccaacgcgc gccgacctag ttatgacaat tacaacaaca gaattctttc 2520
tatatatgca cgaacttgta atatggaaga aattatgacg tacaactat aaagtaata 2580
ttttacgtaa cacatggtgc tgttggtctt ctttttcaag agaataccaa tgacgtatga 2640
ctaagtttag gatttaatgc aggtgacgga cccatctttc aaacgattta tatcagtggc 2700
gtccaaattg ttaggttttg ttggttcagc aggtttcctg ttgtgggtca tatgactttg 2760
aaccaaatgg ccggtgcta gggcagcaca taaggataat tcacctgcca agcggcaca 2820
ggcaactatt cttgctaatt gacgtgctt ggtaccagga gcggtagcat gtgggcctct 2880
tacacctaat aagccaaca tggcaccttg tggttctaga acagtaccac caccgatggt 2940
acctacttcg atggatggca tggatacggg aattctcaaa tcaccgtcca cttctttcat 3000
caatgttata cagttggaac tttcgacatt ttgtgcagga tcttgtccta atgccagaa 3060
aacagctgtc actaaattag ctgcatgtgc gttaaatcca ccaacagacc cagccattgc 3120
agatccaacc aaattcttag caatgttcaa ctcaaccaat gcggaacat cactttttaa 3180
cactttcttg acaacatcac caggaatagt agcttctgcg acgacactct taccagacc 3240
ttcgatccag ttgatggcag ctgggttttt gtccgtacag tagttaccag aaacggagac 3300
aacctccata tcttccagc catactcttc taccatttgc ttaatgagt attcgacacc 3360
cttagaaatc atattcatat ccattgcgtc accagtagtt gttctaaatc tcatgaagag 3420
taaactctct gctagacaag tttgaatatg ttgcagacgt gcaaatcttg atgtagagt 3480
aaaagctttt ttaattgcgt tttgtccctc ttctgagtct aaccatatct taaggcacc 3540
agatcttttc aaagttggga aacggactac tgggcctctt gtcataccat ccttagtta 3600
aacagttgtt gcaccaccgc cagcattgat tgccttacag ccacgcatgg cagaagctac 3660
caaacaaacc tctgtagttg ccattgggtat atgataagat gtaccatoga taaccaaggg 3720
gcttataaca ccaacgggca aaggcatgta acctataaca ttttcacaac aagcgccaaa 3780
tacgcggtcg tagtcataat ttttatatgg taaacgatca gatgctaata caggagcttc 3840
tgccaaaatt gaaagagcct tectacgtac cgcaaccgct ctgtagtat cacctaatt 3900
tttctccaaa ccgtacaaag gtaacttacc gtgaataacc aaggcagcga cctctttgt 3960
cttcaattgt tttgtatttc cactacttaa taatgcttct aattcttcta aaggacgtat 4020
tttcttatcc aagctttcaa tatcgcgga atcatcttc tcactagatg atgaaggtcc 4080
tgatgagctc gattgocgag atgataaact tttgactttc gatccagaaa tgactgtttt 4140
attgggtaaa actggtgtag aagccttttg tacaggagca gtaaaagact tcttggtgac 4200
ttcagttctc accaattgat ctgcagccat atccccgct gcttggccgg cgttacttt 4260
ttttttggat ggacgcaaag aagtttaata atcatattac atggcaatac caccatatac 4320
atatccatat ctaatcttac ttatatgttg tggaaatgta aagagcccca ttatcttagc 4380
ctaaaaaac cttctctttg gaactttcag taatacgtt aactgctcat tgctatattg 4440
aagtacggat tagaagccgc cgagcgggcg acagccctcc gacggaagac tctcctcgt 4500
gcgtcctggt cttcacccgt cgcgcttcctg aaacgcagat gtgcctcgcg ccgactgct 4560
ccgaacaata aagattctac aatactagct tttatggtta tgaagaggaa aaattggcag 4620
taacctggcc ccacaaacct tcaaatcaac gaataaatt aacaaccata ggataaata 4680
gcgattagtt ttttagcctt atttctgggg taattaatca gcgaagcgat gatttttgat 4740
ctattaacag atataataat gcaaaagctg cataaccact ttaactaata ctttcaacat 4800
tttcggtttg tattacttct tattcaaatg tcataaaagt atcaacaaa aattgttaat 4860
atacctctat acttaacctg caggccgcga gcgcggatgt gtctcagaac gtttacattg 4920
tatcgactgc cagaacccca attggttcat tccagggttc tctatcctcc aagacagcag 4980
tggaattggg tgctgttgct ttaaaaggcg ccttggctaa ggttccagaa ttggatgcat 5040
ccaaggattt tgacgaaatt attttggta acgttcttcc tgccaatttg ggccaagctc 5100
cgccagacaa agttgctttg gctgccggtt tgagtaatca tatcgttgca agcacagtta 5160
acaaggctcg tgcacccgct atgaaggcaa tcattttggg tgctcaatcc atcaaatgtg 5220
gtaatgctga tgtgtcgtg gctggtggtt gtgaatctat gactaacgca ccatactaca 5280
tgccagcagc ccgtgocggg gccaaatttg gccaaactgt tcttgttgat ggtgtcgaaa 5340
gagatgggtg gaacgatgcg tacgatggtc tagccatggg tgtacacgca gaaaagtgtg 5400
ccogtgattg ggatattact agagaacaac aagacaattt tgccatcgaa tctaccaaa 5460
aatctcaaaa atctcaaaag gaaggtaat tgcacaatga aattgtacct gttaccatta 5520
agggatttag aggtaaacct gatactcaag tcacgaagga cgaggaacct gctagattac 5580
acgttgaaaa attgagatct gcaaggactg ttttccaaaa agaaaacggg actgttactg 5640
ccgctaaccg ttctccaatc aacgatggtg ctgcagccgt catcttggtt tccgaaaaag 5700

```

```

ttttgaagga aaagaatttg aagccttttg ctattatcaa aggttggggg gaggccgctc 5760
atcaaccagc tgattttaca tgggctccat ctcttgcagt tccaaaggct ttgaacatg 5820
ctggcatcga agacatcaat tctgttgatt actttgaatt caatgaagcc ttttcggttg 5880
tcggtttggt gaacactaag attttgaagc tagaccocat taagggttaat gtatatggtg 5940
gtgctggtgc tctaggtcac ccattgggtt gttctggtgc tagagtgggt gttacactgc 6000
tatccatctt acagcaagaa ggaggtaaaga tcgggtgtgc cgccatttgt aatgggtggg 6060
gtgggtgcttc ctctattgtc attgaaaaga tatgattacg ttctgcgatt ttctcatgat 6120
ctttttcata aaatacataa atatatataa ggctttatgt ataacaggca taatttaaag 6180
ttttatttgc gattcatcgt ttttcaggta ctcaaacgct gaggtgtgcc ttttgactta 6240
cttttcggcc ttggcaagct ggccgggtga tacttgca caaagggttg agttccacta attactgaca 6300
tttgtggtat taactcgttt gactgctcta caattgtagg atgttaatca atgtcttggc 6360
tgccataacgc gatcgccgac gccgccgata tgagaaaaaa aatcggttg gcttaacttt 6420
aaagaaaaaa gttgagatta gatttattgt gttataaata tagatataca attctttata 6480
aaaaaataat atatatatat cattgttatt aaataaagag ttttctagt atatagatta 6540
aaaaactact ctattaaatg agagctaaaa gccaaaaaaa taagcatttt 6600
atgaaggggg ttcagcaaga tgcaatcgat gggggaagat tattttttta catcgtaaga 6660
tcttctaaat ttgtcatcga tgttggtcaa gtagtaaaaca ccactttgca aatgctcaat 6720
ggaaacctga ggtttgaagt tcttctcaa atgggcattt tctctcaatt cgatggcagc 6780
ttcgtaatcc tttggagttt cgggtgattct cttggcta at ttgttagtaa tatctaattc 6840
cttgataata tgttgagcgt caccaacaat tttgcaagaa tatagagatg cagctaacc 6900
ggaaacgtta gaaaataaac caacacgctt gccttgtaag tcgtcagatc caacatagtt 6960
taatagagat gcaaaggcgg cataaacaga tcgggtgtac atgttacctg tgtttgttg 7020
aacaatcaa gattgggcaa ctctctctt gtggaatggc ttagcaacat taacaaaagt 7080
tttttcaatg ttctatcgg ttaaagattc gtcataatcg cgagtagcta attcggcgct 7140
aacttctggg acaatttgag gattggctct gaaatcgta tatagtaatc taccgtatga 7200
ttttgtgacc aatttacagg ttggaacatg gaaaacgttg tagtcgaaat atttcaaac 7260
gttcaaaaga tccgaaccag cgggatcgct aaccaaccct ttagaaatag ccttcttggg 7320
ataactcttg taaacttgat caagagcctt agcgtaaaca gttaatgaaa aatgaccatc 7380
gacgtaagga tattcgctgg tgaatctgg cttgtaaaaa tcgtaggcgt gttccatgta 7440
agaagctctt acagagtc aaacaattgg agcatcagga ccgatccaca tagcaacagt 7500
accggcacca ccggttggtc ttgcggcaacc cttatcgtag atggcaatat caccgcaaac 7560
tacaatggcg tctctaccat ccatcgctt agattcaatc cagttcaaa agttgaacaa 7620
cgcttggtta ccaccgtaac aggcattaa cgtgtcaata ccttcgacgt cagtgttttc 7680
accaaacaa tgcataaaga cagacttgac ttgtcaatca ttgtcaatca gattttcagt 7740
accgaottct aatctaccaa tttgttggt gtcgatgttg taactcttga tcaacttaga 7800
caaaacagtt agggacatcg agtagatate ttctctgtca ttgacaaaag acatgttggt 7860
ttggccocaga ccaattgtgt atttaccttg agaaacgcca tcaaatttct ctagctcaga 7920
ttggttgaca cattgagttg ggatgtaaat ttggatacct ttaataccga cattttgagg 7980
tctggttttt tgttcagcgg tctttgttt ttttagttca gtcatttgca agtttgatt 8040
gtgtaattgt tgttgctttt cgggectaa gcttcttta ataccacacc acaaaagttt 8100
agtagagagt ttcataaggg ggccgctggc gagggagata agtatagagg tatattaaca 8160
attttttgtt gatactttta tgacatttga ataagaagta atacaaaccg aaaatgttga 8220
aagtattagt taaagtgggt atgcagcttt tgcattttata tatctgttaa tagatcaaaa 8280
atcatcgctt cgtgattaa ttaccccaga aataaggcta aaaaactaat cgcattatta 8340
tcctatggtt gttaatttga ttcggtgatt tgaaggttg tggggccagg ttactgccaa 8400
tttttctctc tcataaccat aaaagcagtt attgtagaat ctttattgtt cggagcagtg 8460
cggcgcgagg cacatctcgg tttcaggaa cgcacgggtg aagaccagga cgcacggagg 8520
agagtcttcc gtcggagggc tgtcgccgc tcggcggtt ctaatccgta cttcaatata 8580
gcaatgagca gttaaagcgt ttactgaaag ttccaaagag aaggtttttt taggctaaga 8640
taatggggct ctttacattt ccacaacata taagtaagat tagatatgga tatgtatatg 8700
gtggtatttc catgtaatat gattattaaa cttctttgct tccatccaaa aaaaagtaa 8760
aggcgcgcca cgtcgtgcg gatattggct cagatcaatt ggtgaagact gaagtcacca 8820
agaagtcttt tactgctcct gtacaaaagg cttctacacc agtttttaacc aataaaaacg 8880
tcatttctgg atcgaaagtc aaaagtatat catctgcgca atcgagctca tcaggacctt 8940
catcatctag tgaggaaagt gattcccgcg atattgaaag cttggataag aaaatcgctc 9000
ctttagaaga attagaagca ttattaaagta gtggaaatag aaaaacattg aagaacaaag 9060
aggctcgtgc cttggttatt caccgtaagt taaccttcta ggaaggtctt tcaattttg gcagaagctc 9120
gtgatactac gagagcgggt gcggtaagta ggaaggtctt ttaattttg ctacgacgcg gattttggcg 9180
ctgtatttag atctgatcgt ttaccatata aaaaattatga ctacgacgcg gattttggcg 9240
cttggttgta aaatgttata ggttacatgc ctttgccgtg tggtgttata ggcccttgg 9300
ttatcgatgg tacatcttat catataccaa tggcaactac agaggggtgt ttggtagctt 9360
ctgccatgcg tggctgtaag gcaatcaatg ctggcggtgg tgcaacaact gttttaacta 9420
aggatggtat gacaagaggg ccagtagtcc gtttcccaac tttgaaaaga tctggtgctt 9480
gtaagatatg gttagactca gaagaggggc aaaaacgcaat taaaaagct ttaactcta 9540
catcaagatt tgcacgtctg caacatatct aaacttgtct agcaggagat ttactcttca 9600

```

tgagatttag	aacaactact	ggtagacgcaa	tgggtatgaa	tatgatttct	aagggtgtcg	9660
aatactcatt	aaagcaaatg	gtagaagagt	atggctggga	agatatggag	gttgtctccg	9720
tttctggtaa	ctactgtacc	gacaaaaaac	cagctgccat	caactggatc	gaaggtcgtg	9780
gtaagagtgt	cgtagcagaa	gctactattc	ctgggtgatgt	tgtcagaaaa	gtgttaaaaa	9840
gtgatgtttc	cgcatgtggt	gagttgaaca	ttgctaagaa	tttggttgga	tctgcaatgg	9900
ctgggtctgt	tgggtgattt	aacgcacatg	cagctaattt	agtgcacagt	gttttcttgg	9960
cattaggaca	agatcctgca	caaaatgtcg	aaagttccaa	ctgtataaca	ttgatgaaag	10020
aagtggacgg	tgatttgaga	atttccgtat	ccatgccatc	catcgaagta	ggtaccatcg	10080
gtggtggtac	tgttctagaa	ccacaagggtg	ccatgttggg	cttattaggt	gtaagaggcc	10140
cacatgctac	cgctcctggt	accaacgcac	gtcaattagc	aagaatagtt	gcctgtgccg	10200
tcttggcagg	tgaattatcc	ttatgtgctg	ccctagcagc	cggccatttg	gttcaaatgc	10260
atatgaccca	caacaggaaa	cctgctgaac	caacaaaacc	taacaatttg	gacgccactg	10320
atataaatcg	tttgaagat	gggtccgtca	cctgcattaa	atcctaaact	tagtcatatc	10380
tcattggtat	tctcttgaaa	aagaagcaca	acagcaccat	gtgttacgta	aaatatattc	10440
tttatagttt	gtacgtcata	atttcttcca	tattacaagt	tcgtgcatat	atagaagaa	10500
ttctgttggt	gtaattgtca	taactagccc	ctcagccccc	ctagcgtoga	agcatcttgc	10560
cctgtgcttg	gccccagtg	cagcgaacgt	tataaaaaacg	aatactgagt	atatacttat	10620
gtaaaaaac	catatcattt	cttgttctga	actttgttta	cctaactagt	tttaaatctc	10680
cctttttcgt	gcatgcgggt	gttcttattt	attagcatac	tacatttgaa	atatcaaat	10740
tccttagtag	aaaagtgaga	gaaggtgcac	tgacacaaaa	aataaaatgc	taogtataac	10800
tgtaaaaaac	ttgcagcagc	gggcacccct	ccatcatagc	ttcaaacata	ttagcgttcc	10860
tgatcttcat	accgtgctc	aaaaatgatca	aacaaactgt	tattgccaag	aaataaacgc	10920
aaggctgcct	tcaaaaactg	atccattaga	tcctcatatc	aagcttcctc	atagaacgcc	10980
caattacaat	aagcatgttt	tgctgttatc	accgggtgat	aggtttgctc	aaccatggaa	11040
gtagcatgc	ggtgtttaa	ccccagcgcc	tggcggg			11077

<210> 142

<211> 9664

5 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de nucleótidos de la construcción de alteración fase II

10

<400> 142

gacggcacgg	ccacgcgttt	aaaccgccta	ggataattat	actctatttc	tcaacaagta	60
attggttggt	tggccgagcg	gtctaaggcg	cctgattcaa	gaaatatctt	gaccgcagtt	120
aactgtggga	atactcaggt	atcgtaagat	gcaagagttc	gaatctctta	gcaaccatta	180
tttttttcc	caacataaac	agaacacaca	ggggcgctat	cgcacagaat	caaattcgat	240
gactggaaat	tttttgtaa	tttcagaggt	cgcccgacgc	atataccttt	ttcaactgaa	300
aaattgggag	aaaaaggaaa	ggtgagagcg	ccggaaccgg	cttttcatat	agaatagaga	360
agcgttcatt	actaaatgct	tgcatcacaa	tacttgaagt	tgacaatatt	atttaaggac	420
ctattgtttt	ttccaatagg	tggttagcaa	tcgtcttact	ttctaacttt	tcttaccttt	480
tacatttcag	caatatatat	atatatat	caaggatata	ccattctagc	tcacacgcgg	540
ccagggggag	cctcgacact	agtaatacac	atcatcgctc	tacaagttca	tcaaaagtgtt	600
ggacagacaa	ctataccagc	atggatctct	tgtatcggtt	cttttctccc	gctctctcgc	660
aataacaatg	aacactgggt	caatcatagc	ctacacaggt	gaacagagta	gcgtttatac	720
agggtttata	cgggtgattc	tacggcaaaa	atttttcatt	tctaaaaaaa	aaaagaaaaa	780
tttttctttc	caacgctaga	aggaaaagaa	aaatctaatt	aaattgattt	ggtgattttc	840
tgagagttcc	ctttttcata	tatcgaattt	tgaatataaa	aggagatcga	aaaaattttt	900
ctattcaatc	tgttttctgg	ttttatttga	tagttttttt	gtgtattatt	attatggatt	960
agtactgggt	tatatgggtt	tttctgtata	acttcttttt	atttttagttt	gtttaatctt	1020
attttgagtt	acattatagt	tccttaactg	caagagaagt	aacattaaaa	atgaccactc	1080
ttgacgacac	ggcttaccgg	taccgcacca	gtgtcccggg	ggacgccgag	gccatcgagg	1140
cactggatgg	gtccttcacc	accgacaccg	tcttcgcgct	caccgccacc	ggggacggct	1200
tcaccctgcg	ggaggtgccg	gtggaccgcg	ccctgaccaa	ggtgttcccc	gacgacgaat	1260
cgcagcgacg	atcggacgcc	ggggaggacg	cgaccccgga	ctcccggacg	ttcgtgcgct	1320
acggggacga	cggcgacctg	gggggcttcg	tggctgctct	gtactccggc	tggaaaccgc	1380
ggctgaccgt	cgaggacatc	gaggtcgccc	cggagcaccg	ggggcacggg	gtcggggcgc	1440
cgttgatggg	gctcgcgacg	gagttcgccc	gcgagcgggg	cgcggggcac	ctctggctgg	1500
aggtcaccaa	cgtcaacgca	cgggcgatcc	acgcgtaccg	gcggatgggg	ttcaccctct	1560
gcggcctgga	caccgcctg	tacgacggca	cgcctcgga	cggcgagcag	gcgctctaca	1620
tgagcatgcc	ctgcccctga	gtttaacttg	ataactactg	attttttctc	ttcatttata	1680
aaatttttgg	ttataattga	agcttttagaa	gtatgaaaaa	atcctttttt	ttcattcttt	1740
gcaaccaaaa	taagaagctt	cttttattca	ttgaaatgat	gaatataaac	ctaacaaaag	1800

```

aaaaagactc gaatatcaaa cattaaaaaa aaataaaaaga ggttatctgt tttccattt 1860
agttggagtt tgcattttct aatagataga actctcaatt aatgtggatt tagtttctct 1920
gttcgttttt ttttggtttg ttctcactgt atttacattt ctatttagta tttagttatt 1980
catataatct taacttctcg aggagctcog ctogtccaac gccggcggac ctattcgcgg 2040
gtggaaggac cttgtggagg aatatgaagt tgatagctca aagggttgga atggctattt 2100
aactgattat gagtcaatgt atcaaggata ctatggtctg cttaaatttc attctgtctt 2160
cgaaagctga attgatacta cgaaaaattt tttttgttt ctctttctat ctttattaca 2220
taaaacttca tacacagtta agattaaaaa caactaataa ataatgccta tcgcaaatta 2280
gcttatgaag tccatggtaa attcgtggtt cctggcaata atagatcgtc aatttggtgc 2340
tttggtgtag tttatttttc aaataattgg aatactaggg atttgatttt aagatcttta 2400
ttcaaatttt ttgcgcttaa caaacagcag ccagtcaccac ccaagtctgt ttcaaatgtc 2460
tcgtaactaa aatcatcttg caatttcttt ttgaaactgt caatttgctc ttgagtaatg 2520
tctcttcgta acaaagtcaa agagcaaccg ccgccaccag caccggttaag ttttggtggag 2580
ccaattctca aatcatcgct cagattttta ataagttcta atccaggatg agaaacaccg 2640
attgagacaa gcagtcctatg atttattctt atcaattcca atagttgttc atacagtcca 2700
ttatttagttt ctacagcctc gtcacgtgtg cctttacatt tacttaactt agtcattgatc 2760
tctaagcctt gtagggcaca ttcacccatg gcatctagaa ttggcttcat aacttcagga 2820
aattttctcg tgaccaacac acgaacgcga gcaacaagat cttttgtaga ccttggaatt 2880
ctagtatagg ttaggatcat tggaaatggt gggaaatcat ctaagaactt aaaattgttt 2940
gtgtttattg ttccattatg tgagtctttt tcaaatagea gggcattacc ataagtggcc 3000
acagcggtat ctattcctga aggggtaccg tgaatacact tttcacctat gaaggccat 3060
tgattcacta tatgcttata gttttctgac agcttttcca agtcattaga toctattaac 3120
ccccccagt aggccatagc taaggccagt gatcacagaa tagaggcgct tgagcccaac 3180
ccagcaccca tgggtaaatg agactttaaa gaaaacttaa tattcttggc atgggggcat 3240
aggcaaacaa acatatacag gaaacaaaac gctgcatggt agtggaagga ttcggtatag 3300
tgagctaaca acggatocaa aagactaacg agttcctgag acaagccatc ggtggcctgt 3360
tgagccttgg ccaatttttg ggagtttact tgatcctcgg tgatggcatt gaaatcattg 3420
atggaccact tatgattaaa gctaagtctc gggaaagcca attcaatag atctgggtga 3480
gatgactcgc ttattagcag gttaggttctc aacgcagaca cactagcagc gacggcaggc 3540
ttgttgtaca cagcagagtg ttcacccaaa ataataacct ttcccggtgc agaagttaag 3600
aacggtaatg acatatcccc gcgtgcttgg ccggccgtta cttttttttt ggatggacgc 3660
aaagaagttt aataatcata ttacatggca ataccaccat atacatatcc atatctaate 3720
ttacttatat gttgtggaat tgtaaagagc cccattatct tagcctaaaa aaaccttctc 3780
tttggaactt tcagtaatac gcttaactgc tcattgctat attgaagta ggattagaag 3840
cogcgacgag ggcgacagcc ctccgacgga agactctcct ccgtgcgtcc tggctctcac 3900
cggctcgcgt ctgaaacgc agatgtgect cgcgcgcac tgctccgaac aataaagatt 3960
ctacaatact agcttttatg gttatgaaga ggaaaaattg gcagtaacct ggccccacaa 4020
accttcaaat caacgaatca aattaacaac cataggataa taatgcgatt agtttttttag 4080
ccttatttct ggggtaatta atcagcgaag cgatgatttt tgatctatta acagatatat 4140
aaatgcaaaa gctgcataac cactttaact aatactttca acattttcgg tttgtattac 4200
ttcttattca aatgtcataa aagtatcaac aaaaaattgt taatatacct ctatacttaa 4260
cctgcaggcc gcgagcgccg atatgtcaga gttgagagcc ttcagtgcct cagggaaagc 4320
gttactagct ggtggatatt tagttttaga tccgaaatat gaagcatttg tagtoggatt 4380
atcggaaga atgcatgctg tagcccatcc ttacgggtca ttgcaagagt ctgataagtt 4440
tgaaagtgcg tgaaaaagta acaattttaa agatggggag tggctgtacc atataagtc 4500
taaaactggc ttcattcctg ttccgatagc cggatctaag aaccctttca ttgaaaaagt 4560
tatcgctaac gtatttagct actttaagcc taacatggac gactactgca atagaaaactt 4620
gttcgttatt gatattttct ctgatgatgc ctaccattct caggaggaca gcgttaccga 4680
acatcgtggc aacagaagat tgagttttca ttcgcacaga attgaagaag ttcccaaac 4740
agggctgggc tctcggcag gtttagtcac agtttttaact acagctttgg cctccttttt 4800
tgtatcggac ctggaaaata atgtagacaa atatagagaa gttattcata atttatcaca 4860
agttgctcat tgtcaagctc agggtaaaat tggaagcggg tttgatgtag cggcggcagc 4920
atatggatct atcagatata gaagattccc acccgatta atctctaatt tgccagatat 4980
tggaagtgc acttacggca gtaaaactggc gcatttggtt aatgaagaag actggaatat 5040
aacgattaaa agtaaccatt taccttcggg attaacttta tggatgggag atattaagaa 5100
tggttcagaa acagtaaaac tggccagaa ggtaaaaaat tggatgatt cgcatatgcc 5160
ggaaagcttg aaaatatata cagaactcga tcatgcaaat tctagattta tggatggact 5220
atctaaacta gatcgcttac acgagactca tgacgattac agcgatcaga tatttgagtc 5280
tcttgagagg aatgactgta cctgtcaaaa gtatcctgag atcacagaag ttagagatgc 5340
agttgcccac cctttagaaa aataactaaa gaatcgtgtg ccgatatcga 5400
acctccgta caaactagct tattggatga ttgcccagac tttaaaggag ttcttaactg 5460
cttaataacct ggtgctgggt gttatgacgc cattgcagtg attgctaagc aagatgttga 5520
tcttagggct caaacgcgtg atgacaaaag attttctaa gttcaatggc tggatgtaac 5580
tcaggctgac tggggtgtta ggaaagaaaa agatccggaa acttatcttg ataaataact 5640
taaggtagat aatagtggtc catgtgacat ctttataaat gtgaagtttg aagtgaocgc 5700

```

gcttaacatc	taaccattca	tettccgata	gtacttgaaa	ttgttccttt	cgccggcatg	5760
ataaaattcg	tttaattgggt	acaagctata	catactagga	tgaggatggg	actgagaacg	5820
ataaataaac	tttctagata	tataacttta	tgctatttta	atataaataa	agtgcgtggt	5880
agcttgaaag	tggtcactaa	cgcatogcc	gacgcgcgcg	atgatgtgta	ttactagtgt	5940
cgacgacagc	attcgcccag	tatttttttt	attctacaaa	ccttctataa	tttcaaagta	6000
tttacataat	tctgtatcag	tttaatcacc	ataatatcgt	tttctttggt	tagtgcaatt	6060
aatttttctc	attgttactt	cgggcctttt	tctgttttat	gagotatttt	ttccgtcatc	6120
cttccggatc	cagattttca	gcttcattct	cagattgtgt	ctacgtaatg	cacgccatca	6180
ttttaagaga	ggaaggcggc	cgctggcgag	ggagatatga	agctactgtc	ttctatcgaa	6240
caagcatgcg	atatttgccg	acttaaaaag	ctcaagtgtc	ccaaagaaaa	accgaagtgc	6300
gccaaagtgtc	tgaagaacaa	ctgggaggtg	cgctactctc	ccaaaaccaa	aaggtctccg	6360
ctgactaggg	cacatctgac	agaagtggaa	tcaaggctag	aaagactgga	acagctatct	6420
ctactgattt	ttctcgcaga	agaccttgac	atgattttga	aaatggattc	tttacaggat	6480
ataaaagcat	tgtaaacagg	attattttgt	caagataatg	tgaataaaga	tgccgtcaca	6540
gatagattgg	cttcagtggg	gactgatatg	cctctaacat	tgagacagca	tagaataagt	6600
gcgacatcat	catcggaaga	gagtagtaac	aaaggtcaaa	gacagttgac	tgtatcgatt	6660
gactcggcag	ctcatcatga	taactccaca	attccgttgg	attttatgcc	cagggatgca	6720
cttcattggat	ttgattggtc	tgaagaggat	gacatgtcgg	atggcttgcc	cttctgaaa	6780
acgggacccca	acaataatgg	gttctttggc	gacgggtctc	tcttatgtat	tcttcgatct	6840
attggcttta	aaccggaaaa	ttacacgaac	tctaacttta	acaggctccc	gaccatgatt	6900
acggatagat	acacgttggc	ttctagatcc	acaacatccc	gtttacttca	aagttaattc	6960
aataattttc	acccctactg	ccctactcgt	cactcaccca	cgctaattgat	gttgtataat	7020
aaccagattg	aaatcgcgtc	gaaggatcaa	tggcaaatcc	tttttaactg	catattagcc	7080
attggagcct	ggtgtataga	gggggaatct	actgatatag	atgtttttta	ctatcaaat	7140
gctaaatctc	atttgacgag	caaggtcttc	gagtcagggt	ccataatttt	ggtgacagcc	7200
ctacatcttc	tgtcgcgata	tacacagtgg	aggcagaaaa	caaatactag	ctataatttt	7260
cacagctttt	ccataagaat	ggccatatca	ttgggcttga	atagggaact	ccctcgtcc	7320
ttcagtgata	cgagcattct	ggaacaaaga	cgccgaattt	ggtggtctgt	ctactcttgg	7380
gagatccaat	tgtccctgct	ttatggtcga	tccatccagc	tttctcagaa	tacaatctcc	7440
ttcccttctt	ctgtcgacga	tgtgcagcgt	accacaacag	gtcccaccat	atatcatggc	7500
atcattgaaa	cagcaaggct	cttacaagtt	ttcacaaaaa	tctatgaact	agacaaaaca	7560
gtaactgcag	aaaaaagtcc	tatatgtgca	aaaaaatgct	tgatgatttg	taatgagatt	7620
gaggagggtt	cgagacaggc	accaaagtgt	ttacaaatgg	atatttccac	caccgctcta	7680
accaattttgt	tgaaggaaaca	cccttggcta	tcctttacaa	gattcgaact	gaagtggaaa	7740
cagttgtctc	ttatcattta	tgtattaaaga	gattttttca	ctaattttac	ccagaaaaag	7800
tcacaactag	aacaggatca	aatgatcat	caaagttatg	aagttaaacy	atgctccatc	7860
atgttaagcg	atgcagcaca	agaactgttt	atgtctgtaa	gtagctatat	ggacaatcat	7920
aatgtcaccc	catatttttg	ctggaattgt	tcttattact	tgttcaatgc	agtcctagta	7980
cccataaaga	ctctactctc	aaactcaaaa	tcgaatgctg	agaataacga	gaccgcacaa	8040
ttattacaac	aaattaacac	tgttctgatg	ctattaaaaa	aactggccac	ttttaaaato	8100
cagactttgt	aaaaatacat	tcaagtactg	gaagagggtat	gtgcgcgctt	tctgttatca	8160
cagtgtgcaa	tcccattacc	gcataatcagt	tataacaata	gtaatggtag	cgccattaaa	8220
aatattgtcg	gttctgcaac	tatcgoccaa	tacctactc	ttccggagga	aatgtcaaac	8280
aatatcagtg	ttaaatatgt	ttctcctggc	tcagttagggc	cttcacctgt	gccattgaaa	8340
tcaggagcaa	gtttcagtga	tctagtcaag	ctgttatcta	accgtccacc	ctctcgtaac	8400
tctccagtga	caataccaag	aagcacacct	tcgcactcgt	cagtcacgcc	tttttagagg	8460
caacagcaac	agctgcaatc	attagtgcga	ctgaccccg	ctgctttgtt	tgggtggcgc	8520
aatttttaac	aaagtgggaa	tattgctgat	agctcattgt	ccttcaactt	cactaacagt	8580
agcaacgggtc	cgaacctcat	aaactcaaa	acaaattctc	aagcgctttc	acaaccaatt	8640
gcctcctcta	acgttcatga	taacttcatg	aataatgaaa	tcacggctag	taaaattgat	8700
gatggtaata	attcaaaaac	actgtcacct	ggttggacgg	accaaactgc	gtataacggc	8760
tttggaaatc	ctacagggat	gttttaatac	actacaatgg	atgatgtata	taactatcta	8820
ttcgatgatg	aagatacccc	accaaaccga	aaaaaagagt	aaaatgaatc	gtagatactg	8880
aaaaaccccg	caagttcact	tcaactgtgc	atcgtgcacc	atctcaattt	ctttcattta	8940
tacatcggtt	tgccttcttt	tatgtaacta	tactcctcta	agtttcaatc	ttggccatgt	9000
aacctctgat	ctatagaatt	ttttaaatga	ctagaattaa	tgcccatctt	ttttttggac	9060
ctaaattctt	catgaaaaata	tattacgagg	gcttattcag	aagcttcgct	caaaggcgcg	9120
ccacgggtcg	gcggataaag	atttctcttt	tttatgatat	ttgtacataa	actttataaa	9180
tgaattatcg	aatagaaacg	acacgaattt	acaaaatgga	atatgttcat	agggtagacg	9240
aaactatata	cgcaatctac	atacatttat	caagaaggag	aaaaaggagg	atgtaaagga	9300
atacaggtaa	gcaaatgtat	actaatggct	caacgtgata	aggaaaaaga	attgcacttt	9360
aacattaata	ttgacaagga	ggagggcacc	acacaaaaag	ttagggtgtaa	cagaaaaatca	9420
tgaactatag	attcctaatt	tatatattgg	aggattttct	ctaaaaaaaa	aaaaatacaa	9480
caaataaaaa	acactcaatg	acctgaccat	ttgatggagt	ttaagtcaat	accttcttga	9540
accattttccc	ataatggtga	aagttccctc	aagaatttta	ctctgtcaga	aacggcctta	9600

acgacgtagt cgacctcctc ttcagtacta aatctacggt gtttaaacc cagcgctg 9660
cggg 9664

<210> 143
<211> 8640
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Secuencia de nucleótidos de la construcción de alteración fase III

<400> 143

```

gacggcacgg ccacggcttt aaaccgccaa aagtgcagct cagagccccc agcaccagta 60
ttagagggtca taatgggctg cgaagcctgc taaaatgcag tggaggccgt gtaccctttg 120
ccaaattggc tattggaatc ggagagaaac ctgggtcccg ttctagagac cctgcgagcg 180
tgtcccgggt gggtctggga gctctaactc cgcaggaact acaaaccttg cttacacaga 240
gtgaacctgc tgcctggcgt gctctgactc agtacatttc atagccatc ttcaacaaca 300
ataccgactt accatcctat ttgctttgco ctttttcttt tccactgcac tttgcctcgg 360
aaggcggtat cgggttttggg ttagtgctt aaacgagcag cgagaacacg accacgggct 420
atataaatgg aaagttagga caggggcaaa gaataagagc acagaagaag agaaaagacg 480
aaaagcagaa gcggaaaacg tatacacgct acatcacaca cacacacgct cacacgcggc 540
cagggggagc ctcgacacta gtaatacaca tcatcgctct acaagttcat caaagtgttg 600
gacagacaac tataccagca tggatctctt gtatcggttc tttctctccg ctctctcgca 660
ataacaatga acactgggtc atcatagcc tacacaggtg aacagagtag cgtttataca 720
gggtttatac ggtgattcct acggcaaaaa tttttcattt ctaaaaaaa aaagaaaaat 780
ttttctttcc aacgctagaa ggaaaagaaa aatctaatta aattgatttg gtgattttct 840
gagagttccc tttttcatat atcgaatttt gaataaaaa ggagatcgaa aaaatttttc 900
tattcaatct gttttctggg tttatttgat agtttttttg tgtattatta ttatggatta 960
gtactgggtt atatgggttt ttctgtataa actcttttta ttttagtttg tttaatctta 1020
ttttgagtta cattatagtt ccttaactgc aagagaagta acattaaaaa tgggtaagga 1080
aaagactcac gtttcgaggc cgcgattaaa ttccaacatg gatgctgatt tatatgggta 1140
taaattgggt cgcgataatg tcgggcaatc aggtgcgaca atctatogat tgtatgggaa 1200
gcccgatgag ccagagttgt ttctgaaaca tggcaaaagg agcgttgcca atgatgttac 1260
agatgagatg gtcagactaa actggctgac ggaatttatg cctcttccga ccatcaagca 1320
ttttaccggt actcctgatg atgcatgggt actcaccact gcgatccccg gcaaaacagc 1380
attccaggtt ttagaagaat atcctgattc aggtgaaaat attgttgatg cgctggcagt 1440
gttctcgccg cgggtgcatt cgattcctgt ttgtaattgt ccttttaaca gcatcgctgt 1500
atttcgtctc gtcagggcgc aatcacgaat gaataacggg ttggttgatg cgagtgtatt 1560
tgatgacgag cgtaattggt ggctgttgga acaagtctgg aaagaaatgc ataagctttt 1620
gccattctca cgggattcag tcgtcactca tgggtgatttc tcacttgata acctattttt 1680
tgagcagggg aaattaatag gttgtattga ttttgagcga gtcggaatcg cagaccgata 1740
ccaggtatct gccatcctat ggaactgcct cggtaggttt tctccttcat tacagaaacg 1800
gctttttcaa aaatatggta ttgataatcc tgatatgaat aaattgcagt ttcatttgat 1860
gctcgatgag tttttctaa gtttaactga tactactaga ttttttctct tcatttataa 1920
aatttttggt tataattgaa gctttagaag tatgaaaaaa tccttttttt tcattctttg 1980
caacccaaat aagaagcttc ttttatctat tgaaatgatg aatataaacc taacaaaaga 2040
aaaagactcg aatatcaaac attaaaaaaa atataaaagag gttatctgtt ttcccattta 2100
gttggagttt gcattttcta atagatagaa ctctcaatta atgtggattt agtttctctg 2160
ttcgtttttt tttgttttgt tctcactgta ttacatttc tatttagtat ttagttatct 2220
atataatctt aaactctcga ggagctccgc tcgtccaacg ccggcggacc tcttggtgta 2280
agtgggtgct ttagacagct acgaataagg aaattccgaa gcatgtaggg aggtcatgat 2340
atgaaaaagc aaaagagtag gcatcaaaaa gtttctcatt caagtggtaa ctgctgttaa 2400
aattaagata ttataaaatt gaagcttggt cgttccgacc aataccgtag ggaacgtaa 2460
attagctatt gtaaaaaaag gaaaagaaaa gaaaagaaaa atgttacata tcgaattgat 2520
cttattcctt tggtagacca gtctttgctt caatcaaaga ttcgtttgtt tcttggtggc 2580
ctgaaccgac ttgagttaaa atcactctgg caacatcctt ttgcaactca agatccaatt 2640
cacgtgcagt aaagttagat gattcaaat gatggttgaa agcctcaagc tgcctcagtag 2700
taaatttctt gtcccatcca ggaacagagc caacaattt atagataaat gcaagagatt 2760
tcgactcatt ttcagctaag tagtacaaca cagcatttgg acctgcatca accgtgtatg 2820
caacgattgt ttctccgtaa aactgattaa tgggtgtggc ccaactgatg atacgcttg 2880
aagtgtcatt catgtagaat attggaggga aagagtccaa acatgtggca tggaaagagt 2940
tggaatccat cattgtttcc tttgcaaagg tggcgaatc tttttcaaca atggctttac 3000
gcatgacttc aaatctcttt ggtacgacat gttcaattct tcttttaaat agttcggagg 3060
ttgccacggg caattgcata ccctgagtg aactcacatc ctttttaata tcgctgacaa 3120
ctaggacaca agctttcctc tgaggccagt cagagctgtc tgcgatttgt actgccatgg 3180

```

aatcatgacc	atcttcagct	tttcccat	cccaggccac	gtatccgcc	aacaacgac	3240
tacaagctga	accagacccc	tttcttgcta	ttctagatat	ttctgaagtt	gactgtggta	3300
attggtataa	cttagcaatt	gcagagacca	atgcagcaaa	gccagcagcg	gaggaagcta	3360
aaccagctgc	tgtaggaaa	ttattttcgg	agacaatgtg	gagtttccat	tgagataatg	3420
tgggcaatga	ggcgtecttc	gattccat	cctttcttaa	ttggcgtagg	tcgcgcagac	3480
aattttgagt	tctttcattg	tcgatgctgt	gtggttctcc	atttaaccac	aaagtgtcgc	3540
gttcaaactc	aggtgcagta	gccgcagagg	tcaacgttct	gaggtcatct	tgcgataaag	3600
tcactgatat	ggacgaattg	gtgggcagat	tcaacttcgt	gtcccttttc	ccccataact	3660
taagggttgc	gatgttgacg	ggtgcggtaa	cggatgctgt	gtaaacggtc	atatccccgc	3720
gtgcttggcc	ggccgttact	tttttttgg	atggacgcaa	agaagttaa	taatcatatt	3780
acatggcaat	accaccatat	acatatccat	atctaactct	acttatatgt	tgtggaaatg	3840
taaagagccc	cattatctta	gcctaaaaaa	accttctctt	tggaactttc	agtaatacgc	3900
ttaactgctc	attgctatat	tgaagtacgg	attagaagcc	gccgagcggg	cgacagccct	3960
ccgacggaag	actctcctcc	gtgcgtcctg	gtcttcaccg	gtcgcgttcc	tgaaacgcag	4020
atgtgcctcg	cgccgcactg	ctccgaacaa	acaagattct	acaatactag	cttttatggt	4080
tatgaagagg	aaaaattggc	agtaacctgg	ccccacaaac	cttcaaatca	acgaaatcaa	4140
ttaacaacca	taggataata	atgcgattag	tttttttagc	ttattttctg	ggtaattaat	4200
cagcgaagcg	atgatttttg	atctattaac	agatatataa	atgcaaaagc	tgcataacca	4260
ctttaactaa	tactttcaac	attttcggtt	tgtattactt	cttattcaaa	tgtcataaaa	4320
gtatcaacaa	aaaattgtta	atatacctct	atacttaacc	tgacggccgc	gagcgccgat	4380
atggcttcag	aaaaagaaat	taggagagag	agattcttga	acgttttccc	taaattagta	4440
gaggaattga	acgcatecgt	tttggcttac	ggtatgccta	aggaagcatg	tgactggtat	4500
gccactcat-	tgaactacaa	cactccaggc	ggtaagttaa	atagagggtt	gtccgttgtg	4560
gacacgtatg	ctattctctc	caacaagacc	gttgaacaat	tggggcaaga	agaatacgaa	4620
aagggttgcta	ttctaggttg	gtgcattgag	ttgttgacgg	cttacttctt	ggtcgccgat	4680
gatatgatgg	acaagtccat	taccagaaga	ggccaaccat	gttggtacaa	ggttcctgaa	4740
gttggggaaa	ttgccatcaa	tgacgcattc	atgttagagg	ctgctatcta	caagcttttg	4800
aaatctcact	tcagaaacga	aaaatactac	atagatatca	ccgaattggt	ccatgaagtc	4860
accttccaaa	ccgaattggg	ccaattgatg	gacttaatca	ctgcacctga	agacaaagtc	4920
gacttgagta	agttctccct	aaagaagcac	tccttcatag	ttactttcaa	gactgcttac	4980
tattctttct	acttgcctgt	cgcatggct	atgtacgttg	ccggtatcac	agatgaaaag	5040
gatttgaaac	aagccagaga	tgtcttgatt	ccattgggtg	aatatttcca	aattcaagat	5100
gactacttag	actgcttcgg	taccccaaga	cagatcggtg	agatcggtac	agatatccaa	5160
gataacaat	gttcttgggt	aatcaacaag	gcattagaac	ttgcttccgc	agaacaaaga	5220
aagactttag	acgaaaatta	cggtaaaga	gactcagtcg	cagaagccaa	atgcataaag	5280
attttcaatg	acttgaaaat	cgaccagtta	taccacgaat	atgaagagtc	tgttgccaa	5340
gatttgaagg	ccaagatctc	ccaagtcgac	gagtctcgtg	gcttcaaagc	cgacgtctta	5400
actgcgtttt	tgaacaaggt	ttacaagaga	agtaataaag	actggaagcg	ttcaatcgat	5460
aaaaattgga	atacagatta	gataaggacc	atgtataaga	aatatatact	tcactataaa	5520
tatagtataa	gcttacagat	aattatctct	tgatttaccg	ttacacgtga	ctaaaggacg	5580
ctttttctca	gccaatgaaa	gtgaagaaaa	acttgatcgg	aaattacggg	tagtacgtta	5640
aaggaacttg	agccaacccc	caaaaattta	cccatataat	aataggaaaa	gcaacgacct	5700
caaacgcgat	cgccgacgcc	gccgatgacg	gtagcaacaa	gaatatagca	cgagcccgca	5760
agttcatttc	gttacttttg	atatcgctca	caactattgc	gaagcgcttc	agtgaaaaaa	5820
tcataaggaa	aagttgtaaa	tattattggt	agtattcggt	tggtaaagta	gaggggggta	5880
tttttccctt	ttattttggt	catacattct	taaattgctt	tgctctcctt	tttggaagcg	5940
tatacttcgg	agcactgttg	agcgaagggt	cttagatat	attttctgct	attttcttta	6000
acccaaaaat	aagggaaaag	gtccaaaaag	cgtcgggaca	actggtgacc	gtgacccgaa	6060
ggactggcta	tacagtgttc	acaaaatagc	caagctgaaa	ataatgtgta	gctatgttca	6120
gttagtttgg	ctagcaaaga	tataaaagca	ggtcggaaat	atttatgggc	attattatgc	6180
agagcatcaa	catgataaaa	aaaaggcggc	cgctggcgag	ggagatatga	ctgccgacaa	6240
caatagtatg	ccccatggtg	cagtatctag	ttacgccaaa	ttagtgcata	accaaaccac	6300
tgaagacatt	ttggaagagt	ttcctgaaat	tattccatta	caacaaagac	ctaatacccg	6360
atctagttag	acgtcaaatg	acgaaagcgg	agaaacatgt	ttttctggtc	atgatgagga	6420
gcaaattaag	ttaatgaatg	aaaattgtat	tgttttggat	tgggacgata	atgctattgg	6480
tgccggtacc	aagaaagttt	gtcatttaat	ggaaaatatt	gaaaagggtt	tactacatcg	6540
tgcatctctc	gtctttat	tcaatgaaca	aggtgaattta	cttttacaac	aaagagccac	6600
tgaaaaaata	actttccctg	atctttggac	taacacatgc	tgtctctatc	cactatgtat	6660
tgtagacgaa	ttaggtttga	agggtaagct	agacgataag	attaagggcg	ctattactgc	6720
ggcggttgaga	aaactagata	atgaattagg	tattccagaa	gatgaaacta	agacaagggg	6780
taagtttcac	tttttaacaa	gaatccatta	catggcacca	agcaatgaac	catgggggtga	6840
acatgaaatt	gattacatcc	tattttataa	gatcaacgct	aaagaaaact	tgactgtcaa	6900
cccaaacgtc	aatgaagtta	gagacttcaa	atgggtttca	ccaaatgatt	tgaaaactat	6960
gtttgctgac	ccaagttaca	agtttacgcc	ttggtttaag	attatttgcg	agaattactt	7020
attcaactgg	tgggagcaat	tagatgacct	ttctgaagtg	gaaaatgaca	ggcaaattca	7080

tagaatgcta	taacaacgcg	tcaataatat	aggctacata	aaaatcataa	taactttgtt	7140
atcatagcaa	aatgtgatat	aaaacgtttc	atttcacctg	aaaaatagta	aaaataggcg	7200
acaaaaatcc	ttagtaatat	gtaaacctta	ttttctttat	ttatttacag	aactctgaat	7260
atacattgat	tggtcacatt	ttttttttct	cttctcaatt	tcccttgatt	atattcaaaa	7320
ggttattggc	ctcttgaatg	tttcccaactg	atgaaggcgc	gccacggtcg	tgcggtatgta	7380
ttccaatgag	aatcgctaga	aatgctttac	cagaactaga	ctacttgctg	cagatcaactt	7440
ttgaactgta	tgagagtacg	gatgcttctg	gtcaaaaatc	gcattccatt	agactgaaaa	7500
tgtctcctgg	gtgtcatact	cgagatccgt	tagatgttca	attagatgac	aggcattata	7560
ttagttgtat	tccaaagatt	tccctgacga	agcatttgga	tatggactac	gttcaacaga	7620
aattgagaaa	caaattttacc	agggtcatta	tgcctccgaa	atttacacca	gtaaacatta	7680
cgagccccaa	cttgagtttc	cagaaacgca	aaaccagaag	aaagtccgga	tctgttgaga	7740
agttgaagct	tccctgcctcg	tccggatctt	catcatctac	ctccgttaac	aagacattag	7800
attagtgate	acaccaat	tttaatttag	caacccaaaa	taataagta	tttactcaac	7860
tttttttttaa	taaaaaaaaa	cttaattgaa	ttttgctcgc	gatctttagg	tccgggggtt	7920
tcgttgaacc	cttagacgag	caaatttagc	ccataaggat	atcgtcaga	gcacattaat	7980
tagtgacata	tacctatata	aagagcaacc	ttctccgata	gacttgtaat	ttatcttatt	8040
tcatttctcta	acactttggt	cgaagaagag	ggataaaaaac	agacgaaagc	ccctcagccc	8100
ccctagcgtc	gatgggaaag	ctattacaat	tggcattgca	tccggtcgag	atgaaggcag	8160
ctttgaagct	gaagttttgc	agaacaccgc	tattctccat	ctatgatcag	tccacgtctc	8220
catatctott	gcactgtttc	gaactgttga	acttgacctc	cagatcggtt	gctgctgtga	8280
tcagagagct	gcattccagaa	ttgagaaact	gtgttactct	cttttatttg	attttaaggg	8340
ctttggatac	catcgaagac	gatattgtcca	tcgaacacga	tttgaaaatt	gacttgttgc	8400
gtcacttcca	cgagaaattg	ttgttaacta	aatggagtgt	cgacggaaat	gcccccgatg	8460
tgaaggacag	agccgttttg	acagatttcg	aatcgattct	tattgaattc	cacaaattga	8520
aaccagaata	tcaagaagtc	atcaaggaga	tcaccgagaa	aatgggtaat	ggatggcccg	8580
actacatctt	agatgaaaat	tacaacttga	atcgggtgtt	aaacccacgc	gcctggcggg	8640

<210> 144

<211> 6344

5

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de nucleótidos de la construcción de reciclado del marcador Fase I

10

<400> 144

gacggcacgg	ccacgcggtt	aaaccgcccc	gatggaatcc	cttccataga	gagaaggagc	60
aagcaactga	cccaatattg	actgccactg	gacctgaaga	catgcaacaa	agtgcgaagca	120
tagtggggcc	ttcttccaat	gctaatacgg	tcaactgccac	tgctgctacg	gaaaaccaaac	180
ctaaagggtat	taacttcttc	actataagaa	aatcacacga	gcgcccggac	gatgtctctg	240
tttaaattggc	gcaagttttc	cgctttgtaa	tatatattta	tacccttttc	ttctctcccc	300
tgcaatataa	tagtttaatt	ctaataattaa	taatatccta	tattttcttc	atttacgggc	360
gcactctcgc	ccgaacgacc	tcaaaatgtc	tgctacattc	ataataacca	aaagctcata	420
actttttttt	ttgaacctga	atatatatac	atcacatgtc	actgctggtc	cttgccgacc	480
agcgtataca	atctcgatag	ttggtttccc	gttctttcca	ctcccgtcgc	tcacacggcg	540
ccaggggggag	cctcaotatt	attccataag	atgatcatta	gcattacgtt	caaaacgagt	600
acaaataaact	taagtaataa	cacgagccat	atgaccatta	gcaagatgac	aagcaagtta	660
agaccaatca	gcttccatca	tagcatcagc	ttaacgttca	ccattaataa	gagtagaaat	720
ttcaccttca	agacaataac	gattttcgtg	gtaataactg	atataattaa	attgaagctc	780
taatttgtga	gttttagtata	catgcattta	cttataatac	agtttttttag	ttttgctggc	840
cgcactctct	caaataatgct	tcccagcctg	cttttctgta	acgttcaccc	tctaccttag	900
catcccttcc	ctttgcaaat	agtctctctc	caacaataat	aatgtcagat	cctgtagaga	960
ccacatcatc	cacggtttcta	tactgttgac	ccaatgcgtc	tcccttgctc	tctaacccca	1020
caccgggtgt	cataatcaac	caatcgtaac	cttcatctct	tccacccatg	tctctttgag	1080
caataaagcc	gataacaaaa	tctttgtcac	tcttcgcaat	gtcaacagta	cccttagtat	1140
attctccagt	agctagggag	cccttgcatg	acaattctgc	taacatcaaa	aggcctctag	1200
gttctcttgc	tacttcttcc	gccgcctgct	tcaaaccgct	aacaatacct	gggcccacca	1260
caccgtgtgc	attcgtaatg	tctgccatt	ctgctattct	gtatacaccc	gcagagtact	1320
gcaatttgac	tgtattacca	atgtcagcaa	attttctgtc	ttogaagagt	aaaaaattgt	1380
acttggcgga	taatgccttt	agcggcttaa	ctgtgccctc	catggaaaaa	tcagtcaaga	1440
tatccacatg	tgtttttagt	aaacaaattt	tgggacctaa	tgcttcaact	aactccagta	1500
attccttggt	ggtacgaaca	tccaatgaag	cacacaagtt	tgtttgcttt	tcgtgcatga	1560
tattaaatag	cttggcagca	acaggactag	gatgagtagc	agcacgttcc	ttatatgtag	1620

ctttcgacat	gatttatctt	cgtttcctgc	agggttttgt	tctgtgcagt	tgggttaaga	1680
atactgggca	atttcatggt	tcttcaaac	cacatatgcg	tatatatacc	aatctaagtc	1740
tgtgtctcctt	ccttctgtct	tcttctgtct	cggagattac	cgaatcaaaa	aaatttcaaa	1800
gaaaccggaa	tcaaaaaaaa	gaacaaaaaa	aaaaaagatg	aattgaaaag	ctttatggac	1860
cctgaaacca	ctcactatta	ttccataaga	tgatcattag	cattacgttc	aaaacgagta	1920
caaataactt	aagtaataac	acgagccata	tgaccattag	caagatgaca	agcaagttaa	1980
gaccaatcag	cttccatcat	agcatcagct	taacgttcac	cattaataag	agtagaaatt	2040
tcaccttcaa	gacaataacg	attttcgtgc	gctcgtccaa	cgcggcgga	cctgacggta	2100
gcaacaagaa	tatagcacga	gcggcgaggt	tcatttcgtt	acttttgata	tcactcacia	2160
ctattgcgaa	gcgcttcagt	gaaaaaatca	taaggaaaaag	ttgtaaatat	tattggtagt	2220
attcggttgg	taaagtagag	gggttaattt	ttcccttcta	ttttgttcat	acattcttaa	2280
attgctttgc	ctctcctttt	ggaaagctat	acttcggagc	actggttgagc	gaaggctcat	2340
tagatatatt	ttctgtcatt	ttccttaacc	caaaaataag	ggaaagggtc	caaaaagcgc	2400
toggacaact	gttgaccgtg	atccgaagga	ctggctatac	agtgttcaca	aaatagccaa	2460
gctgaaaata	atgtgtagct	atgttcagtt	agtttggcta	gcaaagatat	aaaagcaggt	2520
eggaaatatt	tatgggcatt	attatgcaga	gcatacaat	gataaaaaaa	aacagttgaa	2580
tattccctca	aaaatecccg	cgtgcttggc	cgcccgtaac	taataatgtc	aactttgcct	2640
atttcttctg	tgtcattttc	ctcttctaca	tcaccattag	tctgtggacga	caaagtctca	2700
accaagcccg	acgttatcag	acatacaatg	aatttcaatg	cttctatttg	gggagatcaa	2760
ttcttgacct	atgatgagcc	tgaagattta	gttatgaaga	aacaattagt	ggaggaatta	2820
aaagagggaag	ttaagaagga	attgataact	atcaaagggt	caaatgagcc	catgcagcat	2880
gtgaaattga	ttgaattaat	tgatgctgtt	caacgtttag	gtatagctta	ccattttgaa	2940
gaagagatcg	aggaagcttt	gcaacatata	catgttacct	atggtgaaca	gtgggtggat	3000
aaggaaaatt	tacagagtat	ttcattgtgg	ttcaggttgt	tgcgtcaaca	gggctttaac	3060
gtctcctctg	gcgttttcaa	agactttatg	gacgaaaaag	gtaaattcaa	agagtcctta	3120
tgcaatgatg	cacaaggaat	attagcctta	tatgaagctg	catttatgag	ggttgaagat	3180
gaaaccatct	tagacaatgc	tttggaaatc	acaaaagttc	atthagatat	catagcaaaa	3240
gaaccatctt	gcgattcttc	attgcgtaca	caaatccatc	aagccttaaa	acaaccttta	3300
agaaggagat	tagcaaggat	tgaagcatta	cattacatgc	caatctacca	acaggaacca	3360
tctcatgatg	aagtattggt	gaaattagcc	aagttggatt	tcagtgtttt	gcagctctatg	3420
cataaaaagg	aattgtcaca	tatctgtaag	tggtggaag	atthagattt	acaaaataag	3480
ttaccttatg	tacgtgatcg	tggtgtcgaa	ggctacttct	ggatattgtc	catatactat	3540
gagccacaac	acgctagaac	agaatggtt	ttgatgaaaa	catgcatgtg	gttagtagtt	3600
ttggacgata	cttttgataa	ttatggaaca	tacgaagaat	tggagatttt	tactcaagcc	3660
gtcgagagat	ggtctatctc	atgcttagat	atgttgcccg	aatatatgaa	attaactctac	3720
caagaacttag	tcaatttgca	tgtggaaatg	gagaatctt	tggaaaagga	gggaaagacc	3780
tatcagattc	attacgttaa	ggagatggct	aaagaattag	ttogtaatta	cttagtagaa	3840
gcaagatggg	tgaagggaag	ttatatgoot	actttagaag	aatacatgtc	tgtttctatg	3900
gttactggta	cttatggttt	gatgattgca	aggctcctatg	ttggcagagg	agacattggt	3960
actgaagaca	cattcaaatg	ggtttctagt	taccaccta	ttattaaagc	ttcctgtgta	4020
atagtaagat	taatggacga	tattgtatct	cacaaggaag	aacaagaaag	aggacatgtg	4080
gcttcactcta	tagaatgtta	ctctaagaa	tcaggtgctt	ctgaagagga	agcatgtgaa	4140
tatattagta	ggaaagttga	ggatgcctgg	aaagtaatca	atagagaatc	tttgcgtcca	4200
acagccgttc	ccttcccttt	gttaatgcca	gcaataaact	tagctagaat	gtgtgaggtc	4260
ttgtactctg	ttaatgatgg	ttttactcat	gctgaggttg	acatgaaatc	ttatatgaag	4320
tccttctctg	ttcatcctat	ggtcgtttga	gctagctaa	atccgctcta	accgaaaagg	4380
aaggagttag	acaaootgaa	gtctaggtcc	ctattttattt	ttttatagtt	atgttagtat	4440
taagaacgtt	attttatattt	caaatttttc	ttttttttct	gtacagacgc	gttagcgtat	4500
gtaacattat	actgaaaacc	ttgcttgaga	aggttttggg	acgctcgaag	aacctgcagg	4560
ccgcgagcgc	cgatagttat	gacaattaca	acaacagaat	tctttctata	tatgcacgaa	4620
cttgtaatat	ggaagaaatt	atgaogtaca	aactataaag	taaatatttt	acgtaacaca	4680
tggtgctgtt	gtgcttcttt	ttcaagagaa	taccaatgac	gtatgactaa	gtttaggatt	4740
taatgcagggt	gacggaccca	tctttcaaac	gatttatatc	agtggcgctc	aaattggtat	4800
gttttgttgg	ttcagcaggt	ttcctgttgt	gggtcatatg	actttgaacc	aaatggccgg	4860
ctgctagggc	agcacataag	gataattcac	gtgccaaagc	ggcacaggca	actattcttg	4920
ctaattgacg	tgcgttggta	ccaggagcgg	tagcatgtgg	gcctcttaca	cctaataagt	4980
ccaacatggc	accttgtggg	tctagaacag	taccaccacc	gatggtagct	acttcogattg	5040
atggcatgga	tacggaaatt	ctcaaatcac	cgtccacttc	tttcatcaat	gttatacagt	5100
tggaaactttc	gacattttgt	gcaggatott	gtcctaagtc	caagaaaaaca	gctgtcacta	5160
aattagctgc	atgtgogtta	aatccacca	cagaccagc	cattgcagat	ccaaccaa	5220
tottagcaat	gttcaactca	accaatgcgg	aaacatcact	ttttaacact	tttctgacaa	5280
catcaccagg	aatagtagct	tctgcgacga	cactcttacc	acgaccttcg	atccagttga	5340
tggcagctgg	ttttttgtcg	gtacagtagt	taccagaaac	ggagacaacc	tccatatctt	5400
cccagccata	ctcttctacc	atttgcttta	atgagtattc	gacaccctta	gaaatcatat	5460
tcatacccat	tgcgtcacca	gtagtgtgtc	taaatctcat	gaagagtaaa	tctcctgcta	5520

```

gacaagtttg aatatgttgc agacgtgcaa atcttgatgt agagttaaaa gcttttttaa 5580
ttgcgttttg tccctcttct gagtctaaccc atatcttaca ggcaccagat cttttcaaag 5640
ttgggaaacg gactactggg cctcttgta taccatcctt agttaaaaca gttgttgac 5700
caccgccagc attgattgcc ttacagccac gcatggcaga agctaccaa caaccctctg 5760
tagttgccat tggatatatga taagatgtac catcgataac caaggggcct ataacaccaa 5820
cgggcaaaag catgtaacct ataacatttt cacaacaagc gccaaatagc cggtcgtagt 5880
cataattttt atatggtaaa cgatcagatg ctaatacagg agcttctgcc aaaattgaaa 5940
gagccttctt acgtaccgca accgctctcg tagtatcacc taattttttc tccaaagcgt 6000
acaaaggtaa cttaccgtga ataaccaagg cagcgacctc tttgttcttc aattgttttg 6060
tatttccact acttaataat gcttctaatt cttctaaagg acgtattttt ttatccaagc 6120
tttcaatata gcgggaatca tcttctcac tagatgatga aggtcctgat gagctcgatt 6180
gcgagatga taaacttttg actttcgatc cagaaatgac tgttttattg gttaaaactg 6240
gtgtagaagc cttttgtaca ggagcagtaa aagacttctt ggtgacttca gtcttcacca 6300
attggtctgc agccatcggg gtttaaaccc cagcgctg cggg 6344

```

<210> 145

<211> 6184

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de nucleótidos de la construcción de reciclado del marcador fase II

<400> 145

```

gacggcacgg ccacgcgttt aaaccgccta ggataattat actctatttc tcaacaagta 60
attggttggt tggccgagcg gtctaaggcg cctgattcaa gaaatatctt gaccgcagtt 120
aactgtggga atactcaggt atcgtaagat gcaagagttc gaattcttta gcaaccatta 180
tttttttctt caacataacg agaacacaca ggggcgctat cgcacagaat caaatcgat 240
gactgggaat tttttgttaa tttcagaggt cgcctgacgc atataccttt ttcaactgaa 300
aaattgggag aaaaaggaaa ggtgagagcg ccggaaccgg cttttcatat agaatagaga 360
agcgttcatg actaaatgct tgcatcacia tacttgaagt tgacaatatt atttaaggac 420
ctattgtttt ttccaatagg tggttagcaa tctgttact ttctaacttt tcttaccttt 480
tacatttcag caatatatat atatataatt caaggatata ccattctagc tcacacgcgg 540
ccagggggag cctcactatt attccataag atgatcatta gcattacgtt caaaacgagt 600
acaaataact taagtaataa cagagccat atgaccatta gcaagatgac aagcaagtta 660
agaccaatca gcttccatca tagcatcagc ttaacgttca ccattaataa gagtagaat 720
ttcaccttca agacaataac gattttctgt gtaataactg atataattaa attgaagctc 780
taatttgtag gtttagtata catgcattta cttataatac agtttttttag ttttgctggc 840
cgcatcttct caaatatgct tcccagcctg cttttctgta acgttcaccc tctaccttag 900
catccttctt ctttgcaaat agtctctctt caacaataat aatgtcagat cctgtagaga 960
ccacatcate caccgttcta tactgttgac ccaatgcgtc tcccttgta tctaaacca 1020
caccgggtgt cataatcaac caatcgtaac cttcatctct tccacctag tctctttgag 1080
caataaagcc gataacaaa tctttgtcac tcttcgcaat gtcaacagta cccttagtat 1140
attctccagt agctagggag cccttgcatg acaattctgc taacatcaaa aggctctag 1200
gttcccttgt tacttcttcc gcgcctgct tcaaacgct aacaatacct gggccacca 1260
caccgtgtgc attcgtaatg tctgccatt ctgctattct gtatacacc gcagagtagt 1320
gcaatttgac tgtattacca atgtcagcaa attttctgtc ttogaagagt aaaaaattgt 1380
acttggcgga taatgccttt agcggcttaa ctgtgccctc catggaaaaa tcagtcaaga 1440
tatccacatg tgtttttagt aaacaaattt tgggacctaa tgcttcaact aactccagta 1500
attccttggt ggtacgaaca tccaatgaag cacacaagtt tgtttgcttt tctgtcatga 1560
tattaaatag cttggcagca acaggactag gatgagtagc agcacgttcc ttatatgtag 1620
ctttcgacat gatttatctt cgtttctctg aggtttttgt tctgtgcagt tgggttaaga 1680
atactgggca atttcatgtt tcttcaaac ccatatgcg tatatatacc aatctaagtc 1740
tgtgtcctt ccttcgttct tcttctgtc cggagattac cgaatcaaaa aaatttcaaa 1800
gaaaccggaa tcaaaaaaaa gaacaaaaaa aaaaaagatg aattgaaaag ctttatggac 1860
ctgaaacca ctcactatta ttccataaga tgatcattag cattacgttc aaaacagata 1920
caaataactt aagtaataac acgagccata tgaccattag caagatgaca agcaagttaa 1980
gaccaatcag cttccatcat agcatcagct taacgttcac cattaataag agtagaaatt 2040
tcaccttcaa gacaataacg attttcgtgc gctcgtccaa cgccggcgga cctgacggta 2100
gcaacaagaa tatagcacga gcgcgggagt tcatttcgtt acttttgata tcaactcaca 2160
ctattgcgaa gcgcttcagt gaaaaaatca taaggaaaag ttgtaaatat tattggtagt 2220
attcgtttgg taaagtagag ggggtaattt tccccctta ttttgttcat acattcttaa 2280
attgttttgc ctctcctttt ggaaagctat acttcggagc actgttgagc gaaggctcat 2340
tagatatatt ttctgtcatt ttccttaacc caaaaataag ggaaagggtc caaaaagcgc 2400

```

```

tcggacaact gttgaccgtg atccgaagga ctggctatac agtggtcaca aaatagccaa 2460
gctgaaaata atgtgtagct atgttcagtt agtttggcta gcaaagatat aaaagcaggt 2520
cggaatatatt tatgggcatt attatgcaga gcatcaacat gataaaaaaa aacagttgaa 2580
tattccctca aaaatccccg cgtgcttggc cggccgtaat taataatgtc aactttgcct 2640
atttcttctg tgtcattttc ctcttctaca tcaccattag tcgtggacga caaagtctca 2700
accaagcccc acgttatcag acatacaatg aatttcaatg cttctatttg gggagatcaa 2760
ttcttgacct atgatgagcc tgaagattta gttatgaaga aacaattagt ggaggaatta 2820
aaagaggaag ttaagaagga attgataact atcaaagggt caaatgagcc catgcagcat 2880
gtgaaattga ttgaattaat tgatgctgtt caacgtttag gtatagctta ccattttgaa 2940
gaagagatcg aggaagcttt gcaacatata catgttacct atgggtgaaca gtgggtggat 3000
aaggaaaatt tacagagtat ttcattgtgg ttcaggttgt tgcgtcaaca gggctttaac 3060
gtctcctctg gcgttttcaa agactttatg gacgaaaaag gtaaattcaa agagtcttta 3120
tgcaatgatg cacaaggaat attagcctta tatgaagctg catttatgag ggttgaagat 3180
gaaaccatct tagacaatgc tttggaatto acaaaagtcc atttagatat tagcaaaaa 3240
gaacgatctt gcgattcttc attgcgtaca caaatccatc aagccttaaa caaaccttta 3300
agaaggagat tagcaaggat tgaagcatta cattacatgc caatctacca acaggaaaca 3360
tctcatgatg aagtattgtt gaaattagcc aagttggatt tcagtgtttt gcagtctatg 3420
cataaaaagg aattgtcaca tatctgtaag tgggtgaaag atttagattt acaaaaataag 3480
ttacccttatg tacgtgatcg tgtgtcgaa ggctacttct ggatattgtc catatactat 3540
gagccacaac acgctagaac aagaatgttt ttgatgaaaa catgcatgtg gtttagtagtt 3600
ttggacgata cttttgataa ttatggaaca tacgaagaat tggagatttt tactcaagcc 3660
gtcgagagat ggtctatctc atgcttagat atgttgcccg aatatatgaa attaatctac 3720
caagaattag tcaatttgca tgtggaaatg gaagaatctt tggaaaagga gggaaagacc 3780
tatcagattc attacgttaa ggagatggct aaagaattag ttcgtaatta cttagtagaa 3840
gcaagatggg tgaaggaagg ttatatgcct actttagaag aatacatgtc tgtttctatg 3900
gttactgggt cttatggttt gatgattgca aggtcctatg ttggcagagg agacattgtt 3960
actgaagaca cattcaaatg ggtttctagt taccaccta ttattaagc ttctgtgtg 4020
atagtaagat taatggacga tattgtatct cacaaggaag aacaagaaag aggacatgtg 4080
gcttcactca tagaatgtta ctctaaagaa tcagggtgct ctgaagagga agcattgtga 4140
tatattagta ggaaagttga ggatgcctgg aaagtaatca atagagaatc tttgcgtcca 4200
acagccgttc ccttcccttt gttaatgcca gcaataaact tagctagaat gtgtgaggtc 4260
ttgtactctg ttaatgatgg ttttactcat gctgaggggt acatgaaatc ttatatgaag 4320
tccttctctg ttcactcctat ggtcgtttga gctagctaag atccgctcta accgaaaagg 4380
aaggagttag acaacctgaa gtctaggtcc ctattttatt ttttatagtt atgttagtat 4440
taagaacggt atttatattt caaatttttc tttttttct gtacagacgc gtgtacgc 4500
tgaaacattat actgaaaacc ttgcttgaga aggttttggg acgctcgaag acctgcagg 4560
ccgcgagcgc cgtaattcgc ggttggaagg accttgtgga ggaatatgaa gttgatagct 4620
caaagggatt gaatggctat ttaactgatt atgagtcaat gtatcaagga tactatggtc 4680
tgcttaaat tcatctgtc ttogaaagct gaattgatac tacgaaaaat tttttttgt 4740
ttctctttct atctttatta cataaaactt catcacagt taagattaaa aacaactaat 4800
aaataatgcc tacgcgaat tagcttatga agtccatggt aaattcgtgt ttctggcaa 4860
taatagatcg tcaatttgtt gctttgtggt agttttattt tcaaataatt ggaatactag 4920
ggatttgatt ttaagatctt tattcaaat ttttgcgctt aacaaacagc agccagctcc 4980
acccaagtct gtttcaaatg tctcgtaact aaaatcatct tgcaatttct ttttgaact 5040
gtcaatttgc tcttgagtaa tgtctctctg taacaaagtc aaagagcaac cgccgccacc 5100
agcaccggta agttttgtgg agccaattct caaatcatcg ctcagatttt taataagttc 5160
taatccagga tgagaaacac cgattgagac aagcagtcga tgattttatt ttatcaattc 5220
caatagttgt tcatacagtt cattattagt ttctacagcc tcgtcatcgg tgcctttaca 5280
tttacttaac ttagtcatga tctctaagcc ttctagggca cattcaccca tggcatctag 5340
aattggcttc ataacttcag gaaatttctc ggtgaccaac acacgaacgc gagcaacaag 5400
atcttttgta gaccttgaa ttctagtata ggttaggatc attggaatgg ctgggaaatc 5460
atctaagaac ttaaaattgt ttgtgtttat tgttccatta tgtgagttct tttcaaatag 5520
cagggcatta ccataagtgg ccacagcggt atctattcct gaaggggtac cgtgaataca 5580
cttttcacct atgaaggccc attgattcac tatatgctta tcgttttctg acagcttttc 5640
caagtcatga gatcctatta acccccccac gtagggcata gctaaggcca gtgatacaga 5700
aatagagggc cttgagccca cccagcacc gatgggtaaa gtagacttta aagaaaactt 5760
aatattcttg atagggcaaac atagcatatac aggaaacaaa acgctgcatt 5820
gtagtggaa gattcggata gttgagctaa caacggatcc aaaagactaa cgagttcctg 5880
agacaagcca tcgggtggctt gttgagcctt ggccaatttt tgggagttta cttgatcctc 5940
ggtgatggca ttgaaatcat tgatggacca cttatgatta aagctaattg cggggaagtc 6000
caattcaata gtatctggtg cagatgactc gcttattagc aggtaggttc tcaacgcaga 6060
cacactagca gcgacggcag gcttgttgta cacagcagag tgttcaccaa aaataataac 6120
cttcccggt gcagaagtta agaacggtaa tgacatcggt gttaaacc cagcgcctgg 6184
cggg

```

<210> 146
<211> 6042
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

5

<220>
<223> Secuencia de nucleótidos de la construcción de reciclado del marcador fase III

<400> 146

10

```

gacggcacgg ccacgcgttt aaaccgccaa aagtgcagct cagagccccc agcaccagta 60
ttagagggtca taatgggctg cgaagcctgc taaaatgcag tggaggccgt gtaccctttg 120
ccaaattggc tattggaatc ggcagagaac ctgggtcccg ttctagagac cctgcgagcg 180
tgtcccgggtg ggttctggga gctctaactc cgcaggaaact acaaaccttg cttacacaga 240
gtgaacctgc tgcctggcgt gctctgactc agtacatttc atagcccac tccaacaaca 300
ataccgactt accatcctat ttgctttgcc ctttttcttt tccactgcac ttgcatcgg 360
aaggcgttat cggttttggg tttagtgcc taaacgagcag cgagaacacg accacgggct 420
atataaatgg aaagttagga cagggggcaaa gaataagagc acagaagaag agaaaagacg 480
aaaagcagaa gcggaanaacg tatacacgtc acatatcaca cacacacgct cacacgcggc 540
cagggggagc ctcaactatta ttccataaga tgatcattag cattacgttc aaaacgagta 600
caaataactt aagtaataac acgagccata tgaccattag caagatgaca agcaagttaa 660
gaccaatcag cttccatcat agcatcagct taacgttcac cattaataag agtagaaatt 720
tcaccttcaa gacaataacg attttcgtgg taataactga tataattaaa ttgaagctct 780
aatttgtgag tttagtatac atgcatttac ttataatata gttttttagt ttgtctggcc 840
gcattcttctc aaatatgctt cccagcctgc tttctgttaa cgttcaccct ctaccttagc 900
atcccttccc tttgcaataa gtccctcttc aacaataata atgtcagatc ctgtagagac 960
cacatcatcc acggttctat actgttgacc caatgcgtct ccttgtcat ctaaacccac 1020
accgggtgtc ataatacaac aatcgtaacc ttcatctctt ccccccattg ctctttgagc 1080
aataaagccg ataacaaaat ctttgtcaat cttcgcaatg tcaacagtac ccttagtata 1140
ttctccagta gctagggagc ccttgcatga caattctgct aacatcaaaa ggcccttagg 1200
ttctcttgtt acttcttccg ccgctgctt caaaccgcta acaatacctg ggccaccac 1260
accgtgtgca ttcgtaatgt ctgcccattc tgcattctgt tatacaccg cagagtactg 1320
caatttgact gtattaccaa tgtcagcaaa tttctgtct tgaagagta aaaaattgta 1380
cttggcggat aatgccttta gcggttaac tgtgcctcc atggaaaaat cagtcaagat 1440
atccacatgt gtttttagta acaaaatttt gggacctaat gcttcaacta actccagtaa 1500
ttccttggtg gtacgaacat ccaatgaagc acacaagttt gtttgctttt cgtgcatgat 1560
attaaatagc ttggcagcaa caggactagg atgagttaga gcacgttcc t tatatgtagc 1620
tttcgacatg atttatcttc gtctctgca ggtttttgtt ctgtgcagtt gggtaagaa 1680
tactgggcaa tttcatgttt cttcaacacc acatatgcgt atatatacca atctaagtct 1740
gtgctccttc cttcgttctt ccttctgctc ggagattacc gaatcaaaaa aatttcaaag 1800
aaaccggaat caaaaaaaag acaaaaaaaa aaaaagatga attgaaaagc tttatggacc 1860
ctgaaaccac tcactattat tccataagat gatcattagc attacgttca aaacgagtac 1920
aaataactta agtaataaca cgagccatat gaccattagc aagatgacaa gcaagttaag 1980
accaatcagc ttccatcata gcatcagctt acggttcacc attaataaga ctgaaaattt 2040
caccttcaag acaataacga ttttcgtgcg ctgcgtccac gccggcgagc ctgacggtag 2100
caacaagaat atagcacgag ccgcgaggtt catttcgtta cttttgatat cactcacaac 2160
tattgcgaag cgcttcagtg aaaaaatcat aaggaaaaat tgtaaatatt attggtagta 2220
ttcgtttggt aaagtagagg gggtaatttt tcccctttat ttgttcata cattcttaa 2280
ttgctttgcc tctccttttg gaaagctata cttcgagca ctgttgagcg aaggtcatt 2340
agatatattt tctgtcattt tccttaacce aaaaataagg gaaagggtcc aaaaagcgct 2400
cggacaaactg ttgaccgtga tccgaaggac tggctatata gtgttcacaa aatagccaag 2460
ctgaaaataa tgtgtagcta tgttcagtta gtttggtag caaagatata aaagcagggtc 2520
ggaaatattt atgggcatta ttatgcagag catcaacatg ataaaaaaa acagttgaat 2580
attcctcaa aaatccccgc gtgcttgccc ggccgtaatt aataatgtca actttgccta 2640
tttcttctgt gtcattttcc tcttctacat caccattagt cgtggagcac aaagtctcaa 2700
ccaagccgca cgttatcaga catacaatga atttcaatgc ttctatttgg ggagatcaat 2760
tcttgacctg tgatgagcct gaagatttag ttatgaagaa acaattagtg gaggaattaa 2820
aagaggaagt taagaaggaa ttgatacata tcaaaaggtt aaatgagccc atgacagctg 2880
tgaatttgat tgaattaatt gatgctgttc aacgtttagg tatagcttac cattttgaag 2940
aagagatcga ggaagctttg caacatatat atgttaccta tggatgaacg tgggtggata 3000
aggaaaattt acagagtatt tcattgtggt tcaggttgtt gcgtcaacag ggcttaacg 3060
tctcctctgg cgttttcaaa gactttatgg acgaaaaagg taaattcaaa gagtctttat 3120
gcaatgatgc acaaggaata ttagccttat atgaagctgc atttatgagg gttgaagatg 3180
aaaccatctt agacaatgct ttggaattca caaaagttca tttagatata atagcaaaag 3240
accatcttgc cgattcttca ttgcgtacac aaatccatca agccttaaaa caacctttaa 3300

```

```

gaaggagatt agcaaggatt gaagcattac attacatgcc aatctaccaa caggaaacat 3360
ctcatgatga agtattgttg aaattagcca agttggattt cagtgttttg cagtctatgc 3420
ataaaaagga attgtcacat atctgtaagt ggtggaaaga tttagattta caaaataagt 3480
taccttatgt acgtgatcgt gttgtcgaag gctacttctg gatattgtcc atatactatg 3540
agccacaaca cgctagaaca agaatgtttt tgatgaaaac atgcatgtgg ttagtagttt 3600
tggacgatac ttttgataat tatggaacat acgaagaatt ggagattttt actcaagccg 3660
tcgagagatg gtctatctca tgcttagata tgttgcccgga atatatgaaa ttaatctacc 3720
aagaattagt caatttgcat gtggaaatgg aagaatcttt ggaaaaggag ggaaagacct 3780
atcagattca ttacgttaag gagatggcta aagaattagt tcgtaattac ttagtagaag 3840
caagatgggt gaaggaaggt tatatgccta ctttagaaga atacatgtct gtttctatgg 3900
ttactgttac ttatggtttg atgattgcaa ggtcctatgt tggcagagga gacattgtta 3960
ctgaagacac attcaaagg gtttctagtt acccacctat tattaaagct tcctgtgtta 4020
tagtaagatt aatggacgat attgtatctc acaaggaaaga acaagaaaga ggacatgtgg 4080
cttcatctat agaattgtac tctaaagaat caggtgcttc tgaagaggaa gcatgtgaat 4140
atattagtag gaaagttgag gatgcctgga aagtaatcaa tagagaatct ttgcgtccaa 4200
cagccgttcc cttccctttg ttaatgccag caataaaactt agctagaatg ttgaggtct 4260
tgtactctgt taatgatgg tttactcatg ctgaggggtga catgaaatct tatatgaagt 4320
ccttctctgt tcatcctatg gtcgtttgag ctagctaaga tccgctctaa ccgaaaagga 4380
aggagttaga caacctgaag tctaggtccc tatttatttt tttatagtta tgttagtatt 4440
aagaacgtta ttttatattt aaatttttct ttttttctg tacagacgcg tgtacgcatg 4500
taacattata ctgaaaacct tgcttgagaa ggttttgagg cgctcgaaga acctgcaggc 4560
cgcgagcgcc gatcttgtgc taagtgggtgc tgtagacag ctacgaataa ggaaattccg 4620
aagcatgtca ggaggtcatg atatgaaaa gcaaaagagt aggcatacaa aagtttctca 4680
ttcaagtggg aactgctgtt aaaattaaga tatttataaa ttgaagcttg gtcgttccga 4740
ccaataccgt agggaaacgt aaattagcta ttgtaaaaaa aggaaaagaa aagaaaagaa 4800
aatgtttaca tatcgaattg atcttattcc tttggtagac cagtctttgc gtcaatcaaa 4860
gattcgtttg tttcttgtgg gcctgaaccg acttgagtta aaatcactct ggcaacatcc 4920
ttttgcaact caagatccaa ttcacgtgca gtaaggttag atgattcaaa ttgatggttg 4980
aaagcctcaa gctgctcagt agtaaatctt ttgtcccatc caggaacaga gccaaacaat 5040
ttatagataa atgcaaagag tttcgactca ttttcagcta agtagtaaa cacagcattt 5100
ggacctgcat caaacgtgta tgcaacgatt gtttctccgt aaaactgatt aatgggtgtg 5160
caccaactga tgatacgctt ggaagtgtca ttcattgtag atattggagg gaaagagtcc 5220
aaacatgtgg catggaaaga gttggaatcc atcattgttt cctttgcaaa ggtggcgaaa 5280
tctttttcaa caatggcttt acgcatgact tcaaactctt ttggtacgac atgttcaatt 5340
ctttctttaa atagttcgga ggttgccacg gtcaattgca taccctgagt ggaactcaca 5400
tcctttttaa tatcgtgac aactaggaca caagctttca tctgaggcca gtcagagctg 5460
tctgcgattt gtactgccat ggaatcatga ccatcttcag cttttcccat ttcccaggcc 5520
acgtatccgc caaacaacga tctacaagct gaaccagacc cctttcttgc tattctagat 5580
atttctgaag ttgactgtgg taattggtat aacttagcaa ttgcagagac caatgcagca 5640
aagccagcag cggaggaagc taaaccagct gctgtaggaa agttattttc ggagacaatg 5700
tggagtttcc attgagataa tgtgggcaat gaggcgtcct tcgattccat ttccctttct 5760
aattggcgta ggtcgcgag acaattttga gttcttctat tgcgatgct gtgtggttct 5820
ccatttaacc acaaagtgtc gcgttcaaac tcaggtgcag tagccgcaga ggtcaacgtt 5880
ctgaggtcat cttgcgataa agtcactgat atggacgaat tgggtggcgag attcaacttc 5940
gtgtcccttt tcccccaata cttaagggtt gcgatgttga cgggtgcggt aacggatgct 6000
gtgtaaacgg tcatcggtgt ttaaacccca gcgcctggcg gg 6042

```

<210> 147

<211> 5213

5 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de nucleótidos de la construcción de alteración de STE5

10

<400> 147

```

gacggcacgg ccacgcggtt aaaccgccac gaagtgactg acagaatact gacatcagct 60
gatttctcat agagctgttt ctctgataac acgttgtttg aacatcgaca agatgaaaat 120
ctagaagtat caagtttcct ttaaagggat atataacaga ttctaaaact gacagaaata 180
tttcgagtga agaagaagcg ttaaatattg gatctttccg cagttctact ctgatacatt 240
tttgaagtag gagagtcatt tagaaggcgt attgctcaat agtagaaagc aggcctgtgc 300
acatgaatta attaaaaaat ataaaggtag tgattagacg acacatgtcc ataggaacc 360
tgtcataatt ttgaacaatt tcccttcttt tctttttttt ttttgggtgc ggcgatatgt 420
agcttgttaa tttacacatc atgtactttt ctgcatcaaa atatgaaagg cgatagtagc 480
taaagaaaat accgagaatt tcctcgaaaa gttgacgaca aaagaaaggc ataaaaaagt 540

```

```

aatttgaaaa tattttaaaa ctgttttaac ccatctagca tccgcgctaa aaaaggaaga 600
tacaggatac agcggaaaca acttttaagc tcacacgcgg ccagggggag ccatgcgtcc 660
atctttacag tcotgtctta ttgttcttga tttgtgcccc gtaaaatact gttacttggg 720
tctggcgagg tattggatag ttctttttta taaaggccat gaagcttttt cttccaatt 780
tttttttttt cgtoattata gaaatcatta cgaccgagat tcccggttaa taactgatat 840
aattaaattg aagctctaatt ttgtgagttt agtatacatg catttactta taatacagtt 900
ttttagtttt gctggcgca tcttctcaaa tatgtctccc agcctgcttt tctgtaacgt 960
tcacocctcta ccttagcatc ccttcccttt gcaaatagtc ctcttccaac aataataatg 1020
tcagatcctg tagagaccac atcatccaag gttctatact gttgacccaa tgcgtctccc 1080
ttgtcatcta aaccacacc ggggtgcata atcaaccaat cgtaaccttc atctctcca 1140
cccctgtctc tttagcaat aaagccgata acaaatctt tgtcgctctt cgcaattgca 1200
acagtacct tagtatattc tccagtagct agggagccct tgcattgaca ttctgtaac 1260
atcaaaaggc ctctaggttc ctttgttact tcttccgccc cctgcttcaa accgctaaca 1320
atacctgggc ccaccacacc gtgtgcattc gtaatgtctg cccattctgc tattctgtat 1380
acacccgcag agtactgcaa tttgactgta ttaccaatgt cagcaaat tctgtcttcg 1440
aagagtaaaa aattgtactt ggcggataat gcctttagcg gcttaactgt gccctccatg 1500
gaaaaatcag tcaagatata cacatgtgtt tttagtaaac aaattttggg acctaatgct 1560
tcaactaact ccagtaattc cttgggtggt cgaacatcca atgaagcaca caagtttgtt 1620
tgcttttcgt gcatgatatt aaatagcttg gcagcaacag gactaggatg agtagcagca 1680
cgttccctat atgtagcttt cgacatgatt tatcttctgt tctgcaggt tttgttctg 1740
tgcaagtggg ttaagaatac tgggcaattt catgtttctt caacaccaca tatgctgata 1800
tataccaatc taagtctgtg ctcttccct cgttcttctt tctgctcgga gattaccgaa 1860
tcaaaaaaat ttcaaaagaa ccggaatcaa aaaaaagaa aaaaaaaa aagatgaatt 1920
gaaaagcttt atggaccctg aaaccacagc cacattaacc ttctttgatg gtcaaaactt 1980
atccttcacc ataatatgc ctgcacaaaa aggtaatata catatataga attacattat 2040
ttatgaaata tcatcactat ctcttagcat ctttaatcct tttctacatc agataacttc 2100
ggtttggtat catcgtctgt attgtcatca attggcgag tagcctcaat ttcaacgtcg 2160
tttgactctg gtgtttgttc atgtgcagat ccattgagatg atgaaccgct cgtccaacgc 2220
cggcggaact cttttaattc tgcgtgaacc cgtacatgcc caaataggg ggggggttac 2280
acagatcata taacatcgta ggtgtctggg tgaacagttt attcctggc tccactaat 2340
ataatggagc cgcgttttta agctggcatc cagaaaaaaa aagaatccca gcacaaaaat 2400
attgttttct tcaccaacca tcagttcata ggtccattct cttagcgcaa ctacagagaa 2460
caggggcaca aacaggcaaa aaacgggcac aacctcaatg gagtgatgca acctgectgg 2520
agtaaatgat gacacaaggc aattgaccca cgcattgata tatctcattt tcttacacct 2580
totattacct tctgctctct ctgatttggg aaaagctgaa aaaaaagggt gaaaccagtt 2640
oootgaattt attccctac ttgactaata agtatataa gacggtaggt attgattgta 2700
attctgtaaa tctatttctt aaactcttta aattctactt ttatagttag tctttttttt 2760
agttttaaaa caccaagaac ttagtttoga ataaacacac ataaacaaac aaattaataa 2820
tgggtgcaga ccaattgggtg aagactgaag tcaccaagaa gtcttttact gctcctgtac 2880
aaaaggcttc tacaccagtt ttaaccaata aaacagtcatt ttctggatcg aaagtcaaaa 2940
gtttatcatc tgcgcaatcg agctcatcag gaccttcac atctagttag gaagatgatt 3000
ccgcgatata tgaaagcttg gataagaaaa tacgtccttt agaagaatta gaagcattat 3060
taagtgtgg aaatacaaaa caattgaaga acaaaagggt cgtgccttg gttattcacg 3120
gtaagttacc tttgtacgct ttggagaaaa aattaggtga tactacgaga gcggttgagg 3180
tacgtaggaa ggctctttca attttggcag aagctcctgt attagcatct gatcgtttac 3240
catataaaaa ttatgactac gaccgcgtat ttggcgcttg ttgtgaaaat gttataggtt 3300
acatgccttt gccggttggg gttataggcc ccttggttat cgatgggtaca tcttatcata 3360
taccaatggc aactacagag ggttgtttgg tagcttctgc catgcgtggc tgtaaggcaa 3420
tcaatgctgg cgggtggtgca acaactgttt taactaagga tgggtatgaca agagggcccag 3480
tagtccgttt cccaactttg aaaagatctg gtgcctgtaa gatatggtta gactcagaag 3540
agggacaaaa cgcaattaaa aaagctttta actctacatc aagatttgca cgtctgcaac 3600
atattcaaac ttgtctagca ggagatttac tcttcattag atttagaaca actactgggtg 3660
acgcaatggg tatgaatatg atttctaagg gtgtcgaata ctcattnaag caaatggtag 3720
aagagtatgg ctgggaagat atggaggttg tctccgtttc tggtaactac tgtaccgaca 3780
aaaaaccage tgcattcaac tggatcgaag gtcgtggtta gagtgtcgta gcagaagcta 3840
ctattcctgg tgatgttgte agaaaagtgt taaaaagtga tgtttccgca ttggttgagt 3900
tgaacattgc taagaatttg gttggatctg caatggctgg gtctgttggt ggatttaacg 3960
cacatgcagc taatttagtg acagctgttt tcttggcatt aggacaagat cctgcacaaa 4020
atgtcgaaag ttccaactgt ataacattga tgaaagaaat ggacgggtgat ttgagaattt 4080
cogtatccat gccatccatc gaagtaggta ccatcggtgg tggtagctgt ctagaaccac 4140
aagggtgccat gttggactta ttaggtgtaa gagggccaca tgctaccgct cctggtaacca 4200
acgcactcca attagcaaga ttagtgcct tagccgtctt ggcagggtgaa ttatccttat 4260
gtgtgcctc agcagccggc catttggttc aaagtcatat gaccacaaac aggaaacctg 4320
ctgaaccaac aaaacctaac aatttggagc ccactgatat aaatcgtttg aaagatgggt 4380
ccgtcacctg cattaaatcc taaacttagt catacgtcat tggtattctc ttgaaaaaga 4440

```

```

agcacaacag caccatgtgt tacgtaaaat atttacttta tagtttgtac gtcataattt 4500
cttccatatt acaagttcgt gcatatatag aaagaattct gttgttgtaa ttgtcataac 4560
taacctgcag gccgcgagcg ccgatatgat acactaaatt ttatgcaata ataaaaagaa 4620
agcatcccgc caaacgtttc gtaactacat attgttacat agtttgattc cgtgaatttg 4680
aagtggacgc agttcttctt agtctttcaa gttcatagta aatagacatt acccaaagat 4740
ctctttcctg tcttgatctt gccatgaaaa ccattgactt gccgctcaca cctaactttt 4800
tagtgaaatg gatcttatct gtgttacttg gaacattaga gttattcaag tcagcttcog 4860
gagcagaagg tgggtcaata ttattatctt gtctaccata atcttgcgta tattgctttt 4920
cattcccttt ctctgtgaag cgattgctag aaagggcacg ccttggtcca aaccaaagcg 4980
taaagcatcg cgaactctcg tctctacag atcgccatcc gtccccataa actcgtggga 5040
gagcgtggga tccatagttt atttcgtcaa aagtacgac tctctgcaga aggtctagtt 5100
ctgttggtgt cccagagtat aggtagcaat cgtcaatcgg aatggttaca taatgagcat 5160
actccaaaac ttccttagca aaacccggtg tttaaacccc agcgccctggc ggg 5213

```

<210> 148

<211> 5417

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de nucleótidos de la construcción de alteración de IME1

<400> 148

```

gacggcagcg ccacgcgttt aaaccgccat ccaattcctc tattatatgc atacattttt 60
ttgtttgatt atctatgctg ttataaatat cgtatatagt taatgaataa ccctacaaca 120
cgaaggcgag taatatattc tgattctcag ttgaaatttc aaatttttca agctggctct 180
actcggcagg taggaacttc ccagtgggtc tgagttttct ctccggaagg tatttatcat 240
tatgcacgac aagtgcgatt caatcgaaag attataaatt tcgcgatgaa caacatctga 300
taaaaaaaaa attaaaaaac aataatctaa atgatatgta tgggttaaaa aggatgtatg 360
gatggagggt tggcataaaa atgaaaggca gaagatgggc ggctaaaaag gtatagagat 420
cgtacgctac cgtcacaaaa atcactcata gaatgcacta toatccttac aataccatac 480
cagccgcaag aaaaaaagaa aaaaaaatca attcatatca tatattatct atatcatgct 540
gttctttcog ccacgctcac acgcgccagc ggggagcccg ttgagccatt agtatcaatt 600
tgcttacctg tattccttta ctatcctcct tttctcctt cttgataaat gtatgtagat 660
tgcgatatata gtttcgtcta ccctatgaac atattccatt ttgtaatttc gtgtcgtttc 720
tattatgaat ttcatttata aagtttatgt acaaatatca taaaaaaga gaactttttt 780
aagcaaggat tttcttaact tcttcggcga cagcatcacc gacttcggtg gtactgttgg 840
aaccacctaa atcaccagtt ctgatacctg catccaaac ctttttaact gcatcttcaa 900
tggccttacc ttcttcaggc aagttcaatg acaatttcaa catcattgca gcagacaaga 960
tagtggcgat agggtaacc ttattctttg gcaaatctgg agcagaaccg tggcatgggt 1020
cgtacaaaac aaatgcggtg ttcttgtctg gcaaagaggc caaggacgca gatggcaaca 1080
aaccacaagg acctgggata acggaggctt catcgagat gatataacca aacatgttgc 1140
tggtgattat aataccattt aggtgggttg gttcttaac taggatcatg gcggcagaat 1200
caatcaattg atgttgaacc ttcaatgtag ggaattcgtt cttgatggtt tcctccacag 1260
ttttctcca taatcttgaa gaggccaaaa gattagcttt atocaaggac caaataggca 1320
atggtggctc atgttgtagg gccatgaaag cggccattct tgtgattctt tgcactctct 1380
gaacggtgta ttgttacta tcccaagcga caccatcacc atogtcttcc tttctcttac 1440
caaagtaaat acctccact aattctctga caacaacgaa gtcagtacct ttagcaaat 1500
gtggcttgat tggagataag tctaaaagag agtcggatgc aaagttacat ggtcttaagt 1560
tggcgtacaa ttgaagttct ttacggattt ttagtaaac ttgttcaggt ctaacactac 1620
cggtacccca tttaggacca gccacagcac ctaacaaaac ggcatcaacc ttcttgagg 1680
cttccagcgc ctcatctgga agtgggacac ctgtagcatc gatagcagca ccaccaatta 1740
aatgattttc gaaatcgaac ttgacatttg aacgaacatc agaaatagct ttaagaacct 1800
taatggcttc ggctgtgatt tcttgacca cgtggtcacc tggcaaacg acgatcttct 1860
taggggcaga cataggggca gacattagaa tggatatatc ttgaaatata tatatatatt 1920
gctgaaatgt aaaaggttaag aaaagttaga aagtaagacg attgctaacc acctattgga 1980
aaaaacaata ggtcctttaa taatattgtc aacttcaagt attgtgatgc aagcatttag 2040
tcatgaacgc ttctctattc tatatgaaaa gccggttcog gcctctcacc tttcttttt 2100
ctcccaattt ttcagttgaa aaaggtatat gcgtcaggcg acctctgaaa ttaacaaaaa 2160
atttccagtc atcgaatttg attctgtgcg atagcgcccc tgtgtgttct cgttatgttg 2220
aggaaaaaaa taatggttgc taagagattc gaactcttgc atcttacgat acctgagtat 2280
tcccacagtt aactgcggtc aagatatatt ttgaatcagg cgctcgctc gtccaacgcc 2340
ggcggacctc ttttaattct gctgtaacc gtacatgccc aaaataggg gcgggttaca 2400
cagaatatat aacatcgtag gtgtctgggt gaacagttta ttctggcat ccaataata 2460
taatggagcc cgctttttta gctggcatcc agaaaaaaa agaatccag caccaaaata 2520

```

```

ttgttttctt caccaaccat cagttcatag gtccattctc ttagcgcaac tacagagaac 2580
aggggcacaa acaggcaaaa aacgggcaca acctcaatgg agtgatgcaa cctgcctgga 2640
gtaaatgatg acacaaggca attgacccac gcatgtatct atctcatttt cttacacctt 2700
ctattacctt ctgctctctc tgatttgga aaagctgaaa aaaaagggtg aaaccagttc 2760
cctgaaatta tccccctact tgactaataa gtatataaag acggtaggta ttgattgtaa 2820
ttctgtaa atctttctta aacttcttaa attctacttt tatagttagt ctttttttta 2880
gttttaaaac accaagaact tagtttcgaa taaacacaca taaacaaaca aattaataat 2940
gtcaactttg cctatttctt ctgtgtcatt ttccctcttct acatcaccat tagtcgtgga 3000
cgacaaagtc tcaaccaagc ccgacgttat cagacatata atgaatttca atgcttctat 3060
ttggggagat caattcttga cctatgatga gcctgaagat ttagttatga agaaacaatt 3120
agtggaggaa ttaaaaggag aagttaagaa ggaattgata actatcaaag gttcaaata 3180
gcccatgcag catgtgaaat tgattgaatt aattgatgct gttcaacgtt taggtatagc 3240
ttaccatttt gaagaagaga tgcaggagac tttgcaacat atacatgta cctatggtga 3300
acagtgggtg gataaggaaa atttacagag tatttcattg tgggttcagg tgttgcgtca 3360
acagggtctt aacgtctcct ctggcgtttt caaagacttt atggacgaaa aaggtaaatt 3420
caaagagtc ttatgcaatg atgcacaagg aatattagcc ttatagaag ctgcatttta 3480
gagggttgaa gatgaaacca tcttagacaa tgccttgga ttcacaaaag ttcattttaga 3540
tatcatagca aaagacccat cttgcgattc ttcattgcgt acacaaatcc atcaagcctt 3600
aaaacaacct ttaagaagga gattagcaag gattgaagca ttacattaca tgccaatcta 3660
ccaacaggaa acatctcatg atgaagtatt gttgaaatta gccaaagttg atttcagtg 3720
tttgagctct atgcataaaa aggaattgtc acatatctgt aagtggtgga aagattttaga 3780
tttcaaaaaa aagttacctt atgtacgtga tgcgtgtgtc gaaggctact tctggatatt 3840
gtccatatac tatgagccac aacacgctag aacaagaatg tttttgatga aaacatgcat 3900
gtggttagta gttttggacg atacttttga taattatgga acatacgaag aattggagat 3960
ttttactcaa gccgtcgaga gatggtctat ctcatgctta gatatgttgc ccgaatatat 4020
gaaattaatc taccaagaat tagtcaattt gcatgtggaa atggaagaat ctttggaaaa 4080
ggagggaaaag acctatcaga ttcattacgt taaggagatg gctaaagaat tagttcgtaa 4140
ttacttagta gaagcaagat ggttgaagga aggttatatg cctactttag aagaatacat 4200
gtctgtttct atggttactg gtacttatgg tttgatgatt gcaaggctcct atgttggcag 4260
aggagacatt gttactgaag acacattcaa atgggtttct agttaccac ctattttaa 4320
agcttctctg gtaatagtaa gattaatgga cgatattgta tctcacaagg aagaacaaga 4380
aagaggacat gtggcttcat ctatagaatg ttactctaaa gaatcagggtg cttctgaaga 4440
ggaagcatgt gaatatatta gtaggaaagt tgaggatgcc tggaaagtaa tcaatagaga 4500
atctttgcgt ccaacagccg ttcccttccc tttgttaatg ccagcaataa acttagctag 4560
aatgtgtgag gtcttgtact ctgttaatga tgggtttact catgctgagg gtgacatgaa 4620
atcttatatg aagtccttct tcgttcaccc tagacaaact gaagctagg tccctattta tttttttata 4740
ctaaccgaaa aggaaggagt tagacaaact gttattttata tttcaaattt ttcttttttt tctgtacaga 4800
gttattgtag catgtaacat tatactgaaa accttgcttg agaaggtttt gggacgctcg 4860
cgcggtgtag agggccgag cgccgatctc gaaaagtaact acaatcttcc ccttccctc 4920
aaaatatatc cattcacact catttcttta ttccattgt ctactcaaa ttgctaagaa 4980
tttggtgatt tgcataatata tatattatat ataggtatat atatgtattc aatgtctcaa 5040
gtccatgac ataataccgt agcgttatta gccttatcgt atgtcgcgat gggaaaggag 5100
attcgtttta atcttgaaaa accttcgtag cgaataatgc gacataaatc ttgagagagt 5160
acatcaccaa attcactttg ttaaacogca ccatcgtgct ttgcattctt attccttttg 5220
cctacactaa aattattagc atttctctaa atgagctcca gtgaagacga agacgacaag 5280
ttcttgtatg gttccgactc cgaattagca ctaccttcat ctaaaccgat aagagatgat 5340
gaagcagacg caggtgcgtc cagtaatcct gatatagtta aaaggcaaac ggtgttttaa 5400
ccccagcgcc tggcgggg

```

<210> 149
 <211> 9492
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> Secuencia de nucleótidos del plásmido pAM1124
 <400> 149

ES 2 464 740 T3

```

tcgcgcggttt cggatgatgac ggtgaaaacc tctgacacat gcagctcccg gagacgggtca 60
cagcttgtct gtaagcggat gccgggagca gacaagcccg tcagggcgcg tcagcgggtg 120
ttggcgggtg tcggggctgg cttactatg cggcatcaga gcagattgta ctgagagtgc 180
aaatacacat catcgtccta caagttcatc aaagtgttg acagacaact ataccagcat 240
ggatctcttg tatcggttct tttctccgc tctctcgcaa taacaatgaa cactgggtca 300
atcatagcct acacaggtga acagagtagc gtttatacag ggtttatacg gtgattccta 360

```

cgccaaaaat	ttttcatttc	taaaaaaaa	aagaaaaatt	tttctttcca	acgctagaag	420
gaaaagaaaa	atctaattaa	attgatattg	tgattttctg	agagttccct	ttttcatata	480
tcgaattttg	aatataaaa	gagatcgaaa	aaatttttct	attcaatctg	ttttctgggt	540
ttatttgata	gtttttttgt	gtattattat	tatggattag	tactggttta	tatgggtttt	600
tctgtataac	ttctttttat	tttagtttgt	ttaatcttat	tttgagttac	attatagttc	660
cctaactgca	agagaagtaa	cattaaaaat	gaccactctt	gacgacacgg	cttaccggta	720
ccgcaccagt	gtcccggggg	acgccgaggg	catcgaggca	ctggatgggt	ccttcaccac	780
cgacaccgtc	ttccgcgtca	ccgccaccgg	ggacggcttc	accctgcggg	aggtgcoggt	840
ggacccgccc	ctgaccaagg	tgttccccga	cgacgaatcg	gacgacgaat	cggacgccgg	900
ggaggacggc	gacccggact	cccggaaggt	cgtcgcgtac	ggggacgacg	gcgacctggc	960
gggcttcgtg	gtcgtctcgt	actccggctg	gaaccgcggg	ctgaccgtcg	aggacatoga	1020
ggtcgccccg	gagcaccggg	ggcacggggg	cgggcgcgcg	ttgatggggc	tcgacgacga	1080
gttcgccccg	gagcggggcg	ccgggcaact	ctggctggag	gtcaaccaacg	tcaacgcacc	1140
ggcgatccac	gcgtaccggc	ggatgggggt	cacctctctg	ggcctggaca	ccgccctgta	1200
cgacggcacc	gcctcggacg	gcgagcagcg	gctctacatg	agcatgccct	gcccctgagt	1260
ttaaactgat	actactagat	ttttctcttt	catttataaa	atttttggtt	ataattgaag	1320
ctttagaagt	atgaaaaaat	cctttttttt	cattcttttc	aacaaaaata	agaagcttct	1380
tttattcatt	gaaatgatga	atataaacct	aacaaaagaa	aaagactcga	atatcaaaaca	1440
ttaaaaaaa	ataaaagagg	ttatctggtt	tcccatttag	ttggagtttg	cattttctaa	1500
tagatagaac	tctcaattaa	tgtggattta	gtttctctgt	tcgttttttt	ttgttttggt	1560
ctcactgtat	ttacatttct	atttagtatt	tagttattca	tataatctta	acttgccgtg	1620
tgaaataccg	cacagatcgc	taaggagaaa	ataccgcata	aggaatttgt	aagcgttaat	1680
attttgtaa	aattcgcgtt	aaatttttgt	taaatcagct	cattttttta	ccaataggcc	1740
gaaatcggca	aaatccctta	taaatcaaaa	gaatagaccg	agatagggtt	gagtgttggt	1800
ccagtttgga	acaagagtcc	actattaaag	aacgtggact	ccaacgtcaa	agggcgaaaa	1860
accgtctatc	agggcgatgg	cccactacgt	gaaccatcac	cctaatacaag	ttttttgggg	1920
tcgaggtgcc	gtaaagcact	aaatcggaac	cctaaggga	gccccgatt	tagagcttga	1980
cgggggaagc	cgcggaacgt	ggcgagaaag	gaagggaaga	aagcgaaagg	agcgggcgct	2040
agggcgctgg	caagtgtagc	ggtcacgctg	cgcgttaacca	ccacaccgcg	cgcgcttaat	2100
gcgcgcgtac	agggcgcgct	gcgccattcg	ccattcaggc	tcgcgaactg	ttgggaaggg	2160
cgatcggtgc	gggcctcttc	gctattacgc	cagctggcga	aagggggatg	tgctgcaagg	2220
cgattaagtt	gggtaacgcc	agggttttcc	cagtcacgac	gttgtaaaac	gacggccagt	2280
gagcgcgcgt	aatacgaact	actatagggc	gaattgggta	ccgggcccc	cctcgagaga	2340
tgtatgaag	aaagtgcgtg	gaataacgaa	cattcatagc	tgctctggag	gctttacaaa	2400
aggttaactt	tgttaggtgc	gttttatctc	gaaaagcaat	tactctctat	gttagtcata	2460
caaactgact	tctgtgagag	aattattttc	atatcaacgt	aagatcacat	ggttccttta	2520
tcaagtacta	ctatcattcc	atttatgac	ctatttaact	cttgaatctt	agagctcata	2580
attcaagcaa	gttgcggagc	taagaatttc	acatgttgtt	gaacttaaca	atcttcatta	2640
tacccaatcg	ctgcgtgctg	gaattatggt	aaaagttaca	tccttttttt	cattttttcc	2700
tacgctcagg	gcactgtact	gcccgtgcct	gcgatgagat	acatcaattt	aaaaaaaaaa	2760
ccagcatgct	ataatgctgg	agcaaaaatt	tcaatcagaa	atagaaaaga	cctcaacagt	2820
aattaaccca	aaggggtatc	aaataatcga	tgtgcttttt	cactctacga	atgatctgtg	2880
agaaactgat	ttgggcccga	tcgcgtaaaa	agtttgattc	gtggcggcta	atgtctgagg	2940
ggctccaaaca	ggctcgtaga	gcctcgtttc	ttgagggcac	aaaatgtcca	ggtaatatct	3000
ccaagaaaga	accgcagagt	gctttgataa	atcggttaca	ggtcttaacg	taggttttgt	3060
ctcgctaatt	gctattgagt	aagttcgatc	cgtttggcgt	cttttggggg	gtaacgcaca	3120
actttactact	tttctatttt	gaggttggtg	ttgatttggt	tcaaagaatg	aaaattataca	3180
caaacgccac	aatatacgta	ccaggttcac	gaaaactgat	cgtatggttc	ataccctgac	3240
ttggcaaac	taatgtgacc	gtcgtgatt	agcggatcac	gaaaagtgat	ctcgatacaa	3300
ttagaggatc	cacgaaaatg	atgtgaatga	atacatgaaa	gattcatgag	atctgacaa	3360
atggtagacg	tgtgtgtctc	atggaaattg	atgcagttga	agacatgtgc	gtcacgaaaa	3420
aagaaatcaa	tctacacag	ggcttaaggg	caaattgtat	catgtgtgtc	acgaaaagtg	3480
atgtaactaa	atacagatt	accatggaaa	ttaacgtacc	ttttttgtgc	gtgtattgaa	3540
atattatgac	atattacaga	aagggttcgc	aagtcctgtt	tctatgcctt	tctcttagta	3600
attcaacgaaa	taaacctatg	gtttacgaaa	tgatccacga	aaatcatggt	attattttaca	3660
tcaacatata	gcgaaaattc	atgtcatgtc	cacattaaca	tcattgcaga	gcaacaattc	3720
attttcatag	agaaatttgc	tactatcacc	cactagtact	accattggta	cctactactt	3780
tgaattgtac	taccgctggg	cgttattagg	tgtgaaacca	cgaaaagttc	accataaact	3840
cgaataaagt	cgcggaaaaa	agtaaacagc	tattgtact	caaatgaggt	ttgcagaagc	3900
ttgttgaaag	atgatgaagc	gttctaaacg	cactattcat	cattaaatat	ttaaagctca	3960
taaaattgta	ttcaattcct	attctaaatg	gcttttattt	ctattacaac	tattagctct	4020
aaatccatat	cctcataagc	agcaatcaat	tctatctata	ctttaaaatg	ctttctgaaa	4080
acacgactat	tctgatggct	aaagggtgaa	ttaaagacat	cgcaaacgtc	acggctaact	4140
cttacgttat	gtgcgcagat	ggctccgctg	ccgcgcctat	aaatgtcaca	cagggctatc	4200
agaaaatcta	taatatacag	caaaaaacca	aacacagagc	ttttgaaggt	gaacctggta	4260

```

gggttagatcc caggcgtaga acagttttatc agcgtcttgc attacaatgt actgcaggtc 4320
ataaattgtc agtcagggtc cctaccaaac cactgttggg aaaaagtggg agaaatgcc 4380
ccaaatataa agtgagatgg agaaatctgc agcaatgtca gacgcttgat ggtaggataa 4440
taataattcc aaaaaaccat cataagacat tcccaatgac agttgaaggt gagtttgccg 4500
caaacgcctt catagaagaa atggagcgtc cttaaaggaga atatttcaac tttgacattg 4560
aagttagaga tttggattat cttgatgctc aattgagaat ttctagctgc ataagatttg 4620
gtccagtact cgcaggaaat ggtgttttat cttaatttct cactggacgt agtgaccttg 4680
taactcctgc tgtaaaaagt atggcttggg tgcttggctc gtgggttaggt gacagtacaa 4740
caaaagagcc agaaatctca gtagatagct tggatcctaa gctaattggag agtttaagag 4800
aaaatgcgaa aatctggggg ctctacctta cggtttgtga cgatcacgtt ccgctacgtg 4860
ccaaacatgt aaggcttcat tatggagatg gtccagatga aaacagggaag acaagggaatt 4920
tgaggaaaaa taatccattc tggaaagctg tcacaatttt aaagtttaaa agggatcttg 4980
atggagagaa gcaaatccct gaatttatgt acggcgagca tatagaagt cgtgaagcat 5040
tcttagccgg cttgatcgac tcagatgggt acgttgtgaa aaagggcgaa ggccctgaat 5100
cttataaaat agcaattcaa actgtttatt catccattat ggacgggaatt gtccatattt 5160
caagatctct tggtagtca gctactgtga cgaccaggtc agctagggag gaaatcattg 5220
aaggaaagaa agtccaatgt caattttacat acgactgtaa tgttgcctggg ggaacaacct 5280
cacagaatgt tttgtcatat tgtcgaagtg gtcacaaaac aagagaagt ccgccaat 5340
taaaaaaggg accgtatat ttcagcttca cggtagatt ccagggtgag agtcatgtat 5400
atgggcttac gatagaaggc cataaaaaat tcttgcctgg caaaaaata gaagtgaat 5460
catgtcaggg ctgctgtgtg ggagaacagc ttaaaatate acaaaaaaag aatctaaaac 5520
actgtgttgc ttgtcccaga aagggaatca agtattttta taaagattgg agtggtaaaa 5580
atcgagtatg tgctagatgc tatggaagat acaaattcag cggtcacac tgatataaatt 5640
gcaagtatgt accagaagca cgtgaagtga aaaaggcaaa agacaaaggc gaaaaattgg 5700
gcattacgcc cgaaggttg ccagttaaa gaccagagtg tataaaatgt ggcggaatct 5760
tacagttaga tgcgtccgc gggcctcata agagttgtgg taacaacgca ggtgcgcgca 5820
tctgctaaaa tgtgtatatt agtttaaaaa gttgtatgta ataaaagtaa aatttaatat 5880
tttggatgaa aaaaaccatt tttagacttt ttcttaacta gaatgctgga gtagaaat 5940
gocattctca gatacaaaaa gcgttaccgg cactgatttg tttcaaccag tatatagatt 6000
attattgggt cttgatcaac tttcctcaga catatcagta acagttatca agctaaatat 6060
ttacgcgaaa gaaaaacaaa tattttaatt gtgatacttg tgaattttat tttatttaagg 6120
atacaaggtt aagagaaaac aaaatttata tacaatataa gtaattttca tatatattg 6180
atgaatgcag tcttaacgag aagacatggc cttggtgaca actctcttca aaccaacttc 6240
agcctttctc aattcatcag cagatgggtc ttcgatttgc aaagcagcca aagcatcgga 6300
caaagcagct tcaatcttgg acttggaaac tctcttcaat ttagaagaca agactgggtc 6360
agtgcaggt tgttcgatgg aggcacgta ggattccaat ctttgcctag cttcgtgctt 6420
cttggcaaaa gcttcatcgg cagccttga ctcttcagct tggttaacca tcttttcaat 6480
ttcttcagaa gacaatctac caacagcgtt agagatagtg atgttagaag acttaccggt 6540
agacttttcg acggcagtaa ccttcaagat accgttagca tcaacttcca agatagcttc 6600
caagactggt tcaccagctg gcatcattgg gatgttcttc aagtccaatt cctgcagccc 6660
gggggatcca ctagttctag agcggccgct accgcggtgg agctccagct tttgttccct 6720
ttagtgcagg ttaattgcgc gcttggcgtc atcatgttca tagctgtttc ctgtgtgaaa 6780
ttgttatccg ctcaaatc cacaacaat aggagccgga agcataaagt gtaaaagcctg 6840
gggtgcctaa tgagtgggt aactcacatt aattgcgttg cgctcactgc ccgctttcca 6900
gtcgggaaac ctgtcgtgcc agctgcatta atgaatcggc caacgcgcgg ggagagggcg 6960
tttgctgatt gggcgtcttc ccgcttctc gctcactgac tcgctgcgtc cggctgcttcg 7020
gctgcggoga ggggtatcag ctcaactcaa ggcggttaata cggttatcca cagaatcagg 7080
ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa 7140
ggccgcgttg ctggcgtttt tccataggtc ccgccccct gacgagcatc acaaaaatcg 7200
acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac aggaactataa agataaccag cgtttccccc 7260
tggaagctcc ctctgcgct ctctgttcc gaccctgcc ttaaccggat acctgtccgc 7320
ctttctccct tcgggaagcg tggcgcttc tcatagctca cgtgttaggt atctcagtt 7380
ggttaggtc gttcgtcca agctgggctg tgtgcacgaa ccccccgtt agcccgaccg 7440
ctgcgcctta tccgtaact atcgtcttga gtccaaccg gtaagacacg acttatcgcc 7500
actggcagca gccactggtg acaggattag cagagcgagg tatgtaggcg gtgctacaga 7560
gttcttgaag tggggccta actacggcta cactagaagg acagtatttg gtatctgcgc 7620
tctgctgaag ccagttacct tcggaaaaag agttggtagc tcttgatccg gcaaacaaac 7680
cacgcgtggt agcgggtggt tttttgtttg caagcagcag attacgcgc gaaaaaagg 7740
atctcaagaa gatccttga tcttttctac ggggtctgac gctcagtgga acgaaaactc 7800
acgttaaggg attttggta tgagattatc aaaaaggatc ttcacctaga tctttttaa 7860
ttaaaaatga agttttaaat caatctaaag tatatatgag taaacttgg ctgacagtta 7920
ccaatgctta atcagtggg cacctatctc agcgatctgt ctatttccgt catccatagt 7980
tgctgactc ccgctcgtgt agataactac gatccgggag ggcttaccat ctggccccag 8040
tgctgcaatg ataccgcgag accgcgtcca gatttatcag caataaacca 8100
gccagccgga agggccgagc gcagaagtgg tctgcactc ttatccgct ccatccagtc 8160

```

tattaattgt	tgccgggaag	ctagagtaag	tagttcgcca	gttaatatgt	tgcgcaacgt	8220
tgttgccatt	gctacaggca	togtgggtgc	acgtctcgctg	tttgggtatgg	cttcattcag	8280
ctccgggtcc	caacgatcaa	ggcgagttac	atgatccccc	atgttggtgca	aaaaagcggg	8340
tagctccttc	ggtcctccga	togtgggtgc	aagtaagttg	gccgcagtg	tactactcat	8400
ggttatggca	gcactgcata	attctcttac	tgtcatgccca	tccgtaagat	gcttttctgt	8460
gactgggtgag	tactcaacca	agtcattctg	agaatagtg	atgcggcgac	cgagttgctc	8520
ttgcccgggc	tcaatacggg	ataataccgc	gccacatagc	agaacttta	aagtgtcat	8580
cattggaaaa	cgttcttcgg	ggcgaaaact	ctcaaggatc	ttaccgctgt	tgagatccag	8640
ttcgatgtaa	cccactcgtg	cacccaactg	atcttcagca	tcttttactt	tcaccagcgt	8700
ttctgggtga	gaaaaaacag	gaaggcaaaa	tgccgcaaaa	aagggaataa	ggcgacacag	8760
gaaatgttga	atactcatac	tcttcttttt	tcaatattat	tgaagcattt	atcagggtta	8820
ttgtctcatg	agcgatata	tatttgaatg	tatttagaaa	aataaaciaa	taggggttcc	8880
gcgcacattt	ccccgaaaag	tgccacctgg	gtccttttca	tcacgtgcta	taaaaataat	8940
tataatttaa	attttttaat	ataaatatat	aaattaaana	tagaaagtaa	aaaaagaaat	9000
taaagaaaa	atagtttttg	ttttccgaag	atgtaaaaga	ctctaggggg	atcgccaaca	9060
aatactacct	tttatcttgc	tcttctgtg	ctcaggtatt	aatgccgaat	tgtttcatct	9120
tgtctgtgta	gaagaccaca	cacgaaaatc	ctgtgatttt	acattttact	tactgttaat	9180
cgaatgtata	tctatttaat	ctgcttttct	tgtctaataa	atatatatgt	aaagtacgct	9240
ttttgttgaa	attttttaaa	cctttgttta	tttttttttc	ttcattccgt	aactcttcta	9300
ccttctttat	ttactttcta	aaatccaaat	acaaaacata	aaaataaata	aacacagagt	9360
aaattcccaa	attattccat	cattaaaaga	tacgagggcg	gtgtaagtta	caggcaagcg	9420
atccgtccta	agaaaccatt	attatcatga	cattaaccta	taaaaatagg	cgtatcacga	9480
ggccctttcg	tc					9492

<210> 150

<211> 8845

5 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de nucleótidos del plásmido pAM1758

10

<400> 150

tgcgcggttt	cggtgatgac	ggtagaaaac	tctgacacat	gcagctcccg	gagacgggtca	60
cagcttgtct	gtaagcggat	gccgggagca	gacaagcccg	tcagggcgcg	tcagcgggtg	120
ttggcggttg	tcggggctgg	cttaactatg	cggcatcaga	gcagattgta	ctgagagtgc	180
aaatacacat	catcgtccta	caagttcatc	aaagtgttgg	acagacaact	ataccagcat	240
ggatctcttg	tatcggttct	tttctccgcg	tctctcgcaa	taacaatgaa	cactgggtca	300
atcatagcct	acacaggtga	acagagtagc	gtttatacag	ggtttatacg	gtgattccta	360
cggcaaaaaat	ttttcatttc	taaaaaaaaa	aagaaaaatt	tttctttcca	acgctagaag	420
gaaaagaaaa	atctaattaa	attgatttgg	tgattttctg	agagttccct	ttttcatata	480
tcgaattttg	aatataaaaag	gagatcgaaa	aaatttttct	attcaatctg	ttttctggtt	540
ttattttgata	gtttttttgt	gtattattat	tatggattag	tactgggtta	tatgggtttt	600
tctgtataac	ttctttttat	tttagtttgt	ttaatcttat	tttgagttac	attatagttc	660
octaactgca	agagaagtaa	cattaaaaat	gggtaaggaa	aagactcacg	tttcgaggcc	720
gcgattaaat	tccaacatgg	atgctgattt	atatgggtat	aaatgggctc	gcgataatgt	780
cgggcaatca	ggtgcgacaa	tctatcgatt	gtatgggaag	cccgatgcgc	cagagttggt	840
tctgaaacat	ggcaaaggta	gcgttgccaa	tgatgttaca	gatgagatgg	tcagactaaa	900
ctggctgacg	gaatttatgc	ctctccgac	catcaagcat	tttatccgta	ctcctgatga	960
tgcattggtta	ctcaccactg	cgatccccgg	caaaaacagca	ttccaggtat	tagaagaata	1020
tccgtattca	ggtgaaaata	ttgttgatgc	gctggcagtg	ttcctgcgcc	ggttgcatte	1080
gattcctggt	tgtaatgtgc	cttttaacag	cgatcgcgta	tttcgtctcg	ctcaggcgca	1140
atcacgaatg	aataacgggt	tggttgatgc	gagtgatttt	gatgacgagc	gtaatggctg	1200
gcctgttgaa	caagtctgga	aagaaatgca	taagcttttg	ccattctcac	cggattcagt	1260
cgtcactcat	ggtgatttct	cacttgataa	ccttattttt	gacgagggga	aattaatagg	1320
ttgtattgat	gttgagcag	tcggaatcgc	agacgatata	caggatcttg	ccatcctatg	1380
gaactgcctc	ggtgagtttt	ctccttcatt	acagaaacgg	ctttttcaaa	aatatggtat	1440
tgataatcct	gatatgaata	aattgcagtt	tcatttgatg	ctcgatgagt	ttttctaagt	1500
ttaaacttgat	actactagat	ttttctctct	catttataaa	atttttggtt	ataattgaag	1560
cttttagaagt	atgaaaaaat	cctttttttt	cattctttgc	aaccaaaaata	agaagcttct	1620
tttatttcatt	gaaatgatga	atataaacct	aacaaaagaa	aaagactcga	atatcaaaaca	1680
ttaaaaaaaa	ataaaagagg	ttatctgttt	tcccatttag	ttggagtttg	cattttctaa	1740
tagatagaac	tctcaattaa	tgttgattta	gtttctctgt	tcgttttttt	ttgtttgtgt	1800
ctcaactgat	ttacatttct	atttagtatt	tagttattca	tataatctta	acttgcggtg	1860
tgaatatccg	cacagatgcg	taaggagaaa	ataccgcatc	aggaaattgt	aagcgttaat	1920

atattgttaa	aattcgcgtt	aaatttttgt	taaatcagct	cattttttta	ccaataggcc	1980
gaaatcggca	aaatccctta	taaatcaaaa	gaatagaccg	agatagggtt	gagtgttgtt	2040
ccagtttgga	acaagagtcc	actattaaag	aacgtggact	ccaacgtcaa	agggcgaaaa	2100
accgtctatc	agggcgatgg	cccactacgt	gaaccatcac	cctaatacaag	ttttttgggg	2160
tccaggtgcc	gtaaagcact	aaatcggaac	cctaaggga	gcccccgatt	tagagottga	2220
cggggaaagc	cggcgaacgt	ggcgagaaag	gaagggaaga	aagcgaaagg	agcgggcgct	2280
agggcgctgg	caagtgtagc	ggtcacgctg	cgcgtaacca	ccacaccgcg	cgcgcttaat	2340
gcgcgcgtac	agggcgcgtc	gcgccattcg	ccattcaggc	tgcgcaactg	ttgggaaggg	2400
cgatcgggtc	gggcctcttc	gctattacgc	cagctggcga	aagggggatg	tgtgcaagg	2460
cgattaagtt	gggtaacgcc	agggttttcc	cagtcacgac	gttgtaaaac	gacggccagt	2520
gagcgcgcgt	aatacgactc	actatagggc	gaattgggtg	ccggggcccc	cctcgagggtc	2580
gaccaagtcg	atggttttca	tggcaagatc	aagacaggaa	agagatcttt	gggtaatgtc	2640
tatttactat	gaacttgaaa	gactaagaag	aactgcgtcc	acttcaaatt	cacggaatca	2700
agctatgtaa	caatatatag	taagaaacg	tttggcggga	tgttcccttt	ttattattgc	2760
ataaaattta	gtgtatactc	tatatataat	ccatatggag	gggacagttg	ttattaccgc	2820
tctctataag	actcgagaat	gaactgcgtc	tggttatgcc	atcgattcct	ttatccatat	2880
cactaagtaa	taatactggc	atatcatttt	catttttcatt	ttcattagta	ccctcctcct	2940
cagaatgaag	tgaaaatcta	atattaggaa	tcagagctgg	ctgtactgaa	gaagcgacag	3000
tttctaagtt	ttctatattg	ctatgttcac	cctcagtgag	aagggttctg	tcattcacca	3060
tatttgcggt	agcattttca	ttatcaaag	gagagtcaat	atgaatagtg	gttgtagatt	3120
cagcatccga	cagtaatcct	gaactattat	caagttcatt	atcggtcgaa	tcattcattat	3180
cctcttcgtc	atcgtoatca	tcttcatcaa	aacttagacc	gaaactgtag	caaagagttt	3240
ctaaaacaaa	agtcaggag	ctggcctcga	ctagttcacc	aattttatca	ctgtagtcaa	3300
cgttcaaata	gcccacctta	atcttcaatt	cattgggctt	tcttcttcca	aaacttgtta	3360
agcatctgta	atcttgaaat	agtaaggatt	tttttgcttc	catattacta	tttgatacag	3420
caacaatacc	caaattgttc	tgaatatatt	cgggatatag	agtatttttc	agccaaatag	3480
gtgaaaattg	tgtcgaggaa	ctctttgatt	tgagatttga	gatggaatct	agtgaatcta	3540
tcttgtgtaa	tacogatcca	tagtccagaa	cataattatt	tcgatcaacg	aaacaaaact	3600
gcaaacgcgc	aaatttaatt	gttaaagctt	ttaggctgtt	ataaataaca	attaaactgt	3660
cttcttcctt	caatttcgta	aagtcaatct	gtaagattat	tgccaaatta	tcagggtttt	3720
ctcgttttaa	ggaaagaatt	gagcttatcg	tagttagaac	agattgtata	ctgtcaacag	3780
tactctgcct	agaacattct	cctgaattta	aggtgaatcc	cctccttatg	attacagtat	3840
cattatcgtg	cacatttgea	acttcaacaa	ctttgttagg	attgattaaa	cctagaaagg	3900
tactcgtctc	gtacctacca	ttaccaacat	ctttgaaaa	gttctttata	atgggaagaa	3960
taggcagggt	ggaagtgata	ttgtcctcat	tgaatacaaa	atcctgattc	aatataccag	4020
atatccattt	ctgtacagtt	gtgctttcgt	cagaatttat	attctgaaca	atgtaaagat	4080
ctgataaata	ggcgcaatgt	tgtttattta	aggtgcattt	gagtactgaa	gcttcgagtg	4140
tagtcattct	caagttggca	ataggtgtaa	atacttctaa	attccttagt	ctagtttcca	4200
aaacatcaac	atcgttatcc	acttctgcta	ttacaaatgc	gtcttcaaat	aagaaacacc	4260
agcattgtat	atatctctga	ccatctttgg	aaatcatcaa	tttgtctacc	aaccttagta	4320
atccatagtc	cccgctctatt	ctccaatcct	gcaattcttc	ctggaaattg	ttcaaaagaa	4380
tttgaataaa	atatgacctt	aacagcggca	acgttatatt	ggtttcgtca	tcctttgctc	4440
ttaccgaatt	ggaaacagca	gaaatagaat	cattagctga	taacgctaca	gaggtgtctg	4500
ctaagataga	gtttgtctcg	gacggaatcc	ttctgtgcc	caggggtgaa	tgtaaaaatg	4560
tatagtttga	ttttttttgt	ggaatttgg	ttctttcctt	ggggggtgca	gccaatatga	4620
gatttgggtt	tagacttggg	gcttgagaat	atatcgtttg	tccttcaaca	ggtgtatagg	4680
ataaaaccaa	aggaggcaag	agtgggtgaat	aaggaggaaa	gcgggactga	ggtgtgattg	4740
ataactcaga	atcagggaatc	ttatgaatca	aaaaatcaga	aattagaata	tccttttagtt	4800
catcattttc	tggaaatgc	tgaacggctt	tgttagtatc	ttttttacat	ttgggtacaaa	4860
aaggaaatag	cgcacgaacg	tctgcctttg	aagtgggtgc	aaaagagata	ataagacatt	4920
cttgggtgact	taagtggcca	catgcaagot	ctataatttt	ctctcccttt	cttctgttag	4980
aaataggctc	gtcacataac	gtacaagaag	cattcaaaaa	ggattttttt	atagagggttc	5040
tttgtatttg	atagccaaat	ggagcgacct	tgggtggtat	attatctgat	aaatttttcg	5100
cccttgagg	ctcatttgct	cgggataggt	tactattact	tgggtgaaag	agattggaat	5160
taggtcttgg	caaagacgat	gttctgtgag	ggtgttgtgg	taaataatca	gtggaaacccg	5220
tagaaggtgt	attcattaga	ttaccgtctt	cattgccaga	agagtttgaa	gaagtgaccc	5280
tagattttgg	tgagaacgaa	aatgtagagg	aggaatatagg	agaagggtgag	aatcttttct	5340
tttttagcact	acttcttttg	aacctggcta	acttttccgt	ccattttttt	cctcttgaca	5400
atggagtag	agtgcgggc	ttctctaagt	ctattatttg	gttgggcgtt	ctcgacaagg	5460
taccactata	ttgtgtcgag	ctaccaaatt	tgtgaaaagg	ggaaactata	ttgtctgtag	5520
gagtttccat	cattttaaag	ttgtttccgc	tgtatcctgt	atcttccctt	tttagcgcgg	5580
atgctagatg	ggttaaaaca	gttttaaaat	attttcaaat	tactttttta	tgccttttct	5640
ttgtcgtcaa	cttttcgagg	aaattctcgg	tattttcttt	agctactatc	gcctttcata	5700
ttttgatgca	gaaaagtaca	tgatgtgtaa	attaacaagc	tacatatcgc	cgcacccaaa	5760
aaaaaaaaaa	gaaaaaaagg	gaaattgttc	aaaattatga	caggttacct	atggacatgt	5820

```

gtcgttataat cactaccttt atatttttta attaattcat gtgcacaggc ctgcttttcta 5880
ctattgagca atacgccttc taaatgactc tcctacttca aaaatgtatc agagtagaac 5940
tgcggaaga tccaatattt aacgcttctt cttcactcga aatatttctg tcagtttttag 6000
aatctgttat atatcccttt aaaggaaact tgatgcggcc gccaccgcgg tggagctcca 6060
gcttttgttc cctttagtga gggttaattg cgcgcttggc gtaatcatgg tcatagctgt 6120
ttcctgtgtg aaattgttat ccgctcacaa ttccacacaa cataggagcc ggaagcataa 6180
agtgtaaagc ctgggtgccc taatgagtga ggtaactcac attaatgctg ttgcgctcac 6240
tgcccgcttt ccagtcggga aacctgtcgt gccagctgca ttaatgaatc ggccaacgcg 6300
cggggagagg cggtttgcgt attgggcgct cttccgcttc ctgcgtcact gactcgctgc 6360
gctcggtcgt tcggctgcgg cgagcggtat cagctcactc aaaggcggtg atacggttat 6420
ccacagaatc aggggataac gcaggaaaga acatgtgagc aaaaggccag caaaaggcca 6480
ggaaccgtaa aaaggccgcg ttgctggcgt ttttccatag gctccgcccc cctgacgagc 6540
atcacaaaaa tcgacgctca agtcagaggt ggcgaacccc gacaggacta taagataacc 6600
aggcgttttc ccttgaagc tccctcgtgc gctctcctgt tccgacctg ccgcttaccg 6660
gataccttcc cgcctttctc ccttcgggaa gcgtggcgtt ttctcatagc tcacgctgta 6720
ggatatctcag ttcggtgtag gtcgttcgct ccaagctggg ctgtgtgcac gaaccccccg 6780
ttcagccoga ccgctgcgcc ttatccggta actatcgtct tgagtcacac ccggtaaagc 6840
acgacttatc gccactggca gcagccactg gtaacaggat tagcagagcg aggtatgtag 6900
gcggtgctac agagtctctg aagtggtggc ctaactacgg ctacactaga aggacagtat 6960
ttggtatctg cgctctgctg aagccagtta ccttcggaaa aagagttggt agctcttgat 7020
ccggcaaaaa aaccacgct ggtagcgggt gtttttttgt ttgcaagcag cagattaccg 7080
cgagaaaaaa aggatctcaa gaagatcctt tgatcttttc tacggggtct gacgctcagt 7140
ggaacgaaaa ctacggttaa gggatttttg tcatgagatt atcaaaaagg atcttcacct 7200
agatcctttt aaattaaaaa tgaagtttta aatcaatcta aagtatatat gagtaaacct 7260
ggtctgacag ttaccaatgc ttaatcagtg aggcacctat ctacagcgtc tgtctatttc 7320
gttcatccat agttgcctga ctcccgctcg ttagataaac tacgatacgg gagggcttac 7380
catctggccc cagtgcctga atgataccgc gagaccacg ctacccggtc ccagatttat 7440
cagcaataaa ccagccagcc ggaagggccg agcgagaag tggctcctga actttatccg 7500
cctccatcca gtctattaat tggtgcggg agctagagt aagtagttcg ccagttaata 7560
gtttgcgcaa cggtgttgc attgctacag gcatcgtggt gtcacgctcg tcgttttgta 7620
tggttccatt cagctccggt tcccaacgat caaggcgagt tacatgatcc cccatgttgt 7680
gcaaaaaagc ggttagctcc ttcggtcctc cgatcgttgt cagaagtaag ttggccgcag 7740
tgttatcact catggttatg gcagcactgc ataattctct tactgtcatg ccatccgtaa 7800
gatgcttttc tgtgactggt gagtactcaa ccaagtcatt ctgagaatag tgtatggcg 7860
gaccgagttg ctcttgcccg gcgtcaatac ggataatac cgcgccacat agcagaactt 7920
taaaagtgtc catcattgga aaacgcttct cggggcgaaa actctcaagg atcttaccgc 7980
tgttgagatc cagttcgatg taacccactc gtgcacccaa ctgatcttca gcatctttta 8040
ctttcaccag cgtttctggg tgagcaaaaa caggaaggca aaatgccgca aaaaagggaa 8100
taaggcgagc acggaatgt tgaatactca tactcttcc ttttcaatat tattgaagca 8160
tttatcaggg ttattgtctc atgagcggat acatatttga atgtatttag aaaaataaac 8220
aataggggt tccgcgcaca tttccccgaa aagtgccacc tgggtccttt tcatcacgtg 8280
ctataaaaaa aattataatt taaatttttt aatataaata tataaattaa aatagaaaag 8340
taaaaaaaga aattaaagaa aaaatagttt ttgttttccg aagatgtaaa agactctagg 8400
gggatcgcca acaaatacta ccttttatct tgccttccct gctctcaggt attaatgccg 8460
aattgtttca tcttgtctgt gtagaagacc acacacgaaa atcctgtgat ttacatttt 8520
acttatcggt aatcgaatgt atatctatct aatctgcttt tcttgtctaa taaatatata 8580
tgtaaagtac gctttttgtt gaaatttttt aaacctttgt ttattttttt ttcttcattc 8640
cgtaactctt ctaccttctt tatttacttt ctaaaatcca aatacaaaa ataaaaataa 8700
ataaacacag agtaaatcc caaattatct catcattaaa agatacgag cgcgtgtaag 8760
ttacaggcaa gcgatccgtc ctaagaaacc attattatca tgacattaac ctataaaaa 8820
aggcgtatca cgaggccctt tcgtc 8845

```

<210> 151

<211> 1761

5 <212> ADN

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 151

```
ttagcagatg cgcgcacctg cgttggtacc acaactctta tgaggcccg cggacagcatc 60
aaactgtaag attccgccac attttatata ctctggctct ttaactggca aaccttcggg 120
cgtaatgcc aatttttcgc ctttgtcttt tgcttttttc acttcacgtg cttctggtac 180
atacttgcaa tttatacagt gatgaccgct gaatttgtat cttccatagc atctagcaca 240
tactcgattt ttaccactcc aatctttata aaaatacttg attccctttc tgggacaagc 300
aacacagtgt tttagattct ttttttgtga tattttaagc tgttctcca cacagcagcc 360
tcgacatgat ttcacttcta ttttgttgcc aagcaagaaa tttttatggc cttctatcgt 420
```

```
aagcccatat acagtactct caccctggaa atcatccgtg aagctgaaat atacgggttc 480
cctttttata attggcggaa cttctcttgt tttgtgacca cttcgacaat atgacaaaac 540
attctgtgaa gttgttcccc cagcaacatt acagtcgtat gtaaattgac attggacttt 600
tcttccttca atgatttctt cctagctga cctggctgct acagtagctg acataccaag 660
agatcttgaa atatggacaa ttccgtccat aatggatgaa taaacagttt gaattgctat 720
tttataagat tcagggcctt cgcccttttt cacaacgtac ccatctgagt cgtcaagcc 780
ggctaagaat gcttcacgaa cttctatatg ctgcgctac ataaattcag ggatttgctt 840
ctctccatca agatcccttt taaactttaa aattgtgaca gctttccaga atggattatt 900
tttctcctc ttccttgtct tctgttttct atctggacca tctccataat gaagccttac 960
atgtttggca cgtagcggaa cgtgatcgct acaaaccgta aggtagagac ccagattttt 1020
cgcattttct cttaaactct ccattagctt aggatccaag ctatctactg agattttctgg 1080
ctcttttgtt gtactgtcac ctaaccacag accaagcatc caagccatac tttttacagc 1140
aggagttaca aggtcactac gtccagtga aaatttagat aaaacaccat ttctgcgag 1200
tactggacca aatcttatgc agctagaaat tctcaattga gcatcaagat aatccaaatc 1260
tctaacttca atgtcaaagt tgaatatctt tcttttagag cgctccattt cttctatgaa 1320
gogttttgcg gcaaaactcac cttcaactgt cattgggaat gtcttatgat ggttttttgg 1380
aattattatt atcctaccat caagcgtctg acattgctgc agattttctc atctcacttt 1440
atatttggtg gcattttctac cacttttttc caacagtggg ttggtaggga ccctgactga 1500
caatttatga cctgcagtac attgtaatgc aagacgctga taaactgttc taogcctggg 1560
atctaacctc ccagggtcac cttcaaaagc tctgtgtttg gttttttgct gtatattata 1620
gattttctga tagccctgtg tgacatttat gacgcgggca ggggagccat ctgcgcacat 1680
aacgtaagag ttagccgtga cgtttgcgat gtctttaatt tcaccgttag ccatcagaat 1740
agtcgtgttt tcagaaagca t 1761
```

<210> 152

<211> 586

<212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 152

Met	Leu	Ser	Glu	Asn	Thr	Thr	Ile	Leu	Met	Ala	Asn	Gly	Glu	Ile	Lys
1				5					10					15	
Asp	Ile	Ala	Asn	Val	Thr	Ala	Asn	Ser	Tyr	Val	Met	Cys	Ala	Asp	Gly
			20					25					30		
Ser	Ala	Ala	Arg	Val	Ile	Asn	Val	Thr	Gln	Gly	Tyr	Gln	Lys	Ile	Tyr
		35					40					45			
Asn	Ile	Gln	Gln	Lys	Thr	Lys	His	Arg	Ala	Phe	Glu	Gly	Glu	Pro	Gly
	50					55					60				
Arg	Leu	Asp	Pro	Arg	Arg	Arg	Thr	Val	Tyr	Gln	Arg	Leu	Ala	Leu	Gln
65					70					75					80
Cys	Thr	Ala	Gly	His	Lys	Leu	Ser	Val	Arg	Val	Pro	Thr	Lys	Pro	Leu
				85					90					95	
Leu	Glu	Lys	Ser	Gly	Arg	Asn	Ala	Thr	Lys	Tyr	Lys	Val	Arg	Trp	Arg
			100					105					110		
Asn	Leu	Gln	Gln	Cys	Gln	Thr	Leu	Asp	Gly	Arg	Ile	Ile	Ile	Ile	Pro
	115						120					125			
Lys	Asn	His	His	Lys	Thr	Phe	Pro	Met	Thr	Val	Glu	Gly	Glu	Phe	Ala
	130					135					140				
Ala	Lys	Arg	Phe	Ile	Glu	Glu	Met	Glu	Arg	Ser	Lys	Gly	Glu	Tyr	Phe
145					150					155					160
Asn	Phe	Asp	Ile	Glu	Val	Arg	Asp	Leu	Asp	Tyr	Leu	Asp	Ala	Gln	Leu
				165					170					175	
Arg	Ile	Ser	Ser	Cys	Ile	Arg	Phe	Gly	Pro	Val	Leu	Ala	Gly	Asn	Gly
			180					185					190		
Val	Leu	Ser	Lys	Phe	Leu	Thr	Gly	Arg	Ser	Asp	Leu	Val	Thr	Pro	Ala
		195					200					205			
Val	Lys	Ser	Met	Ala	Trp	Met	Leu	Gly	Leu	Trp	Leu	Gly	Asp	Ser	Thr
	210					215					220				
Thr	Lys	Glu	Pro	Glu	Ile	Ser	Val	Asp	Ser	Leu	Asp	Pro	Lys	Leu	Met
225					230					235					240
Glu	Ser	Leu	Arg	Glu	Asn	Ala	Lys	Ile	Trp	Gly	Leu	Tyr	Leu	Thr	Val
				245					250					255	
Cys	Asp	Asp	His	Val	Pro	Leu	Arg	Ala	Lys	His	Val	Arg	Leu	His	Tyr
			260					265				270			
Gly	Asp	Gly	Pro	Asp	Glu	Asn	Arg	Lys	Thr	Arg	Asn	Leu	Arg	Lys	Asn

	275		280		285										
Asn	Pro	Phe	Trp	Lys	Ala	Val	Thr	Ile	Leu	Lys	Phe	Lys	Arg	Asp	Leu
290						295					300				
Asp	Gly	Glu	Lys	Gln	Ile	Pro	Glu	Phe	Met	Tyr	Gly	Glu	His	Ile	Glu
305					310					315					320
Val	Arg	Glu	Ala	Phe	Leu	Ala	Gly	Leu	Ile	Asp	Ser	Asp	Gly	Tyr	Val
				325					330					335	
Val	Lys	Lys	Gly	Glu	Gly	Pro	Glu	Ser	Tyr	Lys	Ile	Ala	Ile	Gln	Thr
			340				345					350			
Val	Tyr	Ser	Ser	Ile	Met	Asp	Gly	Ile	Val	His	Ile	Ser	Arg	Ser	Leu
		355				360					365				
Gly	Met	Ser	Ala	Thr	Val	Thr	Thr	Arg	Ser	Ala	Arg	Glu	Glu	Ile	Ile
370						375					380				
Glu	Gly	Arg	Lys	Val	Gln	Cys	Gln	Phe	Thr	Tyr	Asp	Cys	Asn	Val	Ala
385					390					395					400
Gly	Gly	Thr	Thr	Ser	Gln	Asn	Val	Leu	Ser	Tyr	Cys	Arg	Ser	Gly	His
				405					410					415	
Lys	Thr	Arg	Glu	Val	Pro	Pro	Ile	Ile	Lys	Arg	Glu	Pro	Val	Tyr	Phe
			420				425					430			
Ser	Phe	Thr	Asp	Asp	Phe	Gln	Gly	Glu	Ser	Thr	Val	Tyr	Gly	Leu	Thr
		435				440					445				
Ile	Glu	Gly	His	Lys	Asn	Phe	Leu	Leu	Gly	Asn	Lys	Ile	Glu	Val	Lys
450					455					460					
Ser	Cys	Arg	Gly	Cys	Cys	Val	Gly	Glu	Gln	Leu	Lys	Ile	Ser	Gln	Lys
465				470						475					480
Lys	Asn	Leu	Lys	His	Cys	Val	Ala	Cys	Pro	Arg	Lys	Gly	Ile	Lys	Tyr
				485					490					495	
Phe	Tyr	Lys	Asp	Trp	Ser	Gly	Lys	Asn	Arg	Val	Cys	Ala	Arg	Cys	Tyr
		500					505					510			
Gly	Arg	Tyr	Lys	Phe	Ser	Gly	His	His	Cys	Ile	Asn	Cys	Lys	Tyr	Val
		515				520					525				
Pro	Glu	Ala	Arg	Glu	Val	Lys	Lys	Ala	Lys	Asp	Lys	Gly	Glu	Lys	Leu
		530				535					540				
Gly	Ile	Thr	Pro	Glu	Gly	Leu	Pro	Val	Lys	Gly	Pro	Glu	Cys	Ile	Lys
545				550						555					560
Cys	Gly	Gly	Ile	Leu	Gln	Phe	Asp	Ala	Val	Arg	Gly	Pro	His	Lys	Ser
				565					570					575	
Cys	Gly	Asn	Asn	Ala	Gly	Ala	Arg	Ile	Cys						
		580					585								

<210> 153

<211> 8987

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de nucleótidos del plásmido pAM404

<400> 153

```

tcgcgcggtt cggtgatgac ggtgaaaacc tctgacacat gcagctcccg gagacgggtca 60
cagcttgtct gtaagcggat gccgggagca gacaagcccg tcagggcgcg tcagcgggtg 120
ttggcgggtg tcggggctgg cttactatg cggcatcaga gcagattgta ctgagagtgc 180
accatatega ctacgtcgta aggccgtttc tgacagagta aaattcttga gggaactttc 240
accattatgg gaaatgcttc aagaaggat tgacttaaac tccatcaaat ggtcagggtca 300
ttgagtgttt tttatttgtt gtattttttt ttttttagag aaaatcctcc aatatcaaat 360
taggaatcgt agtttcatga ttttctgtta cacctaactt tttgtgtggt gccctcctcc 420
ttgtcaatat taatgtttaa gtgcaattct ttttccttat cacgttgagc cattagtatc 480
aatttgctta cctgtattcc tttactatcc tcctttttct ccttcttgat aaatgtatgt 540
agattgcgta tatagtttct tctaccctat gaacatattc cattttgtaa tttcgtgtcg 600
tttctattat gaatttcatt tataaagttt atgtacaaat atcataaaaa aagagaatct 660
ttttaagcaa ggattttctt aacttcttct gcgacagcat caccgacttc ggtgggtactg 720
ttggaaccac ctaaatcacc agttctgata cctgcatcca aaaccttttt aactgcatct 780
tcaatggcct taccttcttc aggcaagttc aatgacaatt tcaacatcat tgcagcagac 840
aagatagtgg cgatagggtc aaccttattc tttggcaaat ctggagcaga accgtggcat 900

```

```

ggttcgtaca aaccaaattgc ggtgttcttg tctggcaaaaggccaagga cgcagatggc 960
aacaacccca aggaacotgg gataacggag gcttcatogg agatgatata accaaacatg 1020
ttgctgggtga ttataatacc atttaggtgg gttgggttct taactaggat catggcggca 1080
gaatcaatca attgatgttg aaccttcaat gtaggggaatt cgttcttgat ggtttctctc 1140
acagtttttc tccataatct tgaagaggcc aaaagattag ctttatccaa ggaccaaata 1200
ggcaatgggtg gctcatgttg tagggccatg aaagcggcca ttcttgtgat tctttgcact 1260
tctggaacgg tgtattgttc actatcccaa ggcacacccat caccatcgtc ttcctttctc 1320
ttaccaaaagt aaatacctcc cactaattct ctgacaacaa cgaagtcagt accttttagca 1380
aattgtggct tgattggaga taagtctaaa agagagtcgg atgcaaaagt acatggtctt 1440
aagttggcgt acaattgaag ttctttacgg attttttagta aacctgttc aggtctaaca 1500
ctaccgggtac ccatttagg accagccaca gcacctaaaca aaacggcatc aaccttcttg 1560
gaggcttcca gcgcctcatc tggaaagtga acacctgtag catcgatagc agcaccacca 1620
attaaatgat tttcgaatc gaacttgaca ttggaacgaa catcagaaat agctttaaga 1680
accttaagg ettcggctgt gatttcttga ccaacgtggg cactggcaa cagcagatc 1740
ttcttagggg cagacattac aatggatat ccttgaata tatataaaaa aaggcgctt 1800
agaccgctcg gccaaacaac caattacttg ttgagaata gagtataatt atcctataaa 1860
tataacgttt ttgaacacac atgaacaagg aagtacagga caattgattt tgaagagaat 1920
gtggattttg atgtaattgt tgggattcca tttttaataa ggcaataata ttaggtatgt 1980
ggatatacta gaagttctcc tcgaccgtcg atatgcggtg tgaatatacc cagagatgcg 2040
taaggagaaa ataccgcatc aggaattgt aggaactaat atttgttaa aattcgcgtt 2100
aaatttttgt taaatcagct cattttttaa ccaataggcc gaaatcggca aaatccctta 2160
taaataaaaa gaatagaccg agatagggtt gagtgttgtt ccagtttggg acaagagtcc 2220
actattaaag aacgtggact ccaacgtcaa agggcgaaaa accgtctatc agggcgatgg 2280
cccactacgt gaacctcac cctaatacag ttttttgggg tcgaggtgcc gtaaaagcact 2340
aaatcggaac cctaaaggga gcccccgatt tagagcttga cggggaaaagc cggcgaaact 2400
ggcgagaaag gaagggaaga aagcgaaaag agcgggcgct agggcgctgg caagtgtagc 2460
ggtcacgctg cgcgtacca ccacacccgc cgcgcttaat gcgcgcgtac agggcgctc 2520
gcgccattcg ccattcaggc tgcgcaactg ttgggaaggg cgatcggtgc gggcctcttc 2580
gctattacgc cagctgaatt ggagcgacct catgctatac ctgagaaaagc aacctgacct 2640
acaggaaaag gttactcaag aataagaatt ttcgttttaa aacctaaag tcactttaaa 2700
atttgatac acttattttt ttataaact atttaataat aaaaatcata aatcataaga 2760
aattcgctta tttagaagt tcaacaacgt atctaccaac gatttgacct tttccatct 2820
tttcgtaaat ttctggcaag gtagacaagc cgacaacott gattggagac ttgaccaaac 2880
ctctggcgaa gaattgttaa ttaagagctc agatcttata gtcgtcatcc ttgtaatcca 2940
tcgatactag tgcggccgcc ctttagtgag ggttgaattc gaattttcaa aaattcttac 3000
tttttttttg gatggacgca aagaagtta ataatacat tacatggcat taccaccata 3060
tacctatcca tatacatatc catatctaact ctacttata tgttgtgga atgtaagag 3120
ccccattatc ttagcctaaa aaaaccttct ctttggaaact ttcagtaata cgcttaactg 3180
ctcattgcta tattgaagta cggattagaa gccgcgcgagc gggtgacagc cctccgaagg 3240
aagactctcc tccgtgcgtc ctgcgtctca ccggtcgcgt tcctgaaacg cagatgtgcc 3300
tcgcgcgcga ctgctccgaa caataaagat totacaatac tagcttttat ggttatgaag 3360
aggaanaatt ggcagtaacc tggcccccac aaccttcaa tgaacgaatc aaattaacaa 3420
ccatcgatg ataatcgat tagtttttta gccttatttc tggggtaatt aatcagcga 3480
gcgatgattt ttgatctatt aacagatata taaatgcaa aactgcataa ccactttaac 3540
taatacttcc aacattttcg gtttgatta cttcttattc aaatgtaata aaagtatcaa 3600
caaaaaattg ttaatatacc tctatacttt aacgtcaagg agaaaaaac ccggatccat 3660
gtcaactttg octatttctt ctgtgtcatt ttctcttct acatcaccat tagtctgga 3720
cgacaaagtc tcaaccaagc ccgacgttat cagacataca atgaatttca atgcttctat 3780
ttggggagat caattcttga cctatgatga gcctgaagat ttagttatga agaaacaatt 3840
agtggaggaa ttaaaaggag aagttaaaga ggaattgata actatcaaag gttcaaatga 3900
gcccatgcag catgtgaaat tgattgaatt aattgatgct gttcaacgtt taggtatagc 3960
ttaccatttt gaagaagaga tcgaggaaagc tttgcaacat atacatgta cctatggtga 4020
acagtgggtg gataaggaaa atttacagag tatttctattg tggttcaggt tgttgcgtca 4080
acagggtttt aacgtctcct ctggcgtttt caaagacttt atggacgaaa aaggtaaatt 4140
caaagagtct ttatgcaatg atgcacaagg aatattagcc ttatatgaag ctgcatttat 4200
gagggttgaa gatgaacca tcttagacaa tgctttggaa ttcacaaaag ttcatttaga 4260
tatcatagca aaagacccat cttgcgattc ttcattgcgt acacaaatcc atcaagcctt 4320
aaaacaacct ttaagaagga gattagcaag gattgaagca ttacattaca tgccaatcta 4380
ccaacaggaa acatctcatg atgaagtatt gttgaaata gccaaagtgg atttcagtgt 4440
tttcaggtct atgcataaaa aggaattgtc acatatctgt aagtgggtga aagatttaga 4500
tttacaanaa aagttacott atgtacgtga tcgtgttgc gaaggctact tctggatatt 4560
gtccatatac tatgagccac aacacgctag aacaagaatg tttttgatga aaacatgcat 4620
gtggttaagta gttttggacg atacttttga taattatgga acatacgaag aattggagat 4680
ttttactcaa gccgtcgaga gatggtctat ctcatgctta gatatgttgc ccgaatatat 4740
gaaattaatc taccaagaat tagtcaattt gcattgtgaa atggaagaat ctttggaaaa 4800

```

```

ggaggggaaag acctatcaga ttcattacgt taaggagatg gctaagaat tagttcgtaa 4860
ttacttagta gaagcaagat gggtgaagga aggttatatg cctactttag aagaatacat 4920
gtctgtttct atgggtactg gtacttatgg tttgatgatt gcaaggtcct atgttggcag 4980
aggagacatt gttactgaag acacattcaa atgggtttct agttaccac ctattattaa 5040
agcttcctgt gtaatagtaa gattaatgga cgtattgta tctcacaagg aagaacaaga 5100
aagaggacat gtggcttcat ctatagaatg ttactctaaa gaatcaggtg cttctgaaga 5160
ggaagcatgt gaatatatta gtaggaaagt tgaggatgcc tggaaagtaa tcaatagaga 5220
atctttgcgt ccaacagocg ttcccttccc tttgttaatg ccagcaataa acttagctag 5280
aatgtgtgag gtcttgtagt ctgttaatga tggttttact catgctgagg gtgacatgaa 5340
atcttatatg aagtccctct tcgttcatcc tatggctggt tgagctagct aagatccgct 5400
ctaaccgaaa aggaaggagt tagacaacct gaagtctagg tccctattta tttttttata 5460
gttatgttag tattaagaac gttatttata tttcaaattt ttcttttttt tctgtacaga 5520
cgctgtacg catgtaacat tatactgaaa acottgcttg agaaggtttt gggacgctcg 5580
aagatccagc tgcattaatg aatcggccaa cgcgcgggga gaggcgggtt gcgtattggg 5640
cgcttcctcg ctctctcgct cctcactcgg tctgcctcgg tcgttcgggt gcggcgagcg 5700
gtatcagctc actcaaaagg cgttaatacgg ttatccacag aatcagggga taacgcagga 5760
aagaacatgt gagcaaaagg ccagcaaaag gccaggaacc gtaaaaaggc cgcgttgctg 5820
gcgtttttcc ataggctccg cccctcctgac gagcatcaca aaaatcgacg ctcaagtcag 5880
aggtggcgaa acccgacagg actataaaga taccaggcgt ttccctcctg aagctccctc 5940
gtgcgctctc ctgttccgac cctgcctgct accggatacc tgctccgctt tctcccttcg 6000
ggaagcgtgg cgctttctca tagctcacgc tgtaggatc tcagttcgggt gtaggtcggt 6060
cgctccaagc tgggtgtgtg gcacgaacct cccgttcagc ccgacgcgtg cgcttatcc 6120
ggtaactatc gtcttgagtc caacctcggt agacacgact tatcgccact ggcagcagcc 6180
actggtaaca ggattagcag agcgaggtat gtaggcgggt ctacagagtt cttgaagtgg 6240
tggcctaact acggctacac tagaaggaca gtatttggt tctgcgctct gctgaagcca 6300
gttaccttcg gaaaaagagt tggtagctct tgatccggca aacaaaaccac cgtcggtagc 6360
gggtggtttt ttgtttgcaa gcagcagatt acgcgcagaa aaaaaggatc tcaagaagat 6420
cctttgatct tttctacggg gtctgacgct cagtggaaag aaaactcacg ttaagggtat 6480
ttggtcatga gattatcaaa aaggatcttc acctagatcc ttttaaatga aaatgaagt 6540
tttaaatcaa tctaaagtat atatgagtaa acttggctctg acagttacca atgcttaatc 6600
agtgaggcac ctatctcagc gatctgtcta tttcgttcat ccatagttgc ctgactcccc 6660
gtcgtgtaga taactacgat acgggagggc ttaccatctg gccccagtcg tgcattgata 6720
ccgcgagacc cagctccacc ggctccagat ttatcagcaa taaaccagcc agccggaagg 6780
gccgagcgca gaagtggctc tgcaacttta tccgcctcca tccagtcctat taattgttgc 6840
cgggaagcta gtagaagtag ttccgcaagt aatagtttgc gcaacggtgt tgcattgtct 6900
acaggcatcg tgggtgcacg ctgctcgttt ggtatggctt cattcagctc cgttcccaa 6960
cgatcaaggc gagttacatg atccccatg ttgtgcaaaa aagcgggttag ctocctcgggt 7020
cctccgatcg ttgtcagaag taagttggcc gcagtggtat cactcatggt tatggcagca 7080
ctgcataatt ctcttactgt catgccatcc gtaagatgct tttctgtgac tggtagtagc 7140
tcaaccaagt cattctgaga atagtgtatg cggcgacoga gttgctcttg cccggcgctc 7200
ataccggata ataccgcgcc acatagcaga cctttaaaag tgctcatcat tggaaaacgt 7260
tcttcggggc gaaaactctc aaggatctta ccgctgttga gatccagttc gatgtaacco 7320
actcgtgcac ccaactgatc ttcagcatct tttactttca ccagcgtttc tgggtgagca 7380
aaaacaggaa ggcaaaatgc cgcaaaaag ggaataaggg cgacacggaa atgttgaaata 7440
ctcatactct tcttttttca atattattga agcatttatc aggggttattg tctcatgagc 7500
ggatacatat ttgaatgtat tttagaaaat aaacaaatag gggttccgcg cacatttccc 7560
cgaaaagtg cactgaacg aagcatctgt gcttcatttt gtagaacaac aatgcaacgc 7620
gagagcgcta atttttcaaa caaagaatct gagctgcatt tttacagaac agaaatgcaa 7680
cgcaaaagcg ctattttacc aacgaagaat ctgtgcttca tttttgtaaa acaaaaatgc 7740
aacgcgagag cgctaatttt tcaaacaaaag aatctgagct gcattttttac agaacagaaa 7800
tgcaacgcga gagcgtatt ttaccaacaa agaactctata cttctttttt gttctacaaa 7860
aatgcattcc gagagcgcta tttttctaac aaagcatctt agattacttt ttttctcctt 7920
tgtgcgctct ataatgcagt ctcttgataa ctttttgca ttaggtttag ttaagggttag 7980
aagaaggcta ctttggtgtc tattttctct tccataaaaa aagcctgact ccacttcccg 8040
cgtttactga ttactagcga agctgcgggt gcattttttc aagataaagg catccccgat 8100
tatattctat accgatgtgg attgcgcata ctttgtgaac agaaagtgat agcgttgatg 8160
attcttcatt ggtcagaaaa ttatgaacgg tttcttctat tttgtctcta tatactacgt 8220
ataggaaatg ttacatttt cgtattgttt tcgattcact ctatgaatag ttcttactac 8280
aatttttttg tctaaagagt aatactagag ataaacataa aaaatgtaga ggtcgagttt 8340
agatgcaagt tcaaggagcg aaaggtggat gggtaggtta tatagggata tagcacagag 8400
atatatagca aagagatact tttgagcaat gtttgtggaa gcgggtattcg caatatttta 8460
gtagctcgtt acagtcgggt gcgtttttgg ttttttgaaa gtgcgtcttc agagcgcttt 8520
tggttttcaa aagcgtctcg aagttcctat actttctaga gaataggaac ttcggaatag 8580
gaacttcaaa gcgtttccga aaacgagcgc ttccgaaaat gcaacgcgag ctgcgcacat 8640
acagctcact gttcacgctc cactatatac tgcgtgttgc ctgtatatat atatacatga 8700

```

```
gaagaacggc atagtgcgtg tttatgctta aatgcgtact tatatgcgtc tatttatgta 8760
ggatgaaagg tagtctagta cctcctgtga tattatccca ttccatgcgg ggtatcgat 8820
gcttccttca gcactaccct ttagctgttc tatatgctgc cactcctcaa ttggattagt 8880
ctcatccttc aatgctatca tttcctttga tattggatca tactaagaaa ccattattat 8940
catgacatta acctataaaa ataggcgtat cacgaggccc tttcgtc 8987
```

<210> 154

<211> 746

5 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de nucleótidos de la construcción de anulación URA3

10

<400> 154

```
tgcgaggcat atttatggtg aaggataagt tttgaccatc aaagaagggtt aatgtggctg 60
tggtttcagg gtccataaag cttttcaatt catctttttt ttttttggtc ttttttttga 120
ttccgggttc tttgaaattt ttttgattcg gtaatctccg agcagaagga agaacgaagg 180
aaggagcaca gacttagatt ggtatatata cgcataatgtg gtggtgaaga aacatgaaat 240
tgcccagtat tcttaaccca actgcacaga acaaaaacct gcaggaaacg gctcacacgc 300
ggccaggggg agccctgtat tataagtaaa tgcattgtata ctaaaactcac aaattagagc 360
ttcaatttaa ttatatcagt tattaccgga gaatctcggt cgtaattgatt tctataatga 420
cgaaaaaaaa aaaattggaa agaaaaagct tcatggcctt tataaaaagg aactatccaa 480
tacctcgcca gaaccaagta acagtatttt acgggggcaca aatcaagaac aataagacag 540
gactgtaaag atggacgcat tgaactccaa agaacaacaa gagttccaaa aagtagtgga 600
acaaaagcaa atgaaggatt tcatgcgttt gtactctaata ctggtagaaa gatgtttcac 660
agactgtgtc aatgacttca caacatcaaa gctaaccaat aaggaacaaa catgcatcat 720
gaagtgtctc gaaaagttct tgaagc 746
```

<210> 155

<211> 4961

<212> ADN

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

15

<400> 155

20

tgggatagga	tagtagcaac	tcttggagga	gagcattgtc	agttgtccag	tctctgaagt	60
taagtagtaa	gtttcgggag	tcaaaggggg	atggcttttg	ccatttgtga	gagttgtgcg	120
gcagcatctt	attcaaatag	agctgtattc	tgaagacctc	ttgtagaaca	tcatccatac	180
taaaaagtaa	atcgtcctgt	cccattacga	gctgtattag	tgctgtgacc	ctctgtatat	240
ttacgttgcc	atgaagaagg	taatgggcga	tattttgata	caattcctga	gttgcatgtt	300
ggattgagtt	tacgaagggt	cgccagacgg	ccagaaacct	ccaggcggag	ttaacaacta	360
gtaatacggc	atccatgttt	gcacagcgcc	cgagcctata	ccagtcactg	agtagacgtt	420
ttcttgcctc	ttttatgtcc	tgacttcttt	tgacgagggg	gcattctcta	gagacacagg	480
cagttgcttc	cagcaactgc	cgtaaggccg	ttctcatgct	gtcgaggatt	ttttttggga	540
cgatattgtc	attatagggc	agtgtgtgac	ttatgaattg	ttgtagaagg	acgtctgtga	600
tgttggagat	atgtattttg	ttaactcttc	ttgagacgat	ttggccctgg	atagcgaagc	660
gtgcggttac	aaataggtcg	tcttgttcaa	gaaggtaggc	gaggacatta	tctatcagta	720
caaacatctt	agtagtgtct	gaggagaggg	ttgattgttt	atgtattttt	gcgaaatata	780
tatatatata	ttctacacag	atatatacat	atltgttttt	cgggctcatt	ctttcttctt	840
tgccagaggc	tcaccgctca	agaggtcggc	taattctgga	gcgattgtta	ttgttttttc	900
ttttcttctt	ctattcgaaa	cccagttttt	gatttgaatg	cgagataaac	tggtattctt	960
cattagattc	tctaggccct	tggtatctag	atatgggttc	tcgatgttct	ttgcaaacca	1020
actttctagt	attcggacat	tttcttttgt	aaaccgggtg	cctctgtaag	gtttagtact	1080
tttgtttatc	atatcttgag	ttaccacatt	aaataccaac	ccatccgcgc	atltattttt	1140
ctgtgtaagt	tgataattac	ttctatcggt	ttctatgctg	cgcatttctt	tgagtaatac	1200
agtaatggta	gtagttagtt	gagatgttgt	ttgcaacaac	ttcttctcct	catcactaat	1260
cttacgggtt	ttgttggccc	tagataagaa	tcctaataata	tcccttaatt	caacttcttc	1320
ttctgttgtt	acactctctg	gtaacttagg	taaattacag	caaatagaaa	agagcttttt	1380
atltatgtct	agtatgctgg	atltaaactc	atctgtgatt	tgtggattta	aaaggtcttt	1440
aatgggtatt	ttattcattt	tttcttgott	atcttctctt	ttttcttgcc	cacttctaag	1500
ctgatttcaa	tctctccttt	atatatatatt	ttaagttcca	acatttttatg	tttcaaaaca	1560
ttaatgatgt	ctgggttttg	tttgggatgc	aattttattgc	ttcccaatgt	agaaaagtac	1620
atcatatgaa	acaacttaaa	ctcttaacta	cttcttttaa	ccttcacttt	ttatgaaatg	1680
tatcaacat	atataataac	ttaatagacg	acattcacaa	tatgtttact	tcgaagcctg	1740
ctttcaaaat	taagaacaaa	gcacccaaat	catacagaaa	cacagcgggt	tcaaaaaagc	1800

tgaagaaaa	acgtctagct	gagcatgtga	ggccaagctg	cttcaatatt	attcgaccac	1860
tcaagaaaa	tatccagatt	cctgttcctt	cctctcgatt	tttaataaaa	atccaaattc	1920
acaggatagc	gtctggaagt	caaaatactc	agtttcgaca	gttcaataag	acatctataa	1980
aatcttcaaa	gaaatattta	aactcattta	tggcttttag	agcatattac	tcacagtttg	2040
gctccggtgt	aaaacaaaat	gtcttgtctt	ctctgctcgc	tgaagaatgg	cacgcggaca	2100
aaatgcagca	cggaatatgg	gactacttog	cgcaacagta	taattttata	aacctgggtt	2160
ttggttttgt	agagtgggtg	acgaataatt	atgctgaagt	acgtgggtgac	ggatattggg	2220
aagatgtgtt	tgtacatttg	gccttataga	gtgtgggtcgt	ggcggagggtt	gtttatcttt	2280
cgagtactga	atgttgtcag	tatagctatc	ctatttgaaa	ctccccatcg	tcttgctctt	2340
gttcccaatg	tttgtttata	cactcatatg	gctataccct	tatctacttg	cctcttttgt	2400
ttatgtctat	gtatttgtat	aaaatatgat	attactcaga	ctcaagcaaa	caatcaatgc	2460
tcacacgcgg	ccagggggag	cctcgacact	agtaatacac	atcatcgtcc	tacaagttca	2520
tcaaagtgtt	ggacagacaa	ctataccagc	atggatctct	tgtatcgggt	cttttctccc	2580
gctctctcgc	aataacaatg	aacactgggt	caatcatagc	ctacacaggt	gaacagagta	2640
gcgttttata	agggtttata	cgtgtattcc	tacggcaaaa	atttttcatt	tctaaaaaaa	2700
aaaagaaaaa	tttttctttc	caacgctaga	aggaaaagaa	aaatctaatt	aaattgattt	2760
ggtgattttc	tgagagtcc	ctttttcata	tatcgaattt	tgaatataaa	aggagatcga	2820
aaaaattttt	ctattcaatc	tgttttctgg	ttttatttga	tagttttttt	gtgtattatt	2880
attatggatt	agtactgggt	tatatgggtt	tttctgtata	acttcttttt	attttagttt	2940
gtttaatctt	attttgagtt	acattatagt	tccttaactg	caagagaagt	aacattaaaa	3000
atgaaaaagc	ctgaactcac	cgcgacgtct	gtcgagaagt	ttctgatcga	aaagttcgac	3060
agcgtctccg	acctgatgca	gctctcggag	ggcgaagaat	ctcgtgcttt	cagcttcgat	3120
gtaggagggt	gtggatatgt	cctgcgggta	aatagctcgc	ccgatgggtt	ctacaaagat	3180
cgttatgttt	atcggcactt	tgcacgcggc	gcgctcccga	ttccggaagt	gcttgacatt	3240
ggggaattca	gcgagagcct	gacctattgc	atctcccgc	gtgcacaggg	tgtcacgttg	3300
caagacctgc	ctgaaaccga	actgcccgct	gttctgcagc	cggctcggga	ggccatggat	3360
gcgatcgctg	cggccgatct	tagccagacg	agcgggttcg	gcccattcgg	accgcaagga	3420
atcgggtcaat	acaactacatg	gcgtgatttc	atatgcgcga	ttgctgatcc	ccatgtgtat	3480
cactggcaaa	ctgtgatgga	cgacaccgtc	agtgcgtccg	tcgcgcaggc	tctcgatgag	3540
ctgatgcttt	gggcccagga	ctgcccga	gtccggcacc	tcgtgcacgc	ggatttcggc	3600
tccaacaatg	tcctgacgga	caatggccgc	ataacagcgg	tcattgactg	gagcgaggcg	3660
atgttcgggg	attcccaata	cgaggtcgcc	aacatctctt	tctggaggcc	gtgggtggct	3720
tgtatggagc	agcagacgcg	ctacttcgag	cggaggcatc	cggagcttgc	aggatcgccg	3780
cggctccggg	cgtatatgct	ccgcattggg	cttgaccaac	tctatcagag	cttgggtgac	3840
ggcaatttcg	atgatgcagc	ttgggcgcag	ggtcgatgcg	acgcaatcgt	ccgatccgga	3900
gccgggactg	toggggcgtac	acaaatcgcc	cgcagaagcg	cggccgtctg	gaccgatggc	3960
tgtgtagaag	tactcgccga	tagtggaac	cgacgcccc	gcactcgtcc	gaggggcaag	4020
gaataggttt	aacttgatac	tactagattt	tttctcttca	tttataaaa	ttttgggttat	4080
aattgaagct	ttagaagtat	gaaaaaatcc	ttttttttca	ttctttgcaa	ccaaaaataag	4140
aagcttcttt	tattcattga	aatgatgaat	ataaacctaa	caaaagaaaa	agactcgaat	4200
atcaaacatt	aaaaaaaaat	aaaagagggt	atctgttttc	ccatttagtt	ggagtttgca	4260
ttttctaata	gatagaactc	tcaattaatg	tggatttagt	ttctctgttc	gttttttttt	4320
gttttgttct	cactgtattt	acatttctat	ttagtattta	gttattcata	taatcttaac	4380
ttctcgagga	gctccgctcg	tccaacgcgc	gcggacctcg	gaggttggtt	atctttcgag	4440
tactgaatgt	tgtcagtata	gctatcctat	ttgaaactcc	ccatcgtctt	gctcttggtc	4500
ccaatgtttg	tttatacact	catatggcta	tacccttacc	tacttgccctc	ttttgtttat	4560
gtctatgtat	ttgtataaaa	tatgatatta	ctcagactca	agcaaacaa	caattcttag	4620
catcattctt	tgttcttacc	ttaaccataa	acgatcttga	tgtgactttt	gtaatttgaa	4680
cgaattggct	atacgggacg	gatgacaaat	gcaccattac	tctaggttgt	tgttggatct	4740
taacaaaccg	taaaggtaaa	ctgcccacgc	ggttcacatg	acttttgact	ttcctttgtt	4800
tgtatgttac	cttcggcttc	acaatttggt	tttccacttt	tctaacaggt	ttatcacctt	4860
tcaaacttat	ctttatctta	ttcgcttctt	tgggtgcctc	cacagtagag	gttacttctt	4920
ttttaatatg	tacttttagg	atactttcac	gctttataac	a		4961

<210> 156
 <211> 4856
 <212> ADN
 <213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 156

tgggatagga	tagtagcaac	tcttggagga	gagcattgtc	agttgtccag	tctctgaagt	60
taagtagtaa	gtttgcggag	tcaaaggggg	atggcttttg	ccattttgtga	gagttgtgcg	120
gcagcatctt	attcaaatag	agctgtattc	tgaagacctc	ttgtagaaca	tcattccatac	180
taaaaagtaa	atcgtcctgt	cccattacga	gctgtattag	tgtgtgacc	ctctgtatat	240
ttacggtgcc	atgaagaagg	taatgggcga	tattttgata	caatttctga	gttgcatgtt	300

```

ggattgagtt taogaagggt cgcagacgg ccagaaacct ccaggcggag ttaacaacta 360
gtaatacggc atccatgttt gcatcagcgc cgagcctata ccagtcactg agtagacgtt 420
ttcttgctct ttttatgtcc tgacttcttt tgacgagggg gcattctcta gagacacagg 480
cagttgcttc cagcaactgc cgtacggccg ttctcatgct gtcgaggatt ttttttggga 540
cgatattgtc attatagggc agtgtgtgac ttatgaattg ttgtagaagg acgtctgtga 600
tgttgagat atgtattttg ttaactcttc ttgagacgat ttggccctgg atagcgaagc 660
gtgcggttac aaataggtcg tcttggtcaa gaaggtaggc gaggacatta tctatcagta 720
caaacatctt agtagtgtct gaggagagg ttgattgttt atgtattttt gcgaaatata 780
tatatatata ttctacacag atatatacat atttgtttt cgggctcatt ctttcttctt 840
tgccagaggc tcacccgtca agaggtccgc taattctgga gcgattgtta ttgttttttc 900
ttttcttctt ctattcgaaa cccagttttt gatttgaatg cgagataaac tgggtattctt 960
cattagattc tctaggccct tggatctag atatgggttc tcatgttct ttgcaacca 1020
actttctagt attcggacat tttcttttgt aaaccgggtg cctctgtaag gtttagtact 1080
ttgttttctc atctcttgag ttaccacatt aaataccaac ccatccgcg atttattttt 1140
ctgtgtaagt tgataattac ttctatcgtt ttctatgctg cgcatttctt tgagtaatac 1200
agtaatggtg gtagtgagtt gagatgttgt ttgcaacaac ttcttctcct catcactaat 1260
cttacgggtt ttgttgccc tagataagaa tccataata tcccttaatt caacttcttc 1320
ttctgttgtt acactctctg gtaacttagg taattacag caaatagaaa agagcttttt 1380
attcttgatt tttgttctt cggggaaact gtataaaact tccaaaaagg aaaagtaaaa 1440
caatacatct cttatatca aagaaatca agaaggacaa catggatgat attttagta 1500
tgccggaaaa cataaacaga actctgttta acattctagg tactgagatt gatgaaatca 1560
atctcaatac taataatctt tataatgtat gttttcattt caaggatagc ctttgaatca 1620
atttactaac aatacttcag ttataaatgg aaagtaattt gactaaagta gagcaacata 1680
cattacacaa aaatatttct aacaataggt tagaaatata ccaccacatt aaaaaagaga 1740
agagcccaaa gggaaaatca tcaatatcac cccaagcacg ggcattttta gaacaggttt 1800
ttagaagaaa gcaaaagcctt aattccaagg aaaaagaaga agttgcaagg aaatgtggca 1860
ttactccact tcaagtaaga gtttgggtat gtaatatgag aatcaaaactt aaatatatcc 1920
tatactaaca atttgtagtt cataaataaa cgtatgagat ctaaataaat tctgttttcaa 1980
tgattaaaaat agcatagtcg ggtttttctt ttagtctcag ctttcocgaa cagtataatt 2040
ttataaaacc tggttttggt tttgtagagt ggttgacgaa taattatgct gaagtacgtg 2100
gtgacggata ttgggaagat gtgtttgtac atttggcctt atagagtgtg gtcgtggcgg 2160
aggttggtta tcttcgagt actgaatggt gtcagtatag ctatcctatt tgaaactccc 2220
catcgtcttg ctcttctcc caatgttgt ttatacactc atatggctat acccttatct 2280
acttgccctt tttgtttatg tctatgtatt tgtataaaat atgatattac tcagactcaa 2340
gcaacaatc aatgctcaca cgcggccagg gggagcctcg acactagtaa tacacatcat 2400
cgtcctacaa gttcatcaaa gtgttggaac gacaactata ccagcatgga tctcttgtat 2460
cggttctttt ctcccgctct ctgcataaa caatgaacac tgggtcaatc atagcctaca 2520
caggtgaaca gagtagcgtt tatacagggt ttatacgggt attcctacg caaaaatttt 2580
tcatttctaa aaaaaaaag aaaaattttt ctttccaacg ctagaaggaa aagaaaaatc 2640
taattaaatt gatttgggtg ttttctgaga gttccctttt tcatatatcg aattttgaat 2700
ataaaaggag atcgaaaaaa ttttctatt caatctgttt tctggtttta tttgatagtt 2760
tttttggtg taattattat ggattagtag tggtttatat gggtttttct gtataacttc 2820
tttttatttt agtttggtta atctatttt gagttacatt atagttccct aactgcaaga 2880
gaagtaacat taaaaatgaa aaagcctgaa ctaccgcga cgtctgtcga gaagtctctg 2940
atcgaaaagt tcgacagcgt ctccgacctg atgcagctct cggagggcga agaactcctg 3000
gctttcagct tcatgtagg agggcgtgga tatgtcctgc gggtaaatag ctgcgccgat 3060
ggtttctaca aagatcgtta tgtttatcgg cactttgcgt cggccgcgct cccgattccg 3120
gaagtgcctg acattgggga attcagcgag agcctgacct attgcatctc ccgcctgca 3180
cagggtgtca cgttgcaaga cctgactgaa accgaactgc cgcgtgttct gcagccggtc 3240
gcggaaggcca tggatgcgat cgctgcggcc gatcttagcc agacgagcgg gttcggccca 3300
ttcggaccgc aaggaatcgg tcaatacact acatggcgtg atttcatatg cgcgattgct 3360
gatcccatg tgtatcactg gcaaaactgt atggacgaca ccgtcagtcg gtccgtcgcg 3420
caggctctcg atgagctgat gctttgggoc gaggactgcc ccgaagtcgg gcacctcgtg 3480
cacgcggatt tcggctccaa caatgtcctg acggacaatg gccgcataac agcgggtcatt 3540
gactggagcg aggcgatgtt cggggattcc caatacagag tcgccaacat cttcttctgg 3600
aggccgtggt tggttctgat ggagcagcag acgcgtactc tcgagcggag gcatccggag 3660
cttgacggat cgcgcggct cggggcgtat atgctccgca ttggtcttga ccaactctat 3720
cagagcttgg ttgacggcaa tttcgtatgat gcagcttggg cgcaggggtcg atgcgacgca 3780
atcgtccgat ccggagccgg gactgtcggg cgtacacaaa tcgcccgag aagcgcggcc 3840
gtctggaccg atggctgtgt agaagtaact gccgatagtg gaaaccgacg cccagcact 3900
cgtccgaggg caaaggaata ggtttaactt gatactacta gattttttct cttcatttat 3960
aaaatttttg gttataattg aagctttaga agtatgaaaa aatccttttt tttcattctt 4020
tgcaaccaaa ataagaagct tcttttattc attgaaatga tgaatataaa cctaacaaaa 4080
gaaaaagact cgaatatcaa acattaaaaa aaaataaaa aggttatctg ttttccatt 4140
tagttggagt ttgcattttc taatagatag aactctcaat taatgtggat ttagtttctc 4200

```

tggttcgtttt	tttttgtttt	gttctcactg	tatttacatt	tctatttagt	atttagttat	4260
tcatataatc	ttaacttctc	gaggagctcc	gtcgtccaa	cgcggcgga	cctcggaggt	4320
tgtttatctt	tcgagtactg	aatgttgta	gtatagctat	cctatttgaa	actcccatc	4380
gtcttgctct	tgttcccaat	gtttgtttat	acactcatat	ggetataccc	ttatctactt	4440
gcctcttttg	tttatgtcta	tgtatttgta	taaaatatga	tattactcag	actcaagcaa	4500
acaatcaatt	cttagcatca	ttctttgttc	ttatcttaac	cataaacgat	cttgatgtga	4560
cttttgtaat	ttgaacgaat	tggctatacg	ggacggatga	caaatgcacc	attactctag	4620
gttggtgttg	gatcttaaca	aaccgtaaag	gtaaactgcc	catgcgggtc	acatgacttt	4680
tgactttcct	ttgtttgcta	gttaccttcg	gcttcacaat	ttgtttttcc	acttttctaa	4740
cagggtttatc	acctttcaaa	cttatcttta	tcttattcgc	cttcttgggg	gcctccacag	4800
tagaggttac	ttccttttta	atatgtactt	ttaggatact	ttcacgcttt	ataaca	4856

REIVINDICACIONES

1. Una célula de levadura diploide modificada genéticamente que comprende:

- 5 (a) una alteración funcional en al menos un gen de esporulación
 (b) una alteración funcional en al menos un gen de respuesta a feromonas, en donde el al menos un gen de respuesta a feromonas es diferente del al menos un gen de esporulación; y
 (c) una secuencia de nucleótidos heteróloga integrada cromosómicamente que codifica una proteína de interés;

10 en donde dicha célula de levadura diploide modificada genéticamente está incapacitada para la esporulación, incapacitada para el emparejamiento endógeno y es homocigota excepto en su alelo de tipo de emparejamiento.

2. La célula de levadura diploide modificada genéticamente de la reivindicación 1 que es heterotática (*ho*).

15 3. Una célula de levadura haploide heterotática (*ho*) modificada genéticamente que comprende:

- (a) una alteración funcional en al menos un gen de esporulación
 (b) una alteración funcional en al menos un gen de respuesta a feromonas, en donde el al menos un gen de respuesta a feromonas es diferente del al menos un gen de esporulación; y
 20 (c) una secuencia de nucleótidos heteróloga integrada cromosómicamente que codifica una proteína de interés;

en donde dicha célula de levadura haploide heterotática (*ho*) modificada genéticamente está incapacitada para la esporulación e incapacitada para el emparejamiento endógeno.

25 4. La célula de levadura haploide modificada genéticamente de la reivindicación 3, que comprende además un plásmido recombinante que codifica una proteína de homotalismo (HO) funcional.

5. La célula de levadura haploide modificada genéticamente de la reivindicación 4, que comprende además un plásmido recombinante que codifica una copia funcional del al menos un gen de respuesta a feromonas que está alterado funcionalmente en dicha célula de levadura haploide modificada genéticamente.
 30

6. La célula de levadura modificada genéticamente de una cualquiera de las reivindicaciones 1- 5 que es una célula de *Saccharomyces cerevisiae*.

35 7. La célula de levadura modificada genéticamente de una cualquiera de las reivindicaciones 1- 6, en la que dicho al menos un gen de esporulación se selecciona del grupo que consiste en *IME1*, *IME2*, *NDT80*, *SPO11*, *SPO20*, *AMA1*, *HOP2* y *SP021*.

40 8. La célula de levadura modificada genéticamente de una cualquiera de las reivindicaciones 1- 6, en la que dicho al menos un gen de respuesta a feromonas se selecciona del grupo que consiste en *STE5*, *STE4*, *STE18*, *STE12*, *STE7* y *STE11*.

9. La célula de levadura modificada genéticamente de una cualquiera de las reivindicaciones 1- 6 que comprende una alteración funcional del gen *IME1* y del gen *STE5*.
 45

10. Un método para generar una célula de levadura diploide modificada genéticamente que está incapacitada para la esporulación y el emparejamiento endógeno, comprendiendo el método:

- (a) transformar cada primera y segunda células de levadura haploides modificadas genéticamente con al menos un plásmido que codifica una proteína capaz de complementar una incapacidad de emparejamiento endógeno de dichas primera y segunda células de levadura haploides modificadas genéticamente, en donde dicha primera célula de levadura haploide modificada genéticamente está incapacitada para la esporulación y el emparejamiento endógeno y comprende una secuencia de nucleótidos heteróloga integrada cromosómicamente que codifica una proteína de interés, y en donde dicha segunda célula de levadura haploide modificada genéticamente está incapacitada para la esporulación y el emparejamiento endógeno, es del tipo de emparejamiento opuesto al de la primera célula de levadura haploide modificada genéticamente y comprende una secuencia de nucleótidos heteróloga integrada cromosómicamente que codifica dicha proteína de interés;
 50 (b) emparejar la primera célula de levadura haploide modificada genéticamente con la segunda célula de levadura haploide modificada genéticamente, formando de esta manera una célula de levadura diploide modificada genéticamente; y
 55 (c) eliminar el uno o más plásmidos de la célula de levadura diploide modificada genéticamente,
 60

en donde la célula de levadura diploide modificada genéticamente resultante está incapacitada para la esporulación y el emparejamiento endógeno, es homocigota excepto para su alelo de tipo de emparejamiento y comprende dos copias de una secuencia de nucleótidos heteróloga integrada cromosómicamente que codifica dicha proteína de interés.
 65

- 5 en donde dicha primera célula de levadura haploide modificada genéticamente y la segunda célula de levadura haploide modificada genéticamente están incapacitadas para el emparejamiento endógeno debido a una alteración funcional en al menos un gen de respuesta a feromonas, e incapacitadas para la esporulación debido a una alteración funcional en al menos un gen de esporulación, en donde el al menos un gen de respuesta a feromonas es diferente del al menos un gen de esporulación.
- 10 11. El método de la reivindicación 10, en el que la etapa (a) comprende la transformación de cada primera y segunda células de levadura haploides modificadas genéticamente con al menos un plásmido que codifica una copia funcional del al menos un gen de respuesta a feromonas que está alterado funcionalmente en dichas primera y segunda células de levadura haploides modificadas genéticamente.
- 15 12. El método de las reivindicaciones 10 u 11, en el que el gen de respuesta a feromonas se selecciona del grupo que consiste en *STE5*, *STE4*, *STE18*, *STE12*, *STE7* y *STE11*.
- 20 13. El método de la reivindicación 10 u 11, en el que el gen de esporulación se selecciona de entre el grupo que consiste en *IME1*, *IME2*, *NDT80*, *SPO11*, *SPO20*, *AMA1*, *HOP2* y *SP021*.
- 25 14. El método de las reivindicaciones 10 u 11, en el que la segunda célula de levadura haploide modificada genéticamente se obtiene induciendo un cambio en el tipo de emparejamiento en una población de la primera célula de levadura haploide modificada genéticamente.
- 30 15. El método de la reivindicación 14, en el que la población de la primera célula de levadura haploide modificada genéticamente es heterotática (ho) y se induce para cambiar el tipo de emparejamiento transformando la primera célula de levadura haploide modificada genéticamente con un plásmido recombinante que codifica una proteína de homotalismo (HO) funcional, en donde la expresión de proteína HO es capaz de inducir un cambio en el tipo de emparejamiento de dicha primera célula de levadura haploide modificada genéticamente.
- 35 16. El método de una cualquiera de las reivindicaciones 10 a 13, en el que la primera célula de levadura haploide modificada genéticamente y la segunda célula de levadura haploide modificada genéticamente están incapacitadas para el emparejamiento endógeno debido a una alteración funcional del gen *STE5*, y están incapacitadas para la esporulación debido a una alteración funcional del gen *IME1*.
- 40 17. El método de la reivindicación 16, en el que la célula de levadura diploide modificada genéticamente es una célula de *Saccharomyces cerevisiae*.
18. Una célula de levadura diploide incapacitada para la esporulación y el emparejamiento endógeno que es homocigota excepto para su alelo de tipo de emparejamiento, generada por el método de una cualquiera de las reivindicaciones 10-17.
19. Una célula de levadura diploide *MAT α /a ste5/ste5 ime1/ime1* que es homocigota excepto en su alelo de tipo de emparejamiento.

Figura 1

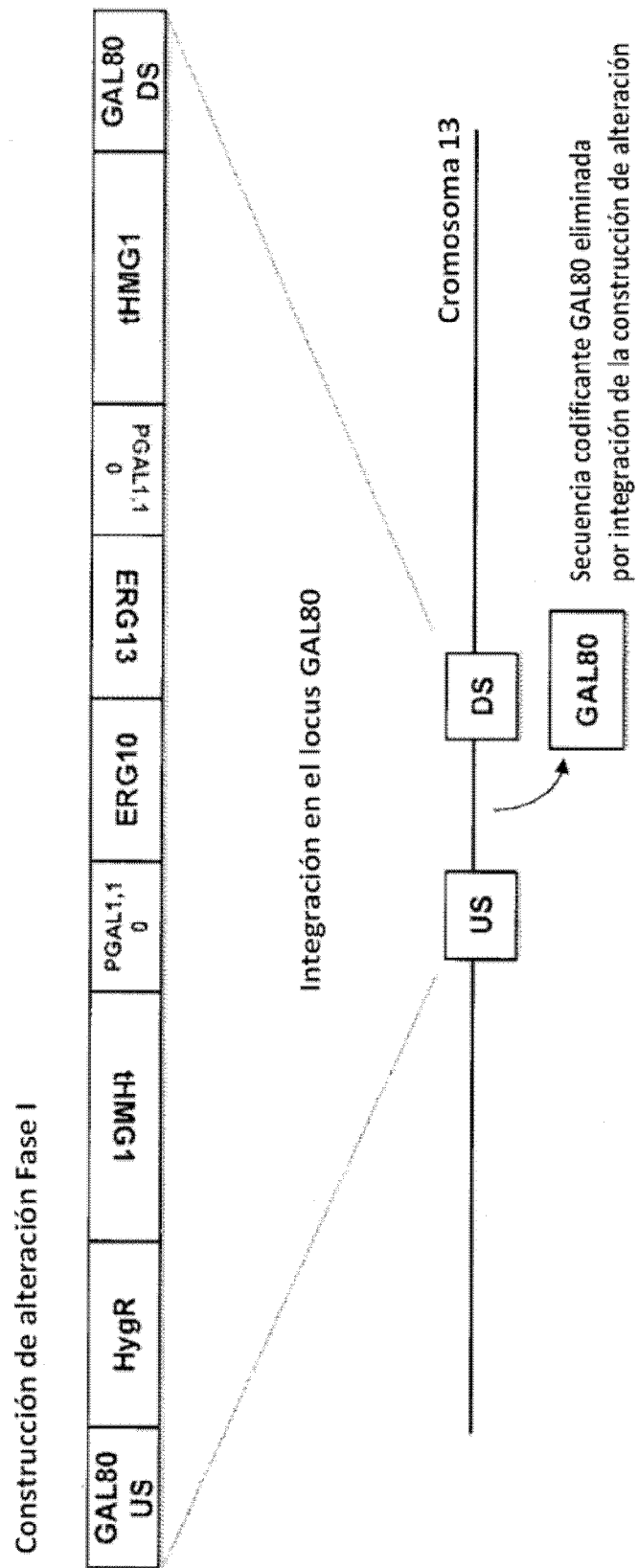


Figura 2

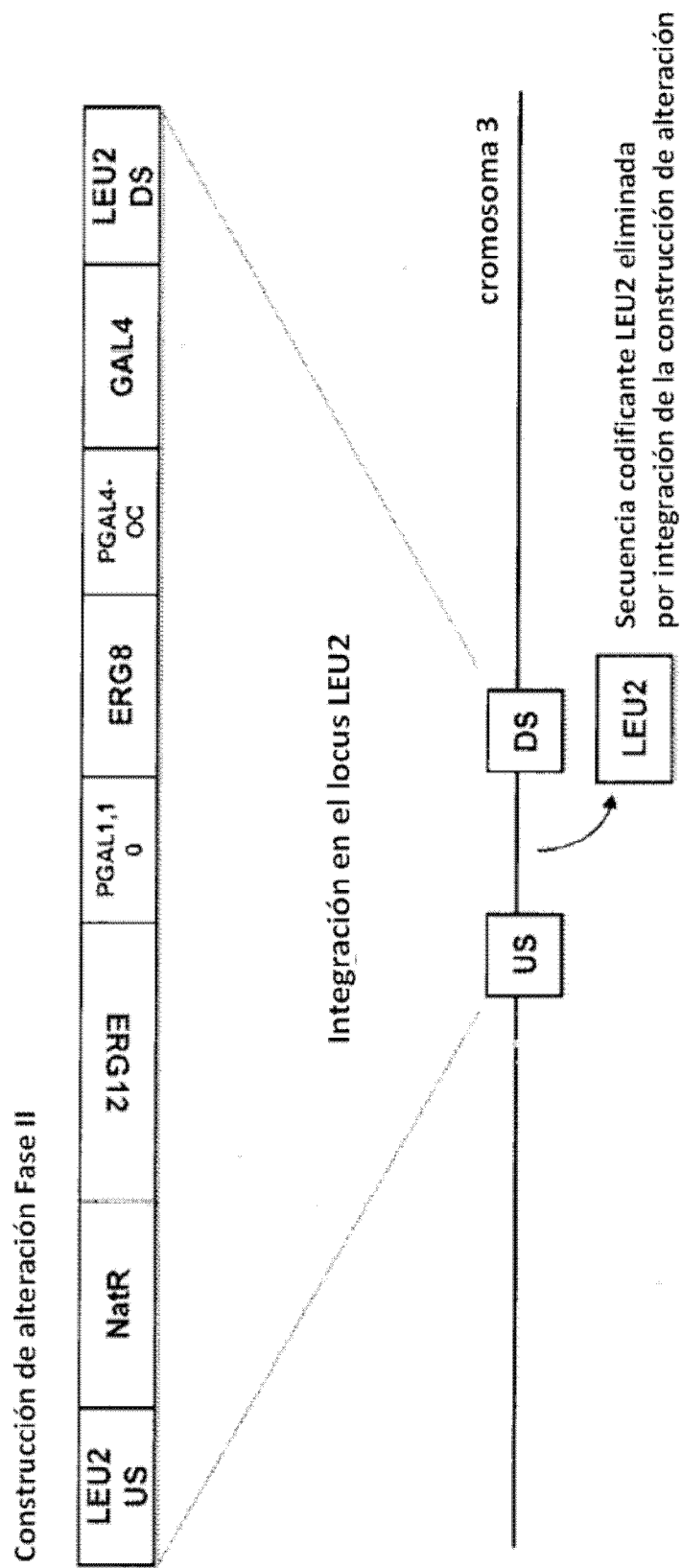


Figura 3

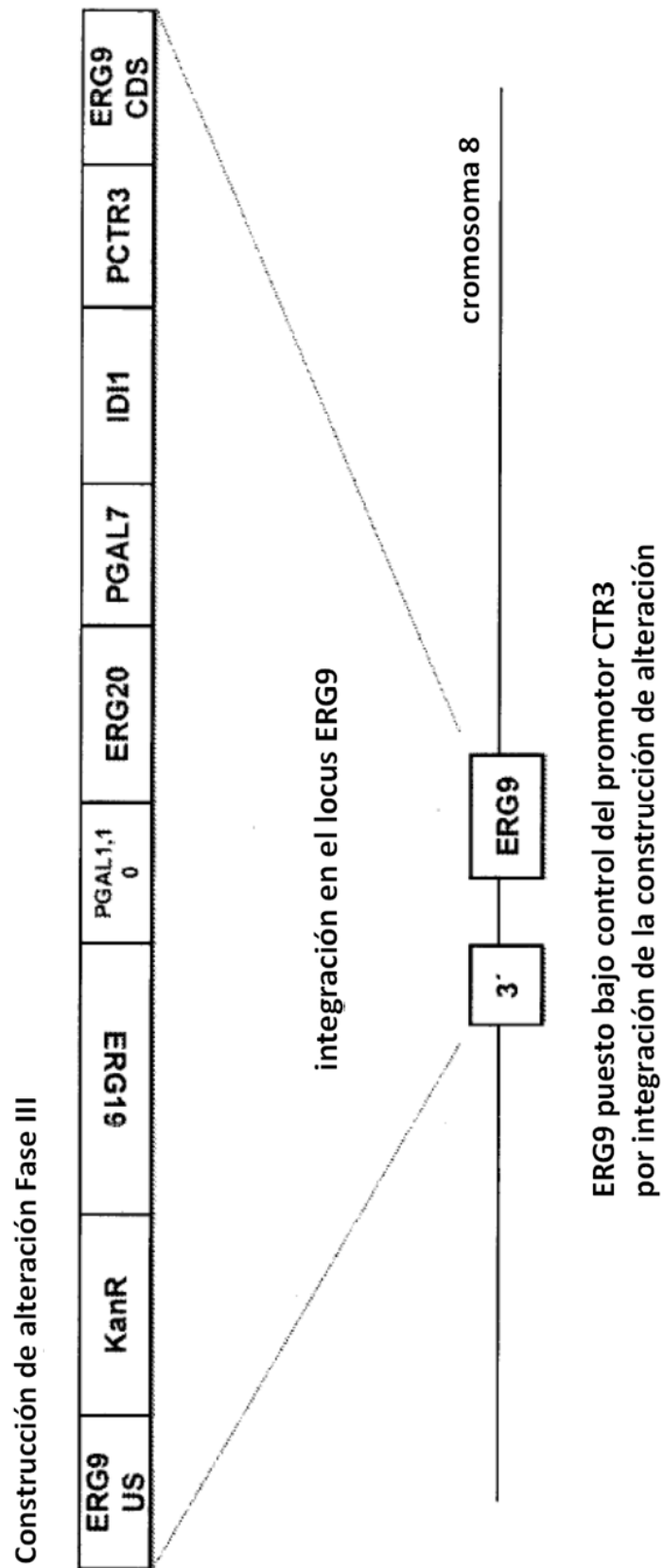


Figura 4

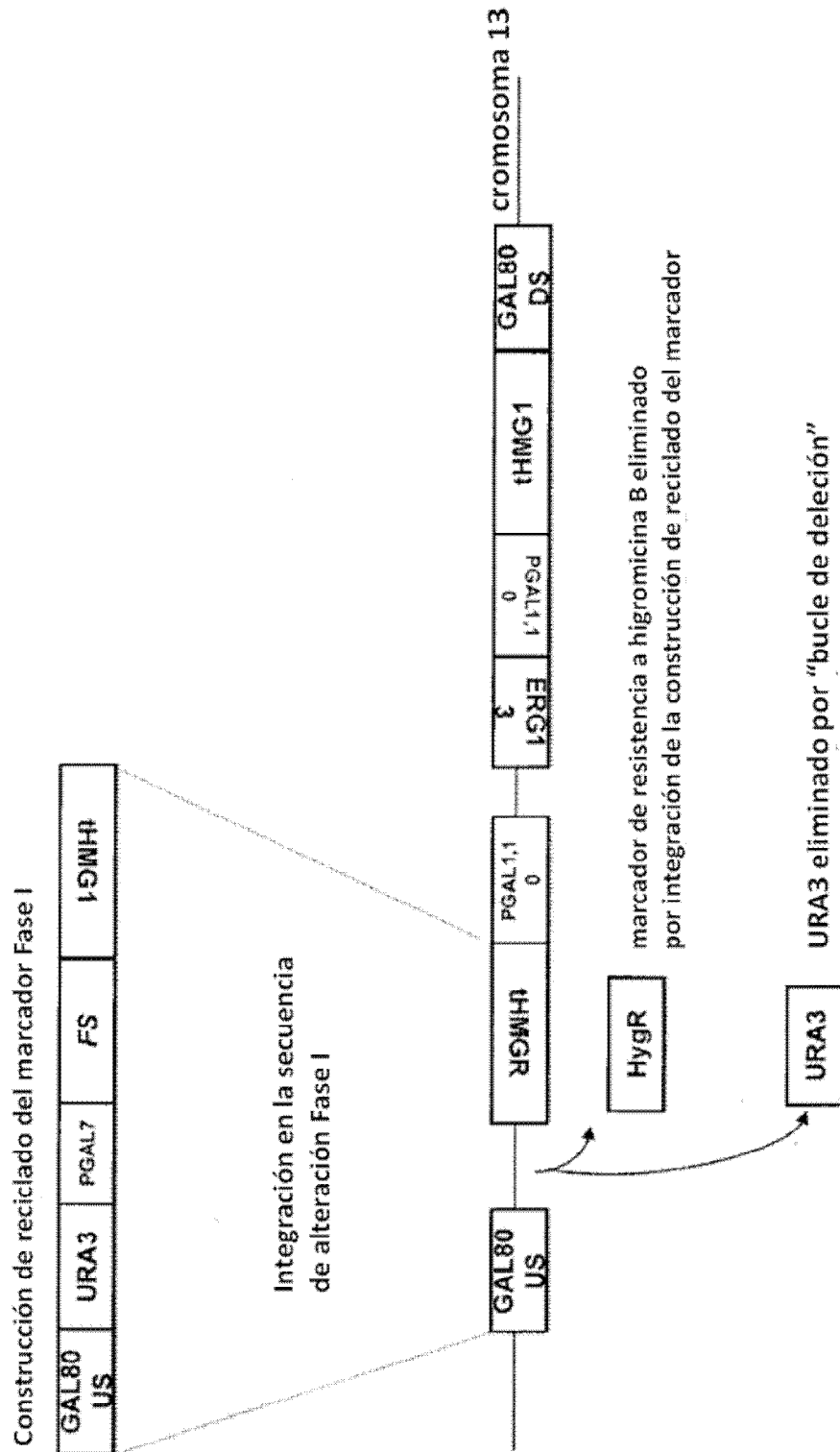


Figura 5

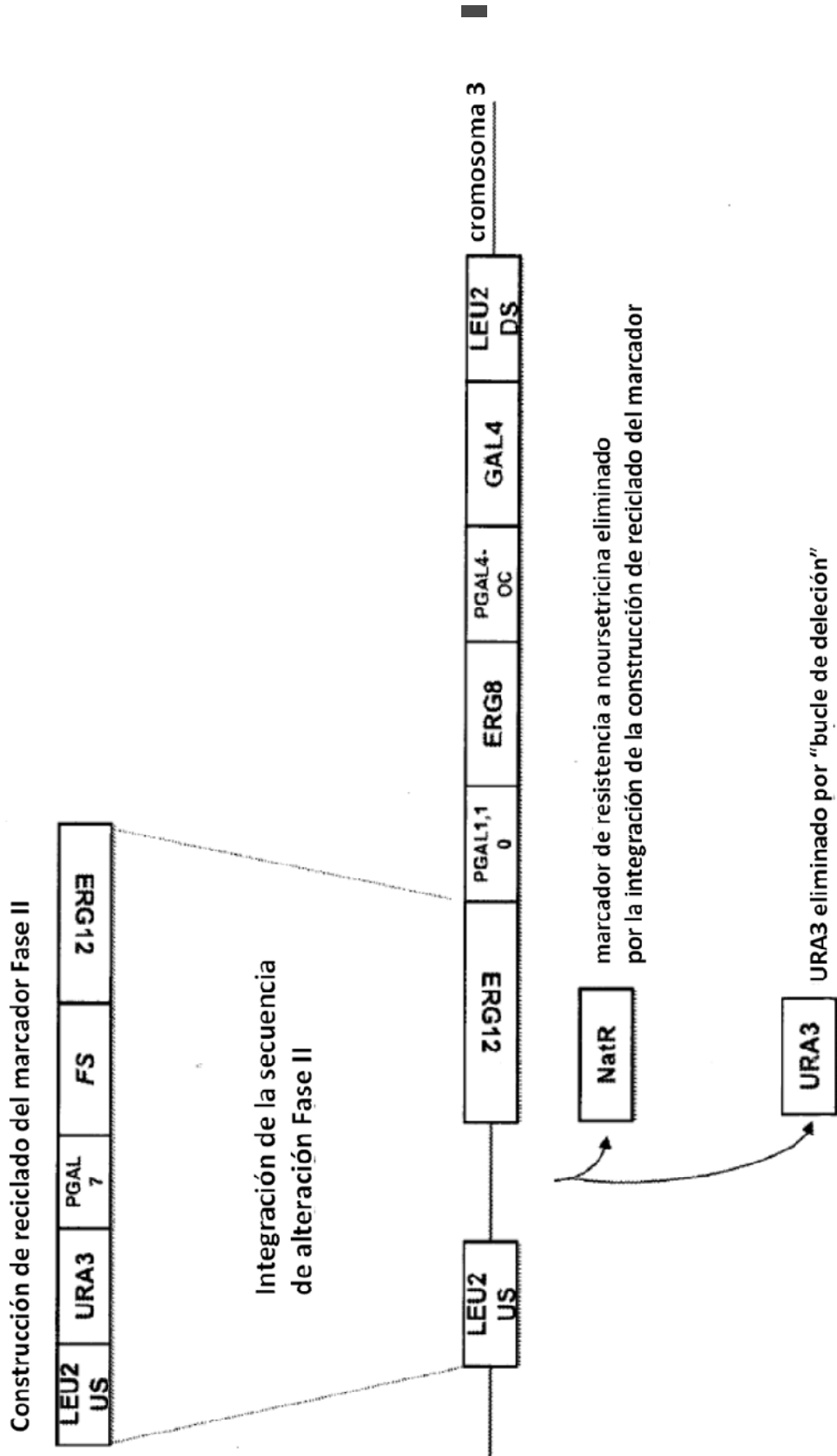


Figura 6

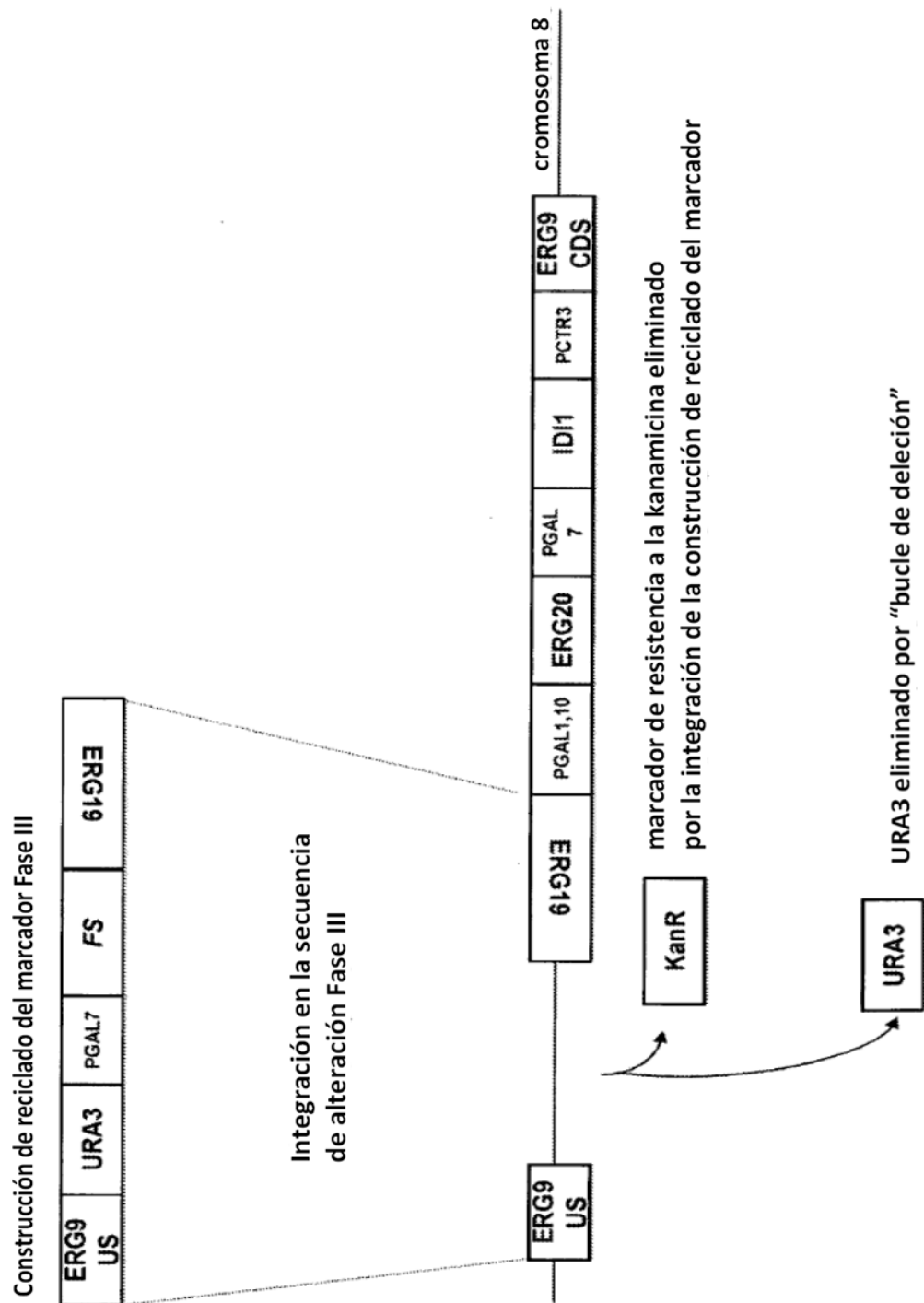


Figura 7

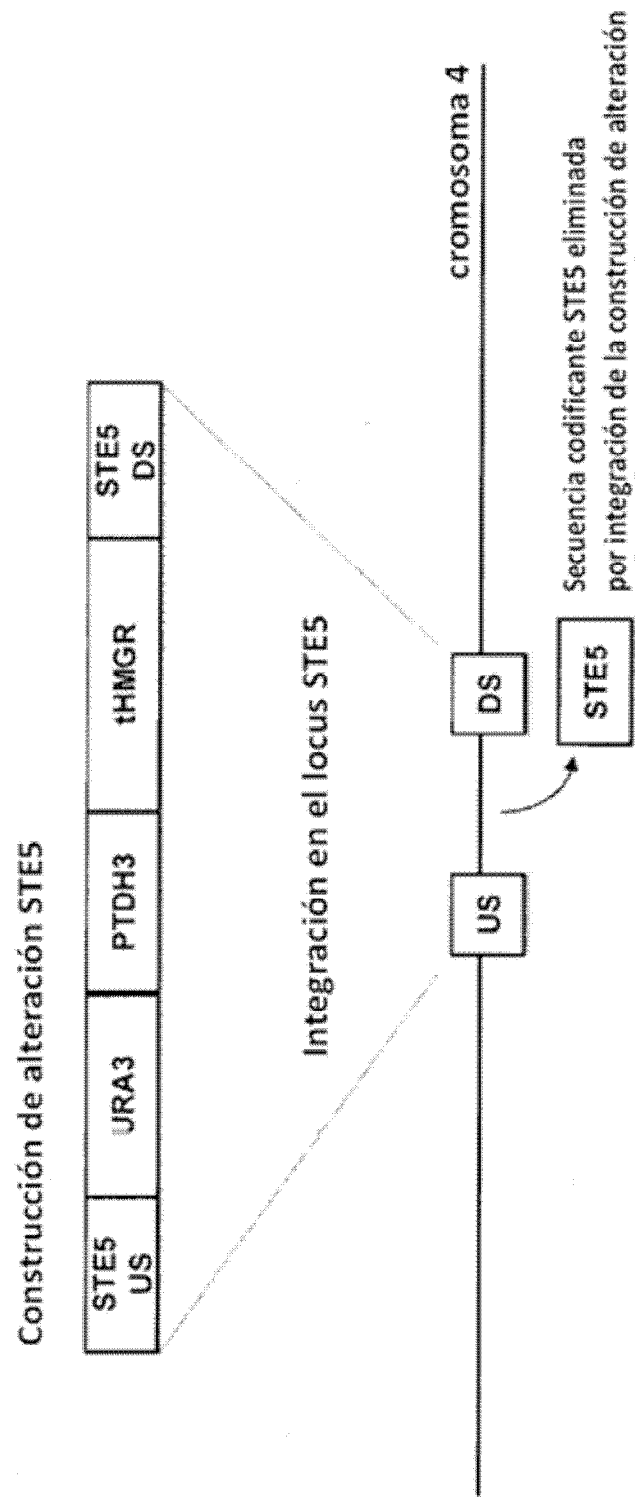


Figura 8

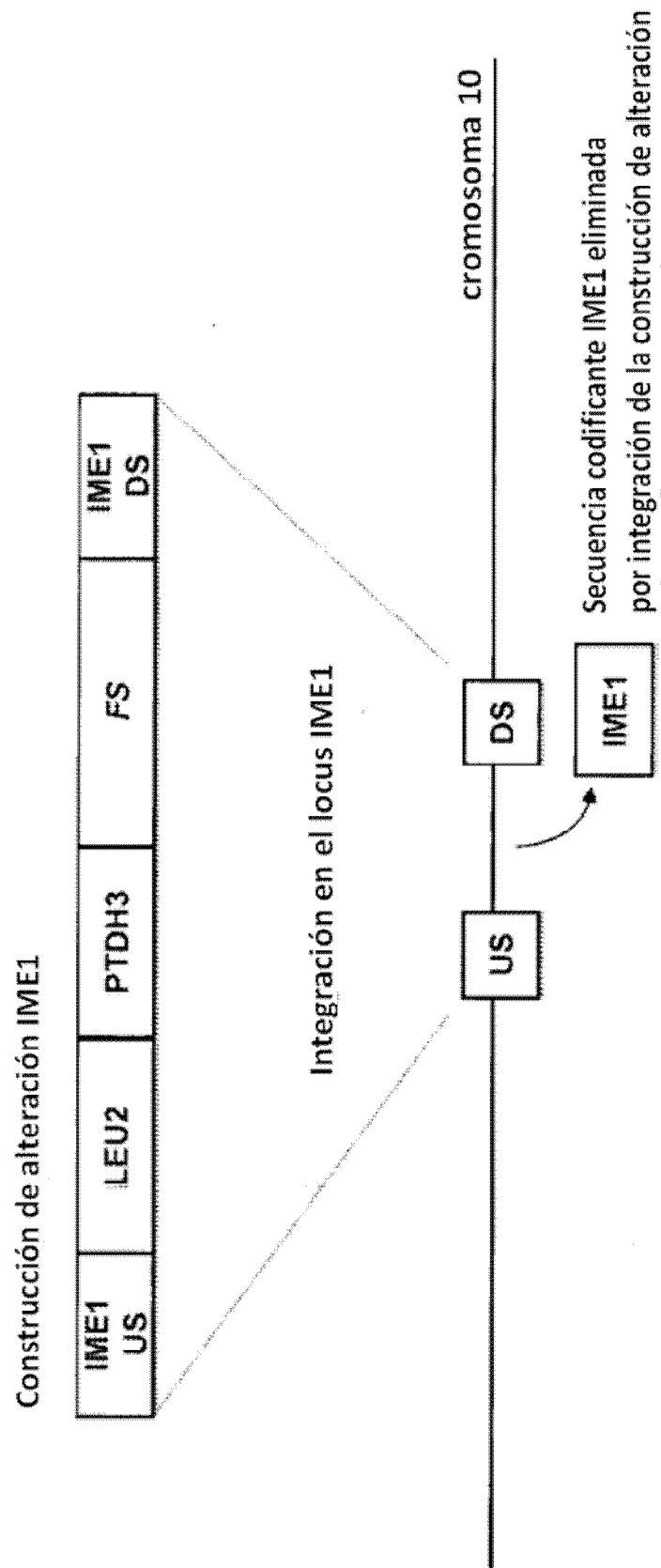


Figura 9

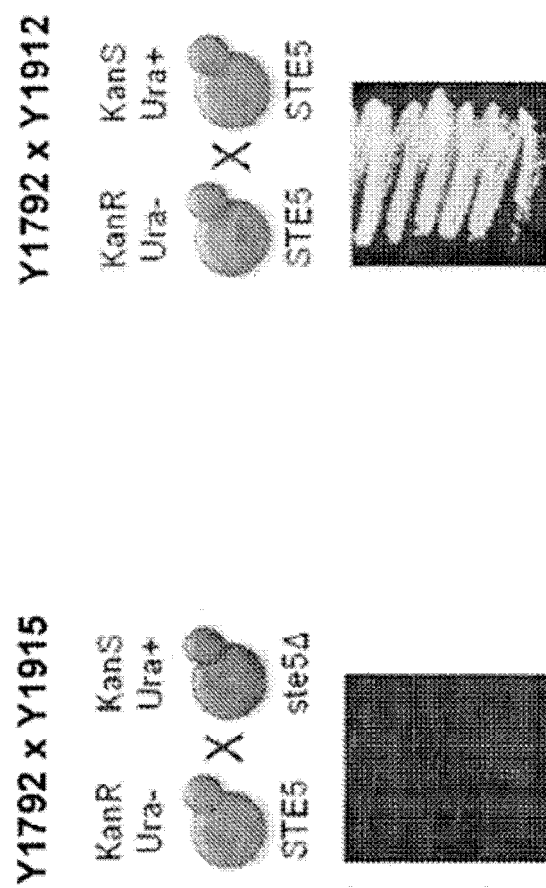
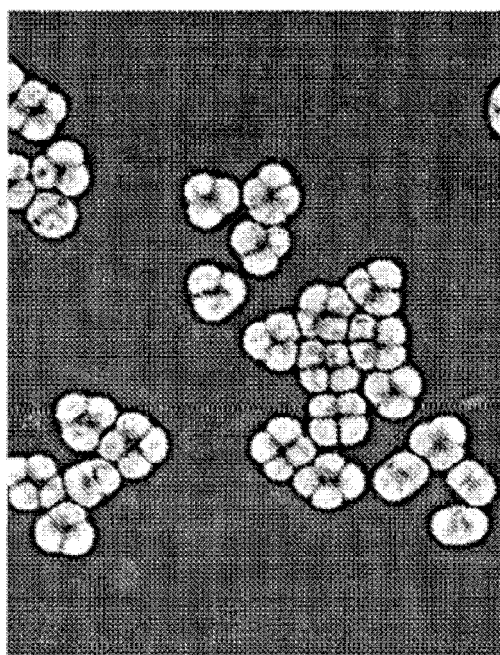


Figura 10

A. Y1198



B. Y1979

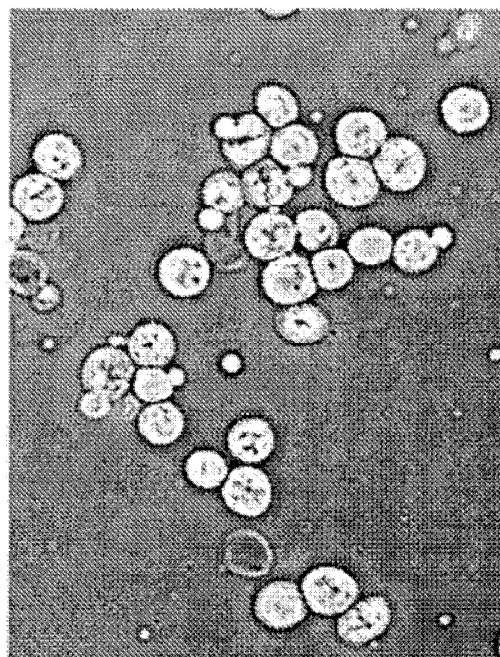


Figura 11

